



**Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk**



SPRAWOZDANIE

z działalności naukowo-badawczej
w 2025 roku

SPIS TREŚCI

INFORMACJE OGÓLNE O INSTYTUCIE	5
SAMODZIELNI PRACOWNICY NAUKOWI	5
RADA NAUKOWA.....	6
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE.....	8
STRUKTURA ZATRUDNIENIA	9
UPRAWNIENIA.....	10
KSZTAŁCENIE DOKTORANTÓW.....	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	18
Zakład Biometrii i Bioinformatyki.....	23
Zakład Fenomiki Zbóż	28
Zakład Biotechnologii Roślin	34
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin	39
Zakład Interakcji Roślina-Patogen	45
Zakład Mikrobiomiki Roślin.....	49
Zakład Genomiki Roślin Strączkowych	53
Zakład Struktury i Funkcji Genów.....	58
Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin.....	64
Zakład Biologii Roślin i Nanotechnologii.....	68
Zakład Nanotechnologii Roślin.....	72
Laboratorium Multiomiki.....	76
KONSORCJA I SIECI.....	79
WSPÓŁPRACA KRAJOWA	81
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ.....	87

WYMIANA OSOBOWA	91
KONFERENCJE, WARSZTATY, SEMINARIA – ORGANIZACJA I UDZIAŁ	93
LISTA PROJEKTÓW	98
WYKAZ PUBLIKACJI	102
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ	110
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	110
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ.....	110
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH	113
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH i in.	114
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA.....	117
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA	120

INFORMACJE OGÓLNE

Dyrektor	- prof. dr hab. Paweł Krajewski
Z-ca Dyrektora ds. naukowych	- prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
Z-ca Dyrektora ds. administracyjnych	- mgr Piotr Woźniak
Główny Księgowy	- 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. Paweł Krajewski

Prof. dr hab. Anetta Kuczyńska

Prof. dr hab. Robert Malinowski

Prof. dr hab. Tomasz Pniewski

Prof. dr hab. Łukasz Stępień

Dr hab. Danuta Babula-Skowrońska

Dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN

Dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

Dr hab. Katarzyna Głowacka

Dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk

Dr hab. Grzegorz Koczyk

Dr hab. Magdalena Kroc

Dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN

Dr hab. Krzysztof Mikołajczak, prof. IGR PAN

Dr hab. Piotr Ogrodowicz

Dr hab. Izabela Pawłowicz

Dr hab. Karolina Susek

RADA NAUKOWA

Prezydium Rady Naukowej:

Przewodnicząca – *Prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska, czł. koresp. PAN*

Zastępca Przewodniczącej – *Prof. dr hab. Małgorzata Mańka, czł. rzecz. PAN*

Zastępca Przewodniczącej – *Prof. dr hab. Tomasz Pniewski*

Sekretarz – *Dr Dariusz Kruszka*

Zastępca Sekretarza – *Dr Karolina Sobańska*

Przewodnicząca Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej – *Prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda*

Przewodniczący Komisji ds. Badań Naukowych – *Prof. dr hab. Cezary Mądrzak*

Przewodnicząca Komisji Dyscyplinarnej – *Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, czł. koresp. PAN*

Rzecznik Dyscyplinary – *Dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk*

Przewodnicząca Komisji Wnioskowej – *Prof. dr hab. Anetta Kuczyńska*

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

Prof. dr hab. Zbigniew W. Kundzewicz, czł. koresp. PAN

Prof. dr hab. Małgorzata Mańka, czł. rzecz. PAN

Prof. dr hab. Marian Saniewski, czł. rzecz. PAN

Prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska, czł. koresp. PAN

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

Prof. dr hab. Marek Świtoński, czł. rzecz. PAN

Prof. dr hab. Artur Zdunek, czł. koresp. PAN

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

Dr hab. Danuta Babula-Skowrońska

Dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR PAN

Dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN

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

Dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk

Dr hab. Grzegorz Koczyk

Prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

Prof. dr hab. Paweł Krajewski

Dr hab. Magdalena Kroc
Dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN
Prof. dr hab. Anetta Kuczyńska
Prof. dr hab. Robert Malinowski
Dr hab. Krzysztof Mikołajczak, prof. IGR PAN
Dr hab. Piotr Ogrodowicz
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. Magdalena Frąc, *czł. koresp. PAN* – Instytut Agrofizyki PAN, Lublin
Dr hab. Renata Galek, prof. UP – Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Dr hab. Maciej Grzesiak, prof. IFR PAN – Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego PAN, Kraków
Prof. dr hab. Robert Hasterok – Uniwersytet Śląski w Katowicach
Prof. dr hab. Cezary Mądrzak – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, prof. IOR-PIB, Instytut Ochrony Roślin-PIB, Poznań
Prof. dr hab. Wacław Orczyk – Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB, Radzików
Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska – Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
Prof. dr hab. Stefan Stojalowski – Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Prof. dr hab. Agnieszka Szalewska-Pałasz – Uniwersytet Gdański, Gdańsk
Prof. dr hab. Agnieszka Waśkiewicz – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Prof. dr hab. Krystyna Winiarczyk – Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
Prof. dr hab. Michał Witt, *czł. koresp. PAU* – Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań

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

Dr Karolina Sobańska

Dr Dariusz Kruszka

Dr Katarzyna Czepiel

Przedstawiciel doktorantów w Radzie Naukowej:

Mgr inż. Martyna Przewoźnik

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: prof. dr hab. Anetta Kuczyńska

5. Zakład Biotechnologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Tomasz Pniewski

6. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

kierownik: prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, 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: dr hab. Magdalena Kroc

10. Zakład Struktury i Funkcji Genów

kierownik: dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN

11. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

kierownik: prof. dr hab. Robert Malinowski

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: dr Katarzyna Juszczak

STRUKTURA ZATRUDNIENIA
(stan na 31 grudnia 2025 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów
Profesorowie i profesorowie IGR PAN	11	11
Adiunkci	29	28,125
Asystenci	4	4
Badawczo-techniczni	23	21,4
Inżynierijni z wyższym wykształceniem	10	9,25
Techniczni	4	4
Administracja	12	10,875
Robotnicy + obsługa	10	10
Razem	103	98,65

Liczba pracowników realizujących prace doktorskie – 2

Liczby kobiet i mężczyzn w grupach pracowniczych IGR PAN
(stan na 31 grudnia 2025)

Grupa stanowisk	Płeć			Płeć w %	
	K	M	Razem	K	M
Naukowe	22	22	44	50	50
Inżynierijno-techniczne	27	10	37	73	27
Administracja	9	3	12	75	25
Obsługa	5	5	10	50	50
Razem	63	40	103	61	39
Stanowiska naukowe:					
Profesor	2	5	7	29	71
Profesor instytutu	1	3	4	25	75
Adiunkt	17	12	29	59	41
Asystent	2	2	4	50	50

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia:

- doktora (w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo) - 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).

POZNAŃSKA SZKOŁA DOKTORSKA INSTYTUTÓW POLSKIEJ AKADEMII NAUK (PSD IPAN)

Działalność Szkoły – od początku roku akademickiego 2019/2020

Dyscyplina reprezentowana przez IGR PAN – **rolnictwo i ogrodnictwo**

Koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w IGR PAN

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

Z-ca Kierownika PSD IPAN, Z-ca koordynatora dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w IGR PAN

- *prof. dr hab. Anetta Kuczyńska*

(stan na 31 grudnia 2025)

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w IGR PAN – **15**

Liczba doktorantów pobierających stypendia doktorskie – **10**

Liczba doktorantów cudzoziemców – **6**

INFORMACJA FINANSOWA

I. Wykonanie planu finansowego za 2025 rok (w tys. zł).

		Plan	Wykonanie
I.	Przychody	23 750	23 514
1.	Subwencja	8 640	9 451
2.	Projekty badawcze	14 482	13 453
	Projekty finansowane ze środków zagranicznych	3 200	3 504
	MNiSW	12	355
	Projekty NCN	9 000	7 914
	Projekty i programy finansowane przez MRiRW	1 580	1 487
	Pozostałe projekty	620	54
	Projekty dotyczące podmiotów zewnętrznych	70	129
3.	Działalność gospodarcza	628	620
II	Koszty	24 100	23 441
1.	Amortyzacja	1 100	1 105
2.	Materiały	2 100	2 092
3.	Remonty	1 020	126
4.	Energia	1 300	1 338
5.	Pozostałe usługi	3 400	3 044
6.	Wynagrodzenia z pochodnymi	13 980	14 332
7.	Pozostałe koszty	1 200	1 404
III	Zysk/Strata	-350	73

II. Przychody z projektów w % subwencji	142,3
Fundusz płac w subwencji (zł) (brutto brutto)	
- w % subwencji	89,3
- w % przychodów ogółem	35,9
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% subwencji)	14,2

III. Rok 2025 to okres wojny pomiędzy Rosją a Ukrainą; to także ryzyko negatywnego wpływu na działalność Instytutu, poprzez ryzyko cięć budżetowych w zakresie nauki w Polsce.

IV. Pomimo zagrożeń opisanych w punkcie III Instytut Genetyki Roślin PAN zakłada w 2026 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie, przy założeniu spadku negatywnego wpływu działań wojennych na inflację w kraju i na świecie oraz na gospodarkę Europy i Polski. Wartość subwencji na 2026 rok zakłada się na poziomie około 8 651 tys. zł.

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2025 roku i nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

VII. Wielkość środków na rachunkach bankowych Instytutu wynosi na dzień 31.12.2025 r. – **20 759 159,29 PLN.**

VII. Wartość zakupu nowych środków trwałych w 2025 r. wyniosła 8 899 094,09 PLN, w tym zakup sprzętu do Laboratorium Multiomiki – 7 170 723,19 PLN.

IX. 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. Badania naukowe finansowane są przez NCN, KE oraz MNiSW i MRiRW. Jednostki te przekazują środki na badania w transzach, z góry, co zapobiega ryzyku braku środków na finansowanie badań.

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

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

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE

Prace opublikowane w 2025 roku:

– artykuły w czasopismach naukowych z listy MNiSW	56
– artykuły w innych czasopismach (w tym w czasopismach branżowych i popularno-naukowych)	6
– rozdziały w monografiach	1

PROJEKTY BADAWCZE

Finansowane przez:

– UE	7
– NCN	31
– MRiRW	6
– inne	1
Ogółem	45

KONFERENCJE I SPOTKANIA NAUKOWE

Konferencje, warsztaty i cykle seminariów/webinariów zorganizowane i współorganizowane przez Instytut:	11
Konferencje, w których wzięli udział pracownicy/doktoranci Instytutu:	29

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

Realizowano:	8 tematów w ramach umów międzynarodowych/konsorcjów 37 tematów w ramach współpracy bezumownej
Zrealizowano:	4 wizyty gości zagranicznych 9 wyjazdów krótkoterminowych 4 wyjazdy długoterminowe

SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ

ZAKŁAD REGULACJI EKSPRESJI GENÓW

Kierownik Zakładu **dr hab. Agnieszka Kiełbowicz-Matuk**
Skład Zakładu dr Anna Kasprzewska
 mgr inż. Magdalena Biegańska
 mgr Klaudia Grądzka (doktorantka, etat)

Opis profilu badawczego Zakładu

Badania Zakładu związane są z poznaniem biologicznej funkcji białek z domenami palców cynkowych typu B-box w procesach rozwojowych u ziemniaka uprawnego, w tym regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji w warunkach optymalnego wzrostu. Ponadto, badane są procesy molekularne odpowiedzialne za tuberyzację u gatunków ziemniaka różniących się zdolnością do produkcji bulw.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	2
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	2

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	-	-	2
NCBiR	-	-	-
MRIRW	-	-	1
Inny	-	-	-
Ogółem	0	0	3

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
-	-	-	-

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Wykorzystując technikę CHIP-seq i globalną analizę transkryptomu roślin *Solanum tuberosum* odm. Desirée z nadekspresją oraz wyciszoną ekspresją genu *StBBX20*, zidentyfikowano geny docelowe dla białka *StBBX20* (wcześniejsza nazwa *StBBX24*) specyficzne dla cyklu światło-ciemność i zaangażowane w proces kwitnienia i rozwoju kwiatów oraz indukcję tuberyzacji u uprawnego gatunku ziemniaka, takie jak *CONSTANS interacting protein 2a*, *StHY5*, *StRAPTOR1B*, *StSPL*, *StMADS47*, *StMADS153*, *StSOC1* i *StSUP*, *StBEL5*, *StPOTH1*, *StGA2ox1* i *StSP6A*.

Grądzka, K; Biegańska, M; Koczyk, G; Młodzińska, A; Pawłowicz, I; Kiełbowicz-Matuk, A (2025) CHIP-seq and transcriptomics reveal a new role of circadian-regulated *StBBX24* protein in potato reproduction. *BMC Plant Biology* 25: 1702.

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

Prace badawcze, finansowane w roku sprawozdawczym ze środków własnych IGR PAN, koncentrują się na poznaniu biologicznej funkcji białek, takich jak *StBBX4*, *StBBX20*, *StBBX22* i *StZPR1*, zaangażowanych w proces reprodukcji ziemniaka uprawnego.

Celem określenia funkcji białek *StBBX22* i *StBBX20* w procesach wzrostu i rozwoju ziemniaka uprawnego przeprowadzono identyfikację partnerów białkowych, z którymi oddziałują białka *StBBX22* i *StBBX20* przy zastosowaniu metody mikroskopii fluorescencyjnej FRET-FLIM. W tym celu, protoplasty mezofilu liściowego wyizolowane z 3-tygodniowych roślin *A. thaliana* Col-0, transformowano odpowiednio przygotowanymi wektorami. Analizę oddziaływań pomiędzy białkami *StBBX22* i *StBBX20*, a wybranymi potencjalnymi partnerami białkowymi, tj. *StSP6A*, *StSP3D*, *StFTL1*, *StBEL5*, *StHY5*, *StCOP1*, *StFHY3*, *StBBX26*, *StBBX24*, *StBBX28* i *St14-3-3* prowadzono przy wykorzystaniu mikroskopu konfokalnego Leica SP8, white laser, detektor HyDS. Badania wykazały, że oba białka *StBBX22* i *StBBX20* oddziałują z białkiem *StHY5* w jądrze komórkowym oraz z białkiem *StBBX24* (białko *StBBX24* jest ortologiem białka *BBX32u* *A. thaliana*, które pełni ważną rolę w integracji sygnałów świetlnych i okołodobowych w celu kontrolowania czasu kwitnienia, m. in. poprzez interakcję z białkiem *CONSTANS-LIKE 3* (*COL3/BBX4*), w celu regulacji ekspresji genu *FLOWERING LOCUS T* (*FT*). Dodatkowo wykazano, że białko *StBBX22* wchodzi w interakcję z białkiem *StSP6A*, będącym kluczowym regulatorem procesu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka.

Wcześniej badania prowadzone w Zakładzie wykazały przyspieszone kwitnienie roślin *S. tuberosum* odm. Desirée z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* w porównaniu do roślin typu dzikiego, podczas gdy rośliny z nadekspresją genu *StBBX20* w większości nie wytwarzały

pąków kwiatowych. W celu lepszego poznania funkcji białka StBBX20 w procesie reprodukcji ziemniaka uprawianego, przeprowadzono identyfikację genów docelowych, których ekspresja jest bezpośrednio regulowana przez białko StBBX20 na świetle i w ciemności przy użyciu metody CHIP-seq. W tym celu pofragmentowaną chromatynę wyizolowaną z liści roślin transgenicznych *S. tuberosum* z nadekspresją genu *StBBX20* w fuzji ze znacznikiem GFP rosnących na świetle i w ciemności, precypitowano z użyciem przeciwciała przeciwko białku GFP. Uzyskane fragmenty DNA wykorzystano do przygotowania bibliotek, które następnie poddano sekwencjonowaniu. Analiza bioinformatyczna pozwoliła na identyfikację rejonów w genomie ziemniaka, do których wiąże się białko StBBX20. Szczególną uwagę poświęcono miejscom wiązania zlokalizowanym w rejonach do 3 kb powyżej lub poniżej miejsca startu transkrypcji (TSS) w obrębie sekwencji genów determinujących czas kwitnienia i rozwój kwiatów, takich jak *CONSTANS interacting protein 2a*, *StSPL/SBP* (*SQUAMOSA Promoter-Binding Protein-Like*), *StRAPTOR1B* (*REGULATORY ASSOCIATED PROTEIN of TARGET OF RAPAMYCIN*), *StMADS47*, *StMADS153* i *StSUP*. Zwróciliśmy również uwagę na miejsca wiązania białka StBBX20 zlokalizowane w rejonach od 3 kb do ok. 8 kb powyżej lub poniżej TSS reprezentujące geny szlaku kwitnienia, tj. *StSPL3* (*SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN HOMOLOGUE 3*), *StSOC1* (*SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CONSTANS1*) i *StFPF1* (*FLOWERING PROMOTING FACTOR-LIKE 1*), dla których nie można wykluczyć roli białka StBBX20 jako dystalnego regulatora transkrypcji. Aby zweryfikować wpływ białka StBBX20 na aktywność wybranych genów docelowych, dla kilku z nich, tj. *CONSTANS interacting protein 2a*, *StSPL/SBP*, *StRAPTOR1B*, *StMADS47* i *StSUP* przeprowadzono analizę poziomu ekspresji u 3-tygodniowych roślin transgenicznych *S. tuberosum* z nadekspresją i wyłączoną ekspresją genu *StBBX20*. Zaobserwowano podwyższony poziom transkryptu genów *StMADS47* i *StRAPTOR1B* w roślinach z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* w porównaniu do roślin typu dzikiego (WT), podczas gdy poziom ekspresji genu *StSUP* był znacznie niższy u roślin z nadekspresją genu *StBBX20*. Natomiast, nie odnotowano istotnych zmian w poziomie ekspresji genów *StSPL/SBP* i *CONSTANS interacting protein 2a* pomiędzy liniami transgenicznymi z nadekspresją i wyłączoną ekspresją genu *StBBX20*, a roślinami dzikimi.

Wcześniejsze badania prowadzone w Zakładzie wykazały, że rośliny *S. tuberosum* z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* charakteryzowały się zwiększoną liczbą bulw w porównaniu do roślin typu dzikiego i linii z nadekspresją genu *StBBX20*. Aby poznać odpowiedź na pytanie, czy białko StBBX20 może być zaangażowane w proces indukcji tuberyzacji u ziemniaka uprawianego, przeprowadzono globalną analizę transkryptomu 3-tygodniowych stolonów na początkowym etapie tuberyzacji (kształt haczyka) roślin *S. tuberosum* z nadekspresją i wyłączoną ekspresją genu *StBBX20*. Zidentyfikowano 490 genów o znaczącej zmianie poziomu ekspresji u roślin z wyłączoną ekspresją genu *StBBX20* i 1236 genów o znaczącej zmianie poziomu ekspresji u roślin z nadekspresją genu *StBBX20*. Wśród zidentyfikowanych genów, wyselekcjonowano te, które są zaangażowane w proces indukcji tuberyzacji, takie jak *StBEL5*, *StPOTH1* i *StGA2ox1*, których poziom transkryptu był istotnie niższy u roślin z nadekspresją genu *StBBX20* w porównaniu do roślin typu dzikiego. Warto wspomnieć, że u linii z nadekspresją *StBBX20*, odnotowano również obniżenie poziomu transkryptu dwóch innych genów należących do rodziny czynników transkrypcyjnych BEL, tj. *StBEL1-related homeotic protein 5* i *StBEL14*, podczas gdy ekspresja genu *StGA2Ox4*, kodującego białko będące represorem tuberyzacji, była istotnie podwyższona.

W roku 2025 w Zakładzie Regulacji Ekspresji Genów prowadzono, również prace nad uzyskaniem mutantów typu knock-out dla genów *StBBX4* i *StBBX22* u *S. tuberosum* odm. Desirée przy użyciu techniki CRISPR-Cas9. Badania obejmowały: (1) przygotowanie konstruktów do edycji wybranych genów (wytypowanie gRNA dla sekwencji danego genu, amplifikacja wybranych gRNA przy użyciu specyficznych starterów, klonowanie do wektora pDIRECT_22C, potwierdzenie obecności sekwencji gRNA w wektorze, weryfikacja poprawności sekwencji gRNA i całego konstruktów za pomocą sekwencjonowania), (2) transformację roślin *S. tuberosum* przy użyciu bakterii *A. tumefaciens* LBA4404, (3) analizę molekularną uzyskanych linii transgeniczných (weryfikacja uzyskanych linii transgeniczných metodą PCR i sekwencjonowanie linii transgeniczných). Uzyskano 61 linii transgeniczných dla genu *StBBX22* i 63 linie transgeniczne dla genu *StBBX4*. Analiza uzyskanych linii transgeniczných pod kątem edycji w genie docelowym wykazała edycję w genie *StBBX22* u 10 linii transgeniczných, przy czym 5 linii: L4, L12, L35, L62, L68 to linie homozygotyczne z dużą delecją w genie *StBBX22*, a pozostałe 5 linii: L20, L28, L40, L47, L76 to przypuszczalne heterozygoty. Natomiast w przypadku genu *StBBX4* wybrano 8 linii transgeniczných: L11, L24, L34, L36, L45, L54, L79 i L91. Wyselekcjonowane linie są namnażane celem przeprowadzenia sekwencjonowania i dalszych analiz.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Kasprzewska, A; Basińska-Barczak, A (2025) Molecular mechanisms of dual potato reproduction. *Physiologia Plantarum* 177(4): e70451. DOI: 10.1111/ppl.70451. IF=3,6; MNiSW=100

Grądzka, K; Biegańska, M; Koczyk, G; Młodzińska, A; Pawłowicz, I; **Kiełbowicz-Matuk, A** (2025) CHIP-seq and transcriptomics reveal a new role of circadian-regulated *StBBX24* protein in potato reproduction. *BMC Plant Biology* 25: 1702. DOI: 10.1186/s12870-025-07811-0. IF=4,8; MNiSW=140

ZAKŁAD FIZJOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu	prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
Skład Zakładu	dr hab. Izabela Pawłowicz dr hab. Danuta Babula-Skowrońska dr Joanna Majka (urlop bezpłatny, staż) dr Dawid Perlikowski mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski (50% etatu) mgr Magdalena Taciak mgr Natalia Żyła (doktorantka, etat; od 16.12.2025 - doktor) mgr inż. Adrianna Czapiewska (doktorantka PSD IPAN) mgr Julia Górna (doktorantka PSD IPAN) mgr Magda Grodoń (doktorantka PSD IPAN od 13.10.2025)

Opis profilu badawczego Zakładu

Prace Zakładu dotyczą zrozumienia mechanizmów zimotrwałości, mrozoodporności i tolerancji suszy u traw kompleksu *Lolium-Festuca* oraz mechanizmów biorących udział w regulacji aktywności zduplikowanych genów w różnych procesach biologicznych u *Brassica napus*. Badania koncentrują się na (i) aktywności aparatu fotosyntetycznego i systemu antyoksydacyjnego, (ii) zmianach zachodzących w transkryptomie, proteomie, metabolomie pierwotnym i lipidomie różnych organów roślinnych oraz (iii) funkcji wybranych genów w odpowiedzi roślin na abiotyczne czynniki stresowe. Ponadto, badania obejmują analizę struktury i ewolucji genomów mieszańców *Lolium-Festuca* i gatunków z rodzaju *Brassica*.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	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 2025r.
	2025	2026	
UE	-	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	3	3	1
NCBiR	-	-	-

MRiRW	1	1	1
Inny	-	-	-
Ogółem	4	4	2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 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; 2026-07-01	I. Pawłowicz; A. Czapiewska, A. Kosmala, P. Kopeć (UAM), 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	D. Perlikowski; J. Górna, A. Kosmala, I. Pawłowicz, M. Rapacz (UR w Krakowie), W. Zwierzykowski	TAK
3.	NCN; OPUS 26; Określenie dynamiki zmian w sieciach białek oddziałujących z wybranymi izoformami fosfatazy białkowej BnaABI1 w warunkach stresu suszy i zasolenia u rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.); nr 2023/51/B/NZ9/01614; 2024-09-16; 2028-09-15	D. Babula-Skowrońska; N. Żyła, M. Grodoń, D. Perlikowski, A. Kosmala	TAK
4.	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; nr 17, 2021-01-01; 2026-12-31	A. Kosmala; D. Perlikowski, I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, M. Taciak, A. Płażek (UR w Krakowie), M. Rapacz (UR w Krakowie), E. Paszkowski (DANKO HR), K. Szwarz (GRUNWALD HR)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Poznano sekwencję genomową oraz opracowano adnotację genomu allotetraploidalnego gatunku *Festuca galuescens* z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (PacBio i Illumina) i analizy RNAseq. Ponadto, przeprowadzono analizę sekwencji powtarzalnych obecnych w genomie. Jest to pierwszy poznany genom traw z rodzaju *Festuca*.

NCN; OPUS 20; Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*.

Pawłowicz, I; Kopeć, P; Kosmala, A (2025) The draft genome assembly and annotation of allotetraploid *Festuca glaucescens*. BMC Plant Biology 25: 1590.

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 2025 roku w wyniku przeprowadzonych transformacji za pomocą *Agrobacterium tumefaciens* z konstruktem CRISPR/Cas9 uzyskano 73 rośliny transgeniczne *F. glaucescens*. Transgeniczność regenerantów potwierdzono za pomocą PCR. U 18 roślin z wykorzystaniem sekwencjonowania Sangera zidentyfikowano mutacje typu indel w genie *Fgchl* kodującym chloroplastową lipokalinę. Opracowano sekwencję genomu *F. glaucescens* w powiązaniu z adnotacją genomu z wykorzystaniem danych RNAseq. Przeprowadzono również analizę struktury genomowej mutantów, która wykazała u nich zróżnicowanie liczby chromosomów.

NCN; OPUS 21; Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych. W roku 2025 przeprowadzono analizę składu lipidów błonowych w warunkach oscylującej temperatury u dwóch wybranych genotypów *Festuca arundinacea* o odmiennej zimotrwałości i mrozoodporności. Podczas aklimacji w chłodzie (CA) w błonach poza chloroplastowych zaobserwowano wzrost całkowitej zawartości fosfatydyloetyloamin (PE), w szczególności bogatych w nienasycone łańcuchy tłuszczowe, zarówno u genotypu o wyższym poziomie mrozoodporności (ang. high frost tolerant; HFT), jak i o niższym poziomie mrozoodporności (ang. low frost tolerant; LFT). Natomiast w chloroplastach podczas CA doszło do wzrostu akumulacji monogalaktozydylacylogliceroli (MGDG) oraz digalaktozydylacylogliceroli (DGDG) u genotypu HFT. Zaobserwowano także obniżenie zawartości triacylogliceroli (TAG) u formy LFT. Proces de-aklimacji (DA) u obu genotypów spowodował redukcję całkowitej zawartości PE oraz spadek poziomu nienasyceń tych lipidów w stosunku do CA. Całkowita ilość fosfatydylochloliny (PC) wzrosła jedynie u genotypu HFT podczas pierwszego dnia DA, po czym jej ilość wróciła do wartości zaobserwowanych podczas CA. W przypadku lipidów chloroplastowych nie zaobserwowano zmian w całkowitej zawartości MGDG oraz DGDG u genotypu HFT, natomiast u genotypu LFT zaobserwowano redukcję akumulacji MGDG w ostatnim dniu DA. W przypadku lipidów metabolicznych, oprócz wzrostu diacylogliceroli (DAG) zaobserwowano również istotny wzrost akumulacji TAG u obu genotypów. Podczas re-aklimacji (RA) u genotypu HFT ponownie zaobserwowano wzrost akumulacji PE, czego nie zaobserwowano w przypadku genotypu LFT. Ponadto, genotyp LFT charakteryzował się także obniżeniem całkowitej

zawartości PC w odniesieniu do DA. W chloroplastach doszło do redukcji ilości DGDG i MGDG u LFT, natomiast w przypadku genotypu HFT redukcji uległ jedynie poziom MGDG, podczas gdy DGDG utrzymywał się na tym samym poziomie, co podczas DA. W przypadku lipidów metabolicznych podczas ostatniego dnia RA doszło do wzrostu całkowitej ilości DAG oraz TAG u obu badanych genotypów.

NCN; OPUS 26; *Określenie dynamiki zmian w sieciach białek oddziałujących z wybranymi izoformami fosfatazy białkowej BnaABI1 w warunkach stresu suszy i zasolenia u rzepaku (Brassica napus L.).* Celem projektu jest charakterystyka dynamiki zmian proteomu oraz identyfikacja różnic w sieciach oddziaływań białkowych powiązanych z wybranymi białkami przynęty ABI1 (fosfataza białkowa 2C) w warunkach suszy i stresu solnego u rzepaku. Uzyskane wyniki powinny pozwolić poznać nowe elementy molekularne uczestniczące w regulacji reakcji roślin na stres środowiskowy oraz przyczynić się do wyjaśnienia mechanizmów zwiększających tolerancję niekorzystnych warunków środowiskowych u tego gatunku. W 2025 r. zrealizowano prace związane z przygotowaniem i wstępną charakterystyką materiału roślinnego przeznaczonego do analiz fizjologicznych oraz do globalnej analizy białek metodą DIA (analiza bez znaczników, label-free). Przeprowadzono optymalizację i dostosowanie procedury izolacji białek do specyfiki tkanek rzepaku. Ponadto, przygotowano kasety ekspresyjne dla wybranych genów *BnaABI1*, stanowiące podstawę do dalszych badań funkcjonalnych.

MRiRW; MR-17; *Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgresywnych życicy wielokwiatowej i życicy trwałej z genami kostrzewy łkowej 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 2025 r. wyselekcjonowano diploidalne i tetraploidalne formy introgresywne o stosunkowo wysokim poziomie zimotrwałości w woj. wielkopolskim i warmińsko-mazurskim oraz formy o stosunkowo wysokim poziomie tolerancji suszy w woj. wielkopolskim. W 2025 r. scharakteryzowano także fizjologiczno-molekularne markery mrozooporności dla mieszańców *L. perenne/F. pratensis* oraz uzyskano dane na temat stopnia porażenia badanych form introgresywnych przez grzyby wywołujące choroby.

Projekty realizowane we współpracy

NCN; OPUS 28; Rola nitroksylu w dialogu sygnałowym pomiędzy śmiercią a życiem komórek liści ziemniaka podczas reakcji nadwrażliwości na *Phytophthora infestans*, nr 2024/55/B/NZ9/00902, 2025-07-18; 2029-07-17; M. Arasimowicz-Jelonek (UAM). Członek zespołu z IGR PAN brał udział w klonowaniu genu ziemniaka uprawnego, kodującego katepsynę; I. Pawłowicz

MRiRW; MR-27; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.), z wykorzystaniem zaawansowanych technik molekularnych. Kierownik: J. Niemann (UP w Poznaniu). Członkini zespołu z IGR PAN brała 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 2025 r.

Perlikowski, D; Lechowicz, K; Blicharz, S; Arasimowicz-Jelonek, M; **Czapiewska, A; Pawlowicz, I; Kosmala, A** (2025) Nitric oxide regulates photosynthesis and the capacity of the antioxidant system under water deficit and rehydration in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. *Frontiers in Plant Science* 16: 1652482. DOI: 3389/fpls.2025.1652482. IF=4,8; MNiSW=100

Pawłowicz, I; Kopeć, P; **Kosmala, A** (2025) The draft genome assembly and annotation of allotetraploid *Festuca glaucescens*. *BMC Plant Biology* 25: 1590. DOI: 10.1186/s12870-025-07558-8. IF=4,8; MNiSW=140

Grądzka, K; Biegańska, M; Koczyk, G; Młodzińska, A; **Pawłowicz, I;** Kiełbowicz-Matuk, A (2025) CHIP-seq and transcriptomics reveal a new role of circadian-regulated StBBX24 protein in potato reproduction. *BMC Plant Biology* 25: 1702. DOI: 10.1186/s12870-025-07811-0. IF=4,8; MNiSW=140

Niemann, J., Starosta, E; Kaczmarek, J; **Pawłowicz, I;** Bocianowski, J (2025) Expression Profiling and Interaction Effects of Three R-Genes Conferring Resistance to Blackleg Disease in *Brassica napus*. *Applied Sciences* 15: 11613. DOI: 10.3390/app152111613. IF=2,5; MNiSW=100

Oskuei, BK; Masi, A; **Kosmala, A;** Mahna, N (2025) Plant stress and proteomics in medicinal plants. *Frontiers in Plant Science* 16: 1656247. DOI: 3389/fpls.2025.1656247. IF=4,8; MNiSW=100

Shakya, P; Selvakesavan, RK; **Perlikowski, D;** Antonydhasan, V; Kiirika, L; Franklin, G (2025) *Agrobacterium tumefaciens*-induced proteomic remodelling and physiological adaptations in *Hypericum perforatum* L. *Plant Stress* 18: 100986. DOI: 1016/j.stress.2025.100986. IF=6,9; MNiSW=20

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Kierownik Zakładu	dr hab. Grzegorz Koczyk
Skład Zakładu	prof. dr hab. Paweł Krajewski dr Katarzyna Czyż dr Dariusz Kruszka dr inż. Monika Mokrzycka dr Karolina Sobańska mgr Maria Nuc (doktorantka, etat; od 16.12.2025 - doktor) mgr Michał Kawałiło (doktorant, etat) mgr Michał Stanoch lic. Maciej Hryc

Opis profilu badawczego Zakładu

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 (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	16
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	16

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 2025r.
	2025	2026	
UE	-	-	1
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	2	2	1
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	3
Inny	-	-	-
Ogółem	2	2	5

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 22 LAP; Oparta na predykcji normalizacja ze względu na heterochronię rozwojową w równoległych badaniach molekularnych i fenomicznych roślin; Akronim: HETCROP; nr 2021/43/I/NZ9/02519; 2023-06-01; 2026-05-31	P. Krajewski / K. Neumann (IPK); M. Mokrzycka	TAK
2.	NCN; OPUS 25; RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami; nr 2023/49/B/NZ9/01977; 2024-01-03; 2027-01-02	G. Koczyk; M. Kawałiło, K. Sobańska	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Opracowano metodykę identyfikacji genów biosyntezy wtórnych metabolitów poprzez umiejscawianie filogenetyczne, zwalidowaną jako otwarte narzędzie do identyfikacji genów syntez poliketydowych (HR-PKS) związanych z biosyntezą benzenediolowych laktonów (BDL) w grzybach. Narzędzie umożliwi niskokosztową klasyfikację filogenetyczną niepełnych sekwencji (amplikony lub odczyty) dla potrzeb przesiewowej analizy danych sekwencyjnych pod kątem zróżnicowanych rodzin genów.

NCN; OPUS25; RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami.

Kawałiło, M; Lalak-Kańczugowska, J; Dutkiewicz, Z; Urbaniak, M; Popiel, D; **Czyż, K; Koczyk, G** (2025) Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi. PeerJ 13: e20472.

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

NCN; OPUS 22 LAP; *Oparta na predykcji normalizacja ze względu na heterochronię rozwojową w równoległych badaniach molekularnych i fenomicznych roślin (HETCROP).* Projekt dotyczy opracowania metodologii modelowania danych pochodzących z doświadczeń prowadzonych na platformach wysokoprzepustowego fenotypowania roślin, w których równoległe z fenotypowaniem prowadzi się ocenę obiektów pod względem cech omicznych, takich jak ekspresja genów lub koncentracje metabolitów. Celem jest

opracowanie modeli i metod analizy statystycznej uwzględniających nierównomierny rozwój roślin w czasie. W roku 2025 kontynuowano prace nad estymacją funkcji przekształcających skalę czasową obserwacji cech. Ponadto, badano możliwość wykorzystania modelu podwójnie wielowymiarowego oraz metody bazującej na entropijnej funkcji straty do estymacji macierzy kowariancji danych dotyczących wielu cech fenotypowych obserwowanych w wielu momentach czasowych. Połączenie badanych metod dostarcza algorytmu analizy danych fenotypowych pozwalającego na estymację efektów czynników doświadczalnych wolnych od efektów heterochronii i uwzględniających strukturę kowariancji cech i profili czasowych.

NCN; OPUS 25; RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami. Projekt dotyczy opracowania metod analizy (fragmentów) genów biosyntezy metabolitów wtórnych, jako elementu oceny parwomu niskoobfitych mykobiomów związanych z roślinami. Kontynuowano analizy mające na celu stworzenie panelu wzbogacania sekwencji grzybowych klastrów biosyntetycznych, na potrzeby celowanego sekwencjonowania wzbogaconych próbek środowiskowego DNA (eDNA) pozyskanego z fyllosfery/rizosfery roślin. Rozpoczęto prace mające na celu wykorzystanie sekwencjonowania trzeciej generacji (Oxford Nanopore) do pozyskiwania długich fragmentów sekwencji bezpośrednio z DNA środowiskowego. W roku 2025, opracowano i opublikowano metodykę przesiewowej analizy danych z sekwencjonowania nowej generacji w celu bezpośredniej identyfikacji i adnotacji genów biosyntezy na drodze umiejscawiania filogenetycznego. Przeprowadzono kompleksową analizę obliczeniową uprzednio pozyskanych sekwencji genów wysoko redukujących syntaz poliketydowych (HR-PKS), kandydackich w procesach biosyntezy laktonów benzenediolowych, aby ocenić możliwość zautomatyzowanej klasyfikacji poprzez umiejscawianie filogenetyczne (*phylogenetic placement*) fragmentów sekwencji. Wykorzystano opracowaną w latach ubiegłych, filogenię referencyjną syntaz poliketydowych wykorzystującą rekonstrukcje filogenomiczne oparte na 1039 modelowych genomach grzybów, uzupełnioną o wysokiej jakości dane z baz SwissProt i MIBiG. Kluczowym rezultatem (Kawaliło i in. 2025) było stworzenie potoku obliczeniowego do automatycznej klasyfikacji krótkich sekwencji nukleotydowych lub białkowych przez ich umiejscawianie filogenetyczne. Potok integruje predykcję regionów kodujących, ewolucyjne umiejscawianie dopasowanych do referencji sekwencji-zapytań oraz agregację wyników w postaci klas funkcjonalnych z przypisaniem do zdefiniowanych kładów. W zakresie analiz genów biosyntezy makrolaktonów, zastosowanie umiejscawiania filogenetycznego znacząco poprawiło precyzję i swoistość klasyfikacji HR-PKS w porównaniu z metodami opartymi wyłącznie na podobieństwie sekwencji, co wskazuje na możliwość wiarygodnej interpretacji, typowych dla analiz DNA środowiskowego fragmentarycznych danych sekwencyjnych nieznanego pochodzenia.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Grądzka, K; Biegańska, M; **Koczyk, G**; Młodzińska, A; Pawłowicz, I; Kiełbowicz-Matuk, A (2025) CHIP-seq and transcriptomics reveal a new role of circadian-regulated StBBX24 protein in potato reproduction. *BMC Plant Biology* 25: 1702. DOI: 10.1186/s12870-025-07811-0. IF=4,8; MNiSW=140

Pommier, C; Alic, I; Cabrera-Bosquet, L; Draye, X; Neveu, P; Reif, JC; Robbins, KR; **Krajewski, P**; Tardieu, F (2025). Reassessing data management in increasingly complex phenotypic datasets. Trends in Plant Science. DOI: 10.1016/j.tplants.2025.09.001. IF=20,8; MNiSW=200

Zicola, J; Weber, B; Tu, X; Bader, R; Zisis, D; Aesaert, S; Salvi, S; **Krajewski, P**; Van Lijsebettens, M; Li, Ch; Li, Y; Zhong, S; Scholten, S; Turck, F; Stam, M (2025) Vegetative to generative1 (Vgt1) is an enhancer affecting flowering time and jasmonate signaling in maize by promoting the expression of *Zea mays* Related to APETALA 2.7. Plant Physiology 199: kiaf468. DOI: 10.1093/plphys/kiaf468. IF=6,9; MNiSW=140

Sobańska, K; Głowacka, K; **Krajewski, P**; Wojtkowiak, E; **Nuc, M**; Basińska-Barczak, A; **Czyż, KB**; Waligórski, P; **Kruszka, D**; Gabała, E; Grzywaczyk, A; Zborowska, M; Drożdżyńska, A; **Mokrzycka, M**; **Koczyk, G**; Cerazy-Waliszewska, J; Milewska-Hendel, A; Betekhtin, A; Pniewski, T (2025) From Stress to Recovery: Divergent Chilling Responses in Contrasting *Miscanthus sinensis* Genotypes. GCB Bioenergy 17(12): 70087. DOI: 10.1111/gcbb.70087. IF=4,1; MNiSW=140

Selvakesavan, RK; **Nuc, M**; Pradeep, M; **Krajewski, P**; Franklin, G (2025) Dual omics comparison: how *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* modulate gene expression and metabolism in *Hypericum perforatum* L. BMC Genomics 26(1): 958. DOI: 10.1186/s12864-025-12086-8. IF=3,7; MNiSW=140

Zakerska-Banaszak, O; Ladziak, K; **Kruszka, D**; Maciejewski, K; Wolko, L; Krela-Kazmierczak, I; Zawada, A; Vibeke, VM; Dobrowolska, A; Skrzypczak-Zielinska, M (2025) New potential biomarkers of ulcerative colitis and disease course—integrated metagenomic and metabolomic analysis among Polish patients. Journal of Gastroenterol 60(11): 1384-1399. DOI: 10.1007/s00535-025-02280-6. IF=5,5; MNiSW=140

Hermosaningtyas, AA; Totoń, E; Budzianowska, A; Lisiak, N; Romaniuk-Drapała, A; **Kruszka, D**; Rewers, M; Kikowska, M (2025) Biotechnology Production of Cell Biomass from the Endangered Kickxia elatine (L.) Dumort: Its Untargeted Metabolomic Analysis and Cytotoxic Potential Against Melanoma Cells. Biomedicines 13(6): 1382. DOI: 10.3390/biomedicines13061382. IF=3,9; MNiSW=100

Kawaliło, M; Lalak-Kańczugowska, J; Dutkiewicz, Z; Urbaniak, M; Popiel, D; **Czyż, K**; **Koczyk, G** (2025) Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi. PeerJ 13: e20472. DOI: 10.7717/peerj.20472. IF=2,4; MNiSW=100

Kuczyńska, A; Michałek, M; Ogródowicz, P; Kempa, M; **Krajewski, P**; Cardenia, V; Rodriguez-Estrada, MT; Pérez-Llorca, Mv Munné-Bosch, S; Mikołajczak, K (2025) Disorders in brassinosteroids signal transduction triggers the profound molecular alterations in the crown tissue of barley under drought. PLoS ONE 20: e0318281. DOI: 10.1371/journal.pone.0318281. IF =2,6; MNiSW=100

Mokrzycka, M; Mrowińska, M (2025) Block covariance matrix estimation with structured off-diagonal blocks. Statistical Papers 66: 129. DOI: 10.1007/s00362-025-01736-4. IF=1,1; MNiSW=100

Sobańska, K; **Mokrzycka, M**; Przewoźnik, M; Pniewski, T; Głowacka, K (2025) Exploring chilling stress and recovery dynamics in C4 perennial grass of *Miscanthus sinensis*. PLOS ONE 20(1): e0308162. DOI: 10.1371/journal.pone.0308162. IF=2,6; MNiSW=100

Wojtkowiak, E; **Czyż, KB**; Basińska-Barczak, A; Pudelska, H; Glowacka, K; Pniewski, T; **Sobańska, K** (2025) Enhanced micropropagation of *Miscanthus x giganteus*: a sustainable approach to optimal regenerated plant growth. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 162: 35. DOI: 10.1007/s11240-025-03102-6. IF=2,4; MNiSW=100

Każmińska, K; **Mokrzycka, M**; Słomnicka, R; Korzeniewska, A; Bartoszewski, G (2025) Genetic diversity of *Cucurbita maxima* accessions representing the Eastern European gene pool. *Genetic Resources and Crop Evolution*. DOI: 10.1007/s10722-025-02362-7. IF=0,43; MNiSW=70

Hermosaningtyas, AA; Budzianowska, A; **Kruszka, D**; Derda, M; Długaszewska, J; Kikowska, M (2025) Can In Vitro Cell Cultures of *Eryngium planum*, *Lychnis flos-cuculi*, and *Kickxia elatine* Be an Alternative Source of Plant Biomass with Biological Antimicrobial and Anti-Acanthamoeba Activities? *Applied Sciences* 15(15): 8292 DOI:10.3390/app15158292. IF=2,5; MNiSW=100

Nuc, M; Stanoch, M; Ćwiek-Kupczyńska, H; Naganowska, B; **Krajewski, P** (2025) MASHT: Software for statistical analysis of transcriptomes' qualitative features in factorial experiments. *Bioinformatics* 21(09): 3162-3164. DOI: 10.6026/973206300213162. IF- ; MNiSW=20

Mussabayeva, B; Akimzhanova, K; Sabitova, A; Ydyrys, A; **Kruszka, D**; Cerazy-Waliszewska, J; Łęska, B; Tabisz, Ł (2025) Extraction of Lipids from Natural Saline Mud and their Interpretation from Point of Biological Activity in the Context of Salt Lakes of North-East Kazakhstan. *Engineered Science* 30: 1628. DOI: 10.30919/es1628. IF- ; MNiSW=20

ZAKŁAD FENOMIKI ZBÓŻ

Kierownik Zakładu	prof. dr hab. Anetta Kuczyńska
Skład Zakładu	dr hab. inż. Krzysztof Mikołajczak, prof. IGR PAN dr hab. Piotr Ogrodowicz dr Michał Kempa dr Sebastian Szczepański (od 01.12.2025) mgr Renata Trzeciak Renata Holewińska mgr Martyna Michałek (doktorantka PSD IPAN) mgr Dominika Maryniak (doktorantka PSD IPAN od 01.04.2025)

Opis profilu badawczego Zakładu

Celem badań jest kompleksowa charakterystyka zmian zachodzących w jęczmieniu jarym na poziomie fenomu, transkryptomu, proteomu i metabolomu oraz poznanie regulacji współdziałania fitohormonów za pośrednictwem miRNA i wyjaśnienie roli struktur epidermy w aspekcie zmian fenologicznych - wszystko w odpowiedzi na różne stresy abiotyczne i biotyczne występujące pojedynczo bądź jednocześnie. Biologiczne badania systemowe prowadzone są m.in. z wykorzystaniem wysokoprzepustowych technik badawczych.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	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 2025 r.
	2025	2026	
UE	1	1	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	5	4	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	1	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	7	5	-

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	The European Union's Horizon Europe research and innovation programme under grant agreement No. 101058020 (AgroServ); 24-C3-Agro-TNA-007; Barley Adaptation to Drought: Functional Imaging and Metabolic Remodeling to Boost Photosynthesis and Phenotypic Performance; 2025-08-12; 2027-12-31	K. Mikołajczak; A. Kuczyńska, M. Michałek, F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A.D. Troise (ISPAAM-CNR, Portici, Włochy), P. Sampaio (PPBI, University of Porto, Porto, Portugalia), R. Fernandes (PPBI, University of Porto, Porto, Portugalia)	TAK
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.); nr 2019/35/B/NZ9/00208; 2020-07-27; 2025-07-26	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Mokrzycka, M. Kempa, M. Michałek, D. Kruska, K. Juszczyk, R. Holewińska, R. Trzeciak, E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular And Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania), F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	NIE
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; nr 2021/41/B/NZ9/02373; 2022-01-21 - 2026-01-20	P. Ogrodowicz; P. Krajewski, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, M. Michałek, D. Kruska, K. Juszczyk, J. Belter, R. Holewińska, R. Trzeciak, D. Maryniak, H. Nieznańska, A. Szczepankiewicz, K. Maciejak (IBD PAN, Warszawa), H.M. Kalaji (SGGW, Warszawa), P.J. Dąbrowski (SGGW, Warszawa), M. Gawlak (IOR-PIB, Poznań), L. Abdelhakim, B.	TAK

		Pleskačová, K. Panzarová (PSI, Drasov, Republika Czeska)	
4.	NCN; OPUS 21; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów; nr 2021/41/B/NZ9/02576; 2022-03-01; 2026-02-28	K. Mikołajczak; P. Krajewski, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek, D. Kruszka, K. Juszczyk, R. Holewińska, R. Trzeciak, M. Stanoch, E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular And Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania), F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	TAK
5.	NCN; OPUS 27; Modulacja dynamiki akumulacji antocyjanów i jej wpływ na architekturę korzeni i pędów roślin jęczmienia jarego w warunkach stresu wieloczynnikowego; nr 2024/53/B/NZ9/00756; 2025-01-27; 2029-01-26;	P. Ogrodowicz; P. Krajewski, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, M. Michałek, D. Kruszka, K. Juszczyk, J. Belter, R. Holewińska, R. Trzeciak, D. Maryniak; S. Szczepański; H.M. Kalaji (SGGW, Warszawa), P.J. Dąbrowski (SGGW, Warszawa), M. Gawlak (IOR-PIB, Poznań), H. Nieznańska, A. Szczepankiewicz, K. Maciejak (IBD PAN, Warszawa), L. Abdelhakim, B. Pleskačová, K. Panzarová (PSI, Drasov, Czechy)	TAK
6.	NCN; OPUS 28; Długie niekodujące RNA jako wieloaspektowe czynniki regulujące współdziałanie fitohormonów i szlaki sygnalizacji stresu u jęczmienia; nr 2024/55/B/NZ9/00579; 2025-6-24; 2029-06-23	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, S. Szczepański, M. Michałek, D. Maryniak, D. Kruszka, K. Juszczyk, R. Holewińska, R. Trzeciak, E. C. Bergua (Institute For Plant Molecular And Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Hiszpania), F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy),	TAK

		V. Cardenia (University of Turin, Grugliasco, Turin, Italy)	
7.	MRiRW ; Postęp biologiczny; Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe; nr 14; 2021-01-01; 2025-12-31	A. Kuczyńska; P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek, M. Mokrzycka, R. Holewińska, R. Trzeciak, F. Cellini (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy), A. Petrozza (ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy)	NIE

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Po raz pierwszy scharakteryzowano ekspresję genów biosyntezy melatoniny w korzeniach jęczmienia w warunkach suszy, wskazując na kluczową rolę genów *TDC1* i *TDC3*. Wykazano, że indukcja aktywności TDC w odpowiedzi na suszę oraz aplikację melatoniny zachodzi wyłącznie u genotypów o prawidłowej sygnalizacji brassinosteroidowej, której zaburzenie ogranicza biosyntezę melatoniny i potwierdza, że współdziałanie melatoniny i brassinosteroidów jest niezbędne do pełnej odpowiedzi rośliny na deficyt wody.

NCN; OPUS 18; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.).

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

NCN; OPUS 18; *Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (Hordeum vulgare L.).* Zakończono projekt, a przeprowadzona integracja wyników projektu ujawniła istotne zależności między funkcjonowaniem szlaku brassinosteroidów a morfologią systemu korzeniowego, ekspresją genów i poziomem głównych fitohormonów w jęczmieniu poddanym stresowi abiotycznemu, wskazując na potencjał egzogennej melatoniny jako regulatora adaptacyjnych odpowiedzi roślin na niedobór wody.

NCN; OPUS 21; *Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (Hordeum vulgare L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego.* Projekt ukierunkowany jest na wyjaśnienie roli struktur epidermalnych, takich jak trichomy i kutykula, w mechanizmach obronnych roślin w odpowiedzi na jednoczesne oddziaływanie stresów abiotycznych i biotycznych, z uwzględnieniem zmian fenologicznych. W 2025 roku skompletowano pełny zestaw danych uzyskanych w ramach eksperymentu przeprowadzonego w 2024 roku z wykorzystaniem platformy do fenotypowania roślin PlantScreen™ PSI. Równolegle przeprowadzono izolację RNA z materiału pochodzącego z roślin doświadczalnych. Po ocenie jakości wyizolowanego RNA próbki przekazano do analizy transkryptomicznej metodą RNA-seq, zleconej wyspecjalizowanej firmie zewnętrznej. Uzyskane wyniki RNA-seq, w połączeniu z danymi fenotypowymi, stanowią

podstawę do opracowania publikacji naukowej. Ponadto skompletowano dane pochodzące z kolejnego eksperymentu realizowanego w ramach projektu, obejmującego analizę profilu fitohormonów. Wyniki tej analizy są obecnie wykorzystywane do przygotowania odrębnej publikacji. Jednocześnie zakończono ostatni etap analiz z zakresu mikroskopii elektronowej.

NCN; OPUS 21; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów. Projekt dotyczy badania regulacji współdziałania fitohormonów u jęczmienia w odpowiedzi na suszę, z udziałem miRNA, ze szczególnym uwzględnieniem szlaków kwasu abscysynowego (ABA) i brassinosteroidów (BR). W 2025 r. przeprowadzono nieinwazyjne fenotypowanie trzech genotypów jęczmienia o zróżnicowanej transdukcji sygnału BR w jednostce ALSiA (Metaponto, Włochy), z wykorzystaniem systemu PlantEye (obrazowanie multispektralne i skanowanie laserowe 3D), w warunkach optymalnych i okresowej suszy, z dolistną aplikacją ABA, BR oraz ich inhibitorów. Uzyskano 20 parametrów opisujących fenotyp i dynamikę rozwoju roślin. Ponadto prowadzono analizy laboratoryjne (qPCR) obejmujące profilowanie wybranych miRNA (na podstawie danych RNA-seq) oraz ich genów docelowych w materiale roślinnym zebranym w doświadczeniu w 2024.

NCN; OPUS 27; Modulacja dynamiki akumulacji antocyjanów i jej wpływ na architekturę korzeni i pędów roślin jęczmienia jarego w warunkach stresu wieloczynnikowego. Celem projektu jest rozszyfrowanie wieloczynnikowej reakcji roślin na stres i jej powiązania z zawartością antocyjanów i biosyntezą tychże substancji. W roku 2025 przeprowadzono wstępną ocenę materiału badawczego (linie DH), w ramach której scharakteryzowano cztery cechy morfologiczne: pokrój rośliny, szerokość blaszki liściowej, zabarwienie pędów antocyjanami i intensywność barwy liścia oraz obserwowano fenologie badanego materiału badawczego. Przeprowadzono również doświadczenia pilotażowe, w których aplikowano stres biotyczny (grzyby z rodzaju *Fusarium*) na tkankę korzeniową. Projekt zakłada także zastosowanie stresu abiotycznego; odpowiedni protokół został już opracowany. Ponadto zoptymalizowano procedurę ekstrakcji korzeni z różnych rodzajów podłoży (ziemia ogrodowa, mieszanina ziemi z piaskiem, keramzyt, perlit), a następnie przeprowadzono ocenę jakości RNA na podstawie reakcji RT-PCR. Zaprojektowano również układ doświadczalny dla badań planowanych na rok 2026.

NCN; OPUS 28; Długie niekodujące RNA jako wieloaspektowe czynniki regulujące współdziałanie fitohormonów i szlaki sygnalizacji stresu u jęczmienia. Rozpoczęto projekt, którego celem jest wyjaśnienie mechanizmów molekularnych leżących u podstaw odpowiedzi jęczmienia jarego na suszę i ekstremalne stężenia azotu, a także ich powiązanie z sygnalizacją brasinosteroidów. Zbadamy, w jaki sposób zmiany w lncRNA wywołane stresem przyczyniają się do modyfikacji transkryptomycznych, metabolicznych i fenotypowych.

MRiRW; MR-14; Postęp biologiczny w produkcji roślinnej: Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stesy środowiskowe. Zakończono projekt. Wykazano, że stadium rozwojowe roślin i stres łączony suszy z plamistością siatkową były głównymi czynnikami modulującymi ekspresję genów i metabolizm jęczmienia, przy czym reakcje genotypów wykazały zarówno wspólne mechanizmy adaptacyjne, jak i specyficzną wrażliwość wpływającą na stabilność fizjologiczną

i plon. Wykazano, że odpowiedź jęczmienia na stres biotyczny była silnie modulowana przez wilgotność i właściwości gleby. Najbardziej destrukcyjnym patogenem okazał się *Fusarium culmorum*, który obniżał masę tysiąca ziaren, natomiast *Pyrenophora teres* wywoływał umiarkowane straty, zależne głównie od lokalizacji.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025r.

Kuczyńska, A; Michałek, M; Ogrodowicz, P; Kempa, M; Krajewski, P; Cardenia, V; Rodriguez-Estrada, MT; Pérez-Llorca, M; Munné-Bosch, S; **Mikołajczak, K** (2025) Disorders in brassinosteroids signal transduction triggers the profound molecular alterations in the crown tissue of barley under drought. PLoS One 20: e0318281. DOI: 1371/journal.pone.0318281. IF=2,6; MNiSW=100

Michałek, M; Ogrodowicz, P; Kempa, M; Kuczyńska, A; Mikołajczak, K (2025) Melatonin in crop plants: from biosynthesis through pleiotropic effects to enhanced stress resilience. Journal of Applied Genetics 66: 471-491. DOI: 1007/s13353-025-00963-7. IF=1,9; MNiSW=140

Ogrodowicz, P; Kuczyńska, A; Mikołajczak, K; Kempa, M; Maryniak, D; Michałek, M; Krajewski, P; Belter, J; Gawlak, M; Kalaji, H.M; Dąbrowski, P; Mojski, J; Belusiak I (2025) Effect of developmental dynamics on WRKY expression in barley with varying phenologies and trichome micromorphologies. BMC Plant Biology DOI: 10.1186/s12870-025-07933-5. IF=4,8; MNiSW=140

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu	prof. dr hab. Tomasz Pniewski
Skład Zakładu	dr hab. Katarzyna Głowacka (1/8 etatu) dr inż. Joanna Cerazy-Waliszewska mgr Hanna Pudelska Katarzyna Beczek mgr inż. Martyna Przewoźnik (doktorantka PSD IPAN) mgr inż. Estera Wojtkowiak (doktorantka PSD IPAN)

Opis profilu badawczego Zakładu

Badania w Zakładzie Biotechnologii Roślin związane są z biopharmingiem oraz poznaniem biologicznych podstaw potencjału użytkowego miskanta jako trawy energetycznej. Pierwszy kierunek obejmuje wytwarzanie w roślinnych systemach ekspresyjnych cząstek wirusopodobnych jako szczepionek i nośników białek i nanocząstek o znaczeniu biomedycznym. Badania w drugim obszarze dotyczą odporności miskanta na stresy środowiskowe dla potrzeb produkcji biomasy użytkowej i biopaliw oraz fitoremediacji.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	8
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	8

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	4	4	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	4	4	-

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 18; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową <i>Fasciola hepatica</i> i zarażeniu tym pasożytem; nr 2019/35/B/NZ6/04002; 2020-09-10; 2026-09-09	M. Kęsik-Brodacka (lider, NIL, Warszawa); T. Pniewski, H. Pudelska, M. Przewoźnik A. Wesołowska (MiIZ PAN, Warszawa);	TAK
2.	NCN; OPUS 19; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwB; nr 2020/37/B/NZ6/02334; 2021-02-02; 2027-02-21	T. Pniewski; H. Pudelska, E. Wojtkowiak; A. Wesołowska (MiIZ PAN, Warszawa), M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa);	TAK
3.	NCN; OPUS 21; Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (<i>Miscanthus × giganteus</i>); nr 2021/41/B/NZ9/04123; 2022-01-21; 2027-01-20	J. Cerazy-Waliszewska; M. Młeczek (UP, Poznań), P. Niedzielski (UAM, Poznań); T. Pniewski, K. Sobańska, H. Pudelska, M. Paczkowska, Z. Magdziak (UP Poznań), M. Gąsecka (UP Poznań), Z. Wojciechowska (UAM)	TAK
4.	NCN; SONATA 19; Dendroremediacja arsenu - czasozależna dynamika akumulacji, transformacji i mechanizmów tolerancji form metaloidu u wybranych gatunków drzew leśnych; nr 2023/51/D/NZ9/00817; 2024-07-01; 2027-06-30	S. Budzyńska (lider, UP Poznań); J. Cerazy-Waliszewska; P. Niedzielski (UAM, Poznań)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Kompleksowo scharakteryzowano odpowiedź wybranych gatunków i genotypów miskanta na stropy abiotyczne: (i) stres chłodu oraz (ii) zanieczyszczenie gleby arsenem. Uzyskane wyniki umożliwiły identyfikację zróżnicowanych mechanizmów tolerancji stresów u traw energetycznych z rodzaju *Miscanthus* oraz wskazały na ich potencjał adaptacyjny i użytkowy.

Sobańska, K; **Głowacka, K**; Krajewski, P; **Wojtkowiak, E**; Nuc, M; Basińska-Barczak, A; Czyż KB; Waligórski, P; Kruska, D; Gabała, E; Grzywaczyk, A; Zborowska, M; Drożdżyńska, A; Mokrzycka, M; Koczyk, G; **Cerazy-Waliszewska, J**; Milewska-Hendel, A; Betekhtin, A; **Pniewski T** (2025) From Stress to Recovery: Divergent Chilling Responses in Contrasting *Miscanthus sinensis* Genotypes. GCB Bioenergy 17: e70087.

Cerazy-Waliszewska, J; Wojciechowska, Z; Bialas, W; Mleczek, M; Niedzielski, P; Proch, J; **Pniewski, T** (2025) Effect of arsenic speciation on growth, physiology, and bioethanol yield in two *Miscanthus x giganteus* genotypes. Journal of Environmental Management 394: 127343.

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

NCN; OPUS 18; *Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową Fasciola hepatica i zarażeniu tym pasożytem.* Celem projektu jest uzyskanie cząstek wirusopodobnych (Virus-Like Particles, VLPs) złożonych z antygeny rdzeniowego HBV (HBcAg) pełniącego rolę nośnika prezentującego immunodominującą domenę katalityczną proteiny cysteinowej (CPFhW) *Fasciola hepatica*, jako potencjalnej szczepionki do badań odpowiedzi immunologicznej oraz protekcji przeciwko pasożytowi u owiec. W roku 2025 kontynuowano masową uprawę sałaty pok. T1/T2 jako surowca oraz produkcję liofilizatów do immunizacji doustnej owiec. Otrzymane liofilizaty po analizie i selekcji przekazano do badań na zwierzętach w MiIZ PAN. Opracowano testy ELISA umożliwiające wykrywanie poszczególnych komponentów białek chimericznych typu HBcCP-HBcAg i HBcCP i przybliżone (tj. względem standardu HBcAg z braku dostępności standardów właściwych białek chimericznych) oznaczenie ich zawartości całkowitej oraz oznaczeń zawartości formy VLPs tych białek i HBcAg. Testy te umożliwiły analizę zawartości komponentów CPFhW i HBcAg oraz formy VLP w liofilizatach dla owiec oraz w roślinach pokolenia T2 i specjalnie przygotowanych liofilizatach z roślin sałaty pokolenia T2 w kolejnych punktach czasowych przechowywania, w celu określenia trwałości białek w tych preparatach. Pod koniec roku rozpoczęto prace nad opracowaniem nowych testów ELISA w związku z wycofaniem ze sprzedaży dotychczas wykorzystywanych przeciwciał. Opracowanie testów umożliwi kontynuację analiz wcześniej zebranych prób z roślin pokolenia T0 i T1 oraz kontynuację analiz liofilizatów z roślin pokolenia T1. Podjęto także prace nad detekcją białek antygenowych HBcAg-CPFhW w liofilizatach metodą western-blot z użyciem dotychczas dostępnych i nowo nabytych przeciwciał. Wstępne wyniki potwierdzają obecność tych białek.

NCN; OPUS 19; *Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej ko-immunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb.* W roku 2025 kontynuowano prace nad uzyskaniem materiałów szczepionkowych zawierających antygeny HBcAg i S-HBsAg do ko-

immunizacji iniekcyjno-doustnej myszy jako zwierząt doświadczalnych w celu określenia typu odpowiedzi immunologicznej. Wykonano transformację chloroplastów sałaty, jednak w uzyskanych roślinach nie udało się potwierdzić obecności transgeny. Wdrożono uprawę roślin pokolenia T1 wcześniej otrzymanych roślin sałaty wytwarzającej HBcAg i S-HBsAg. Z powodu stosunkowo niskiego poziomu ekspresji, szczególnie S-HBsAg, opracowano procedurę „rewitalizacji” dawniej otrzymanych nasion i regeneracji roślin produkujących ww. antygeny na wysokim poziomie. Po zebraniu nasion z regenerantów rozpoczęto uprawę nowego pokolenia tych roślin dla potrzeb liofilizacji. Ponadto oznaczono zawartość HBcAg całkowitego i VLPs (test wspólny dla projektów OPUS18/19) w uprzednio otrzymanych liofilizatach. Ponadto opracowano test ELISA umożliwiający oznaczanie S-HBsAg w formie VLPs. We współpracy z IOR-PIB przeprowadzono kilka tur oczyszczania HBcAg - po uprzedniej ekspresji przejściowej oraz S-HBsAg – z uzyskanych roślin pokolenia T1 transgenicznego tytoniu. Ustalono bazowe procedury na podstawie przeglądu literatury i stopniowo optymalizowano procesy, m. in. odnotowano ok. 10-krotny wzrost wydajności. Oczyszczone antygeny w formie VLPs, wraz z adiuwantem Iscomatrix (przygotowanym we współpracy z Centrum Nanobiomedycznym UAM) stanowiły materiały wyjściowe do przygotowania preparatów do immunizacji myszy, przekazanych w początkach 2026 r. do MiIZ PAN.

NCN; OPUS 21; *Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus × giganteus*). W 2025 roku koncentrowano się na zaawansowanej obróbce, integracji oraz analizie statystycznej uprzednio uzyskanych danych dotyczących fitochelatyn, arsenocukrów oraz parametrów fizjologicznych roślin *Miscanthus × giganteus*. Porównano zawartość poszczególnych form i dystrybucji arsenocukrów w organach roślinnych oraz zależności od poziomu zanieczyszczenia gleby arsenem. Uzyskane wyniki zestawiono z danymi fizjologicznymi i morfologicznymi roślin, co umożliwiło identyfikację kluczowych zależności pomiędzy stresem arsenowym, a odpowiedzią metaboliczną i fizjologiczną. Równolegle wykonano analizę parametrów fotosyntetycznych, obejmującą zawartość chlorofilu oraz aktywność enzymów charakterystycznych dla fotosyntezy typu C4 (PPDK, PEPC, NADP-MDH, NADP-ME oraz RuBisCO). Wyniki te są obecnie integrowane z danymi dotyczącymi specjacji arsenu oraz akumulacji metabolitów.*

NCN; SONATA 19; *Dendroremediacja arsenu - czasozależna dynamika akumulacji, transformacji i mechanizmów tolerancji form metaloidu u wybranych gatunków drzew leśnych. Prace w projekcie koncentrowały się na opracowaniu szczegółowej metodyki badań, stanowiącej podstawę do realizacji zaplanowanych prac doświadczalnych w kolejnych etapach projektu. Na podstawie przeglądu danych literaturowych dokonano krytycznej oceny stosowanych dotychczas podejść badawczych dotyczących dendroremediacji arsenu (As), ze szczególnym uwzględnieniem metod oznaczania akumulacji i specjacji form As w tkankach drzew oraz analizy mechanizmów tolerancji roślin drzewiastych na stres arsenowy. Opracowano założenia eksperymentalne dotyczące warunków prowadzenia doświadczeń, sposobu poboru i przygotowania materiału roślinnego oraz planowanych analiz fizjologicznych i biochemicznych.*

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Cerazy-Waliszewska, J; Wojciechowska, Z; Białas, W; Mleczek, M; Niedzielski, P; Proch, J; Pniewski, T (2025) Effect of arsenic speciation on growth, physiology, and bioethanol yield

in two *Miscanthus x giganteus* genotypes. Journal of Environmental Management 394: 127343. DOI: 10.1016/j.jenvman.2025.127343. IF=8,4; MNiSW=200

Kumari, A; Njuguna, JN; Zheng, XY; Kromdijk, J; Sacks, EJ; **Glowacka, K** (2025) Genetic Basis of Non-Photochemical Quenching and Photosystem II Efficiency Responses to Chilling in the Biomass Crop *Miscanthus*. Global Change Biology Bioenergy 17: e70015. DOI: 1111/gcbb.70015. IF=4,1; MNiSW=140

Sobańska, K; **Głowacka, K**; Krajewski, P; **Wojtkowiak, E**; Nuc, M; Basińska-Barczak, A; Czyż, KB; Waligórski, P; Kruszka, D; Gabała, E; Grzywaczyk, A; Zborowska, M; Drożdżyńska, A; Mokrzycka, M; Koczyk, G; **Cerazy-Waliszewska, J**; Milewska-Hendel, A; Betekhtin, A; **Pniewski, T** (2025) From Stress to Recovery: Divergent Chilling Responses in Contrasting *Miscanthus sinensis* Genotypes. GCB Bioenergy 17(12): 70087. DOI: 10.1111/gcbb.70087. IF=4,1; MNiSW=140

Brown, JH; Vijayan, J; de Queiroz, AR; Ramos, NF; Bickford, N; Wuellner, M; Buan, NR; Stone, JM; **Glowacka, K**; Roston, RL (2025) Coenzyme M: An Archaeal Antioxidant as an Agricultural Biostimulant. Antioxidants 14: 140. DOI: 3390/antiox14020140. IF=6,6; MNiSW=100

Glowacka, K (2025) Mechanisms underpinning natural variation in non-photochemical quenching kinetics. Biochemical Society Transactions 53: 1237-1248. DOI: 1042/BST20253087. IF=4,3; MNiSW=100

Sobańska, K; Mokrzycka, M; **Przewoźnik, M**; **Pniewski, T**; **Głowacka, K** (2025) Exploring chilling stress and recovery dynamics in C4 perennial grass of *Miscanthus sinensis*. PLOS ONE 20(1): e0308162. DOI: 10.1371/journal.pone.0308162. IF=2,6; MNiSW=100

Wojtkowiak, E; Czyż, KB; Basińska-Barczak, A; **Pudelska, H**; **Glowacka, K**; **Pniewski, T**; Sobańska, K (2025) Enhanced micropropagation of *Miscanthus x giganteus*: a sustainable approach to optimal regenerated plant growth. Plant Cell, Tissue and Organ Culture 162: 35. DOI: 10.1007/s11240-025-03102-6. IF=2,4; MNiSW=100

Mussabayeva, B; Akimzhanova, K; Sabitova, A; Ydyrys, A; Kruszka, D; **Cerazy-Waliszewska, J**; Łęska, B; Tabisz, Ł (2025) Extraction of Lipids from Natural Saline Mud and their Interpretation from Point of Biological Activity in the Context of Salt Lakes of North-East Kazakhstan. Engineered Science 30: 1628. DOI: 10.30919/es1628. IF- ; MNiSW=20

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Kierownik Zakładu

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

Skład Zakładu

dr Joanna Kaczmarek

mgr inż. Witold Irzykowski

Magdalena Właszczyk

mgr Asli Cimen (2/5 etatu od 1 czerwca 2025)

Opis profilu badawczego Zakładu

Wczesne wykrywanie i identyfikacja patogenów roślin uprawnych (gatunek, patotyp, rasa, typ kojarzeniowy, gen awirulencji), w tym zwłaszcza grochu i rzepaku, przy pomocy metod klasycznych i molekularnych oraz sekwencjonowanie ich genomów, w celu poznania zmienności populacji. Analiza składu mikrobiomów glebowych towarzyszących chorobom korzeni. Identyfikacja źródeł odporności i markerów molekularnych związanych z odpornością na choroby. Poszukiwanie markerów fenotypowych porażonych roślin z wykorzystaniem kamer multispektralnych.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	6
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	5 (czasopisma branżowe)
Ogółem	11

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	2	2	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	-	-	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	2	1	1
Inny	1	-	-
Ogółem	5	3	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, proszę wymieniać osoby po przecinku), osoby spoza IGR (w nawiasie akronim instytucji i jej lokalizacja np. UP Poznań)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	<p>European Union Horizon Europe program, project AgroServ, GA No. 101058020. AgroServ-24-C1-Agro-TNA-018 Common lotus – sustainable crop and valuable forage for cows on agroecological farms</p>	<p>M. Jędrzycka; D. Kruszka, M. Gawłowska, J. Kaczmarek, W. Irzykowski B. Kowalik z zespołem (IFiZZ PAN, Jabłonna) M. Mandalakis, HMCR, Thalassocosmos - Gournes, Kreta, Grecja A. Kondics-Spica z zespołem, Plant and Soil Pheno, Novi Sad, Serbia R. Baumont z zespołem, INRAE IEPL, PEGASE JRU, Rennes (Saint Gilles, Mejusseaume), Bretagne, Francja</p>	TAK
2.	<p>Interreg, PestSpace „Improving resilience to the spread of plant diseases via a regional Pest Common Data Space”; Priorytet: Innovative societies; 2025-2028</p>	<p>Lider projektu: U. Koljalg, Uniwersytet w Tartu, Estonia; M. Jędrzycka - lider WP2; J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Gawłowska Uniwersytet Warszawski Hodowla Roślin Smolice, Grupa IHAR Estońskie Centrum Badań i Wiedzy Rolniczej, Jõgeva, Estonia Instytut Zasobów Naturalnych, Helsinki, Finlandia Uniwersytet w Helsinkach, Finlandia Łotewski Uniwersytet Techniczno-Przyrodniczy, Jelgava, Łotwa Uniwersytet Witolda Wielkiego, Kowno, Litwa</p>	TAK

3.	MRiRW ; Postęp Biologiczny; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin; nr 21; 2021-01-01; 2025-12-31	M. Jędrzcza; M. Gawłowska, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, M. Kaszuba (SDB Tomaszkowo), W. Pietruczanis (PHR Wiatrowo)	NIE
4.	MRiRW ; Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; nr 25; 2021-01-01; 2026-12-31	M. Jędrzcza; J. Kaczmarek, W. Irzykowski; J. Piekarczyk, J. Ceglarek (UAM, Poznań), A. Pszczółkowska, A. Okorski, Ł. Paukszto (UWM, Olsztyn)	TAK
5.	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; 2022-2025	M. Jędrzcza; J. Kaczmarek, W. Irzykowski	NIE

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Udowodniono, że substytucja G476S w genie CYP51 prowadzi do zmniejszonej wrażliwości *Plenodomus biglobosus* na fungicydy z grupy triazoli. U 8% izolatów stwierdzono także duplikacje w sekwencji promotorowej genu CYP51, nie stwierdzono zaś zmian polegających na przeniesieniu transpozonów do promotora CYP51, co jest mechanizmem utraty wrażliwości na triazole u pokrewnego gatunku *P. lingam*. Niniejszym wykazano, że oba gatunki wykształciły różne mechanizmy pozwalające im na zasiedlanie roślin rzepaku traktowanych fungicydami z grupy triazoli.

King, KM; González-Rodríguez, LM; **Kaczmarek, J; Jedryczka, M**; West, JS (2025) Decreased DMI sensitivity of *Plenodomus biglobosus* (phoma of oilseed rape) associated with CYP51 substitution G476S. Pest Management Science. DOI: 10.1002/ps.8926

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

Interreg, PestSpace; Improving resilience to the spread of plant diseases via a regional Pest Common Data Space. Obecnie w UE brak jest precyzyjnego i cyfrowo dostępnego wspólnego schematu monitoringu oraz identyfikacji chorób i szkodników roślin uprawnych w celu powiadamiania plantatorów o zagrożeniach. Od 2025 roku w pięciu krajach regionu Morza Bałtyckiego (Polska, Litwa, Łotwa, Estonia i Finlandia) realizowany jest projekt naukowy w celu utworzenia systemu identyfikacji chorób i szkodników bobiku oraz pszenicy ozimej na

podstawie zdjęć przesyłanych za pośrednictwem aplikacji mobilnej. Rozpoznanie patogenów i szkodników następuje z wykorzystaniem środowiskowego DNA (sekwencjonowanie nanoporowe) oraz uczenia maszynowego, a dane są przechowywane we wspólnej bazie na platformie PlutoF i dostępne bezpłatnie dla wszystkich zarejestrowanych. W 2025 roku wykonano dwa doświadczenia polowe z bobikiem. W SDOO Chrzęstowo k/Nakła (Kujawy) pobrano 1497 prób porażonych liści oraz 118 prób chrząszczy i 51 prób mszyc, a także wprowadzono 1808 zdjęć do PlutoF, natomiast w ZDOO Rarwino (Pomorze Zachodnie) wartości te wynosiły odpowiednio 831 (choroby), 64 (chrząszcze), 9 (mszyce) i 1753 (fotografie objawów). Wyodrębniono 352 grzyby i wyizolowano z nich DNA. W 2026 roku przewidywana jest identyfikacja sprawców na podstawie sekwencji bar kodowych dla grzybów (ITS, β -tub, TEF) oraz owadów (COI) oraz sekwencjonowanie nanoporowe eDNA.

MRiRW; MR-21; Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin. W 2025 roku z plam na liściach grochu wyodrębniono grzyby z gatunków *Didymella pinodes*, *D. pinodella* oraz *D. pomorum*, wywołujące askochytozę. Celem badań była identyfikacja genów związanych z odpornością na *D. pinodes*, zaprojektowanie markerów związanych z tą cechą oraz oznaczenie wpływu patogena na sprawność fotosyntetyczną roślin. W warunkach polowych (Wielkopolska, Warmia) i kontrolowanych oznaczono porażenie form i linii dwóch populacji mapujących grochu; w obu lokalizacjach Arewna i DS20232 miały najmniej objawów askochytozy. W populacjach mapujących stwierdzono korelację pomiędzy porażeniem roślin a strukturą plonu. Zauważono istotną, negatywną korelację pomiędzy stopniem porażenia w liniach populacji mapujących, a parametrami fotosyntetycznymi z wyjątkiem ETo/RC (specyficzny przepływ energii w przeliczeniu na akceptor chinonowy Q_A). Wykazano, że wysoka ekspresja genów *Iso*, *Def* i *PBsR* obserwowana 24 godziny po infekcji (hpi) może służyć jako marker odporności, a wysoka ekspresja genu *Chlab* 4hpi cechuje linie podatne. Mapowanie asocjacyjne wskazało, że rejony genomu grochu chr6LG2, chr3LG5, chr4LG4, chr7LG7 są istotne w odporności na askochytozę. Najważniejszymi procesami biologicznymi związanymi z odpornością poza biosyntezą izoflawonów były procesy związane z fotosyntezą, szlakiem kwasu jasmonowego i salicylowego, biosyntezą aminokwasów, przebudową ścian komórkowych oraz metabolizmem azotu i fosforu.

MRiRW; MR-25; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki. Badania dotyczą grzybów i pierwotniaków wywołujących główne choroby rzepaku: suchą zgniliznę kapustnych, zgniliznę twardzikową, werciliozę i kiłę kapusty. Celem projektu jest charakterystyka szczepów aktualnie występujących w Polsce oraz badanie odporności materiałów kolekcyjnych (poszukiwanie źródeł odporności) i hodowlanych. Z 50 prób liści z objawami suchej zgnilizny kapustnych zebrano 47 izolatów *Plenodomus lingam* (*L. maculans*) oraz 3 izolaty *P. biglobosus* (*L. biglobosa*), a zatem grzyby te występowały w proporcji 94:6. W odróżnieniu od lat poprzednich wszystkie izolaty *Verticillium* z porażonych łodyg rzepaku zidentyfikowano jako *V. longisporum* (25 prób, 100%). Średnie porażenie rzepaku mierzone testem płatkowym w 50 miejscowościach wynosiło 13,95% i wahało się od 0 do aż 67,5%. Oznaczono odporność 90 materiałów hodowlanych rzepaku, a wyniki testów przekazano hodowcom. W warunkach stacjonarnych pomiarów z wykorzystaniem platformy HTTP (high Throughput Plant Phenotyping) rośliny inokulowane grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* charakteryzowały się istotnie mniejszą powierzchnią,

obwodem, oraz stosunkiem szerokości do wysokości w porównaniu z roślinami zdrowymi, przy jednocześnie wyższym współczynniku zawartości. Parametry multispektralne i wartości barwne w większości zakresów były niższe dla roślin porażonych, co zapewne związane było z degradacją chlorofilu i występowaniem martwicy tkanek charakterystycznych dla postępującej infekcji patogenem. W przypadku fenotypowania w warunkach mobilnego przesuwania kamery RGB i multispektralnej po polu z roślinami porażonymi grzybem *S. sclerotiorum* i zdrowymi, pięć z tych parametrów różniło się statystycznie. Z pomocą Zakładu Teledetekcji Środowiska i Gleboznawstwa na Wydziale Geografii UAM zbliżone formy detekcji zastosowano także z wykorzystaniem drona. Badania zmierzają do opracowania metody detekcji zgnilizny twardzikowej z wykorzystaniem zautomatyzowanych platform fenotypowych i sztucznej inteligencji.

ARiMR; PROW „Współpraca”; *Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe.* W testach odpornościowych z wykorzystaniem polskich odmian rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus*) wykazano zróżnicowaną odporność na aktualnie występujące w Polsce patotypy pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* wywołującego kiłę kapusty.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Durak, R; Borowiak-Sobkowiak, B; Szpyrka, E; Durak, T; Ciak, B; **Jedryczka, M** (2025) Composition of fatty acids in hemp leaves (*Cannabis sativa* L.) is affected by aphids and the herbicide. *Journal of Plant Protection Research* 65 (2): 241-254. DOI: 10.24425/jppr.2025.155051. IF=1,3; MNiSW=100

King, KM; González-Rodríguez, L.M; **Kaczmarek, J; Jedryczka, M;** West, JS (2025) Decreased DMI sensitivity of *Plenodomus biglobosus* (phoma of oilseed rape) associated with CYP51 substitution G476S. *Pest Management Science*. DOI: 10.1002/ps.8926. IF 3,8; MNiSW=140

Piekara, J; Piasecka-Kwiatkowska, D; Siger, A; Hołaj, H; **Jędrzycka, M;** Daramola, OD; Dwiecki, K (2025) Profiles of phenolic compounds in hop (*Humulus lupulus* L.) depend on the cultivar and plant organ maturity. *Molecules* 30 (11): 2365. DOI: 10.3390/molecules30112365. IF 4,6; MNiSW=140

Zamani-Noor, N; **Jedryczka, M** (2025) Inoculum and Inoculation Techniques: Key Steps in Studying Pathogenicity and Resistance to Sclerotinia stem rot in Oilseed rape. *Frontiers in Plant Science* 16: 1610049. DOI: 10.3389/fpls.2025.1610049. IF 4,8; MNiSW=100

Niemann, J., Starosta, E; **Kaczmarek, J;** Pawłowicz, I; Bocianowski, J (2025) Expression Profiling and Interaction Effects of Three R-Genes Conferring Resistance to Blackleg Disease in Brassica napus. *Applied Sciences* 15: 11613. DOI: 10.3390/app152111613. IF=2,5; MNiSW=100

Singh, H; Kumar, P; Singh, J; **Jedryczka, M;** Gawłowska, M; Tiwari, S (2025) Efficient protoplast isolation and transfection for CRISPR/Cas9-based genome editing in pea (*Pisum sativum* L.). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 163: 12. DOI: 10.1007/s11240-025-03198-w. IF=2,4; MNiSW=100

Czasopisma branżowe

Kaczmarek, J; Jędrzycka, M (2025) Odporność na choroby w odmianach rzepaku: Unia stawia na odporność genetyczną. *Przedsiębiorca Rolny* (5-6/2025).

Jędrzycka, M; Kaczmarek, J (2025) Choroby rzepaku. *Przedsiębiorca Rolny* (7/2025).

Kaczmarek, J; Jędrzycka, M (2025) Wercilioza działa w ukryciu. *Nowoczesna Uprawa* 05: 28-31.

Jędrzycka, M. Kaczmarek, J (2025) Diagnostyka i zwalczanie suchej zgnilizny kapustnych. *Nowoczesna Uprawa* 07: 42-43.

Kaczmarek, J (2025) Chemia i biologia razem – przyszłość zapraw. *Nowoczesna Uprawa* 08: 28-31.

ZAKŁAD INTERAKCJI ROŚLINA - PATOGEN

Kierownik Zakładu	prof. dr hab. Łukasz Stępień
Skład Zakładu	dr inż. Monika Urbaniak mgr Maria Kwiatkowska (do 31.08.2025) mgr Elsie Ayamoh Enow (doktorantka PSD IPAN) mgr Marta Magnucka (od 09.2025) mgr Ksenia Wojtasik (od 11.2025)

Opis profilu badawczego Zakładu

Zainteresowania naukowe Zakładu koncentrują się wokół grzybów patogenicznych w stosunku do roślin uprawnych, zwłaszcza toksynotwórczych gatunków *Fusarium*. Główny cel badań to analiza genetycznych podstaw biosyntezy mykotoksyn przez różne gatunki patogenów, a także poznanie elementów wpływających na regulację aktywności tych szlaków metabolicznych. Na podstawie analiz sekwencji DNA rekonstruowane są zależności filogenetyczne oparte o geny metabolizmu wtórnego. Badany jest wpływ biotycznych i abiotycznych czynników stresowych na metabolizm grzyba oraz rola mykotoksyn i enzymów litycznych w komunikacji roślina-patogen w procesie infekcji organizmu gospodarza. Badana jest także zdolność grzybów entomopatogenicznych do biotransformacji związków bioaktywnych.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	3
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	1
Ogółem	4

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 „zewnątrznych” w 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	2	2	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	2	2	-

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; SONATA 20; Entomopatogenne grzyby strzępkowe: Źródło 11-hydroksylazy progesteronu dla zrównoważonej i ekologicznej syntezy hydroksysteroidów; nr 2024/55/D/NZ1/02545; 2025-10-01; 2028-09-30	dr inż. E. Kozłowska (UP Wrocław); Kierownik zadania IGR PAN: M. Urbaniak; M. Kawałito, A. Kiełbowicz-Matuk	TAK
2.	NCN; OPUS 22; Specyficzność regulacji interakcji <i>Fusarium-szparag</i> przez metabolity i hormony gospodarza wytwarzane podczas infekcji; nr 2021/43/B/NZ9/02701; 2022-06-27; 2026-06-26	Ł. Stępień; M. Urbaniak, E. Enow, A. Waśkiewicz (UPP), M. Bryła (IBPRS), K. Grądzka	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Wykazano, że ekstrakt z liści morwy skutecznie hamuje wzrost oraz produkcję fumonizyn, a także hamuje ekspresję genów *FUM* u *Fusarium proliferatum*.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

NCN; OPUS 22; *Specyficzność regulacji interakcji Fusarium-szparag przez metabolity i hormony gospodarza wytwarzane podczas infekcji.* Przeprowadzono analizy wpływu metanolowych ekstraktów z roślin szparaga na metabolizm i biosyntezę mykotoksyn przez *Fusarium proliferatum* i *F. oxysporum*. Ekstrakty w testach płytkowych na podłożu PDA hamowały wzrost czterech szczepów należących do obu gatunków patogenów, a także zmniejszały ilości fumonizyn i bowerycyny syntetyzowanych przez szczepy *F. proliferatum* oraz moniliforminy wytwarzanej przez szczepy *F. oxysporum*. Wyniki tych doświadczeń zostały zebrane w formie publikacji, która jest obecnie przygotowana do wysłania.

NCN; SONATA 20; *Entomopatogenne grzyby strzępkowe: Źródło 11-hydroksylazy progesteronu dla zrównoważonej i ekologicznej syntezy hydroksysteroidów.* Projekt badawczy koncentruje się na poszukiwaniu grzybów entomopatogennych, efektywnych w 11-hydroksylacji związków steroidowych, niezbędnej do produkcji steroidów przeciwzapalnych. Obecnie wyizolowano tylko osiem 11-hydroksylaz grzybowych, z czego żadna nie pochodzi z entomopatogennych grzybów strzępkowych (EFF), znanych ze swojej skuteczności w biotransformacji steroidów. Projekt ma na celu identyfikację i ekspresję 11-hydroksylaz progesteronu z entomopatogennych grzybów strzępkowych w *Saccharomyces cerevisiae*, organizmie modelowym, w celu stworzenia wydajnego systemu produkcji wysokowartościowych pochodnych 11-hydroksysteroidów. Cel 1: Identyfikacja i dalsza ekspresja 11-hydroksylaz ze szczepów EFF w *S. cerevisiae* w celu scharakteryzowania ich

aktywności i selektywności wobec szerokiego spektrum związków steroidowych; Cel 2: Porównanie stereo-, regio- i chemoselektywności ośmiu już znanych grzybowych 11-hydroksylaz steroidowych w odniesieniu do szerokiego spektrum steroidów, aby poszerzyć naszą wiedzę na temat zakresu ich substratów.

Pozostałe badania:

NCN; OPUS 16; *Wpływ ekstraktów z owoców jarzębiny na wzrost i metabolizm grzybów Fusarium*, nr 2018/31/B/NZ9/03485; A. Waśkiewicz (UP w Poznaniu) (projekt zakończony w 2024 r., kontynuacja badań w ramach współpracy). Celem badania była ocena zdolności ekstraktów z liści morwy (*Morus L.*) do hamowania wzrostu *Fusarium proliferatum* oraz analiza wpływu tych ekstraktów na syntezę mykotoksyn w podłożu hodowlanym w warunkach *in vitro*. Ponadto zbadano ekspresję genu *FUM1* kluczowego w szlaku biosyntezy fumonizyn u *F. proliferatum*. Ekstrakty z liści morwy uzyskano metodą ekstrakcji nadkrytycznym CO₂ (SFE-CO₂) pod ciśnieniem 250 barów i w temperaturach 40, 50 oraz 60°C. Przeciwgrzybicze działanie ekstraktów przetestowano na stałym podłożu PDA z dodatkiem ekstraktów w stężeniach 5% i 10%, zastosowanych do kultur *F. proliferatum*. Hodowlę prowadzono w temperaturze 25°C w ciemności przez siedem dni, w ostatnim dniu zmierzono średnicę wyrosniętej grzybni. Następnie w podłożu zmierzono stężenia ergosterolu oraz fumonizyn (FB₁-FB₃) metodą LC-MS/MS. Po wybraniu najskuteczniejszej metody ekstrakcji na podstawie eksperymentów na podłożu stałym, przeprowadzono analizę ekspresji genu *FUM1* w hodowli płynnej. Za pomocą RT-qPCR zmierzono ekspresję genu *FUM1*, kodującego syntazę poliketydową - kluczowy enzym w klastrze genów *FUM* zaangażowany w biosyntezę fumonizyn, w punktach czasowych 4, 24, 48, 72 oraz 96 godzin po dodaniu ekstraktu z morwy. Równocześnie w podłożu płynnym oznaczano stężenia fumonizyn metodą LC-MS/MS w tych samych punktach czasowych. Wykazano, że ekstrakt z liści morwy skutecznie hamuje wzrost oraz produkcję mykotoksyn, dodatkowo hamuje ekspresję genów klastra *FUM* u *F. proliferatum*. Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane do przygotowania publikacji dotyczącej aktywności przeciwgrzybiczej ekstraktów z liści *Morus L.* wobec *F. proliferatum* oraz możliwości ich zastosowania jako naturalnych środków przeciwgrzybiczych w rolnictwie i przemyśle spożywczym.

W ramach współpracy z prof. dr hab. Wiolettą Przysiaś oraz dr inż. Marceliną Jureczko z Politechniki Śląskiej w Gliwicach przeprowadzono analizę ekspresji genów kodujących enzymy odpowiedzialne za rozkład cytostatycznych leków. W badaniach skupiono się na głównych enzymach biorących udział w rozkładzie tj. lakazy oraz peroksydazy. Wyniki zostały zebrane w manuskrypcie pt. "Lignin-Modifying Enzyme genes expression in *Trametes versicolor* (strain CB8) in response to the cytostatic drugs bleomycin and vincristine." Manuskrypt jest na etapie recenzji. Po przeanalizowaniu wyników postawiono pytanie badawcze, czy grzyby białego rozkładu drewna mogą także w efektywny sposób rozkładać inne leki oraz jakie inne enzymy mogą brać udział w tych procesach. To pytanie przedstawiono jako propozycję projektu badawczego SONATA 21, która została złożona w grudniu 2025 roku jako konsorcjum IGR PAN oraz Politechniki Śląskiej.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Enow, EA; Urbaniak, M; Stepień, Ł (2025) Host Metabolites in Asparagus-Fusarium Interaction: Mechanisms and Regulation. *Plant Pathology* 74: 923942. DOI: 1111/ppa.14083. IF=2,4; MNiSW=140

Modrzewska, M; Popowski, D; Błaszczyk, L; **Stępień, Ł**; Waśkiewicz, A; **Urbaniak, M**; Bryła, M (2025) Interfungal antagonism between *Trichoderma* and *Fusarium proliferatum* - metabolomic and DNA-based analyses. *Journal of Applied Genetics* 66: 1079-1095. DOI: 1007/s13353-025-01014-x. IF=1,9; MNiSW=140

Kawaliło, M; Lalak-Kańczugowska, J; Dutkiewicz, Z; **Urbaniak, M**; Popiel, D; Czyż, K; Koczyk, G (2025) Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi. *PeerJ* 13: e20472. DOI: 10.7717/peerj.20472. IF=2,4; MNiSW=100

Kudławiec, B; Domian, G; Gorczak, M; Kujawa, A; Łożek, M; Naser, G; Nowak, ME; Pawłowska, J; Piskorski, S; Stasińska, M; Tischer, M; **Urbaniak, M**; Wrzosek, M (2025) Obserwacje mykologiczne członków Sekcji Różnorodność i Ochrona Grzybów Polskiego Towarzystwa Mykologicznego. Część VI. – Mycological records by Fungal Diversity and Conservation Section of the Polish Mycological Society. Part 6. *Przegląd Przyrodniczy Tom XXXVI, 4* (2025): 3-65.

ZAKŁAD MIKROBIOMIKI ROŚLIN

Kierownik Zakładu	dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN
Skład Zakładu	dr Sylwia Salamon dr Aleksandra Chojnacka mgr Polina Havrysh mgr inż. Piotr Banachewicz

Opis profilu badawczego Zakładu

W Zakładzie realizowane są prace z zakresu szeroko rozumianej mikrobiomiki różnych gatunków roślin, obejmującej: ocenę różnorodności i składu zbiorowisk bakteryjnych i grzybowych związanych z tkankami roślin; izolację i identyfikację mikroorganizmów; diagnostykę molekularną i ocenę stopnia zasiedlenia różnych materiałów biologicznych mikroorganizmami; określenie wpływu genotypu rośliny, jej organów, warunków wzrostu, stadium rozwojowego na skład mikroorganizmów; rozpoznanie sposobu przenoszenia się mikroorganizmów w roślinie, pomiędzy roślinami i jej pokoleniami; definiowanie morfofizjologicznych i molekularnych reakcji roślin na zmiany w ich mikrobiomie; znaczenia mechanizmów epigenetycznych w interakcjach roślin z mikroorganizmami; ocenę aktywności antagonistycznej mikroorganizmów pożytecznych w kontekście ich wykorzystania w biologicznej ochronie roślin; charakterystykę grzybów symbiotycznych jako biostymulatorów wzrostu i rozwoju roślin oraz induktorów reakcji obronnych i odpornościowych roślin, a także wykorzystanie pożytecznych mikroorganizmów w restytucji i utrzymaniu gatunków rzadkich i zagrożonych w Polsce.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	4
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	4

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	1
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	1	1	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	1
Inny	-	-	-
Ogółem	1	1	2

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 24; RNaCTiON: microRNA i siRNA- mediatorzy w komunikacji pomiędzy pszenicą zwyczajną, a patogenicznymi i symbiotycznymi grzybami; nr 2022/47/B/NZ9/01282; 2023-05-18; 2027-05-19	L. Błaszczyk; S. Salamon, P. Havrysh, P. Banachewicz, A. Chojnacka, P. Krajewski	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Po raz pierwszy dokonano opisu różnorodności grzybów endofitycznych związanych z rośliną leczniczą *Calicotome spinosa* i wykazano, że może ona stanowić rezerwar dla różnorodnych i potencjalnie odpornych na stres symbiontów grzybowych znanych ze swojej plastyczności ekologicznej i wszechstronności funkcjonalnej, których obecność w tkankach rośliny grzybów może przyczyniać się do wzmocnienia jej kondycji i funkcjonowania w środowisku śródziemnomorskim.

Zareb, A; **Banachewicz, P; Havrysh, P; Błaszczyk, L;** Hammad, T; Meftah, C; **Salamon, S** (2025) Endophytic fungal communities of *Calicotome spinosa*—an important medicinal plant of Tizi-Ouzou (Algeria). *Journal of Applied Genetics* 66: 763-769.

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

NCN; OPUS 24; RNaCTiON: *microRNA i siRNA- mediatorzy w komunikacji pomiędzy pszenicą zwyczajną, a patogenicznymi i symbiotycznymi grzybami.* Prace stanowiły kontynuację badań nad molekularnymi mechanizmami odpowiedzi pszenicy zwyczajnej na infekcję grzybem *Fusarium culmorum* i/lub inokulację pożytecznym gatunkiem *Trichoderma atroviride*, ze szczególnym uwzględnieniem roli małych RNA (miRNA i miRNA) oraz tzw. zjawiska „trans-kingdom RNA interference” (tkRNAi) w interakcji z patogenem. Analizowano dwie odmiany pszenicy o różnej wrażliwości na *F. culmorum*: mniej wrażliwą odmianę Ambicja oraz podatną odmianę Muszelka w warunkach infekcji wysoce wirulentnym szczepem EW49. Zastosowano zintegrowane podejście sekwencjonowania RNA (RNA-seq), małych RNA (sRNA-seq) oraz degradomu, co umożliwiło jednoczesną analizę zmian transkryptycznych gospodarza i patogena oraz identyfikację potencjalnych interakcji regulacyjnych typu „trans-kingdom RNA interference”. Analiza RNA-seq wykazała istotne różnice w dynamice odpowiedzi obu odmian. Odmiana Ambicja charakteryzowała się szybką i ukierunkowaną reakcją we wczesnej fazie infekcji (do 24h), obejmującą supresję procesów metabolicznych oraz aktywację genów stresowych związanych m.in. z sygnalizacją ABA, białkami LEA i metabolizmem glutationu. W fazie późnej obserwowano wzmocnienie mechanizmów obronnych, w tym aktywację szlaku fenylopropanoidowego i biosyntezy ligniny, co wskazuje na skuteczne wzmacnianie ściany komórkowej i kontrolę homeostazy redoks. Odmiana Muszelka wykazywała natomiast silną, lecz nieskoordynowaną odpowiedź transkrypcyjną, z masową indukcją genów już we wczesnej fazie infekcji, zwłaszcza

związanych ze stresem oksydacyjnym i transportem azotu. W późnym etapie utrzymywał się stan zaburzonej równowagi redoks oraz objawy przewlekłego stresu, co sugeruje opóźnioną i nieskuteczną reakcję obronną. Analiza miRNA pszenicy ujawniła obecność 14 miRNA o zróżnicowanej ekspresji we wczesnej fazie infekcji wyłącznie w odmianie Ambicja, co wskazuje na rolę miRNA w precyzyjnej regulacji odpowiedzi stresowej i hormonalnej u roślin bardziej odpornych. W odmianie podatnej taka regulacja była słaba lub opóźniona. W celu udokumentowania zajścia zjawiska „trans-kingdom RNA interference” przeprowadzono analizę degradomu, które pozwoliła zidentyfikować 17 potencjalnych możliwości oddziaływania miRNA pszenicy - transkrypty *Fusarium* (związane m.in. z degradacją białek, metabolizmem redoks i regulacją transkrypcji). Szczególnie interesującym wynikiem jest identyfikacja miRNA pszenicy potencjalnie celującego w transkrypt *F. culmorum* kodującym białko podobne do polimerazy DNA kluczowe dla replikacji patogena. Zauważono, że to miRNA było silnie indukowane we wczesnej fazie infekcji w korzeniach odmiany wrażliwej. Dodatkowo w korzeniach roślin w późnej fazie infekcji wykryto dwa znane miRNA pochodzenia grzybowego. Jedna z tych cząsteczek miRNA jest przypuszczalnie regulatorem genu pszenicy kodującego białko DHN4-like (dehydrynę z grupy LEA II). Warto podkreślić, że ekspresja tego genu wzrastała w odmianie Ambicja, natomiast była silnie obniżona w odmianie Muszelka, co jest zgodne z hipotezą patogenego wyciszania mechanizmów ochronnych gospodarza. Podsumowując, uzyskane wyniki wskazują, że odporność pszenicy na *F. culmorum* wiąże się z szybką, skoordynowaną regulacją transkryptomoczną oraz aktywnym udziałem miRNA w modulowaniu odpowiedzi obronnej. Jednocześnie dane dostarczają pierwszych dowodów na istnienie dwukierunkowego dialogu molekularnego między pszenicą a *F. culmorum*, mediowanego przez małe RNA. Choć obserwacje te mają charakter wstępny wskazują na możliwość aktywnego wpływu rośliny na patogena. Prace będą kontynuowane, a uzyskane wyniki weryfikowane metodami ddPCR i 5' RACE. Podobne analizy zostaną przeprowadzone dla układu doświadczalnego pszenica – *T. atroviride*. Co więcej, kontynuowane będą rozpoczęte w obecnym roku sprawozdawczym badania nad udziałem siRNA w interakcji pszenica-grzyby w inicjowaniu *de novo* metylacji DNA w genomie pszenicy. Jak dotąd na podstawie analizy sRNA-seq zidentyfikowano cząsteczki siRNA i dokonano predykcji genów targetowych w genomie pszenicy. Kontynuacja tych prac będzie polegała na ocenie profili metylacji DNA regionów promotorowych potencjalnych genów targetowych.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Pijanowski, W; Chmielewski, S; Wysoczanski, W; **Havrysh, P**; Turnau, K; Lembicz, M (2025) *Beauveria felina* Accelerates Growth When Competing with Other Potential Endophytes. *Environmental Microbiology Reports* 17: e70067. DOI: 1111/1758-2229.70067. IF 2,7; MNiSW=100

Zareb, A; **Banachewicz, P**; **Havrysh, P**; **Błaszczuk, L**; Hammad, T; Meftah, C; **Salamon, S** (2025) Endophytic fungal communities of *Calicotome spinosa*—an important medicinal plant of Tizi-Ouzou (Algeria). *Journal of Applied Genetics* 66: 763-769. DOI: 10.1007/s13353-025-00980-6. IF 1,9; MNiSW=140

Salamon, S; Mikołajczak, K; Basińska-Barczak, A; **Banachewicz, P**; **Błaszczuk, L** (2025) Intergenerational and horizontal transmission of wheat endophytic fungi. *Scientific Reports* 15(1): 42275. DOI: 10.1038/s41598-025-26280-x. IF 3,9; MNiSW=140

Modrzewska, M; Popowski, D; **Błaszczuk, L**; Stępień, Ł; Waśkiewicz, A; Urbaniak, M; Bryła, M (2025) Interfungal antagonism between *Trichoderma* and *Fusarium proliferatum* - metabolomic and DNA-based analyses. Journal of Applied Genetics 66: 1079-1095. DOI: 1007/s13353-025-01014-x. IF 1,9; MN=140

ZAKŁAD GENOMIKI ROŚLIN STRĄCZKOWYCH

Kierownik Zakładu **dr hab. Magdalena Kroc**
 Skład Zakładu prof. dr hab. Wojciech Świącicki, czł. rzecz. PAN (pracownik emerytowany)
 dr hab. Karolina Susek
 dr Magdalena Gawłowska
 dr Umesh Tanwar
 dr Katarzyna Czepiel
 mgr Magdalena Tomaszewska
 Wiktoria Lajzner (od 06.10.2025)
 mgr Humaira Jamil (doktorantka PSD IPAN)

Opis profilu badawczego Zakładu

Badania Zakładu obejmują genomikę cech użytkowych łubinów, grochu i fasoli oraz ewolucję genomów łubinów. Prowadzone są prace nad charakterystyką i zarządzaniem zasobami genetycznymi łubinu białego i andyjskiego, tworząc tzw. Inteligentne Kolekcje, oparte na liniach SSD scharakteryzowanych molekularnie i fenotypowo. Badane jest molekularne podłoże biosyntezy i akumulacji alkaloidów u łubinów oraz mechanizmy ewolucyjne warunkujące wielkość nasion łubinów i fasoli. Badania u grochu obejmują wyjaśnienie molekularnego podłoża odporności na askochytozę oraz szlaku biosyntezy oligosacharydów.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	7
Poza listą	
Monografie i rozdziały	
Inne	
Ogółem	7

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	2	2	2
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	1	1	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	1	1	1
Inny	-	-	-
Ogółem	4	4	3

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	EU Horizon Europe; HORIZON Innovation Actions; Legume Generation: Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe; no. 101081329; 2023-09-01; 2028-02-29	K. Susek; M. Kroc, M. Tomaszewska, U. Tanwar, H. Jamil Koordynator: Lars-Gernot Otto (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research)	TAK
2.	EU Horyzont 2020; RIA; INCREASE - Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems; no. 862862; 2020-05-01; 2026-04-30	K. Susek/ M. Kroc; M. Tomaszewska, K. Czepiel, U. Tanwar, H. Jamil, Koordynator: R. Papa (Universita Politecnica delle Marche; Włochy)	TAK
3.	NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); nr 2019/35/B/NZ8/04283; 2020-07-20; 2026-07-19	K. Susek; M. Kroc, M. Tomaszewska, U. Tanwar, H. Jamil, W. Lajzner	TAK
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 ich niskiej zawartości w nasionach; nr 19; 2021-01-01; 2026-12-31	M. Kroc; W. Święcicki, K. Czepiel, G. Koczyk, A. Kiełbowicz- Matuk, K. Susek, P. Barzyk (Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., oddział Wiatrowo)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Uzyskano porównawczy obraz uwarunkowań genetycznych i regulacyjnych niskiej zawartości alkaloidów w łubinie wąskolistnym, zestawiając dwa odmienne tła genetyczne (*iucundus* oraz linie z Briańska). Wskazano geny kandydackie dla brakujących etapów biosyntezy oraz zmiany ekspresji związane z regulacją niezależną od *iucundus*. Zidentyfikowano motyw wiązania czynnika transkrypcyjnego RAP2-7 oraz powiązano substytucję R196S z osłabionym wiązaniem DNA i niskim poziomem alkaloidów.

MRiRW; MR-19; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny przy zachowaniu ich niskiej zawartości w nasionach

Publikacja złożona:

Czepiel, K; Burdzińska, A; **Susek, K;** Kiełbowicz- Matuk, A; Koczyk, G; **Kroc, M** Multi-omics insights into quinolizidine alkaloid biosynthetic architecture in narrow-leafed lupin genotypes with contrasting alkaloid regulation. BioRxiv, DOI: 10.64898/2026.01.08.698079.

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

EU Horizon Europe; Legume Generation: Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe. Celem prac jest zwiększenie innowacyjności w uprawie łubinów w Europie. Przeprowadzono doświadczenie polowe z siewem wiosennym, ukierunkowane na ocenę zdolności adaptacyjnych do warunków środowiskowych wybranych linii trzech gatunków łubinów: białego (*Lupinus albus*), wąskolistnego (*L. angustifolius*) i andyjskiego (*L. mutabilis*). Dodatkowo po raz kolejny przeprowadzono doświadczenie zimowe w warunkach polowych (siew w październiku), obejmujące te same trzy gatunki łubinów. Celem doświadczenia jest ocena odporności badanych linii na chłód oraz wytypowanie genotypów najbardziej perspektywicznych do dalszych badań w kierunku zimotrwałości. Materiał badawczy stanowiły linie udostępnione w ramach projektu INCREASE oraz materiały hodowlane przekazane przez partnera projektu. W trakcie obu doświadczeń prowadzono obserwacje cech fenotypowych.

EU Horyzont 2020; INCREASE; - Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems. celem prac jest opracowanie i charakterystyka kolekcji zasobów genetycznych *L. albus* i *L. mutabilis*. Kontynuowano prace nad charakterystyką zmienności w opracowanych kolekcjach testowych (ang. Training-core, T-core) łubinu białego i andyjskiego. Doświadczenia prowadzono zarówno w warunkach szklarniowych, jak i polowych. W trakcie eksperymentu prowadzono szczegółową obserwację cech morfologicznych według opracowanego wcześniej protokołu fenotypowania. Równolegle realizowano prace związane z integracją danych fenotypowych i genotypowych zgromadzonych w toku realizacji projektu, której finalizację zaplanowano na 2026 rok. Kontynuowano także wyprowadzanie i rozmnożenie linii czystych (SSD) genotypów wchodzących w skład kolekcji referencyjnych (ang. Reference-core; R-core) oraz uzyskiwaniem kolejnych pokoleń nasion w utworzonych kolekcjach, w celu zapewnienia materiału siewnego do dalszych badań. Na podstawie oceny ponad 2000 akcesji łubinu białego, z wykorzystaniem danych paszportowych oraz 35 cech agro-morfologicznych opisano utworzenie oraz charakterystykę inteligentnej kolekcji dla tego gatunku.

NCN; OPUS 18; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej). Celem prac jest identyfikacja molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej). W ramach realizowanych prac przeprowadzono identyfikację poszczególnych faz rozwoju nasion u sześciu genotypów łubinu białego (*Lupinus albus*). Z wybranych faz rozwojowych wykonano ekstrakcję tkanek nasion, obejmującą m.in. okrywę nasienną oraz zarodek, w celu przeprowadzenia analiz

omicznych. Uzyskano dane transkryptomyczne dla poszczególnych tkanek nasion w dwóch kluczowych fazach rozwoju: fazie rozwoju nasiona oraz fazie dojrzałości nasion. Aktualnie prowadzone są analizy bioinformatyczne pozyskanych danych. Dotychczasowe analizy porównawcze umożliwiły opracowanie list genów związanych z rozwojem nasion, które zostały następnie włączone do szerszych analiz ewolucyjnych prowadzonych w obrębie rodzaju *Lupinus*.

MRiRW; MR-19; Alkaloidy u łubinu wąskolistnego: zrozumienie molekularnych podstaw procesu biosyntezy i akumulacji w nasionach oraz poszukiwanie form o wysokiej zawartości alkaloidów w zielonych częściach rośliny przy zachowaniu ich niskiej zawartości w nasionach. Celem prac jest Integracja i szczegółowa analiza danych sekwencjonowania wysokoprzepustowego oraz analiza sieci genów ulegających koekspresji w modelu badawczym Brianskij – *iucundus* – *lucundus*. W analizie *de novo* wysokiej jakości pików DAP-seq zrekonstruowano motyw wiązania białka AP2/ERF RAP2-7 obecny w tle *lucundus* oraz liniach z Brińska. W linii *iucundus* nie uzyskano jednoznacznego motywu AP2, co jest spójne ze zubożeniem liczby silnych miejsc wiązania w tym tle genetycznym. Adnotacja względem JASPAR 2024 wykazała podobieństwo do motywów AP2/ERF regulatorów rozwoju, w tym SMZ, TOE2 i RAP2 7 u *Arabidopsis thaliana*. Motywy zgodne z RAP2-7 wykryto też w promotorach genów kandydackich oraz wybranych genów szlaku alkaloidów. W celu oceny wpływu substytucji R196S w RAP2-7, różnicującej allele *lucundus* (Arg196) i *iucundus* (Ser196), na wiązanie DNA wykonano modelowanie kompleksu RAP2-7:DNA w AlphaFold3. Wyniki wskazują, że Arg196 stabilizuje wiązanie z DNA, a zamiana na Ser196 je osłabia, co może tłumaczyć słabsze wiązanie w *iucundus*. Ponadto, w celu powiązania ekspresji genów z poziomem alkaloidów wykonano analizę sieci koekspresji (WGCNA). We wstępnych wynikach zidentyfikowano kandydacki moduł, skorelowany z wysoką biosyntezą i akumulacją alkaloidów, w którym 35 genów wykazuje cechy węzłów o wysokiej liczbie połączeń (huby). W centrum modułu zlokalizowano znane i kandydackie geny szlaku m.in. *LDC*, *LaCAO*, *LaAT*.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Susek, K; Vincenzi, L; **Tomaszewska, M;** **Kroc, M;** Franco, E; Cosentino, E; Limongi, AR; **Tanwar, UK;** **Jamil, H;** Nelson, MN; Bayer, PE; Edwards, D; Papa, R; Delledonne, M; Jackson, SA (2025) The unexplored diversity of rough-seeded lupins provides rich genomic resources and insights into lupin evolution. *Nature Communications* 16: 4358. DOI: 1038/s41467-025-58531-w. IF=15,7; MNiSW=200

Tanwar, UK; **Tomaszewska, M;** **Czepiel, K;** Neji, M; **Jamil, H;** Rocchetti, L; Pieri, A; Bitocchi, E; Bellucci, E; Pipan, B; Meglic, V; Oppermann, M; **Kroc, M;** Papa, R; **Susek, K** (2025) Establishment and phenotypic characterization of genetically diverse core collections of *Lupinus albus*. *BMC Plant Biology* 25: 1256. DOI: 1186/s12870-025-07115-3. IF=4,8; MNiSW=140

Pipan, B; Sinkovič, L; Neji, M; Meglič, V; **Susek, K;** **Kroc, M;** Bellucci, E; Bitocchi, E; Papa, R (2025) Application of non-destructive MARVIN and NIR seed screening of pre-breeding material: A case study on common bean (*Phaseolus vulgaris*), white lupin (*Lupinus albus*) and Andean lupin (*L. mutabilis*). *Seed Science and Technology* 53: 51-72. DOI: 10.15258/sst.2025.53.1.06. IF=3,0; MNiSW=40

Santamarina, C; Mathieu, L; Bitocchi, E; Pieri, A; Bellucci, E; Di Vittori, V; **Susek, K**; Scossa, F; Nanni, L; Papa, R (2025) Agroecological genomics and participatory science: optimizing crop mixtures for agricultural diversification. *Trends in Plant Science* 30: 1211-1225. DOI: 10.1016/j.tplants.2025.04.008. IF=20,8; MNiSW=200

Tosoroni, A; Di Vittori, V; Nanni, L; Musari, E; Papalini, S; Bitocchi, E; Bellucci, E; Pieri, A; Ghitarrini, S; **Susek, K**; Papa, R (2025) Recent Advances in Molecular Tools and Pre-Breeding Activities in White Lupin (*Lupinus albus*). *Plants-Basel* 14: 914. DOI: 3390/plants14060914. IF=4,1; MNiSW=70

Rachowka, J; Szelagowski, D; Mank, K; **Tanwar, U**; Bucholc, M; Dobrowolska, G; Debski, J; Kesy, J; Gieczewska, KB; Garstka, M; Konopka-Postupolska, D (2025) Transcriptome profiling implicates ANNEXIN1 in light sensitivity and hormonal balance maintenance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiology and Biochemistry* 229: 110363. DOI: 1016/j.plaphy.2025.110363. IF=5,7; MNiSW=70

Singh, H; Kumar, P; Singh, J; **Święcicki, WK**; Jędryczka, M; **Gawłowska, M**; Tiwari, S (2025) Efficient protoplast isolation and transfection for CRISPR/Cas9-based genome editing in pea (*Pisum sativum* L.). *Plant Cell Tissue and Organ Culture* 163: 12. DOI: 1007/s11240-025-03198-w. IF=2,4; MNiSW=100

ZAKŁAD STRUKTURY I FUNKCJI GENÓW

Kierownik Zakładu	dr hab. Michał Książkiewicz, prof. IGR PAN
Skład Zakładu	dr Wojciech Bielski dr Maciej Majka (urlop bezpłatny, staż) dr Piotr Zgłobicki Sonia Nowak mgr inż. Jolanta Belter mgr Ishani Dogra (doktorantka PSD IPAN) mgr Anna Surma (doktorantka PSD IPAN) mgr Allen Paul (doktorant PSD IPAN) mgr Wioletta Glonek (doktorantka PSD IPAN od 3.06.2025)

Opis profilu badawczego Zakładu

Prace badawcze Zakładu ukierunkowane są na poznanie molekularnych mechanizmów zaangażowanych w kontrolę indukcji kwitnienia w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację u dzikich i udomowionych gatunków łubinów, identyfikację loci warunkujących adaptację soi do uprawy na terenie Polski, określenie molekularnych podstaw odporności łubinu białego na antraknozę i opracowanie zestawu markerów do selekcji łubinu wąskolistnego i białego w zakresie polowych cech użytkowych oraz cech jakościowych nasion.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	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 2025 r.
	2025	2026	
UE	1	1	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	6	6	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	1	1	1
Inny	-	-	-
Ogółem	8	8	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	EU Horizon Europe ; HORIZON Innovation Actions; BELIS: Breeding European Legumes for increased sustainability; no. 101081878; 2023-10-01; 2028-09-30;	M. Książkiewicz;	TAK
2.	NCN; OPUS 27 ; Geny warunkujące neutralność fotoperiodyczną i termoneutralność u dzikich gatunków łubinów; nr 2024/53/B/NZ9/02200; 2025-03-3; 2029-03-02	W. Bielski; J. Belter, W. Glonek	TAK
3.	NCN; OPUS 27 ; Podróż szlakami wernalizacji pośród łubinów Starego i Nowego Świata; nr 2024/53/B/NZ9/01796; 2025-07-01; 2029-06-30	S. Rychel-Bielska (UP Wrocław); M. Książkiewicz (IGR PAN)	TAK
4.	NCN; PRELUDIUM 23 ; Badania nad wpływem temperatury i długości wernalizacji na termin kwitnienia i rozwój trzech łubinów (<i>Lupinus angustifolius</i> L., <i>Lupinus albus</i> L., <i>Lupinus luteus</i> L.); nr 2024/53/N/NZ9/03463; 2025-10-29; 2028-10-28	A. Surma; S. Rychel-Bielska (UP Wrocław)	TAK
5.	NCN; OPUS 23 ; Molekularne podstawy odporności łubinu białego (<i>Lupinus albus</i> L.) na antraknozę; nr 2022/45/B/NZ9/01397; 2023-01-27; 2027-01-26	M. Książkiewicz; J. Belter, S. Nowak, P. Zgłobicki	TAK
6.	NCN; OPUS 21 ; Zróżnicowanie funkcjonalne duplikatów genu Flowering Locus T w kontroli indukcji kwitnienia łubinu żółtego (<i>Lupinus luteus</i> L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację; nr	M. Książkiewicz; J. Belter, W. Kryk, S. Nowak, I. Dogra, A. Surma	TAK

	2021/41/B/NZ9/02226; 2022-03-01; 2026-02-28		
7.	NCN; SONATA 17; Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (<i>Lupinus albus</i> L.); nr 2021/43/D/NZ9/00293; 2022-07-07; 2026-07-06	S. Rychel-Bielska (UP Wrocław); M. Książkiewicz (IGR PAN) A. Paul, W. Kryk, M. Paczkowska, T. Krysiak, Z. Frąckowiak, B. Trzybińska	TAK
8.	MRiRW; Postęp biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; nr 18; 2021-01-01; 2027-12-31	M. Książkiewicz; A. Surma, W. Bielski, S. Rychel-Bielska (UP Wrocław), R. Galek (UP Wrocław), B. Kozak (UP Wrocław), M. Skrzyński (UP Wrocław), A. Łącka (UP Wrocław), M. Jakobina (UP Wrocław), P. Barzyk (PHR Wiatrowo), A. Galińska (HR Smolice), K. Spychała (HR Smolice)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

W puli 173 genotypów łubinu hiszpańskiego (*Lupinus hispanicus*) metodą genomowego mapowania asocjacyjnego zidentyfikowano istotną asocjację z terminem kwitnienia i odpowiedzią na wernalizację szeregu markerów DART-seq, zlokalizowanych w regionach genomu zawierających geny ze szlaków regulujących kwitnienie. Na podstawie tych wyników wybrano komponenty rodzicielskie do utworzenia populacji mapujących, które będą analizowane w ramach projektu NCN 2024/53/B/NZ9/02200, rozpoczętego w 2025 r.

Bielski, W; Surma, A; Belter, J; Kozak, B; Książkiewicz, M; Rychel-Bielska, S (2025) Molecular dissection of the genetic architecture of phenology underlying *Lupinus hispanicus* early flowering and adaptation to winter- or spring sowing. *Scientific Reports* 15: 15324. DOI: 1038/s41598-025-00096-1.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

EU Horyzont Europa; BELIS; Breeding European Legumes for increased sustainability. Celem projektu jest uzyskanie narzędzi do selekcji linii łubinu białego i soi w kierunku wybranych cech o istotnym znaczeniu rolniczym. W 2025 r. wybrano zestaw markerów do utworzenia chipu do genotypowania oraz wykonano izolację DNA z linii dostarczonych przez partnerów zagranicznych.

NCN; OPUS 21; Zróznicowanie funkcjonalne duplikatów genu Flowering Locus T w kontroli indukcji kwitnienia łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. Celem badań jest zidentyfikowanie genów kontrolujących indukcję kwitnienia u łubinu żółtego w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację. W 2025 r. utworzono mapy genetyczne dla dwóch populacji mapujących oraz wykonano mapowanie loci cech ilościowych (QTL). Zidentyfikowano loci QTL dla terminu kwitnienia w obu wariantach

fotoperiodycznych (dzień długi i dzień krótki), przy czym jeden locus był wspólny dla wszystkich lat i obu populacji. Na podstawie analizy sekwencji genomowych w regionach QTL określono geny kandydujące ze szlaków kontrolujących kwitnienie. Ponadto, w światowej kolekcji nasiennej przeprowadzono genomowe mapowanie asocjacyjne i zidentyfikowano markery istotnie skorelowane z terminem kwitnienia. Przygotowano również materiały do sekwencjonowania RNA oraz analizy e-QTL.

NCN; OPUS 23; Molekularne podstawy odporności łubinu białego (*Lupinus albus* L.) na antraknozę. Celem badań jest poznanie molekularnych podstaw odporności łubinu białego (*Lupinus albus* L.) na antraknozę. W 2025 r. w ramach współpracy międzynarodowej z Instytutem Badawczym Rolnictwa Ekologicznego (FiBL) w Szwajcarii wykonano analizę wyników sekwencjonowania RNA-seq, czyli różnicową analizę ekspresji genów. Wykazała ona bardzo szybką reakcję linii odpornych na inokulację oraz specyficzną odpowiedź typową dla genów typu R, wyrażoną poprzez nadreprezentację genów o terminach ontologii związanych z odpowiedzią odpornościową. Na tej podstawie wybrano terminy próbkowania materiału roślinnego w zaplanowanym na rok 2026 doświadczeniu do analizy loci e-QTL.

NCN; SONATA 17; Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (*Lupinus albus* L.). Celem badań jest identyfikacja znanych i nowych, niekodujących RNA, zaangażowanych w indukcję kwitnienia łubinu białego oraz stworzenie kompleksowego modelu indukcji kwitnienia. W 2025 r. wykonano analizę bioinformatyczną we współpracy z zespołem prof. dr. hab. Wojciecha Karłowskiego (Pracownia Biologii Obliczeniowej UAM) wyników sekwencjonowania small RNA uzyskanych w ubiegłym roku. Na tej podstawie wytypowano listę microRNA wykazujących zróżnicowany profil ekspresji pomiędzy liniami o różnym terminie kwitnienia, wymaganiach wernalizacyjnych i odpowiedzi fotoperiodycznej.

NCN; PRELUDIUM 23; Badania nad wpływem temperatury i długości wernalizacji na termin kwitnienia i rozwój trzech łubinów (*Lupinus angustifolius* L., *Lupinus albus* L., *Lupinus luteus* L.). Celem projektu jest zbadanie i ocena wpływu temperatury i czasu trwania wernalizacji na czas kwitnienia i rozwój roślin, tolerancję na mróz, a także jakość i ilość plonu dla trzech uprawnych gatunków łubinów: *Lupinus angustifolius* L., *L. albus* L. i *L. luteus* L. W 2025 r. wyselekcjonowano i rozmnożono materiał roślinny do analiz.

NCN; OPUS 27; Podróż szlakami wernalizacji pośród łubinów Starego i Nowego Świata. Celem projektu jest poznanie szlaków indukcji kwitnienia, odpowiedzi na wernalizację i adaptacji do zmieniających się warunków środowiskowych u łubinów Nowego Świata oraz porównanie ich z mechanizmami już opisanymi dla łubinów Starego Świata. W 2025 r. wykonano fenotypowanie faz fenologicznych materiału kolekcyjnego wszystkich badanych gatunków w warunkach dnia długiego z zastosowaniem wernalizacji i bez wernalizacji.

NCN; OPUS 27; Geny warunkujące neutralność fotoperiodyczną i termoneutralność u dzikich gatunków łubinów. Głównym celem projektu jest identyfikacja kluczowych genów kontrolujących kwitnienie w odpowiedzi na różne sygnały środowiskowe u trzech dzikich gatunków łubinów Starego Świata: *Lupinus cosentinii* Guss., *L. hispanicus* Boiss. i Reut. oraz *L. pilosus* Murr. W 2025 r. wykonano krzyżowanie osobników o różnych wymaganiach fotoperiodycznych (długość dnia) i wrażliwości na wernalizację (okres niskiej temperatury),

w celu utworzenia populacji mapujących dla dwóch badanych gatunków (*L. cosentinii* i *L. hispanicus*). Ponadto, wykonano fenotypowanie faz fenologicznych materiału kolekcyjnego *L. pilosus* i wybrano linie do krzyżowania.

MRiRW; MR-18; *Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów.* Celem badań jest konstrukcja zintegrowanej mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i opracowanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi. W 2025 r. wykonano fenotypowanie faz fenologicznych oraz cech struktury plonu dla 240 obiektów kolekcyjnych i hodowlanych łubinu wąskolistnego w warunkach polowych w dwóch lokalizacjach do mapowania asocjacyjnego. Poznano rozkład w kolekcji terminu kwitnienia i dojrzewania, plonu nasion, masy tysiąca nasion. Utworzono mapy genetyczne zawierające wspólne loci polimorficzne dla populacji mapujących łubinu wąskolistnego (Emir × LAE-1 oraz Graf × Mutant cienkościenny), które następnie użyto do mapowania cech ilościowych: terminu faz fenologicznych, masy tysiąca nasion, plonu nasion z poletka, wysokości roślin, pęknięcia strąków oraz udziału okrywy nasiennej. Wykonano też genotypowanie przez sekwencjonowanie zestawu badanych obiektów kolekcyjnych i hodowlanych.

Projekty realizowane we współpracy

MRiRW; MR-20; *Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pęknięcia strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi.* Celem badań jest identyfikacja loci polimorficznych występujących w kolekcji nasiennej soi będącej w dyspozycji Katedry Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. W 2025 r. opracowano wyniki genotypowania przez sekwencjonowanie i przeprowadzono genomowe mapowanie asocjacyjne cech fenotypowanych, w wyniku którego zidentyfikowano zestaw markerów istotnie zasocjowanych z kilkoma cechami, a także markery specyficzne dla wybranych cech. Następnie przekształcono te markery w markery typu PCR do selekcji genotypów zawierających pożądane allele oraz wykonano ich wstępną walidację.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Lampar, A; Lnenicková, H; Antalová, Z; Balcárková, B; Sedláček, T; Janáková, E; Barabaschi, D; Korol, A; Dvoráček, V; Skopová, M; Tulpová, Z; Korchanová, Z; **Majka, M**; Juracka, J; Bartos, J; Dolezel, J; Valárik, M (2025) Genetic mapping of agronomically important traits in einkorn wheat. *Crop Science* 65: e70123. DOI: 1002/csc2.70123. IF=1,9; MNiSW=100

Majka, M; Janáková, E; Jakobson; Järve, K; Korchanová, Z; Lampar, A; Juracka, J; Valárik, M (2025) Comparison and assessment of recombination site and recombination hotspot at the sequence and epigenetic level. *New Biotechnology* 85: 203203. DOI: 1016/j.nbt.2024.08.327. IF=4,9; MNiSW=100

Bielski, W; Surma, A; Belter, J; Kozak, B; **Ksiazkiewicz, M**; Rychel-Bielska, S (2025) Molecular dissection of the genetic architecture of phenology underlying *Lupinus hispanicus* early flowering and adaptation to winter- or spring sowing. *Scientific Reports* 15: 15324. DOI: 1038/s41598-025-00096-1. IF=3,9; MNiSW=140

Bielski, W; Surma, A; Ksiazkiewicz, M; Rychel-Bielska, S (2025) Evaluation of the Global White Lupin Collection Reveals Significant Associations Between Homologous *FLOWERING LOCUS T* Indels and Flowering Time, Providing Validated Markers for Tracking Spring Ecotypes Within a Large Gene Pool. *International Journal of Molecular Sciences* 26: 6858. DOI: 3390/ijms26146858. IF=4,9; MNiSW=140

Patyi, A; Kamp, M; Arncken, C; Biazzi, E; **Ksiazkiewicz, M;** Messmer, MM; Schneider, M; Tava, A; Lazzaro, M (2025) Identification of a new QTL associated to reduced quinolizidine alkaloid content in white lupin (*Lupinus albus*, L.) and development of ultra-low alkaloid recombinants by stacking with the pauper allele. *BMC Plant Biology* 25: 945. DOI: 1186/s12870-025-06951-7. IF=4,8; MNiSW=140

Surma, A; Ksiazkiewicz, M; Bielski, W; Kozak, B; Galek, R; Rychel-Bielska, S (2025) Development and validation of PCR marker array for molecular selection towards spring, vernalization-independent and winter, vernalization-responsive ecotypes of white lupin (*Lupinus albus* L.). *Scientific Reports* 15: 2659. DOI: 1038/s41598-025-86482-1. IF=3,9; MNiSW=140

ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu **prof. dr hab. Robert Malinowski**
Skład Zakładu dr Karolina Stefanowicz
 dr Aneta Basińska-Barczak (do 31.08.2025)
 dr William Truman
 dr Subodh Verma
 mgr Deeksha Singh (doktorantka PSD IPAN)
 mgr Namarta Chatar Singh (doktorantka PSD IPAN)

Opis profilu badawczego Zakładu

Zakład zajmuje się badaniem reakcji roślin na stresy biotyczne i abiotyczne. W pracy kładziony jest duży nacisk na opis badanych zjawisk na poziomie systemu. Obok technik omicznych prowadzone są prace mające na celu charakterystykę funkcjonalną. Wykorzystywane są techniki biologii molekularnej oraz mikroskopii.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	8
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	-
Inne	-
Ogółem	8

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 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	4	3	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	4	3	-

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; OPUS 17; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; nr 2019/33/B/NZ9/00751; 2020-02-05; 2025-02-04	R. Malinowski; S. Blicharz, K. Stefanowicz, W. Truman, A. Basińska-Barczak, D. Singh	NIE
2.	NCN; OPUS 21; Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (<i>Arabidopsis thaliana</i> L.) na kiłę kapusty; nr 2021/41/B/NZ9/02405; 2022-02-02; 2026-02-01	W. Truman; N. Chatar-Singh, R. Malinowski	TAK
3.	NCN; OPUS 24; Zrozumienie zjawiska supresji ksylogenezy wywołanej u roślin przez patogen <i>Plasmodiophora brassicae</i> ; nr 2022/47/B/NZ9/00558; 2023-06-09; 2027-06-08	R. Malinowski; S. Verma, K. Stefanowicz, A. Basińska-Barczak, W. Truman	TAK
4.	NCN; PRELUDIUM 23; Poznanie roli giberelin (GA) w przeprogramowaniu rozwoju tkanki przewodzącej w trakcie postępu kiły kapusty u roślin rzodkiewnika; nr 2024/53/N/NZ9/02155; 2025-01-10; 2027-01-09	D. Singh; R. Malinowski	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Opisanie przestrzennego i czasowego przebiegu indukcji genów z rodziny PEAR w trakcie infekcji przez *Plasmodiophora brassicae*, oraz efektu mutacji niniejszych genów dla rozwoju narośli u *A. thaliana*.

Singh, D; Blicharz, S; Roszak, P; Helariutta, Y; **Malinowski, R** (2025) PHLOEM EARLY DOF genes are induced within clubroot galls as a consequence of cambial stimulation and vascular reprogramming during *Plasmodiophora brassicae* infection in *Arabidopsis thaliana*. Journal of Experimental Botany 76: 45214537.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

NCN; OPUS 17; *Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez Plasmodiophora brassicae*. Projekt dotyczy zrozumienia długodystansowej koordynacji pomiędzy górną i dolną częścią roślin porażonych przez *P. brassicae*. Projekt zakończono, a główna praca ukazała się w Plant Journal (opublikowana online w 2024 r.). Kolejna praca z tego projektu została opublikowana w 2025 r., i dotyczy genów PEAR (PHLOEM EARLY DOF), które uczestniczą z kolei w indukowanym przez patogen nasileniu proliferacji floemu. Praca ukazała się w czasopiśmie J. Exp. Bot. (Singh i wsp., J. Exp. Bot., 2025).

NCN; OPUS 21; *Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (Arabidopsis thaliana L.) na kiłę kapusty*. Projekt skupia się na funkcjonalnym zrozumieniu działania kanału wapniowego RBR1 w mediowaniu reakcji odporności na *P. brassicae*. W ramach projektu prowadzono eksperymenty mające na celu optymalizację metodyki do poszukiwania czynników wchodzących w interakcje z białkiem RPB1. Realizowano również eksperymenty z wykorzystaniem innych patotypów *P. brassicae*.

NCN; OPUS 24; *Zrozumienie zjawiska supresji ksylogenezy wywołanej u roślin przez patogen Plasmodiophora brassicae*. Projekt dotyczy zrozumienia zjawiska supresji rozwoju ksylemu obserwowanego u roślin zainfekowanych przez *P. brassicae*. Zakończono część dotyczącą sekwencjonowania transkryptomu metodą pojedynczych jąder, opracowano dane i rozpoczęto weryfikację funkcjonalną uzyskanych danych. Jednocześnie realizowano eksperymenty dotyczące udziału poliamin w zmianach rozwojowych odpowiedzialnych z tworzenie się narośli przy infekcji przez *P. brassicae*.

NCN; PRELUDIUM 23; *Poznanie roli giberelin (GA) w przeprogramowaniu rozwoju tkanki przewodzącej w trakcie postępu kiły kapusty u roślin rzodkiewnika*. Wykonano badania na mutantach oraz roślinach z nadekspresją genów odpowiedzialnych za biosyntezę i przemiany gibberelin. Wykonano również większą część prac dotyczących obserwacji dystrybucji gibberelin w tworzących się naroślach. Tu wykorzystano sensory fluorescencyjne FRET. Wykonano również pomiary zmian zawartości gibberelin dla dwóch powtórzeń biologicznych. Prace będą kontynuowane.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Singh, D; Blicharz, S; Roszak, P; Helariutta, Y; Malinowski, R (2025) PHLOEM EARLY DOF genes are induced within clubroot galls as a consequence of cambial stimulation and vascular reprogramming during *Plasmodiophora brassicae* infection in *Arabidopsis thaliana*. Journal of Experimental Botany 76: 45214537. DOI: 1093/jxb/eraf225. IF=5,7; MNiSW=140

Adhikary, D; Ul Islam, A; Adhikari, S; Chapara, V; Truman, W; Ludwig-Müller, J (2025) Clubroot Disease: 145 Years Post-Discovery, Challenges, and Opportunities. Annual Review of Phytopathology 63: 603626. DOI: 1146/annurev-phyto-121323-020949. IF=11,9; MNiSW=200

Sobańska, K; Głowacka, K; Krajewski, P; Wojtkowiak, E; Nuc, M; Basińska-Barczak, A; Czyż, KB; Waligórski, P; Kruszka, D; Gabała, E; Grzywaczyk, A; Zborowska, M; Drozdzyńska, A; Mokrzycka, M; Koczyk, G; Cerazy-Waliszewska, J; Milewska-Hendel, A; Betekhtin, A; Pniewski, T (2025) From Stress to Recovery: Divergent Chilling Responses in Contrasting

Miscanthus sinensis Genotypes. GCB Bioenergy 17(12): 70087. DOI: 10.1111/gcbb.70087. IF=4,1; MNiSW=140

Kasprzewska, A; **Basińska-Barczak, A** (2025) Molecular mechanisms of dual potato reproduction. Physiologia Plantarum 177(4): e70451. DOI: 10.1111/ppl.70451. IF=3,6; MNiSW=100

Perlikowski, D; Lechowicz, K; **Blicharz, S**; Arasimowicz-Jelonek, M; Czapiewska, A; Pawlowicz, I; Kosmala, A (2025) Nitric oxide regulates photosynthesis and the capacity of the antioxidant system under water deficit and rehydration in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. Frontiers In Plant Science 16: 1652482. DOI: 3389/fpls.2025.1652482. IF=4,8; MNiSW=100

Wojtkowiak, E; Czyż, KB; **Basińska-Barczak, A**; Pudelska, H; Glowacka, K; Pniewski, T; Sobańska, K (2025) Enhanced micropropagation of *Miscanthus x giganteus*: a sustainable approach to optimal regenerated plant growth. Plant Cell, Tissue and Organ Culture 162: 35. DOI: 10.1007/s11240-025-03102-6. IF=2,4; MNiSW=100

Verma, S; Švihlová, L; Robert, HS (2025) The MADS-box protein SHATTERPROOF 2 regulates TAA1 expression in the gynoecium valve margins. Plant Reproduction 38: 6. DOI: 10.1007/s00497-024-00518-6. IF=2,4; MNiSW=100

Panda, S; **Singh, NC**; Sonawane, PD; Meir, S; Kamble, AC (2025) Jasmonate Responsive SlnsLTP Confers Resistance Against *Botrytis cinerea* and *Verticillium dahliae* in Tomato. Journal of Plant Growth Regulation 44: 42644284. DOI: 1007/s00344-025-11684-w. IF=4,4; MNiSW=70

ZAKŁAD BIOLOGII ROŚLIN I NANOTECHNOLOGII

Kierownik Zakładu **dr hab. Franklin Gregory, prof. IGR PAN**
Skład Zakładu dr Rakesh Sinha
 dr Sakthivel Kailasam (od 17.07.2025)
 dr Selvakesavan Rajendran Kamalabai
 mgr Shyni Mony Daisy

Opis profilu badawczego Zakładu

Our research profile is founded on two synergistic pillars: Plant-Nanotechnology Interfaces and Fundamental Plant Biology. The first pillar investigates interactions between plant systems and nanomaterials. Key research areas include nanomaterial-enabled stimulation of plant secondary metabolism and elucidation of the mechanisms underlying green, plant-mediated nanoparticle synthesis. The second pillar focuses on core physiological and molecular processes in plants. This involves studying the mechanisms of plant resistance to *Agrobacterium*-mediated genetic transformation and deciphering secondary metabolic pathways, with particular emphasis on hypericin biosynthesis. The research uses a strategic combination of model organisms (*Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana tabacum*) and specialized species from the genus *Hypericum*, using state-of-the-art molecular, biochemical, and analytical technologies.

Współautorstwo publikacji

Kategoria publikacji	Liczba publikacji (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	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 2025 r.
	2025	2026	
UE	1	-	-
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	1	1	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	2	1	-

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2025

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	Horyzont 2020; Coordination and Support Action (EU H2020-ERACChairs); The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS (Akronim: NANOPLANT); no. 856961; 2019-09-01; 2025-08-31	F. Gregory; D. Mondal (ERA CHAIR Holder)	NIE
2.	NCN; OPUS 23; NANO-HORMESIS: Reakcja roślin dziurawca na hormetyczną dawkę nanocząstek: W jaki sposób rośliny postrzegają nanocząstki metali i dostosowują odpowiedź ilościową do ich stężenia? Nr 2022/45/B/NZ9/02135; 2023-02-01; 2027-01-31	F. Gregory; S. Kailasam, P. Krajewski, P. Kachlicki, A. Sajnog (AMU, Poznan)	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Our research achievement focused on elucidating the complex molecular interactions between *Hypericum perforatum* and *Agrobacterium* species. We performed a dual-omics comparison to reveal how *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* differentially modulate gene expression and metabolism in *H. perforatum* (BMC Genomics, 2025). This was complemented by a study detailing the specific proteomic remodeling and physiological adaptations induced by *A. tumefaciens* (Plant Stress, 2025). Additionally, we achieved transgenic validation of a novel *H. perforatum* promoter that is strongly and specifically inducible by *A. tumefaciens*, providing a new genetic tool for precise, pathogen-responsive gene regulation (Scientific Reports, 2025).

Selvakesavan' RK; Nuc, M; Pradeep, M; Krajewski, P; **Gregory, F** (2025) Dual omics comparison: how *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* modulate gene expression and metabolism in *Hypericum perforatum* L. BMC Genomics 26 (1): 958.

Shakya, P; Selvakesavan, RK; Perlikowski, D; Antonydhasan, V; Kiirika, L; **Gregory, F** (2025) *Agrobacterium tumefaciens*-induced proteomic remodelling and physiological adaptations in *Hypericum perforatum* L. Plant Stress 18: 100986.

Sinha, RK; Shakya, P; Selvakesavan, RK; **Gregory, F** (2025) Transgenic validation of a promoter strongly inducible by *Agrobacterium tumefaciens*. Scientific Reports 16: 485.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

NCN; OPUS 23; NANO-HORMESIS: Reakcja roślin dziurawca na hormetyczną dawkę nanocząstek: W jaki sposób rośliny postrzegają nanocząstki metali i dostosowują odpowiedź ilościową do ich stężenia?

Objective: To systematically map the multi-layered molecular response of *Hypericum perforatum* to *Agrobacterium* species and translate this fundamental knowledge into validated genetic tools. The specific goals were: 1) To characterize and compare the transcriptomic, proteomic, and metabolomic landscapes shaped by *A. tumefaciens* and *A. rhizogenes*; 2) To identify and functionally validate key genetic elements activated during this interaction for biotechnological application.

Description of work: We implemented a coordinated, omics-driven strategy to dissect the *Hypericum-Agrobacterium* interaction. This was carried out through three interlocking studies, each targeting a distinct analytical layer. First, we established a comprehensive molecular baseline via a dual-omics (transcriptomics and metabolomics) comparison, revealing the distinct and shared reprogramming effects of *A. tumefaciens* and *A. rhizogenes* on global gene expression and metabolic flux. Second, to elucidate the functional protein-level response, we conducted a focused proteomic and physiological analysis of the *A. tumefaciens* challenge, linking specific changes in protein abundance to downstream defense and stress adaptation phenotypes. Third, leveraging insights from the transcriptomic data, we isolated and functionally validated a pathogen-responsive promoter through stable transformation, confirming its strong and specific induction by *A. tumefaciens*.

Practical effect: The primary practical output is a novel, functionally validated genetic tool: a strong, *Agrobacterium*-inducible promoter from *H. perforatum*. This tool enables precise, external control of transgene expression, offering significant utility for applications requiring inducible gene regulation. Furthermore, the generated multi-omics datasets constitute a refined molecular blueprint of the plant-*Agrobacterium* interaction, providing critical insights into the mechanisms of plant recalcitrance to T-DNA transfer and a resource for optimizing transformation and metabolite elicitation strategies.

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Selvakesavan, RK; Nuc, M; Pradeep, M; Krajewski, P; Gregory, F (2025) Dual omics comparison: how *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* modulate gene expression and metabolism in *Hypericum perforatum* L. BMC Genomics 26(1): 958. DOI: 10.1186/s12864-025-12086-8. IF=3,7; MNiSW=140

Shakya, P; **Selvakesavan, RK; Perlikowski, D; Antonydhasan, V; Kiirika, L; Gregory, F** (2025) *Agrobacterium tumefaciens*-induced proteomic remodelling and physiological adaptations in *Hypericum perforatum* L. Plant Stress 18: 100986. DOI: 1016/j.stress.2025.100986. IF=6,9; MNiSW=20

Sinha, RK; Shakya, P; **Selvakesavan, RK;** **Gregory, F** (2025) Transgenic validation of a promoter strongly inducible by *Agrobacterium tumefaciens*. *Scientific Reports* 16: 485. DOI: 10.1038/s41598-025-30002-8. IF=3,9; MNiSW=140

Saxena, M; Muthukrishnan, L; Pradeep, M; **Selvakesavan, RK;** **Gregory, F;** Mondal, D (2025) Circular valorization of *Hypericum perforatum* biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants. *International Journal of Biological Macromolecules* 321: 146474. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2025.146474. IF=8,5; MNiSW=100

Dhiman, D; Sethi, A; **Sinha, R;** Biswas, S; **Gregory, F;** Mondal, D (2025) Bioinspired design of DNA in aqueous ionic liquid media for sustainable packaging of horseradish peroxidase under biotic stress. *Chemical Communications* 61 (8): 1613-1616. DOI: 10.1039/D4CC05803H. IF=4,2; MNiSW=200

ZAKŁAD NANOTECHNOLOGII ROŚLIN

Kierownik Zakładu	dr Dibyendu Mondal
Skład Zakładu	dr Leonard Kiirika (do 31.08.2025) dr Matam Pradeep (do 31.08.2025) dr Lakshmipathy Muthukrishnan (do 31.08.2025) dr Megha Saxena (do 30.04.2025) dr Damyanti Prajapati (do 30.04.2025) dr Diksha Dhiman mgr inż. Gabriela Maciejewska (Lab manager)

Opis profilu badawczego Zakładu

The main focus of this 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, disinfectants, seed coating etc. 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 (zgodnie z listą w punkcie 3)
Lista MNiSW (Komunikat Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z 05 stycznia 2024r.)	4
Poza listą	-
Monografie i rozdziały	1
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 2025 r.
	2025	2026	
UE	-	-	1
Inny międzynarodowy	-	-	-
NCN	2	2	-
NCBiR	-	-	-
MRiRW	-	-	-
Inny	-	-	-
Ogółem	2	2	1

Projekty kierowane w Zakładzie w roku 2024

L.p.	Instytucja finansująca; typ projektu; tytuł; numer; okres realizacji projektu	Kierownik; Wszyscy wykonawcy (inicjał, nazwisko, afiliacja jeżeli poza IGR PAN)	Kontynuacja w 2026 r. TAK/NIE
1.	NCN; SONATA 17; NanoBioCat: Developing biopolymer-based and protein friendly ionic liquids assisted enzyme nano-constructs with improved efficacy for tandem biocatalysis under multiple stresses; no. 2021/43/D/ST4/00699; 2022-06-27; 2026-06-27	D. Mondal; D. Dhiman	TAK
2.	NCN; SONATA BIS 14; BioFluCas: Designing multi-molecularly crowded biomimetic neoteric fluids to enhance In vitro biological cascade reactions; no. 2024/54/E/ST4/00113; 2025-05-05; 2030-05-04	D. Mondal; G. Maciejewska	TAK

1. Najważniejszy wynik osiągnięty / opublikowany w roku 2025

Published circular valorization of *Hypericum perforatum* biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants (NANOPLANT).
Published the novel strategy for packaging of HPR against biotic stress using DNA and ionic liquid-based bioinspired solvent. (SONATA 17).

Saxena, M; Muthukrishnan, L; Pradeep, M; Selvakesavan, RK; Franklin, G; **Mondal, D** (2025) Circular valorization of *Hypericum perforatum* biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants. International Journal of Biological Macromolecules 321: 146474.

Dhiman, D; Sethi, A; Sinha, R; Biswas, S; Franklin, G; **Mondal, D** (2025) Bioinspired design of DNA in aqueous ionic liquid media for sustainable packaging of horseradish peroxidase under biotic stress. Chemical Communications 61 (8): 1613-1616.

2. Opis prac badawczych Zakładu w odniesieniu do realizowanych projektów

NCN; SONATA 17; NanoBioCat: Developing biopolymer-based and protein friendly ionic liquids assisted enzyme nano-constructs with improved efficacy for tandem biocatalysis under multiple stresses. Bioinspired design of DNA in ionic liquid media for sustainable packaging of HRP under biotic stress: Macromolecular crowding, a natural phenomenon in

cells, influences protein stability and enzyme activity. DNA mimics this crowded environment, stabilizing enzymes. Ionic liquids (ILs) enhance protein interactions and stability, but their combined effects with DNA on enzyme activity remain unexplored. This work demonstrates an innovative strategy for improving the stability and the catalytic activity of horseradish peroxidase (HRP) enzyme by using a bioinspired solvent system consisting of an IL and DNA (Figure 8). The results reveal an enhancement of peroxidase activity by a factor of 4.8 over PBS buffer systems. Moreover, the demonstrated resistance of HRP to proteolytic degradation in the DNA+IL system underscores the practical advantages of this formulation in biotechnological applications. The sustainable and innovative nature of this approach addresses critical challenges posed by biotic stressors, making it relevant to current trends in green chemistry and biocatalysis. The results obtained from this project has been published in Chemical Communications journal (*Dhiman et al., Chem. Commun. 2025, 61, 1613-1616*).

Projekty realizowane we współpracy

Horyzont 2020; NANOPLANT;

Circular valorisation of *Hypericum perforatum* biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants: The concept of nutrient use efficiency is gaining significance and a path-breaking approach towards sustainable agriculture in tailoring nanomaterials for improved nutrient supply boosting the productivity with reduced environmental impact over conventional fertilizers. Accordingly, we demonstrated a circular biomass valorisation approach to synthesise CuO-based bionanocomposites functionalized with lignin nanoparticles (LNPs) and cellulose nanofibers (CNFs), respectively, using *Hypericum perforatum* lignocellulosic biomass enriched with phytochemicals. First, a green synthesis of CuO nanoparticles (NPs) was performed using *H. perforatum* extract, while lignin and cellulose were extracted from the remaining biomass. These biopolymers were further converted into LNPs and CNFs and then functionalized with CuO NPs to form CuO-LNPs nanocomposites (NC) and CuO-CNFs NC. The CuO-based bionanocomposites were characterised by various analytical methods and the effect of the LNPs and CNFs on the release of Cu ions from the CuO NPs was investigated by the dialysis method. Furthermore, the Cu ions release profile was validated by evaluating the viability of plant cells and the growth of tobacco BY-2 cells under in vitro conditions. Overall, the comprehensive approach realising the full potential of a lignocellulosic biomass for the production of advanced functional nanomaterials promotes environmental sustainability and improves economic viability while targeting CuO-based bionanocomposites as promising candidates for sustainable agricultural applications. The results from this project has been published in the International Journal of Biological Macromolecules (*Megha et al., Int. J. Bio. Macromol., 2025, 321, 3, 146474*).

3. Lista publikacji Zakładu wydanych w 2025 r.

Selvakesavan, RK; Nuc, M; **Pradeep, M**; Krajewski, P; Gregory, F (2025) Dual omics comparison: how *Agrobacterium tumefaciens* and *Agrobacterium rhizogenes* modulate gene expression and metabolism in *Hypericum perforatum* L. BMC Genomics 26(1): 958. DOI: 10.1186/s12864-025-12086-8. IF=3,7; MNiSW=140

Shakya, P; Selvakesavan, RK; Perlikowski, D; Antonydhasan, V; **Kiirika, L**; Gregory, F (2025) *Agrobacterium tumefaciens*-induced proteomic remodelling and physiological adaptations in *Hypericum perforatum* L. *Plant Stress* 18: 100986. DOI: 10.1016/j.stress.2025.100986. IF=6,9; MNiSW=20

Saxena, M; Muthukrishnan, L; Pradeep, M; Selvakesavan, RK; Gregory, F; **Mondal, D** (2025) Circular valorization of *Hypericum perforatum* biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants. *International Journal of Biological Macromolecules* 321: 146474. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2025.146474. IF=8,5; MNiSW=100

Dhiman, D; Sethi, A; Sinha, R; Biswas, S; Gregory, F; **Mondal, D** (2025) Bioinspired design of DNA in aqueous ionic liquid media for sustainable packaging of horseradish peroxidase under biotic stress. *Chemical Communications* 61 (8): 1613-1616. DOI: 10.1039/D4CC05803H. IF=4,2; MNiSW=200

Shet, SM; **Mondal, D**; Nataraj, SK (2025) Functionalized Material-Based Flexible Biomedical Devices. In: *Functionalized Nanomaterials for Electronic and Optoelectronic Devices: Design, Fabrications and Applications*, Raval G et al., Ed. DOI: 10.1002/9781394214105.ch15

LABORATORIUM MULTIOMIKI

Kierownik **dr Katarzyna Juszczak**
Laboratorium
Skład Laboratorium mgr Aleksandra Burdzińska, od 1.08.2025
prof. dr hab. Piotr Kachlicki (profesor emerytowany)

Laboratorium Multiomiki koncentruje się na wykonywaniu analiz niskocząsteczkowych i białkowych komponentów organizmów roślin. Współpracuje ono z różnymi Zakładami Instytutu oraz z innymi krajowymi i zagranicznymi placówkami naukowymi. Na wyposażeniu Laboratorium znajdują się chromatografy gazowe, instrumenty do wysoko- oraz ultrasprawniej chromatografii cieczowej oraz spektrometry mas, które umożliwiają wykonywanie niecelowanych i celowanych analiz metabolomicznych i proteomicznych.

Projekty wykonywane w Laboratorium

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 2025 r.
	2025	2026	
UE			1
Inny międzynarodowy			-
NCN			2
NCBiR			-
MRiRW			1
Inny			2
Ogółem			6

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

EU; Horyzont 2020; INCREASE - Intelligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno- Spożywczych; Roberto Papa (Università Politecnica delle Marche, Włochy), Karolina Susek (IGR PAN); w ramach realizacji projektu wykonano analizę jakościowo-ilościową alkaloidów chinolizydynowych przy użyciu metody GC-FID w nasionach wybranych linii *Lupinus albus*.

NCN; OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/02373; Dynamiczne zmiany fenologiczne w strukturach epidermy jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) w odpowiedzi na kombinację stresów biotycznego i abiotycznego; P. Ogrodowicz (IGR PAN); przy użyciu ultrasprawniej chromatografii cieczowej oraz wysokorozdzielczego spektrometru mas typu OrbiTrap przeprowadzono profilowanie estrów wosków z epidermy wybranych genotypów jęczmienia jarego.

NCN; OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/02576; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów; K. Mikołajczak (IGR

PAN); przy użyciu ultrasprawnej chromatografii cieczowej oraz wysokorozdzielczego spektrometru mas typu OrbiTrap przeprowadzono profilowanie stirogolaktonów wybranych form jęczmienia jarego: odmiany Bowman (typ dziki) i jego bliskoizogenicznymi liniami BW885 i BW074.

MRiRW Postęp Biologiczny; Zad. 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; M. Kroc (IGR PAN); przeprowadzono analizę przy użyciu techniki UPLC-HRMS/MS zawartości alkaloidów chinolizydynowych, w tym ich zestryfikowanych form, w liściach oraz nasionach wybranych linii łubinu wąskolistnego.

Projekty inne:

24-C1-Agro-TNA-018; *Common lotus – sustainable crop and valuable forage for cows on agroecological farms*; M. Jędryczka (IGR PAN); na podstawie analizy UPLC-HRMS/MS w liściach *Lotus corniculatus* zidentyfikowano takie grupy metabolitów wtórnych jak: pochodne flawonoidów (kwercetyny, kaempferolu, gossypetin glikozydów), pochodne isoflawonoidów (np. biochanina A, formononetina) oraz proantocyjanidyny. Przeprowadzona analiza wykazała również obecność takich związków jak: saponiny i saponiny typu oleananu oraz pochodnych kwasu hydroksycynamonowego oraz hydroksybenzoesowego. Zidentyfikowane metabolity wtórne charakteryzują się aktywnością biologiczną, jak również należą do nich związki odpowiadające za odporność roślin na niekorzystne warunki środowiskowe.

FENG.02.04-IP.040025/24-00; **Integracyjna platforma multiomiczna oparta o wysokorozdzielczą spektrometrię mas do badań metabolomów i mikrobiomów z zaangażowaniem uczenia maszynowego;** P. Krajewski (konsorcjum: IGR PAN – lider i IGCz PAN).

Projekt obejmuje powstanie innowacyjnej platformy bioanalitycznej znajdującej swoje zastosowanie w badaniach biomedycznych, biologicznych i rolniczych, w tym w szczególności nad mikrobiotą człowieka, roślin i środowiska.

W wyniku dotychczasowej realizacji projektu Laboratorium Multiomiki zostało wyposażone w zestaw przygotowywania próbek (koncentrator do próbek, wytrząsarkę z regulacją temperatury, wirówkę, zestaw pipet, dygestorium i wagę) oraz nowoczesny wysokorozdzielczy spektrometr masowy z mobilnością jonową (Select Series Cyclic IMS) wraz z źródłem do obrazowania MS (ang. MS-imaging). Spektrometr mas dzięki różnym źródłom jonizacji (ESI, APCI, nanoESI) pozwoli na wykonanie szerokiego zakresu analiz metabolomicznych, proteomicznych oraz lipidomicznych. W skład platformy wchodzi również następujące chromatografy:

- ultrawysokosprawny chromatograf cieczowy (UPLC Premier) do zastosowań w analizach metabolomicznych i lipidomicznych dużych populacji;
- nanoprzepływowy chromatograf cieczowy (UPLC M-Class) do analiz proteomicznych i analiz substancji śladowych;
- chromatograf gazowy (ze źródłem APGC i detektorem FID) umożliwiający profilowanie związków lotnych i zapachowych, metabolitów pierwotnych po derywatywacji, analizę substancji śladowych.

Powstająca w projekcie platforma badawcza skierowana jest do naukowców prowadzących badania biologiczne, medyczne i rolnicze. Projekt przewiduje współpracę z innymi jednostkami naukowymi w Polsce i za granicą, jak również współpracę z podmiotami gospodarczymi z branży biomedycznej, farmaceutycznej, rolniczej i spożywczej.

W 2025 roku na potrzeby projektu wyremontowano pomieszczenia Laboratorium Multiomiki: laboratorium przygotowania próbek, laboratorium aparaturowe oraz pomieszczenie techniczne. W pomieszczeniach znajduje się dotychczasowa aparatura badawcza, która została uzupełniona sprzętem zakupionym w ramach projektu FENG. W ramach projektu prowadzone są również obowiązkowe działania informacyjno-promocyjne, które w 2025 roku obejmowały informowanie o projekcie w mediach społecznościowych (rozpoczęcie realizacji projektu, zakończenie modernizacji laboratorium), udział w Europejskich Targach Nauki 3–6 czerwca 2025; MTP i spotkaniach z naukowcami z innych jednostek (spotkanie z prof. dr hab. A. Janeczko IFR PAN oraz uczestnikami konferencji 13th Working Seminar on Statistical Methods in Variety Testing), a także pozostałymi działaniami takimi jak: umieszczenie tablicy informacyjnej w miejscu prowadzenia projektu oraz naklejek informacyjnych.

KONSORCJA I SIECI

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu EU; Horyzont 2020 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; 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, U. Tanwar, M. Tomaszewska, K. Czepiel, H. Jamil**

Konsorcjum BELIS w ramach programu Horyzont Europa EU, 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 celu wdrożenia wyników prac badawczo-rozwojowych do hodowli roślin strączkowych w Europie. 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**

Konsorcjum utworzone w celu realizacji projektu EU Horyzont Europe „Legume Generation - Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe”;

jednostki tworzące: Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK, Germany, (koordynator)); Donal Murphy-Bokern (DMB, Germany); University of Natural Resources and Life Sciences (BOKU, Austria); Julius Kuhn-Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants (JKI, Germany); Università Politecnica Delle Marche (UNIVPM, Italy); Donau Soja (DS, Austria, Serbia, Ukraine); Radboud University (SRU, Netherlands); KWS Lochow GmbH (KWS, Germany); International Hellenic University (IHU, Greece); Saatzzucht Gleisdorf GmbH (SZG, Austria); University of Hohenheim (UHOH, Germany); Bavarian State Research Center for Agriculture (LfL, Germany); Danko Hodowla Roslin (Danko, Poland); Aarhus University (AU, Denmark); RAGT Seeds (RAGT, France); Lidea Seeds, (Lidea, France); Keyserlingk Institut (Keyserlingk, Germany); Palacký University Olomouc (UP, Czech Republic); Serida – Regional Service for Agrofood Research and Development (SERIDA, Spain); University of Basilicata (UNIBAS, Italy); ESKUSA GmbH (ESKUSA, Germany); **Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (IPG-PAS, Poland)**; Euroseeds (EURS, Belgium); Agrobioinstitute (ABI, Bulgaria); John Innes Centre (JIC, United Kingdom); Germinal Holdings Ltd (GER, United Kingdom); Aberystwyth University (ABER, United Kingdom); Earlham Institute (EI, United Kingdom); Wellspring EMEA (formally IP Pragmatics Ltd (IPP, United Kingdom); United States Department of Agriculture (USDA, United States of America); WBF Agroscope (AGS, Switzerland); AgResearch (AGR, New Zealand); **K. Susek, M. Kroc, U. Tanwar, M. Tomaszewska, H. Jamil**

COST ACTION; CA22142, Beneficial root-associated microorganisms for sustainable agriculture; Working Group 2. Molecular mechanisms associated with beneficial interaction networks; Action Chair: B. Lefebvre, INRAE, Francja; **L. Błaszczyk**

Konsorcjum: Instytut Genetyki Roślin PAN (lider) i Instytut Genetyki Człowieka PAN (IGCz PAN), w celu realizacji projektu „Integracyjna platforma multiomiczna oparta o wysokorozdzielczą spektrometrię mas do badań metabolomów i mikrobiomów z zaangażowaniem uczenia maszynowego” (FENG.02.04-IP.040025/24-00). Celem projektu jest stworzenie innowacyjnej wysokoprzepustowej platformy bioanalitycznej i rozwoju technik *omicznych* w badaniach biomedycznych, biologicznych i rolniczych, a w szczególności nad mikrobiotą człowieka, roślin i środowiska. Platforma będzie wykorzystywała wysokoprzepustowe techniki hodowli mikroorganizmów prowadzone w warunkach tlenowych, beztlenowych i hipoksji oraz badania metabolomiczne, lipidomiczne i proteomiczne w celu pełnej charakterystyki biochemicznej mikrobiomu i poszukiwania biomarkerów.

Konsorcjum: Narodowy Instytut Leków (lider) – Muzeum i Instytut Zoologii PAN – IGR PAN; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS 18 “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) – Muzeum i Instytut Zoologii PAN – Narodowy Instytut Leków; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS 19 „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, E. Wojtkowiak, H. Pudelska**

Konsorcjum: IGR PAN (lider) – UP Poznań – UAM, Wydział Chemii; powołane w celu realizacji projektu NCN OPUS 21 „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. Cerazy-Waliszewska, T. Pniewski, D. Kruszka, M. Nuc, K. Sobańska, H. Pudelska, M. Paczkowska**

Konsorcjum: UP Wrocław (lider) – IGR PAN; powołane w celu realizacji projektu NCN SONATA 17 „Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (*Lupinus albus* L.)”; 2021/43/D/NZ9/00293; **M. Książkiewicz**

Konsorcjum: UP Wrocław (lider) – IGR PAN; powołane w celu realizacji projektu NCN SONATA 20 „Entomopatogenne grzyby strzępkowe: Źródło 11-hydroksylazy progesteronu dla zrównoważonej i ekologicznej syntezy hydroksysteroidów”; 2024/55/D/NZ1/02545; **M. Urbaniak**

Konsorcjum: UP Poznań (lider) – IGR PAN – UAM, Wydział Chemii; powołane w celu realizacji projektu NCN SONATA 19 „Dendroremediacja arsenu - czasozależna dynamika akumulacji, transformacji i mechanizmów tolerancji form metaloidu u wybranych gatunków drzew leśnych”; 2023/51/D/NZ9/00817; **J. Cerazy-Waliszewska**

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

IGR PAN został włączony w dniu 26.06.2025 r. do **sieci organizacji działających na rzecz Polskiego Punktu Koordynacyjnego Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności (PPK EFSA) zlokalizowanego w Głównym Inspektoracie Sanitarnym**. Celem sieci jest m.in. ułatwienie współpracy naukowej poprzez koordynację działań, wymianę informacji, rozwijanie i implementację wspólnych projektów, wymianę doświadczeń i praktyk w dziedzinach objętych misją EFSA.

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi

A. Kiełbowicz-Matuk; UAM, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, T. Skrzypczak; poszukiwanie partnerów białkowych dla białka StBBX22 i StBBX20; publikacja w przygotowaniu.

A. Kiełbowicz-Matuk; UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin; D. Weigt; regulacja epigenetyczna embriogenezy mikrospor

pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) – od modulacji chemicznej do CRISPR/dCas9; wspólny wniosek MRiRW.

A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Czapiewska, J. Górna; UR 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. Płażek;** ocena porażenia traw przez patogeny (ocena stopnia podatności na choroby); 1 projekt MRiRW.

A. Kosmala, D. Perlikowski, I. Pawłowicz; UAM, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, M. Arasimowicz-Jelonek; rola tlenu azotu w w odpowiedzi traw kompleksu *Lolium-Festuca* na deficyt wody; 1 publikacja; rola nitroksylu w dialogu sygnałowym pomiędzy śmiercią a życiem komórek liści ziemniaka podczas reakcji nadwrażliwości na *Phytophthora infestans*; 1 projekt NCN.

A. Kosmala, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Czapiewska;

- **IHAR - PIB w Radzikowie, G. Żurek;** badanie mechanizmów tolerancji suszy traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 1 projekt MRiRW.

- **IUNG - PIB w Puławach, M. Staniak;** analiza składu chemicznego (jakości paszowej) traw kompleksu *Lolium-Festuca*; 1 projekt MRiRW.

I. Pawłowicz; UPP, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann; badanie funkcji genów R warunkujących odporność na suchą zgniliznę kapusty u rzepaku; 1 projekt MRiRW; 1 publikacja.

K. Czyż; IUNG - PIB w Puławach, A. Gałązka; Ewolucyjny kompromis symbiozy i jego konsekwencje dla obrony przed patogenami u roślin strączkowych; wspólny wniosek NCN.

D. Kruszka, K. Juszczyk; SGGW, Katedra Botaniki i Fizjologii Roślin, Instytut Biologii, E. Muszyńska-Sadłowska; charakterystyka metabolomiczna roślin z gatunku *Silene vulgaris* odpornych i wrażliwych na duże stężenia pierwiastków metalicznych; wspólny wniosek NCN.

D. Kruszka; IGCz PAN, Zakład Funkcji Kwasów Nukleinowych, M. Skrzypczak-Zielińska; O. Zakerska-Banaszak; analizy profilu metabolomicznego w przebiegu wrzodziejącego jelita grubego; 1 publikacja.

D. Kruszka; UM w Poznaniu, Wydział Farmacji, Pracownia Biologii Farmaceutycznej i Biotechnologii, M. Kikowska; niecelowane analizy metabolomiczne biomasy kiksji oszczepowatej (*Kickxia ellatine*); 1 publikacja.

M. Mokrzycka;

- **SGGW, Instytut Biologii, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, G. Bartoszewski;** analiza różnorodności genetycznej zbioru zasobów genowych dyni olbrzymiej; 1 publikacja.

- **PP, Instytut Matematyki, M. Mrowińska;** rozwój metod estymacji blokowych macierzy kowariancji w modelach wielowymiarowych; 1 publikacja.

K. Sobańska, T. Pniewski;

- **PP, Wydział Technologii Chemicznej, A. Grzywaczyk;** analiza materiału ściany komórkowej metodą FTIR; 1 publikacja.

- **UPP, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności**, A. Drożdżyńska; **Katedra Chemicznej Technologii Drewna**, M. Zborowska; analiza składu komponentów ściany komórkowej oraz sacharydów floemu w reakcji na stres chłodu; 1 publikacja.

- **UŚ, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych**, A. Milewska-Hendel, A. Betekhtin; obrazowanie immunohistochemiczne białek związanych ze ścianą komórkową w odpowiedzi na stres chłodu; 1 publikacja.

K. Sobańska, D. Kruszka, T. Pniewski; IFR PAN, P. Waligórski; badania nad rolą hormonów w odpowiedzi *Miscanthus sinensis* na stres chłodu; 1 publikacja

K. Sobańska, K. Czyż; T. Pniewski, IOR - PIB, E. Gabała; obrazowanie ultrastruktury komórkowej metodą mikroskopii transmisyjnej (TEM) w odpowiedzi na stres chłodu u *Miscanthus sinensis*; 1 publikacja.

K. Mikołajczak, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek, UAM, Wydział Biologii, A. Pacak; badania nad profilowaniem miRNA; 1 projekt NCN.

P. Ogrodowicz, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Kempa, M. Michałek, D. Maryniak;

- **SGGW, Katedra Fizjologii Roślin, Instytut Biologii**, H.M. Kalaji; ocena wydajności aparatu fotosyntetycznego roślin poddanych jednocześnie stresowi niedoboru wody oraz zainfekowanych grzybami z rodzaju *Fusarium*; 1 projekt NCN.

- **IOR - PIB, Centrum Badań Organizmów Kwarantannowych, Inwazyjnych i Genetycznie Zmodyfikowanych**, M. Gawlak; obserwacja mikromorfologii trichomów za pomocą mikroskopii skaningowej; 1 projekt NCN.

- **Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Laboratorium Mikroskopii Elektronowej**; obserwacje indukowanych stresem zmian roślinnych organelli komórkowych za pomocą elektronowej mikroskopii transmisyjnej; 1 projekt NCN.

M. Kempa, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, K. Mikołajczak, M. Michałek, D. Maryniak, Poznański Park Naukowo-Technologiczny; testowanie wtywu środka (oprysku dolistnego) opartego na salicylanach na wzrost i odporność jęczmienia na stres suszy; umowa zlecenie.

T. Pniewski;

- **UPP, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności**, W. Białas, R. Marecik; przygotowanie liofilizatów do immunizacji doustnej zwierząt; 2 projekty NCN.

- **Centrum Nanobiomedyczne UAM**, A. Mieloch, J. Rybka; przygotowanie i analiza adiuwanta Iscomatrix do immunizacji iniekcyjnej zwierząt, 1 projekt NCN.

- **IGCz PAN, Samodzielna Grupa Badawcza Regionalnego Centrum Medycyny Cyfrowej**, E. Strauss, A. Durska; 2 projekty ABM.

- **UPP, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin**, D. Weigt, K; regulacja epigenetyczna embriogenezy mikrospor pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) – od modulacji chemicznej do CRISPR/dCas9; wspólny wniosek MRiRW.

T. Pniewski, J. Cerazy-Waliszewska;

- **UPP, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności**, W. Białas; analiza składu chemicznego biomasy, destylacja i analiza bioetanolu z biomasy miskanta; 1 publikacja.

- **UPP, Katedra Chemii**, M. Mleczek; analiza reakcji miskanta na stres zanieczyszczenia gleby arsenem w zakresie akumulacji wybranych pierwiastków oraz form arsenu w biomase miskanta; 1 publikacja.

- **PP, Instytut Technologii i Inżynierii Chemicznej**, M. Woźniak-Karczewska; analiza efektu mikroplastiku i jego interakcji z arsenem na wzrost i rozwój roślin; realizacja badań w ramach projektu własnego PP.

J. Cerazy-Waliszewska; UAM, Katedra Chemii Analitycznej, P. Niedzielski, Z. Wojciechowska, J. Proch; analiza zawartości wybranych pierwiastków w biomase miskanta oraz form arsenu w biomase miskanta i bioetanolu, analiza składu gleby; 1 publikacja.

T. Pniewski, E. Wojtkowiak, IOR - PIB, B. Hasiów-Jaroszewska, A. Zarzyńska-Nowak, K. Trzmiel; oczyszczanie VLPs HBcAg i S-HBsAg z materiału roślinnego do immunizacji iniekcyjnej zwierząt, 1 projekt NCN.

M. Jędrzycka, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, IHAR - PIB Oddz. w Bydgoszczy, J. Nowakowski; innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; współpraca w ramach grupy operacyjnej EPI w projekcie „Innowacyjna rzodkiew”.

M. Jędrzycka, J. Kaczmarek, UPP, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, J. Niemann; identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na sucha zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria maculans*); 1 projekt MRiRW; 1 publikacja.

M. Jędrzycka;

- **UPP, Katedra Biochemii i Analizy Żywności**, D. Piasecka-Kwiatkowska, J. Dwiecki; profile związków fenolowych tworzone w zielonych częściach różnych odmian i organów roślinnych chmielu (*Humulus lupulus*); 1 publikacja.

- **UPP, Katedra Entomologii i Ochrony Środowiska**, B. Sobkowiak, M. Bunalski; identyfikacja mszyc i chrząszczy - szkodników bobiku i pszenicy ozimej. 1 projekt (PestSpace).

S. Salamon, J. Cerazy-Waliszewska, M. Urbaniak, IOR - PIB, Zakład Wirusologii i Bakteriologii, K. Krawczyk; popularyzacji nauki w Wielkopolsce; 1 propozycja projektu (SON III; nr rej. SPN/SP/0336/2026/01).

L. Błaszczyk;

- **Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego**, M. Bryła; wpływ grzybów *Trichoderma* na toksynotwórcze gatunki *Fusarium* i *Trichoderma*; 1 publikacja, 1 wniosek NCBiR.

- **UPP, Katedra Chemii, Wydział Leśny i Technologii Drewna**, A. Waśkiewicz; wpływ grzybów *Trichoderma* na toksynotwórcze gatunki *Fusarium* i *Trichoderma*; 1 publikacja.

- **UMCS, Katedra Biologii Komórki, Wydział Biologii i Biotechnologii**, D. Tchórzewska; kompleksowe, wielowymiarowe analizy biologii rozwoju i metabolomiki *Trichosanthes kirilowii* Maxim. na rzecz zastosowania w medycynie zrównoważonej; 1 wniosek NCN.

- **IO - PIB**, T. Maciąg; izolacja nowych szczepów bakterii w celu zwiększenia potencjału *Trichoderma* do łagodzenia stresu związanego z zalewaniem wodą w roślinach ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.), marchwi (*Daucus carota* subsp. *sativus* Hoffm.) i cebuli (*Allium cepa* L.); 1 wniosek NCN.

Ł. Stępień, M. Urbaniak;

- **UPP, Katedra Chemii**, A. Waśkiewicz; analiza ilościowa i jakościowa mykotoksyn fuzaryjnych; 1 publikacja
- **UPP, Katedra Agronomii**, L. Majchrzak; analiza ilościowa i jakościowa grzybów infekujących kłosa pszenicy; wspólne publikacje w przygotowaniu.
- **UAM, Wydział Chemii**, Błażej Gierczyk; identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów z rodzaju *Tulostoma*, wspólna publikacja w przygotowaniu.
- **Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego - PIB**, M. Bryła; testy antagonistyczne grzybów patogenicznych *Fusarium* i *Trichoderma*; 1 publikacja; wspólny wniosek FENG SMART.
- **Instytut Botaniki im. W. Szafera PAN, Grupa Ewolucji i Interakcji Organizmalnych**, M. Piątek; identyfikacja gatunkowa oraz analiza filogenetyczna grzybów mikroskopowych; publikacja w przygotowaniu.
- **UPP**, H. Ratajkiewicz, wykorzystanie metod spektrometrii odbiciowej do identyfikacji grzybów strzępkowych; 1 publikacja, kolejna w przygotowaniu, planowany wspólny projekt.
- **Politechnika Śląska w Gliwicach**, W. Przysaś, M. Jureczko; analiza rozkładu leków, identyfikacja molekularna grzybów oraz analiza ekspresji genów kodujących enzymy; złożona wspólna publikacja; wspólny wniosek NCN.

F. Gregory, D. Mondal; UAM, Wydział Chemii, A. Sajnóg; tracking Au/Ag nanoparticles in *Hypericum perforatum* float seedlings: a comparison between ICP-MS and TXRF results; wspólne doniesienie konferencyjne.

D. Dhiman, R. Sinha, G. Franklin, D. Mondal; UAM, Wydział Biologii, J. Brezovsky; study protein and nanostructured solvent interactions by molecular dynamics; delineate stability the mechanistic insights for DNA-peroxidase nanocomplex in ionic liquids; 1 publikacja.

U. Tanwar; IBB PAN, Pracownia Fosforylacji Białek Roślinnych, D. Konopka-Postupolska; rola białka ANNEXIN1 w regulacji wrażliwości na światło oraz utrzymaniu równowagi hormonalnej u *Arabidopsis thaliana*; 1 publikacja.

M. Książkiewicz, A. Surma, W. Bielski;

- **UP 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; 1 projekt MRiRW.
- **UPP, 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; 1 projekt MRiRW.
- **UAM, Pracownia Biologii Obliczeniowej Wydziału Biologii**, Wojciech Karłowski; analiza różnicowa ekspresji genów i małych RNA w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację łubinu białego; 1 projekt NCN.

M. Książkiewicz, A. Surma, W. Bielski, P. Zgłobicki, A. Paul; UP we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, B. Kozak, R. Galek, S. Rychel-Bielska; identyfikacja genów i niekodujących RNA, zaangażowanych w indukcję kwitnienia łubinu białego; 2 projekty NCN.

W. Bielski, M. Książkiewicz, W. Glonek;

- **UP we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa**, B. Kozak, R. Galek, S. Rychel-Bielska;

- **UAM, Pracownia Biologii Obliczeniowej Wydziału Biologii**, Wojciech Karłowski;

tworzenie populacji mapujących oraz analiza wyników sekwencjonowania genomu trzech gatunków łubinów; 1 projekt NCN.

Współpraca z krajowymi podmiotami gospodarczymi

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział HR w Szelejewie; współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp biologiczny, zad. Nr 17. „Mechanizmy odporności na abiotyczne i biotyczne stresy środowiskowe u form introgressywnych życicy 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, W. Zwierzykowski, M. Taciak

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

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 – Postęp biologiczny, zad. 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. Michałek, R. Holewińska, R. Trzeciak

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.; współpraca w ramach złożonego projektu SMART NCBiR „Innowacyjne biostymulująco-ochronne preparaty na bazie ekstraktów roślinnych i grzybów *Trichoderma* w ochronie pszenicy i pszenżyta; od września 2025; **Ł. Stępień, M. Urbaniak**

Poznańska Hodowla Roślin Sp. 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”, 2021-01-01; 2026-12-31; P. Barzyk/**M. Kroc**, W. Świącicki

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., Oddział HR Tulce; wykonanie analiz w ramach „Umowy nr 15/BREED-UP/2024/Cz.1 na wykonanie usługi badawczej dotyczącej analiz zawartości alkaloidów w nasionach roślin strączkowych”. Termin realizacji usługi: 12.2024-02.2025, **K. Juszczyk**

Innvigo Sp. z o.o.; projekt naukowo-badawczy Innvigo-IGR PAN IGR 17/2024, umowa z 18 grudnia 2024, 18.12.2024-17.12.2025; Ocena wrażliwości wybranych grzybów chorobotwórczych na fungicydy; **J. Kaczmarek**, M. Jędrzycka

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 w projekcie „Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian

rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe”, projekt realizowany w latach 2022-2025, finansowany przez ARiMR, **M. Jędryczka**, J. Kaczmarek

RAGT Semences Polska, Sp. z o.o.; szkolenie w zakresie chorób rzepaku ze szczególnym uwzględnieniem kiły kapusty, Toruń 5 marca 2025 r.; **M. Jędryczka**

Pioneer Seeds Poland; ocena odporności nowych form mieszańcowych rzepaku jarego na kiłę kapusty powodowaną przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*; **M. Jędryczka**, J. Kaczmarek

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych; zleceniobiorca w projekcie PestSpace, doświadczenia polowe z bobikiem w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Chrzastowie (woj. kujawsko-pomorskie) oraz Zakładzie Doświadczalnym Oceny Odmian w Rarwinie (woj. zachodniopomorskie); **M. Jędryczka, J. Kaczmarek**

Centralne Laboratorium – Główny Inspektorat Ochrony Roślin i Nasiennictwa w Toruniu; organizacja wspierająca w projekcie PestSpace, wizyta 4 marca 2025r.; **M. Jędryczka**

Kujawsko-Pomorski Ośrodek Doradztwa Rolniczego w Minikowie; organizacja wspierająca w projekcie PestSpace, wizyty 6 marca i 29 kwietnia 2025r.; **M. Jędryczka**

Krajowy Program Ochrony Zasobów Genowych IHAR, W. Świącicki – kurator banku genów grochu.

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”. 1.01.2021-31.12.2027, 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”. 1.01.2021-31.12.2027, S. Stawiński, K. Spychała/**M. Książkiewicz**

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ

Współpraca prowadzona w ramach umów

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 PAS (Poznań, Poland); od 17.10.2022; **M. Jędryczka**.

Automated Plant Phenotyping Group, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Niemcy; K. Neumann/**P. Krajewski**; realizacja projektu NCN OPUS LAP HETCROP.

Współpraca z jednostką naukową **Research Institute of Organic Agriculture FiBL**, Frick, Szwajcaria; oznaczanie zawartości alkaloidów w nasionach łubinu. Umowa nr 13/2025 oraz 16/25. **K. Juszczyk**.

Umowa o współpracy pomiędzy **Manonmaniam Sundaranar University Research Park w Indiach** (koordynator, prof. Samuel Gnana Prakash Vincent), a IGR PAN; 23.05.2024-23.05.2029.

Współpraca prowadzona bez formalnych umów

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy; A. Fernie, S. Alseekh/ D. Perlikowski, A. Kosmala, I. Pawłowicz, 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.

Centre for Plant Genome Engineering, Institute of Plant Biochemistry, Heinrich Heine University Düsseldorf, Niemcy; G. Hensel/ I. Pawłowicz, A. Czapiewska, A. Kosmala. Przygotowanie wektorów z fragmentem sekwencji (guide) genu lipokaliny CHL (ang. chloroplast lipocalin) do transformacji *Festuca glaucescens*, celem wprowadzenia w genie *chl* mutacji typu knock-out metodą CRISPR/Cas9. Optymalizacja warunków transformacji traw; projekt NCN OPUS.

Institute of Crop Science and Resources Conservation, University of Bonn, Niemcy; A. Mason/ J. Majka; analiza i modyfikacja ekspresji genów wpływających na częstotliwość rekombinacji u *Brassica rapa*; zmniejszenie barier krzyżowalności z pokrewnymi gatunkami, celem bardziej skutecznego wykorzystywania dzikich, pokrewnych gatunków *Brassica*. Staż naukowy długoterminowy - Joanna Majka.

Curtin University, Perth, Australia; J. Ramsay/ K. Czyż; ewolucyjny kompromis symbiozy i jego konsekwencje dla obrony przed patogenami u roślin strączkowych; wspólny wniosek NCN.

Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Biology, Berlin, Niemcy; C. Smaczniak/ A. Kiełbowicz-Matuk, K. Grądzka; zrozumienie molekularnego procesu inicjującego tuberyzację u ziemniaka w różnych warunkach fotoperiodycznych; wspólny wniosek NCN.

ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy, F. Cellini, A. Petrozza/ K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek, A. Kuczyńska; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin; 1 projekt NCN i 1 EU (Agro-Serv); 2 wspólne wnioski – NCN i MRiRW.

Institute for Plant Molecular and Cell Biology, Polytechnic University of Valencia, Walencja, Hiszpania; E. C. Bergua/ K. Mikołajczak, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek; oznaczenie zawartości fitohormonów w badanych genotypach jęczmienia jarego poddanych stresowi niedoboru wody; 1 projekt NCN.

PlantScreen™ Modular System PSI (Photon Systems Instruments), spol. s r.o., Drásov, Republika Czeska; K. Panzarová, L. Abdelhakim/ P. Ogrodowicz, K. Mikołajczak, M. Kempa, M. Michałek, D. Maryniak, A. Kuczyńska; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin; 1 projekt NCN.

The Functional Genomics Center Zurich (FGCZ), Zurich, Szwajcaria; A. Bratus-Neuenschwander/ K. Mikołajczak; identyfikacja miejsc metylacji m6A RNA w liściach jęczmienia jarego w warunkach stresu abiotycznego; wspólny wniosek NCN.

Institute for Animal Production System in Mediterranean Environment (ISPAAM), CNR, Proteomics & Metabolomics Lab, Portici, Włochy; A.D. Troise/ **K. Mikołajczak, A. Kuczyńska, M. Michałek;** profilowanie metabolitów w liściu flagowym oraz niedojrzałym kłosie jęczmienia jarego; 1 projekt EU (Agro-serv).

Portuguese Platform of Biolmaging Node (PPBI), Histology and Electron Microscopy Lab, Advanced Light Microscopy Lab, University of Porto, Porto, Portugalia; P. Sampaio, R. Fernandes/ **K. Mikołajczak, A. Kuczyńska, M. Michałek;** ocena zmian ultrastruktury chloroplastów w liściach flagowych jęczmienia z deficytem brassinosteroidów, poddanego stresowi suszy, z wykorzystaniem mikroskopii konfokalnej i elektronowej; 1 projekt EU (Agro-serv).

Department of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, Bologna, Włochy; M.T. Rodriguez-Estrada/ **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek;** badania nad zmianami molekularnymi w węźle krzewienia jęczmienia w warunkach suszy, wynikającymi z zaburzeń transdukcji sygnału brassinosteroidów; 1 publikacja.

Department of Agricultural, Forest and Food Sciences, Universitet of Turin, Turyn, Włochy; V. Cardenia/ **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek;**

- badania nad zmianami molekularnymi w węźle krzewienia jęczmienia w warunkach suszy, wynikającymi z zaburzeń transdukcji sygnału brassinosteroidów; 1 publikacja.

- oznaczenie składu aminokwasów w transformantach jęczmienia jarego; wspólny wniosek MRiRW.

Department of Evolutionary Biology, Ecology and Environmental Sciences, University of Barcelona, Barcelona, Hiszpania; S. Munne-Bosch, M. Perez-Llorca/ **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, M. Michałek;** badania nad zmianami molekularnymi w węźle krzewienia jęczmienia w warunkach suszy, wynikającymi z zaburzeń transdukcji sygnału brassinosteroidów; 1 publikacja.

Plant Genome Engineering, Institute of Plant Biochemistry, Heinrich Heine University, Düsseldorf, Niemcy; G. Hensel / **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, S. Szczepański, M. Michałek, D. Maryniak;** generowanie transformantów roślin jęczmienia; wspólny wniosek MRiRW.

Department of Chemistry and Ecology, Research School of Physical and Chemical Sciences, Shakarim University, Semej, Kazachstan; B. Mussabayeva, A. Sabitova/ **J. Cerazy-Waliszewska;** badanie lipidów prób w osadach słonych jezior Kazachstanu; 1 publikacja.

University of Nebraska–Lincoln, University of Biochemistry, Stany Zjednoczone; K. Glowacka/ **K. Sobańska, E. Wojtkowiak;** konsultacje naukowe w zakresie oceny statystycznej, kontroli jakości oraz interpretacji danych dotyczących wymiany gazowej; 3 publikacje.

Rothamsted Research, UK; S. Cook/ **M. Jędrzycka;** editorial: Cook S., Jędrzycka M. Praca nad tomem specjalnym czasopisma Pest Management Science poświęconego zintegrowanej ochronie rzepaku (IPM).

Rothamsted Research, UK; J. West, K. King/ **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek;** wspólna praca eksperymentalna oraz publikacja na temat odporności grzyba *Plenodomus biglobosus*, chorobotwórczego względem rzepaku na fungicydy z grupy triazoli.

Julius Kühn Institute, Braunschweig, Niemcy; N. Zamani-Noor/ **M. Jędrzycka**; przegląd technik inokulacyjnych stosowanych dla określenia odporności rzepaku na zgniliznę twardzikową (*Sclerotinia sclerotiorum*).; 1 publikacja.

NRGene Canada; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek**; ocena odporności nowych form mieszańcowych rzepaku jarego na kiłę kapusty powodowaną przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*.

Institute of Experimental Botany, Czechy; Lenka Burketova/ **M. Jędrzycka**; złożenie wspólnego projektu Weave Unisono 2025/07/Y/NZ9/00112; Uncovering the mechanisms of nonhost resistance in *Arabidopsis* to combat pathogens in oilseed rape/Rozpoznanie mechanizmów odporności nieswoistej u *Arabidopsis* w celu zwalczania patogenów w rzepaku ozimym. Złożenie projektu w instytucji wiodącej GACR ID: 644608 (09.04.2025r), wniosek odrzucono DEC-2025/07/Y/NZ9/00112.

Warwickshire College University Centre, Pershore, UK; Roy Kennedy/ **M. Jędrzycka**;
Department of Pharmacy, National Pirogov Memorial Medical University, Vinnytsia, Ukraine; Viktoria Rodinkova/ **M. Jędrzycka**;
opracowano wniosek i zgłoszono udział w akcji COST „Personalised health monitoring systems for outdoor and indoor aeroallergens by implementing low cost personalised sampling and detection technologies (PRESENCE).

Technical University of Madrid, Hiszpania; D. Palmero/ **Ł. Stępień**; analiza interakcji między szczepami *Fusarium* a roślinami szparaga; współpraca w ramach projektu NCN OPUS.

Faculty of Biological Sciences and Agronomic Sciences, Mouloud Mammeri University, Tizi Ouzou, Algeria; A. Zareb/ **S. Salamon, L. Błaszczyk**; identyfikacja grzybów endofitycznych zasiedlających rośliny lecznicze w strefach suchych; 1 publikacja.

University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Larisa, Grecja; K. Papadopoulou, A. Dalakouras/ **S. Salamon, L. Błaszczyk**; udział siRNA uczestniczących w interakcji pszenica-grzyby w wyzwalaniu *de novo* metylacji DNA w genomie pszenicy; wspólny wniosek NCN.

National Agri-Food Biotechnology Institute (NABI), Mohali, Indie; S. Tiwari/ **M. Gawłowska, M. Jędrzycka**; prace w zakresie regeneracji transformantów grochu i modyfikacji jego genomu metodą CRISPR/Cas9; 1 publikacja.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO)/ University of Western Australia, Perth, Australia; M. Nelson / **M. Książkiewicz**; poznanie molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu żółtego; 1 projekt NCN.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO); M. Nelson, C. Taylor, J. Berger, L. Gao, N. Fletcher/ **W. Bielski**; poznanie molekularnych podstaw mechanizmów zmienności indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację u dzikich łubinów Starego Świata; 1 projekt NCN.

The Research Institute of Organic Agriculture (FiBL); 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; 1 projekt NCN; 1 publikacja.

Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie, Lodi, Włochy; P. Annicchiarico, B. Ferrari i N. Nazzicari/ **M. Książkiewicz;** wymiana materiałów roślinnych, współpraca w tematyce molekularnych podstaw wczesności kwitnienia łubinu białego; 1 projekt EU i 1 NCN.

Centre for Nano and Material Sciences, Jain University, India; S. Kalyan Sahoo/ **D. Mondal;** analysis of the thermodynamics of ionic liquid functionalization on the surface of nanomaterials and the energy barrier of metal ion release from nanomaterials in the presence of ionic liquids; 1 projekt EU (NANOPLANT).

School of Biomedical Sciences and Pharmacy, University of Newcastle, Callaghan, Australia; V. Antonydhasan/ **F. Gregory;** *Agrobacterium tumefaciens*-induced proteomic remodelling and physiological adaptations in *Hypericum perforatum* L.; 1 publikacja.

University of Helsinki, Helsinki, Finlandia; Y. Helariutta/ **R. Malinowski, S. Blicharz, K. Stefanowicz, D. Singh;** badanie molekularnych i chemicznych czynników odpowiedzialnych za zmiany rozwojowe w tworzących się naroślach po infekcji *P. brassicae*; 1 projekt NCN; 2 publikacje.

Czech Advanced Technology and Research Institute (CATRIN), Palacký University Olomouc, Olomouc, Czech Republic; N. De Diego/ **R. Malinowski;** oznaczenie zawartości poliamin; 1 projekt NCN.

WYMIANA OSOBOWA

Wizyty gości zagranicznych

Mariola B. Kopcinski (Intrinsyx Bio, Head of Commercialization and Business Development, USA), 16.04.2025. Wygłosiła wykład: Impact of endophytic nonnodulating bacteria on plant health (Plant bacteria interaction for abiotic and biotic stress resistance and enhanced nutrition update).

Walid Fouad (Department of Biology, School of Sciences and Engineering, the American University in Cairo, Egypt), 13.06.2025. Wygłosił wykład: Egypt's journey in GM crop research: milestones and future pathways.

Logeshwaran Panneerselvan, Environmental Plastic and Innovation Cluster, University of Newcastle, Callaghan, Australia, 20-24.11.2025. Wygłosił wykład: Microplastics: emerging threats to plant systems and human health.

IGR PAN gościł **uczestników międzynarodowej konferencji Thirteenth Working Seminar on Statistical Methods in Variety Testing**, organizowanej przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w Słupi Wielkiej, 10 września 2025. W programie wizyty znalazło się seminarium, podczas którego zaprezentowano działalność Instytutu oraz wybrane projekty realizowane w Zakładzie Biometrii i Bioinformatyki. Goście mieli również okazję zwiedzić teren Instytutu, w tym nowo powstające laboratorium Multiomiki, Zakład Fizjologii Roślin i szklarnie, w których prowadzone są badania nad trawami pastewnymi i łubinem, a także poletka doświadczalne z miskantem (12 osób).

Wyjazdy zagraniczne krótkoterminowe

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, pobyt krótkoterminowy, 05.05-19.07.2025, **ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy**; F. Cellini, A. Petrozza; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin; projekt NCN.

P. Ogrodowicz, pobyt krótkoterminowy, 28.07-07.09.2025, **PlantScreen™ Modular System PSI (Photon Systems Instruments), spol. s r.o., Drásov, Republika Czeska**; przeprowadzenie doświadczenia na platformie do automatycznego fenotypowania roślin; projekt NCN.

A. Czapiewska, pobyt krótkoterminowy, 3-10.08.2025, **PlantED Training School in Dusseldorf, Heinrich Heine University, Niemcy**; szkolenie w zakresie techniki CRISPR/Cas; projekt NCN.

M. Jędrzycka, pobyt krótkoterminowy, 19-20.03.2025, **Interreg Baltic Sea Region Programme, Kiel, Germany**; udział w Lead Partner Seminar of the Baltic Sea Region. Szkolenie dla liderów, projekt EU (PestSpace).

M. Jędrzycka, pobyt krótkoterminowy, 25.08-3.09.2025, **Institute of Field and Vegetable Crops, National Institute of the Republic of Serbia (Plant & Soil Pheno), Novi Sad, Serbia**; Ankica Kondic-Spika; analiza sprawności fotosyntetycznej komonicy rożkowej w intensywnym i ekstensywnym systemie gospodarowania. 1 projekt EU (AgroServ).

M. Gawłowska, pobyt krótkoterminowy, 22-26.09.2025, **Institute of Field and Vegetable Crops, National Institute of the Republic of Serbia (Plant & Soil Pheno), Serbia, Novi Sad**; Ankica Kondic; analiza sprawności fotosyntetycznej komonicy na poletkach o obniżonej i podwyższonej zawartości fosforu; 1 projekt EU (AgroServ).

U. Tanwar, pobyt krótkoterminowy, 4-18.05.2025, **University of Verona, Werona, Włochy**; Marzia Rossato; składanie *de novo* genomów genotypów *Lupinus mutabilis* oraz analiza danych RNA-seq w kontekście zmienności wielkości nasion u łubinu; wizyta studyjna naukowców PAN za granicą oraz 1 projekt NCN.

F. Gregory, pobyt krótkoterminowy, 10-20.11.2025, **Centre for Marine Science and Technology (CMST), Manonmaniam Sundaranar University Technology Park, India**

R. Malinowski, S. Verma, pobyt krótkoterminowy, 8-11.01.2025, **Vlaams Instituut voor Biotechnologie (VIB), Ghent, Belgia**; wykonanie eksperymentu dotyczącego profilowania ekspresji genów metodą sekwencjonowania transkryptów pojedynczych jąder komórkowych. Pracę wykonano razem z zespołem dr Berta De Rybel'a; 1 projekt NCN.

Wyjazdy zagraniczne długoterminowe

J. Majka, staż podoktorski, długoterminowy, 01.01.2024-30.07.2026, A. S. Mason, **University of Bonn, Germany**; uczestnictwo w projekcie 1) European Research Council (ERC) 'SAMEY – Stabilising autopolyploid meiosis for enhanced yield' – celem projektu jest analiza i modyfikacja ekspresji genów mejotycznych wpływających na częstotliwość rekombinacji u *Brassica rapa*; 2) Federal Office for Agriculture and Food 'WildResRaps', którego celem jest

zmniejszenie barier krzyżowalności z pokrewnymi gatunkami, aby móc skuteczniej wykorzystywać dzikie, pokrewne gatunki *Brassica*.

D. Singh, staż długoterminowy, 29.03.2025-01.07.2025, A. Jones, S. Schornacki, **Sainsbury Laboratory, University of Cambridge (SLUC), Cambridge UK**; optymalizacja wykorzystania sensorów FRET dla gibberelin u roślin zainfekowanych *P. brassicae*; pobyt w SLUC w ramach uzyskanego stypendium wyjazdowego EMBO; 1 projekt NCN.

M. Mokrzycka, pobyt długoterminowy, 01.10.2024-03.2025, **Linköping University, Szwecja**; rozwój metod dopasowania struktur kowariancyjnych w modelach podwójnie wielowymiarowych w przypadku wysokiej wymiarowości; projekt NAWA Bekker.

M. Majka, staż doktorski, długoterminowy, 01.10.2024-30.09.2026, A. Marques, **Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy**; dynamika rekombinacji mejotycznej u *Rhynchospora tenuis*, badania prowadzone w ramach stypendium przyznanego przez Fundację Alexandra von Humboldta.

KONFERENCJE, WARSZTATY, SEMINARIA – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Organizacja konferencji (w tym warsztatów, cykli seminariów i webinarów)

2nd International Conference on Plant Nanotechnology, Poznań, 7-9 lipca 2025, <https://icpn2025.pl/>; komitet organizacyjny: **F. Gregory**, **D. Mondal**, A. Kosmala, P. Krajewski, L. Błaszczuk, J. Dutkiewicz, G. Maciejewska, M. Jędrzycka, P. Kachlicki, A. Kiełbowicz-Matuk, G. Koczyk, M. Kroc, B. Naganowska, I. Pawłowicz, T. Pniewski, W. Truman; 96 uczestników.

Seminarium naukowe KNA i KB PAN „SZTUCZNA INTELIGENCJA W ROLNICTWIE I BIOTECHNOLOGII”, Warszawa, 29 września 2025; IGR PAN – współorganizator; **A. Kosmala** – członek komitetu organizacyjnego.

Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nowe Techniki Genomowe w Polsce”, Warszawa, 7-8 kwietnia 2025; współorganizowana przez KNA i KB PAN; główny organizator: A. Nadolska-Orczyk (IHAR-PIB); **P. Krajewski** współprowadził Sesję 1 „Aspekty społeczno-prawne” oraz wygłosił wykład w tej Sesji pt. „Uwagi o metodach obliczeniowych i zarządzaniu danymi dla nowych technik genomowych”; **A. Kosmala** współprowadził Sesję 2 „Kierunki rozwoju technologii NGT i przydatność w gospodarce i hodowli roślin (technologie, geny, cechy)” oraz wygłosił wykład pt. „Zastosowanie CRISPR/CAS9 do edycji genomu rzepaku, ziemniaka i traw – analizy funkcji wybranych genów prowadzone w IGR PAN” w Sesji 3 „Zaawansowanie badań w Polsce – od adaptacji technologii do pierwszych osiągnięć”.

Multivariate and Mixed Linear Models, międzynarodowe warsztaty naukowe, Będlewo, Poland, 16-22 marca 2025; PP Poznań, IGR PAN; **M. Mokrzycka**; 11 uczestników.

Multivariate and Mixed Linear Models, międzynarodowe warsztaty naukowe, Będlewo, Poland, 16 -22 listopada 2025, PP Poznań, IGR PAN; **M. Mokrzycka**; 9 uczestników.

European Foundation for Plant Pathology, SLU Uppsala, Szwecja, 2-5 czerwca 2025; **M. Jędrzycka** – członek komitetu naukowo-organizacyjnego; 237 uczestników.

Organizacja serii webinarium Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego (8 webinarium w roku 2025); <https://www1.up.poznan.pl/ptfit/>; **M. Jędrzycka** – współorganizator; 17-70 uczestników, średnio 46.

„Łubin i inne rośliny strączkowe w zrównoważonym rolnictwie i produkcji żywności”, Poznań, 24- 25 czerwca 2025; konferencja krajowa, **W. Świącicki** – współorganizator; ok. 50 uczestników.

Otwarta wystawa grzybów w Ogrodzie Botanicznym UAM, Poznań, Polska, 20-21 września 2025; **M. Urbaniak**.

Warsztaty z zastosowania mikroskopu cyfrowego i mikroskopu konfokalnego firmy KEYENCE INTERNATIONAL (Belgium), 4 lipca 2025, IGR PAN, Poznań, **Gawłowska M.** (współorganizator), **M. Subsar**, **D. Chojnowski**, 20 uczestników.

Seminaria naukowe IGR PAN

Organizatorzy: **Izabela Pawłowicz**, **William Truman**

28.02. Anna Janeczko (IFR PAN), Presence and physiological activity of steroids in plant kingdom.

28.03. Anna Kasprzewska (IGR PAN), How to shape a sweet factory – biological basis of leaf morphogenesis.

16.04. Mariola B. Kopcinski (Intrinsyx Bio, USA), Impact of endophytic nonnodulating bacteria on plant health.

13.06. Walid Fouad (Department of Biology, School of Sciences and Engineering, the American University in Cairo, Egypt), Egypt’s journey in GM crop research: milestones and future pathways.

10.10. Cezary Smaczniak (Humboldt-Universität zu Berlin, Department of Biology, Berlin, Niemcy), Protein and DNA interactions of transcriptional co-regulator LEUNIG_HOMOLOG reveal its functions during early stages of Arabidopsis flower development.

23.10. Logeshwaran Panneerselvan (University of Newcastle, Australia), Microplastics: emerging threats to plant systems and human health.

Aktywny udział w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych; wykłady na zaproszenie (również te niezwiązane z konferencjami)

Pracownicy i doktoranci uczestniczyli aktywnie (prezentując doniesienia ustne i plakaty) w następujących konferencjach krajowych i międzynarodowych:

2nd International Conference on Plant Nanotechnology, Poznań, 7-9 lipca 2025, <https://icpn2025.pl/>; **A. Kosmala** – współprowadzenie sesji; **L. Błaszczuk** – wykład na zaproszenie; **T. Pniewski** – współprowadzenie sesji, wykład na zaproszenie; **D. Prajapati**, **L. Kiirika**, **D. Mondal**, **F. Gregory** – plakat; **L. Muthukrishnan**, **D. Mondal**, **F. Greory** – plakat; **P. Matam**, **D. Mondal**, **G. Franklin** – plakat; **RK. Selvakesavan**, **D. Kruszcza**, **RK. Sinha**, **D. Mondal**, **F. Gregory** – plakat; **RK. Sinha**, **RK. Selvakesavan**, **D. Mondal**, **F. Gregory** – plakat; **D. Dhiman**, **F. Gregory**, **D. Mondal** – plakat; **D. Prajapati**, **M. Saxena**, **D. Mondal**, **F. Gregory** – plakat; **L. Kiirika**, **D. Perlikowski**, **F. Gregory**, **D. Mondal** – doniesienie ustne;

L. Muthukrishnan, D. Mondal, F. Gregory – doniesienie ustne; **M. Jędrzycka** – wykład na zaproszenie; **J. Kaczmarek** – plakat.

Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nowe Techniki Genomowe w Polsce”, Warszawa, 7-8 kwietnia 2025; **P. Krajewski** – współprowadzenie sesji, doniesienie ustne; **A. Kosmala** – współprowadzenie sesji, doniesienie ustne.

XXXIV Forum Ekonomiczne „Czas transformacji – Jaka będzie Europa przyszłości?”, Karpacz, 2-4 września 2025; **A. Kosmala** – doniesienie ustne, panel dyskusyjny na zaproszenie.

XII Konferencja Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin (12th PSEPB Conference), Warszawa, 9-12 września 2025; **A. Kosmala** – członek komitetu naukowego, współprowadzenie sesji, plakat; **I. Pawłowicz** – plakat; **K. Sobańska** – plakat; **K. Czyż** – plakat.

The 36th Meeting of the EUCARPIA, Fodder Crops and Amenity Grasses Section, “Breeding and Genetic Improvement for a Net-Zero Future”, Aberystwyth, UK, 1-5 września, 2025; **J. Górna** – współprowadzenie sesji, doniesienie ustne; **A. Czapiewska** – doniesienie ustne; **D. Perlikowski** – doniesienie ustne; **J. Cerazy-Waliszewska** – doniesienie ustne.

European Plant Phenomics Symposium 2025, Bonn, Niemcy, 16-19 września 2025; **A. Kuczyńska** – plakat, **K. Mikołajczak** – plakat, **P. Ogradowicz** – plakat, **P. Krajewski** – plakaty.

8th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, Budapeszt, Węgry, 11-13 listopada 2025; **A. Kuczyńska** – plakat, **K. Mikołajczak** – plakat, **P. Ogradowicz** – plakat, **D. Maryniak** – plakat.

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo, 16-22 marca 2025; **M. Mokrzycka** – doniesienie ustne.

Royal Statistical Society International Conference 2025, Edinburgh, UK, 1-4 września 2025; **M. Mokrzycka** – plakat.

11th International Conference of Polish Metabolomic Society Metabolomics Circle 2025 & 5th Poznan Scientific Conference 'Modern Pharmaceutical and Biomedical Analytics in Health Care', Poznań, 5-7 listopada 2025; **D. Kruszka** – członek komitetu organizacyjnego i naukowego, współprowadzenie sesji, plakat; **D. Kruszka, K. Juszczak, A. Burdzińska, J. Kaczmarek, M. Jędrzycka** – plakat.

Multivariate and Mixed Linear Models, Będlewo, 16-22 listopada 2025; **M. Mokrzycka** – doniesienie ustne.

Konferencja “Statystyka Matematyczna”, Chęciny, Polska, 8-11 grudnia 2025; **M. Mokrzycka** – doniesienie ustne.

17th European Conference of Fungal Genetics, Dublin, Irlandia, 2-5 marca 2025; **S. Salamon** – doniesienie ustne.

17th European Fusarium Seminar, Bordeaux, France, 21-24 października 2025; **S. Salamon** – doniesienie ustne.

IX Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne – „Metagenomy różnych środowisk”, UMCS, Lublin, 23-24 czerwca 2025; **L. Błaszczak** – doniesienie ustne; **M. Jędrzycka** – wykład plenarny na zaproszenie, doniesienie ustne.

Konferencja pt. "Łubin i inne rośliny strączkowe w zrównoważonym rolnictwie i produkcji żywności", Poznań, 24-25 czerwca 2025; **M. Książkiewicz, W. Bielski** – doniesienie ustne; **M. Książkiewicz, W. Bielski, P. Zgłobicki** – doniesienie ustne; **A. Surma, W. Bielski, P. Zgłobicki, M. Książkiewicz** – doniesienie ustne; **W. Bielski, A. Surma, M. Książkiewicz** – doniesienie ustne; **M. Książkiewicz** – współprowadzenie sesji; **W. Bielski, M. Książkiewicz** – plakat; **W. Bielski** – współprowadzenie sesji; **W. Świącicki** – członek komitetu naukowego, doniesienie ustne; **K. Czepiel** – doniesienie ustne; **M. Gawłowska** – doniesienie ustne.

Agrobiodiversity conference "Pulses: Bringing Diversity to Agrifood Systems" oraz spotkanie roczne projektu INCREASE, Bukareszt, Rumunia, 23- 26 września 2025; **U. Tanwar** - doniesienie ustne; **K. Susek** – doniesienie ustne.

Plant Vascular Biology 2025, Ghent, Belgia, 14-15 czerwca 2025; **R. Malinowski** – plakat.

International Conference on Arabidopsis Research – ICAR 2025, Ghent, Belgia, 16-19 czerwca 2025; **R. Malinowski** – doniesienie ustne.

14th International Colloid Conference, Spain, 15-18 czerwca 2025; **D. Dhiman, D. Mondal** – plakat.

MycoRise Up! Młodzi w Mykologii, Spała, 12-13 kwietnia 2025; **E. Enow** – doniesienie ustne.

14th Conference of the European Foundation for Plant Pathology, EFPP, Uppsala, Szwecja, 2-5 czerwca 2025; **E. Enow** – plakat; **M. Urbaniak** – plakat; **M. Jędrzycka** – doniesienie ustne, 2 plakaty; **J. Kaczmarek** – doniesienie ustne, 3 plakaty; **K. Grądzka** – plakat.

17th European Fusarium Seminar, Bordeaux, Francja, 21-24 października 2025; **E. Enow** – doniesienie ustne, plakat; **Ł. Stępień** – doniesienie ustne, plakat.

Plants 2025: From seeds to food security, Barcelona, Hiszpania, 31 marca - 2 kwietnia 2025; **M. Jędrzycka** – wykład na zaproszenie.

Air Quality and Global Pollution: Monitoring, Exposure and Human Health, Rzeszów, 10-11 kwietnia 2025; **M. Jędrzycka, J. Kaczmarek** – 2 doniesienia konferencyjne, plakat.

Konferencja EFSA, Łódź, Łódź, 4-5 września 2025; Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej; **P. Krajewski, M. Jędrzycka** – doniesienie ustne.

12th International Scientific Conference "Rural Development 2025: Resilience to Global Change", Kaunas, Litwa, 1-3 października 2025; **M. Jędrzycka** – 2 doniesienia ustne.

Annual Arab Asian Biotechnology Conference AABC 2025 "Desert Biotechnology and Sustaining Life in Arid Regions", Alexandria, Egipt, 5-6 listopada 2025; **M. Jędrzycka** – doniesienie ustne.

XVII. Hungarian Plant Anatomy Symposium, Szeged, Hungary, 17 października 2025; **M. Jędrzycka** – doniesienie ustne.

Małgorzata Jędrzycka „Biotechnologia w powietrzu”, Koło Młodych Biotechnologów OPERON, Wydział Biotechnologii i Inżynierii Środowiska, Biocentrum, UPP, 15 stycznia 2025; – wykład na zaproszenie.

Małgorzata Jędrzycka „Aerobiologia w pigułce: od Lukrecjusza do współczesnych chwytaczy molekularnych”, Instytut Dendrologii PAN w Kórniku, 20 stycznia 2025; – wykład na zaproszenie.

Monika Mokrzycka “Approximation of the covariance matrix in doubly multivariate model”, Stockholm University, Szwecja, 26 lutego 2025; – wykład na zaproszenie.

Monika Mokrzycka “Covariance matrix estimation in a doubly multivariate model”, Linköping University, Szwecja, 4 marca 2025; – wykład na zaproszenie.

Deeksha Singh “Role of the PEAR genes in gall formation during clubroot disease”, Sainsbury Laboratory, Cambridge University, UK,

LISTA PROJEKTÓW REALIZOWANYCH W 2025 r.

EU Horyzont 2020; NANOPLANT - Utworzenie Zakładu Nanotechnologii Roślin w celu maksymalizacji wpływu kultury ERA Chair na IGR PAN; 856961; F. Gregory; 2 499 250,00 EUR (IGR PAN); 2019-09-01 - 2025-08-31

EU Horyzont 2020; INCREASE - Inteligentne Kolekcje Roślin Strączkowych Zasoby Genetyczne dla Europejskich Systemów Rolno-Spożywczych; 862862; R. Papa (Università Politecnica delle Marche, Włochy, lider), K. Susek (IGR PAN); 250 000 EUR (IGR PAN); 2020-05-01 - 2026-04-30

EU Horyzont Europe; Legume Generation - Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe; 101081329; L.G. Otto (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, lider), K. Susek (IGR PAN); 144 250 EUR (IGR PAN); 2023-09-01 - 2028-02-29

EU Horyzont Europa; BELIS - Hodowla Europejskich Roślin Strączkowych dla Wzmocnienia Zrównoważonego Rozwoju; 101081878; B. Julier (Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, France, lider), M. Książkiewicz (IGR PAN); 62 375 EUR; 2023-10-01 - 2028-09-30

AgroServ - Common lotus – sustainable crop and valuable forage for cows on agroecological farms; AgroServ-24-C1-Agro-TNA-018, finansowanie w ramach EU Horyzont Europa AgroServ, 101058020; kierownik części realizowanej w IGR PAN: M. Jędrzycka

AgroServ - Barley Adaptation to Drought: Functional Imaging and Metabolic Remodeling to Boost Photosynthesis and Phenotypic Performance; AgroServ-24-C3-Agro-TNA-007, finansowanie w ramach EU Horyzont Europa AgroServ; 101058020; kierownik części realizowanej w IGR PAN: K. Mikołajczak

InterReg Baltic Sea Region; priorytet: Innovative societies - PestSpace Improving resilience to the spread of plant diseases via a regional Pest Common Data Space; Lider projektu: U. Koljalg (Uniwersytet w Tartu, Estonia; lider); M. Jędrzycka (IGR PAN, lider WP2); 495 265 PLN; 11-02-2025 - 2028-02-10

NCN OPUS 17; 2019/33/B/NZ9/00751; Waskularna koordynacja długodystansowa u roślin porażonych przez *Plasmodiophora brassicae*; R. Malinowski; 1 978 760 PLN; 05-02-2020 - 04-02-2025

NCN OPUS 18; 2019/35/B/NZ9/00208; Melatonina jako nadrzędny czynnik w kształtowaniu architektury korzenia i adaptacji do suszy przez regulację współdziałania fitohormonów u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.); A. Kuczyńska; 1 848 480 PLN; 27-07-2020 - 26-07-2025

NCN OPUS 18; 2019/35/B/NZ8/04283; Architektura genetyczna nasion: ewolucyjne podejście do identyfikacji molekularnych podstaw zmienności fenotypowej u roślin strączkowych (łubinu białego i fasoli zwyczajnej); K. Susek; 1 988 520 PLN; 20-07-2020 - 19-07-2026

NCN OPUS 18; 2019/35/B/NZ6/04002; Wpływ płci żywiciela na odpowiedź immunologiczną i protekcję po doustnej immunizacji proteazą cysteinową *Fasciola hepatica* i zarażeniu tym

pasożytem; konsorcjum M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa, lider), A. Wesołowska (MiIZ PAN, Warszawa), T. Pniewski (IGR PAN); 1 999 800 PLN; 10-09-2020 - 09-09-2026

NCN OPUS 19; 2020/37/B/NZ6/02334; Odpowiedź immunologiczna po iniekcyjno-doustnej koimmunizacji antygenami HBV pochodzenia roślinnego polaryzującymi odpowiedź w kierunku Th1 lub Th2, w kontekście potencjalnej terapii chronicznego wzwb; konsorcjum: T. Pniewski (IGR PAN, lider), M. Kęsik-Brodacka (NIL, Warszawa), A. Wesołowska (MiIZ PAN, Warszawa); 1 738 200 PLN; 22-02-2021 - 21-02-2026

NCN OPUS 20; 2020/39/B/NZ9/02488; Charakterystyka rodziny lipokalin oraz ich funkcja w stabilizowaniu aparatu fotosyntetycznego podczas stresu oksydacyjnego u *Festuca glaucescens*; I. Pawłowicz; 1 615 994 PLN; 02-07-2021 - 01-07-2026

NCN OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/02405; Molekularna i funkcjonalna charakterystyka mechanizmów odporności roślin rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana* L.) na kiłę kapusty; W. Truman; 1 642 374 PLN; 02-02-2022 - 01-02-2026

NCN OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/04123; Molekularne i fizjologiczne mechanizmy sezonowego transportu i fitoekstrakcji różnych form arsenu u traw wieloletnich na przykładzie miskanta olbrzymiego (*Miscanthus x giganteus*); konsorcjum: J. Cerazy-Waliszewska (IGR PAN, lider), P. Niedzielski (UAM), M. Mleczek (UPP); 2 880 698 PLN; 21-01-2022 - 20-01-2027

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

NCN OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/02226; Zróżnicowanie funkcjonalne duplikatów genu *Flowering Locus T* w kontroli indukcji kwitnienia łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) w odpowiedzi na fotoperiod i wernalizację; M. Książkiewicz; 2 733 512 PLN; 01-03-2022 - 28-02-2026

NCN OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/02576; MikroRNA - ważne czynniki koordynujące reakcję na suszę w liściu jęczmienia poprzez regulację współdziałania fitohormonów; K. Mikołajczak; 2 141 254 PLN; 01-03-2022 - 28-02-2026

NCN OPUS 21; 2021/41/B/NZ9/00782; Kompleksowa analiza mechanizmów mrozoodporności w sekwencji procesów hartowania w chłodzie, rozhartowywania i ponownego hartowania, u traw pastewnych; D. Perlikowski; 2 076 780 PLN; 01-06-2022 - 31-05-2026

NCN OPUS 22; 2021/43/B/NZ9/02701; Specyficzność regulacji interakcji *Fusarium*-szparag przez metabolity i hormony gospodarza wytwarzane podczas infekcji; Ł. Stępień; 1 875 750 PLN; 27-06-2022 - 26-06-2026

NCN OPUS 22; LAP 2021/43/I/NZ9/02519; Oparta na predykcji normalizacja ze względu na heterochronię rozwojową w równoległych badaniach molekularnych i fenomicznych roślin; P. Krajewski/K. Neumann (IPK); 840 140 PLN; 01-06-2023 - 31-05-2026

NCN OPUS 23; 2022/45/B/NZ9/02135; NANO-HORMESIS: Reakcja roślin dziurawca na hormetyczną dawkę nanocząstek: W jaki sposób rośliny postrzegają nanocząstki metali

i dostosowują odpowiedź ilościową do ich stężenia? F. Gregory; 3 643 513 PLN; 01-02-2023 - 31-01-2027

NCN OPUS 23; 2022/45/B/NZ9/01397; Molekularne podstawy odporności łubinu białego (*Lupinus albus* L.) na antraknozę; M. Książkiewicz; 2 834 184 PLN; 27-01-2023 - 26-01-2027

NCN OPUS 24; 2022/47/B/NZ9/01282; RNaCTION: microRNA i siRNA- mediatorzy w komunikacji pomiędzy pszenicą zwyczajną, a patogenicznymi i symbiotycznymi grzybami; L. Błaszczyk; 2 145 800 PLN; 27-06-2023 - 26-06-2027

NCN OPUS 24; 2022/47/B/NZ9/00558; Zrozumienie zjawiska supresji ksylogenezy wywołanej u roślin przez patogen *Plasmodiophora brassicae*; R. Malinowski; 2 425 973 PLN; 09-06-2023 - 08-06-2027

NCN OPUS 25; 2023/49/B/NZ9/01977; RICHFUN - wzbogacanie i dekodowanie grzybowych klastrów biosyntetycznych w niskoobfitych mykobiomach związanych z roślinami; G. Koczyk; 2 595 173 PLN; 03-01-2024 - 02-01-2027

NCN OPUS 26; 2023/51/B/NZ9/01614; Określenie dynamiki zmian w sieciach białek oddziałujących z wybranymi izoformami fosfatazy białkowej BnaABI1 w warunkach stresu suszy i zasolenia u rzepaku (*Brassica napus* L.); D. Babula-Skowrońska; 1 918 100 PLN; 16-09-2024 - 15-09-2028

NCN OPUS 27; 2024/53/B/NZ9/02200; Geny warunkujące neutralność fotoperiodyczną i termoneutralność u dzikich gatunków łubinów; W. Bielski; 3 226 290 PLN; 03-03-2025 - 02-03-2029

NCN OPUS 27; 2024/53/B/NZ9/01796; Podróż szlakami wernalizacji pośród łubinów Starego i Nowego Świata; konsorcjum: S. Rychel-Bielska (UP Wrocław, lider), M. Książkiewicz (IGR PAN); 4 491 973 PLN 01-07-2025 - 30-06-2029

NCN OPUS 27; 2024/53/B/NZ9/00756; Modulacja dynamiki akumulacji antocyjanów i jej wpływ na architekturę korzeni i pędów roślin jęczmienia jarego w warunkach stresu wieloczynnikowego; P. Oгородowicz; 2 171 633 PLN; 27-01-2025 - 26-01-2029

NCN OPUS 28; 2024/55/B/NZ9/00579; Długie niekodujące RNA jako wieloaspektowe czynniki regulujące współdziałanie fitohormonów i szlaki sygnalizacji stresu u jęczmienia; A. Kuczyńska; 2 294 920 PLN; 24-06-2025 - 23-06-2029

NCN PRELUDIUM 23; 2024/53/N/NZ9/03463; Badania nad wpływem temperatury i długości wernalizacji na termin kwitnienia i rozwój trzech łubinów (*Lupinus angustifolius* L., *Lupinus albus* L., *Lupinus luteus* L.); A. Surma; 209 998 PLN; 29-10-2025 - 28-10-2028

NCN PRELUDIUM 23; Poznanie roli giberelin (GA) w przeprogramowaniu rozwoju tkanki przewodzącej w trakcie postępu kiły kapusty u roślin rzodkiewnika; 2024/53/N/NZ9/02155; D. Signh; 139 000 PLN; 10-01-2025 - 09-01-2027

NCN SONATA 17; 2021/43/D/ST4/00699; NanoBioCat: Opracowywanie opartych na biopolimerach i wspomaganych przyjaznymi dla białek cieczami jonowymi nanokonstruktów enzymatycznych o zwiększonej skuteczności dla biokatalizy tandemowej w warunkach wielu stresów; D. Mondal; 1 574 614 PLN; 27-06-2022 - 26-06-2026

NCN SONATA 17; 2021/43/D/NZ9/00293; Krótka historia o wielkiej roli małego RNA w procesie regulacji kwitnienia łubinu białego (*Lupinus albus* L.); konsorcjum: S. Rychel-Bielska (UP Wrocław, lider), M. Książkiewicz (IGR PAN); 2 785 829 PLN; 07-07-2022 - 06-07-2026

NCN SONATA 19; 2023/51/D/NZ9/00817; Dendroremediacja arsenu - czasozależna dynamika akumulacji, transformacji i mechanizmów tolerancji form metaloidu u wybranych gatunków drzew leśnych; konsorcjum: S. Budzyńska (UPP, lider), P. Niedzielski (UAM), J. Cerazy-Waliszewska (IGR PAN); 70 760 PLN; 01-07-2024 - 30-06-2027

NCN SONATA 20; 2024/55/D/NZ1/02545; Entomopatogenne grzyby strzępkowe: Źródło 11-hydroksylazy progesteronu dla zrównoważonej i ekologicznej syntezy hydroksysteroidów; konsorcjum: E. Kozłowska (UP Wrocław, lider), M. Urbaniak (IGR PAN); 398 000 PLN; 01-10-2025 - 30-09-2028

NCN SONATA BIS 14; 2024/54/E/ST4/00113; BioFluCas: Projektowanie wielocząsteczkowo stłoczonych biomimetycznych płynów neoterycznych w celu wzmocnienia biologicznych reakcji kaskadowych in vitro; D. Mondal; 4 455 632 PLN; 05-05-2025 - 04-05-2030

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

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; A. Kosmała; 250 000,00 PLN (2025 r.); 2021-2026

MRiRW Postęp Biologiczny; Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów; Zad. 18; M. Książkiewicz; 348 000,00 PLN (2025 r.); 2021-2027

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; M. Kroc; 210 000,00 PLN (2025 r.); 2021-2027

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

MRiRW Postęp Biologiczny; Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki; Zad. 25; M. Jędrzycka; 300 000,00 PLN (2025 r.); 2021-2026

ARiMR, PROW „Współpraca” Nr projektu: 00044.DDD.650900.114.2019.02; Innowacyjne wykorzystanie fitosanitarne i nawozowe nowej generacji odmian rzodkwi oleistej w integrowanej uprawie roślin; innowacyjne działania marketingowe; Lider: L. Chmielnicki, prezes Przedsiębiorstwa Nasiennego ROLNAS Sp. z o.o. Kierownik projektu w IGR PAN: M. Jędrzycka; 387 850 PLN; 14-06-2021 - 31-12-2025

WYKAZ PUBLIKACJI

Artykuły w czasopismach znajdujących się na liście MNiSW

	Publikacja	MNiSW	IF ₂₀₂₄	Q ₂₀₂₄
1.	Santamarina, C; Mathieu, L; Bitocchi, E; Pieri, A; Bellucci, E; Di Vittori, V; Susek, K ; Scossa, F; Nanni, L; Papa, R (2025) Agroecological genomics and participatory science: optimizing crop mixtures for agricultural diversification. Trends in Plant Science 30: 1211-1225. DOI: 10.1016/j.tplants.2025.04.008	200	20,8	1 (Plant Sciences)
2.	Pommier, C; Alic, I; Cabrera-Bosquet, L; Draye, X; Neveu, P; Reif, JC; Robbins, KR; Krajewski, P ; Tardieu, F (2025). Reassessing data management in increasingly complex phenotypic datasets. Trends in Plant Science. DOI: 10.1016/j.tplants.2025.09.001	200	20,8	1 (Plant Sciences)
3.	Susek, K ; Vincenzi, L; Tomaszewska, M ; Kroc, M ; Franco, E; Cosentino, E; Limongi, AR; Tanwar, UK ; Jamil, H ; Nelson, MN; Bayer, PE; Edwards, D; Papa, R; Delledonne, M; Jackson, SA (2025) The unexplored diversity of rough-seeded lupins provides rich genomic resources and insights into lupin evolution. Nature Communications 16: 4358. DOI: 1038/s41467-025-58531-w	200	15,7	1 (Multidisciplinary Sciences)
4.	Adhikary, D; Ul Islam, A; Adhikari, S; Chapara, V; Truman, W ; Ludwig-Müller, J (2025) Clubroot Disease: 145 Years Post-Discovery, Challenges, and Opportunities. Annual Review of Phytopathology 63: 603626. DOI: 1146/annurev-phyto-121323-020949	200	11,9	1 (Plant Sciences)
5.	Cerazy-Waliszewska, J ; Wojciechowska, Z; Bialas, W; Mleczek, M; Niedzielski, P; Proch, J; Pniewski, T (2025) Effect of arsenic speciation on growth, physiology, and bioethanol yield in two <i>Miscanthus x giganteus</i> genotypes. Journal of Environmental Management 394: 127343. DOI: 1016/j.jenvman.2025.127343	200	8,4	1 (Environmental Sciences)
6.	Dhiman, D ; Sethi, A; Sinha, R ; Biswas, S; Franklin G ; Mondal, D (2025) Bioinspired design of DNA in aqueous ionic liquid media for sustainable packaging of horseradish peroxidase under biotic stress. Chemical Communications 61: 1613-1616. DOI: 10.1039/d4cc05803h.	200	4,2	2 (Chemistry, Multidisciplinary)
7.	Zicola, J; Weber, B; Tu, X; Bader, R; Zisis, D; Aesaert, S; Salvi, S; Krajewski, P ; Van Lijsebettens, M; Li, Ch; Li, Y; Zhong, S; Scholten, S; Turck, F; Stam, M (2025) Vegetative to generative1 (Vgt1) is an enhancer affecting flowering time and jasmonate signaling in maize by promoting the expression of Zea mays Related to APETALA 2.7. Plant Physiology 199: kiaf468. DOI: 10.1093/plphys/kiaf468	140	6,9	1 (Plant Sciences)

8.	Singh, D; Blicharz, S; Roszak, P; Helariutta, Y; Malinowski, R (2025) PHLOEM EARLY DOF genes are induced within clubroot galls as a consequence of cambial stimulation and vascular reprogramming during <i>Plasmodiophora brassicae</i> infection in <i>Arabidopsis thaliana</i> . Journal of Experimental Botany 76: 45214537. DOI: 1093/jxb/eraf225	140	5,7	1 (Plant Sciences)
9.	Zakerska-Banaszak, O; Ladziak, K; Kruszka, D; Maciejewski, K; Wolko, L; Krela-Kazmierczak, I; Zawada, A; Vestergaard, MV; Dobrowolska, A; Skrzypczak-Zielinska, M (2025) New potential biomarkers of ulcerative colitis and disease course - integrated metagenomic and metabolomic analysis among Polish patients. Journal of Gastroenterology 60: 13841399. DOI: 1007/s00535-025-02280-6	140	5,5	1 (Gastroenterology & Hepatology)
10.	Bielski, W; Surma, A; Książkiewicz, M; Rychel-Bielska, S (2025) Evaluation of the Global White Lupin Collection Reveals Significant Associations Between Homologous FLOWERING LOCUS T Indels and Flowering Time, Providing Validated Markers for Tracking Spring Ecotypes Within a Large Gene Pool. International Journal of Molecular Sciences 26: 6858. DOI: 3390/ijms26146858	140	4,9	1 (Biochemistry & Molecular Biology)
11.	Ogrodowicz, P; Kuczyńska, A; Mikołajczak, K; Kempa, M; Maryniak, D; Michałek, M; Krajewski, P; Belter, J; Gawlak, M; Kalaji, H.M; Dąbrowski, P; Mojski, J; Belusiak I (2025) Effect of developmental dynamics on WRKY expression in barley with varying phenologies and trichome micromorphologies. BMC Plant Biology DOI: 10.1186/s12870-025-07933-5	140	4,8	1 (Plant Sciences)
12.	Grądzka, K; Biegańska, M; Koczyk, G; Młodzińska, A; Pawłowicz, I; Kiełbowicz-Matuk, A (2025) CHIP-seq and transcriptomics reveal a new role of circadian-regulated StBBX24 protein in potato reproduction. BMC Plant Biology 25: 1702. DOI: 10.1186/s12870-025-07811-0. I	140	4,8	1 (Plant Sciences)
13.	Pawłowicz, I; Kopeć, P; Kosmala, A (2025) The draft genome assembly and annotation of allotetraploid <i>Festuca glaucescens</i> . BMC Plant Biology 25: 1590. DOI: 10.1186/s12870-025-07558-8	140	4,8	1 (Plant Sciences)
14.	Patyi, A; Kamp, M; Arncken, C; Biazzi, E; Książkiewicz, M; Messmer, MM; Schneider, M; Tava, A; Lazzaro, M (2025) Identification of a new QTL associated to reduced quinolizidine alkaloid content in white lupin (<i>Lupinus albus</i> , L.) and development of ultra-low alkaloid recombinants by stacking with the pauper allele. BMC Plant Biology 25: 945. DOI: 1186/s12870-025-06951-7	140	4,8	1 (Plant Sciences)
15.	Tanwar, UK; Tomaszewska, M; Czepiel, K; Neji, M; Jamil, H; Rocchetti, L; Pieri, A; Bitocchi, E; Bellucci, E; Pipan, B; Meglic, V; Oppermann, M; Kroc, M; Papa, R; Susek, K (2025) Establishment and phenotypic characterization of genetically diverse core collections of <i>Lupinus albus</i> . BMC Plant Biology 25: 1256. DOI: 1186/s12870-025-07115-3	140	4,8	1 (Plant Sciences)

16.	Piekara, J; Piasecka-Kwiatkowska, D; Holaj, H; Jędrzycka, M ; Daramola, OD; Dwiecki, K (2025) Hop (<i>Humulus lupulus</i> L.) Phenolic Compounds Profile Depends on Cultivar and Plant Organ Maturity. <i>Molecules</i> 30: 2365. DOI: 3390/molecules30112365	140	4,6	2 (Biochemistry & Molecular Biology)
17.	Kumari, A; Njuguna, JN; Zheng, XY; Kromdijk, J; Sacks, EJ; Głowacka, K (2025) Genetic Basis of Non-Photochemical Quenching and Photosystem II Efficiency Responses to Chilling in the Biomass Crop <i>Miscanthus</i> . <i>Global Change Biology Bioenergy</i> 17: e70015. DOI: 1111/gcbb.70015	140	4,1	1 (Agronomy)
18.	Sobańska, K; Głowacka, K; Krajewski, P; Wojtkowiak, E; Nuc, M; Basińska-Barczak, A; Czyż, KB ; Waligórski, P; Kruszka, D ; Gabała, E; Grzywaczyk, E; Zborowska, M; Drożdżyńska, A; Mokrzycka, M; Koczyk, G; Cerazy-Waliszewska, J ; Milewska-Hendel, A; Betekhtin, A; Pniewski T (2025) From Stress to Recovery: Divergent Chilling Responses in Contrasting <i>Miscanthus sinensis</i> Genotypes. <i>Global Change Biology Bioenergy</i> 17(12): 70087. DOI: 10.1111/gcbb.70087	140	4,1	1 (Agronomy)
19.	Bielski, W; Surma, A; Belter, J ; Kozak, B; Książkiewicz, M ; Rychel-Bielska, S (2025) Molecular dissection of the genetic architecture of phenology underlying <i>Lupinus hispanicus</i> early flowering and adaptation to winter- or spring sowing. <i>Scientific Reports</i> 15: 15324. DOI: 1038/s41598-025-00096-1	140	3,9	1 (Multidisciplinary Sciences)
20.	Surma, A; Książkiewicz, M; Bielski, W ; Kozak, B; Galek, R; Rychel-Bielska, S (2025) Development and validation of PCR marker array for molecular selection towards spring, vernalization-independent and winter, vernalization-responsive ecotypes of white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.). <i>Scientific Reports</i> 15: 2659. DOI: 1038/s41598-025-86482-1	140	3,9	1 (Multidisciplinary Sciences)
21.	Sinha, RK; Shakya, P; Selvakesavan, RK; Franklin, G (2025) Transgenic validation of a promoter strongly inducible by <i>Agrobacterium tumefaciens</i> . <i>Scientific Reports</i> 16: 485. DOI: 10.1038/s41598-025-30002-8	140	3,9	1 (Multidisciplinary Sciences)
22.	King, KM; González-Rodríguez, LM; Kaczmarek, J; Jędrzycka, M ; West, JS (2025) Decreased DMI sensitivity of <i>Plenodomus biglobosus</i> (phoma of oilseed rape) associated with CYP51 substitution G476S. <i>Pest Management Science</i> : ps.8926. DOI: 1002/ps.8926	140	3,8	1 (Agronomy)
23.	Selvakesavan, RK; Nuc, M; Pradeep, M; Krajewski, P; Franklin, G (2025) Dual omics comparison: how <i>Agrobacterium tumefaciens</i> and <i>Agrobacterium rhizogenes</i> modulate gene expression and metabolism in <i>Hypericum perforatum</i> L. <i>BMC Genomics</i> 26: 958. DOI: 1186/s12864-025-12086-8	140	3,7	2 (Biotechnology & Applied Microbiology; Genetics & Heredity)
24.	Enow, EA; Urbaniak, M; Stępień, L (2025) Host Metabolites in Asparagus-Fusarium Interaction: Mechanisms and Regulation. <i>Plant Pathology</i> 74: 923942. DOI: 1111/ppa.14083	140	2,4	2 (Agronomy; Plant Sciences)

25.	Michałek, M; Ogrodowicz, P; Kempa, M; Kuczyńska, A; Mikołajczak, K (2025) Melatonin in crop plants: from biosynthesis through pleiotropic effects to enhanced stress resilience. <i>Journal of Applied Genetics</i> 66: 471-491. DOI: 1007/s13353-025-00963-7	140	1,9	3 (Genetics & Heredity; Biotechnology & Applied Microbiology)
26.	Modrzewska M; Popowski D; Błaszczuk L; Stępień Ł; Waśkiewicz A; Urbaniak M; Bryła M (2025) Interfungal antagonism between <i>Trichoderma</i> and <i>Fusarium proliferatum</i> - metabolomic and DNA-based analyses. <i>Journal of Applied Genetics</i> 66: 1079-1095. DOI: 1007/s13353-025-01014-x	140	1,9	3 (Genetics & Heredity; Biotechnology & Applied Microbiology)
27.	Zareb, A; Banachewicz, P; Havrysh, P; Błaszczuk, L; Hammad, T; Meftah, C; Salamon, S (2025) Endophytic fungal communities of <i>Calicotome spinosa</i> - an important medicinal plant of Tizi-Ouzou (Algeria). <i>Journal of Applied Genetics</i> 66: 763-769. DOI: 1007/s13353-025-00980-6	140	1,9	3 (Genetics & Heredity; Biotechnology & Applied Microbiology)
28.	Saxena, M; Muthukrishnan, L; Pradeep, M; Selvakesavan, RK; Franklin, G; Mondal, D (2025) Circular valorization of <i>Hypericum perforatum</i> biomass into CuO-lignin and CuO-cellulose bionanocomposites for mitigating copper nanotoxicity in plants. <i>International Journal of Biological Macromolecules</i> 321: 146474. DOI: 1016/j.ijbiomac.2025.146474	100	8,5	1 (Biochemistry & Molecular Biology)
29.	Brown, JH; Vijayan, J; de Queiroz, AR; Ramos, NF; Bickford, N; Wuellner, M; Buan, NR; Stone, JM; Głowacka, K; Roston, RL (2025) Coenzyme M: An Archaeal Antioxidant as an Agricultural Biostimulant. <i>Antioxidants</i> 14: 140. DOI: 3390/antiox14020140	100	6,6	1 (Biochemistry & Molecular Biology)
30.	Majka, M; Janáková, E; Jakobson; Järve, K; Korchanová, Z; Lampar, A; Juracka, J; Valárik, M (2025) Comparison and assessment of recombination site and recombination hotspot at the sequence and epigenetic level. <i>New Biotechnology</i> 85: 203203. DOI: 1016/j.nbt.2024.08.327	100	4,9	1 (Biotechnology & Applied Microbiology)
31.	Zamani-Noor, N; Jędryczka, M (2025) Inoculum and inoculation techniques: key steps in studying pathogenicity and resistance to <i>Sclerotinia</i> stem rot in oilseed rape. <i>Frontiers in Plant Science</i> 16: 1610049. DOI: 3389/fpls.2025.1610049	100	4,8	1 (Plant Sciences)
32.	Oskuei, BK; Masi, A; Kosmala, A; Mahna, N (2025) Plant stress and proteomics in medicinal plants. <i>Frontiers in Plant Science</i> 16: 1656247. DOI: 3389/fpls.2025.1656247	100	4,8	1 (Plant Sciences)
33.	Perlikowski, D; Lechowicz, K; Blicharz, S; Arasimowicz-Jelonek, M; Czapiewska, A; Pawłowicz, I; Kosmala, A (2025) Nitric oxide regulates photosynthesis and the capacity of the antioxidant system under water deficit and rehydration in <i>Lolium multiflorum/Festuca arundinacea</i>	100	4,8	1 (Plant Sciences)

	introgression forms. <i>Frontiers in Plant Science</i> 16: 1652482. DOI: 3389/fpls.2025.1652482			
34.	Głowacka, K (2025) Mechanisms underpinning natural variation in non-photochemical quenching kinetics. <i>Biochemical Society Transactions</i> 53: 1237-1248. DOI: 1042/BST20253087	100	4,3	2 (Biochemistry & Molecular Biology)
35.	Hermosaningtyas, AA; Toton, E; Budzianowska, A; Lisiak, N; Romaniuk-Drapala, A; Kruszka, D ; Rewers, M; Kikowska, M (2025) Biotechnology Production of Cell Biomass from the Endangered <i>Kickxia elatine</i> (L.) Dumort: Its Untargeted Metabolomic Analysis and Cytotoxic Potential Against Melanoma Cells. <i>Biomedicines</i> 13: 1382. DOI: 3390/biomedicines13061382	100	3,9	2 (Biochemistry & Molecular Biology)
36.	Kasprzewska, A; Basinska-Barczak, A (2025) Molecular Mechanisms of Dual Potato Reproduction. <i>Physiologia Plantarum</i> 177: e70451. DOI: 1111/ppl.70451	100	3,6	1 (Plant Sciences)
37.	Pijanowski, W; Chmielewski, S; Wysoczanski, W; Havrysh, P ; Turnau, K; Lembicz, M (2025) <i>Beauveria felina</i> Accelerates Growth When Competing with Other Potential Endophytes. <i>Environmental Microbiology Reports</i> 17: e70067. DOI: 1111/1758-2229.70067	100	2,7	3 (Environmental Sciences; Microbiology)
38.	Kuczyńska, A; Michałek, M; Ogrodowicz, P; Kempa, M; Krajewski, P; Cardenia, V; Rodriguez-Estrada, MT; Pérez-Llorca, M; Munné-Bosch, S; Mikołajczak, K (2025) Disorders in brassinosteroids signal transduction triggers the profound molecular alterations in the crown tissue of barley under drought. <i>PLoS One</i> 20: e0318281. DOI: 1371/journal.pone.0318281	100	2,6	2 (Multidisciplinary Sciences)
39.	Sobańska, K; Mokrzycka, M; Przewoźnik, M; Pniewski, T; Głowacka, K (2025) Exploring chilling stress and recovery dynamics in C4 perennial grass of <i>Miscanthus sinensis</i> . <i>PLoS One</i> 20: e0308162. DOI: 1371/journal.pone.0308162	100	2,6	2 (Multidisciplinary Sciences)
40.	Hermosaningtyas, AA; Budzianowska, A; Kruszka, D ; Derda, M; Długaszewska, J; Kikowska, M (2025) Can In Vitro Cell Cultures of <i>Eryngium planum</i> , <i>Lychnis flos-cuculi</i> , and <i>Kickxia elatine</i> be an Alternative Source of Plant Biomass with Biological Antimicrobial and Anti-Acanthamoeba Activities? <i>Applied Sciences-Basel</i> 15: 8292. DOI: 3390/app15158292	100	2,5	3 (Chemistry, Multidisciplinary)
41.	Niemann, J., Starosta, E; Kaczmarek, J; Pawłowicz, I; Bocianowski, J (2025) Expression Profiling and Interaction Effects of Three R-Genes Conferring Resistance to Blackleg Disease in <i>Brassica napus</i> . <i>Applied Sciences</i> 15: 11613. DOI: 10.3390/app152111613	100	2,5	3 (Chemistry, Multidisciplinary)
42.	Singh, H; Kumar, P; Singh, J; Święcicki, WK; Jędrzycka, M; Gawłowska, M; Tiwari, S (2025) Efficient protoplast isolation and transfection for	100	2,4	3

	CRISPR/Cas9-based genome editing in pea (<i>Pisum sativum</i> L.). Plant Cell Tissue and Organ Culture 163: 12. DOI: 1007/s11240-025-03198-w			(Biotechnology & Applied Microbiology) 2 (Plant Sciences)
43.	Kawaliło, M; Lalak-Kańczugowska, J; Dutkiewicz, Z; Urbaniak, M; Popiel, D; Czyż, K; Koczyk, G (2025) Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi. PeerJ 13: e20472. DOI: 10.7717/peerj.20472	100	2,4	2 (Multidisciplinary Sciences)
44.	Wojtkowiak, E; Czyż, KB; Basińska-Barczak, A; Pudelska, H; Głowacka, K; Pniewski, T; Sobańska, K (2025) Enhanced micropropagation of <i>Miscanthus x giganteus</i> : a sustainable approach to optimal regenerated plant growth. Plant Cell Tissue and Organ Culture 162: 35. DOI: 1007/s11240-025-03102-6	100	2,4	3 (Biotechnology & Applied Microbiology) 2 (Plant Sciences)
45.	Verma, S; Švihlová, L; Robert, HS (2025) The MADS-box protein SHATTERPROOF 2 regulates TAA1 expression in the gynoecium valve margins. Plant Reproduction 38: 6. DOI: 10.1007/s00497-024-00518-6	100	2,4	2 (Plant Sciences)
46.	Lampar, A; Lnenicková, H; Antalová, Z; Balcárková, B; Sedláček, T; Janáková, E; Barabaschi, D; Korol, A; Dvoráček, V; Skopová, M; Tulpová, Z; Korchanová, Z; Majka, M; Juracka, J; Bartos, J; Dolezel, J; Valárik, M (2025) Genetic mapping of agronomically important traits in einkorn wheat. Crop Science 65: e70123. DOI: 1002/csc2.70123	100	1,9	2 (Agronomy)
47.	Durak, R; Borowiak-Sobkowiak, B; Szpyrka, E; Durak, T; Ciak, B; Jędrzycka, M (2025) Composition of fatty acids in hemp leaves (<i>Cannabis sativa</i> L.) under the impact of aphids and a herbicide. Journal of Plant Protection Research 65: 241254. DOI: 24425/jppr.2025.155051	100	1,3	3 (Plant Sciences; Agronomy)
48.	Mokrzycka, M; Mrowinska, M (2025) Block covariance matrix estimation with structured off-diagonal blocks. Statistical Papers 66: 129. DOI: 1007/s00362-025-01736-4	100	1,1	3 (Statistics & Probability)
49.	Rachowka, J; Szelagowski, D; Mank, K; Tanwar, U; Bucholc, M; Dobrowolska, G; Debski, J; Keszy, J; Gieczewska, KB; Garstka, M; Konopka-Postupolska, D (2025) Transcriptome profiling implicates ANNEXIN1 in light sensitivity and hormonal balance maintenance in <i>Arabidopsis thaliana</i> . Plant Physiology and Biochemistry 229: 110363. DOI: 1016/j.plaphy.2025.110363	70	5,7	1 (Plant Sciences)
50.	Panda, S; Singh, NC; Sonawane, PD; Meir, S; Kamble, AC (2025) Jasmonate Responsive SlnLTP Confers Resistance Against <i>Botrytis cinerea</i> and <i>Verticillium dahliae</i> in Tomato. Journal of Plant Growth Regulation 44: 42644284. DOI: 1007/s00344-025-11684-w	70	4,4	1 (Plant Sciences)

51.	Tosoroni, A; Di Vittori, V; Nanni, L; Musari, E; Papalini, S; Bitocchi, E; Bellucci, E; Pieri, A; Ghitarrini, S; Susek, K ; Papa, R (2025) Recent Advances in Molecular Tools and Pre-Breeding Activities in White Lupin (<i>Lupinus albus</i>). Plants-Basel 14: 914. DOI: 3390/plants14060914	70	4,1	1 (Plant Sciences)
52.	Kazminska, K; Mokrzycka, M ; Slomnicka, R; Korzeniewska, A; Bartoszewski, G (2025) Genetic diversity of <i>Cucurbita maxima</i> accessions representing the Eastern European gene pool. Genetic Resources and Crop Evolution 72: 68156828. DOI: 1007/s10722-025-02362-7	70	0,43	3 (Plant Sciences; Agronomy)
53.	Pipan, B; Sinkovič, L; Neji, M; Meglič, V; Susek, K ; Kroc, M ; Bellucci, E; Bitocchi, E; Papa, R; (2025) Application of non-destructive MARVIN and NIR seed screening of pre-breeding material: A case study on common bean (<i>Phaseolus vulgaris</i>), white lupin (<i>Lupinus albus</i>) and Andean lupin (<i>L. mutabilis</i>). Seed Science and Technology 53: 51-72. DOI: 10.15258/sst.2025.53.1.06	40	3,0	1 (Agronomy)
54.	Shakya, P ; Selvakesavan, RK ; Perlikowski, D ; Antonydhasan, V; Kiirika, L ; Franklin, G (2025) <i>Agrobacterium tumefaciens</i> -induced proteomic remodelling and physiological adaptations in <i>Hypericum perforatum</i> L. Plant Stress 18: 100986. DOI: 1016/j.stress.2025.100986	20	6,9	1 (Plant Sciences)
55.	Nuc, M ; Stanoch, M ; Ćwiek-Kupczyńska, H ; Naganowska, B ; Krajewski, P (2025) MASHt: Software for statistical analysis of transcriptomes' qualitative features in factorial experiments. Bioinformatics 21: 3162-3164. DOI: 10.6026/973206300213162.	20	-	-
56.	Mussabayeva, B; Akimzhanova, K; Sabitova, A; Ydyrys, A; Kruszka, D ; Cerazy-Waliszewska, J ; Łęska, B; Tabisz, Ł (2025) Extraction of Lipids from Natural Saline Mud and their Interpretation from Point of Biological Activity in the Context of Salt Lakes of North-East Kazakhstan. Engineered Science 30: 1628. DOI: 10.30919/es1628	20	-	-

Wykaz publikacji w czasopismach spoza listy MNiSW i w wydawnictwach publikujących recenzowane monografie naukowe

Shet, SM; **Mondal, D**; Nataraj, SK (2025). Functionalized Material-Based Flexible Biomedical Devices. In: Functionalized Nanomaterials for Electronic and Optoelectronic Devices: Design, Fabrications and Applications, Raval G et al., Ed. DOI: 10.1002/9781394214105.ch15

Kudławiec, B; Domian, G; Gorczak, M; Kujawa, A; Łożek, M; Naser, G; Nowak, ME; Pawłowska, J; Piskorski, S; Stasińska, M; Tischer, M; **Urbaniak, M**; Wrzosek, M (2025) Obserwacje mykologiczne członków Sekcji Różnorodność i Ochrona Grzybów Polskiego Towarzystwa Mykologicznego. Część VI. – Mycological records by Fungal Diversity and Conservation Section of the Polish Mycological Society. Part 6. Przegląd Przyrodniczy Tom XXXVI, 4 (2025): 3-65.

Wykaz publikacji w czasopismach branżowych/popularnonaukowych

Kaczmarek, J; Jędrzycka, M (2025) Odporność na choroby w odmianach rzepaku: Unia stawia na odporność genetyczną. *Przedsiębiorca Rolny* (5-6/2025).

Jędrzycka, M; Kaczmarek, J (2025) Choroby rzepaku. *Przedsiębiorca Rolny* (7/2025).

Kaczmarek, J; Jędrzycka, M (2025) Verticilioza działa w ukryciu. *Nowoczesna Uprawa* 05: 28-31.

Jędrzycka, M. Kaczmarek, J (2025) Diagnostyka i zwalczanie suchej zgnilizny kapustnych. *Nowoczesna Uprawa* 07: 42-43.

Kaczmarek, J (2025) Chemia i biologia razem – przyszłość zapraw. *Nowoczesna Uprawa* 08: 28-31.

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Złożony wniosek o udzielenie patentu na wynalazek, Sinha RK, Gregory F: Promotor do regulacji ekspresji genów roślinnych i jego zastosowanie, Europejski Urząd Patentowy, nr zgłoszenia EP25184874; 24 czerwca 2025.

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

Nagroda Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN dla zespołu prof. dr. hab. Roberta Malinowskiego w składzie: **Robert Malinowski** (IGR PAN), Sara Blicharz (IGR PAN/obecnie IChB PAN), Soham Mukhopadhyay (IGR PAN PAN/obecnie Laval University, Kanada), Juan Camilo Ochoa (IGR PAN/obecnie IBB PAN), **Karolina Stefanowicz** (IGR PAN), **William Truman** (IGR PAN) za dokonanie naukowe pt. „Opisanie genetycznych i fizjologicznych mechanizmów reakcji roślin na infekcję przez *Plasmodiophora brassicae* – pierwotniaka wywołującego kiłę kapusty.” Uchwała nr 9/2025 Wydziału II PAN z dnia 27 listopada 2025.

Decyzją Kapituły „Księgi Wdrożeń XXI wieku” System Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC), opracowany w IGR PAN, **został zakwalifikowany do publikacji w pierwszej edycji Księgi**, jako jedno z siedmiu wdrożeń w Polsce. Dokument ten jest unikalnym zestawieniem polskich osiągnięć naukowych i inżynierskich, z sukcesem zastosowanych w praktyce. Autorkami wdrożenia są **Małgorzata Jędrzycka** oraz **Joanna Kaczmarek** z IGR PAN, współpracujące z partnerami: Du Pont/Corteva, COBORU, instytucjami naukowo-technicznymi i dużymi gospodarstwami rolnymi. Uroczystości prezentacji „Księgi Wdrożeń XXI wieku” oraz wręczenie certyfikatów przez prof. dr. hab. Andrzeja Szeptyckiego - Podsekretarza Stanu w Ministerstwie Nauki i Szkolnictwa Wyższego odbyły się 25 listopada 2025 w Kajetanach pod Warszawą podczas 7. Kongresu "Zdrowie Polaków".

Małgorzata Jędrzycka – dyplom uznania Wydziału Biologii i Biotechnologii UMCS za współpracę z Wydziałem w charakterze Interesariusza i prowadzenie zajęć dla studentów, 21 grudnia 2025.

Wojciech Świącicki – nagroda za zajęcie I miejsca w konkursie Polskiego Towarzystwa Łubinowego na najlepszą publikację związaną z łubinem w 2024 r., 24.06.2025 (*Marciniak, K; Przedniczek, K; Kęsy, J., Świącicki, W; Kopcewicz, J (2024) The development of yellow lupin anthers depends on the relationship between jasmonic acid and indole-3-acetic acid. Physiologia Plantarum 176 (4): e14385. DOI: 10.1111/ppl.14385.*).

Katarzyna Czepiel – nagroda za zajęcie I miejsca w konkursie Polskiego Towarzystwa Łubinowego na najlepszą pracę doktorską związaną z łubinem w 2024 r., 24.06.2025 („Charakterystyka molekularnego podłoża akumulacji alkaloidów oraz zmienności ich profili w nasionach wybranych gatunków łubinów”; promotor: dr hab. Magdalena Kroc).

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Stopień naukowy doktora

Mgr Natalia Elżbieta Żyła – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN 16 grudnia 2025 r. na podstawie pracy

pt. „Dywergencja funkcjonalna i regulatorowa homologów genu BnaHB6 w złożoności sieci transkrypcyjnej w warunkach deficytu wody u rzepaku (*Brassica napus* L.)”; promotor: D. Babula-Skowrońska

Mgr Maria Nuc – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN 16 grudnia 2025 r. na podstawie pracy pt. „Metodologia statystyczna badania zmian jakościowych transkryptomu roślin w aspekcie interakcji genotypu i środowiska”; promotor: P. Krajewski; promotor pomocnicza: H. Ćwiek-Kupczyńska

Tytuł zawodowy magistra, licencjata

Adrianna Dolata – UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biotechnologia, praca licencjacka pt. „The effect of mulberry (*Morus* L.) leaf extract on growth, fumonisins biosynthesis and *FUM* genes expression in *Fusarium proliferatum*”, 8 lipca 2025; promotor: M. Urbaniak

Kacper Borski – UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, praca magisterska pt. „Opracowanie markerów CAPS do selekcji form jęczmienia jarego o zwiększonej odporności na stresowe warunki środowiska”, 24 czerwca 2025; promotor: A. Kuczyńska

Maja Renicka – UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek Biotechnologia, praca magisterska pt. „Produkcja antygeny rdzeniowego HBV w transgenicznej *Lactuca sativa* L.”, 22 września 2025; promotor: K. Sobańska

Magistranci, stażyści, praktykanci, wolontariusze

Aleksandra Bojarska, praktykantka, PP, Wydział Technologii Chemicznej, kierunek: Technologia Chemiczna, 04.08-29.08.2025, K. Juszczak

Kacper Borski, magistrant, UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek: Biotechnologia, 01.01-23.06.2025, A. Kuczyńska

Aleksandra Ciupak, praktykantka, PP, Wydział Technologii Chemicznej, kierunek: Procesy Technologiczne i Bioprocesy, 10.07-7.08.2025, T. Pniewski

Julia Chęsy, stażystka, UPP, Wydział Biotechnologii, 26.06-18.07.2025, J. Kaczmarek

Gabriela Gałka, praktykantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Ochrona Środowiska, 17.02-10.03.2025, L. Błaszczak

Dawid Gaziński, praktykant, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biotechnologia, 18.08-5.09.2025, T. Pniewski

Łukasz Grobelny, stażysta, UPP, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, kierunek: Biologia Stosowana, II rok, studia dzienne; 1-30.05.2025, M. Jędryczka

Aleksandra Grodzka, stażystka, UPP, Wydział Biotechnologii, 26.06-18.07.2025, J. Kaczmarek

Maciej Jakobina, wolontariusz, UP we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, 19.05-18.06.2025, M. Książkiewicz, W. Bielski

Natalia Jokś, praktykantka, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Ochrona Środowiska, 05.06-10.07.2025, L. Błaszczyk

Bartosz Makowski, praktykant, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biotechnologia, 8-26.09.2025, T. Pniewski

Marta Mielcarska, stażystka, UAM, Wydział Biotechnologii, 16.10.2024-23.04.2025, J. Kaczmarek

Alicja Mirecka, magistrantka, UAM, Wydział Biologii, od 02.01.2025, L. Błaszczyk

Ayat Morsi, wolontariuszka, Politechnika Poznańska, 20.11-20.12.2025, M. Jedryczka, J. Kaczmarek, W. Irzykowski

Maja Renicka, magistrantka, UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, kierunek: Biotechnologia, 1.06.2024-22.09.2025, K. Sobańska

mgr Gabriela Skowron, praktykantka, IHAR-PIB w Radzikowie, 20-31.10 oraz 17-28.11.2025, D. Perlikowski, I. Pawłowicz, J. Górna, A. Kosmala

Alina Szczerbinina, wolontariuszka, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biotechnologia, 25.04-31.07.2025, E. Wojtkowiak

Katarzyna Szewczyk, wolontariuszka, UPP, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, 19.05-18.06.2025, M. Książkiewicz, W. Bielski

Wacław Szymt, wolontariusz, bezrobotny, 2.05-30.06.2025, M. Jedryczka, J. Kaczmarek

Mateusz Śledź, praktykant, UM, Wydział Medyczny, kierunek: Biotechnologia Medyczna, 13.06-25.07.2025, L. Błaszczyk

Weronika Trembacz, praktykantka, PUT, Wydział Technologii Chemicznej, kierunek: Inżynieria Farmaceutyczna, 26.06-05.08.2025, K. Juszczak

Jędrzej Walczak, praktykant, UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biotechnologia, 06.07.2025, L. Błaszczyk

Zofia Woźniak, praktykantka, UPP, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, kierunek: Biotechnologia, 28.07-12.08.2025 oraz 01.09-12.09.2025, S. Salamon

Maria Zielińska, praktykantka, PP, Wydział Technologii Chemicznej, kierunek: Inżynieria Farmaceutyczna, 25.06-05.08.2025, K. Juszczak

Natalia Ziętarska, stażystka, UPP, Wydział Biotechnologii, 26.06-18.07.2025, J. Kaczmarek

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH
CZASOPISM NAUKOWYCH

Arkadiusz Kosmala:

Journal of Applied Genetics, Editorial Board „Plant genetics”

Izabela Pawłowicz:

Journal of Applied Genetics, Section Editor „Plant genetics”

Paweł Krajewski:

Journal of Applied Genetics, Editorial Board „Plant genetics”

Małgorzata Jedryczka:

Plant Pathology, Editorial Board

Agronomy, Editorial Board

Agronomy, Guest Editor, Special Issue “Crop plants: losses and benefits caused by soil fungi”

Zemdirbyste Agriculture, Editorial Board

Pest Management Science, Guest Editor, Special Issue “Next Generation integrated Control in Oilseed rape”

Journal of Fungi, Guest Editor, Special Issue “Soil Fungi and Their Role in Plant Growth”

Agnieszka Kiełbowicz-Matuk:

BioTechnologia, Plant Section Editor

Łukasz Stępień:

The Science of Nature, Associate Editor

Frontiers in Fungal Biology, Associate Editor

Journal of Applied Genetics, Editor in Chief

Wojciech Święcicki:

Genetic Resources and Crop Evolution, Editorial Board

Dibyendu Mondal:

Scientific Reports, Editorial Board

Franklin Gregory:

Scientifica, Editorial Board

Plants, Editorial Board

Frontiers in Chemical Biology, Editorial Board

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

Agnieszka Kiełbowicz-Matuk:

Komisja Biotechnologii przy O/PAN w Poznaniu, sekretarz

Rada Naukowa IGR PAN, rzecznik dyscyplinarny

Arkadiusz Kosmala:

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek Prezydium

Rada Naukowa IHAR-PIB, zastępca Przewodniczącego Rady

Rada Naukowa Instytutu Dendrologii PAN, członek

Rada Naukowa IFR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

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

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Badań Naukowych

Izabela Pawłowicz:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Oddział w Poznaniu, skarbnik

Paweł Krajewski:

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek

EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding, Board Member

MIAPPE Steering Committee, członek

Wielkopolskie Forum Inteligentnych Specjalizacji, członek

Monika Mokrzycka:

Grupa robocza „Rozwój oparty na ICT”, Wielkopolskie Forum Inteligentnych Specjalizacji, członek

Maria Nuc:

Grupa robocza „Rozwój oparty na ICT”, Wielkopolskie Forum Inteligentnych Specjalizacji, członek

Dariusz Kruszka:

Grupa robocza „Biosurowce i żywność dla świadomych konsumentów”, Wielkopolskie Forum Inteligentnych Specjalizacji, członek

Rada Naukowa IGR PAN, Sekretarz Rady Naukowej

Karolina Sobańska:

Rada Naukowa IGR PAN, zastępca Sekretarza Rady Naukowej

Anetta Kuczyńska:

European Wheat Aneuploid Cooperative (EWAC), członek

Komitet Biotechnologii przy O/PAN w Poznaniu, członek

Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk, zastępca Kierownika

Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk, zastępca Koordynatora
dyscypliny: rolnictwo i ogrodnictwo

Rada Naukowa IGR PAN, Przewodnicząca Komisji Wnioskowej

Piotr Ogrodowicz:

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

Tomasz Pniewski:

Komitet Biotechnologii PAN, Sekcja Biotechnologii Roślin, członek

Rada Naukowa IGR PAN, zastępca Przewodniczącej Rady Naukowej

Małgorzata Jędrzycka:

Global Council of Innovation in Rapeseed and Canola (GCIRC), członek

International Society for Plant Pathology (ISPP), członek Zarządu

European Foundation for Plant Pathology (EFPP), członek Zarządu

Członek korespondent PAN

Rada Kuratorów Wydziału II PAN, członek

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne (PTFit), Przewodnicząca Oddziału Poznańskiego,
zastępca przewodniczącego PTFit, reprezentant PTFit w ISPP

Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek Zarządu Głównego

Rada Towarzystw Naukowych przy Prezydium PAN, członek; Zespół ds. Słownika Towarzystw
Naukowych, członek

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek

Komisja COBORU ds Rejestracji Odmian Roślin Oleistych i Włóknistych, członek

Rada Naukowa IGR PAN PAN, Przewodnicząca Komisji Dyscyplinarnej

Rada Naukowa Instytutu Agrofizyki PAN, członek Komisji ds. Oceny Działalności Naukowej

Rada Naukowa IChB PAN w Poznaniu, członek Komisji Doktorskiej

Komisja ds. upowszechniania i promocji działalności naukowej (DUN), członek

Ekspert ds. oceny wniosków o wpisanie strategicznej infrastruktury badawczej na Polską
Mapę Infrastruktury Badawczej

Rada Naukowa IFR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej; członek Komisji ds.
Oceny Działalności Naukowej Pracowników

Joanna Kaczmarek:

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, z-ca Przewodniczącej Komisji Rewizyjnej, członek
Zarządu Głównego

Łukasz Stępień:

Ekspert Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej w Programie Operacyjnym Inteligentny Rozwój

Ekspert Komisji Europejskiej do oceny wniosków w programie MSCA

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Przewodniczący Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek

Rada Programowa Banku Patogenów IOR-PIB w Poznaniu, członek

Rada Naukowa Instytutu Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego-PIB, członek Komisji ds. Polityki Naukowej i Finansowej

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

Monika Urbaniak:

Polskie Towarzystwo Mykologiczne, Przewodnicząca sekcji Różnorodność i Ochrona Grzybów

Lidia Błaszczuk:

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek

Polskie Towarzystwo Genetyczne, Przewodnicząca Zarządu Oddziału Poznańskiego

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne, Przewodnicząca sekcji Mykologii i Mikotoksyn, sekretarz Zarządu PTFit Oddziału Poznańskiego

Komitet Biotechnologii O/PAN w Poznaniu, członek

Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk, Koordynator dyscypliny: rolnictwo i ogrodnictwo

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

Sylwia Salamon:

Polskie Towarzystwo Genetyczne, członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego

Magdalena Kroc:

International Lupin Association (ILA) Advisory Board, członkini

Wojciech Świącicki:

Kapituła Krajowej Nagrody Naukowej im. St. Barbackiego, Przewodniczący

Kapituła Medalu im. Michała Oczapowskiego przy Wydziale II PAN, członek

International Legume Society, członek honorowy

Rada Naukowa PAN Ogrodu Botanicznego-Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, członek

Komitet Nauk Agronomicznych PAN, członek

Krajowe Zrzeszenie Producentów Rzepaku i Roślin Białkowych, członek honorowy

Polskie Towarzystwo Łubinowe, członek

Członek rzeczywisty PAN

Katarzyna Czepiel:

Polskie Towarzystwo Łubinowe, członkini Zarządu

International Lupin Association (ILA), członkini

Rada Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN, wiceprzewodnicząca

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

Humaira Jamil:

Rada Samorządu Doktorantów IGR PAN, członek

Polskie Towarzystwo Łubinowe, członek

Michał Książkiewicz:

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji Dyscyplinarnej

Danuta Babula-Skowrońska:

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji Wnioskowej

Robert Malinowski:

Rada Naukowa PAN Ogrodu Botanicznego-Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, członek

Multinational Arabidopsis Steering Committee, country representative

Rada Naukowa IGR PAN, członek Komisji Dyscyplinarnej

DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

Prowadzenie obowiązkowych seminariów dla doktorantów IGR PAN w ramach PSD IPAN, „Plant genetics part XI”, „Plant genetics part XII”, L. Błaszczyk; 24 godz.

Wykłady dla doktorantów PSD IPAN:

- “Water functions in plant cell”, 7.01-4.02.2025, I. Pawłowicz, 6 godz.
- “Basic principles of photosynthesis in plants”, 11.03-29.04.2025, A. Kosmala, 7 godz.
- “Abiotic stress response in plants”, 29.04-3.06.2025, D. Perlikowski, 7 godz.
- “Plant phenomics – definition, relevance, and its place among the “-omics”; 25.11.2025, A. Kuczyńska, 2 godz.
- “Platforms and technologies for plant phenotyping”; 2.12.2025; K. Mikołajczak, 2 godz.
- “Case studies on vegetation indices and plant architecture analysis”; 15.12.2025; P. Ogrodowicz, 2 godz.

Wykłady dla studentów UAM, Wydział Biologii, kierunek: Ochrona Środowiska, „Mykologia innowacyjna”, 28.11.12-30.01.2025, L. Błaszczyk

Politechnika Poznańska, Instytut Matematyki, kierunek: Zarządzanie i Inżynieria Produkcji; wykłady, ćwiczenia: Badania operacyjne, Laboratoria: Statystyka, Statystyka matematyczna, Statystyka wielowymiarowa, M. Mokrzycka, 15 godz.

Politechnika Poznańska, Instytut Matematyki, kierunek: Matematyka, Artificial intelligence; laboratoria: Statystyka, Statystyka matematyczna, Statystyka wielowymiarowa, M. Mokrzycka, 30 godz.

Collegium Da Vinci, kierunek: Informatyka, Information Technology; warsztaty: Rachunek prawdopodobieństwa, Probability, M. Mokrzycka, 20 godz.

WSB Merito w Poznaniu, kierunek: Inżynieria zarządzania; ćwiczenia: Matematyka, M. Mokrzycka, 24 godz.

UAM, Studia podyplomowe Analityka Chemiczna; Metody chromatograficzne: HPLC-ESI-MS/MS, 17.05.2025; D. Kruszka (wykład, 1,5 godz.), K. Juszczyk (laboratoria, 3 godz.).

UAM, Wydział Biologii, kierunek: Biologia; zajęcia laboratoryjne w ramach przedmiotu „Biologia grzybów” ze studentami 3 roku, styczeń (12 godz.) i listopad (12 godz.) 2025, M. Urbaniak

Uniwersytet Otwarty im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, kurs/warsztaty: „Grzyby w naszym otoczeniu – grzyby jadalne i ich trujące sobowtóry”, M. Urbaniak, 30 godz.

Uniwersytet Otwarty im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, kurs/laboratorium: „Od zarodnika do owocnika – hodowla grzybów w warunkach domowych”, M. Urbaniak, 20 godz.

Wydział Biologii i Biotechnologii UMCS w Lublinie; konwersatorium 15 kwietnia 2025 r. (2 godz.) w systemie online dla studentów II roku kierunku Biologia, specjalność: Bioanalitka w ramach przedmiotu „Bioanalitka w praktyce”. Tematyka tych zajęć dotyczyła aerobiologii „Aerobiologia w teorii i praktyce”, systemów wspierania decyzji opartych na zasadach aerobiologicznych SPEC i FUSAR, M. Jędrzycka

UPP; wykłady i ćwiczenia stacjonarne dla studentów kierunku: Ogrodnictwo, studia I stopnia, przedmiot „Aktualne problemy w ochronie roślin”, Poznań, 21 października 2025 (4 godz.); M. Jędrzycka (wykład, 2 godz.) , J. Kaczmarek (ćwiczenia, 2 godz.). Wykład i prezentacja 3 filmów instruktażowych dla studentów, 6 grudnia 2025, M. Jędrzycka (4 godz.).

17 stycznia 2025, **Warsztaty w ramach „Nocy Odkrywców”** dla uczniów klas I-III Szkoły Podstawowej nr 2 w Murowanej Goślinie. Współorganizator z IGR PAN: D. Babula-Skowrońska. Przygotowano i przeprowadzono warsztaty pt. „Sekrety barwników roślinnych”, obejmujące prezentację informacji na temat głównych typów barwników roślinnych, ich właściwości chemicznych i funkcji biologicznych w roślinie. W ramach zajęć wykonano również proste doświadczenia i pokazy praktyczne, umożliwiające uczestnikom samodzielne poznanie metod izolacji i obserwacji barwników.

18 marca 2025, **Green Horizons Matchmaking: Building Partnerships for Sustainable Food Systems** - Bruksela, Belgia. IGR PAN reprezentowała I. Pawłowicz. Międzynarodowe spotkanie matchmakingowe w ramach *HorizonEurope Cluster6* zostało współorganizowane przez Hiszpanię, Słowację, Austrię, Francję, Polskę i Łotwę, i zgromadziło ponad 50 profesjonalistów z sektora nauki i biznesu. Polska Akademia Nauk reprezentowana była przez przedstawicieli pięciu instytutów, którzy przedstawili swoje jednostki i obszary badawcze oraz rozmawiali o możliwościach tworzenia międzynarodowych konsorcjów.

9 kwietnia 2025, **XXVIII Poznański Festiwal Nauki i Sztuki** - Poznań, Pałac Działyńskich. Naukowcy z IGR PAN prowadzący zajęcia: A. Czapiewska, K. Czepiel, K. Czyż, E. Enow, J. Górna, K. Grądzka, P. Havrysh, M. Michałek, M. Mokrzycka, M. Urbaniak, K. Sobańska, A. Surma, E. Wojtkowiak oraz N. Żyła. IGR PAN przygotował zajęcia pt. „Od nasiona do plonu.

Grzybowi sabotażyści w akcji”. W pierwszej części wydarzenia skoncentrowano się na identyfikacji kluczowych cech fenotypowych, które mają bezpośredni wpływ na wielkość i jakość plonów rolniczych; poznano metody statystyczne służące do ich oceny. W drugiej części natomiast, zaprezentowano grzyby, które mogą stanowić bezpośrednie zagrożenie dla upraw rolniczych; poznano najważniejsze gatunki grzybów patogenicznych oraz ich budowę.

9 kwietnia 2025, **Targi Pracy na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu, UPPołącz pracę** - Wydział Inżynierii Środowiska i Inżynierii Mechanicznej UPP. IGR PAN reprezentowali: J. Cerazy-Waliszewska, D. Perlikowski. Zaprezentowano uczestnikom możliwości kontynuacji nauki w IGR PAN, jak i możliwości rozpoczęcia pracy w Instytucie.

25-26 maja 2025, **III Kongres Nauka dla Społeczeństwa**, Warszawa; M. Jędrzycka, zaprezentowano system SPEC, jako wynik badań i znaczące wdrożenie przyczyniające się do rozwoju społeczeństwa, gospodarki i innowacyjności w Polsce. K. Susek, zaprezentowano wyniki działań z zakresu nauki obywatelskiej realizowanych w projekcie INCREASE oraz doświadczenia związane z wymianą nasion i funkcjonowaniem zdecentralizowanego systemu ochrony zasobów genetycznych.

2-4 września 2025, **XXXIV Forum Ekonomiczne „Czas transformacji – Jaka będzie Europa przyszłości?”**, Karpacz, A. Kosmala wziął udział w panelu dyskusyjnym „Wynalazki i osiągnięcia naukowe XXI wieku” na zaproszenie organizatorów oraz przedstawił wykład pt. „System Prognozowania Epidemii Chorób – SPEC”.

3-6 czerwca 2025, **Europejskie Targi Nauki w Poznaniu**. Uczestnicy z IGR PAN: W. Bielski, K. Czepiel, J. Dutkiewicz, M. Gawłowska, F. Gregory, K. Juszczyk, M. Kempa, A. Kosmala, P. Krajewski, D. Kruszka, G. Maciejewska, D. Mondal, S. Salamon, K. Sierszeńska, M. Stanoch. IGR PAN zaprezentował swoje osiągnięcia i możliwość współpracy w czterech obszarach naukowych: 3 czerwca - Multiomika: Projekt FENG 2.4 „Integracyjna platforma multiomiczna oparta o wysokorozdzielczą spektrometrię mas do badań metabolomów i mikrobiomów z zaangażowaniem uczenia maszynowego”; 4 czerwca - Fenomika i badania mikrobiomu roślin oraz System Prognozowania Epidemii Chorób Roślin SPEC; 5 czerwca - Nanotechnologia roślin: Projekt ERA Chairs NANOPLANT „The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS”; 6 czerwca - Genomika, Biotechnologia i Bioinformatyka.

Szkolenie dla studentów UAM z Wydziału Biologii, „Biologia roślin użytkowych”, 4 czerwca 2025, Instytut Genetyki Roślin PAN. Koordynator zajęć z IGR PAN: A. Kosmala; wykłady:

- „Tolerancja suszy i zimotrwałość traw” A. Kosmala
- „Wpływ stresów abiotycznych oddziałujących pojedynczo oraz symultanicznie na zmiany metabolomu u form jęczmienia jarego” M. Kempa
- „Co wiemy o mykobiomie roślin uprawnych” L. Błaszczuk/ P. Havrysh
- „Łubiny uprawiane w Polsce. Charakterystyka gatunków i specyfika związków - antyżywnieniowych gromadzonych w ich nasionach” K. Czepiel
- „Genetyczne podłoże wczesności kwitnienia soi i łubinu” M. Książkiewicz
- „Biomasa miskanta jako surowiec dla zrównoważonej bioenergetyki” J. Cerazy-Waliszewska

Prezentacja wybranych roślin (szklarnia/pole): zboża (M. Kempa/M. Michałek), łubiny (A. Surma), miskant (J. Cerazy-Waliszewska)

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 IF₂₀₂₄=1,9; punkty MN=140.