



**Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk**



SPRAWOZDANIE

**z działalności naukowo-badawczej
w 2022 roku**

SPIS TREŚCI

INFORMACJE OGÓLNE O INSTYTUCIE	5
SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI	5
RADA NAUKOWA	6
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE	8
STRUKTURA ZATRUDNIENIA	9
UPRAWNIENIA.....	10
INFORMACJA FINANSOWA	11
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM	13
SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ	14
Zakład Regulacji Ekspresji Genów	14
Zakład Fizjologii Roślin.....	17
Zakład Biometrii i Bioinformatyki.....	21
Zakład Fenomiki Zbóż	26
Zakład Biotechnologii Roślin.....	31
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	35
Zakład Interakcji Roślina-Patogen	40
Zakład Mikrobiomiki Roślin.....	44
Zakład Genomiki Roślin Strączkowych.....	47
Zakład Struktury i Funkcji Genów	52
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin	56
Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii	59
Zakład Nanotechnologii Roślin.....	62
Laboratorium Multiomiki.....	66
WSPÓŁPRACA KRAJOWA	67
Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi	67
Współpraca z podmiotami gospodarczymi	70

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ	72
Współpraca prowadzona w ramach umów	72
Współpraca prowadzona bez formalnych umów	75
WYMIANA OSOBOWA	78
KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – organizacja i udział	80
REFERATY WYGŁOSZONE W KRAJU I ZA GRANICĄ, NA ZAPROSZENIE INSTYTUCJI NAUKOWYCH	84
LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2022 r.	85
WYKAZ PUBLIKACJI	90
Artykuły w czasopismach naukowych	90
KONSORCJA I SIECI	96
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ	98
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	98
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ	99
KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW	103
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH	104
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH i in.	105
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA	107
Zajęcia dydaktyczne	107
Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych	109
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA	111

INFORMACJE OGÓLNE

Dyrektor	- prof. dr hab. Paweł Krajewski
Z-ca dyrektora ds. naukowych	- prof. dr hab. Barbara Naganowska
Z-ca dyrektora ds. administracyjnych	- mgr Joanna Dutkiewicz
Główny księgowy	- mgr Kinga Chałupniczak / mgr Arkadiusz Sobierajski

e-mail: office@igr.poznan.pl

web: www.igr.poznan.pl

tel.: (61) 655 02 00 (portiernia)

tel.: (61) 655 02 55, 655 02 75 (sekretariat)

fax: (61) 655 03 01

SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI

Prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, *czł. koresp. PAN*

Prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

Prof. dr hab. Piotr Kachlicki

Prof. dr hab. Paweł Krajewski

Prof. dr hab. Barbara Naganowska

Prof. dr hab. Tomasz Pniewski

Prof. dr hab. Łukasz Stępień

Prof. dr hab. Wojciech Święcicki, *czł. rzecz. PAN*

Dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN

Dr hab. Gregory Franklin, prof. IGR PAN

Dr hab. Katarzyna Głowacka

Dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk

Dr hab. Grzegorz Koczyk

Dr hab. Michał Książkiewicz

Dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN

Dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN

Dr hab. Izabela Pawłowicz

Dr hab. Karolina Susek

RADA NAUKOWA (2022 rok)

Prezydium Rady Naukowej:

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

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

Zastępca Przewodniczącej – Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Sekretarz – Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

Zastępca Sekretarza – Dr Sylwia SALAMON

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

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

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

Rzecznik Dyscyplinarny – Prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

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

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

Czł. rzec. prof. dr hab. Stefan MALEPSZY

Czł. koresp. prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA

Czł. rzec. prof. dr hab. Marian SANIEWSKI

Czł. rzec. prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI

Czł. koresp. prof. dr hab. Marek ŚWITOŃSKI

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

Dr hab. Lidia BŁASZCZYK, prof. IGR PAN

Dr hab. Franklin GREGORY, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA, *czł. koresp. PAN*

Dr hab. Agnieszka KIEŁBOWICZ-MATUK

Dr hab. Grzegorz KOCZYK

Prof. dr hab. Arkadiusz KOSMALA

Prof. dr hab. Paweł KRAJEWSKI

Dr hab. Michał KSIĄŻKIEWICZ

Dr hab. Anetta KUCZYŃSKA, prof. IGR PAN

Dr hab. Robert MALINOWSKI, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Barbara NAGANOWSKA

Dr hab. Izabela PAWŁOWICZ

Prof. dr hab. Tomasz PNIEWSKI

Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Dr hab. Karolina SUSEK

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Dr Katarzyna CZYŻ

Dr Sylwia SALAMON

Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

Przedstawiciel doktorantów w Radzie Naukowej:

Mgr inż. Katarzyna MIKOŁAJCZAK

JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Regulacji Ekspresji Genów

kierownik: dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk

2. Zakład Fizjologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

3. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

kierownik: dr hab. Grzegorz Koczyk

4. Zakład Fenomiki Zbóż

kierownik: dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN

5. Zakład Biotechnologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Tomasz Pniewski

6. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

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

7. Zakład Interakcji Roślina-Patogen

kierownik: prof. dr hab. Łukasz Stępień

8. Zakład Mikrobiomiki Roślin

kierownik: dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN

9. Zakład Genomiki Roślin Strączkowych

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

10. Zakład Struktury i Funkcji Genów

kierownik: dr hab. Michał Książkiewicz

11. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

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

12. Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii

kierownik: dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

13. Zakład Nanotechnologii Roślin

kierownik: dr Dibyendu Mondal

14. Laboratorium Multiomiki

kierownik: prof. dr hab. Piotr Kachlicki / dr Katarzyna Juszczyk

STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2022 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów
Profesorowie i profesorowie IGR PAN	11	10,5
Adiunkci	25	24,125
Asystenci	10	10
Badawczo-techniczni	10	7
Inżynierzy z wyższym wykształceniem	9	9
Techniczni	4	3,5
Administracja	12	11,2
Biblioteka i informacja naukowa	0	0
Robotnicy + obsługa	8	8
Razem	89	83,325

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: **8** osób.
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): **15** osób.

Liczby kobiet i mężczyzn w grupach pracowniczych IGR PAN

(stan na 31 grudnia 2022 r.)

Grupa stanowisk	Płeć			Płeć w %	
	K	M	Razem	K	M
Naukowe	26	20	46	57	43
Inżynieryjno-techniczne	17	6	23	74	26
Administracja	8	4	12	67	33
Obsługa	4	4	8	50	50
Razem	55	34	89	62	38
Stanowiska naukowe:					
Profesor	2	5	7	29	71
Profesor instytutu	2	2	4	50	50
Adiunkt	16	9	25	64	36
Asystent	6	4	10	60	40
Doktoranci - stypendyści	11	2	13	84,6	15,4

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia:

- doktora - Zarządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 30 lipca 1987 roku w sprawie wykazu jednostek organizacyjnych uprawnionych do nadawania stopni naukowych (Dz. U. z 1985 r. Nr 42, poz. 202).
- doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo - postanowienie Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z 27 października 2008 r.(nr BCK-III-U-421/2008).

INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody (zł)

Subwencja **6 349 523**

Projekty badawcze

Projekty finansowane ze środków zagranicznych	1 659 472
MEiN	461 927
Projekty NCN	5 121 673
Projekty NCBiR	849
Projekty i programy finansowane przez MRiRW	1 530 266
Projekty NCN POLS	269 597
Usługi na rzecz podmiotów zewnętrznych	64 941

Razem projekty **9 108 725**

Działalność gospodarcza **528 644**

Przychody ogółem **15 986 892**

II. Przychody z projektów w % subwencji	143,5
Osobowy fundusz płac w subwencji (zł) (brutto brutto)	4 956 635
- w % subwencji	78,1
- w % przychodów ogółem	31,0
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% subwencji)	14,7

III. Rok 2022 to okres po pandemii zakaźnej choroby COVID-19 wywołanej przez koronawirusa SARS-CoV-2. Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk odczuł skutki wpływu pandemii na sytuację makroekonomiczną Polski i Europy, przede wszystkim poprzez ograniczenie mobilności pracowników naukowych. Napaść Rosji na Ukrainę, pod koniec lutego 2022 roku, to także ryzyko negatywnego wpływu na działalność Instytutu, poprzez dalsze ograniczenie mobilności pracowników naukowych, ryzyko cięć budżetowych w zakresie nauki w Polsce oraz wzrost inflacji w Polsce.

IV. Pomimo zagrożeń opisanych w punkcie III Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2023 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie, przy założeniu spadku negatywnego wpływu pandemii na poziom przychodów jednostki oraz zakończenia działań wojennych i ich minimalnego wpływu na mobilność pracowników i gospodarkę Europy i Polski. Wartość subwencji na 2023 rok zakłada się na poziomie około 6.539.000 zł.

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2022 roku, nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

VII. Instytut nie jest narażony na ryzyko zmiany cen, ryzyko kredytowe oraz ryzyko istotnych zakłóceń przepływów środków pieniężnych z uwagi na sposób finansowania działalności. Jednostka do roku 2018 otrzymywała dotację statutową na utrzymanie potencjału badawczego (od roku 2019, w związku ze zmianą przepisów, jest to subwencja), w 12 miesięcznych ratach, co zabezpiecza ją w istotny sposób przed utratą płynności finansowej, natomiast badania naukowe finansowane są również przez NCN, NCBiR, KE oraz Ministerstwo Edukacji i Nauki oraz Ministerstwo Rolnictwa. Jednostki te przekazują środki na badania w transzach, z góry, co zapobiega ryzyku braku środków na finansowanie badań.

Czasowo wolne środki jednostka lokuje, w zakresie środków, które mogą podlegać lokowaniu, na lokatach typu overnight w Banku Gospodarstwa Krajowego.

VIII. Instytut nie jest w sposób szczególny narażony na ryzyko walutowe, w związku z czym nie stosuje szczególnych metod zarządzania ryzykiem walutowym.

IX. Kluczowymi niefinansowymi wskaźnikami efektywności związanymi z działalnością Instytutu Genetyki Roślin PAN są liczba i jakość publikacji. Wskaźniki te zostały szczegółowo podane w niniejszym sprawozdaniu.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE (szczegóły str. 90-95)

Prace opublikowane w 2022 roku:

– artykuły w czasopismach naukowych	45
– artykuły w recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych	-
– publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)	7
– autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	-

PROJEKTY BADAWCZE (szczegóły str. 85-89)

Finansowane przez:

– UE	2
– międzynarodowy-bilateralny	1
– rządowe	2
– NCN/NCBR	30/1
– MRiRW	6
– inne	1
Ogółem	43

KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE (szczegóły str. 80-84)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane i współorganizowane przez Instytut (krajowe i międzynarodowe): 13

Udział pracowników w konferencjach:

- konferencje krajowe	7
- konferencje międzynarodowe	22

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (szczegóły: str. 72-80)

Realizowano: 8 tematów w ramach umów międzynarodowych,
33 tematy z instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto: 3 gości zagranicznych na pobyt długoterminowy,
zrealizowano 7 wyjazdów krótkoterminowych pracowników IGR PAN,
4 osoby przebywały na stażach długoterminowych.

SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

ZAKŁAD REGULACJI EKSPRESJI GENÓW

Kierownik Zakładu **dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk**
Skład Zakładu dr Anna Kasprzewska
 mgr inż. Magdalena Biegańska
 mgr Klaudia Grądzka (stypendystka)
 mgr inż. Urszula Talar (doktorantka) – 3 miesiące

Profil badawczy zespołu koncentruje się na poznaniu mechanizmów regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u *Solanum tuberosum*. Prace zasadniczo dotyczą poznania biologicznej funkcji białek zawierających palce cynkowe typu B-box oraz białka StZPR1 w procesach wzrostu i rozwoju ziemniaka uprawnego regulowanych przez światło, zegar okołodobowy i abiotyczne czynniki stresowe, jak również identyfikacji i charakterystyki nowych czynników transkrypcyjnych, które regulują ekspresję genów *StBBX* w tych warunkach.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	3
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	3

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	1	1	1
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	1	1	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
	NCN OPUS 15 „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u	A. Kielbowicz-Matuk; M. Biegańska, K. Grądzka,	TAK

	ziemniaka uprawnego”, Nr 2018/29/B/NZ9/01457 Okres realizacji: 2019-03-01 – 2022-03-01 1 096 240 zł	A. Kasprzewska.	
--	--	-----------------	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Wykazano, że białko StBBX20 jest zaangażowane w regulację odpowiedzi roślin *S. tuberosum* na zasolenie. Linie *S. tuberosum* z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20*, w przeciwieństwie do roślin z nadekspresją *StBBX20*, wykazywały podatność na wysokie zasolenie z niższą wydajnością systemu antyoksydacyjnego i silnie obniżoną ekspresją genów kodujących transportery Na^+ pośredniczące w tolerancji na sól.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Jednym z głównych kierunków badań prowadzonych w Zespole jest poznanie mechanizmów regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u *Solanum tuberosum*. Prace koncentrują się na poznaniu biologicznej funkcji białek zawierających palce cynkowe typu B-box, takich jak StBBX20, StBBX22 oraz białka StZPR1 w procesach wzrostu i rozwoju ziemniaka uprawnego.

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

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

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

Celem określenia funkcji białka StZPR1 w regulacji czasu kwitnienia przeprowadzono:

- Charakterystykę fenotypową roślin transgenicznych *S. tuberosum* z nadekspresją genu *StZPR1* i roślin typu dzikiego warunkach optymalnych dla wzrostu.
- Analizę zmian w poziomie transkryptu genów kodujących induktory kwitnienia, takie jak *StFKF1*, *StGI*, *StSOC1*, *StGID1*, *StSP3D* i *StSP6A* oraz genów kodujących represory kwitnienia, takie jak *StEBS*, *StSVP*, *StCDF1*, *StCDF2*, *StSP* i *StSP5G*.

Dodatkowo, przeprowadzono transformację roślin *A. thaliana* Col-0 wektorem pGWB402 35S::StZPR1. Wyselekcjonowano 4 linie z nadekspresją białka StZPR1 pod promotorem 35S, dwie z tych linii doprowadzono do stanu homozygotycznego pod względem insertu T-DNA. Ponadto, przygotowano wektor pGWB402, w którym ekspresja białka StZPR1 regulowana byłaby natywnym promotorem pZPR1 z *Solanum tuberosum*, a który następnie użyto do transformacji roślin *A. thaliana* Col-0. Wyselekcjonowano 10 roślin transgenicznych, które aktualnie SA doprowadzane do stanu homozygotycznego.

Przygotowano konstrukcje w wektorze reporterowym pKGWFS7, pozwalającym na ekspresję białek GUS i GFP spod natywnych promotorów. Sklonowano promotory genów kodujących ZPR1 z *S. tuberosum*, *Solanum pennellii* i *A. thaliana*. Przygotowano też konstrukty, w których GUS i GFP połączone są z białkiem natywnym ZPR1.

Celem określenia funkcji białka StBBX22 w procesach wzrostu i rozwoju zależnych od światła u ziemniaka uprawnego przeprowadzono:

- Analizę ekspresji genu *StBBX22* u roślin *S. tuberosum*, odm. Desirée w warunkach kontrolnych oraz w odpowiedzi na światło niebieskie, czerwone i na działanie dalekiej czerwieni oraz w ciemności.
- Charakterystykę fenotypową roślin transgenicznych *S. tuberosum* z nadekspresją genu *StBBX22* oraz linii z mutacją typu knock-out dla genu *StBBX22* w warunkach kontrolnych oraz w odpowiedzi na światło niebieskie, czerwone i na działanie dalekiej czerwieni oraz w ciemności.
- Identyfikację kompleksów białkowych, z którymi oddziałuje białko StBBX22 przy zastosowaniu przejściowej ekspresji białka GFP-BBX22 w liściach tytoniu *N. benthamiana*. Uzyskane ekstrakty białkowe z liści transformowanych oraz nietransformowanych (kontrola) zostały poddane sekwencjonowaniu za pomocą spektrometrii mas sprzężonej z chromatografią cieczową.
- Określenie lokalizacji subkomórkowej białka StBBX22 w protoplastach *A. thaliana* i *S. tuberosum* przy użyciu mikroskopu konfokalnego oraz w roślinach *S. tuberosum* z ekspresją białka GFP-BBX22 metodą Western blot.

Celem określenia funkcji białka StBBX20 w odpowiedzi na stres solny przeprowadzono:

- Analizę fenotypową roślin *S. tuberosum* z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* i nadekspresją genu *StBBX20* poddanych działaniu stresowi solnemu.
- Analizę ekspresji genów kodujących transportery Na^+ , które odgrywają kluczową rolę w utrzymaniu homeostazy jonowej, takich jak *HKT1*, *NHX3* i *SOS1*, *SOS2*, *SOS3* (ang. *Salt Overly Sensitive*) u roślin z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* i nadekspresją genu *StBBX20* oraz odmiany wyjściowej Desirée poddanych działaniu stresu solnego.
- Analizę aktywności enzymów antyoksydacyjnych u roślin z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* i nadekspresją genu *StBBX20* odmiany wyjściowej Desirée poddanych działaniu stresu solnego.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Kamrani Y.Y., Shomali A., Aliniaiefard S., Lastochkina O., Moosavi-Nezhad M., Hajinajaf N., **Talar U.** (2022). Regulatory Role of Circadian Clocks on ABA Production and Signaling, Stomatal Responses, and Water-Use Efficiency under Water-Deficit Conditions. *Cells* 11, 7: 1154, DOI 10.3390/cells11071154. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 7,666

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., **Kielbowicz-Matuk A.**, Ćwiek-Kupczyńska H., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., Krajewski P. (2022). High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley sdw1 near-isogenic lines. *BMC Genomics* 23, 1: 177, DOI 10.1186/s12864-022-08410-1. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,558

Kielbowicz-Matuk A., Grądzka K., Biegańska M., Talar U., Czarnecka J., Rorat T. (2022). The StBBX24 protein affects the floral induction and mediates salt tolerance in *Solanum tuberosum*. *Frontiers in Plant Science* 13: DOI 965098.10.3389/fpls.2022.965098. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 6,627

ZAKŁAD FIZJOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu
Skład Zakładu

prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
dr hab. Izabela Pawłowicz
dr hab. Danuta Babula-Skowrońska
dr Joanna Majka (urlop bezpłatny - staż)
dr Katarzyna Lechowicz (do 30.06.2022)
dr Dawid Perlikowski
mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski
mgr Natalia Żyła (doktorantka)
mgr inż. Adrianna Czapiewska (doktorantka)
mgr Julia Górna (doktorantka od 1.10.2022)

Głównym celem badań prowadzonych w Zakładzie jest poznanie mechanizmów zimotrwałości, mrozoodporności i tolerancji suszy u traw kompleksu *Lolium-Festuca* oraz tolerancji suszy i zasolenia u *Brassica napus*. Badamy m.in. (i) aktywność aparatu fotosyntetycznego i komórkowego systemu antyoksydacyjnego, (ii) zmiany zachodzące w transkryptomie, proteomie, metabolomie pierwotnym i lipidomie różnych organów roślinnych oraz (iii) funkcję wybranych genów w odpowiedzi roślin na abiotyczne czynniki stresowe. Ponadto, w Zakładzie analizujemy strukturę i ewolucję genomów mieszańców *Lolium-Festuca*.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	6

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			1
NCN	2	2	2
NCBiR			
MRiRW	1	1	1
Inny			
Ogółem	3	3	4

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 20 Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u <i>Festuca glaucescens</i> ; nr 2020/39/B/NZ9/02488, 2021-07-02; 2025-07-01; 1 615 994,00 PLN	I. Pawłowicz; A. Czapiewska, A. Kosmala, K. Lechowicz, D. Perlikowski	TAK
2	NCN; OPUS 21 Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych; nr 2021/41/B/NZ9/00782, 2022-06-01; 2026-05-31; 2 076 780,00 PLN	D. Perlikowski; J. Górna, A. Kosmala, I. Pawłowicz, M. Rapacz (UR w Krakowie), W. Zwierzykowski	TAK
3	MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej; Zad. nr 17, 2021-01-01; 2026-12-31; 250 000,00 PLN (2022 r.)	A. Kosmala; K. Lechowicz, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, L. Błaszczuk, A. Płazek (UR, Kraków), M. Rapacz (UR, Kraków), G. Żurek (IHAR-PIB), E. Małuszyńska (IHAR-PIB), M. Staniak (IUNG-PIB), E. Paszkowski (DANKO HR), K. Szwarz (GRUNWALD HR)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Wykazano, że profile akumulacji wybranych metabolitów pierwotnych i lipidów w węzłach krzewienia mogą być wskaźnikiem poziomu tolerancji suszy i potencjału regeneracyjnego po ustąpieniu tego stresu u *Festuca arundinacea* i mieszańców *Lolium multiflorum*/*F. arundinacea*. Trawy tolerujące suszę akumulują w węzłach metabolity pierwotne, a zwłaszcza węglowodany, które pełnią funkcję osmoprotektantów. Z kolei trawy o niskiej tolerancji i stosunkowo wysokim stopniu uszkodzenia struktury błon komórkowych w warunkach stresu akumulują w węzłach fosfolipidy, które są wykorzystywane do naprawy błon w trakcie regeneracji.

Perlikowski D., Skirycz A., Marczak Ł., Lechowicz K., Augustyniak A., Michaelis Ä., Kosmala A. (2022). Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and

recovery after stress cessation in *Lolium/Festuca* forage grasses. Journal of Experimental Botany, erac398. DOI: 10.1093/jxb/erac398

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

Projekty kierowane w Zakładzie

NCN; OPUS 20 „Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*”. W 2022 r. poznano sekwencję genomu *F. glaucescens* oraz wyodrębniono sekwencje genów kodujących lipokaliny, w tym lipokaliny chloroplastowe.

NCN; OPUS 21 „Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych”; badania w projekcie rozpoczęto w czerwcu 2022 r. Jak dotąd przeprowadzono: (i) analizy fizjologiczne (oszacowano temperaturę powodującą 50% wyciek elektrolitów z tkanek, wykonano analizy parametrów fluorescencji chlorofilu i parametrów wymiany gazowej) oraz (ii) zbiór liści i węzłów krzewienia, w warunkach: kontrolnych, prehartowania, hartowania, rozhartowania i ponownego hartowania roślin na mróz u *F. arundinacea* i mieszańców *L. multiflorum*/*F. arundinacea*. Wyselekcjonowano rośliny różniące się poziomem mrozoodporności w warunkach oscylujących temperatur.

MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”; celem projektu jest poznanie mechanizmów tolerancji suszy, zimotrwałości i odporności na choroby u form introgresywnych *L. perenne*/*F. pratensis* i *L. multiflorum*/*F. arundinacea*. W 2022 r. wyselekcjonowano diploidalne i tetraploidalne formy o stosunkowo wysokim i stosunkowo niskim poziomie zimotrwałości oraz tolerancji suszy; wyznaczono fizjologiczno-molekularne wskaźniki mrozoodporności dla diploidalnych mieszańców *L. perenne*/*F. pratensis* w warunkach: prehartowania, hartowania, rozhartowania i ponownego hartowania roślin na mróz, tzn. temperaturę powodującą 50% wyciek elektrolitów z tkanek, parametry fluorescencji chlorofilu, w tym maksymalną wydajność fotochemiczną fotosystemu II (*Fv/Fm*) oraz poziom akumulacji transkryptu genu *cor14b* i białka Cor14b.

Projekty realizowane we współpracy

The Czech Science Foundation (GACR) „Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide hybrids“, nr 20-10019S, 2020-02-12; 2022-12-31; David Kopecký (Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Olomouc). Celem projektu jest analiza mechanizmów dominacji (sub)-genomu u mieszańców międzygatunkowych kompleksu *Festuca-Lolium*, tj. otrzymanych w wyniku krzyżowania *F. pratensis*, *L. multiflorum*, *F. glaucescens* oraz u mieszańców *Allium cepa* × *A. roylei*; J. Majka

NCN; OPUS 16 "Wpływ tlenu azotu na stan acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary", nr 2018/31/B/NZ9/00355, 2019-07-08; 2023-07-07; M. Arasimowicz-Jelonek (UAM w Poznaniu). Badania mają na celu wyjaśnienie nowego aspektu metabolizmu NO u patogenicznego łęgniowca *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary związanego z zaangażowaniem tej cząsteczki w regulację stopnia acetylacji białek histonowych. Członkowie zespołu z IGR PAN biorą udział w analizie ekspresji genów

kodujących acetylotransferazy histonowe (HATs) oraz deacetylazy histonowe (HDACs); A. Kosmala, D. Perlikowski

NCN; OPUS 15 „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”, nr 2018/29/B/NZ9/01457, 2019-03-01; 2023-02-28; kierownik A. Kielbowicz-Matuk. Pracownik Zakładu Fizjologii Roślin bierze udział w analizie ekspresji genów (RT-qPCR); I. Pawłowicz

MRiRW; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: „Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.), z wykorzystaniem zaawansowanych technik molekularnych”, projekt nr 27, 2021-01-01; 2026-12-31; J. Niemann (UP w Poznaniu). Członek zespołu z IGR PAN bierze udział w analizie ekspresji wybranych genów (*Rlm3*, *Rlm4* i *Rlm7*) związanych z odpornością na suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców rzepaku; I. Pawłowicz

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Perlikowski D., Skirycz A., Marczak Ł., Lechowicz K., Augustyniak A., Michaelis Ä., Kosmala A. (2022). Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and recovery after stress cessation in *Lolium/Festuca* forage grasses. *Journal of Experimental Botany*, erac398. DOI: 10.1093/jxb/erac398; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 7,378

Perlikowski D., Lechowicz K., Pawłowicz I. Arasimowicz-Jelonek M., **Kosmala A.** (2022). Scavenging of nitric oxide up-regulates photosynthesis under drought in *Festuca arundinacea* and *F. glaucescens* but reduces their drought tolerance. *Scientific Reports* 12, 6500. DOI: 10.1038/s41598-022-10299-5; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,997

Perlikowski D., Lechowicz K., Skirycz A., Michaelis Ä., Pawłowicz I., Kosmala A. (2022). The role of triacylglycerol in the protection of cells against lipotoxicity under drought in *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* introgression forms. *Plant and Cell Physiology* 63: 353-368. DOI: 10.1093/pcp/pcac003; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,937

Kopecký D., Scholten O., **Majka J.**, Burger-Meijer K., Duchoslav M., Bartoš J. (2022). Genome Dominance in *Allium* Hybrids (*A. cepa* × *A. roylei*). *Frontiers in Plant Science* 13: 854127. DOI: 10.3389/fpls.2022.854127; MEiN 100; IF₂₀₂₁ 6,627

Boller B., Schneider M.K., Zhao C., Bartos J., **Majka J.**, Kopecky D. (2022). *Festuca apennina* × *F. pratensis* triploid hybrids exceed their parents in adaptation to broad-environmental conditions. *Alpine Botany* DOI: 10.1007/s00035-022-00290-1; MEiN 100; IF₂₀₂₁ 2,742

Szwarc J., Niemann J., Kaczmarek J., **Majka J.**, Bocianowski J. (2022). Novel Brassica hybrids with different resistance to *Leptosphaeria maculans* reveal unbalanced rDNA signal patterns. *Open Life Sciences* 17: 293-301. DOI: 10.1515/biol-2022-0032; MEiN 40; IF₂₀₂₁ 1,311

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik Zakładu **dr hab. Grzegorz Koczyk**
 Skład Zakładu prof. dr hab. Paweł Krajewski
 dr hab. Grzegorz Koczyk
 dr Katarzyna Czyż
 dr Dariusz Kruszka (od 1.10.2022)
 dr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska
 dr inż. Monika Mokrzycka
 mgr Michał Kawaliło (doktorant)
 mgr Maria Nuc (doktorantka)
 lic. Michał Stanoch (specjalista-bioinformatyk; od 1.12.2022)

Badania koncentrują się na modelowaniu i analizach danych pochodzących z doświadczeń biologicznych, w szczególności danych multiomicznych (genom, epigenom, transkryptom, metabolom). Ze względu na duże liczby obserwacji i wzajemną komplementarność tych analiz w projektach biologicznych, istotnymi zagadnieniami są integracja różnych zbiorów danych (struktury i narzędzia przetwarzania danych) oraz podejście filogenomiczne uwzględniające interpretację wyników w kontekście ewolucyjnym.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	6
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	6

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	3		7
NCBiR	1		
MRiRW			4
Inny			
Ogółem	4		11

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN; HARMONIA 8;	P. Krajewski;	NIE

	Regulacja ekspresji genu półkarłowatości <i>sdw1/ denso</i> u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-17; 2022-04-16; 923 780,00 PLN	A. Kielbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, A. Daszkowska-Golec (UŚ Katowice), K. Kaufmann (HU Berlin)	
2	NCBiR; BIOSTRATEG; Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej (Akronim: HYBRE); BIOSTRATEG3/343665/6/NCB R/2017; 2017-08-21; 2022-12-31; P. Krajewski (IGR), M. Rakoczy-Trojanowska (SGGW); 5 599 204,00 PLN	P. Krajewski (koordynator w IGR PAN); M. Mokrzycka (IGR PAN); M. Rakoczy-Trojanowska (SGGW) S. Malepszy (SGGW), S. Stojałowski (ZUT Szczecin), M. Tyrka (Politechnika Rzeszowska), D. Jasińska (PHR), P. Matysik (HR Strzelce)	NIE
3	NCN; OPUS 11; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 2017-03-07; 2022-03-06; 762 880,00 PLN	G. Koczyk; M. Kawałiło, D. Kruszka	NIE
4	NCN; SONATA 11; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych; 2016/21/D/NZ8/01300; 2017-03-03; 2022-03-02; 493 800,00 PLN	K. Czyż; M. Kawałiło	NIE

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

W oparciu o analizę danych transkryptomicznych i epigenomicznych przewidziano funkcje bakteryjnego efektoru XopD. Analizowano jedynie materiał genetyczny zainfekowanych komórek *Arabidopsis thaliana*, pozyskany z użyciem pionierskiej metody izolacji eINTACT. Wyniki analiz pozwoliły współautorom wykazać rolę XopD w manipulacji gospodarką wodną rośliny poprzez oddziaływanie na gen OSCA1.1 (kanał odpowiedzialny za zamykanie aparatów szparkowych).

You Y., Koczyk G., Nuc M., Morbitzer R., Holmes D.R., von Roepenack-Lahaye E., Hou S., Giudicatti A., Gris C., Manavella P.A., Noël L.D., Krajewski P., Lahaye T. The eINTACT system dissects bacterial exploitation of plant osmosignalling to enhance virulence. *Nat Plants*. 2022; 10.1038/s41477-022-01302-y

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

NCN; OPUS 11: Celem projektu była identyfikacja gatunków grzybów posiadających zdolność do biosyntezy makrolaktonów i scharakteryzowanie ewolucyjnych źródeł tejże zdolności. W roku 2022 kontynuowano i zakończono prace nad przedstawicielami rodzajów: *Diaporthe*, *Diaporthella*, *Leucostoma*, *Penicillium* i *Pochonia* (analizy ekspresji genów oraz zawartości laktonów w kulturach grzybowych). Uprawdopodobniono, na drodze konstrukcji filogenomicznych map drogowych oraz analiz porównawczych składu klastrów genów biosyntezy, hipotezę początkową o istotnym wpływie transferu horyzontalnego na zróżnicowanie taksonomiczne producentów laktonów (w szczególności kurwularyny i dehydrokurwularyny; publikacja w przygotowaniu). Jednocześnie, potwierdzono obecność niescharakteryzowanych wcześniej (a aktywnych transkrypcyjnie) klastrów biosyntetycznych u przedstawicieli rzędu *Diaporthales*. Wykazano znaczący statystycznie wpływ azacytydyny jako czynnika znoszącego epigenetyczną inhibicję aktywności klastrów makrolaktonowych (*Fusarium cerealis*) oraz kwasów cynamonowego i ferulowego jako induktorów ekspresji (*Fusarium cerealis*, *Curvularia affinis*).

NCN; SONATA 11: Celem projektu było wyjaśnienie przemian ewolucyjnych prowadzących do wykształcenia zdolności biologicznego wiązania azotu w obrębie rodziny Fabaceae. W roku 2022 zakończono analizy transkryptomów 10 niemodelowych gatunków roślin strączkowych wykazujących różną zdolność biologicznego wiązania azotu (*C. mimosoides*, *P. stipulacea*, *F. albida*, *D. cinerea*, *D. velutinus*, *S. obtusifolia*, *C. sturtii*, *G. dioicus*, *C. siliqua*, *A. pechuelii*) oraz analizy kopijności genów (metodą ddPCR) i ich ekspresji (metodą qRT-PCR). Wytypowane uprzednio rodziny genowe, istotnie różnicujących gatunki zdolne do tworzenia brodawek korzeniowych, analizowano dalej pod kątem przypuszczalnej funkcji (termów ontologii genów). Na podstawie uzyskanych wyników i dalszych analiz (kopijności/ekspresji genów) potwierdzoną sformułowane w 2021 wstępnie wnioski dot. selektywnej utraty genów (13 rodzin powiązanych z: rozwojem trichomów, odpowiedzią na infekcję/zranienia) jako nieodzownej składowej umożliwiającej stabilizację zdolności do symbiotycznego wiązania azotu wśród licznych linii zróżnicowanych ewolucyjnie roślin bobowatych (Czyż i in. 2022).

NCBiR; BIOSTRATEG HYBRE: Celem projektu jest opracowanie strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyznej. W latach poprzednich, na podstawie genotypowania przez sekwencjonowanie i doświadczeń polowych prowadzonych przez 2 lata w czterech lokalizacjach obejmujących 509 odmian i rodów hodowlanych pszenicy, opisano strukturę genetyczną akcesji i wykonano mapowanie asocjacyjne (GWAS) dla sześciu cech: daty kwitnienia i kłoszenia, wysokości roślin, liczby i wagi ziaren w kłosie oraz masy tysiąca ziaren. W roku sprawozdawczym rozszerzono te badania na analizę efektów heterozji loci w stanie heterozygotycznym. Zidentyfikowano 1261 markerów SNP o istotnych efektach, w większości dla cech fenologicznych. Podjęto także próbę wykorzystania wyników GWAS do opracowania modelu genomowej predykcji własności fenotypowych pszenicy. Jakość predykcji, mierzona współczynnikiem korelacji wartości obserwowanych i przewidzianych modelem, wynosiła od 0.52 do 0.97 dla predykcji wykorzystującej wszystkie markery SNP i od 0.37 do 0.89 dla predykcji wykorzystującej

tylko markery istotne w GWAS. Wyniki analizy asocjacyjnej oraz predykcji genomowej weryfikowano z użyciem danych pochodzących z doświadczeń porejestrowych prowadzonych przez COBORU w latach 2015-2018. Wyniki zostały opublikowane (Mokrzycka i in. 2022).

NCN; HARMONIA 8: Celem projektu jest poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin. W roku 2022 kontynuowano badania dotyczące wiązania czynników transkrypcyjnych do elementów cis-regulatorowych. Dla 24 prób pochodzących z węzłów krzewienia roślin trzech genotypów, uprawianych w różnych warunkach temperaturowych, wykonano badanie chromatyny dostępnej dla transpozazy i sekwencjonowanie NGS (ang. assay for transposase-accessible chromatin with sequencing, ATAC-seq). Izolację DNA i przygotowanie bibliotek do sekwencjonowania przeprowadziła dr hab. A. Kielbowicz-Matuk we współpracy z partnerem zagranicznym projektu w laboratorium prof. Kerstin Kauffman (HU Berlin). Uzyskano po raz pierwszy dane nt. regionów genomu aktywnych (pod względem dostępności dla białek wchodzących w interakcję z DNA podczas transkrypcji) w węźle krzewienia jęczmienia. Otrzymane wyniki pozwolą na zawężenie regionów regulatorowych wielu genów do regionów aktywnych (dostępnej chromatyny), co z kolei umożliwi lepszą predykcję działających w tych regionach czynników transkrypcyjnych. Pełne wyniki analizy danych otrzymanych metodą ATAC-seq oraz wyniki ich integracji z danymi opisującymi zmiany ekspresji genów (RNA-seq) są podstawą publikacji przygotowywanej obecnie we współpracy zespołów z IGR PAN, UŚ Katowice i HU Berlin.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

You Y., **Koczyk G.**, **Nuc M.**, Morbitzer R., Holmes D.R., von Roepenack-Lahaye E., Hou S., Giudicatti A., Gris C., Manavella P.A., Noël L.D., **Krajewski P.**, Lahaye T. (2022). The eINTACT system dissects bacterial exploitation of plant osmosignalling to enhance virulence. *Nat Plants*. 2022; 10.1038/s41477-022-01302-y [published online ahead of print, 2022 Dec 22]; MEiN 200; IF₂₀₂₁ 17,352

Czyż K.B., Taylor C.M., **Kawalilo M.**, **Koczyk G.** (2022). Gain or Loss? Evidence for Legume Predisposition to Symbiotic Interactions with Rhizobia via Loss of Pathogen-Resistance-Related Gene Families. *International Journal of Molecular Sciences* 23(24): 16003. <https://doi.org/10.3390/ijms232416003>; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 6,208

Mokrzycka M., Stojalowski S., Tyrka M., Matysik P., Żmijewska B., Marcinkowski R., Woźna-Pawlak U., Martofel R., Rokicki M., Rakoczy-Trojanowska M., **Krajewski P.** (2022). Genome-Wide Association Analysis for Hybrid Breeding in Wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 2022, 23, 15321, 10.3390/ijms232315321; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 6,208

Bukowska-Olech E., Sowinska-Seidler A., Larysz D., Gawlinski P., **Koczyk G.**, Popiel D., Gurba-Bryskiewicz L., Materna-Kiryluk A., Adamek Z., Szczepankiewicz A., Dominiak P., Glista F., Matuszewska K., Jamsheer A. (2022). Results from Genetic Studies in Patients Affected with Craniosynostosis: Clinical and Molecular Aspects. *Frontiers in Molecular Biosciences* 9: 865494, 10.3389/fmolb.2022.865494; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 6,113

Ksiazkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewinski P., Bielski W., **Nuc M.**, Kozak B., **Krajewski P.**, Jedryczka M. (2022). A successful defense of the narrow-leafed lupin against

anthracnose involves quick and orchestrated reprogramming of oxidation-reduction, photosynthesis and pathogenesis-related genes. *Scientific Reports* 12, 1: 8164, 10.1038/s41598-022-12257-7; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,997

Mikolajczak K., Kuczynska A., Ogrodowicz P., Kielbowicz-Matuk A., **Cwiek-Kupczynska H.**, Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., **Krajewski P.** (2022). High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley *sdw1* near-isogenic lines. *BMC Genomics* 23, 1: 177, 10.1186/s12864-022-08410-1; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,558

ZAKŁAD FENOMIKI ZBÓŻ

Kierownik Zakładu **dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN**
 Skład Zakładu dr inż. Krzysztof Mikołajczak
 dr Piotr Ogrodowicz
 mgr Renata Trzeciak
 Alina Anioła
 Renata Holewińska
 mgr Michał Kempa (doktorant)
 mgr Martyna Bodzak (doktorantka)

Zakład prowadzi badania wszechstronnej reakcji jęczmienia na poziomie fenomu oraz transkryptomu, proteomu i lipidomu, a także regulacji współdziałania fitohormonów za pośrednictwem miRNA czy wyjaśnienia roli struktur epidermy w aspekcie zmian fenologicznych – wszystko w odpowiedzi na wybrane czynniki stresowe (abiotyczne i biotyczne). Analizy wspierane są fenotypowaniem nowej generacji umożliwiającym nieinwazyjne obrazowanie dynamiki wzrostu nadziemnych i podziemnych części roślin.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	6	3	1
NCBiR			1
MRiRW	1	1	
Inny			
Ogółem	7	4	2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 12; Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, H. Ćwiek-	NIE

	roślin jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06; 2022-09-05; 1 418 618,00 PLN	Kupczyńska, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, I. Szarejko (Uniwersytet Śląski, Katowice), A. Daszkowska-Golec (UŚ, Katowice). D. Gruszka (UŚ, Katowice), M. Pérez-Llorca (University of Barcelona, Hiszpania), S. Munné-Bosch (University of Barcelona, Hiszpania), B. Berger (The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Australia)	
2.	NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27; 2023-07-26; 1 848 480,00 PLN	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Mokrzycka, M. Kempa, M. Bodzak, D. Kruska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular And Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania)	TAK
3.	NCN; OPUS 21; Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego. 2021/41/B/NZ9/02373; 2022-01-21 - 2026-01-20; 1 897 107,00 PLN	P. Ogrodowicz; P. Krajewski, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, M. Bodzak, D. Kruska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, K. Wojciechowicz (UAM, Poznań), H.M. Kalaji (SGGW, Warszawa)	TAK
4.	NCN; OPUS 21; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów. 2021/41/B/NZ9/02576; 2022-03-01 - 28-02-2026; 2 141 254,00 PLN	K. Mikołajczak; P. Krajewski, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak, D. Kruska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak	TAK
5.	NCN; SONATA 12; Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego	P. Ogrodowicz; P. Krajewski, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, K. Wojciechowicz (UAM, Poznań)	NIE

	(<i>Hordeum vulgare</i> L.); 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10; 2022-02-09; 435 150,00 PLN		
6.	NCN; SONATA 12; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10; 2022-02-09; 621 140,00 PLN	K. Mikołajczak; P. Krajewski, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Nuc, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak	NIE
7.	MRiRW; Postęp Biologiczny; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe; Zad. 14; 2021-2025; 279 600,00 PLN (2022 r.)	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, M. Bodzak, M. Mokrzycka, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

W ujęciu globalnym stwierdzono, że regulacja transkryptomu i proteomu oraz zmiany fenotypowe w liściu flagowym jęczmienia jarego pod wpływem suszy i wysokiej temperatury występujące jednocześnie są bardziej zbliżone do zmian indukowanych suszą niż wysoką temperaturą. Wytypowano geny i odpowiadające im białka, których kierunek regulacji był taki sam w danych warunkach stresu abiotycznego; mogą one stanowić wartościowy zbiór genów w opracowaniu odmian o zwiększonej tolerancji na stresy środowiskowe.

NCN SONATA 12 nr 2016/23/D/NZ9/00043; Mikołajczak K., Kuczyńska A., Krajewski P., Kempa M., Nuc M. (2023). Transcriptome profiling disclosed the effect of single and combined drought and heat stress on reprogramming of genes expression in barley flag leaf. Front. Plant Sci. doi: 10.3389/fpls.2022.1096685

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

W 2022 roku zostały zakończone trzy projekty:

NCN OPUS 12 nr 2016/23/B/NZ9/03548. Przeprowadzając doświadczenia w warunkach niedoboru wody uzyskano informację na temat wszechstronnej reakcji wyselekcjonowanych genotypów jęczmienia, tj. linii różniących się mutacjami w genach decydujących

o syntezie/percepcji fitohormonów i ich form wyjściowych, na poziomie fenomu oraz transkryptomu i proteomu węzła krzewienia w zróżnicowanych warunkach środowiska. Zidentyfikowano geny o zróżnicowanej ekspresji pod wpływem suszy, które były zaangażowane w szlaki biosyntezy/transdukcji sygnału giberelin, brasinosteroidów i strigolaktonów. Określono wpływ egzogennych GA, BR oraz SL na poziom ekspresji genów zaangażowanych w kluczowe etapy biosyntezy i sygnalizacji tych fitohormonów. Stwierdzono istnienie dodatniego sprzężenia zwrotnego między procesem syntezy i percepcji giberelin, jak również istnienie interakcji między trzema badanymi grupami fitohormonów. Integracja wyników dostarczyła nowych informacji na temat istotnych zależności między cechami fenotypowymi a ekspresją genów, białek i zawartością fitohormonów zachodzących pod wpływem stresu abiotycznego.

NCN SONATA 12 nr 2016/23/D/NZ9/00042. Określono rolę czynnika transkrypcyjnego HvGAMYB w regulacji mechanizmów kwitnienia w aspekcie strategii tzw. ucieczki przed suszą. Badania dotyczyły również powiązania między szlakami kwitnienia (fotoperiodycznym oraz giberelino-zależnym) obserwowanym u roślin poddanych stresowi niedoboru wody. Przeprowadzono kompleksowe badania dotyczące wpływu stresu suszy na rozwój i morfologię organów generatywnych roślin, które przy wykorzystaniu wybranych modyfikatorów wzrostu charakteryzowały się szybszym bądź wolniejszym tempem rozwoju. Stwierdzono znaczenie terminu kwitnienia oraz kłoszenia w zaburzeniach rozwojowych (monitorowanych przede wszystkim na podstawie poziomu ekspresji czynnika transkrypcyjnego HvGAMYB) powodowanych przez niedobór wody w wybranych układach doświadczalnych.

NCN SONATA 12 nr 2016/23/D/NZ9/00043. Zbadano molekularną odpowiedź liścia flagowego jęczmienia jarego na stresy abiotyczne tj. suszę i wysoką temperaturę oraz ich kombinację. Dowiedziono, że na poziomie fenotypu, parametrów fizjologicznych oraz regulacji transkryptomu (w ujęciu globalnym) odpowiedź pod wpływem łączonego stresu była bardziej zbliżona do suszy niż do wysokiej temperatury. Zidentyfikowano geny związane z reakcją jęczmienia na suszę i wysoką temperaturę, w tym takie, które warunkują odpowiedź zarówno w stresie pojedynczym jak i łączonym. Analiza danych proteomicznych potwierdziła zależności obserwowane dla transkryptomu. Na podstawie integracji wyników wykryto istotny związek między cechami fenotypowymi a ekspresją genów i białek w niekorzystnych warunkach środowiska (Mikołajczak i in. 2023, *Front. Plant Sci.* doi: 10.3389/fpls.2022.1096685).

W roku obejmującym sprawozdanie kontynuowano dwa projekty:

NCN OPUS 18 nr 2019/35/B/NZ9/00208. Koncentruje się na zbadaniu związku między akumulacją melatoniny i rolą brassinosteroidów, jak i innych fitohormonów, w kontekście adaptacji jęczmienia do warunków suszy. Przeprowadzono analizy transkryptomu oraz zmian jakościowo-ilościowych fitohormonów w badanym materiale roślinnym. Z kolei wykonane obserwacje cech fenotypowych i fizjologicznych pozwoliły na szerszą charakterystykę jęczmienia rosnącego w zróżnicowanych warunkach środowiska. Dodatkowo przy wykorzystaniu metody qPCR zbadano ekspresję wybranych genów u odmiany Bowman w warunkach kontrolnych oraz po traktowaniu roślin epibrassinolidem.

MRiRW, Postęp Biologiczny, Zad. 14, 2021-2025 – wiąże się z oceną reakcji form jęczmienia jarego, będącego w kolekcji polskich firm hodowlanych, na stres niedoboru wody w połączeniu z badaniami podatności jęczmienia na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz na plamistość siatkową jęczmienia wywoływaną

przez *Pyrenophora teres*. Wykonano analizy biometryczne materiału roślinnego z I roku doświadczeń w warunkach polowych oraz charakterystykę badanych genotypów w doświadczeniu polowym (będącego II rokiem doświadczeń) z zastosowaniem inokulacji zarodnikami grzybów. Przeprowadzono ciągłe i nieinwazyjne obrazowanie badanej puli genotypów w czasie rzeczywistym, w warunkach suszy, na platformie do automatycznego fenotypowania roślin.

W 2022 roku rozpoczęto realizację dwóch projektów:

NCN OPUS 21 nr 2021/41/B/NZ9/02373. Ukierunkowany jest na wyjaśnienie roli struktur epidermy, takich jak trichomy i kutykula, w reakcji obronnej roślin na stres abiotyczny i biotyczny działające w tym samym czasie, w aspekcie zmian fenologicznych. Wyselekcjonowane genotypy jęczmienia rosnące w Centrum Uprawy Roślin IGR PAN w warunkach łączonych stresów suszy oraz infekcji grzybami z rodzaju *Fusarium* poddano badaniom obejmującym m.in. analizę poziomu ekspresji czterech wybranych genów, ocenę liczby trichomów za pomocą mikroskopii świetlnej, a także obserwację zmiany szeregu parametrów związanych z fluorescencją chlorofilu.

NCN OPUS 21 nr 2021/41/B/NZ9/02576. Celem jest zbadanie regulacji współdziałania fitohormonów w odpowiedzi na suszę za pośrednictwem miRNA. Przeprowadzono doświadczenie pilotażowe mające na celu wytypowanie odpowiednich stężeń aplikacji fitohormonów oraz punktów czasowych zbioru próbek do analiz molekularnych w doświadczeniu głównym. Dokonano oceny wpływu egzogenego traktowania roślin odmiany Bowman różnymi stężeniami kwasu abscysynowego oraz epibrassinolidu w warunkach okresowej suszy. Wpływ fitohormonów na rośliny analizowano na poziomie cech fenotypowych, fizjologicznych oraz zbadano ekspresję wybranych miRNA (np. miR165, miR172) w różnych punktach czasowych.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Kielbowicz-Matuk A., Ćwiek-Kupczyńska H., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., **Surma M.,** Krajewski P. (2022). High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley *sdw1* near-isogenic lines. *BMC Genomics* 23, 1: 177. DOI 10.1186/s12864-022-08410-1; MEiN 140, IF₂₀₂₁ 4,558

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu
Skład Zakładu

prof. dr hab. Tomasz Pniewski
dr hab. Katarzyna Głowacka, 1/8 etatu, praca zdalna
dr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska
dr Karolina Sobańska
dr Benita Ortega Berlanga (urlop bezpłatny od 1.10.2022)
mgr Hanna Pudelska
mgr inż. Estera Wojtkowiak, ½ etatu (od 1.03.2022)
Katarzyna Beczek
mgr inż. Martyna Przewoźnik (doktorantka)

Badania Zakładu Biotechnologii Roślin koncentrują się na biopharmingu oraz zastosowaniu miskanta w bioenergetyce i fitoremediacji. Biopharming obejmuje wytwarzanie w różnych roślinnych układach ekspresyjnych cząstek wirusopodobnych opartych o antygeny HBV jako szczepionek oraz nośników biofarmaceutyków. Miskant jest obiektem badań nad biologicznymi podstawami tolerancji na stresy abiotyczne oraz opracowaniu narzędzi biotechnologicznych w celu poprawy produkcji i przetwarzania biomasy użytkowej.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	5	3	
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	5	3	

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź	M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa);	TAK

	immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową <i>Fasciola hepatica</i> i zarażeniu tym pasożytem; 2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10 – 2024-09-09; 1 999 800,00 PLN	T. Pniewski, A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa); H. Pudelska, M. Przewoźnik	
2	NCN; OPUS; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb; 2020/37/B/NZ6/02334; 2021-02-02 – 2025-02-21; 1 738 200,00 PLN	T. Pniewski; A. Wesołowska (IP PAN, Warszawa), M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa); H. Pudelska,	TAK
3	NCN; OPUS; Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (<i>Miscanthus × giganteus</i>). 2021/41/B/NZ9/04123; 2022-01-21 - 2026-01-20; 2 880 698,00 PLN	J. Ceraży-Waliszewska; M. Mleczek (UP, Poznań), P. Niedzielski (UAM, Poznań); T. Pniewski, K. Sobańska, H. Pudelska, M. Paczkowska, Z. Magdziak (UP), M. Gąsecka (UP), Z. Wojciechowska (UAM)	TAK
4	NCN; POLS; Immunogenność otrzymywanych w roślinach chimerycznych cząstek wirusopodobnych formowanych przez HBcAg prezentujący epitopy HBsAg do potencjalnej terapii chronicznego zapalenia wątroby typu B; 2020/37/K/NZ7/02387; 2021-09-15 - 2023-09-14; 877 125,00 PLN	B. Ortega Berlanga; T. Pniewski, E. Wojtkowiak	NIE
5	NCN; PRELUDIUM; Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej <i>Miscanthus</i>	K. Sobańska; J. Ceraży-Waliszewska, T. Pniewski, A. Basińska-Barczak, D. Kruszką, K. Głowacka (konsultant)	NIE

	<i>sinensis</i> ; 2018/29/N/NZ9/00854; 2019-01-02 - 2023-01-01; 140 000,00 PLN		
--	---	--	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

W badaniach projektu PRELUDIUM 15 „Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*” wykazano, że stopień tolerancji genotypów miskanta na niskie temperatury jest związany głównie z odmiennym składem ilościowym i strukturą ściany komórkowej. Znaczenie ma też strategia rozwojowa danych genotypów, polegająca odpowiednio bądź na odroście pędów po ustaniu stresu, bądź na adaptacji do chłodu.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Badania Zakładu Biotechnologii Roślin prowadzone są w tematyce biopharmingu (projekty OPUS 18, OPUS 19 i POLS) oraz biologicznych podstaw wykorzystania miskanta do produkcji biomasy użytkowej oraz fitoremediacji (PRELUDIUM 15 i OPUS 21).

NCN, OPUS 18, 2019/35/B/NZ6/04002. Celem projektu jest uzyskanie cząstek wirusopodobnych (Virus-Like Particles, VLPs) złożonych z antygeny rdzeniowego HBV (HBcAg) pełniącego rolę nośnika prezentującego immunodominującą domenę proteiny cysteinowej (CPFhW) *F. hepatica*, jako potencjalnej szczepionki iniekcyjno-doustnej do późniejszej immunizacji zwierząt i określenia typu odpowiedzi immunologicznej. W roku 2022 wykonano w trzech powtórzeniach transformację sałaty za pomocą *A. tumefaciens* wektorami zawierającymi sekwencję chimerycznego białka, umożliwiającą tworzenie VLPs mozaikowych z heterodimeru HBcAg-CPFhW/HBcAg (sałata ozn. LT13) lub monoepitopowych HBcAg-CPFhW (LT14). Wykonano też transformację wektorem zawierającym sekwencję referencyjnego białka HBcAg (LT15) oraz podjednostki B termolabilnej enterotoksyny *E. coli* (LTB), jako potencjalnego adiuwantu słuźówkowego do immunizacji doustnej (LT16). Zregenerowane rośliny sałaty sprawdzono metodą PCR pod kątem obecności transgenów w DNA genomowym, a zweryfikowane rośliny uprawiano do zebrania nasion oraz testów immunoenzymatycznych (ELISA). Wykonano też eksperyment ekspresji przejściowej wektorami kodującymi HBcAg-CPFhW/HBcAg, HBcAg-CPFhW oraz HBcAg. Z powodu opóźnień w dostawie przeciwciał, konieczne było zebranie i zamrożenie materiału z ww. ekspresji przejściowej oraz I powtórzenia transformacji do czasu wykonania analiz w 2023 r. Natomiast w przypadku roślin zregenerowanych po III turze transformacji oznaczono zawartość HBcAg jako samodzielnego białka (LT15) lub komponentu białka chimerycznego HBcAg-CPFhW (LT13, LT14), co umożliwi wstępną selekcję roślin do dalszych prac.

NCN, OPUS 19, 2020/37/B/NZ6/02334. Celem projektu jest uzyskanie VLPs złożonych z HBcAg i S-HBsAg (małego antygeny powierzchniowego HBV) metodą ekspresji przejściowej oraz w roślinach transgenicznym i/lub transplastomicznym jako komponentów szczepionki iniekcyjno-doustnej, do immunizacji zwierząt i określenia typu odpowiedzi immunologicznej. Zaprojektowane w 2021 wektory do ekspresji HBcAg i S-HBsAg zostały skonstruowane przez zespół dr hab. M. Kęsik-Brodackiej (NIL), a następnie wprowadzone do komórek *A. tumefaciens*. Wykonaną ekspresję przejściową S-HBsAg zakończono

na etapie zbioru prób do analiz ELISA, planowanych na 2023 r. z powodu ww. opóźnień w dostawie niezbędnych przeciwciał. Natomiast transformację sałaty przełożono na początek 2023 r., wskutek dopiero w grudniu 2022 zakończonego pomyślnie naboru doktoranta.

NCN, POLS, 2020/37/K/NZ7/02387. Celem projektu było otrzymanie metodą ekspresji przejściowej panelu monoepitopowych i mozaikowych chimerycznych VLPs złożonych z HBcAg i prezentujących epitopy antygenów powierzchniowych HBsAg dla potrzeb określenia typu wywoływanej odpowiedzi immunologicznej jako potencjalnie alternatywnej metody terapii chronicznej postaci wzv B. W roku 2022 skonstruowano 13 z 16 wektorów zaprojektowanych w 2021, zawierających sekwencję nośnikowego HBcAg z/bez sekwencji TLM (translocation motif) oraz z poszczególnymi epitopami: 'a' z antygeny S-HBsAg (aS) oraz fragmentami preS2 i preS1 (odpowiednio z M- i L-HBsAg).

NCN, OPUS 21, 2021/41/B/NZ9/04123. W 2022 roku rozpoczęto trzyletnie doświadczenie mające na celu ocenę wpływu zanieczyszczenia gleby pięcioma wariantami stężeń związków arsenu. Zebrano rośliny i wykonano analizy zawartości arsenu w korzeniach, łodygach i liściach oraz w glebie, 45 dni po posadzeniu i pod koniec wegetacji. Otrzymane wyniki przeżywalności roślin, wartości badanych parametrów biometrycznych i fizjologicznych, akumulacji wybranych makro- i mikroelementów, zawartości kwasów organicznych i związków fenolowych oraz fitoekstrakcji form As: As(III), As(V), DMA i in., są obecnie analizowane statystycznie w celu wyboru stężenia As do eksperymentu II w 2023 r., związanego z analizą transkrypcji genów. Opisany eksperyment będzie natomiast kontynuowany przez kolejne dwa lata w celu obserwacji sezonowej migracji As w organach roślinnych.

NCN, PRELUDIUM 15, 2018/29/N/NZ9/00854. Celem projektu zakończonego w 2022 r. była identyfikacja procesów na poziomie ekspresji genów, biochemicznym, fizjologicznym i anatomicznym u *M. sinensis*, ze szczególnym uwzględnieniem zmian w ścianie komórkowej, w odpowiedzi na stres chłodu. W roku 2022 przeprowadzono metodą qPCR analizę transkrypcji genów z rodzin CesaA, PAL i WAK, uczestniczących w syntezie ściany komórkowej, wyselekcjonowanych uprzednio na podstawie analizy transkryptomów metodą Illumina i PacBio. Wykonano (we współpracy z prof. IGR R. Malinowskim) identyfikację komponentów ściany komórkowej łącząc metody immunohistochemii, autofluorescencji i histoilościowania, a także zobrazowano architekturę ściany komórkowej z użyciem TEM (współpraca dr. E. Gabała, IOR-PIB).

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Ortega-Berlanga B., Pniewski T. (2022). Plant-Based Vaccines in Combat against Coronavirus Diseases. *Vaccines* 10: 138. DOI 10.3390/vaccines10020138; MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,961

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW i ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownik Zakładu **prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka**
 Skład Zakładu dr Joanna Kaczmarek
 mgr inż. Witold Irzykowski
 Magdalena Wlaszczyk

Zakład prowadzi badania nad etiologią i epidemiologią chorób roślin uprawnych, opracowuje metody wczesnej detekcji chorobotwórczych grzybów i pierwotniaków w celu ich identyfikacji i wspomagania strategii ich zwalczania. Badania dotyczą także mykologicznej i molekularnej charakterystyki patogenów w celu poznania struktury oraz śledzenia zmian w ich populacjach dla wyznaczania prawidłowej strategii hodowli odpornościowej. W materiale roślinnym poszukujemy źródeł genetycznej odporności na patogeny.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	8
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	6
Ogółem	14

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN			
NCBiR			
MRiRW	2	2	1
Inny	1	2	
Ogółem	3	4	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	MRiRW ; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin; Zad. badawcze 21; 2021-2025;	M. Jędryczka ; M. Gawłowska, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Kaszuba (SDB Tomaszkowo), W. Pietruczanis (PHR	TAK

	184 800,00 PLN (2022 r.)	Wiatrowo)	
2	MRiRW ; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. badawcze 25; 2021-2026; 300 000,00 PLN (2022 r.)	M. Jędryczka ; J. Kaczmarek, W. Irzykowski, P. Strzeliński (UP Poznań) J. Piekarczyk (UAM, Poznań) J. Ceglarek (UAM, Poznań) A. Pszczółkowska (UWM, Olsztyn) A. Okorski (UWM, Olsztyn)	TAK
3	ARiMR , PROW „Współpraca”; Umowa 00044.DDD.650900.114.2019.02; Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe; 2022-2024; 269 925,17 PLN	M. Jędryczka ; J. Kaczmarek, W. Irzykowski	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

W zespole międzynarodowym (Polska, Czechy, Niemcy, Szwecja) określono aktualnie występujące patotypy 84 izolatów pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*, chorobotwórcze-go względem rzepaku, w tym 35 izolatów z Polski i Czech, dla których wszystkie oznaczenia wykonano w IGR PAN z wykorzystaniem systemów ECD i Somè+. Wyniki badań wskazują na kierunki, które należy podjąć w hodowli odpornościowej rzepaku na kiłę kapusty w Europie. Pracownik naukowy z IGR jest autorem korespondencyjnym publikacji.

Zamani-Noor N., Wallenhammar A-Ch., **Kaczmarek J.**, Patar U.R., Zouhar M., Manasova M., **Jędryczka M.** (2022) Pathotype Characterization of *Plasmodiophora brassicae*, the Cause of Clubroot in Central Europe and Sweden (2016–2020). Pathogens 11(12): 1440, 10.3390/pathogens11121440

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

MRiRW; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. Zad. bad. 21 na lata 2021-2025

Celem badań jest zidentyfikowanie genów o zróżnicowanej ekspresji związanych z odpornością grochu na askochytozę, wywoływaną przez grzyb *Peyronella pinodes*, zaprojektowanie markerów związanych z tą cechą oraz oznaczenie wpływu patogena na sprawność fotosyntetyczną porażonych roślin. W latach 2021-2022 oznaczono grzyby wywołujące askochytozę grochu w Polsce (Warmia i Wielkopolska). Wyodrębniono gatunki *P. pinodes*, *Didymella pisi*, *Ascochyta medicaginicola* a także nie identyfikowany dotąd na grochu gatunek *D. pomorum*. W warunkach kontrolowanych, szklarni i na polu,

oznaczono porażenie 48 form grochu w trzech punktach czasowych na askochytozę powodowaną przez *P. pinodes*. Badania w warunkach kontrolowanych prowadzono w IGR PAN a badania polowe przeprowadzono na polu doświadczalnym IGR PAN w Poznaniu i polu Stacji Dydaktyczno-Badawczej UWM w Tomaszowie koło Olsztyna. Wiele obiektów cechowała wyrównana reakcja na inokulację *P. pinodes* np. obiekty DS19183, Batuta, Gottinga, Messire, co umożliwiło wyłonienie form przydatnych do dalszych badań.

Podczas inokulacji w warunkach kontrolowanych najsilniejsze korelacje dodatnie stwierdzono między stopniem porażenia a przewodnictwem szparkowym i zawartością chlorofilu. Korelacje ujemne wykazano pomiędzy stopniem porażenia a parametrem ψ (E_o , przepływ energii w przeliczeniu na zredukowane centrum reakcji PSII). Zarówno w szklarni jak i na polu silną korelację ujemną zaobserwowano także pomiędzy stopniem porażenia a parametru F_v/F_m (maksymalna fotochemiczna wydajność kwantowa PSII).

Do sekwencjonowania RNAseq wybrano linie podatne i mniej podatne na askochytozę wywołowaną przez *P. pinodes*. W uzyskanej bibliotece zmapowano ok. 90% sekwencji; 88% z nich znajdowało się w unikalnych miejscach w genomie. Wskazano sekwencje o największej różnicy ekspresji pomiędzy liniami podatnymi oraz mniej podatnymi i oznaczono ich funkcje. Określono ich potencjalny udział w szlakach metabolicznych: biosyntezy izoflawonoidów, interakcji roślina-patogen, transdukcji sygnału hormonalnego w roślinie, metabolizmie kwasu alfa-linolenowego i wydłużaniu kwasów tłuszczowych.

Ponadto w 2022 roku przez skrócony cykl hodowlany SSD uzupełniono liczbę linii w populacjach mapujących, które będą badane w kolejnych latach projektu.

MRiRW; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. bad. 25 na lata 2021-2026

Celem projektu jest identyfikacja i charakterystyka aktualnie występujących w Polsce populacji grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku. Badania dotyczą patogenów wywołujących suchą zgniliznę kapustnych, zgniliznę twardzikową, kiłę kapusty i werciliozę.

W populacji *Plenodomus* (d. *Leptosphaeria*) 62% izolatów należało do gatunku *P. biglobosus* a bardziej szkodliwy gatunek *P. lingam* stanowił 38% składu tej populacji. Izolaty *Verticillium* uzyskane z porażonych łodyg rzepaku należały głównie do gatunku *V. longisporum* (88%), a pozostałe zidentyfikowano jako *V. dahliae*. Z badanych 90 odmian pięć cechowała odporność na suchą zgniliznę kapustnych, a sześć na werciliozę. Badany materiał roślinny nie był odporny na zgniliznę twardzikową ani kiłę kapusty wywołowaną przez patotyp P1(+). Informacje przekazano hodowcom rzepaku.

Oznaczenia patotypów *Plasmodiophora brassicae* (kiła kapusty) występujących w Polsce, prowadzono z zastosowaniem 8 izolatów zebranych w 2021 r., 4 systemów identyfikacji i 2 progów szkodliwości. Siedem izolatów należało odpowiednio do patotypu P1 lub 4, a jeden do P2 lub 2 wg progu szkodliwości 25% i systemów Somé i Williamsa. Wszystkie izolaty były zdolne do porażania odmiany Mendel, która stanowi obecnie główne źródło odporności rzepaku na kiłę kapusty w Polsce. W systemie ECD izolaty należały do patotypów określanych tripletami 16/15/15, 16/31/31, 27/31/28 (2 izolaty), 30/31/26, 30/31/31 oraz 31/31/31 (2 izolaty). Sekwencjonowanie genomów dwóch patotypów należących do P1(+) prowadzono na platformie Illumina MiSeq z odczytem fragmentów 250 bp. Badania wykazały ich odmiennosć od izolatu referencyjnego zdeponowanego w bazie NCBI (ok. 5000 zmian nukleotydowych). Stwierdzono także różnice między

badanymi izolatami. Analizy bioinformatyczne oraz sekwencjonowanie genomów kolejnych izolatów *P. brassicae* z terenu Polski zaplanowano na 2023 r. Badania prowadzone są we współpracy z UWM w Olsztynie.

Oceniono 26 cech biometrycznych u 288 roślin rzepaku, zdrowych i porażonych grzybem *S. sclerotiorum* i wykazano istotne różnice między wieloma parametrami u obu grup roślin. Pomiarzy prowadzone przy zastosowaniu bezzałogowego statku powietrznego (UAM, Katedra Teledetekcji Gleb) potwierdziły występowanie różnic między obiektami porażonymi grzybem *S. sclerotiorum* i kontrolnymi oraz wskazały na 3 odmiany tolerancyjne na zgniliznę twardzikową. Spośród 14 cech badanych przy pomocy kamery RGB umieszczonej na polowej platformie HTPP – High-Throughput Phenotyping Platform (HR Strzelce) 11 cech w sposób statystycznie istotny różnicowało rośliny zdrowe i porażone.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Piasecka A., Sawikowska A., Witaszak N., Waskiewicz A., Kanczurzeńska M., **Kaczmarek J.**, Lalak-Kanczugowska J. (2022). Metabolomic Aspects of Conservative and Resistance-Related Elements of Response to *Fusarium culmorum* in the Grass Family. *Cells* 11, 20: 3213, DOI 10.3390/cells11203213. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 7,666

Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewinski P., Bielski W., Nuc M., Kozak B., Krajewski P., **Jędryczka M.** (2022). A successful defense of the narrow-leaved lupin against anthracnose involves quick and orchestrated reprogramming of oxidation-reduction, photosynthesis and pathogenesis-related genes. *Scientific Reports* 12, 1: 8164, DOI 10.1038/s41598-022-12257-7. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,997

Frąc M., Hannula E.S., Bełka M., Salles J. F., **Jędryczka M.** (2022). Soil mycobiome in sustainable agriculture. *Frontiers in Microbiology* 13, 10.3389/fmicb.2022.DOI 1033824. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 6,064

Frac M., **Kaczmarek J.**, **Jędryczka M.** (2022). Metabolic Capacity Differentiates *Plenodomus lingam* from *P. biglobosus* Subclade ‘brassicae’, the Causal Agents of Phoma Leaf Spotting and Stem Canker of Oilseed Rape (*Brassica napus*) in Agricultural Ecosystems. *Pathogens* 11, 1: 50, DOI 10.3390/pathogens11010050. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 4,531

Zamani-Noor N., Wallenhammar A-Ch., **Kaczmarek J.**, Patar U.R., Zouhar M., Manasova M., **Jędryczka M.** (2022). Pathotype Characterization of *Plasmodiophora brassicae*, the Cause of Clubroot in Central Europe and Sweden (2016–2020). *Pathogens* 11(12): 1440, DOI 10.3390/pathogens11121440. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 4,531

Szwarc J., Niemann J., **Kaczmarek J.**, Bocianowski J., Weigt D (2022). Genetic Relationship of Brassicaceae Hybrids with Various Resistance to Blackleg Is Disclosed by the Use of Molecular Markers. *Current Issues In Molecular Biology* 44, 9: DOI 4290-4302, 10.3390/cimb44090295. MEiN 70; IF₂₀₂₁ 2.976

Jędryczka M., Żuraw B., Zagórski P., Rodzik J., Mędrek K., Pidek I.A., Haratym W., Kaczmarek J., Sadyś M. (2022). The origin of pine pollen grains captured from air at Calypsobyen, Svalbard. *Polish Polar Research*, DOI 10.24425/ppr.2022.143312. MEiN 70; IF₂₀₂₁ 0.9

Szwarc J, Niemann J, **Kaczmarek J**, Majka J, Bocianowski J (2022). Novel Brassica hybrids with different resistance to *Leptosphaeria maculans* reveal unbalanced rDNA signal patterns. Open Life Sciences 17, 1, DOI 10.1515/39rof-2022-0032. MEiN 40; IF₂₀₂₁ 1.311

Czasopisma branżowe

Bereśniewicz-Kopcinski M., Jedryczka M. (2022). Stosuj płodozmian, postaw na bioróżnorodność. Przedsiębiorca Rolny 3 (87): 64-86.

Jedryczka M., Kaczmarek J., Strzełiński P. (2022). Laserem w rzepak. Przedsiębiorca Rolny 5 (89): 74-75.

Jedryczka M. Kaczmarek J. (2022). Uwaga na wertyciliozę. Przedsiębiorca Rolny 6 (90): 69-70.

Kaczmarek J. Jedryczka M. (2022). Decyzje o zabiegu poparte kontrolą zarodników. Przedsiębiorca Rolny 7 (91): 67-69.

Jedryczka M. Kaczmarek J. (2022). Wykorzystanie pułapek Burkarda w ochronie plantacji buraka cukrowego przed chwościkiem. Poradnik Plantatora Buraka Cukrowego 3: 65-67.

Jedryczka M. Kaczmarek J. (2022). Odporność odmian. Przedsiębiorca Rolny 8 (92): 72-73.

ZAKŁAD INTERAKCJI ROŚLINA-PATOGEN

Kierownik Zakładu **prof. dr hab. Łukasz Stępień**
 Skład Zakładu dr inż. Monika Urbaniak
 lic. Maria Kwiatkowska (1/2 etatu od października 2022, technik)

Zainteresowania naukowe Zakładu koncentrują się wokół toksynotwórczych gatunków z rodzaju *Fusarium*. Głównym celem badań jest analiza genetycznych podstaw biosyntezy poszczególnych mykotoksyn przez różne gatunki patogenów, a także poznanie elementów wpływających na regulację aktywności tych szlaków metabolicznych. Kolejny wątek zmierza do poznania roli mykotoksyn i enzymów litycznych oraz molekularnych mechanizmów komunikacji roślina-patogen w procesie infekcji organizmu gospodarza. Równolegle prowadzone są badania nad zdolnościami grzybów do biotransformacji związków bioaktywnych.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	5
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	5

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	2	1	1
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	2	1	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 13; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby <i>Fusarium</i> w procesie patogenez; oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź	Ł. Stępień; L. Perrincherry, J. Lalak-Kańczugowska, N. Witaszak, I. Pawłowicz, M. Urbaniak, A. Waśkiewicz (UP Poznań)	NIE

	obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09-2022-12-08; 728 650,00 PLN		
2	NCN; OPUS 22; Specyficzność regulacji interakcji <i>Fusarium</i> -szparag przez metabolity i hormony żywiciela produkowane podczas infekcji; 2021/43/B/NZ9/02701; 2022-06-27-2026-06-26; 1 875 750,00 PLN	Ł. Stępień; E. Enow, M. Urbaniak	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Wykazano hamujący wpływ ekstraktu z melisy uzyskanego z wykorzystaniem nadkrytycznego CO₂ na wzrost i biosyntezę mykotoksyn przez dwa gatunki patogenicznych grzybów: *Fusarium proliferatum* i *F. culmorum* w doświadczeniach *in vitro*. Wyniki zostały opublikowane w pracy (Uwineza i in. 2022). Identyfikacja związków bioaktywnych obecnych w ekstrakcie będzie kontynuowana w 2023.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

1) W ramach projektu **OPUS 17** (współpraca z Instytutem Biotechnologii Przemysłu Rolniczego i Spożywczego, Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie, dr hab. Marcin Bryła, mgr Marta Modrzewska) kontynuowano wcześniejsze prace. Na podstawie wcześniej przeprowadzonych badań wytypowano cztery szczepy *T. atroviride*: AN523, AN705, AN534 i AN593, dwa *T. viride*: AN355 i AN690, dwa *T. viridescens*: AN508 i AN609, trzy *F. culmorum*: KF 846, KF 350 i KF 191, dwa *F. proliferatum*: Pea1 i Pea2 oraz po jednym *F. sporotrichioides* 2006a, *F. cerealis* KF 583, *F. poae* KF 2563. Szczepy *Trichoderma* antagonistyczne w stosunku do patogenicznych izolatów *Fusarium* wykorzystano w eksperymencie mającym na celu sprawdzenie ich zdolności do transformacji mykotoksyn fuzaryjnych *in vitro*. Założono hodowle na sterylnym podłożu płynnym (Czapek-Dox), do których dodawano roztwory czystych standardów mykotoksyn w dwóch stężeniach (5 i 25 mg/kg) w trzech powtórzeniach biologicznych przez trzy dni w ciemności przy +22°C. Próby zbierano w odstępach 1 h, 2 h, 4 h, 6 h, 12 h, 24 h, 48 h i 72 h. Poza analizowanymi wcześniej mykotoksynami (deoksyniwalenol, niwalenol, zearalenon i toksyna T-2), badano również bowerycyne i eniatyny przy użyciu metod chromatograficznych, w celu określenia stopnia rozkładu tych metabolitów przez szczepy *Trichoderma*. Wyniki opublikowano w publikacji Modrzewska i in. (2022).

2) W ramach współpracy z Katedrą Mikrobiologii i Mykologii Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie (mgr Kamila Kulesza) przeprowadzono analizy sekwencji genów LSU oraz ITS otrzymanych z drożdży wyizolowanych ze śledzia bałtyckiego (*Clupea harengus membras* L.), a następnie wyliczono drzewa filogenetyczne. Drożdże należą do kilku gatunków, które występują z różną częstością w zależności od płci oraz miejsca poboru prób. Wykazano również, że izolowane drożdże należą nie tylko do grupy potencjalnych patogenów śledzi, ale mogą być ich naturalną mykobiotą. Przygotowywane

są dwie prace: pierwsza będzie dotyczyć analizy szczepów drożdży wyizolowanych z pyska, skrzeli, wątroby i jelit 77 samic i samców śledzi poławianych w okresie wiosennym (kwiecień- maj) oraz pyska, skrzeli, jelit i żołądka 10 osobników poławianych w okresie zimowym (grudzień). Identyfikację molekularną szczepów wykonano używając trzech starterów, tj. NL1, NL4 oraz ITS5. Najczęściej występujące gatunki należą do rodzajów *Apiotrichum*, *Candida*, *Meyerozyma* i *Pichia*. Tematem drugiej publikacji będzie mykobiota pyska, skrzeli, wątroby i jelit 100 samic i samców śledzi bałtyckich poławianych w grudniu 2019 roku. Z ryb uzyskano 217 izolatów grzybów, które zakwalifikowano do rodzajów *Pichia*, *Yarrowia* i *Debaryomyces*.

3) W ramach współpracy z Uniwersytetem Adama Mickiewicza w Poznaniu (dr hab. Błażej Gierczyk) do analiz molekularnych wykorzystano ponad 60 prób zawierających kawałki owocników grzybów z rodzaju *Tulostoma*. Po izolacji DNA i analizie sekwencji genów ITS grzybów, zidentyfikowano pięć różnych gatunków *Tulostoma*: *T. fimbriatum*, *T. brumale*, *T. kotlabae*, *T. simulans*, *T. winterhoffii*. Publikacja otrzymanych wyników jest aktualnie w przygotowaniu. Ponadto, z otrzymanego porażonego materiału (porażony liść) wyekstrahowano DNA. Do identyfikacji molekularnej użyto starterów amplifikujących regiony ITS oraz LSU. Na podstawie analiz sekwencji można stwierdzić, że grzyb należy do nowego gatunku, nieopisanego dotąd w Polsce gatunku *Exobasidium* – *E. cassandrae*. Publikacja jest planowana na 2023 rok.

4) W ramach współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu (prof. dr hab. Agnieszka Waśkiewicz, mgr Pascaline Uwineza) przeprowadzono eksperyment badający wpływ różnych ekstraktów z melisy na wzrost patogenicznych grzybów *Fusarium* i biosyntezę przez nie mykotoksyn. Otrzymano ekstrakty z roślin, m.in. melisy lekarskiej (*Melissa officinalis*) przy użyciu nadkrytycznego CO₂ i metanolu jako rozpuszczalnika. Oceniano przeciwgrzybicze działanie tych ekstraktów na szczepy dwóch gatunków *Fusarium* (*F. culmorum* i *F. proliferatum*). Parametry ekstrakcji miały wpływ na wzrost grzybnii i ograniczenie biosyntezy mykotoksyn. Wszystkie badane stężenia ekstraktów z melisy (1%, 2,5%, 5%, 7,5% i 10%) hamowały wzrost grzybnii *F. proliferatum* i *F. culmorum* w porównaniu z kontrolą. Ponadto, wyciągi z melisy istotnie obniżały zawartość ergosterolu i mykotoksyn w hodowlach obu badanych szczepów. Otrzymane wyniki zostały opublikowane (Uwineza i in. 2022). Celem dalszej współpracy będzie zbadanie ekstraktów z innych roślin, np. rokitnika pospolitego (*Pleurozium schreberi*) oraz wpływu rozpuszczalnika (metanol/woda) na zmiany aktywności zawartych w ekstraktach związków. Ponownie badane będzie potencjalna inhibicja wzrostu fitopatogenicznych grzybów *Fusarium* oraz biosyntezy mykotoksyn i ergosterolu. Dodatkowo zostaną przeprowadzone badania właściwości antyoksydacyjnych wybranych ekstraktów.

5) W ramach współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu (Katedra Agronomii, dr hab. Leszek Majchrzak, mgr Piotr Pańczak) zebrano kłosa z dwóch doświadczeń polowych pszenicy zwyczajnej jarej różniących się stosowaną agrotechniką oraz przedplonem. Kłosa zbierano w stadium dojrzałości młeczej, gdy objawy porażenia fuzariozą kłosów były już wyraźnie widoczne. Wyizolowano i oczyszczono izolaty patogenicznych grzybów *Fusarium* zasiedlających kłosa pszenicy. Identyfikacja gatunkowa tych izolatów została przedstawiona w formie posteru podczas konferencji z okazji 10-lecia Polskiego Towarzystwa Mykologicznego (Stępień i in. 2022). Publikacja wyników przewidziana jest na rok 2023.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Bryła M., Stepniewska S., Modrzewska M., Waskiewicz A., Podolska G., Ksieniewicz-Wozniak E., Yoshinari T., **Stępień Ł.**, **Urbaniak M.**, Roszko M., Gwiazdowski R., Kanabus J., Pierzgałski A. (2022). Dynamics of Deoxynivalenol and Nivalenol Glucosylation in Wheat Cultivars Infected with *Fusarium culmorum* in Field Conditions – A 3 Year Study (2018-2020). *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 70, 14: 4291-4302, 10.1021/acs.jafc.2c00314. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 5,895

Modrzewska M., Błaszczyk L., **Stępień Ł.**, **Urbaniak M.**, Waśkiewicz A., Yoshinari T., Bryła M. (2022). *Trichoderma* versus *Fusarium* – inhibition of pathogen growth and mycotoxins synthesis. *Molecules* 27(23): 8146, 10.3390/molecules27238146. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 4,927

Waśkiewicz A., Muzolf-Panek M., **Stępień Ł.**, Czembor E., Uwineza P.A., Górnaś P., Bryła M. (2022). Variation in tocochromanols level and mycotoxins content in sweet maize cultivars after inoculation with *Fusarium verticillioides* and *F. proliferatum*. *Foods* 11: 2781, 10.3390/foods11182781. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 5,561

Uwineza P., **Urbaniak M.**, Bryła M., **Stępień Ł.**, Modrzewska M., Waśkiewicz A. (2022). In Vitro Effects of Lemon Balm Extracts in Reducing the Growth and Mycotoxins Biosynthesis of *Fusarium culmorum* and *F. proliferatum*. *Toxins* 14(5): 355, 10.3390/toxins14050355. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 5,075

Badr A.N., **Stępień Ł.**, Drzewiecka K., Alharthi S.S., Selim K., Abdel-Razek A.G. (2022). Synergistic Impact of Bioactive Byproduct Extract Leads to Anti-Fusarium and Anti-Mycotoxin Secretion. *Journal of Fungi* 8, 1: 30, 10.3390/jof8010030. MEiN 20; IF₂₀₂₁ 5,724

ZAKŁAD MIKROBIOMIKI ROŚLIN

Kierownik Zakładu
Skład Zakładu

dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN
dr Sylwia Salamon
dr Aneta Basińska-Barczak (do 30.09.2022)
mgr Polina Havrysh (od 10.10.2022)
mgr inż. Katarzyna Mikołajczak (doktorantka)

Tematyka badawcza koncentruje się na poznaniu mikrobiomów wybranych gatunków roślin użytkowych i określeniu ekologicznej roli mikroorganizmów związanych z ich tkankami. Dodatkowym aspektem jest poznanie mechanizmów epigenetycznych w interakcjach roślin z grzybami patogenicznymi i symbiotycznymi, w tym oszacowanie wpływu metylacji DNA na epigenetyczną pamięć roślin reakcji na stres wywołany przez te grzyby. Prace zmierzają również do selekcji mikroorganizmów o potencjale do biostymulacji wzrostu roślin, biokontroli przed chorobami grzybowymi oraz do bioaugmentacji gleby.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	1		2
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	1		2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
	NCN; OPUS; Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny;	L. Błaszczyk; S. Salamon, A. Basińska-Barczak, D. Kruska, K. Mikołajczak	NIE

	2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29 - 2022-03-28; 1 374 700, 00 PLN		
--	---	--	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Celem była analiza metabolomu 10 odmian pszenicy zwyczajnej inokulowanych 4 gatunkami grzybów endofitycznych (*F. proliferatum*, *P. olsonii*, *P. expansum*, *T. hamatum*). Wykryto istotne zmiany w metabolomie roślin traktowanych endofitami lub ich mieszaniną uwarunkowane odmianą i gatunkiem grzyba. Największe zmiany w roślinach wszystkich odmian odnotowano po traktowaniu *P. expansum* i *T. hamatum*. Wyniki te są istotne w aspekcie poznania roli grzybów związanych z endosferą polskich odmian pszenicy.

(Projekt NCN OPUS 2017/27/B/NZ9/01591).

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

1) Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny.

Celem badań była analiza metabolomu roślin pszenicy przeprowadzona z wykorzystaniem złożonego systemu UPLC-HESI-MS/MS i zaawansowanych transformacji matematycznych, umożliwiających ujęcie statystyczne otrzymanych danych. Materiał roślinny stanowiło 5 odmian (Arabella, Bombona, Kandela, Rospuda i Rusałka) formy jarej oraz 5 odmian (Arkadia, Bamberka, Euforia, Legenda, Ostroga) formy ozimej pszenicy zwyczajnej, uzyskanych bezpośrednio od producentów. Nasiona tych odmian posłużyły do uzyskania aksenicznych siewek, które następnie inokulowano szczepami grzybów wybranymi na podstawie testów w bi-kulturach. Szczepy użyte do inokulacji wyizolowano wcześniej z endosfery tych odmian i reprezentowały następujące gatunki: *F. proliferatum*, *P. olsonii*, *P. expansum*, *T. hamatum*. Analiza metabolomu siewek pszenicy pozwoliła na uzyskanie profili metabolitów dla badanych wariantów i wykazała istnienie statystycznie istotnych ($p \leq 0.05$) różnic w profilach metabolitów roślin kontrolnych i roślin traktowanych wybranymi gatunkami grzybów endofitycznych lub ich mieszaniną. Na podstawie przeprowadzonych badań zarówno dla każdej odmiany, jak i łącznie dla wszystkich odmian zidentyfikowano metabolity istotnie różniące rośliny/grupę roślin kontrolnych od roślin/grupy roślin traktowanych grzybami endofitycznymi. Największą liczbę, bo 323 metabolity istotnie różnie ekspresjonowane (DEMs) wykryto w roślinach pszenicy traktowanych mieszaniną tych grzybów, 140 DEMs wykryto w roślinach traktowanych *P. expansum*, 95 DEMs zidentyfikowano w roślinach inokulowanych *T. hamatum*, 52 DEMs wykryto w roślinach traktowanych *P. olsonii* i 47 DEMs opisano w roślinach pszenicy traktowanych *F. proliferatum*. U roślin traktowanych *F. proliferatum*, który jest powszechnym patogenem wielu roślin uprawnych wykryto na przykład takie metabolity jak: kwas kumarowy, kumaryna, glikozydy kumaryny, glikozydy kwasów hydroksycynamonowych, kwas salicylowy i pochodne, kwas indolilo-3-octowy, kwas jasmonowy, kwas chinowy, kwasy glukuronowe, kwas fenylooctowy, kwas linolenowy, kwasy tłuszczowe, laktony seskwiterpenowe, antrachinony i pochodne, aminokwasy i pochodne, glikozydy fenylowe, chinazoliny, naftaleny, taniny, chromony, flawonoidy, ksantony, biotyna, alkaloidy, depsydy, rotenon czy katechol, jako te istotnie różnie ekspresjonowane. Metabolity te znane są z ich roli w procesach obronnych i odpornościowych u roślin.

Uzyskane wyniki metabolomiczne wraz z wynikami wcześniejszych prac prowadzonych w ramach projektu pozwoliły na poznanie mykobiomu roślin pszenicy związanego z jej endosferą i zrozumienie interakcji grzybów endofitycznych z gospodarzem. Poznanie roli grzybów endofitycznych może mieć duże znaczenie praktyczne przy zarządzaniu uprawami pszenicy, w tym jej chorobami. W ramach projektu uzyskano bowiem szereg symbiotycznych gatunków grzybów, które można będzie wykorzystać w opracowaniu nowych strategii zarządzania chorobami roślin pszenicy, w poprawie odporności roślin na stresy biotyczne i abiotyczne i jako stymulatory wzrostu, rozwoju i plonowania roślin. Dlatego też uważa się, iż wyniki niniejszego projektu mogą mieć znaczący wpływ na obszar gospodarczy i ekonomiczny, a pośrednio na konsumentów produktów zbożowych. Wymiernym efektem są publikacje, 1 praca doktorska, 1 praca magisterska, 1 praca inżynierska i 1 praca licencjacka, doniesienia konferencyjne, zdeponowane w GenBank NCBI sekwencje markerów filogenetycznych wyizolowanych szczepów grzybów endofitycznych oraz kolekcja ponad 1000 roboczych i do wieloletniego przechowywania szczepów grzybów.

2) Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*. Celem pracy była walidacja wyników wysokoprzepustowego sekwencjonowania transkryptów (RNA-seq). Wyniki przeprowadzonej wcześniej analizy transkryptomowej (RNA-seq, HiSeqX, Illumina) oraz analizy proteomicznej dla różnych wariantów doświadczalnych: odmiana Bombona formy jarej i odmiana Legenda formy ozimej, liście, stadium siewki, warunki kontrolowane, rośliny kontrolne i traktowane szczepem *Trichoderma atroviride* AN35 lub szczepem *Trichoderma cremeum* AN392 poddano złożonym analizom statystycznym i bioinformatycznym. Na ich podstawie zintegrowano wyniki obu analiz i wytypowano transkrypty oraz białka różnie ekspresjonowane pomiędzy roślinami kontrolnymi a traktowanymi *Trichoderma*. Na podstawie danych uzyskanych danych wytypowano transkrypty różniące pomiędzy analizowanymi grupami (pszenica po inokulacji z *Trichoderma atroviride* AN35 oraz AN392 oraz roślinami kontrolnymi). Zaprojektowano startery do amplifikacji fragmentów transkryptów: TraesCS2A02G145800; TraesCS6A02G235100, TraesCS6A02G301900 i TraesCS5B02G203000. Z wykorzystaniem metody RT-PCR oszacowano poziom wytypowanych transkryptów w materiale badawczym i potwierdzono wyniki danych wysokoprzepustowych.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Modrzewska M., Błaszczyk L., Stępień Ł., Urbaniak M., Waśkiewicz A., Yoshinari T., Bryła M. (2022). *Trichoderma* versus *Fusarium*—Inhibition of Pathogen Growth and Mycotoxin Biosynthesis. *Molecules* 27(23): 8146. DOI 10.3390/molecules27238146. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 4,927

ZAKŁAD GENOMIKI ROŚLIN STRĄCZKOWYCH

Kierownik Zakładu **prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN**
 Skład Zakładu dr hab. Karolina Susek
 dr Magdalena Gawłowska
 dr Magdalena Kroc
 dr Mohamed Neji
 mgr Magdalena Tomaszewska
 mgr Katarzyna Czepiel (doktorantka)
 mgr Pankaj Kumar (doktorant)
 mgr Humaira Jamil (doktorantka, od 1.08.2022)

Profil badawczy Zakładu jest ukierunkowany na genomikę roślin strączkowych ze szczególnym uwzględnieniem uwarunkowania genetycznego cech użytkowych, procesu udomowienia oraz ewolucji genomów. Prowadzone prace mają na celu charakterystykę (genotypowanie i fenotypowanie) i zarządzanie zasobami genetycznymi łąbinów (*Lupinus L.*) i grochu (*Pisum L.*). Badania dotyczące zrozumienia podłoża molekularnego cech użytkowych obejmują biosyntezę i akumulację alkaloidów u łąbinów oraz biosyntezę oligosacharydów i odporność na askochytozę u grochu. Ponadto, realizowane są zagadnienia dotyczące ewolucji genomów łąbinów, w tym badanie mechanizmów warunkujących wielkość nasion.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	2
Poza listą	1
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	3

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE	1	1	
Inny międzynarodowy	1	1	
NCN	2	1	
NCBiR			
MRiRW	1	1	1
Inny	1	1	
Ogółem	6	5	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
	EU; Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; 2020-05-01 - 2026-04-30; 250 001,25 EUR	K. Susek/ M. Kroc; M. Tomaszewska, K. Czepiel, M. Neji Koordynator: R. Papa (Universita Politecnica delle Marche; Włochy)	TAK
	NCN; HARMONIA; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13 - 2022-05-12; 971 088,00 PLN	K. Susek; M. Kroc, M. Tomaszewska, B. Abernathy (UGA, Athens, USA), S.A. Jackson (UGA, Athens, USA)	NIE
	NCN; OPUS; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20 - 2024-07-19; 1 988 520,00 PLN	K. Susek; M. Kroc, M. Tomaszewska, H. Jamil	TAK
	MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach; Zad. 19; 2021-01-01 - 2021-12-31; 225 000,00 PLN (2022 r.)	M. Kroc; W. Świącicki, W. Rybiński, K. Czepiel, G. Koczyk, K. Susek, P. Barzyk (Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., oddział Wiatrowo)	TAK
	NAWA; Wymiana bilateralna naukowców pomiędzy Rzeczpospolitą Polską a Republiką Indii; Przystosowanie	M. Gawłowska; P. Kumar, S. Tiwari (National Agri-Food Biotechnology Institute	TAK

	metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) dla charakterystyki genów szlaku biosyntezy oligosacharydów; PPN/BIN/2019/1/00142/U/00001; 2021-01-01 - 2023-07-09; 23 900,00 PLN	NABI, Mohali, Indie), A.K. Pandey (NABI, Mohali, Indie)	
	MEiN ; Premia na Horyzoncie; INCREASE; 487326/pnH/2020; 2020-08-28 - 2025-08-28; 222 866,00 PLN	K. Susek/ M. Kroc ; M. Tomaszewska, K. Czepiel	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Zaangażowanie obywateli Polski w eksperyment Nauki Obywatelskiej w ramach projektu INCREASE. Eksperyment obejmuje uprawę i ocenę cech fenotypowych fasoli zwyczajnej (ponad 1000 odmian). Umożliwia to wkład obywateli w opracowanie i testowanie innowacyjnych, zdecentralizowanych rozwiązań - utrzymywania, udostępniania i waloryzacji zasobów genetycznych roślin strączkowych. W celu rozpowszechnienia inicjatywy Nauki Obywatelskiej prowadziliśmy ogólnokrajową akcję promocyjną, m.in. rozpowszechnianie materiałów informacyjnych, administrację profilu FB INCREASE Nauka Obywatelska – POLSKA, zorganizowanie spotkania dla uczestników (online). Przygotowaliśmy polską wersję materiałów informacyjnych i szkoleniowych zamieszczonych na stronie internetowej eksperymentu (<https://www.pulsesincrease.eu/pl/experiment>).

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

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

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

Opis badań: Kontynuowano prace związane z wyprowadzaniem linii czystych (SSD) dla genotypów wchodzących w skład tzw. kolekcji referencyjnych (ang. Reference-core; R-core) obu gatunków łubinów. W przeprowadzonych w roku 2022 doświadczeniach szklarniowych wysiano łącznie 595 genotypów *L. albus* oraz 792 genotypy *L. mutabilis*. Wyprowadzone linie scharakteryzowano zgodnie z opracowanym wcześniej protokołem fenotypowania (Kroc et al. 2021). Na podstawie uzyskanych danych fenotypowych oraz zebranych danych paszportowych genotypów *L. albus*, przynależących do tzw. kolekcji treningowej (ang. Training-core; T-core), przeanalizowano zmienność badanych linii, co stanowiło podstawę do przygotowania manuskryptu publikacji (planowane złożenie manuskryptu w 2023). Wstępną ocenę zmienności badanych linii przeanalizowano również dla kolekcji T-core *L. mutabilis*. Ponadto, we współpracy z partnerami projektu z Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Poczdam-Golm, Niemcy, wstępnie scharakteryzowano zmienność pierwotnych i wtórnych metabolitów u obu gatunków łubinów, z uwzględnieniem metabolitów organowo-specyficznych (manuskrypt złożony do redakcji w grudniu 2022).

Efekt praktyczny: Uzyskanie kolejnych pokoleń linii czystych (SSD) dla genotypów stanowiących R-core *L. albus* i *L. mutabilis*, a także rozmnożenie nasion 513 genotypów należących do T-core. Złożenie do redakcji manuskryptu publikacji.

2) NCN; HARMONIA; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji.

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

Efekty praktyczne: Otrzymanie czystej linii *L. digitatus* oraz sekwencjonowanie genomu i transkryptomu (współpraca z Massimo Delledonne, Uniwersytet w Weronie, Włochy).

3) NCN; OPUS; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej).

CEL: Identyfikacja molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej)

Opis prac: Przygotowano listę ponad 1000 genotypów łubinu białego charakteryzującą zróżnicowanie wielkości nasion u tego gatunku. W tym celu wykorzystano dane (zdjęcia nasion genotypów SSD, przygotowane zgodnie z protokołem Kroc et al. 2023) opracowane przez Zespół w ramach projektu INCREASE. Na ich podstawie wyselekcjonowano 11 testowych genotypów, pochodzących z kolekcji T-core, których nasiona wykorzystane są do opracowania protokołu mikrodysekcji laserowej tkanek nasion (współpraca z Alisdair R. Fernie, Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Poczdam-Golm, Niemcy).

4) MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach.

Cel: Charakterystyka transkryptomów w modelu badawczym Brianskij – *iucundus* – *Iucundus* oraz próba indukowania, na drodze sztucznej mutagenezy form łubinu wąskolistnego o niskiej zawartości alkaloidów w nasionach, a wysokiej w częściach zielonych rośliny.

Opis prac: Zsekwencjonowano metodą PacBio transkryptom łodygi 5 linii łubinu wąskolistnego reprezentujących różny mechanizm regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach. Uzyskane dane pozwoliły na ustalenie indywidualnych transkryptomów sekwencjonowanych linii. Ponadto, połączenie danych sekwencyjnych uzyskanych dla łodyg, z uzyskanymi w roku poprzednim danymi dla liści, umożliwiło rekonstrukcję transkryptomu konsensusowego oraz adnotację funkcjonalną. Podejście to pozwoliło na wstępne wytypowanie transkryptów charakterystycznych dla linii typu *Iucundus* lub łubinów pochodzących z Briańska, z uwzględnieniem organu rośliny. Ponadto, kontynuowano prace związane z rozmnożeniem kolejnego pokolenia mutantów (rozmnożenie populacji roślin M2) oraz selekcją mutantów o obniżonej zawartości alkaloidów w nasionach z zastosowaniem metody kolorymetrycznej i analiz chromatograficznych.

5) NAWA, Wymiana bilateralna naukowców pomiędzy Rzeczpospolitą Polską, a Republiką Indii; Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (*Pisum sativum* L.) dla charakterystyki genów szlaku biosyntezy oligosacharydów.

Cel: Potwierdzenie roli syntazy galaktinolowej GalS i syntazy rafinozowej RS, jako głównych genów w szlaku syntezy oligosacharydów u grochu, poprzez zmianę sekwencji

metodą edytowania genomu CRISPR/Cas9, a w dalszej perspektywie uzyskania lepszych odmian grochu w żywieniu człowieka.

Opis prac: Został opracowany protokół transformacji genetycznej grochu z wykorzystaniem *Agrobacterium*, wektora CRISPR/Cas9 i genu PsPDS jako markera wydajności. Poziom wydajności oszacowano na 15%. Odbyła się druga wizyta doktoranta w laboratorium partnera indyjskiego odnośnie kultur tkankowych i transformacji genetycznej.

6) Dotacja celowa MRiRW dla IHAR-PIB, Radzików na rok 2022; Obszar 1: Ochrona roślinnych zasobów genowych roślin rolniczych.

Cel: Koordynacja kolekcji zasobów genowych *Pisum* i *Lupinus*. Opracowanie bazy danych i waloryzacja prowadzonych kolekcji.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Gawłowska M., Lahuta L., Boros L., Sawikowska A., **Kumar P.,** Knopkiewicz M., Kaczmarek Z., **Święcicki W.** (2022). Validation of molecular markers significant for flowering time, plant lodging, stem geometry properties, and raffinose family oligosaccharides in pea (*Pisum sativum* L.). *Agriculture* 12(8):1125. DOI 10.3390/agriculture12081125. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 3.408

Rocchetti L., Gioia T., Logozzo G., Brezeanu C., Pereira L. G., la Rosa L. D., Marzario S., Pieri A., Fernie A. R., Alseekh S., **Susek K.,** Cook D. R., Varshney R. K., Agrawal S. K., Hamwieh A., Bitocchi E., Papa R. (2022). Towards the development, maintenance and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for chickpea. *Current Protocols* 2, e371. DOI 10.1002/cpz1.371. MEiN 20; IF₂₀₂₁ 1,74

Kroc M., Tomaszewska M., Czepiel K., Neji M., Susek K. (2022) A new dimension of lupin genetic resources conservation and management: perspective from the INCREASE project. *Legume Perspectives*, 22: 23-25.

ZAKŁAD STRUKTURY I FUNKCJI GENÓW

Kierownik Zakładu **dr hab. Michał Książkiewicz**
 Skład Zakładu prof. dr hab. Barbara Naganowska
 dr Wojciech Bielski (urlop bezpłatny)
 dr Maciej Majka (urlop bezpłatny)
 mgr inż. Piotr Plewiński (doktorant / prac. inż.-tech.)
 mgr inż. Jolanta Belter (prac. inż.-tech.)
 mgr Raghu Gokul Reddy Koki (doktorant, marzec-wrzesień 2022)
 mgr Anna Surma (doktorantka, od marca 2022)

W zakładzie prowadzone są badania z zakresu genomiki strukturalnej i funkcjonalnej roślin strączkowych (łubinów i soi). Warsztat badawczy obejmuje m.in. genotypowanie (przez sekwencjonowanie i przy użyciu markerów PCR), konstrukcję map genetycznych, genomowe mapowanie cech ilościowych i profilowanie ekspresji genów. Tematyka badań obejmuje m.in. regulację indukcji kwitnienia ze szczególnym uwzględnieniem odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację oraz molekularne podstawy odporności na antraknozę.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	3
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	3

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE		1	
Inny międzynarodowy			
NCN	2	3	2
NCBiR			
MRiRW	1	1	1
Inny			
Ogółem	3	5	3

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
	NCN; OPUS; Zróżnicowanie funkcjonalne duplikatów genu <i>Flowering Locus T</i> w kontroli	M. Książkiewicz; J. Belter, P. Plewiński	TAK

	indukcji kwitnienia łubinu żółtego (<i>Lupinus luteus</i> L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. 2021/41/B/NZ9/02226; 2022-03-01 - 2026-02-28; 2 733 512,00 PLN		
	NCN; SONATA; Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (<i>Lupinus albus</i> L.); 2021/43/D/NZ9/00293; 2022-07-07 - 2025-07-06; 2 785 829,00 PLN	S. Rychel-Bielska (UP Wrocław), M. Książkiewicz; W. Kryk, J. Belter	TAK
	MRiRW; Postęp Biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; Zad. 18; 01-01-2021 – 31-12-2027; 348 000,00 PLN (2022 r.)	M. Książkiewicz; W. Bielski, J. Belter, S. Rychel-Bielska (UP Wrocław), R. Galek (UP Wrocław), B. Kozak (UP Wrocław), M. Skrzyński (UP Wrocław), B. Wiśniewska (UP Wrocław), M. Buzar (UP Wrocław), A. Łacka (UP Wrocław), A. Trybuła (UP Wrocław), P. Barzyk (PHR Wiatrowo), K. Spychała (HR Smolice)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Zidentyfikowanie mutacji (insercji i delecji) w regionach regulatorowych czterech homologów genu *FLOWERING LOCUS T* występujących w genomie łubinu żółtego. Mapowanie loci cech ilościowych w populacji mapującej i kolekcji nasiennej tego gatunku wykazało asocjację delecji zlokalizowanej w regionie promotorowym genu *LlutFTc1* ze zniesieniem wymagań wernalizacyjnych, zaś delecji w genach *LlutFTa1a* i *LlutFTc2* z odpowiedzią na fotoperiod. Wyniki opublikowano w Horticulture Research (MEiN 200; IF₂₀₂₁ 7,291). Projekt NCN OPUS 2021/41/B/NZ9/02226.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

NCN; 2015/17/D/NZ9/02112 (zakończony w 2020 r.)

Celem badań było poznanie genów zaangażowanych w generowanie skutecznej odpowiedzi odpornościowej łubinu wąskolistnego na inokulację grzybami wywołującymi antraknozę i brunatną plamistość łodyg. W 2022 r. w ramach rewizji manuskryptu po recenzjach przeprowadzono ważoną analizę sieci ko-ekspresji genów dla 9981 genów, które wykazały istotne statystycznie różnice w odpowiedzi transkryptycznej na inokulację grzybem *Colletotrichum lupini* (w terminie 6 godzin po inokulacji). Zidentyfikowano 22 grupy genów (moduły) wykazujących ko-ekspresję w obrębie genotypów i wariantów

eksperymentalnych. Wykazano, że najbardziej indukowana grupa genów posiadała nadreprezentację terminu ontologii genów “GO:0006952 odpowiedź odpornościowa”, zaś najbardziej hamowana grupa genów - nadreprezentację terminów związanych z fotosyntezą, co jest typową cechą odpowiedzi odpornościowej typu R. Publikacja ukazała się w Scientific Reports (IF 4,997, 140 pkt MEiN).

NCN; 2021/41/B/NZ9/02226 (2022-2026)

Celem badań jest zidentyfikowanie genów kontrolujących indukcję kwitnienia u łubinu żółtego w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. W 2022 r. przeprowadzono rozmnożenie nasion oraz ocenę terminu kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację dla zestawu linii kolekcyjnych i dwóch populacji mapujących w warunkach kontrolowanych (szklarnia). Wykonano także analizę asocjacji polimorfizmu insercyjno-delecyjnego w regionach regulatorowych czterech homologów genu *FLOWERING LOCUS T* występujących w genomie łubinu żółtego z badanymi cechami. Wyniki opublikowane zostały w Horticulture Research (IF 7,291, 200 pkt MEiN).

MRiRW; Zadanie nr 18 (2022-2027)

Celem badań jest konstrukcja zintegrowanej mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i opracowanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi. W 2022 r. wykonano fenotypowanie faz fenologicznych oraz cech struktury i jakości plonu linii kolekcyjnych i hodowlanych łubinu wąskolistnego w warunkach polowych do mapowania asocjacyjnego. Poznano rozkład w kolekcji terminu kwitnienia i dojrzewania, plonu nasion, masy tysiąca nasion, a także zawartości białka, włókna i tłuszczu oraz zawartości i składu alkaloidów dla 200 linii. Ponadto, wykonano fenotypowanie pęknięcia strąków i elementów struktury plonu w populacji mapującej Emir × LAE-1 w warunkach polowych. Wykazano, że populacja segreguje m.in. w zakresie barwy nasion i kwiatów, terminu kwitnienia, typu wzrostu, plonu i masy tysiąca nasion. W ramach kontynuacji przygotowywania zintegrowanej mapy genetycznej łubinu wąskolistnego, wykonano genotypowanie przez sekwencjonowanie dwóch populacji mapujących łubinu wąskolistnego (Emir × LAE-1 i Graf × Mutant cienkościenny).

NCN; 2021/43/D/NZ9/00293 (2022-2025)

Celem badań jest identyfikacja znanych i nowych, niekodujących RNA, zaangażowanych w indukcję kwitnienia łubinu białego oraz stworzenie kompleksowego modelu indukcji kwitnienia. W 2022 r. przeprowadzono w warunkach kontrolowanych doświadczenie ukierunkowane na profilowanie ekspresji genów w odpowiedzi na fotoperiod (dzień krótki lub długi) i wernalizację. Linie do tego doświadczenia wybrano na podstawie wyników obserwacji fenotypowych i genomowego mapowania asocjacyjnego.

MRiRW; Zadanie nr 20 (2022-2027), współpraca

Celem badań było określenie składu allelicznego materiałów kolekcyjnych (96 genotypów) soi dla sześciu genów wczesności (*E1-E4*, *E9* i *E10*), jednego genu zdeterminowania pędu (*Dt1*) i jednego genu pęknięcia strąków (*qPHD1*). W 2022 r. wykonano analizę 31 markerów: 7 markerów dla locus *Dt1*, 3 markery dla locus *E1*, po 4 markery dla loci *E2* i *E3*, po 5 markerów dla loci *E4* i *E9*, 2 markery dla locus *E10* i jeden marker dla locus *qPHD1*. Zidentyfikowano łącznie 14 alleli dominujących i 14 alleli recesywnych. Ponadto, wykonano analizę korelacji pomiędzy występowaniem alleli genów wczesności, zdeterminowania wzrostu pędu i pęknięcia strąków, a terminami faz fenologicznych soi (kwitnienia i dojrzewania) oraz cechami morfologicznymi i struktury plonu (wysokość

roślin, wysokość osadzenia 1 strąka, liczba rozgałęzień, liczba strąków, liczba nasion, waga, średnia liczba nasion w strąku, masa tysiąca nasion).

NCN; 2019/32/C/NZ9/00055 (2019-2023), współpraca

Celem badań jest określenie molekularnego podłoża regulacji procesu indukcji kwitnienia u łubinu białego oraz identyfikacja głównych genów zaangażowanych w ten proces. W 2022 r. wykonano fenotypowanie terminu faz fenologicznych dla kolekcji nasiennej łubinu białego w warunkach kontrolowanych, a także przeprowadzono genotypowanie przez sekwencjonowanie metodą DArT-seq i genomowe mapowanie asocjacyjne badanych cech.

NCN; 2021/40/C/NZ9/00075 (2021-2024), współpraca

Celem badań jest poznanie zróżnicowania mechanizmów indukcji kwitnienia u dzikich gatunków łubinów Starego Świata. W 2022 r. wykonano fenotypowanie terminu faz fenologicznych dla kolekcji nasiennej badanych gatunków w warunkach kontrolowanych oraz przygotowano próby do genotypowania przez sekwencjonowanie metodą DArT-seq.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Plewiński P., Rychel-Bielska S., Kozak B., Maureira-Butler I.J., Iqbal M.M., Nelson M.N., Książkiewicz M. (2022). *FLOWERING LOCUS T* indel variants confer vernalization-independent and photoperiod-insensitive flowering of yellow lupin (*Lupinus luteus* L.). Horticulture Research 9: uhac180. DOI 10.1093/hr/uhac180. MEiN 200; IF₂₀₂₁ 7,291

Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewiński P., Bielski W., Nuc M., Kozak B., Krajewski P., Jędryczka M. (2022). A successful defense of the narrow-leaved lupin against anthracnose involves quick and orchestrated reprogramming of oxidation-reduction, photosynthesis and pathogenesis-related genes. Scientific Reports 12, 1: 8164. DOI 10.1038/s41598-022-12257-7. MEiN 140; IF₂₀₂₁ 4,997

Korchanová Z., Švec M., Janáková E., Lampar A., **Majka M.**, Holušová K., Bonchev G., Juračka J., Cápál P., Valárik M. (2022). Identification, High-Density Mapping, and Characterization of New Major Powdery Mildew Resistance Loci From the Emmer Wheat Landrace GZ1. Frontiers in Plant Science 13: 897697. DOI 10.3389/fpls.2022.897697. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 6,627

ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu **dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN**
 Skład Zakładu dr Aneta Basińska (od 1.11.2022)
 dr William Truman
 dr Sara Blicharz
 dr Karolina Stefanowicz
 mgr inż. Soham Mukhopadhyay (do 30.06.2022)
 mgr inż. Juan Camilo Ochoa (do 30.11.2022)
 mgr inż. Deeksha Singh (doktorantka)

W zakładzie prowadzone są badania funkcjonalne, mające na celu opisanie biologicznych podstaw interakcji pomiędzy patogenem *Plasmodiophora brassicae* a porażanymi przez niego roślinami z rodziny kapustowatych. Prace dotyczą zarówno genetycznych i molekularnych podstaw odporności roślin jak też mechanizmów uruchamianych w roślinach już zainfekowanych. Główną ideą prac jest opis zjawisk na poziomie systemu.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	1
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	1

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	2	2	1
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	2	2	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
	NCN; OPUS; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez	R. Malinowski; S, Blicharz, K. Stefanowicz, W. Truman, D. Singh	TAK

	<i>Plasmodiophora brassicae</i> ; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05 - 2023-02-04; 1 978 760,00 PLN		
	NCN; OPUS; Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (<i>Arabidopsis thaliana</i> L.) na kiłę kapusty; 2021/41/B/NZ9/02405; 2021-02-22 - 2025-02-01; 1 642 374,00 PLN	W. Truman; K. Stefanowicz, R. Malinowski, N. Ch. Singh	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Wykazano kluczową rolę genu *RPB1* w odporności roślin *Arabidopsis thaliana* na kiłę kapusty. Dodatkowo, poprzez edycję tego genu metodą CRISPR/Cas9, doprowadzono do utraty odporności u wytypowanych form odpornych.

Projekt NCN OPUS: Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana* L.) na kiłę kapusty; 2021/41/B/NZ9/02405

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

Aktualnie prowadzone są prace nad interakcją pomiędzy *Plasmodiophora brassicae* a roślinami żywicielskimi (modelem *Arabidopsis thaliana* oraz gatunkiem uprawnym *Brassica napus*). Prace prowadzone są w ramach dwóch projektów opisanych poniżej:

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

Cel badań: Zrozumienie koordynacji odpowiedzi fizjologicznych i molekularnych w roślinach porażonych przez *P. brassicae*.

Przeprowadzono badania proteomiczne i oznaczono poziom cytokinin w eksudatach floemu i ksylemu *B. napus*. Wykonano transkryptomikę komórek floemu wyciętych laserem dla roślin *B. napus*. Aktualnie prace są kontynuowane. Zoptymalizowano również technikę mikroskopii fluorescencyjnej do obserwacji zmian w naroślach. To ostatnie zadanie jest tematem poniższej publikacji:

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

Pracy towarzyszy materiał video:

<https://www.jove.com/v/64297/combining-clearing-and-fluorescence-microscopy-for-visualising-changes-in-gene-expression-and-physiological-responses-to-plasmodiophora-brassicae>

NCN; OPUS; Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana* L.) na kiłę kapusty; 2021/41/B/NZ9/02405; 2021-02-22 - 2025-02-01; W. Truman

Cel badań: Poznanie mechanizmu działania genu *RPB1* w reakcji obronnej *A. thaliana* na infekcję *P. brassicae*.

Prowadzone są prace mające na celu zrozumienie mechanizmu działania odkrytego w poprzednim projekcie genu *RPB1*, odpowiedzialnego za odporność roślin *A. thaliana* na *P. brassicae*. W roku 2022 przeprowadzono (system jednohybrydowy *S. cerevisiae*) wyszukiwanie czynników wchodzących w interakcję z sekwencją promotora genu *RPB1*. Aktualnie trwają prace nad weryfikacją funkcjonalną dla poszczególnych kandydatów. Prowadzone są prace nad interakcjami na poziomie białkowym.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Singh D., Blicharz S., Stefanowicz K., Ragni L., Michalak K., Bagniewska-Zadworna A., Malinowski R. (2022). Combining Clearing and Fluorescence Microscopy for Visualising Changes in Gene Expression and Physiological Responses to *Plasmodiophora brassicae*. *Journal of Visualized Experiments* e64297; MEiN 70; IF₂₀₂₁ 1,424

ZAKŁAD BIOLOGII ROŚLIN I NANOTECHNOLOGII

Kierownik Zakładu
Skład Zakładu

dr hab. Gregory Franklin, prof. IGR PAN
dr Veeresh Lokesh
dr Pradeep Matam
mgr Rakesh Sinha
mgr Dariusz Kruszka (do 30.09.2022)

The profile of research conducted by the Team

- ✓ Understanding plant recalcitrance and development of innovative tools for functional genomics and synthetic biology
- ✓ Development of methods for extraction of high value secondary metabolites via green methods
- ✓ OMIC approach to understand *Hypericum* response to biotic and abiotic stressors

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	3
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	3

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE	1	1	
Inny międzynarodowy			
NCN	2	1	
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	3	2	

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN; OPUS 12; Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań	Gregory Franklin; V. Lokesh, M. Nuc	NIE

	szlaku biosyntezy hiperycyny; 2016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03; 2022-07-02; 1 174 700,00 PLN		
2	NCN; OPUS 13; HyperAgro: Interakcja Hypericum-Agrobacterium jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07; 2022-02-06; 1 659 960,00 PLN	Gregory Franklin; R.K. Selvakesavan, P. Matam	NIE
3	Horizon 2020; Coordination and Support Action (EU H2020- ERACHairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Akronim: NANOPLANT); 856961; 2019-09-01; 2024-08-31; 2 499 250,00 EUR	Gregory Franklin	TAK
4	MEiN Premia na Horyzoncie; NANOPLANT PnH; 456422/PnH/2019; 2019-12-13 - 2024-08-31; 2 735 928,00 PLN	Gregory Franklin	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

Agrobacterium tumefaciens mutant library consisting of 228 unique mutants has been generated by random mutagenesis. A novel promoter driving a gene implicated in multiple stress response in plants has been isolated, cloned and characterized.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

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

Objective: To elucidate the hypericin biosynthetic pathway

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

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

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

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

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

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

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Pradeep M., Franklin G. (2022). Understanding the hypericin biosynthesis via reversible inhibition of dark gland development in *Hypericum perforatum* L. *Industrial Crops and Products* 182: 114876, 10.1016/j.indcrop.2022.114876. MEiN 200, IF₂₀₂₁ 6,449

Kruszka D., Selvakesavan R.K., Kachlicki P., Franklin G. (2022). Untargeted metabolomics analysis reveals the elicitation of important secondary metabolites upon treatment with various metal and metal oxide nanoparticles in *Hypericum perforatum* L. cell suspension culture. *Industrial Crops And Products* 178: (616–617): 114561, 10.1016/j.indcrop.2022.114561. MEiN 200; IF₂₀₂₁ 6,449

Shet S.M., Bharadwaj P., Bisht M., Pereira M.M., Thayallath S.K., **Lokesh V., Franklin G., Kotrappanavar NS, Mondal D** (2022). Presenting B-DNA as macromolecular crowding agent to improve efficacy of cytochrome c under various stresses. *International Journal of Biological Macromolecules* 215: 184-191, 10.1016/j.ijbiomac.2022.06.093. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 8,025

Hall R.D., D'Auria J.C., Ferreira A.C.S., Gibon Y., **Kruszka D.**, Mishra P., van de Zedde R. (2022). High-throughput plant phenotyping: a role for metabolomics? *Trends in Plant Science* 27, 6: 549-563, 10.1016/j.tplants.2022.02.001. MEiN 200; IF₂₀₂₁ 22,012

ZAKŁAD NANOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu **dr Dibyendu Mondal**
 Skład Zakładu dr Leonard Kiirika
 dr Mónia Andreia Rodrigues Martins
 dr Meena Bisht
 mgr Marta Gloger
 mgr Natalia Krówczyńska

The main focus of the plant nanotechnology team is to develop next generation eco-friendly and low-cost nano-formulation(s) and carry out the fundamental as well as applied research on nanotechnology-based sustainable agricultural envisaging improved plant productivity and enhanced plant protection.

- Development and scaling-up of nano-formulation for fertilizer and pesticides applications.
- Sustained and controlled delivery of nano-fertilizers to plant
- Application of OMICS, molecular and biochemical approaches to plant-nanomaterial interactions.
- Plant growth, crop yield & quality monitoring and life cycle assessment

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	6
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	6

Projekty wykonywane w Zakładzie

Typ projektu	Liczba projektów kierowanych w Zakładzie (także kierownictwo zespołu/pakietu w konsorcjum)		Udział jako wykonawca w projektach innych Zakładów IGR PAN i zewnętrznych w 2022 r.
	2022	2023	
UE			
Inny międzynarodowy			
NCN	1	1	
NCBiR			
MRiRW			
Inny			
Ogółem	1	1	

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2022

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy, osoby spoza IGR	Kontynuacja w 2023 r. TAK/NIE
1	NCN, SONATA 17,	D. Mondal;	TAK

	NanoBioCat: Developing biopolymer-based and protein friendly ionic liquids assisted enzyme constructs with improved efficacy for tandem biocatalysis under multiple stresses, UMO-2021/43/D/ST4/00699; 2022-06-27 - 2025-06-26; 1 574 614,00 PLN	M. Bisht	
--	---	----------	--

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2022

- ✓ Uncovering the phytochemical basis of plant extract mediated green synthesis of nanoparticles
- ✓ Development of nano-biofertilizers based on marine algae for intensification of agriculture in Poland
- ✓ Protein engineering using nanostructured solvents envisaging improved performance under environmental stresses and enhanced plant protection
- ✓ Controlled release of metal ions from nanomaterials using neoteric solvents for sustainable agriculture

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów.

1) Uncovering the phytochemical basis of plant extract mediated green synthesis of nanoparticles: Due to the absence of harmful chemicals in the process, environmental friendliness, and abundant raw materials, green synthesis of nanoparticles using plant extracts has emerged as an attractive alternative to chemical methods. Despite the popularity of plant extract-mediated synthesis of nanoparticles, the phytochemical basis of this process and the exact mechanism are still unclear. We carried out a systematic study under the leadership of prof. Franklin Gregory (Plant biology and Nanotechnology team, IPG PAS) and in collaboration with prof. Piotr Kachlicki (Multiomics laboratory, IPG PAS) to reveal the mechanism of synthesis of Ag nanoparticles using St. John's wort (*Hypericum perforatum* L.) extract. The results of this study was published in ACS Sustainable Chemistry & Engineering journal (IF 9.2). we strongly believe that the data presented in this article will trigger a discussion forum and be useful to a wide range of stakeholders.

2) Development of nano-biofertilizers based on marine algae for intensification of agriculture in Poland: In addition to study the mechanism of phytosynthesis of nanoparticles, we are also planning to use such biogenic nanoparticles as elicitor for enhance plant secondary metabolites production. Furthermore, we have collected seaweeds *Fucus vesiculosus* (brown algae), *Ulva intestinalis* (green algae), and *Gigartina* spp. (red algae) from Baltic sea coast in Sopot, Poland. The sap extracted from seaweed are excellent source of phytochemicals and plant stimulants. These extract efficiently reduced Au(III) and Ag(I) to form Au(0) and Ag(0) nanoparticles. Work in progress to elucidate the phytochemicals present in such seaweed sap and development of algae-based nanoformulations thereof for sustainable agricultural intensification in Poland.

3) Protein engineering using nanostructured solvents envisaging improved performance under environmental stresses and enhanced plant protection:

Considering the hydrotropism and probability of nano-structuring, we aim towards studying the effect of nanostructured hydrotropes towards activity and stability of cytochrome c in the habitual and stress conditions (such as high temperature, chemical and biological denaturants) and further to develop a novel and sustainable solvent manipulation strategy for robust protein packaging using nanostructured biohydrotropes (ATP) propelled by biodegradable hydrotropic ionic liquid (choline salicylate). These findings clearly demonstrate the stabilizing effect of nanostructured ATP against salicylate induced oxidative damaged. A further study is ongoing to arrest the plant cells death that promoted by salicylate induced ROS production by exogenous application of ATP.

4) Controlled release of metal ions from nanomaterials using neoteric solvents for sustainable agriculture:

Mónia Martins visited CICECO – Aveiro Institute of Materials at University of Aveiro, Portugal to perform fundamental studies on the controlled release of metal ions from nanomaterials in aqueous solutions of Ionic Liquids and Deep Eutectic Solvents. The overall goal of this work is to investigate how does the nanomaterial activity correlates with its structure and metal dissolution profile and its consequence as nano fertilizers in plant growth and productivity. Preliminary results show that after seven days the release of CuO increases more than 100 times (compared with water) when adding 50mM of aqueous solutions of ChCl + Proline or Choline ascorbate. This work fosters the development and understanding of different mechanisms in the field of plant nanotechnology while promoting interdisciplinary research and international collaborations.

5) Investigating the effect of Cu⁺² release CuO nanoparticles in aqueous solutions containing ionic liquids (ILs) in plants using tobacco (*Nicotiana tabacum*):

The release of Cu⁺² from CuO was investigated along with ILs made up of plant growth regulators-based biomolecules. Dissolution experiments were performed using dialysis membranes and metals were quantified using a TXRF spectrometer for ultra-trace element analysis. Phenotype-based screening method was employed to study root/above-ground related parameters. The effects of metal ions released from NMs was manifested in significant changes in plants' growth phenotype as well as physiological status evidenced by increased photosynthesis. Findings of this study will foster development and understanding of various mechanisms of NMs in the field of plant nanotechnology.

6) Inhibition assays of silver nanoparticles against *Sclerotinia sclerotiorum*:

Nanomaterials could influence the response of both the microbe and the host plant in the course of interactions. With an overall aim to understand plant's response to nanomaterials in this complexity of interactions, we have initiated preliminary experiments first to assess the effects of nanomaterials on the growth response in vitro of selected fungal plant pathogens and a symbiont *Trichoderma*. This involves: i) Identifying/selecting viable microbial cultures (initial isolates are provided from Prof. Małgorzata Jędryczka, Legume genomic lab, IPG PAS) based on their economic importance to food crops, ii) subculture preparations in solid media, iii) inhibition tests to determine the growth response in vitro under varying NMs concentrations, and iv) eventual plant response tests involving different NMs and microbes in vivo and under controlled condition.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Mruthunjayappa M.H., Kotrappanavar N.S., **Mondal D.** (2022). New prospects on solvothermal carbonisation assisted by organic solvents, ionic liquids and eutectic mixtures - A critical review. *Progress in Materials Science* 126: 100932, 10.1016/j.pmatsci.2022.100932; MEiN 200, IF₂₀₂₁ 48,165

Mruthunjayappa M.H., Kotrappanavar N.S., **Mondal D.** (2022). Bioinspired engineering protein nanofibrils-based multilayered self-cleaning membranes for universal water purification. *Journal of Hazardous Materials* 424: 127561, 10.1016/j.jhazmat.2021.127561; MEiN 200, IF₂₀₂₁ 14,224

Puttaswamy R., Mondal C., **Mondal D.**, Ghosh D. (2022). An account on the deep eutectic solvents-based electrolytes for rechargeable batteries and supercapacitors. *Sustainable Materials and Technologies* 33: e00477; 10.1016/j.susmat.2022.e00477; MEiN 200, IF₂₀₂₁ 10,681

Kamath S.V., Mruthunjayappa M.H., **Mondal D.**, Kotrappanavar N.S. (2022). Nanocomposite-based high-performance adsorptive water filters: recent advances, limitations, nanotoxicity and environmental implications. *Environmental Science-Nano* 9, 7, 10.1039/d2en00155a. MEiN 140, IF₂₀₂₁ 9,473

Shet S.M., Bharadwaj P., **Bisht M.**, Pereira M.M., Thayallath S.K., Lokesh V., Franklin G., Kotrappanavar N.S., **Mondal D.** (2022). Presenting B-DNA as macromolecular crowding agent to improve efficacy of cytochrome c under various stresses. *International Journal of biological macromolecules* 215: 184-191; 10.1016/j.ijbiomac.2022.06.093; MEiN 100, IF₂₀₂₁ 8,025

LABORATORIUM MULTIOMIKI

Kierownik **prof. dr hab. Piotr Kachlicki** – do 30.06.2022
Laboratorium **dr Katarzyna Juszczak** – od 1.07.2022
Skład Laboratorium dr Katarzyna Juszczak

Laboratorium zostało utworzone w celu prowadzenia prac analitycznych nad niskocząsteczkowymi i białkowymi komponentami organizmów roślin. Współpracuje ono z różnymi Zakładami Instytutu jak również z innymi krajowymi i zagranicznymi placówkami naukowymi. Na wyposażeniu Laboratorium są chromatograf gazowy, instrumenty do wysoko- oraz ultrasprawnej chromatografii cieczowej oraz spektrometry mas. Dzięki możliwości połączenia standardowych i nanoprzepływowych chromatografów cieczowych z wysokorozdzielczym spektrometrem mas Orbitrap prowadzone są celowane i niecelowane analizy metabolomiczne i proteomiczne. Rutynowo są wykonywane analizy użytkowo ważnych związków chemicznych takich jak alkaloidy u łubinów czy też aktywne biologicznie metabolity roślin rolniczych i leczniczych.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji
Lista MEiN (Komunikat Ministra Edukacji i Nauki z 1 grudnia 2021 r.)	2
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	2

Lista publikacji Zakładu wydanych w 2022 r.

Kruszka D., Selvakesavan R.K., **Kachlicki P.**, Franklin G. (2022). Untargeted metabolomics analysis reveals the elicitation of important secondary metabolites upon treatment with various metal and metal oxidenanoparticles in *Hypericum perforatum* L. cell suspension cultures. *Industrial Crops & Products* 178: 114561. MEiN 200; IF₂₀₂₁ 6,449

Mohammed M.A., Hamed M.A., El-Gengaihi S.E., Enein A.M.A., **Kachlicki P.**, Hassan E.M. (2022). Profiling of secondary metabolites and DNA typing of three different *Annona* cultivars grown in Egypt. *Metabolomics* 18: 49. MEiN 100; IF₂₀₂₁ 4,747

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi

A. Kielbowicz-Matuk:

- **Instytut Dendrologii PAN w Kórniku**, M. Guzicka; **Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu**, T Zalewski; Adaptacja drzew leśnych do zmian klimatycznych: interdyscyplinarne badania parametrów strukturalnych, fizjologicznych i genetycznych spoczynkowych pąków sosny zwyczajnej w warunkach naturalnych wspólny wniosek złożony do NCN.

A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz, J. Górna:

- **Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Wydział Rolniczy i Ekonomiczny**, Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, M. Rapacz; mechanizmy zimotrwałości traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 2 projekty (MRiRW, NCN OPUS)

A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz:

- **Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii**, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, M. Arasimowicz-Jelonek; rola tlenu azotu w metabolizmie roślinnym w warunkach suszy u *Festuca arundinacea* i *F. glaucescens*; rola tlenu azotu w regulacji stopnia acetylacji białek histonowych u *Phytophthora infestans*; projekt NCN OPUS; 1 publikacja

- **Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie**, G. Żurek, E. Małuszyńska; badanie mechanizmów tolerancji suszy i wartości siewnej nasion traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 1 projekt (MRiRW)

- **Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach**, M. Staniak; analiza składu chemicznego (jakości paszowej) traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 1 projekt (MRiRW)

I. Pawłowicz:

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin**, J. Niemann; analiza ekspresji wybranych genów związanych z odpornością na suchą zgniliznę kapustnych; 1 projekt (MRiRW)

G. Koczyk:

- **Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu**, Katedra i Zakład Genetyki Medycznej, E. Bukowska-Olech, A. Jamsheer; analizy danych NGS i adnotacja wariantów o znaczeniu funkcjonalnym/klinicznym. Publikacja: Front. Mol. Biosci. 9: 865494, 10.3389/fmolb.2022.865494

M. Mokrzycka:

- **Politechnika Poznańska**, K. Filipiak, Instytut Matematyki, wspólne publikacje; Filipiak K., Klein D., Mokrzycka M. (2022). Discrepancy between structured matrices in the context of power study. Złożona.

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu**, A. Markiewicz, M. Janiszewska, wspólne publikacje; Janiszewska M., Markiewicz A., Mokrzycka M. (2022). Quasi shrinkage estimation of block structured covariance matrix. Złożona.

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogródowicz, M. Kempa:

- **Uniwersytet Śląski w Katowicach**, I. Szarejko, A. Daszkowska-Golec, D. Gruszka; wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia; wspólny projekt NCN OPUS 12.

P. Ogródowicz, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa:

- **Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii**, K. Wojciechowicz; wspólna realizacja badań w ramach projektu NCN SONATA 12 „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”.

- **SGGW, Warszawa, Instytut Biologii**, Katedra Fizjologii Roślin, H.M. Kalaji; ocena wydajności aparatu fotosyntetycznego roślin poddanych jednocześnie stresowi niedoboru wody oraz zainfekowanych grzybami z rodzaju *Fusarium*; wspólny projekt NCN OPUS 21.

J. Cerazy-Waliszewska:

- **UP Poznań, Katedra Chemii**, Zespół Chemii Analitycznej Środowiska, M. Mleczek; **UAM, Wydział Chemii**, Zakład Chemii Analitycznej, P. Niedzielski. Analiza profilu i akumulacji form arsenu w roślinach miskanta w odpowiedzi na zanieczyszczenie gleby tym pierwiastkiem. Wspólna publikacja „The effect of various species of arsenic on mineral elements accumulation, physiological processes, plant growth and bioethanol production in *Miscanthus* × *giganteus* genotypes” – złożona do Ecotoxicology and Environmental Safety, w recenzji.

- **UP Poznań, Katedra Inżynierii Biosystemów**, Pracownia Ekotechnologii, J. Dach, H. Waliszewska, W. Czekala. Wspólna publikacja „Selected pretreatment methods for lignocellulosic biomass destined for methane fermentation” – złożona do Renewable and Sustainable Energy Reviews”, w recenzji.

T. Pniewski:

- **UP Poznań, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności**, W. Białas, A. Drożdżyńska. Temat: Produkcja bioetanolu z biomasy roślin miskanta rosnących na glebie zanieczyszczonej arsenem. Wspólna publikacja „The effect of various species of arsenic on mineral elements accumulation, physiological processes, plant growth and bioethanol production in *Miscanthus* × *giganteus* genotypes” – złożona do Ecotoxicology and Environmental Safety, w recenzji.

K. Sobańska:

- **UP Poznań, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych**, A. Budka. Temat: Analiza statystyczna parametrów wzrostu i fizjologicznych roślin genotypów miskanta w warunkach stresu chłodu.

- **UP Poznań, Katedra Chemicznej Technologii Drewna**, M. Zborowska. Temat: Analiza metodą FTIR składników ściany komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu.

- **UAM, Wydział Biologii, Zakład Biologii Komórkowej i Molekularnej**, P. Wojtaszek, A. Kasprówicz-Maluśki, Temat: Analiza zmian anatomicznych w ścianie komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu.

- **IOR-PIB, Poznań**, E. Gabala, Temat: Analiza zmian anatomicznych w ścianie komórkowej miskanta rosnącego w warunkach stresu chłodu z użyciem TEM.

Efekty (wspólne dla ww. jednostek): Realizacja projektu NCN PRELUDIUM 15, UMO-2018/29/N/NZ9/00854.

J. Kaczmarek:

- **Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, A. Piasecka; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu; Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, A. Sawikowska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Leśny i Technologii Drewna, A. Waśkiewicz; Politechnika Poznańska, Wydział Automatyki, Robotyki i Elektrotechniki. M. Kańczurzevska; wspólna publikacja: Cells 2022 11, 20: 3213, DOI 10.3390/cells11203213**

M. Jędrzycka, J. Kaczmarek:

- **Instytut Agrofizyki PAN, M. Frąc; wspólnie publikacje, wykonawca w projekcie MRiRW Postęp Biologiczny zad. badawcze 25 (2022 r.);**

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann; wspólnie publikacje, udział w charakterze wykonawców w projekcie MRiRW Postęp Biologiczny zad. badawcze 27;**

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Hydrobiologii i Ochrony Ekosystemów; UMCS w Lublinie, Instytut Nauk o Ziemi i Środowisku wspólna publikacja DOI 10.24425/ppr.2022.143312.**

M. Jędrzycka, J. Kaczmarek, W. Irzykowski:

- **Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin –PIB Oddz. w Bydgoszczy, współpraca w ramach grupy operacyjnej EPI w projekcie „Innowacyjna rzodkiew”.**

Ł. Stępień, M. Urbaniak:

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, A. Waśkiewicz; analiza ilościowa i jakościowa mykotoksyn fuzaryjnych; wspólnie projekty, publikacje;**

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii, L. Majchrzak; analiza ilościowa i jakościowa grzybów infekujących kłosa pszenicy; wspólnie publikacje w przygotowaniu;**

- **Uniwersytet im Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, B. Gierczyk; identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów z rodzaju *Tulostoma*, wspólna publikacja w przygotowaniu;**

- **Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa, M. Bryła, testy antagonistyczne grzybów patogenicznych *Fusarium* i *Trichoderma*; współpraca w ramach projektu OPUS 17;**

- **Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Biologii, Katedra Mykologii, K. Kulesza; analiza filogenetyczna gatunków drożdży wyizolowanych ze śledzia bałtyckiego, publikacja w przygotowaniu;**

- **Instytut Botaniki im. W. Szafera PAN w Krakowie, Grupa Ewolucji i Interakcji Organizmalnych, M. Piątek; identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów mikroskopowych, publikacja w przygotowaniu;**

- **Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie (SGGW), Wydział Leśny, A. Szczepkowski; identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów, publikacja w przygotowaniu.**

L. Błaszczyk:

- **Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. W. Dąbrowskiego**, M. Bryła. Wspólna publikacja: *Molecules* 27(23): 8146. DOI 10.3390/molecules27238146 oraz wspólny projekt NCN, OPUS, nr 2019/33/B/NZ9/02743

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii**, A. Waśkiewicz. Wspólna publikacja: *Molecules* 27(23): 8146. DOI 10.3390/molecules27238146

W. Święicki:

- **IHAR-PIB Radzików**, W. Podyma, **Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o. o. Wiatrowo**, P. Barzyk. Współpraca Krajowego Programu Ochrony Zasobów Genowych Roślin Uprawnych, objęta dotacją celową MRiRW dla IHAR-PIB, Radzików.

M. Gawłowska, W. Święicki:

- **Uniwersytet Warmińsko-Mazurski**, Wydział Biologii i Biotechnologii, L. Lahuta. Występowanie związków antyżywnieniowych i probiotyków u roślin strączkowych. Publikacja: *Agriculture* 12(8):1125. DOI 10.3390/agriculture12081125.

M. Książkiewicz, W. Bielski:

- **Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa**, B. Kozak, R. Galek, S. Rychel-Bielska:

✓ Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi. Wspólnie realizowany projekt MRiRW na lata 2021-2027 (Zad. 18), wspólna publikacja Książkiewicz i in. (2022) *Scientific Reports* 12, 1: 8164. DOI 10.1038/s41598-022-12257-7.

✓ Identyfikacja genów i niekodujących RNA, zaangażowanych w indukcję kwitnienia łubinu białego. Wspólnie realizowany projekt NCN SONATA17 (2021/43/D/NZ9/00293) na lata 2022-2025.

- **Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin**, J. Nawracała, A. Tomkowiak, D. Kurasiak-Popowska, D. Weigt, J. Niemann. Prowadzenie badań w tematyce identyfikacji układów allelicznych genów fotoneutralności i wczesności u soi. Wspólnie realizowany projekt MRiRW na lata 2021-2027 (Zad. 20).

D. Mondal:

- **Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu**; Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii; J. Brezovsky; przygotowywanie wspólnej publikacji.

Współpraca z podmiotami gospodarczymi

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

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział HR w Szelejewie; współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 17/2021-2026. „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych żylicy

wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”, 2021-01-01; 2026-12-31; E. Paszkowski/ **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz, A. Czapiewska, W. Zwierzykowski

GRUNWALD Hodowla Roślin Sp. z o.o. – Grupa IHAR; współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 17/2021-2026. „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej”, 2021-01-01; 2026-12-31; K. Szwarc/ **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, K. Lechowicz, A. Czapiewska, W. Zwierzykowski

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

Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR – współpraca w ramach projektu MRiRW (zadanie nr 14) „Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe”; 2021-01-01; 2025-12-31; **A. Kuczyńska**, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak; badania we współpracy i na materiale przekazanym przez Firmy Hodowlane dotyczące reakcji jęczmienia na stres niedoboru wody, podatności na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz plamistości siatkowej jęczmienia wywołanej przez *Pyrenophora teres*.

Corteva AgriSciences - projekt naukowo-badawczy nr Corteva-IGR 1/2022 z dnia 21 lutego 2022 r.. 9 msc.; Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych i buraka cukrowego przed chwościkiem w Polsce”; **M. Jędryczka, J. Kaczmarek**.

Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego w Straszku, Gospodarstwo rolne Hulcze, Gospodarstwo rolne Wysoka Gryfińska – współpraca w ramach projektu z Corteva Agrisciences nt optymalizacji terminu ochrony chemicznej buraka cukrowego przed chwościkiem; **M. Jędryczka**.

Innvigo Sp. z o.o. - projekt naukowo-badawczy nr IGRU 2021/22, umowa z 16 grudnia 2021, czas realizacji 12 msc. Ocena wrażliwości wybranych grzybów chorobotwórczych na fungicydy; **J. Kaczmarek, M. Jędryczka**.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. Nr 21. Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. 1 stycznia – 31 grudnia 2022, W. Pietruczanis / **M. Gawłowska, M. Jędryczka**.

Stacja Dydaktyczno-Badawcza Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego, Tomaszkowo- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. Nr 21. Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. 1 stycznia – 31 grudnia 2022, M. Kaszuba / **M. Jędrzycka, M. Gawłowska.**

Przedsiębiorstwo Nasienne ROLNAS Sp. o.o., Kujawsko-Pomorski Ośrodek Doradztwa Rolniczego w Minikowie, Okręgowy Związek Plantatorów Buraka Cukrowego w Bydgoszczy, Gospodarstwa rolne Radzicz, Sokolniki, Wilcze Jary, Sadkowski Młyn, Łazdoje, Wasylów - współpraca w ramach Programu Rozwoju Obszarów Wiejskich (00044.DDD.650900.114.2019.02) w projekcie „Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe”, projekt realizowany w latach 2022-2024, finansowany przez ARiMR; **M. Jędrzycka.**

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 19. „Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach”, 1.01.–31 12. 2022, P. Barzyk / **M. Kroc, W. Świąćicki.**

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 18. Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów. 1 stycznia - 31 grudnia 2022, P. Barzyk / **M. Książkiewicz.**

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR, – Oddział Przebędowo, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 18. Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów, 1 stycznia - 31 grudnia 2022, S. Stawiński, K. Spychała / **M. Książkiewicz.**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 18. Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów, 1 stycznia - 31 grudnia 2022, Tatiana Mańczak / **M. Książkiewicz.**

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. – Oddział HR Wiatrowo, współpraca w ramach dotacji celowej MRiRW dla zadania pt. „Zachowanie ex situ zasobów genowych grochu i łubinu” odnośnie wykonania usługi analiz zawartości alkaloidów w próbach kolekcyjnych nasion łubinów. Numer umowy 1/2022/Kolekcja na Prace Badawcze zawartej dnia 15.09.2022. **K. Juszczyk.**

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

Współpraca prowadzona w ramach umów

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu INCREASE „Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems”; jednostki tworzące: Università Politecnica Delle Marche, Włochy (koordynator); Leibniz - Institut Fuer Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Niemcy; Max-Planck-Gesellschaft Zur

Forderung Der Wissenschaften Ev, Niemcy; Instytut Genetyki Roslin Polskiej Akademi Nauk, Polska; Universita Degli Studi Della Basilicata, Włochy; Kmetijski Institut Slovenije - Agricultural Institute Of Slovenia, Słowenia; Eurice European Research and Project Office GmbH, Niemcy; Consiglio Per La Ricerca In Agricoltura E L'analisi Dell'economia Agraria, Włochy; International Centre For Agricultural Research In The Dry Areas, Liban; Servicio Regional De Investigacion Y Desarrollo Agroalimentario Del Principado De Asturias, Hiszpania; Institut National De La Recherche Agronomique, Francja; Centre National De La Recherche Scientifique CNRS, Francja; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin - Państwowy Instytut Badawczy, Polska; Statiunea De Cercetare Dezvoltare Pentru Legumicultura Bacau, Rumunia; Suceava Genebank, Rumunia; Instituto Nacional De Investigacion Y Tecnologia Agraria Y Alimentaria OA MP, Hiszpania; Universidade Catolica Portuguesa, Portugalia; Terres Inovia, Francja; Isea Srl, Włochy; Dcs-Fuerth, Germany; Comunita' Del Mais Spinato Di Gandino, Włochy; Food And Agriculture Organization Of The United Nations FAO, Włochy; Federal Research Center The N.I. Vavilov All-Russian Institute Of Plant Genetic Resources, Rosja; Universidad Nacional De La Plata, Argentyna; University Of Saskatchewan, Kanada; The Regents Of The University Of California, USA; International Crops Research Institute For The Semi-Arid Tropics, Indie; North Dakota State University, USA; **K. Susek, M. Kroc, M. Neji, M. Tomaszewska, K. Czepiel.**

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu „Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (*Pisum sativum* L.) dla charakterystyki genów szlaku biosyntezy oligosacharydów”, NAWA; jednostki tworzące: National Agri-Food Biotechnology Institute NABI, Mohali, Indie; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań; **M. Gawłowska, P. Kumar.**

Sieć naukowo-technologiczna w ramach Akcji COST „EPI-CATCH - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange, EU CA19125; jednostki tworzące: University of Florence, Włochy (Koordynacja); Fan S. Noli University, Albania; Agriculture University of Tirana, Albania; University of Sarajevo, Bośnia i Hercegowina; Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Plant Physiology and Genetics, Bułgaria; Cyprus University of Technology, Cypr; Mendel University, Czechy; Institute of Experimental Botany ASCR, Czechy; University of Life Sciences, Estonia; Tallinn University of Technology, Estonia; Université Caen Normandie, Francja; Université Orléans, Francja; Goethe University Frankfurt, Niemcy; Technical University of Munich, Niemcy; FORTH, Grecja; Agricultural University of Athens, Grecja; University of Debrecen, Węgry; National University of Ireland, Irlandia; Agricultural Research Organization ARO - Volcani Center, Izrael; National Center for Mariculture Israel Oceanographic & Limnological, National Center for Mariculture Research, Izrael; Consiglio Nazionale delle Ricerche – CNR, Włochy; Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Litwa; Luxembourg Institute of Science and Technology, Luxemburg; G.F. Abela Junior College, Malta; The Institute of Genetics, Physiology and Plant Protection, Mołdawia; "Alexandru Ciubotaru" National Botanical Garden (Institute), Mołdawia; University of Montenegro, Czarnogóra; NIBIO, Norwegia; Institute of Agrophysics Polish Academy of Sciences, Polska; Institute of Plant Genetics Polish Academy of Sciences, Polska; University of Aveiro, Portugalia; Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier (ITQB NOVA), Portugalia; University of Novi Sad, Serbia; Institute of Field and Vegetable Crops, Serbia; Institute of Plant Genetics and Biotechnology, Plant Science and Biodiversity Center, Slovak Academy of Sciences, Słowacja; Slovenian Forestry Institute, Słowenia; University of Malaga; Biological Research Center (CIB), Hiszpania; Swedish University of Agricultural Sciences,

Szwecja; Université de Neuchâtel, Szwajcaria; University of Zürich, Szwajcaria; Şirnak University, Turcja; University of Glasgow, Wielka Brytania; **K. Susek, M. Kroc.**

Konsorcjum BELIS składające się z mi. in. z prywatnych i publicznych firm hodowlanych i instytucji naukowych, z interdyscyplinarnym doświadczeniem (genetyka, hodowla, agronomia, ekonomia i edukacja) w zakresie 14 gatunków strączkowych roślin uprawnych, powołane w programu Horyzont Europa Unii Europejskiej w celu wdrożenia wyników prac badawczo-rozwojowych do hodowli roślin strączkowych w Europie. Projekt zakwalifikowany do finansowania. Jednostki tworzące konsorcjum: Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) FR, Eidgenössisches Departement für Wirtschaft, Bildung und Forschung (WBF-Agroscope) CH, Eigen Vermogen Van Het Instituut voor Landbouw- en Visserijonderzoek (EV-ILVO) BE, Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA) IT, Agencia Estatal Consejo Superior Investigaciones Científicas (CSIC) ES, Tsentar Po Rastitelna Sistemna Biologiya I Biotehnologiya (CPSBB) BG, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) ES, Fachhochschule Südwestfalen (FH-SWF) DE, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA) LB, Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences (GEVES) FR, Mediterranean Agronomic Institute of Zaragoza / International Centre for Advanced Mediterranean Agronomic Studies (CIHEAM-IAMZ) ES, Terres Inovia (TI) FR, Stichting Louis Bolk Instituut (LBI) NL, Cerience (CER) FR, Deutsche Saatveredelung Ag (DSV) DE, Eidgenössische Technische Hochschule Zuerich (ETHZ) CH, Barenbrug France (BARENBRUG) FR, RAGT 2n (R2N) FR, DLF Seeds SAS (DLF) DK, Aarhus Universitet (AU) DK, Norges Miljø- og biovitenskaplige universitet (NMBU) NO, Institute for forage crops Krusevac LTD (IKBKS) RS, Agrovegetal S.A. (Agrovegetal) ES, Lietuvos Agrarinis ir Miskų Mokslų Centras (LAMMC) LT, Agri Obtentions SA (AO) FR, Sveučilište u Zagrebu Agronomski Fakultet (UNIZG FAZ) HR, Universidade Nova de Lisboa (UNL) PT, Institut Za Ratarstvo I Povrtarstvo Institut Od Nacionalnog Znacaja Za Republiku Srbiju (IFVCNS) RS, Instytut Genetyki Roslin Polskiej Akademii Nauk (IPG-PAS) PL, Agritec Plant Research s.r.o. (Agritec) CZ, Société d'intérêt collectif agricole des sélectionneurs obtenteurs de variétés végétales (Sicasov) FR, Università Politecnica delle Marche (UNIVPM) IT, KWS SAAT SE & Co. KGaA (KWS) DE, Processors & Growers Research Organisation (PGRO) UK. **M. Książkiewicz.**

Umowa o współpracy naukowej: General agreement of the scientific research cooperation between the National Scientific Centre "Institute of agrarian economics" (Kyiv, Ukraine) and the Institute of Plant Genetics Polish Academy of Sciences (Poznań, Poland); **M. Jędrzycka.**

Współpraca z jednostką naukową **Research Institute of Organic Agriculture FiBL**, Frick, Switzerland - wykonywanie usługi analiz chemicznych w ramach Umowy nr 16/2022 (24.11.2022). **K. Juszczyk.**

Współpraca z jednostką gospodarczą **Getreidezüchtung Peter Kunz, Agata Leska, Verein für Kulturpflanzenentwicklung**, Feldbach, Switzerland – wykonanie usługi analiz chemicznych w ramach Umowy nr 12/2022 (12.09.2022) oraz Umowy nr 15/2022 (05.10.2022). **K. Juszczyk.**

Współpraca prowadzona bez formalnych umów

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

Humboldt-Universität zu Berlin, Experimental Biophysics, Institute for Biology, Berlin, Niemcy; Yousef Yari Kamrani, **U. Talar**; Rola zegara okołodobowego w sygnalizacji ABA, udział białek B-box w tym procesie; wspólna publikacja.

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy; A. Skirycz, A. Fernie/ **D. Perlikowski**, **A. Kosmala**, **I. Pawłowicz**, **K. Lechowicz**, **J. Górna**, analiza zmian w lipidomie i metabolomie pierwotnym traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach deficytu wody i w warunkach niskiej temperatury; projekt NCN OPUS; 2 publikacje.

Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic (AS CR), Olomouc, Czechy; D. Kopecký, J. Doležel/**A. Kosmala**, **J. Majka**, poznanie mechanizmów związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców *Festuca* × *Lolium* i *Allium cepa* × *A. roylei*; staż naukowy J. Majki (2020-2022); 1 publikacja.

Zentrum für Molekularbiologie der Pflanzen, Eberhard Karls Universität Tübingen, Tübingen, Niemcy; Y. You / **P. Krajewski**, **M. Nuc**, **G. Koczyk**. Analizy transkryptomiczne i epigenomiczne mające na celu charakteryzację roli efektorów bakterii Gram-ujemnych w procesie infekcyjnym *in planta*. Publikacja: Nat Plants. 2022; 10.1038/s41477-022-01302-y.

University of Western Australia, Perth, Australia; C. Taylor / **K. Czyż**, **G. Koczyk**, **M. Kawaliło**. Analizy reprezentacji rodzin genowych w genomach roślin o zróżnicowanej zdolności do brodawkowania. Publikacja: Int J Mol Sci. 2022; 23(24):16003. doi: 10.3390/ijms232416003.

Linköping University, Szwecja; A. Tillander / **M. Mokrzycka**. Metody dopasowania struktur kowariancyjnych w modelach podwójnie wielowymiarowych. Złożony projekt NAWA.

Uniwersytet w Hohenheim, Niemcy; Wydział Biostatystyki; H.P. Piepho / **M. Mokrzycka**. Genomowe modelowanie równań strukturalnych z użyciem różnych funkcji rozbieżności do estymacji macierzy kowariancji genetycznej w badaniach nad roślinami. Złożony projekt Miniatura.

ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy; F. Cellini, A. Petrozza / **A. Kuczyńska**, **K. Mikołajczak**, **P. Ogrodowicz**, **M. Kempa**. Wymiana osobowa w ramach projektu MRiRW (zadanie nr 14) „Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe” dotycząca wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego.

Institute for Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Walencja, Hiszpania; E. C. Bergua / **A. Kuczyńska**, **K. Mikołajczak**, **P. Ogrodowicz**,

M. Kempa, M. Bodzak; Pomiary zawartości fitohormonów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody – wspólny projekt badawczy OPUS 18 i OPUS 21.

The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Adelajda, Australia; B. Berger / **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak.** Doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego w warunkach suszy i zróżnicowanego egzogenego traktowania fitohormonami – wspólny projekt badawczy OPUS 21.

Department of Plant Biology, Faculty of Biology, University of Barcelona, Barcelona, Hiszpania; M. Pérez-Llorca, S. Munné-Bosch / **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Bodzak.** Oznaczanie zawartości brassinosteroidów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody – wspólny projekt badawczy OPUS 12.

Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Stany Zjednoczone, S. Long/**K. Sobańska.** Regeneracja miskanta dla potrzeb transformacji i zwiększenia produkcji biomasy. Publikacja “An efficient indirect plant regeneration from shoot apical meristem (SAM) derived embryogenic callus of *Miscanthus × giganteus*” – przesłana do Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, praca zaakceptowana.

Julius Kühn-Institute (JKI), Institute for Plant Protection in Field Crops and Grassland, Braunschweig, Niemcy; N. Zamani-Noor; **Rural Economy and Agricultural Society, HS Konsult AB,** Örebro, Szwecja; A.C. Wallenhammar; **Czech University of Life Sciences,** Praha-Suchbát, Czechy; M. Zouhar, M. Manasova, U.R. Patar/ **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek.** Wspólna publikacja: Pathogens 2022, 11,1440.

Rothamsted Research, Wielka Brytania; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek** Wspólna publikacja Polish Polar Research 10.24425/ppr.2022.143312.

Department of Agriculture, Horticulture and Engineering Sciences, SRUC, Edinburgh, Wielka Brytania; N. Havis; **School of Life Sciences, Freising-Weihenstephan, Technical University of Munich,** Freising, Niemcy; M. Hess; **Biomathematics and Statistics Scotland, JCMB,** Edinburgh, Wielka Brytania; Z. Fang / **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek.** Wspólna publikacja Aerobiologia (praca zaakceptowana)

Ingevity, Charleston, SC, USA; M. Jędrzycka - wspólne artykuły w branżowej prasie rolniczej.

Technical University of Madrid, Hiszpania; D. Palmero / **Ł. Stępień.** Analiza filogenetyczna szczepów *Fusarium oxysporum* infekujących rośliny szparaga. Publikacja Journal of Fungi, 7, 1056, współpraca w ramach projektu OPUS 22 (2023).

Auburn University, College of Agriculture, Alabama, USA; J. Coleman/**M. Urbaniak.** CRISPR/Cas9 jako nowe narzędzie molekularne do jednoczesnej wielokrotnej segmentowej delecji chromosomalnej reduktazy 2-ketoizowalerianowej w *Fusarium oxysporum*. Złożony projekt NAWA.

University of Bologna, Department of Agricultural and Food Sciences, Bologna, Włochy; E. Baraldi / **S. Salamon**; Wspólny wniosek projektowy iSECURE złożony w ramach Marie Skłodowska-Curie Postdoctoral Fellowship będącego częścią programu Horyzont Europa (HE). Wspólny wniosek projektowy złożony w konkursie Bekker Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA).

Institute of Industrial and Forage Crops; Larissa, Grecja; A. Dalakouras / **S. Salamon**; Wspólny wniosek projektowy iSECURE złożony w ramach Marie Skłodowska-Curie Postdoctoral Fellowship (HE).

Higher Educational Institution, Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraina; Z. Pustova / **L. Błaszczyk**; wymiana osobowa.

INRA-CNRS Research Unit, The Laboratory of Plants Microbes and Environment Interactions (LIPME), Auzeville, France; B. Lefebvre / **L. Błaszczyk**; Wspólny wniosek projektowy COST Open Call Proposal Reference OC-2022-1-26016, Beneficial rOOt-associated microorganisms for SusTainable agriculture, BOOST.

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Poczdam-Golm, Niemcy; A.R. Fernie, S. Alseekh/ **K. Susek, M. Kroc, H. Jamil**. Współpraca w ramach projektu OPUS 18; Analiza metabolitów i ekspresji genów w poszczególnych tkankach nasion. Projekt: NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20 - 2024-07-19.

Rutgers, The State University of New Jersey, Waksman Institute of Microbiology, Piscataway, USA; A. Gallavotti/ **K. Czepiel**; Rozpoznanie miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych APETALA2/ERF w genomie łubinu białego i wąskolistnego z zastosowaniem metody DAP-seq; złożenie wniosku o dofinansowanie wyjazdu zagranicznego w ramach Programu Bekker NAWA.

Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomouc, Czechy, M. Valárik / **M. Majka**. Identyfikacja i charakteryzacja nowych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego u dzikich gatunków pokrewnych roślinom uprawnym, publikacja naukowa: Korchanová i in. (2022) *Frontiers in Plant Science* 13: 897697. DOI 10.3389/fpls.2022.897697.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO) / University of Western Australia, Perth, Australia, M. Nelson / **M. Książkiewicz, P. Plewiński**. Poznanie molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu żółtego, współpraca w ramach projektu OPUS21 2021/41/B/NZ9/02226, złożony i zaakceptowany do finansowania projekt OPUS23 2022/45/B/NZ9/01397 (realizacja od 2023 r.), wspólna publikacja naukowa: Plewiński i in. (2022) *Horticulture Research* 9: uhac180. DOI 10.1093/hr/uhac180.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO) M. Nelson, L. Kamphuis / **W. Bielski**. Poznanie molekularnych podstaw mechanizmów zmienności indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację u dzikich łubinów Starego Świata,

współpraca w ramach projektu SONATINA5 2021/40/C/NZ9/00075 (Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu), uzgodniony półroczny staż naukowy w 2023 r.

The Research Institute of Organic Agriculture (FiBL), Szwajcaria; M. Lazzaro, M. Messmer / **M. Książkiewicz**. Opracowanie narzędzi molekularnych do selekcji łubinu białego w kierunku odporności/tolerancji na antraknozę i niskiej zawartości alkaloidów, wspólna opieka nad doktorantem. Doktorat realizowany w IGR PAN w trybie eksternistycznym, promotor – dr hab. M. Książkiewicz, promotor pomocniczy – dr M. Messmer; złożony i zaakceptowany do finansowania projekt OPUS23 2022/45/B/NZ9/01397 (realizacja od 2023 r.).

Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie, Lodi, Włochy; P. Annicchiarico, B. Ferrari, N. Nazzicari / **M. Książkiewicz**. Wymiana materiałów roślinnych, współpraca w tematyce molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu białego, współpraca w ramach projektów SONATINA3 2019/32/C/NZ9/00055 (Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu) i SONATA17 2021/43/D/NZ9/00293.

U.S. Department Of Agriculture, Southern Plains Agricultural Research Center, College Station, Texas, USA; J. Udall / **M. Książkiewicz**. Sekwencjonowanie genomu łubinu żółtego, współpraca w ramach projektu OPUS21 2021/41/B/NZ9/02226, publikacja naukowa: Plewiński i in. (2022) Horticulture Research 9: uhac180. DOI 10.1093/hr/uhac180.

Uniwersytet w Tubingen, Niemcy, L. Ragni / **R. Malinowski**. Optimalizacja metody Clear See do obserwacji zmian w naroślach wywołanych kiłą kapusty, efekt współpracy: publikacja Journal of Visualised Experiments 186, 10.3791/64297.

Centre for Nano & Material Sciences, JAIN Deemed-to-be University, Indie / Institute of Plant Genetics PAS. Memorandum of Understanding; **D. Mondal**. Współpraca w zakresie nanotechnologii roślin.

WYMIANA OSOBOWA

Wizyty gości zagranicznych

Nasser Mahna, University of Tabriz, Faculty of Agriculture Department of Horticultural Sciences, Iran; 26.11.2021-5.06.2022; **Zakład Fizjologii Roślin**, współpraca w tematyce tolerancji stresów abiotycznych traw.

Benita Ortega Berlanga, Universidad Autónoma de San Luis Potosi, Meksyk, 15.09.2021-14.09.2023; **T. Pniewski**. Cel: realizacja projektu NCN – POLS.

Yulia Kobayrenko, Lviv National Environmental University, Dublyany, Ukraina, 13.04-12.08.2022; **M. Jędrzycka**. Cel: staż naukowy finansowany przez Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne i International Society for Plant Pathology oraz stypendium Polskiej Akademii Nauk oraz Narodowej Akademii USA; 4 miesiące.

Nadiia Stoliarchuk, National Scientific Centre Institute of Agrarian Economics, Kyiv, Ukraina, 17.10-17.11.2022, 23.11.-23.12.2022; **M. Jędrzycka** (staż PTFiT i ISPP), J. Kaczmarek (PAN). Cel: staż naukowy finansowany przez Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne i International Society for Plant Pathology oraz stypendium Polskiej Akademii Nauk oraz Narodowej Akademii USA; 2 miesiące.

Veronika Nechytailo, National Scientific Centre Institute of Agrarian Economics, Kyiv, Ukraina, 15.11-14.12.2022; **M. Jędrzycka**. Cel: stypendium naukowe Polskiej Akademii Nauk oraz Narodowej Akademii USA; 1 miesiąc.

Zoia Pustova, Higher Educational Institution, Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraina, 1-30 września 2022; **L. Błaszczuk**. Cel: określenie ram współpracy, tematyki badawczej i planu badawczego do wspólnego projektu.

Roberto Papa, Università Politecnica delle Marche; Włochy. 2-4 listopada 2022 oraz 21-23 listopada 2022. Cel: wygłoszenie wykładu, nawiązanie współpracy naukowej oraz praca nad wspólną publikacją, realizowane w ramach wizyty studyjnej uczonego z zagranicy w Polsce (finansowanie PAN).

Wizyty naukowców z placówek krajowych

-

Wyjazdy krótkoterminowe

A. Kielbowicz-Matuk - pobyt krótkoterminowy w ramach projektu NCN Harmonia, 31.01-04.02.2022; **Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Biology, Berlin**, K. Kaufmann, C. Smaczniak, Badanie struktury chromatyny metodą ATAC-seq "Assay for Transposase-Accessible Chromatin with sequencing" celem identyfikacji regionów, które są w danym momencie dostępne dla czynników transkrypcyjnych, wiążących się do DNA. We współpracy z partnerami z HU, Berlin, przeprowadzono izolację jąder komórkowych z węzłów krzewienia roślin jęczmienia jarego oraz przygotowano biblioteki do sekwencjonowania NGS.

M. Mokrzycka – wizyta studyjna w **Polytechnic Institute of Tomar** w Portugalii, 04.07.2022 - 08.07.2022, dofinansowane przez Biuro Współpracy z Zagranicą PAN, nawiązanie współpracy z F. Carvalho dotyczącej estymacji w modelach z macierzą kowariancji o blokowej strukturze z zastosowaniami w badaniach roślin.

A. Kuczyńska, pobyt krótkoterminowy od 30.04.2022 do 01.07.2022 r., ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy; F. Cellini, A. Petrozza; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin (MRiRW zadanie 14).

K. Mikołajczak, pobyt krótkoterminowy, 30.04.-01.07.2022, ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy; F. Cellini, A. Petrozza; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin (MRiRW zadanie 14).

P. Kumar – pobyt krótkoterminowy, 19-20.10.2022; **Institute of Experimental Botany ASCR - IFIEB, Praga, Czechy**, J. Petrášek. Kurs poświęcony wizualizacji mikroskopowej w badaniach roślinnych, szczególnie konfokalnej mikroskopii fluorescencyjnej.

K. Czepiel - pobyt krótkoterminowy, 15.08 - 18.08.2022; Kmetijski Inštitut Slovenije (KIS), Lubljana, Słowenia, B. Pipan; cel: poszerzenie współpracy z instytutem KIS, wymiana doświadczeń i wiedzy dotyczącej uprawy łubinów w warunkach kontrolowanych oraz polowych, a także prowadzenia obserwacji fenotypowych.

D. Mondal, M.A.R. Martins – wizyta naukowa w CICECO - Aveiro Institute of Materials at University of Aveiro, Portugalia, J.A. Pereira Coutinho; maj 2022. Współpraca dotycząca kontrolowanego uwalniania jonów metali przy użyciu rozpuszczalników neoterycznych.

Wyjazdy długoterminowe

J. Majka, staż podoktorski, długoterminowy 12.02.2020-31.12.2022, **Institute of Experimental Botany AS CR, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomouc, Czechy**, D. Kopecký, J. Doležel; cel wyjazdu: uczestnictwo w projekcie Czech Science Foundation (GACR), nr 20-10019S: Genomic dominance as a force shaping evolution of plant wide hybrids. Projekt dotyczy analizy procesów i ich mechanizmów, związanych z dominacją (sub)-genomów u mieszańców *Festuca* × *Lolium* i *Allium cepa* × *A. roylei*.

K. Mikolajczak, staż długoterminowy, 4.04.2022 - 21.10.2022, **UPP, Katedra Biochemii i Biotechnologii**, D. Narożna. Opracowanie testu opartego na HRM, różnicującego gatunki grzybów z rodzaju *Fusarium* wyizolowanych z pszenicy zwyczajnej z wykorzystaniem fragmentu genu kodującego kalmodulinę oraz poszukiwanie odpowiednich markerów, opracowanie starterów i ich optymalizacja w celu różnicowania gatunków grzybów z rodzaju *Trichoderma*.

P. Kumar, pobyt długoterminowy w ramach projektu NAWA, 9.11 - 24.12.2022, **National Agri-Food Biotechnology Institute (NABI), Mohali, Indie**, S. Tiwari. Trening w laboratorium partnera indyjskiego odnośnie kultur tkankowych i transformacji genetycznej.

M. Majka, staż podoktorski, długoterminowy, 01.01.2022 – 31.12.2022, **Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomouc, Czechy**, Miroslav Valárik; poszukiwanie nowych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego u dzikich gatunków pokrewnych roślinom uprawnym.

KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Organizacja konferencji

Random Matrices and Multivariate Analysis, Będlewo, Poland, 25.09-01.10.2022, konferencja międzynarodowa, PP, Örebro University and Linnaeus University, Sweden, Linköping University, Sweden, UP w Poznaniu, IGR PAN; **M. Mokrzycka**; 22 uczestników

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo & Online, 27.03-02.04.2022, konferencja międzynarodowa, UP w Poznaniu i IGR PAN; **M. Mokrzycka**; 19 uczestników

Workshop “Advances in plant phenotyping data management standard: the MIAPPE adoption status and perspectives”. IPPN 2022 Symposium Workshops & Satellite Meetings, Wageningen, 26.09.2022; **P. Krajewski**; 15 uczestników.

IOBC –WPRS Meeting, Working Group “Integrated Control in Oilseed Crops”; konferencja online, 17-18.05.2022; organizator: IOBC WPRS, ICOC WG, organizator lokalny: Uniwersytet w Rennes, Francja; 120 uczestników: **M. Jędrzycka** gł. organizator z ramienia IOBC WPRS, członek komitetu naukowego.

International Clubroot Workshop, online, 19.05.2022, **M. Jędrzycka**, **R. Malinowski** członkowie komitetu naukowego, **M. Jędrzycka** przewodnicząca sesji; 80 uczestników; współorganizatorzy: IGEPP Rennes, Francja; TUM Drezno, Niemcy; CCC Kanada; Univ. Alberta, Edmonton, Kanada.

Szkolenie/warsztaty „Ocena wydajności aparatu fotosyntetycznego roślin C3 i C4 za pomocą pomiaru fluorescencji chlorofilu” - prof. Hazem Kalaji z zespołem (SGGW, Warszawa) dla pracowników IGR PAN, organizator – **K. Sobańska**; 13 osób

VI Polski Kongres Genetyki, Kraków, 27-30.06.2022, gł. organizatorzy: Polskie Towarzystwo Genetyczne, Polskie Towarzystwo Genetyki Człowieka; **M. Jędryczka** - członek Komitetu Naukowego, przewodnicząca Sekcji „Genetyka mikroorganizmów”, organizacja i prowadzenie sesji „Ekspresja genów u mikroorganizmów” oraz „Mikroorganizmy w środowisku i genetyka ich populacji”; **B. Naganowska** - członek Komitetu Naukowego, organizacja i prowadzenie sesji „Funkcjonowanie genomów roślinnych”). 650 uczestników.

Konferencja Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego „Nowoczesne spojrzenie na fitopatologię”; konferencja online, 7-8 września 2022; **M. Jędryczka** (wiceprzewodnicząca komitetu organizacyjnego), **J. Kaczmarek** (sekretarz), współorganizatorzy: UPP, IOR PIB; 140 uczestników.

Konferencja z okazji 10-lecia Polskiego Towarzystwa Mykologicznego „10 lat PTMyk”, Poznań, 24-28.09.2022; Organizatorzy i współorganizatorzy: Polskie Towarzystwo Mykologiczne, Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, Polskie Towarzystwo Botaniczne, IGR PAN, UAM Poznań; 110 uczestników; **M. Jędryczka** - organizacja i prowadzenie sesji „Fitopatologia”; **M. Urbaniak** - sekretarz i skarbnik konferencji; **L. Błaszczuk** (członek komitetu organizacyjnego), **S. Salamon** (członek komitetu organizacyjnego).

Seria ogólnopolskich webinarów Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego (1× w miesiącu), **M. Jędryczka** gł. organizator; 50-110 uczestników.

Konferencja „MycoRise Up! Youth in Mycology 3rd EDITION”, Warszawa, 27-29.05.2022; **M. Urbaniak** - członek komitetu naukowego (<https://mycoriseup.wixsite.com/konferencja>).

Warsztaty naukowe „Molekularna identyfikacja grzybów”, Poznań, 25.09.2022; Organizatorzy i współorganizatorzy: Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, Polskie Towarzystwo Mykologiczne; IGR PAN, UAM Poznań; 13 uczestników; **L. Błaszczuk**, **S. Salamon**.

VI Konferencja Doktorantów PAN, Kraków, 21-23.10.2022; Instytut Agrofizyki PAN, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Metalurgii i Inżynierii Materiałowej PAN, IGR PAN; **K. Mikołajczak**.

Seminaria naukowe IGR PAN

Organizatorzy: dr Magdalena Kroc, dr William Truman

4.02.2022 dr Benita Ortega-Berlanga, IGR PAN: **“Engineering and expression of a RhoA peptide against respiratory syncytial virus infection in plants”**

21.03.2022 dr Kyeong-Hwan Lee, Dept. of Convergence Biosystems Engineering Director, Agricultural Automation Research Center Chonnam National University, Gwangju, South Korea: **“The New Agriculture Paradigm in Korea, Digital Agriculture”** (wykład organizowany jako seminarium naukowe, ale również z ramienia EU H2020 NANOPLANT)

22.04.2022 prof. dr hab. Piotr Kachlicki, IGR PAN: **“Identification of Plant Chemical Components. Personal Overview during 50 Years”**

27.05.2022 prof. dr hab. Agnieszka Szalewska-Palasz, Katedra Genetyki Molekularnej Bakterii, Uniwersytet Gdański: **“Plant secondary metabolites - isothiocyanates and the mechanisms of their effects against pathogenic bacteria”**

23.06.2022 prof. dr hab. Łukasz Stępień, IGR PAN: **“Regulation of mycotoxin biosynthesis in *Fusarium*-plant host interactions”**

28.10.2022 prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, *czł. koresp. PAN*, IGR PAN: **“Inoculum-based plant disease forecasting”**

4.11.2022 prof. Roberto Papa, Department of Agricultural, Food and Environmental Sciences, Università Politecnica delle Marche (UNIVPM), Ancona, Włochy: **“Food legume genetic resources for a sustainable future”**

18.11.2022 dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN: **“Between the state of eubiosis, meliorbiosis and dysbiosis - the role of the plant microbiome on the example of wheat endosphere mycobiome research”**

16.12.2022 dr Meena Bisht, IGR PAN: **“Improving the activity and stability of proteins/enzymes in presence of neoteric solvents for facile biocatalysis”**

Udział w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych

Krajowe:

Konferencja „MycoRise Up! Youth in Mycology 3rd EDITION” Polskie Towarzystwo Mykologiczne, Uniwersytet Warszawski Wydział Biologii, Warszawa, 27-29.05.2022; **M. Urbaniak** (doniesienie ustne), **M. Kawalilo** (plakat, wyróżniony wśród najlepszych prezentacji), **K. Mikołajczak** (współautor plakatu).

XX Konferencja “Biotechnologia na Politechnice Bydgoskiej, a wyzwania współczesnego świata”, 2.06.2022; **E. Wojtkowiak** (doniesienie ustne), **G. Belniak** (doniesienie ustne).

VI Polski Kongres Genetyki, 27-30.06.2022 Kraków; **B. Naganowska** (członek Komitetu Naukowego; otwarcie Kongresu jako wiceprezes ZG PTG; prowadzenie sesji), **M. Jędryczka** (członek Komitetu Naukowego; przewodnicząca Sekcji Genetyka Mikroorganizmów, prowadzenie dwóch sesji), **L. Błaszczyk** (doniesienie ustne), **S. Salamon** (doniesienie ustne), **K. Lechowicz** (plakat), **K. Mikołajczak** (plakat); **P. Ogradowicz** (plakat); **M. Kempa** (plakat); **M. Bodzak** (plakat).

Konferencja Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego “Nowoczesne spojrzenie na fitopatologię”; konferencja online, <https://sparrow.up.poznan.pl/ptfit2022/>; 7-8.09.2022; **M. Jędryczka** (członek komitetu organizacyjnego), **J. Kaczmarek** (sekretarz), 1 wykład plenarny na zaproszenie, 1 doniesienie ustne, 3 postery; **L. Błaszczyk** (doniesienie ustne), **S. Salamon** (doniesienie ustne), **K. Mikołajczak** (doniesienie ustne); **Ł. Stępień**, **M. Urbaniak** (współautorstwo wystąpień).

Konferencja z okazji 10-lecia Polskiego Towarzystwa Mykologicznego „10 lat PTMyk”, Poznań, 24-28.09.2022; **M. Jędryczka** (organizacja i prowadzenie sesji „Fitopatologia”, wykład), **L. Błaszczyk** (członek komitetu naukowego, członek komitetu organizacyjnego,

przewodnicząca sesji), **S. Salamon** (członek komitetu organizacyjnego), **G. Koczyk** (doniesienie ustne), **Ł. Stępień**, **M. Urbaniak** (poster).

Kongres Rady Towarzystw Naukowych, Gdańsk, 20-22.10.2022; **M. Jędrzycka** (współautorstwo wykładu, udział w debacie na temat kondycji i przyszłości towarzystw naukowych).

VI Konferencja Doktorantów Polskiej Akademii Nauk, KonDokPAN 2022, 21-23.10.2022, Kraków; **P. Kumar** (doniesienie ustne).

Międzynarodowe:

Satellite workshop on Trichoderma and Gliocladium, IPSCONF2022, SKNAU, Jobner-Jaipur, Rajasthan, India, 25.03.2022; **Ł. Błaszczuk** (wykład na zaproszenie).

Konferencja “Multivariate and Mixed Linear Models”, Będlewo, Poland, 27.03-02.04.2022; **M. Mokrzycka** (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne).

World Nano 2022 - World Nanotechnology Conference, 4th Edition, virtual event, 25-27.04.2022; **D. Mondal** (doniesienie ustne).

IOBC –WPRS Meeting, Working Group “Integrated Control in Oilseed Crops”; konferencja online, 17-18.05.2022; **M. Jędrzycka** (przewodnicząca, członek komitetu naukowego), **J. Kaczmarek** - 1 doniesienie ustne, 4 postery, w tym 2 prezentowane jako krótkie doniesienia ustne.

International Clubroot Workshop, online, 18.05.2022, **M. Jędrzycka** (członek komitetu naukowego, przewodnicząca sesji, doniesienie ustne), **J. Kaczmarek** (współautorka doniesienia ustnego).

International Clubroot Workshop (ICW), Rennes, Francja 19.05.2022, **R. Malinowski** (doniesienie ustne).

Annual Conference of Canadian Fungal Network ‘CanFunNet 2022’, online, 1-3.06.2022, **M. Jędrzycka** (wykład na zaproszenie), **J. Kaczmarek**, **R. Noor** (współautorstwo wykładu na zaproszenie).

XIII Międzynarodowa Konferencja Naukowa „Mykotoksyny i pleśnie, Aktualne trendy”, 29.06.– 1.07.2022, Bydgoszcz, **Ł. Stępień** (plakaty, współautorstwo wystąpień).

21st Triennial Conference of the European Association for Potato Research (EAPR), Kraków 4-8.07.2022; **K. Grądzka** (plakat).

Symposium miCROPe 2022, 11-14.07.2022, Wiedeń, Austria; **Ł. Błaszczuk** (doniesienie ustne), **S. Salamon** (plakat).

Plant Vascular Biology 2022 (PVB 2022), Berlin, Niemcy, 17-21.07.2022, **D. Singh** (plakat).

International Symposium on Solubility Phenomena and Related Equilibrium Processes (ISSP), Polytechnic Institute of Bragança, Portugal (online), 4-9.09.2022; **M.A.R. Martins** (doniesienie ustne).

3rd PlantEd Conference COST Action CA18111 “Genome Editing in Plants”, Dusseldorf, Germany, 5-7.09.2022; **P. Kumar** (uczestnictwo online).

Agrobiodiversity for healthy and sustainable diets: food legumes, participatory science, food security and international cooperation; konferencja rozpoczynająca spotkanie

roczne projektu INCREASE; 12.09.2022, Ankona, Włochy; **K. Susek, M. Kroc, M. Neji, K. Czepiel, M. Tomaszewska.**

ELIXIR CZ Annual Conference 2022, Třešť, Czechy, 19-21.09.2022, **M. Majka**, (3 plakaty).

Eucarpia Section “Biometrics in Plant Breeding”, Gif-sur-Yvette, Francja, 21-23.09.2022, **M. Mokrzycka, P. Krajewski** (plakat).

International Plant Phenotyping Symposium 2022, Wageningen, Niderlandy, 23-26.09.2022, **P. Krajewski** (organizacja i prowadzenie warsztatów).

Random Matrices and Multivariate Analysis, Będlewo, 25.09-01.10.2022, **M. Mokrzycka** (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne).

3rd Advances in Green Chemistry Conference (AGChem 2022) Poznań, Poland, 26-30.09.2022; **M.A.R. Martins** (doniesienie ustne), **M. Bisht** (doniesienie ustne), **L. Kiirika** (plakat).

International Conference on Emerging Advanced Nanomaterials 2022 (ICEAN-2022), Newcastle, Australia, 17-21.10.2022, **G. Franklin** (referat na zaproszenie).

The 22nd Workshop on Sustainable Horticultural Production in the Tropics, Nairobi, Kenya, 28.11.-2.12.2022; **L. Kiirika**.

Konferencja “Mathematical Statistics”, Będlewo, Poland, 05-09.12.2022, **M. Mokrzycka** (doniesienie ustne).

REFERATY WYGŁOSZONE W KRAJU I ZA GRANICĄ, NA ZAPROSZENIE INSTYTUCJI NAUKOWYCH

Krajowe

Lidia Błaszczuk “Mykobiom endosfery pszenicy chlebowej” w ramach microBIOME AGRO LIVING LAB initiative, Lublin, 28.02.22.

William Truman “Screening natural variation in Arabidopsis to find genes involved in resistance, susceptibility and tolerance to clubroot disease”. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Instytut Biologii, Warszawa, 18.11.2022.

Dibyendu Mondal “Designing protein nano-construct: An alternative strategy to improve stability and activity against environmental stress” Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, (w ramach KNOW RNA Research Centre in Poznan i RNA Society – RNA Salon Poznan), maj 2022.

Zagraniczne

Dibyendu Mondal „A Journey from Chemical Science to NANOPLANT: The Learning Curve”; CICECO - Aveiro Institute of Materials, University of Aveiro, Portugal, 2-6.05.2022.

LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2022 r.

EU; Horyzont 2020; NANOPLANT: Utworzenie Zakładu Nanotechnologii Roślin w celu maksymalizacji wpływu kultury ERA Chair na IGR PAN; 856961; 2019-09-01 - 2024-08-31; Franklin Gregory;
2 499 250,00 EUR

EU; Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; 2020-05-01 - 2025-05-01; Roberto Papa (Università Politecnica delle Marche, Włochy), Karolina Susek (IGR);
250 001,25 EUR

MEiN Premia na Horyzoncie; NANOPLANT; 456422/PnH/2019; 2019-12-13 - 2024-08-31; Franklin Gregory;
2 735 928,00 PLN

MEiN; Premia na Horyzoncie; INCREASE; 487326/PnH/2020; 2020-08-28 - 2025-08-28; Karolina Susek;
222 866,00 PLN

NCN; HARMONIA; Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji; 2015/18/M/NZ2/00422; 2016-05-13; 2022-05-12; Karolina Susek;
971 088,00 PLN

NCN; HARMONIA; Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin; 2016/22/M/NZ9/00251; 2017-04-18 - 2022-04-17; Paweł Krajewski;
923 780,00 PLN

NCN; OPUS; Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych; 2016/21/B/NZ9/01875; 2017-03-07; 2022-03-06; Grzegorz Koczyk;
762 880,00 PLN

NCN; OPUS; Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny; 2016/23/B/NZ9/02677; 2017-07-03 - 2022-07-02; Franklin Gregory;
1 174 700,00 PLN

NCN; OPUS; Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2016/23/B/NZ9/03548; 2017-09-06 - 2022-09-05; Anetta Krystyna Kuczyńska;
1 418 618,00 PLN

NCN; OPUS; HyperAgro: Interakcja *Hypericum*- *Agrobacterium* jako model pozwalający zrozumieć zjawisko obrony związanej z patogenezą u roślin opornych na transformację; 2017/25/B/NZ9/00720; 2018-02-07 - 2022-12-06; Franklin Gregory;
1 659 960,00 PLN

NCN; OPUS; Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenazy, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin; 2017/25/B/NZ9/01210; 2018-02-09 - 2022-12-08; Łukasz Wojciech Stępień; 728 650,00 PLN

NCN; OPUS; Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny; 2017/27/B/NZ9/01591; 2018-06-29 - 2022-03-28; Lidia Błaszczyk; 1 374 700, 00 PLN

NCN; OPUS; Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego; 2018/29/B/NZ9/01457; 2019-03-01 - 2024-02-29; Agnieszka Anna Kielbowicz-Matuk; 1 096 240,00 PLN

NCN; OPUS; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmodiophora brassicae*; 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05 - 2024-02-04; Robert Malinowski; 1 978 760,00 PLN

NCN; OPUS; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20 - 2024-07-19; Karolina Susek; 1 988 520,00 PLN

NCN; OPUS; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27 - 2023-07-26; Anetta Krystyna Kuczyńska; 1 848 480,00 PLN

NCN; OPUS; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem; 2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10 - 2024-09-09; Małgorzata Kęsik-Brodacka, Agnieszka Wesołowska, Tomasz Pniewski; 1 999 800,00 PLN

NCN; OPUS; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb; 2020/37/B/NZ6/02334; 2021-02-22 - 2025-02-21; Tomasz Pniewski, Agnieszka Wesołowska, Małgorzata Kęsik-Brodacka; 1 738 200,00 PLN

NCN; OPUS; Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*; 2020/39/B/NZ9/02488; 2021-07-02 - 2025-07-01; Izabela Pawłowicz; 1 615 994,00 PLN

NCN; OPUS; Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana* L.) na kiłę kapusty; 2021/41/B/NZ9/02405; 2021-02-22 - 2025-02-01; William Truman;
1 642 374,00 PLN

NCN; OPUS; Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*). 2021/41/B/NZ9/04123; 2022-01-21 - 2026-01-20; Joanna Ceraży-Waliszewska;
2 880 698,00 PLN

NCN; OPUS; Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego. 2021/41/B/NZ9/02373; 2022-01-21 - 2026-01-20; Piotr Ogrodowicz;
1 897 107,00 PLN

NCN; OPUS; Zróżnicowanie funkcjonalne duplikatów genu *Flowering Locus T* w kontroli indukcji kwitnienia łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. 2021/41/B/NZ9/02226; 2022-03-01 - 2026-02-28; Michał Książkiewicz;
2 733 512,00 PLN

NCN; OPUS; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liście jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów. 2021/41/B/NZ9/02576; 2022-03-01 - 28-02-2026; Krzysztof Mikołajczak;
2 141 254,00 PLN

NCN; OPUS; Specyficzność regulacji interakcji *Fusarium*-szparag przez metabolity i hormony gospodarza wytwarzane podczas infekcji; 2021/43/B/NZ9/02701; 2022-06-27 - 2026-06-26; Łukasz Stępień;
1 875 750,00 PLN

NCN; OPUS; Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych; 2021/41/B/NZ9/00782; 2022-06-01 - 2026-05-31; Dawid Perlikowski;
2 076 780,00 PLN

NCN; SONATA; Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (*Lupinus albus* L.); 2021/43/D/NZ9/00293; 2022-07-07 - 2025-07-06; Sandra Rychel-Bielska UP Wrocław, Michał Książkiewicz IGR PAN;
2 785 829,00 PLN

NCN; SONATA; NanoBioCat: Opracowywanie opartych na biopolimerach i wspomaganych przyjaznymi dla białek cieczami jonowymi nanokonstruktów enzymatycznych o zwiększonej skuteczności dla biokatalizy tandemowej w warunkach wielu stresów; 2021/43/D/ST4/00699; 2022-06-27 - 2025-06-26; Dibyendu Mondal;
1 574 614,00 PLN

NCN; SONATA; Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu; w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych; 2016/21/D/NZ8/01300; 2017-03-03; 2022-03-02; Katarzyna Barbara Czyż;
493 800,00 PLN

NCN; SONATA; Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie; 2016/23/D/NZ9/00043; 2017-08-10 - 2022-02-09; Krzysztof Mikołajczak;
621 140,00 PLN

NCN; SONATA; Czynn timeranskrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związek z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.); 2016/23/D/NZ9/00042; 2017-08-10 - 2022-02-09; Piotr Ogrodowicz;
435 150,00 PLN

NCN; POLS; Immunogenność otrzymywanych w roślinach chimerycznych cząstek wirusopodobnych formowanych przez HBcAg prezentujący epitopy HBsAg do potencjalnej terapii chronicznego zapalenia wątroby typu B.; 2020/37/K/NZ7/02387; 2021-09-15 - 2023-09-14; Benita Ortega Berlanga;
877 125,00 PLN

NCN; PRELUDIUM; Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*; 2018/29/N/NZ9/00854; 2019-01-02 - 2023-01-01; Karolina Sobańska;
140 000,00 PLN

NCN; PRELUDIUM; Zastosowanie techniki edycji genomu CRISPR/Cas9 w celu charakterystyki genów odporności na kiłę kapusty u *Arabidopsis thaliana*; 2019/33/N/NZ9/01048; 2020-03-16 - 2022-11-15; Juan Camilo Ochoa;
117 600,00 PLN

NCBR; BIOSTRATEG; HYBRE: Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej; BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017; 2017-08-21 - 2022-12-31; Paweł Bolesław Krajewski (Koordynator w IGR PAN), Stefan Malepszy, Stefan Stojalowski, Mirosław Tyrka, Michał Rokicki, Przemysław Matysik;
5 599 204,00 PLN

NAWA; Wymiana bilateralna polsko-indyjska; Development of CRISPR/Cas9 mediated genome editing in pea (*Pisum sativum* L.) for characterization of oligosaccharide pathway genes. PPN/BIN/2019/1/00142/U/00001; 2021-01-01 - 2023-12-31; Magdalena Gawłowska, Pankaj Kumar;
23 900,00 PLN

MRiRW; Postęp Biologiczny; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe; Zad. 14; 2021-2025; Anetta Kuczyńska;
279 600,00 PLN (2022 r.)

MRiRW; Postęp Biologiczny; Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łąkowej lub kostrzewy trzcinowej; Zad. 17; 2021-2026; Arkadiusz Kosmala; 250 000,00 PLN (2022 r.)

MRiRW; Postęp Biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; Zad. 18; 2021-2027; Michał Książkiewicz; 348 000,00 PLN (2022 r.)

MRiRW; Postęp Biologiczny; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny, przy zachowaniu niskiej zawartości w nasionach; Zad. 19; 2021 - 2027; Magdalena Kroc; 225 000,00 PLN (2022 r.)

MRiRW; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin; Zad. 21; 2021 - 2025; Małgorzata Jędrzycka; 184 800,00 PLN (2022 r.)

MRiRW; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. 25; 2021 - 2026; Małgorzata Jędrzycka; 300 000,00 PLN (2022 r.)

ARiMR, PROW „Współpraca” Umowa 00044.DDD.650900.114.2019.02; Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe; 2022-2024; Małgorzata Jędrzycka; 269 925,17 PLN

WYKAZ PUBLIKACJI

Artykuły w czasopismach naukowych

Lp.	Autorzy - Tytuł	Punkty MEiN	Impact Factor
1.	Mruthunjayappa M.H., Kotrappanavar N.S., Mondal D. (2022). New prospects on solvothermal carbonisation assisted by organic solvents, ionic liquids and eutectic mixtures-A critical review. <i>Progress in Materials Science</i> 126: 100932, 10.1016/j.pmatsci.2022.100932	200	48,165
2.	Hall R.D., D'Auria J.C., Ferreira A.C.S., Gibon Y., Kruszka D. , Mishra P., van de Zedde R. (2022). High-throughput plant phenotyping: a role for metabolomics? <i>Trends in Plant Science</i> 27, 6: 549-563, 10.1016/j.tplants.2022.02.001	200	22,012
3.	You Y., Koczyk G. , Nuc M. , Morbitzer R., Holmes D.R., von Roepenack-Lahaye E., Hou S., Giudicatti A., Gris C., Manavella P.A., Noël L.D., Krajewski P. , Lahaye T. (2022). The eINTACT system dissects bacterial exploitation of plant osmosignalling to enhance virulence. <i>Nat Plants</i> . 2022; 10.1038/s41477-022-01302-y [online 2022, Dec 22]	200	17,352
4.	Mruthunjayappa M.H., Kotrappanavar N.S., Mondal D. (2022). Bioinspired engineering protein nanofibrils-based multilayered self-cleaning membranes for universal water purification. <i>Journal of Hazardous Materials</i> 424: 127561, 10.1016/j.jhazmat.2021.127561	200	14,224
5.	Puttaswamy R., Mondal C., Mondal D. , Ghosh D. (2022). An account on the deep eutectic solvents-based electrolytes for rechargeable batteries and supercapacitors. <i>Sustainable Materials and Technologies</i> 33: e00477. 10.1016/j.susmat.2022.e00477	200	10,681
6.	Plewiński P. , Rychel-Bielska S. , Kozak B., Maureira-Butler I.J., Iqbal M.M., Nelson M.N., Książkiewicz M. (2022) <i>FLOWERING LOCUS T</i> indel variants confer vernalization-independent and photoperiod-insensitive flowering of yellow lupin (<i>Lupinus luteus</i> L.). <i>Horticulture Research</i> 9: uhac180. DOI 10.1093/hr/uhac180	200	7,291
7.	Pradeep M. , Franklin G. (2022). Understanding the hypericin biosynthesis via reversible inhibition of dark gland development in <i>Hypericum perforatum</i> L. <i>Industrial Crops and Products</i> 182: 114876, 10.1016/j.indcrop.2022.114876	200	6,449

8.	Kruszka D., Selvakesavan R.K, Kachlicki P., Franklin G. (2022). Untargeted metabolomics analysis reveals the elicitation of important secondary metabolites upon treatment with various metal and metal oxide nanoparticles in <i>Hypericum perforatum</i> L. cell suspension culture. Industrial Crops And Products 178: (616–617): 114561, 10.1016/j.indcrop.2022.114561	200	6,449
9.	Kamath S.V., Mruthunjayappa M.H., Mondal D. , Kotrappanavar N.S. (2022). Nanocomposite-based high-performance adsorptive water filters: recent advances, limitations, nanotoxicity and environmental implications. Environmental Science-Nano 9, 7, 10.1039/d2en00155a	140	9,473
10.	Kamrani Y.Y., Shomali A., Aliniaiefard S., Lastochkina O., Moosavi-Nezhad M., Hajinajaf N., Talar U. (2022). Regulatory Role of Circadian Clocks on ABA Production and Signaling, Stomatal Responses, and Water-Use Efficiency under Water-Deficit Conditions. Cells 11, 7: 1154, 10.3390/cells11071154	140	7,666
11.	Piasecka A., Sawikowska A., Witaszak N. , Waskiewicz A., Kanczorzewska M., Kaczmarek J., Lalak-Kanczugowska J. (2022). Metabolomic Aspects of Conservative and Resistance-Related Elements of Response to <i>Fusarium culmorum</i> in the Grass Family. Cells 11, 20: 3213, 10.3390/cells11203213	140	7,666
12.	Perlikowski D. , Skiryecz A., Marczak Ł., Lechowicz K., Augustyniak A. , Michäelis A., Kosmala A. (2022). Metabolism of crown tissue is crucial for drought tolerance and recovery after stress cessation in <i>Lolium/Festuca</i> forage grasses. Journal of Experimental Botany erac398, DOI: 10.1093/jxb/erac398	140	7.378
13.	Czyż K.B. , Taylor C.M., Kawalilo M., Koczyk G. (2022). Gain or Loss? Evidence for Legume Predisposition to Symbiotic Interactions with Rhizobia via Loss of Pathogen-Resistance-Related Gene Families. International Journal of Molecular Sciences 23(24): 16003. https://doi.org/10.3390/ijms232416003	140	6,208
14.	Mokrzycka M. , Stojalowski S., Tyrka M., Matysik P., Żmijewska B., Marcinkowski R., Woźna-Pawlak U., Martofel R., Rokicki M., Rakoczy-Trojanowska M., Krajewski P. (2022). Genome-Wide Association Analysis for Hybrid Breeding in Wheat. Int. J. Mol. Sci. 2022, 23, 15321, 10.3390/ijms232315321	140	6,208
15.	Bryła M., Stepniewska S., Modrzewska M., Waskiewicz A., Podolska G., Ksieniewicz-Wozniak E., Yoshinari T., Stępień	140	5,895

	Ł., Urbaniak M. , Roszko M., Gwiazdowski R., Kanabus J., Pierzgałski A. (2022). Dynamics of Deoxynivalenol and Nivalenol Glucosylation in Wheat Cultivars Infected with <i>Fusarium culmorum</i> in Field Conditions-A 3 Year Study (2018-2020). Journal of Agricultural and Food Chemistry 70, 14: 4291-4302, 10.1021/acs.jafc.2c00314		
16.	Perlikowski D., Lechowicz K., Pawłowicz I. , Arasimowicz-Jelonek M., Kosmala A. (2022). Scavenging of nitric oxide up-regulates photosynthesis under drought in <i>Festuca arundinacea</i> and <i>F. glaucescens</i> but reduces their drought tolerance. Scientific Reports 12, 1: 6500, 10.1038/s41598-022-10299-5	140	4,997
17.	Ksiazkiewicz M., Rychel-Bielska S., Plewinski P., Bielski W., Nuc M. , Kozak B., Krajewski P., Jedryczka M. (2022). A successful defense of the narrow-leaved lupin against anthracnose involves quick and orchestrated reprogramming of oxidation-reduction, photosynthesis and pathogenesis-related genes. Scientific Reports 12, 1: 8164, 10.1038/s41598-022-12257-7	140	4,997
18.	Ortega-Berlanga B., Pniewski T. (2022). Plant-Based Vaccines in Combat against Coronavirus Diseases. Vaccines 10, 2: 138, 10.3390/vaccines10020138	140	4,961
19.	Perlikowski D., Lechowicz K. , Skirycz A., Michaelis A., Pawłowicz I., Kosmala A. (2022). The Role of Triacylglycerol in the Protection of Cells against Lipotoxicity under Drought in <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> Introgression Forms. Plant And Cell Physiology 63, 3: 353-368, 10.1093/pcp/pcac003	140	4,937
20.	Modrzewska M., Błaszczak L., Stępień Ł., Urbaniak M. , Waśkiewicz A., Yoshinari T., Bryła M. <i>Trichoderma</i> versus <i>Fusarium</i> – inhibition of pathogen growth and mycotoxins synthesis. Molecules. 27(23): 8146. DOI: 10.3390/molecules27238146.	140	4,927
21.	Mikolajczak K., Kuczynska A., Ogrodowicz P., Kielbowicz-Matuk A., Cwiek-Kupczynska H. , Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., Krajewski P. (2022). High-throughput sequencing data revealed genotype-specific changes evoked by heat stress in crown tissue of barley <i>sdw1</i> near-isogenic lines. BMC Genomics 23, 1: 177, 10.1186/s12864-022-08410-1	140	4,558
22.	Shet S.M., Bharadwaj P., Bisht M. , Pereira M.M., Thayallath S.K., Lokesh V., Franklin G. , Kotrappanavar N.S., Mondal D. (2022). Presenting B-DNA as macromolecular crowding agent to improve efficacy of cytochrome c under various stresses. International journal of biological macromolecules	100	8,025

	215: 184-191, 10.1016/j.ijbiomac.2022.06.093		
23.	Korchanova Z., Svec M., Janakova E., Lampar A., Majka M. , Holusova K., Bonchev G., Juracka J., Capal P., Valarik M. (2022). Identification, High-Density Mapping, and Characterization of New Major Powdery Mildew Resistance Loci From the Emmer Wheat Landrace GZ1. <i>Frontiers in Plant Science</i> 13, 10.3389/fpls.2022.897697	100	6,627
24.	Kopecky D., Scholten O., Majka J. , Burger-Meijer K., Duchoslav M., Bartos J. (2022). Genome Dominance in <i>Allium</i> Hybrids (<i>A. cepa</i> × <i>A. roylei</i>). <i>Frontiers in Plant Science</i> 13: 854127, 10.3389/fpls.2022.854127	100	6,627
25.	Kielbowicz-Matuk A., Gradzka K., Bieganska M., Talar U. , Czarnecka J., Rorat T. (2022). The StBBX24 protein affects the floral induction and mediates salt tolerance in <i>Solanum tuberosum</i> . <i>Frontiers In Plant Science</i> 13:965098. 10.3389/fpls.2022.965098	100	6,627
26.	Bukowska-Olech E., Sowinska-Seidler A., Larysz D., Gawlinski P., Koczyk G. , Popiel D., Gurba-Bryskiewicz L., Materna-Kiryluk A., Adamek Z., Szczepankiewicz A., Dominiak P., Glista F., Matuszewska K., Jamsheer A. (2022). Results from Genetic Studies in Patients Affected with Craniosynostosis: Clinical and Molecular Aspects. <i>Frontiers in Molecular Biosciences</i> 9: 865494, 10.3389/fmolb.2022.865494	100	6,113
27.	Frac M., Hannula E.S., Belka M., Salles J. F., Jędrzycka M. (2022). Soil mycobiome in sustainable agriculture. <i>Frontiers in Microbiology</i> 13,10.3389/fmicb.2022.1033824	100	6,064
28.	Waskiewicz A., Muzolf-Panek M., Stepien L. , Czembor E., Uwineza P.A., Gornas P., Bryla M. (2022). Variation in Tocochromanols Level and Mycotoxins Content in Sweet Maize Cultivars after Inoculation with <i>Fusarium verticillioides</i> and <i>F. proliferatum</i> . <i>Foods</i> 11, 18: 2781, 10.3390/foods11182781	100	5,561
29.	Uwineza P.A., Urbaniak M. , Bryla M., Stepien L. , Modrzewska M., Waskiewicz A. (2022). In Vitro Effects of Lemon Balm Extracts in Reducing the Growth and Mycotoxins Biosynthesis of <i>Fusarium culmorum</i> and <i>F. proliferatum</i> . <i>Toxins</i> 14, 5: 355, 10.3390/toxins14050355	100	5,075
30.	Mishra A., Shaik H.A., Sinha R.K. , Shah B.R. (2022). Andrographolide: A Herbal-Chemosynthetic Approach for Enhancing Immunity, Combating Viral Infections, and Its Implication on Human Health. <i>Molecules</i> 26, 22: 7036, 10.3390/molecules26227036	100	4,927

31.	Mohammed M.A., Hamed M.A., El-Gengaihi S.E., Enein A.M.A., Kachlicki P. , Hassan E.M. (2022). Profiling of secondary metabolites and DNA typing of three different <i>Annona</i> cultivars grown in Egypt. <i>Metabolomics</i> 18, 7: 49, 10.1007/s11306-022-01911-w	100	4,747
32.	Frac M., Kaczmarek J. , Jedryczka M. (2022). Metabolic Capacity Differentiates <i>Plenodomus lingam</i> from <i>P. biglobosus</i> Subclade 'brassicae', the Causal Agents of Phoma Leaf Spotting and Stem Canker of Oilseed Rape (<i>Brassica napus</i>) in Agricultural Ecosystems. <i>Pathogens</i> 11, 1: 50, 10.3390/pathogens11010050	100	4,531
33.	Zamani-Noor N., Wallenhammar A-Ch., Kaczmarek J. , Patar U.R., Zouhar M., Manasova M., Jędryczka M. (2022). Pathotype Characterization of <i>Plasmodiophora brassicae</i> , the Cause of Clubroot in Central Europe and Sweden (2016–2020). <i>Pathogens</i> 11(12): 1440, 10.3390/pathogens11121440	100	4,531
34.	Mohammed M.A., Attia H.N., El-Gengaihi S.E., Maklad Y.A., Ahmed K.A., Kachlicki P. (2022). Comprehensive metabolomic, lipidomic and pathological profiles of baobab (<i>Adansonia digitata</i>) fruit pulp extracts in diabetic rats. <i>Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis</i> 201:114139, 10.1016/j.jpba.2021.114139	100	3,571
35.	Szala L., Kaczmarek Z. , Matuszczak M., Cegielska-Taras T. (2022). Genetic Variability in a Population of Oilseed Rape DH Lines Developed from F-1 Hybrids of a Cross between Black- and Yellow-Seeded DH Lines. II. Seed Quality. <i>Agriculture-Basel</i> 12, 3: 340, 10.3390/agriculture12030340	100	3,408
36.	Czembor E., Kaczmarek Z. , Pilarczyk W., Mankowski D., Czembor J.H. (2022). Simulating Spring Barley Yield under Moderate Input Management System in Poland. <i>Agriculture-Basel</i> 12, 8: 1091, 10.3390/agriculture12081091	100	3,408
37.	Gawlowska M. , Lahuta L., Boros L., Sawikowska A., Kumar P. , Knopkiewicz M., Kaczmarek Z. , Swiecicki W. (2022). Validation of Molecular Markers Significant for Flowering Time, Plant Lodging, Stem Geometry Properties, and Raffinose Family Oligosaccharides in Pea (<i>Pisum sativum</i> L.). <i>Agriculture-Basel</i> 12, 8: 1125, 10.3390/agriculture12081125	100	3,408
38.	Boller B., Schneider M.K., Zhao C., Bartos J., Majka J. , Kopecky D. (2022). <i>Festuca apennina</i> × <i>F. pratensis</i> triploid hybrids exceed their parents in adaptation to broad-environmental conditions. <i>Alpine Botany</i> 10.1007/s00035-022-00290-1	100	2,742

39.	Szwarc J., Niemann J., Kaczmarek J. , Bocianowski J., Weigt D. (2022). Genetic Relationship of Brassicaceae Hybrids with Various Resistance to Blackleg Is Disclosed by the Use of Molecular Markers. Current Issues In Molecular Biology 44, 9: 4290-4302, 10.3390/cimb44090295	70	2,976
40.	Singh D., Blicharz S. , Stefanowicz K. , Ragni L., Michalak K., Bagniewska-Zadworna A., Malinowski R. (2022) Combining Clearing and Fluorescence Microscopy for Visualising Changes in Gene Expression and Physiological Responses to <i>Plasmodiophora brassicae</i> . Journal of Visualized Experiments 186, e64297; 10.3791/64297	70	1,424
41.	Jędrzycka M. , Żuraw B., Zagórski P., Rodzik J., Mędrek K., Pidek I.A., Haratym W., Kaczmarek J. , Sadyś M. (2022). The origin of pine pollen grains captured from air at Calypsobyen, Svalbard. Polish Polar Research, 10.24425/ppr.2022.143312	70	0,9
42.	Szwarc J., Niemann J., Kaczmarek J. , Majka J. , Bocianowski J. (2022). Novel <i>Brassica</i> hybrids with different resistance to <i>Leptosphaeria maculans</i> reveal unbalanced rDNA signal patterns. Open Life Sciences 17, 1, 10.1515/biol-2022-0032	40	1,311
43.	Badr A.N., Stepien L. , Drzewiecka K., Alharthi S.S., Selim K., Abdel-Razek A.G. (2022). Synergistic Impact of Bioactive Byproduct Extract Leads to Anti-Fusarium and Anti-Mycotoxin Secretion. Journal of Fungi 8, 1: 30, 10.3390/jof8010030	20	5,724
44.	Rocchetti L., Gioia T., Logozzo G., Brezeanu C., Guasch Pereira L., De la Rosa L., Marzario S., Pieri A., Fernie A. R., Alseekh S., Susek K. , Cook D. R., Varshney R. K., Kumar Agrawal S., Hamwieh A., Bitocchi E., Papa R. (2022). Towards the Development, Maintenance and Standardized Phenotypic Characterization of Single-Seed-Descent Genetic Resources for Chickpea. Current Protocols 2, 10.1002/cpz1.371	20	1,74
45.	Kroc M. , Tomaszewska M. , Czepiel K. , Neji M. , Susek K. (2022). A new dimension of lupin genetic resources conservation and management: perspective from the INCREASE project. Legume Perspectives, 22: 23-25.	-	-

KONSORCJA I SIECI

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

Konsorcjum: Narodowy Instytut Leków (lider) – Instytut Parazytologii PAN – IGR PAN; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS18 "Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym pasożytem; 2019/35/B/NZ6/04002, **T. Pniewski, M. Przewoźnik, H. Pudelska**

Konsorcjum: IGR PAN (lider) – Instytut Parazytologii PAN – Narodowy Instytut Leków; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS19 "Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb"; 2020/37/B/NZ6/02334; **T. Pniewski, H. Pudelska**

Konsorcjum: IGR PAN (lider) – UP Poznań – UAM, Wydział Chemii; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS21 "Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*); 2021/41/B/NZ9/04123; **J. Ceraży-Waliszewska, T. Pniewski, K. Sobańska, H. Pudelska, M. Paczkowska**

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu INCREASE „Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems”; jednostki tworzące: Università Politecnica Delle Marche, Włochy (koordynator); Leibniz - Institut Fuer Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Niemcy; Max-Planck-Gesellschaft Zur Forderung Der Wissenschaften Ev, Niemcy; Instytut Genetyki Roslin Polskiej Akademii Nauk, Polska; Università Degli Studi Della Basilicata, Włochy; Kmetijski Institut Slovenije - Agricultural Institute Of Slovenia, Słowenia; Eurice European Research and Project Office GmbH, Niemcy; Consiglio Per La Ricerca In Agricoltura E L'analisi Dell'economia Agraria, Włochy; International Centre For Agricultural Research In The Dry Areas, Liban; Servicio Regional De Investigacion Y Desarrollo Agroalimentario Del Principado De Asturias, Hiszpania; Institut National De La Recherche Agronomique, Francja; Centre National De La Recherche Scientifique CNRS, Francja; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin - Państwowy Instytut Badawczy, Polska; Statiunea De Cercetare Dezvoltare Pentru Legumicultura Bacau, Rumunia; Suceava Genebank, Rumunia; Instituto Nacional De Investigacion Y Tecnologia Agraria Y Alimentaria OA MP, Hiszpania; Universidade Catolica Portuguesa, Portugalia; Terres Inovia, Francja; Isea Srl, Włochy; Dcs-Fuerth, Germany; Comunita' Del Mais Spinato Di Gandino, Włochy; Food And Agriculture Organization Of The United Nations FAO, Włochy; Federal Research Center The N.I. Vavilov All-Russian Institute Of Plant Genetic Resources, Rosja; Universidad Nacional De La Plata, Argentyna; University Of Saskatchewan, Kanada; The Regents Of The University Of California, USA; International Crops Research Institute For The Semi-Arid Tropics, Indie; North Dakota State University, USA; **K. Susek, M. Kroc, M. Neji, M. Tomaszewska, K. Czepiel.**

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu NAWA „Przystosowanie metody modyfikowania genomu CRISPR/Cas9 u grochu (*Pisum sativum* L.) dla charakterystyki

genów szlaku biosyntezy oligosacharydów”; jednostki tworzące: National Agri-Food Biotechnology Institute NABI, Mohali, Indie; Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań; **M. Gawłowska, P. Kumar.**

Sieć naukowo-technologiczna w ramach Akcji COST „EPI-CATCH - EPIgenetic mechanisms of Crop Adaptation To Climate cHange, EU CA19125; jednostki tworzące: University of Florence, Włochy (Koordynacja); Fan S. Noli University, Albania ; Agriculture University of Tirana, Albania; University of Sarajevo, Bośnia i Hercegowina; Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Plant Physiology and Genetics, Bułgaria; Cyprus University of Technology, Cypr; Mendel University, Czechy; Institute of Experimental Botany ASCR, Czechy; University of Life Sciences, Estonia; Tallinn University of Technology , Estonia; Université Caen Normandie, Francja; Université Orléans, Francja; Goethe University Frankfurt, Niemcy; Technical University of Munich, Niemcy; FORTH, Grecja; Agricultural University of Athens, Grecja; University of Debrecen, Węgry; National University of Ireland, Irlandia; Agricultural Research Organization ARO - Volcani Center, Izrael; National Center for Mariculture Israel Oceanographic & Limnological, National Center for Mariculture Research, Izrael; Consiglio Nazionale delle Ricerche – CNR, Włochy; Lithuanian Research Centre for Agriculture and Forestry, Litwa; Luxembourg Institute of Science and Technology, Luxemburg; G.F. Abela Junior College, Malta; The Institute of Genetics, Physiology and Plant Protection, Mołdawia; "Alexandru Ciubotaru" National Botanical Garden (Institute), Mołdawia; University of Montenegro, Czarnogóra; NIBIO, Norwegia; Institute of Agrophysics Polish Academy of Sciences, Polska; Institute of Plant Genetics Polish Academy of Sciences, Polska; University of Aveiro, Portugalia; Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier (ITQB NOVA), Portugalia; University of Novi Sad, Serbia; Institute of Field and Vegetable Crops, Serbia; Institute of Plant Genetics and Biotechnology, Plant Science and Biodiversity Center, Slovak Academy of Sciences, Słowacja; Slovenian Forestry Institute, Słowenia; University of Malaga; Biological Research Center (CIB), Hiszpania; Swedish University of Agricultural Sciences, Szwecja; Université de Neuchâtel, Szwajcaria; University of Zürich, Szwajcaria; Şırnak University, Turcja; University of Glasgow, Wielka Brytania; **K. Susek, M. Kroc.**

Konsorcjum BELIS w ramach programu Horyzont Europa Unii Europejskiej, składające się z m. in. z prywatnych i publicznych firm hodowlanych i instytucji naukowych, z interdyscyplinarnym doświadczeniem (genetyka, hodowla, agronomia, ekonomia i edukacja) w zakresie 14 gatunków strączkowych roślin uprawnych; powołane w celu wdrożenia wyników prac badawczo-rozwojowych do hodowli roślin strączkowych w Europie. Projekt zakwalifikowany do finansowania. Jednostki tworzące konsorcjum: Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) FR, Eidgenössisches Departement für Wirtschaft, Bildung und Forschung (WBF-Agroscope) CH, Eigen Vermogen Van Het Instituut voor Landbouw- en Visserijonderzoek (EV-ILVO) BE, Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria (CREA) IT, Agencia Estatal Consejo Superior Investigaciones Científicas (CSIC) ES, Tsentar Po Rastitelna Sistemna Biologiya I Biotehnologiya (CPSBB) BG, Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA) ES, Fachhochschule Südwestfalen (FH-SWF) DE, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA) LB, Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences (GEVES) FR, Mediterranean Agronomic Institute of Zaragoza / International Centre for Advanced Mediterranean Agronomic Studies (CIHEAM-IAMZ) ES, Terres Inovia (TI) FR, Stichting Louis Bolk Instituut (LBI) NL, Cerience (CER) FR,

Deutsche Saatveredelung Ag (DSV) DE, Eidgenoessische Technische Hochschule Zuerich (ETHZ) CH, Barenbrug France (BARENBRUG) FR, RAGT 2n (R2N) FR, DLF Seeds SAS (DLF) DK, Aarhus Universitet (AU) DK, Norges Miljø- og biovitenskaplige universitet (NMBU) NO, Institute for forage crops Krusevac LTD (IKBKS) RS, Agrovegetal S.A. (Agrovegetal) ES, Lietuvos Agrariniu Ir Misku Mokslu Centras (LAMMC) LT, Agri Obtentions SA (AO) FR, Sveuciliste U Zagrebu Agronomski Fakultet (UNIZG FAZ) HR, Universidade Nova de Lisboa (UNL) PT, Institut Za Ratarstvo I Povrtarstvo Institut Od Nacionalnog Znacaja Za Republiku Srbiju (IFVCNS) RS, Instytut Genetyki Roslin Polskiej Akademii Nauk (IPG-PAS) PL, Agritec Plant Research s.r.o. (Agritec) CZ, Société d'intérêt collectif agricole des sélectionneurs obtenteurs de variétés végétales (Sicasov) FR, Università Politecnica delle Marche (UNIVPM) IT, KWS SAAT SE & Co. KGaA (KWS) DE, Processors & Growers Research Organisation (PGRO) UK. **M. Książkiewicz**

Grupa operacyjna EPI powołana do realizacji projektu "Innowacyjna Rzodkiew"; jednostki tworzące: PN ROLNAS Sp. o.o., IHAR-PIB Oddz. w Bydgoszczy, IGR PAN, KPODR Minikowo, OZPBC Bydgoszcz, Gospodarstwa rolne Radzicz, Sokolniki, Wilcze Jary, Sadkowski Młyn; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek, W. Irzykowski.**

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Współautorstwo odmiany uprawnej

WTD8422, 15.12 2022. Zgłoszenie patentowe - nowa odmiana grochu o zwiększonej zawartości karotenoidów w nasionach (wykorzystanie genu *Orc*) zgłoszona do badań państwowych, **W. Święcicki** - współautor odmiany.

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka – Medal 100-lecia Towarzystwa Przyjaciół Nauki i Sztuki w Gdańsku, Gdańskiego Towarzystwa Naukowego, Gdańskiego Towarzystwa Przyjaciół Sztuki za zasługi dla nauki i kultury polskiej” Gdańsk, 21 października 2022 r.

Dr Sylwia Salamon – wyróżnienie propozycji projektowej iSECURE złożonej w ramach MSCA PF (HE) i nagrodzenie jej dodatkowym budżetem w wysokości 10 000 euro; Uniwersytet Boloński, wrzesień 2022.

Mgr Michał Kawalilo - wyróżnienie za najlepszą prezentację pt."From databases to compound producers - activity of polyketide macrolactone biosynthetic gene clusters in response to different stimuli in diverse ascomycetes" na Konferencji MycoRise Up! 2022 „Młodzi w mykologii” (Warszawa, 27-29 maja 2022).

Mgr Adrianna Czapiewska, zwyciężczyni konkursu na LOGO Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk.

Prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN - Dyplom Wiceprezesa Rady Ministrów, Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi Henryka Kowalczyka „w uznaniu zasług na rzecz rozwoju polskiej hodowli roślin", 11.10.2022 r.

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Tytuł naukowy profesora

-

Stopień naukowy doktora habilitowanego

Dr Danuta Babula-Skowrońska – stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 23 marca 2022 r. na podstawie osiągnięcia naukowego pt. „Poznanie nowych elementów sygnalizacji etylenowej i ABA, stanowiących efekt strukturalnej i funkcjonalnej dywergencji genów u roślin z rodzaju *Brassica*”.

Stopień naukowy doktora

Mgr Lakshmipriya Perincherry – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 23 marca 2022 r. na podstawie pracy pt. „The role of *Fusarium* mycotoxins and lytic enzymes in fusariosis of pea (*Pisum sativum* L.)”; promotor: Ł. Stępień

Mgr Juan Camilo Ochoa Cabezas – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 23 marca 2022 r. na podstawie pracy pt. „Elucidation of genetic factors determining resistance or susceptibility to clubroot disease through genome wide association study, transcriptome profiling and functional genetics in *Arabidopsis* natural accessions”; promotor: R. Malinowski

Mgr inż. Piotr Plewiński – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 11 lipca 2022 r. na podstawie pracy pt. „Genetyczne i molekularne podstawy cechy wczesności kwitnienia łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.)”; promotor: M. Książkiewicz, promotor pomocniczy: S. Rychel-Bielska

Mgr Pradeep Matam – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2022 r. na podstawie pracy pt. „Developing novel tools towards understanding the hypericin biosynthesis in *Hypericum perforatum* L.”; promotor: F. Gregory

Mgr Soham Mukhopadhyay – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2022 r. na podstawie pracy pt. „Evaluating modes of resistance to *Plasmodiophora brassicae* in *Arabidopsis thaliana*”; promotor: R. Malinowski, promotor pomocniczy W. Truman

Mgr farm. Dariusz M. Kruszka – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2022 r. na podstawie pracy pt. „Zmiany metabolomu *Arabidopsis thaliana* i *Hypericum perforatum* w odpowiedzi na oddziaływanie nanocząstek metali”; promotor: P. Kachlicki

Tytuł magistra

Estera Wojtkowiak, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, 28.11.2022; K. Sobańska.

Inżynieranci

-

Prace licencjackie

Martyna Zielińska, praca licencjacka, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 31.12.2022, A. Kasprzewska.

Olga Łojkuć, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, III r. studiów 1 stopnia, 13.07.2022, T. Pniewski.

Agata Górka, licencjat, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia III rok studiów 1 stopnia, 24.06.2022, A. Basińska-Barczak.

Julia Jankowska, licencjat, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia III rok studiów 1 stopnia, 15.09.2022, L. Błaszczuk.

Stażyści, praktykanci

Oskar Kamiński, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 01.07.-31.08.2022 r., A. Kielbowicz-Matuk.

Karina Tylkowska, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 01.07.-31.08.2022 r., A. Kielbowicz-Matuk.

Martyna Zielińska, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 01.07.-31.08.2022 r., A. Kielbowicz-Matuk.

Maria Kowalewska, praktyki studenckie, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, II r. studiów 2. stopnia, 01.07-31.08.2022, D. Babula-Skowrońska.

Bartłomiej Szeptycki, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia /III r. studiów 1. stopnia, 11.10.2021-10.05.2022 r., P. Ogrodowicz.

Olga Łojkuć, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, I r. studiów 2 stopnia, od 1.10.2022, T. Pniewski.

Gabriela Belniak, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biologia , I r. studiów 2. stopnia, od 1.10.2021, K. Sobańska, T. Pniewski.

Joanna Bernard, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, I r. studiów 2. stopnia, od 1.10.2021, T. Pniewski.

Emilia Mroczko, magistrantka, UW, Wydział Biologii, kierunek Genetyka i biologia eksperymentalna, I-II r. studiów 2. stopnia, od 1.10.2021, T. Pniewski.

Nicola Tomyślak, praktykantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, III r. 1 stopnia, 10.07-31.08.2022, K. Sobańska.

Julia Telus, praktykantka, UAM, Wydział Fizyki, kierunek Biofizyka, I r. 2 stopnia, 1.04. – 31.08.2022, K. Sobańska, D. Kruszka.

Mikołaj Grabowski, praktykant, PUT, Wydział Fizyki, kierunek Fizyka Techniczna, III r. 1 stopnia, 1.08-30.09.2022, K. Sobańska.

Zofia Sobkowiak, praktykantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biologia, II r. 1 stopnia, 01.07 -14.08.2022, J. Cerazy-Waliszewska.

Agata Klepacka, stażystka, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, II r. studiów 2 stopnia, 16.08–30.09.2022, T. Pniewski.

Aleksandra Grzegorzewska, stażystka, UP Poznań, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, II r. 2 stopnia, 1.08-30.09.2022, K. Sobańska.

Anna Dudziak, stażystka, UAM, Wydział Biologii, kierunek Biotechnologia, I r. 2 stopnia, 01.07-31.08.2022, J. Cerazy-Waliszewska.

Emilia Szczeszek - praktyka obowiązkowa, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 28.06.-26.07. 2022 r., M. Jędrzycka.

Sylwia Obrzazgiewicz - staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 4.07– 31.08. 2022 r., J. Kaczmarek.

Ibrahim Duman – stażysta z Turcji, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 4.07– 31.08. 2022 r., M. Jędrzycka.

Magda Grodoń - praktyka obowiązkowa, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 4-29.07.2022 r., J. Kaczmarek.

Oliwia Wieczorek - praktyka obowiązkowa, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 4-29.07.2022 r., J. Kaczmarek.

Jagoda Spirydowicz - praktyka obowiązkowa, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed w Gdańsku, , 22.08-16.09.2022 r., M. Jędrzycka.

Jędrzej Przybył, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, 01.07-31.07.2022 r., Ł. Stępień.

Maria Kwiatkowska, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 01.07-31.08.2022 r., Ł. Stępień.

Ofeliya Habibullayeva, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 01.07-31.08.2022 r., Ł. Stępień.

Katarzyna Szewczyk, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, 16.08-30.09.2022 r., Ł. Stępień.

Joanna Koszuta, praktyki studenckie, UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia II rok studiów 1 stopnia, 01.07.-30.09.2022, S. Salamon, L. Błaszczuk.

Wojciech Wysoczański, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia II rok studiów 2 stopnia, 1.07.22 – 31.08.2022, L. Błaszczuk.

Klaudia Gilka, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biologia, 01.07.-31.08.2022 r., M. Kroc.

Karolina Wleklík, staż w ramach projektu „UNIwersytet Jutra - zintegrowany program rozwoju Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu”, Wydział Biologii, Biologia, 4.07.-31.08.2022, S. Rychel-Bielska/M. Książkiewicz.

Natalia Dąbska, staż w ramach projektu „UNIWERSYTET JUTRA - zintegrowany program rozwoju Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu”, Wydział Biologii, Biologia, 4.07.-31.08.2022, W. Bielski.

Filip Strugliński, staż w ramach projektu „UNIWERSYTET JUTRA - zintegrowany program rozwoju Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu”, 4.07– 31.08. 2022 r., M. Jędrzycka; 21-29.07.2022, L. M. Kiirika, D. Mondal.

Barbara Wąsowicz, staż w ramach projektu „UNIWERSYTET JUTRA - zintegrowany program rozwoju Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu”, 08.07.2022-16. 08. 2022, L. Kiirika.

Zuzanna Tomaszewska, praktyki zawodowe, technikum, 1-31.03.2022, praktyki zawodowe, wolontariat, 5.07.-19.08.2022, M. Gawłowska.

Gabriela Bartoszewicz, praktyki zawodowe, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia, 4-29.07.2022, M. Gawłowska.

Marika Zemska - wolontariat, UP w Poznaniu, 22.08-16.09.2022, M. Jędrzycka.

Agata Salamon - wolontariat, UP w Poznaniu, 22.08-16.09.2022, M. Jędrzycka.

Zuzanna Tomaszewska – wolontariat, Technikum Chemiczne w Poznaniu, 5.07-19.08.2022, M. Jędrzycka, M. Gawłowska, J. Kaczmarek.

Avishak Barua – wolontariat, UP w Poznaniu, 29.11.2022-28.01.2023, D. Mondal.

KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW

MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE (MSD IGR PAN)

Stacjonarne Międzynarodowe Studia Doktoranckie IGR PAN – utworzone w 2018 roku

Kierownik MSD IGR PAN

- *prof. dr hab. Barbara Naganowska*

Sekretariat MSD IGR PAN

- *mgr inż. Magdalena Roth*

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez IGR PAN – **9** osób

Liczba uczestników pobierających stypendia doktoranckie – **8** (stypendium przyznane przez Dyrektora Instytutu (art. 285 ustawy z dn. 3.07.2018 Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)

Liczba doktorantów cudzoziemców – **2**

UCZESTNICTWO W POZNAŃSKIEJ SZKOLE DOKTORSKIEJ INSTYTUTÓW POLSKIEJ AKADEMII NAUK (PSD IPAN)

Działalność Szkoły – od początku roku akademickiego 2019/2020

Dyscyplina reprezentowana przez IGR PAN – rolnictwo i ogrodnictwo

Koordynator dyscypliny w IGR PAN

- *dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN*

Z-ca Kierownika PSD IPAN, z-ca koordynatora dyscypliny w IGR PAN

- *dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN*

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w IGR PAN – **8**

Liczba doktorantów pobierających stypendia – **8**

Liczba doktorantów cudzoziemców – **3**

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

Arkadiusz Kosmala:

Journal of Applied Genetics, członek rady redakcyjnej działu „Genetyka roślin” (od 2019)

Izabela Pawłowicz:

Journal of Applied Genetics, redaktor działu „Genetyka roślin” (od 2020)

Paweł Krajewski:

Journal of Applied Genetics; członek komitetu redakcyjnego „Genetyka roślin” (od 2011)

Anetta Kuczyńska:

Plants (MDPI) Topic Editor – Special Issue „From genome to phenome: a bridge to accelerate adaptation of crops to climate changes” (od 2020)

Krzysztof Mikołajczak:

Plants (MDPI) Topic Editor – Special Issue „From genome to phenome: a bridge to accelerate adaptation of crops to climate changes” (od 2020)

Tomasz Pniewski:

Frontiers in Plant Science, Review Editor on the Editorial Board of Plant Biotechnology, specialty section of Frontiers in Bioengineering and Biotechnology and Frontiers in Plant Science (od 2022)

Joanna Kaczmarek:

Acta Agrobotanica, redaktor działu „Genetyka” (od 2018)

Małgorzata Jędrzycka:

Zemdirbyste Agriculture, członek Editorial Board

Guest editor wydania specjalnego Pest Management Science pt.: „Integrated Control in Oilseed Crops”

Guest Associate Editor wydania specjalnego czasopisma Frontiers in Microbiology pt.: „Soil Fungal Biodiversity for Plant and Soil Health, Volume II”

Guest Editor wydania specjalnego czasopisma Pathogens pt.: „Epidemiology, pathogenicity and management strategies of *Plasmodiophora brassicae* 2.0”

Łukasz Stępień:

The Science of Nature, Associate Editor (czerwiec 2017)

Journal of Fungi, Guest Editor Specjalnego Numeru „Plant-pathogenic *Fusarium* species” (kwiecień 2021 - grudzień 2022)

Frontiers in Fungal Biology, Associate Editor (od marca 2021)

Lidia Błaszczuk:

Applied Sciences, Guest Editor of Special Issue „Plant Microbiome Responses to Environmental Changes” (1.10.2021 – 31.05.2022)

Sylwia Salamon:

Applied Sciences, Guest Editor of Special Issue „Plant Microbiome Responses to Environmental Changes” (1.10.2021 – 31.05.2022)

Karolina Susek:

Frontiers in Plant Science, Review Editor of Editorial Board (od 2017).

Wojciech Święcicki:

Genetic Resources and Crop Evolution (Springer, członek redakcji)

Franklin Gregory:

Scientifica, Editorial Board member (od 2013)

Plants, Editorial Board member (od 2019)

Frontiers in Chemical Biology (od 2022)

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

Arkadiusz Kosmala:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Oddział w Poznaniu, członek komisji rewizyjnej (2017-2022)

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek (2020-2023)

Komisja Biotechnologii, O/PAN w Poznaniu, członek (2019-2022)

The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR); członek Forages Working Group (<http://www.ecpgr.cgiar.org>) (od 2015)

Komisja ds. Rozwoju Kadry Naukowej IGR PAN, członek (2019-2022)

Rada Naukowa IHAR-PIB, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej (od 2021)

Komisja ds. oceny śródkresowej doktorantów Szkoły Doktorskiej przy UP w Poznaniu w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo, przewodniczący (2022)

Core Board of *Festulolium* Working Group within Eucarpia *Fodder Crops and Amenity Grasses* Section, członek (od 2019)

Komisji Ewaluacji Nauki ds. kategoryzacji jednostek naukowych, ekspert (2022)

NCN i NCBiR, ekspert

Izabela Pawłowicz:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Oddział w Poznaniu, skarbnik (od 2017)

Paweł Krajewski:

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek (od 2021)

EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding, Board Member (od 2012)

Anetta Kuczyńska:

Członek Komitetu Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu (od 2019)

Koordynator współpracy naukowej IGR PAN z Obwodem Charkowskim, Ukraina (od 2020)

Zastępca Koordynatora Dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (od 2021)

Zastępca Kierownika Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (od 2021)

Tomasz Pniewski:

Komitet Biotechnologii PAN, członek Sekcji Biotechnologii Roślin (od 2020)

Komisja Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN, członek (od 2019)

Małgorzata Jędrzycka:

Convenor of the Working Group on Integrated Control in Oilseed Crops International Organisation for Biological Control/West Palearctic Regional Section (od 2013)

Global Council of Innovation in Rapeseed and Canola (GCIRC)

Członek korespondent Polskiej Akademii Nauk (od 2022)

Rada Kuratorów Wydziału II Nauk Rolniczych i Leśnych (od 2020)

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, z-ca sekretarza Oddz. Poznańskiego (od 2000), członek Zarządu Głównego (od 2011), zastępca Przewodniczącego (od 2017)

Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek Zarządu Głównego (od 2013)

Rada Towarzystw Naukowych przy Prezydium Polskiej Akademii Nauk, powołanie przez Prezydium PAN na kadencję 2019-2022

Komisja COBORU ds. Rejestracji Odmian Roślin Oleistych i Włóknistych, kadencja 2017-2021 oraz na kadencję 2022-2025

Interesariusz na Wydziale Biologii i Biotechnologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Łukasz Stępień:

Rada Programowa Banku Patogenów Instytutu Ochrony Roślin PIB w Poznaniu (od maja 2019)

Komisja Rewizyjna Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego, przewodniczący (od 2017)

Udział w Zespole oceniającym w konkursie Oddziału PAN w Poznaniu na najlepsze publikacje naukowe zgłoszone przez doktorantów w zakresie Nauk biologicznych i rolniczych (kwiecień-maj 2022)

Ekspert NCN do oceny wniosków w Programie Miniatura 6 (luty-sierpień 2022)

Monika Urbaniak:

Zarząd Głównego Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, skarbnik (od grudnia 2020)

Lidia Błaszczuk:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Przewodnicząca Zarządu Oddziału Poznańskiego (od 2022)

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne Oddziału Poznańskiego, Członek Zarządu (od 2021)

Fundação para a Ciência e a Tecnologia, I.P. (FCT), członek panelu oceniającego „Rolnictwo, leśnictwo i rybołówstwo” w portugalskiej publicznej agencji finansującej projekty badawczo-rozwojowe (B + R) (od 2020)

Komitety Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, członek z wyboru (od 2019)

Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów PAN, koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo (od 2019)

Biuletyn Oddziału Polskiej Akademii nauk w Poznaniu, współredaktor (od 2019)

Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej, ekspert (od 2018)

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, Przewodnicząca Sekcji Mykologii i Mikotoksyn (od 2018)

Sylwia Salamon:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego (od 2022)

Katarzyna Mikołajczak:

Krajowa Reprezentacja Doktorantów i Rada Samorządu Doktorantów PAN w kadencji 2020–2022

Przedstawiciel doktorantów w RN IGR PAN

Samorząd Doktorantów MSD IGR PAN, Przewodnicząca (od 2018)

Wojciech Święcicki:

Kapituła Krajowej Nagrody Naukowej im. St. Barbackiego, przewodniczący

International Legume Society, członek honorowy

Rada Naukowa Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie, członek

Krajowe Zrzeszenie Producentów Rzepaku i Roślin Białkowych, członek honorowy

Rada ds. Ochrony zasobów Genowych Roślin Uprawnych, przewodniczący

Komisja Rolnictwa i Rozwoju Wsi Sejmu RP ds. wykorzystania krajowych surowców białkowych, doradca.

Karolina Susek:

Komisja ewaluacyjna do oceny doktorantów w Szkole Doktorskiej, Uniwersytet Śląski w Katowicach; doktorant mgr Serhii Mykhailyka, promotor prof. Robert Hasterok (od 2020)

Barbara Naganowska:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, wiceprezes Zarządu Głównego (do 06.2022)

Baza Ekspertów Narodowego Centrum Badań i Rozwoju, członek

Rada Naukowa Instytutu Genetyki Człowieka PAN, członek, kadencja 2019-2022

Robert Malinowski:

Komitet Biotechnologii Roślin PAN; członek Komitetu i przewodniczący sekcji roślinnej (od 2016)

Multinational Arabidopsis Steering Committee MASC; przedstawiciel Polski (od 2016)

DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

Zajęcia dydaktyczne**PSD IPAN / MSD IGR PAN, zajęcia dla doktorantów: „Functioning of plant genomes in relation to the environment – part I”:**

„Physiological response and adjustment of plant metabolism to survive environmental stress conditions”, 4 i 11 stycznia 2022, **A. Kosmala**, wykład 3 godz., zajęcia praktyczne 1 godz.

“Plant microbiome”, 20 stycznia i 1 lutego 2022, **L. Błaszczyk. S. Salamon**, wykład 3 godz., warsztaty 1 godz.

PSD IPAN / MSD IGR PAN, zajęcia dla doktorantów: „Functioning of plant genomes in relation to the environment – part II”:

„Plant resistance to biotic stresses”, 1 i 15 marca 2022, **M. Jędrzycka**, wykład 3 godz., zajęcia praktyczne 1 godz.

„Flexibility of *Fusarium*”, 29 marca i 12 kwietnia 2022, **Ł. Stępień**, wykład 3 godz., zajęcia praktyczne 1 godz.

„Plant phenomics”, 26 maja i 7 czerwca 2022, **A. Kuczyńska**, wykład 2 godz., ćwiczenia 2 godz.

„Plant partners and pathogens - next-generation sequencing and phylogenomics of eukaryotic microorganisms”, 10 i 24 maja 2022, **G. Koczyk**, wykład 3 godz., sesja Q&A 1 godz.

„Plant developmental responses to stress”, 21 i 28 czerwca 2022, **R. Malinowski**, wykład 3 godz., zajęcia praktyczne 1 godz.

PSD IPAN / MSD IGR PAN, zajęcia dla doktorantów: "Bio-nanotechnology in plant research and biotechnology - part I":

„Plant production and applications of Virus-Like Particles”, 18 i 25 października 2022, **T. Pniewski**, wykład, **K. Sobańska, M. Przewoźnik** - warsztaty; łącznie 4 godz.

„Synthesis and task-specific applications, 15 listopada 2022, **D. Mondal**, wykład 1 godz.

„Nanotechnology: scope and application in plants”, 29 listopada i 13 grudnia, **L. Kiirika**, wykład 3 godz., zajęcia praktyczne 1 godz.

Seminaria dla doktorantów IGR PAN "Plant genetics", cz. 7, 8 i 9, semestr letni 2021/2022 i zimowy 2022/2023; organizacja i prowadzenie – B. Naganowska, L. Błaszczuk.

Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, 8 czerwca 2022 r. - wykłady w formie prezentacji online. Organizator: A. Kosmala, Liczba uczestników: 20 osób, 8 godz. wykładów.

Wykładowcy:

„Interakcje patogenów Fusarium z ich roślinnymi gospodarzami”, **Ł. Stępień**, 1 godz.

„Mykobiom endosfery roślin uprawnych”, **S. Salamon**, 1 godz.

„Łubiny uprawiane w Polsce. Charakterystyka gatunków i specyfika związków antyżywnościowych gromadzonych w ich nasionach”, **M. Kroc**, 1 godz.

„Wysokoprzepustowe i nieinwazyjne fenotypowanie roślin”, **A. Kuczyńska**, 1 godz.

„Mechanizmy zimotrwałości”, **A. Kosmala**, 1 godz.

„Aerobiologia w teorii i praktyce”, **M. Jędryczka, J. Kaczmarek**, 1 godz.

„Genetyczne podłoże wczesności kwitnienia soi i łubinu”, **M. Książkiewicz**, 1 godz.

„Cząstki wirusopodobne otrzymywane w roślinach jako szczepionki oraz nośniki biofarmaceutyków i nanocząstek”, **T. Pniewski**, 1 godz.

Wyższa Szkoła Bankowa w Poznaniu, kierunek: Finanse i Rachunkowość; Matematyka w finansach, styczeń 2022, październik – grudzień 2022, **M. Mokrzycka**, ćwiczenia, 32 godz.

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, **M. Jędryczka**, zajęcia dla studentów II roku II stopnia kierunku Biologia, specjalność Bioanalitika:

„Aerobiologia: czystość mikrobiologiczna i chemiczna powietrza - metody analityczne”, 7 kwietnia 2022, 2 godz.

„Pros and cons of researchers life”, presentation and debate on „European Green Deal in the time of Russia's aggression on Ukraine”; zajęcia online wspólnie z Cholani Weebadee, Michigan State University, USA; 28 kwietnia 2022, 3 godz.

Politechnika Warszawska, Wydział Matematyki i Nauk Informacyjnych, kierunek: Matematyka, Warsztaty badawcze: Identyfikacja macierzy kowariancji, kwiecień – maj 2022, **M. Mokrzycka**, 25 godz.

Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, kierunek: Biotechnologia Medyczna, „Cząstki wirusopodobne otrzymywane w roślinach jako szczepionki oraz nośniki biofarmaceutyków i nanocząstek”, 15 czerwca 2022; **T. Pniewski** – wykład,

K. Sobańska, M. Przewoźnik - warsztaty; łącznie 4 godz.; organizator: P. Wieczorek (IOR-PIB).

Webinarium IGR PAN „Inoculum based plant disease forecasting” 28 października 2022. **M. Jędrzycka**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolniczy, kierunek Rolnictwo, „Decision support systems based on aerbiological methods - theory and practice”, 15 grudnia 2022, **M. Jędrzycka**; wykład, pokaz 3 filmów, ćwiczenia i test kontrolny z zakresu wykorzystania metod aerobiologicznych w ochronie roślin uprawnych przed chorobami, grupa polska i dwie grupy międzynarodowe ERASMUS+ oraz stażystka z Ukrainy (32 osoby), 5 godz.

Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych

4 marca 2022 r. Spotkanie online „**Podziel się fasolą! Eksperyment Nauki Obywatelskiej INCREASE**”; cel: przedstawienie szczegółów Eksperymentu Nauki Obywatelskiej INCREASE uczestnikom z Polski. Omówione zostały m.in. zagadnienia związane z ochroną agrobioróżnorodności oraz cele realizowane w projekcie INCREASE, a także obsługa aplikacji INCREASE CSA służącej do przesyłania danych fenotypowych fasoli w trakcie prowadzenia eksperymentu przez Naukowców/Obywateli. W spotkaniu uczestniczyli zaproszeni goście, którzy przybliżyli tematykę ochrony i przechowywania zasobów genowych w Polsce oraz opowiedzieli o swoich doświadczeniach z uczestnictwa w poprzedniej, pierwszej edycji eksperymentu Nauki Obywatelskiej INCREASE. **K. Susek, K. Czepiel.**

2022 r. Administracja profilu FB **INCREASE Nauka Obywatelska – Polska** oraz prowadzenie ogólnokrajowej akcji w celu rozpowszechnienia Eksperymentu Nauki Obywatelskiej w projekcie INCREASE. **K. Susek, K. Czepiel.**

24 marca 2022 r. Spotkanie z rolnikami; świetlica Wiejska w Gorzycach, gmina Czempin. Wykład pt. „GMO – szanse i zagrożenia dla sektora rolniczego oraz spożywczego”; **R. Malinowski.**

11 maja 2022 r. Organizacja cyklu wykładów dla firmy Innvigo Sp. z o.o. z zakresu współczesnej wiedzy na temat roślin strączkowych, IGR PAN, **M. Jędrzycka**; **M. Jędrzycka** - wykład „Choroby i szkodniki grochu”, **P. Kumar** wystąpienie ustne „The use of CRISPR Cas9 technique for the improvement of agricultural crops with focus on pulse crops.”; **M. Gawłowska**, wystąpienie ustne „Rośliny strączkowe w Polsce”; **M. Kroc** wystąpienie ustne „Substancje antyżywnościowe w roślinach strączkowych”. **J. Kaczmarek** - pokaz doświadczeń inokulacyjnych w warunkach kontrolowanych (Centrum Uprawy Roślin IGR PAN), szklarniowych i polowych.

16-17 maja 2022 r. Warsztaty naukowe dla dzieci z klasy 1B Szkoły Podstawowej nr 2 im. Jana Pawła II w Suchym Lesie oraz dla 6 latków z Przedszkola nr 142 w Poznaniu, IGR PAN; **S. Salamon.**

17 maja 2022 r. Warsztaty dla uczniów 1 klasy Szkoły Podstawowej nr 2 w Suchym Lesie; IGR PAN; **M. Urbaniak.** (Notka z warsztatów - Biuletyn Oddziału PAN w Poznaniu, 2/2022.)

4 czerwca 2022 r. Warsztaty dla dzieci „Kultury *in vitro* roślin” dla Centrum Kultury i Biblioteki Publicznej Gminy Suchy Las, IGR PAN; **J. Ceraży-Waliszewska.**

9 czerwca 2022 r. Udział w Dniach Pola PHR Tulce - Innvigo Sp. z o.o. , Nagradowice, **M. Jedryczka, J. Kaczmarek**; stoisko diagnostyczne chorób rzepaku i roślin bobowatych, 8 godz.

13 czerwca 2022 r. Spotkanie z uczniami klasy VIII Szkoły Podstawowej im. Bohaterów Westerplatte w Czempiniu; świetlica Wiejska w Gorzycach, gmina Czempień. Wykład pt. „Zintegrowana biologia roślin w dobie zmian klimatu oraz konfliktów międzynarodowych”. **R. Malinowski.**

22 czerwca 2022 r. Warsztaty naukowe „Mikrobiom roślin i jego znaczenie”, dla uczniów klasy 3 o profilu medycznym z V Liceum Ogólnokształcącego im. Klaudyny Potockiej w Poznaniu; IGR PAN; **L. Błaszczyk, S. Salamon.**

7 lipca 2022 r. Warsztaty naukowe wprowadzające w tematykę projektu NANOPLANT; przedstawienie wdrażanych projektów i infrastruktury badawczej; IGR PAN; **D. Mondal, L. Kiirika, M.A.R. Martins, M. Bisht.**

30 września 2022 r. Spotkanie z uczniami klasy VIII Szkoły Podstawowej im. Bohaterów Westerplatte w Czempiniu; świetlica Wiejska w Gorzycach, gmina Czempień. Wykład pt. „Tam sięgaj gdzie wzrok nie sięga, czyli jak obserwować rośliny”. **R. Malinowski.**

17 listopada 2022 r. PAS/CNR Horizon Europe Networking Event (online); prezentacja Zakładu Fenomiki Zboż w kontekście potencjalnej współpracy z włoskimi badaczami związanymi z CNR jako podstawa budowy konsorcjów naukowych, które mogłyby się ubiegać o finansowanie w konkursach programu ramowego Horyzont Europa; **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz.**

21 listopada 2022 r. Udział w II Forum Grup Operacyjnych w KPODR Minikowo, prezentacja wyników projektu „Innowacyjna Rzodkiew”, udział w debacie na temat współpracy nauki z otoczeniem gospodarczym w obecności przedstawicieli MRiRW oraz ARiMR; **M. Jedryczka.**

25 listopada 2022 r. Wizyta uczniów szkół średnich w Zakładzie Nanotechnologii Roślin; zapoznanie się z działalnością badawczą i zwiedzanie laboratorium; IGR PAN; **D. Mondal, L. Kiirika, M. Bisht.**

25 listopada 2022 r. Wykład popularyzatorski „Chromatografia i jej zastosowanie w praktyce” dla uczniów Zespołu Szkół Technicznych i Ogólnokształcących w Gorzowie Wielkopolskim oraz zwiedzanie Laboratorium Multiomiki; **K. Juszczyk**

25 listopada 2022 r. Wizyta uczniów klas 3 i 4 Zespołu Szkół Technicznych i Ogólnokształcących w Gorzowie Wielkopolskim w IGR PAN. Prezentacja z ramienia Zakładu Fizjologii Roślin dotycząca analizy parametrów fizjologicznych u traw w warunkach stresów abiotycznych oraz możliwości wykorzystania podstawowych technik biologii molekularnej w analizie DNA i białek; **D. Perlikowski, I. Pawłowicz, A. Kosmala.**

25 listopada 2022 r. Warsztaty dla uczniów Zespołu Szkół Technicznych i Ogólnokształcących z Gorzowa Wlkp. „Inżynieria genetyczna narzędziem biotechnologii roślin”, IGR PAN; **J. Ceraży-Waliszewska.**

Mapa zagrożenia rzepaku suchą zgnilizną kapustnych: <https://www.e-pole.pl/mapa-prognozowania-zagrozenia-sucha-zgnilizna>; regularne dostarczanie danych na temat monitorowania stężenia zarodników workowych grzybów *Plenodomus lingam* i *P. biglobosus* do firmy Corteva, podstawa do przygotowania i stałego uaktualniania mapy systemu SPEC w aplikacji e-pole.; **J. Kaczmarek.**

DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA

Journal of Applied Genetics – oficjalne wydawnictwo Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, kwartalnik w języku angielskim, od 2006 roku na liście czasopism wyróżnionych przez Journal Citation Reports. Od 2011 r. wydawcą jest Springer Verlag GmbH Berlin Heidelberg. Dostęp online: Wirtualna Biblioteka Nauki, kolekcja Springer <http://www.springer.com/life+sciences/journal/13353>. Aktualny IF₂₀₂₁=2.653; punkty MEiN 140.