



Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk

A stylized botanical illustration in white and yellow/green colors is positioned on the right side of the cover. It features a tall, slender plant with multiple white, bell-shaped flowers and long, thin, drooping seed heads. The background of the illustration is a dark green field with yellow and green wavy lines representing hills or water. The entire illustration is set against a dark green background.

SPRAWOZDANIE
z działalności naukowo-badawczej
w 2019 roku

Spis treści

SPIS TREŚCI.....	1
INFORMACJE OGÓLNE	2
RADA NAUKOWA	3
JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE	5
STRUKTURA ZATRUDNIENIA	6
UPRAWNIENIA.....	6
INFORMACJA FINANSOWA.....	7
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM.....	8
PUBLIKACJE	8
PROJEKTY BADAWCZE	8
UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH	8
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ.....	9
KONSORCJA I SIECI	9
OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ	10
<i>Przyznane patenty:</i>	10
NAGRODY I WYRÓŻNIENIA	10
ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ.....	11
<i>Tytuł naukowy profesora</i>	11
<i>Stopień naukowy doktora habilitowanego</i>	12
<i>Stopień naukowy doktora</i>	12
<i>Tytuł naukowy magistra</i>	13
<i>Magistranci</i>	13
<i>Inżynieranci</i>	13
<i>Stażysty, praktykanci</i>	14
MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE	16
UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH	17
UCZESTNICTWO Z WYBORU W DZIAŁALNOŚCI EKSPERCKIEJ, STOWARZYSZENIACH NAUKOWYCH I IN.	18
DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA	21
<i>Zajęcia dydaktyczne</i>	21
<i>Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych</i>	21
<i>Prasa</i>	24
DZIAŁALNOŚĆ WYDAWNICZA	24
INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ	24
WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA	24
SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ	27
<i>ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH</i>	27
<i>ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI</i>	33
<i>ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII</i>	40
<i>ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN</i>	48
<i>ZAKŁAD GENOMIKI</i>	58
<i>ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN</i>	69
WSPÓŁPRACA KRAJOWA.....	74
<i>Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi</i>	74
<i>Współpraca pracowników IGR PAN z podmiotami gospodarczymi</i>	79
WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ.....	81
<i>Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi</i>	81
<i>Współpraca prowadzona w ramach umów</i>	81
<i>Współpraca prowadzona bez formalnych umów</i>	82
<i>Wymiana osobowa</i>	87
KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ.....	90
<i>Konferencje zorganizowane przez IGR PAN</i>	90
<i>Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych</i>	92
<i>Wykłady/ referaty wygłoszone za granicą, na zaproszenie instytucji naukowych</i>	97
<i>Doniesienia na konferencjach (referat, doniesienie ustne, wykład)</i>	97
<i>Doniesienia na konferencjach (postery)</i>	102
ARTYKUŁY W CZASOPISMACH NAUKOWYCH I RECENZOWANYCH MATERIAŁACH Z KONFERENCJI.....	114

INFORMACJE OGÓLNE

dyrektor	- prof. dr hab. Bogdan Wolko
z-ca dyrektora ds. naukowych	- prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
z-ca dyrektora ds. administracyjnych	- mgr Joanna Dutkiewicz

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. Tadeusz Adamski
Prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
Prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
Prof. dr hab. Piotr Kachlicki
Prof. dr hab. Paweł Krajewski
Prof. dr hab. Barbara Naganowska
Prof. dr hab. Wojciech Rybiński
Prof. dr hab. Łukasz Stępień
Prof. dr hab. Wojciech Święcicki, czł. rzecz. PAN
Prof. dr hab. Halina Wiśniewska
Prof. dr hab. Bogdan Wolko
Dr hab. Lidia Błaszczyk
Dr hab. Gregory Franklin
Dr hab. Katarzyna Głowacka
Dr hab. Andrzej Górny
Dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk
Dr hab. Grzegorz Koczyk
Dr hab. Michał Książkiewicz
Dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN
Dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN
Dr hab. Izabela Pawłowicz
Dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
Dr hab. Karolina Susek

RADA NAUKOWA

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

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

Czł. rzecz. prof. dr hab. Stefan MALEPSZY

Czł. koresp. prof. dr hab. Małgorzata MAŃKA

Czł. rzecz. prof. dr hab. Marian SANIEWSKI

Czł. koresp. prof. dr hab. Marek ŚWITOŃSKI

Czł. rzecz. prof. dr hab. Wojciech ŚWIĘCICKI

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

Dr hab. Lidia BŁASZCZYK

Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA

Prof. dr hab. Piotr KACHLICKI

Dr hab. Agnieszka KIEŁBOWICZ-MATUK

Prof. dr hab. Arkadiusz KOSMALA

Prof. dr hab. Paweł KRAJEWSKI

Dr hab. Anetta KUCZYŃSKA, prof. IGR PAN

Dr hab. Robert MALINOWSKI, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Barbara NAGANOWSKA

Dr hab. Tomasz PNIEWSKI, prof. IGR PAN

Prof. dr hab. Łukasz STĘPIEŃ

Prof. dr hab. Halina WIŚNIEWSKA

Prof. dr hab. Bogdan WOLKO

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

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

Dr hab. Paweł BEDNAREK, prof. ICHB PAN – Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Dr Katarzyna CZYŻ

Dr Justyna LALAK-KAŃCZUGOWSKA

Dr Krzysztof MIKOŁAJCZAK

Przedstawiciel doktorantów w Radzie Naukowej IGR PAN:

Mgr inż. Katarzyna MIKOŁAJCZAK

JEDNOSTKI ORGANIZACYJNE

1. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

kierownik: prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

2. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

kierownik: prof. dr hab. Paweł Krajewski

3. Zakład Biotechnologii

kierownik: dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN

4. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

kierownik: prof. dr hab. Łukasz Stępień

5. Zakład Genomiki

kierownik: prof. dr hab. Barbara Naganowska

6. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

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

7. Biblioteka

kustosz: mgr Barbara Sadowska / mgr Joanna Szypulska

8. Dział Księgowości

główna księgowa: mgr Kinga Chałupniczak

9. Dział Gospodarczo-Techniczny

kierownik: Andrzej Giełda

10. Dział Zaopatrzenia

kierownik: Krzysztof Kobla

11. Dział Kadr

kierownik: Magdalena Kapka

STRUKTURA ZATRUDNIENIA

(stan na 31 grudnia 2019 r.)

Grupy pracowników	Liczba osób	Liczba etatów	Liczba osób zatrudnionych w projektach	Liczba etatów w projektach
Profesorowie i profesorowie IGR PAN	13	11,4	-	-
Adiunkci	22	21,125	1	1,0
Asystenci	14	13,5	4	4,0
Badawczo-techniczni	2	1,50	-	-
Inżynierzy z wyższym wykształceniem	13	12,75	2	2
Techniczni	13	12,25	2	0,83
Administracja	11	9,2	-	-
Biblioteka i informacja naukowa	3	3		
Robotnicy + obsługa	5	5,0	-	-
	96	89,725	7	7

Osoby pobierające stypendia doktoranckie: 9 osób.
Liczba doktorantów (razem z pracownikami): 28 osób.

UPRAWNIENIA

Instytut posiada uprawnienia do nadawania stopnia:

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

INFORMACJA FINANSOWA

I. Przychody	(zł)
Subwencja	6 100 800
Dotacja na utrzymanie potencjału badawczego z lat ubiegłych	1 166 642

Projekty badawcze

Projekty finansowane ze środków zagranicznych	1 045 225
MNiSW (projekty i dopłaty do projektów UE)	194 248
Projekty NCN i NCBiR	5 569 864
Projekty i programy finansowane przez MRiRW	1 805 671
Prace naukowo-wdrożeniowe finansowane przez inne podmioty	149 530

Razem projekty	8 764 538
-----------------------	------------------

Przychody ogółem	16 031 980
-------------------------	-------------------

II. Przychody z projektów w % subwencji	143,7
Osobowy fundusz płac w subwencji (zł)	4 529 873
- w % subwencji	74,3
- w % przychodów ogółem	28,3
Koszty ogrzewania i energii elektrycznej (% subwencji)	11,4

III. W 2019 roku, a także do dnia sporządzenia niniejszego sprawozdania, nie wystąpiły zdarzenia, które miały istotny wpływ na działalność jednostki.

IV. Instytut Genetyki Roślin zakłada w 2020 roku kontynuację działalności na podobnym poziomie jak w 2019 roku. Wartość subwencji na 2020 rok zakłada się na podobnym poziomie jak subwencja na rok 2019, czyli około 6.100.000 zł .

V. Jednostka nie dokonała nabycia udziałów własnych w 2019 roku, nie dokonała zbycia tych udziałów. Jednostka nie posiada nabytych ani zatrzymanych udziałów własnych.

VI. Instytut nie posiada oddziałów.

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

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

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

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

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI INSTYTUTU I DOROBKU NAUKOWYM

PUBLIKACJE (Spis: strony 116–125)

Prace opublikowane w 2019 roku:

– artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	71
– publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)	4
– autorstwo rozdziału w monografii w j. angielskim	3
Autorstwa pozostałych streszczeń doniesień konferencyjnych	154

PROJEKTY BADAWCZE

Finansowane przez:

– UE	5
– międzynarodowy-bilateralny	0
– rządowe	2
– NCN/NCBR/POIG	39
– MRiRW	10
– inne	8
<u>Ogółem</u>	<u>64</u>

UDZIAŁ W KONFERENCJACH NAUKOWYCH (Szczegóły: strony 91–99)

Konferencje, warsztaty i seminaria zorganizowane przez Instytut:

– krajowe i międzynarodowe	4
----------------------------	---

Udział pracowników w konferencjach:

– konferencje krajowe	18
– konferencje międzynarodowe	29
<u>Ogółem</u>	<u>51</u>

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ (Szczegóły: strony 82–91)

Realizowano: 6 tematów w ramach umów międzynarodowych,
47 tematy z 47 instytucjami w ramach współpracy bezumownej.

Przyjęto 6 gości zagranicznych,
zrealizowano 22 wyjazdy krótkoterminowe pracowników IGR PAN,
3 osoby przebywały na stażach długoterminowych.

KONSORCJA I SIECI

Konsorcjum Cost Action CA 15223 – iPlanta

COST ACTION CA 15233, Cost Action Ca 15223 Modifying Plants To Produce Interfering RNA, Polish delegate and STSM coordinator, członek grupy: Jorge A. P. Paiva.

Konsorcjum EPPN2020

Realizacja dostępu do platform automatycznego, nieinwazyjnego fenotypowania roślin oraz opracowanie metod przetwarzania i integracji danych; jednostki: INRA, Francja (koordynator); Aberystwyth University, Wlk. Brytania; ALSIA, Włochy; ASA, Francja; Aarhus Universitet, Dania; CSIRO, Australia; Wageningen Research, Holandia; Forschungszentrum Julich, Niemcy; IPK, Niemcy; Helmholtz Zentrum Muenchen, Niemcy; IGR PAN, Polska; INRA Transfert S.A., Francja; Biological Research Centre, Szeged, Węgry; Phenospex Bv, Holandia; Slovak University of Agriculture, Nitra, Słowacja; Universite Catholique De Louvain, Belgia; Kobenhavns Universitet, Dania; University of Helsinki, Finlandia; University of Nottingham, Wlk. Brytania; VIB, Belgia; VSN Int. Ltd, Wlk. Brytania; Wageningen University, Holandia; P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

Konsorcjum EMPHASIS – Support Group

IGR PAN reprezentuje Polskę w Grupie Wspierającej platformę infrastrukturalną EMPHASIS „European Infrastructure for Plant Phenotyping” (lista partnerów: https://emphasis.plant-phenotyping.eu/partners_pl); P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

Konsorcjum HYBRE

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

Konsorcjum PLANTOVAC

Konsorcjum, powołane w celu opracowania szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko wzwb. Jednostki tworzące: IBA Warszawa, Medana SA Sieradz, IWNiRZ, CB DNA Poznań, IGR PAN: T. Pniewski.

DSS FUSARIUM

Specjalność: integrowana ochrona roślin. Konsorcjum powołano w celu zebrania danych dla opracowania modelu wspierania decyzji dotyczącego ochrony zbóż przed fuzariozą kłosa w rejonie państw nadbałtyckich. Uczestnikami konsorcjum są następujące instytucje: Agroväst Livsmedel AB, Skåra, Szwecja; Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry, Akademija, Litwa; Plant Protection Institute, Riga, Łotwa; M. Jędrzycka, W. Irzykowski.

OCHRONA WŁASNOŚCI INTELEKTUALNEJ

Przyznane patenty

P-417198, (16.05.2016), 3 β ,11 α -dihydroksyandrost-5-en-7,17-dion oraz sposób wytwarzania 3 β ,11 α -dihydroksyandrost-5-en-7,17-dionu (Decyzja 04.03.2019, PAT. 232297). Kozłowska E., Hoc N., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. (współtwórca – IGR PAN)

P-420945, (22.03.2017), Sposób wytwarzania 3 β , 7 α -dihydroksyandrost-5-en-17-onu (Decyzja 2.12.2019). Kozłowska E., Hoc N., Dymarska M., Kostrzewa-Susłow E., Grzeszczuk J., Płaskowska E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. (współtwórca – IGR PAN)

P-420193 (13.01.2017), Sposób wytwarzania 3 β ,7 α ,17 α -trihydroksyandrost-5-enu (Decyzja: 11.12.2019). Kozłowska E., Dymarska M., Kancelista A., Kostrzewa-Susłow E., Urbaniak M., Stępień Ł., Janeczko T. (współtwórca – IGR PAN)

NAGRODY I WYRÓŻNIENIA

A. Augustyniak – Nagroda dla Młodych Naukowców „Stapledon Memorial Trust Award for European Early Stage Researchers” for the EGF-EUCARPIA 2019 Joint Symposium in Zurich, 2019 r.

L. Błaszczyk – Laureatka Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2019 pod patronatem Prezes Urzędu Patentowego RP, dr Alicji Adamczak, w kategorii: Naukowiec Przyszłości, za realizację projektów pt. „Molekularne podstawy reakcji pszenicy na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*”, „Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny”.

H. Ćwiek-Kupczyńska – David R., Hollebecq J.-E., Cabrera-Bosquet L., Tardieu F., Neveu P. – nagroda „Plenary 14 Poster Session Competition Winners” za najlepszy plakat podczas konferencji „RDA 14th Plenary”, Helsinki, Finlandia 23-25.10.2019 r.

K. Czyż – nagroda za wyróżniający się plakat w sesji „Genetyka cech ilościowych, biometria i bioinformatyka w badaniach roślin” (IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany”. Poznań, 5-7 listopada 2019 r.).

M. Kawaliło – III miejsce w konkursie na najlepszą prezentację posterową (Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów „MycoriseUp! Młodzi w Mykologii”, Spała 12 – 13 kwietnia 2019 r.).

M. Kawaliło – nagroda za wyróżniający się plakat w sesji "Bioróżnorodność Roślin i ich Patogenów" (IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany”. Poznań, 5-7 listopada 2019 r.).

K. Lechowicz – Nagroda dla Młodych Naukowców „Stapledon Memorial Trust Award for European Early Stage Researchers” for the EGF-EUCARPIA 2019 Joint Symposium in Zurich, 2019 r.

J. Majka – Nagroda dla Młodych Naukowców „Stapledon Memorial Trust Award for European Early Stage Researchers” for the EGF-EUCARPIA 2019 Joint Symposium in Zurich, 2019 r.

J. Majka – Stypendium dla młodych badaczy z poznańskiego środowiska naukowego w roku 2019 r., przyznawane przez Urząd Miasta Poznania decyzją Kapituły Nagrody Naukowej Miasta Poznania za „Wybitne osiągnięcia naukowe w dziedzinie cytogenetyki molekularnej i jej zastosowaniu w analizie struktury genomów i procesów zachodzących w ewolucji wybranych gatunków traw klimatu umiarkowanego”, 24.06.2019 r.

M. Majka – Stypendium naukowe START 2019 przyznawane przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej, 25.05.2019 r.

D. Perlikowski – Nagroda dla Młodych Naukowców „Stapledon Memorial Trust Award for European Early Stage Researchers” for the EGF-EUCARPIA 2019 Joint Symposium in Zurich, 2019 r.

W. Świąćicki – wybór na członka rzeczywistego PAN.

M. Urbaniak – Laureatka drugiej edycji konkursu organizowanego przez Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne - za dorobek publikacyjny, 2019 r.

Zespół: Ewa Kozłowska, Monika Dymarska, **Monika Urbaniak**, Jakub Grzeszczuk, Jordan Sycz, Patryk Kownacki, Iga Franczak, Agata Matera z Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu oraz współtwórcy: dr hab. Tomasz Janeczko, dr inż. Anna Kancelista, prof. dr hab. **Łukasz Stępień**, dr hab. Edyta Kostrzewa-Susłow, dr Regina Stempniewicz, dr Michał Oskiera, prof. dr hab. inż. Elżbieta Płaskowska: **Nagroda w konkursie „Student-Wynalazca”** za cykl 26 wynalazków dotyczących uzyskiwania w wyniku biotransformacji związków steroidowych o wysokim potencjale terapeutycznym, Politechnika Świętokrzyska, marzec 2019, a następnie **brązowy medal** 47. Międzynarodowej Wystawie Wynalazczości, Nowoczesnej Techniki i Wytwarzania „Geneva Inventions”, **Nagroda Specjalna Uniwersytetu Króla Abdulaziza** za Innowacje, oraz **brązowy medal** International Warsaw Invention Show IWIS 2019, Warszawa, październik 2019 r.

ROZWÓJ KADRY NAUKOWEJ

Tytuł naukowy profesora

Dr hab. Łukasz Stępień – tytuł naukowy profesora nauk rolniczych nadany Postanowieniem Prezydenta RP z dnia 23 lutego 2019 r.

Dr hab. Arkadiusz Kosmala – tytuł naukowy profesora nauk rolniczych nadany Postanowieniem Prezydenta RP z dnia 25 października 2019 r.

Stopień naukowy doktora habilitowanego

Dr Grzegorz Koczyk – stopień doktora habilitowanego nauk biologicznych w dyscyplinie biologia nadany przez Radę Naukową Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w dniu 22 lutego 2019 r. na podstawie osiągnięcia „Charakterystyka źródeł zmienności genów odpowiedzialnych za metabolizm wtórny grzybów wyższych poprzez analizy z zakresu genomiki ewolucyjnej oraz rekonstrukcje filogenetyczne historii zakonserwowanych domen białkowych”.

Dr Franklin Gregory – stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 26 czerwca 2019 r. (uchwała nr 2/III/2019) na podstawie osiągnięcia „Odkrycie systemu niekompatybilnych interakcji *Agrobacterium-Hypericum perforatum*: doskonałe narzędzie do badania oporności roślin względem transformacji T-DNA”.

Dr Izabela Pawłowicz – stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2019 r. na podstawie osiągnięcia: „Analiza ekspresji wybranych genów związanych z fotosyntezą oraz wodną homeostazą podczas odpowiedzi kostrzewy trzcinowej (*Festuca arundinacea*) i kostrzewy łąkowej (*F. pratensis*) na stresy abiotyczne (suszę, zasolenie i niską temperaturę)”.

Dr Michał Książkiewicz – stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2019 r. na podstawie osiągnięcia „Identyfikacja regionów bogatych w geny w genomie łubinu wąskolistnego wykazujących wysoki stopień kolinearności w obrębie rodziny roślin bobowatych oraz określenie wpływu duplikacji całych genomów na proces ewolucji wybranych genów zlokalizowanych w tych regionach”.

Dr Karolina Susek – stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2019 r. na podstawie osiągnięcia „Porównawcza analiza cytomolekularna genomów w rodzaju *Lupinus*”.

Stopień naukowy doktora

Mgr Karolina Sobańska – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie agronomii nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 11 kwietnia 2019 r. na podstawie pracy „Efektywność konstrukcji genetycznych do transformacji miskanta (*Miscanthus* spp.) w celu modyfikacji ściany komórkowej dla potrzeb zwiększenia wydajności fermentacji alkoholowej biomasy”; promotor: T. Pniewski.

Mgr inż. Piotr Michał Walerowski – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 26 czerwca 2019 r. na podstawie pracy „Zmiana programu różnicowania floemu oraz transportu cukrów w naroślach powstałych w wyniku infekcji *Arabidopsis thaliana* przez *Plasmodiophora brassicae*”; promotor: R. Malinowski.

Mgr Joanna Majka – stopień doktora nauk rolniczych w dyscyplinie rolnictwo i ogrodnictwo nadany przez Radę Naukową IGR PAN w dniu 13 grudnia 2019 r. na podstawie pracy „Charakterystyka cytogenetyczna *Festuca pratensis* oraz allotetraploidalnego mieszańca *Festuca pratensis* × *Lolium perenne*”; promotor: A. Kosmala, promotor pomocniczy: T. Książczyk.

Tytuł naukowy magistra

Zuzanna Dutkiewicz, tytuł magistra bioinformatyki nadany dnia 13 lutego 2019 r. przez Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza na podstawie realizacji pracy magisterskiej „Pochodzenie i rozpowszechnienie halogenaz jako enzymów akcesorycznych biosyntezy poliketydów przez grzyby” (promotor: G. Koczyk, opiekun naukowy: P. Ziółkowski).

Jan Homy, praca magisterska pt.: „Analiza ekspresji wybranych genów w roślinach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w odpowiedzi na inokulację roślin grzybami z rodzaju *Trichoderma*”, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, promotor: L. Błaszczuk, obrona pracy 31 lipca 2019 r.

Urszula Strybel, praca magisterska pt.: „Analiza zmienności genetycznej i biochemicznej patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum* w warunkach stresu abiotycznego z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych”, Wydział Biologii UAM; promotor: Ł. Stępień, obrona pracy 25 września 2019 r.

Klaudia Grądzka, praca magisterska pt.: „Analiza wiązania białka StBBX3 do rejonu promotorowego genu *StFT* i jego paralogów w warunkach *in vitro* za pomocą techniki EMSA”, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, promotor: A. Kiełbowicz-Matuk, obrona pracy 2 października 2019 r.

Katarzyna Jasiewicz, praca magisterska pt.: „Analiza wiązania białka StBBX4 do rejonu promotorowego genu *StFT* i jego paralogów w warunkach *in vitro* za pomocą techniki EMSA”, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, promotor: A. Kiełbowicz-Matuk, obrona pracy 2 października 2019 r.

Magistranci

Julia Grupa, realizacja pracy magisterskiej, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza 1.10.–31.12.2019, opiekun: L. Błaszczuk.

Martyna Przewoźnik, magistrantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, od 10.2018, opiekun/promotor: T. Pniewski.

Inżynieranci

Krystian Madra, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, 26.02.2019–31.01.2020, opiekunowie: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

Jakub Łasecki, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, 26.02.2019–31.01.2020, opiekunowie: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

Szymon Wojciechowski, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, 26.02.2019–31.01.2020, opiekunowie: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

Laskowski Władysław, realizacja pracy inżynierskiej, UAM w Poznaniu, Wydział Matematyki i Informatyki, 26.02.2019–31.01.2020, opiekunowie: H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski.

Chaima Ajmi, praca inżynierska pt.: “Study of the enzymatic secretion of *Fusarium* in the presence of different substrate in order to comprehend the mechanism of resistance of pea”. Université Libre de Tunis, Tunezja; opiekun: Ł. Stępień, wrzesień 2019 r.

Stażyści, praktykanci

Eryk Malinowski, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, III r. studiów 2 stopnia, termin rozpoczęcia stażu 03.11.2019 r., opiekun: A. Kiełbowicz-Matuk.

Alicja Rzepczak, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, II r. studiów 2 stopnia, 02.07.-30.09.2019 r., opiekun: D. Babula-Skowrońska.

Joanna Szymczak, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, II r. studiów 2 stopnia, 25.03.-30.06.2019 r., opiekun: I. Pawłowicz.

Vennila Elansurya Elangovan, staż naukowy, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, studia magisterskie (kierunek: Environmental and Plant Biotechnology): 160 godzin, 1-26 lipca 2019; opiekun: M. Jędrzycka, F. Bakro.

Karolina Świąteczak, staż naukowy, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, Studia inżynierskie (kierunek: Biotechnologia): 160 godzin, 9 maja - 20 lipca 2019; opieka: M. Jędrzycka, F. Bakro.

Julia Wojciechowska, staż naukowy, Uniwersytet im Adama Mickiewicza, studia inżynierskie (kierunek: Biotechnologia): 160 godzin, 9 maja - 20 lipca 2019, opieka: M. Jędrzycka, F. Bakro.

Julia Żok, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia/III r. studiów 1. stopnia, 12 sierpnia – 30 września 2019 r., opieka: L. Błaszczyk, S. Salamon.

Patryk Szumski, staż naukowy, Politechnika Poznańska, Wydział Chemii III r. studiów 1. stopnia, 17 czerwca - 26 lipca 2019 r., opiekun: P. Kachlicki.

Ewelina Warmbier, staż naukowy, Politechnika Poznańska, Wydział Chemii III r. studiów 1. stopnia, 17 czerwca - 26 lipca 2019 r., opiekun: P. Kachlicki.

Karolina Zaworska, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 12.08.2019 – 18.09.2019r., opiekun: R. Malinowski.

Marcelia Tarnawska, staż naukowy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, 12.08.2019 – 18.09.2019r., opiekun: R. Malinowski.

Ewelina Hejenowska, staż naukowy, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Poznań, 01.07.2019-30.09.2019, opiekun: J. Paiva.

Marcin Szuman, staż naukowy, Uniwersytet Adama Mickiewicza, Poznań, 01.07.2019-30.09.2019, opiekun: J. Paiva.

Szymon Błaszczyk, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia / III r. studiów 1. stopnia, 02.07.-5.10.2018 r., opiekun: M. Gawłowska.

Martyna Baranek, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia / II r. studiów II stopnia, 1.07 - 30.09 2019, opiekun: M. Kroc.

Mateusz Pluskota, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, / II r. studiów I stopnia, 1.07 - 30.09 2019, opiekun: M. Gawłowska.

Katarzyna Hubert, staż naukowy w ramach projektu „Bądź konkurencyjny na rynku pracy - wysokiej jakości programy stażowe dla studentów Wydziału Biologii UAM w Poznaniu” nr

POWR.03.01.00-00-S145/17. UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Kierunek Biotechnologia / III r. studiów I stopnia, 01.07. – 30.09.2019., opiekun: K. Susek

Oliwia Mazur, staż naukowy w ramach projektu „Bądź konkurencyjny na rynku pracy - wysokiej jakości programy stażowe dla studentów Wydziału Biologii UAM w Poznaniu” nr POWR.03.01.00-00-S145/17, 01.07.2019 - 30.09.2019, Wydział Biologii, Biotechnologia / III r. studiów 1. stopnia, opiekun: M. Książkiewicz i S. Rychel-Bielska.

Anna Surma, staż naukowy, UP w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia / III r. studiów 1. stopnia, 01.07.-31.07.2019 r., opiekun: S. Rychel-Bielska.

Kamil Kubisiak, staż naukowy, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii, Kierunek: Biologia / II r. studiów 2. stopnia, 01.07.-30.09.2019 r., opiekun: H. Wiśniewska.

Bernard Szlenak, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia /III r. studiów, 2 lipca – 15 września 2019, opiekun: A. Kuczyńska.

Joanna Delimata, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia /V r. studiów, 2 lipca – 15 września 2019, opiekun: K. Mikołajczak.

Mateusz Oszust, Program stażowy dla studentów Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Biotechnologia /V r. studiów, 2 lipca – 15 września 2019, opiekun: P. Ogrodowicz.

Edyta Duda, „Studiujesz? Praktykuj! Program staży zawodowych dla studentów Wydziału Rolnictwa i Bioinżynierii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu” (nr POWR.03.01.00-00-S126/17), 15 sierpnia – 15 września 2019, opiekun: T. Pniewski.

Marta Jachna, praktykantka, Politechnika Poznańska, 15 sierpnia – 15 września 2019, opiekun: T. Pniewski.

Agata Klepacka, praktykantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, 1 - 26 lipca 2019, opiekun: J. Cerazy-Waliszewska.

Aleksandra Kulka, praktykantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, 1 - 31 lipca 2019, opiekun: T. Pniewski.

Julianna Muszyńska, praktykantka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, 1 - 31 lipca 2019, opiekun: T. Pniewski.

Urszula Strybel, praktyka, UAM w Poznaniu, Wydział Biologii (kierunek Bioinformatyka), 4 maja 2018 – 30 września 2019; opiekun J. Lalak-Kańczugowska.

Katarzyna Wojtyniak, praktykantka/wolontariuszka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Biotechnologia/I i II r. studiów 1. stopnia, opieka: L. Błaszczuk, K. Mikołajczak.

MIĘDZYNARODOWE STUDIA DOKTORANCKIE

Zarządzeniem Dyrektora IGR PAN 25 czerwca 2018 roku zostały utworzone stacjonarne
Międzynarodowe Studia Doktoranckie (MSD) IGR PAN

Kierownik Międzynarodowych Studiów Doktoranckich IGR PAN

- *prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka*

Sekretariat Międzynarodowych Studiów Doktoranckich IGR PAN

- *mgr inż. Magdalena Roth*

Liczba uczestników studiów doktoranckich prowadzonych przez IGR PAN (forma studiów i płeć doktorantów)				Liczba uczestników pobierających stypendia:	
stacjonarne studia doktoranckie				ogółem	w tym: stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 200 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym, przyznane przez Dyrektora Instytutu PAN prowadzącego studia (art. 285 ustawy z dnia 3 lipca 2018r. Przepisy wprowadzające ustawę - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce)
K – kobiety M – mężczyźni		w tym: przyjęci w roku 2019			
K	M	K	M		
9	6	-	1		
Liczba uczestników studiów doktoranckich ogółem: 15				12	4

Liczba cudzoziemców ogółem		w tym: przyjęci w roku 2019	
5		1	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców
1) Indie	3	1) Indie	1
2) Irak	1		
3) Syria	1		

UCZESTNICTWO W KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH

J. Kaczmarek: Acta Agrobotanica, redaktor działu Genetyka

B. Wolko: Acta Societatis Botanicorum Poloniae, członek komitetu redakcyjnego

A. Kuczyńska:

- Biohelikon, członek komitetu redakcyjnego
- Biometrical Letters, członek komitetu redakcyjnego
- Journal of Applied Biotechnology, członek komitetu redakcyjnego

W. Święcicki:

- Genetic Resources and Crop Evolution, członek komitetu redakcyjnego
- Legume Perspectives, członek komitetu redakcyjnego

Z. Kaczmarek: Journal of Applied Genetics, członek komitetu redakcyjnego

P. Krajewski: Journal of Applied Genetics, członek komitetu redakcyjnego

B. Naganowska: Journal of Applied Genetics, redaktor Sekcji "Plant genetics"

A. Kosmala:

- Journal of Applied Genetics, członek Editorial Board Sekcji "Plant genetics"
- Frontiers in Plant Science, członek komitetu redakcyjnego
- Journal of Integrated OMICS, członek komitetu redakcyjnego

Ł. Stępień:

- Microorganisms, Guest Editor Specjalnego Numeru "Fusarium: Mycotoxins, Taxonomy, Pathogenicity"
- Science of Nature, członek komitetu redakcyjnego

M. Jędryczka:

- Polish Journal of Microbiology, członek komitetu redakcyjnego
- Frontiers in Microbiology, redaktor tematyczny tomu „Soil fungal biodiversity for soil and plant health”
- Zemdirbyste Agriculture, członek rady programowej

J. Paiva:

- Forests, członek komitetu redakcyjnego
- Frontiers in Plant Science, redaktor pomocniczy

F. Gregory:

- Frontiers in Pharmacology, redaktor pomocniczy
- Scientifica, członek komitetu redakcyjnego

D. Babula-Skowrońska: Frontiers in Plant Science, członek komitetu redakcyjnego

A. Kielbowicz-Matuk: Frontiers in Plant Science, członek komitetu redakcyjnego

R. Malinowski: Frontiers in Plant Science, redaktor pomocniczy

K. Susek: Frontiers in Plant Science, członek komitetu redakcyjnego

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

T. Adamski, członek XVIII Kadencji Rady Naukowej Instytutu Genetyki i Hodowli Roślin PIB w Radzikowie

W. Bielski, członek Komisji Stypendialnej przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN

L. Błaszczuk,

- Sekretarz Zarządu Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Przewodnicząca Sekcji Mikologii i Mikotoksyn Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Członek Komisji Biotechnologii O/PAN w Poznaniu w kadencji 2019-2022
- Współredaktor Biuletynu Oddziału Polskiej Akademii nauk w Poznaniu
- Koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w PSD IPAN

M. Jędrzycka,

- Członek grupy roboczej (Integrated Control in Oilseed Crops) - International Organisation for Biological Control/West Palaearctic Regional Section
- Członek Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Członek Zarządu Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Zastępca Sekretarza Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Członek Rady Towarzystw Naukowych przy Prezydium Polskiej Akademii Nauk

J. Kaczmarek,

- Członek Komisji Rewizyjnej Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- Członek Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, wiceprzewodnicząca sekcji *Micromycetes i ich metabolity*

A. Kosmala,

- Członek Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej IGR PAN
- Członek Grupy Roboczej Roślin Pastewnych z ramienia Polski - The European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR)
- Członek zespołu doradczego Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego ds. wykazów czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych dla dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo
- Członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN

P. Krajewski,

- Członek Rady Naukowej Polskiego Towarzystwa Biometrycznego
- Członek Zarządu EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding

A. Kuczyńska,

- Członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN
- Członek Komisji Dyscyplinarnej IGR PAN

R. Malinowski,

- Członek Komitetu Biotechnologii PAN
- Recenzent oceniający osiągnięcia finalistów konkursu AgroBioTop
- Przedstawiciel Polski – Multinational Arabidopsis Steering Committee

B. Naganowska,

- Wiceprezes Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- Członek Bazy Ekspertów Narodowego Centrum Badań i Rozwoju
- Zastępca Przewodniczącego Rady Naukowej IGR PAN
- Członek Rady Naukowej Instytutu Genetyki Człowieka PAN

J. Paiva,

- Przedstawiciel Polski – COST Action

T. Pniewski,

- Członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN

Ł. Stępień,

- Członek Zespołu oceniającego w konkursie Oddziału PAN w Poznaniu na najlepsze publikacje naukowe zgłoszone przez doktorantów w zakresie Nauk biologicznych i rolniczych
- Członek Rady Programowej Banku Patogenów Instytutu Ochrony Roślin PIB w Poznaniu
- Ekspert Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej w programie POIR

- Przewodniczący Komisji Rewizyjnej Oddziału Poznańskiego Polskiego Towarzystwa Genetycznego

W. Świąciecki,

- Członek rzeczywisty Polskiej Akademii Nauk i Rady Kuratorów II Wydziału
- Przewodniczący Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu
- Członek Rady Naukowej Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie
- Członek Komitetu Agronomii PAN
- Członek honorowy International Legume Society
- Ekspert Komisji Rolnictwa Sejmu RP ds. krajowego białka paszowego

B. Wolko,

- Członek Rady Naukowej Instytutu Fizjologii Roślin PAN w Krakowie
- Członek Rady Naukowej Instytutu Środowiska Rolniczego i Leśnego PAN w Poznaniu

M. Kroc,

- Przewodnicząca Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN
- Grupa Robocza ds. wyróżnienia HR Excellence in Research
- Współorganizator Seminariów Naukowych IGR PAN

P. Kachlicki, członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN

A. Kielbowicz-Matuk, członek Komisji Biotechnologii przy Poznańskim Oddziale PAN

H. Ćwiek-Kupczyńska, Rada Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN, sekretarz (od 2018)

I. Pawłowicz, skarbnik Poznańskiego Oddziału PTG (od 2017 r.)

D. Perlikowski, członek Rady Młodych Pracowników Naukowych w IGR PAN (kadencja 2018-2019)

K. Lechowicz, członek Komisji Stypendialnej przy Środowiskowym Studium Doktoranckim Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (od lipca 2017 r.)

K. Mikołajczak,

- Członek Komisji ds. Rozwoju Kadry Naukowej IGR PAN
- Członek Rady Młodych Pracowników Naukowych IGR PAN

DZIAŁALNOŚĆ DYDAKTYCZNA, POPULARYZATORSKA I DORADCZA

Zajęcia dydaktyczne

M. Jędrzycka – zajęcia z zakresu aerobiologii rolniczej dla kierunku Ogrodnictwo, specjalność: Ochrona roślin ogrodniczych; studia II stopnia, III rok, przedmiot: Współczesne kierunki w żywieniu i ochronie roślin, 14 osób, (L. Irzykowska, Kat. Fitopatologii i Nasiennictwa, Wydział Ogrodniczy, UP w Poznaniu) oraz grupa międzynarodowa ERASMUS+ (4 osoby), 7 stycznia 2019 r. Ramzi Noor (współprowadząca)

T. Pniewski – seminarium KNOW “Towards plant-derived therapeutic vaccine against chronic hepatitis B.”, Wydział Biologii UAM, Poznań, prowadzący T. Pniewski, 29 marca 2019 r.

J. Paiva – BIOM – wykład i zajęcia warsztatowe dla studentów Wydziału Biologii UAM, 5 czerwca 2019 r.

M. Jędrzycka – zajęcia z zakresu aeromycologii: kierunek Ogrodnictwo, studia II stopnia, III rok, przedmiot: Integrowana ochrona roślin; 12 osób, (Z. Karolewski, Kat. Fitopatologii i Nasiennictwa, Wydział Ogrodniczy, UP w Poznaniu) oraz grupa międzynarodowa ERASMUS+; moduł nauczania: Aspects of plant diseases (3 osoby), 12 grudnia 2019 r. Ramzi Noor (współprowadząca)

L. Błaszczyk – wykłady dla studentów Uniwersytetu Przyrodniczego: „Charakterystyka szczepów *Trichoderma* – ocena ich zdolności antagonistycznych względem fitopatogenów”, 1 godz.; „Poznanie reakcji roślin pszenicy na kolonizację korzeni przez grzyby *Trichoderma*”, 1 godz.

Organizacja przedsięwzięć promujących i popularyzujących wyniki badań naukowych

13 stycznia 2019 r.

BIO-TALENT – wykład i zajęcia z mikroskopem dla 15 dzieci z przedszkola ekologicznego Smykoludki (R. Malinowski)

15 lutego 2019 r.

Wykład na zebraniu naukowym Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego, Oddział w Poznaniu „Znaczenie fitopatologii w gospodarce światowej prezentowane na Kongresie ICPP w Bostonie 2018, Poznań, M. Jędrzycka.

23 lutego 2019 r.

Wykład dla słuchaczy Studiów Podyplomowych Instytutu Ochrony Roślin-PIB w zakresie integrowanej produkcji ze szczególnym uwzględnieniem ochrony roślin i rolnictwa ekologicznego; „Ważne gospodarczo gatunki sprawców chorób grzybowych rzepaku. Biologia, rozpoznawanie i zwalczanie z uwzględnieniem zasad integrowanej ochrony. Sygnalizacja, ocena stopnia porażenia i progi ekonomicznej szkodliwości”. Poznań, prowadzący: M. Jędrzycka

5 marca 2019 r.

ODR Biebrza, wykład dotyczący wyników badań uzyskanych w ramach Programu Wieloletniego „Nowe metody i techniki dla ulepszania wartości odmian roślin strączkowych”, W. Świącicki

6 marca 2019 r.

Posiedzenie Podkomisji Nadzwyczajnej Sejmu RP, MODR Olsztyn, W. Świącicki - wykład „Wspieranie upraw i wykorzystanie roślin wysokobiałkowych w raportach Komisji Europejskiej i Parlamentu Europejskiego”

16 marca 2019 r.

Seminarium „Wykorzystanie krajowych źródeł białka paszowego”, KPODR Minikowo. W. Świącicki - wykład „Rynek nasion roślin strączkowych w Polsce i UE”

8-11 kwietnia 2019 r.

XXII. Poznański Festiwal Nauki i Sztuki, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN (koordynacja: I. Pawłowicz)

- M. Nuc - współprowadzenie warsztatów dla dzieci (omówienie i przeprowadzenie doświadczenia z dwoma różnymi rodzajami atramentu sympatycznego)
- K. Czepiel - warsztaty dla uczestników
- W. Ułaszewski i A. Twardawska - udział w prowadzeniu zajęć pokazowych

11 kwietnia 2019 r.

Seminarium Związku Twórców Odmian Roślin Uprawnych, Zakład Roślin Oleistych IHAR-PIB, wykład „Wyniki badań reakcji jęczmienia na suszę w projekcie POLAPGEN-BD”, P. Krajewski

7 maja 2019 r.

BIO-CAFE - wykład (K. Stefanowicz) dla 37 uczniów szkoły podstawowej

8 maja 2019 r.

Seminarium Oddziału Poznańskiego PTG, wykład: „Fizjologiczne i molekularne aspekty odpowiedzi na stres dehydracyjny u traw z rodzaju *Festuca*”; I. Pawłowicz

22 maja 2019 r.

Wykład na zebraniu naukowym Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego, Oddział Warszawski, „Nowe trendy w fitopatologii”, Warszawa, M. Jędrzycka

5, 7 czerwca 2019 r.

Warsztaty dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza,

Organizatorzy: A. Kosmala, M. Jędrzycka. Liczba uczestników: 40 osób

- *Wykłady w IGR PAN*
 - Rośliny strączkowe - od mapowania genów do produkcji żywności – W. Świącicki
 - Fenotypowanie i genotypowanie roślin uprawnych – P. Ogrodowicz
 - Genomika strukturalna łubinów – M. Książkiewicz
 - Grzyby z rodzaju *Trichoderma* w biologicznej ochronie roślin uprawnych – L. Błaszczak
 - Trawy pastewne, kompleks *Lolium-Festuca* (kostrzewy-życice), krzyżowanie oddalone, strategie odporności na suszę u traw – A. Kosmala

- PurpleWalls: Rola metylacji DNA w wtórnym wzroście w *Salix purpurea* – J. Paiva.
- *Zajęcia 'praktyczne' w IGR PAN*
Prowadzący: J. Paiva, N. Ramzi, M. Tomaszewska, M. Kempa
- *Pola doświadczalne w Cerekwicy*
 - Wykorzystanie linii DH i SSD w hodowli roślin – T. Adamski
 - Wykorzystanie metod aerobiologicznych w ochronie roślin uprawnych przed chorobami – M. Jędrzycka
 - Pszenica i pszenżyto-badania odporności na patogeniczne grzyby z rodzaju *Fusarium* – H. Wiśniewska
 - Kolekcja roślin strączkowych – W. Rybiński /M. Paczkowska

15 czerwca 2019 r.

Szkolenie dla studentów kierunku Biologia roślin użytkowych, IGR PAN, W. Świąćicki – wykład „Rośliny strączkowe, od mapowania do produkcji żywności”

30-31 lipca 2019 r.

Seminarium AGRII, Łask, prowadzący: M. Jędrzycka „Choroby rzepaku i ich zwalczanie biologiczne”, „Właściwości preparatu ÖKO-ni” 2 wykłady na zaproszenie

18 października 2019 r.

Seminarium Oddziału Poznańskiego PTG, wykład: „Reakcja traw na deficyt wody – wybrane mechanizmy odporności na suszę”; A. Kosmala

25 października 2019 r.

Konferencja dotycząca tzw. Białkowego Programu Wieloletniego, ODR Czarnków, W. Świąćicki – wykład „Wspieranie upraw i wykorzystanie roślin wysokobiałkowych w raportach Komisji Europejskiej i Parlamentu Europejskiego”

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, M. Jędrzycka – Seminarium naukowe „Nowoczesne metody fenotypowania roślin”, SGGW, Warszawa, organizatorzy: SGGW, IGR PAN, 15 listopada 2019 r.

- „Wysokoprzepustowe i nieinwazyjne fenotypowanie roślin w projektach realizowanych w IGR PAN”, A. Kuczyńska
- „Możliwości fenotypowania roślin w sieci EPPN2020”, K. Mikołajczak
- Jędrzycka M., Ceglarek J., Piekarczyk J., Bakro F., Gaj R., Wielgus K., Królewicz S. (2019) Kompleksowe badania zasobności gleby i biomasy roślin konopi siewnych w doświadczeniu łanowym z zastosowaniem zobrażeń z UAV., SGGW Warszawa, 15 listopada 2019

28-30 listopada 2019 r.

Preludium innowacji – Life Science – prelekcja „Perspektywy wykorzystania grzybów symbiotycznych do poprawy produktywności i zdrowotności pszenicy zwyczajnej” podczas panelu – wykład na zaproszenie, IV Forum Inteligentnego Rozwoju, Centrum ApartHotel Termy Uniejów, L. Błaszczak, patronat merytoryczny IGR PAN

12 grudnia 2019 r.

Seminarium dot. realizacji tzw. Białkowego Programu Wieloletniego, CDR Brwinów, W. Świąćicki - wykład „Nowe metody i techniki dla ulepszania wartości odmian roślin strączkowych”

Prasa

Wywiady z M. Jędryczką: „**Odmiany kiloodporne rzepaku**” (Przedsiębiorca Rolny 5/2019), „Test płatkowy w rzepaku” (Farmer nr 5/2019, str. 80-81, spisała K. Szulc), „Sucha zgnilizna kapustnych” (Farmer nr 9/2019, str. 62-65, spisała K. Szulc)

Wywiad prasowy - A. Kuczyńska: „**Genetyka dla praktyki rolniczej**” Magazyn Rolniczy AGROPROFIL nr 9/2019

Artykuł w Biuletynie Oddziału PAN w Poznaniu, nr 2/2019, nt. publikacji:

- „Potential of bioethanol production from biomass of various *Miscathus* genotypes cultivated in three-year plantations in west-central Poland. Industrial Crops & Products 2019, 141: 111790” T. Pniewski, J. Ceraży-Waliszewska
- “Identification of drought responsive proteins and related pQTLs in barley. Journal of Experimental Botany, 70(10): 2823-2837 „Rodziewicz P., Chmielewska K., Sawikowska A., Marczak Ł., Łuczak M., Bednarek P., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Krajewski P., Stobiecki M. 2019.

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 IF_{2018/2019}= **1,725**.

INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

WAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA

I. Zakład Biologii Stresów Środowiskowych

- Wykazano, że poziom odporności na suszę form introgresywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* zależy przede wszystkim od długości i zdolności do penetracji podłoża ich systemu korzeniowego w warunkach stresowych. Wykazano również, że metabolizm systemu korzeniowego *F. arundinacea*, w tym poziom akumulacji niektórych metabolitów pierwotnych, białek stresowych oraz lipidów, jest ważnym komponentem odporności na suszę tego gatunku.
- Wykazano, że białko StBBX3 wiąże się do niektórych fragmentów regionu promotorowego genu *StFT* u *S. tuberosum*, odm. Desiree. Określono biologiczną funkcję białek StBBX20 i StZPR1 w regulacji czasu kwitnienia u uprawnego gatunku ziemniaka.

II. Zakład Biometrii i Bioinformatyki

Wykazanie istotnie wyższej częstości transferów horyzontalnych w ewolucji klastrów biosyntezy makrolaktonów, w tym wskazanie istotnej roli zjawisk transferu w dywersyfikacji biosyntetyzowanych laktonów u reprezentantów rodzajów *Fusarium* i *Pochonia*.

III. Zakład Biotechnologii

- Prowadzone wcześniej badania dostarczały jedynie informacji, że zwiększona ekspresja genu *ns-LTP2* u jęczmienia następuje w odpowiedzi na stres biotyczny, zaś prowadzone badania wykazały fakt wzmożonej ekspresji tego genu w warunkach stresów abiotycznych. Badania dotyczące oznaczania poziomu białka, będącego produktem ekspresji genu *ns-LTP2*, potwierdziły, że stres abiotyczny może powodować wzrost syntezy tego alergenu w warunkach nasilającej się suszy oraz ocieplenia klimatu.
- Wykorzystując metody badawcze FTIR i Pyr-GC MS wykazano istotne zmiany w składzie i strukturze holocelulozy i ligniny w ścianach komórkowych modyfikowanego genetycznie tytoniu, odpowiadające wcześniej obserwowanym zmianom na poziomie regeneracji, transkrypcji, biochemii i wydajności fermentacji alkoholowej biomasy.

IV. Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

- Stwierdzono, że patogeniczne gatunki *Fusarium*, w tym *F. graminearum* mogą bezobjawowo występować jako endofity w licznych roślinach dzikorosnących, w tym w chwastach na polach uprawnych.
- Zidentyfikowano wstępnie dotychczas nieopublikowaną boweniatynę zawierającą leucynę lub izoleucynę.
- Wykazano znacząco wyższą indukcję pektolazy, ksylanazy oraz β -glukozydazy przez ekstrakt z odpornej odmiany grochu (Sokolik) w porównaniu z ekstraktem z odmiany wrażliwej na infekcję grzybami patogenicznymi (Santana).

V. Zakład Genomiki

- Wykazano, że profil alkaloidów w nasionach może służyć jako narzędzie pomocnicze do rozróżniania gatunków łubinów Starego Świata. Na podstawie obserwowanego udziału trzech głównych alkaloidów wyróżniono cztery grupy gatunków Starego Świata tj.: zawierające głównie lupaninę, zawierające głównie lupininę, zawierające lupaninę i lupininę oraz zawierające głównie multiflorynę. Dodatkowo zaobserwowano, że zależności dotyczące obecności i udziału procentowego pozostałych alkaloidów głównych mogą, w większości przypadków, służyć do dalszego rozróżnienia poszczególnych gatunków Starego Świata.
- W wyniku wysokoprzepustowego sekwencjonowania końców 3' cDNA linii populacji mapującej łubinu wąskolistnego uzyskano 4185 markerów SNP i profile ekspresji 30595 genów. Markery użyto do udoskonalenia mapy genetycznej i przypisania 209 kontigów do sekwencji genomu. Profile ekspresji genów poddano mapowaniu cech ilościowych, identyfikując geny kandydujące wczesności kwitnienia (*Ku*), niskiej zawartości alkaloidów (*iucundus*), niepęknięcia strąków (*lentus* i *tardus*) i białej barwy kwiatu (*leucospermus*).

[Plewiński P., Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Rudy E., Wolko B. (2019). Candidate Domestication-Related Genes Revealed by Expression Quantitative Trait Loci Mapping of Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.). International Journal of Molecular Sciences 20(22):5670; DOI: 10.3390/ijms20225670, IF 4,183]

- Badania locus warunkującego odporność na mączniaka prawdziwego (QPm.tut-4A), przeniesionego z *Triticum militinae* do pszenicy *T. aestivum*, wyłoniły sekwencje bogate w motywy GCCGC, które mogą być związane z procesami rekombinacji. Dalsze badania dotyczące ukierunkowanej indukcji rekombinacji mogą pozwolić na wzbogacenie puli genowej pszenicy, poprzez możliwość krzyżowania z mniej lub bardziej pokrewnymi gatunkami oraz wyeliminowanie przenoszenia niekorzystnych cech wraz z pożądanym genem (ang. linkage drag).

VI. Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

- Opisano zależności pomiędzy *P. brassicae* a rośliną żywicielską. Stwierdziliśmy, że proliferacja komórek w tworzących się naroślach jest wynikiem dłuższego utrzymania komórek w stanie mitotycznym (G2-M). Proliferacji towarzyszy powstanie kompleksu DREAM (dimerization partner (DP), retinoblastoma (RB)- like, E2F and MuvB (DREAM) complex). Infekcja indukuje dimeryzację E2Fa - RBR1 oraz *MYB3R4*. Analizy mutantu *myb3r4* oraz wyciszenie genu *E2Fa* wykazały, spadek wielkości narośli i zmniejszenie proliferacji. Opisano zmiany metabolizmu *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek. Na podstawie analizy zawiesiny komórek roślinnych traktowanych nanocząsteczkami po raz pierwszy wykazano udział małych cząsteczek sygnałowych, takich jak kwas salicylowy, jasmonowy i abscyzynowy, w interakcji roślina – nanocząsteczka. Prowadzona równocześnie analiza transkryptomiczna badanych komórek wykazała indukcję ekspresji genów związanych z tymi szlakami sygnalizacyjnymi.
- W badaniach funkcjonalnych wierzb (*Salix* spp.), gatunków o dużym potencjale gospodarczym i środowiskowym, brak było szybkich i wydajnych systemów regeneracji-transformacji. Opracowano protokół transformacji włóśników, pozwalający na uzyskanie ekspresji przejściowej w korzeniach *S. purpurea*. Uzyskane transgeniczne korzenie wykazywały znacznie zwiększoną ekspresję genu *SpDRM2* w porównaniu do kontroli, co dowodzi, że protokół jest odpowiedni do charakteryzacji funkcjonalnej genów u *S. purpurea*.
[Gomes C., Dupas A., Pagano A., Grima-Pettenati J., Paiva J.A.P. (2019). Hairy Root Transformation: A Useful Tool to Explore Gene Function and Expression in *Salix* spp. Recalcitrant to Transformation. *Frontiers in Plant Science* 10(1427)]

SPRAWOZDANIE Z REALIZACJI BADAŃ
ZAKŁAD BIOLOGII STRESÓW ŚRODOWISKOWYCH

Mechanizmy adaptacji roślin do stresowych warunków środowiska

Kierownik Zakładu

prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala

Zespół Regulacji Ekspresji Genów

dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk
dr Anna Kasprzewska (od 1.09.2019)
mgr inż. Magdalena Biegańska
mgr Klaudia Grądzka (stypendystka od 3.11.2019)
mgr inż. Urszula Talar (doktorantka, nieobecność od 03.2019)

Zespół Fizjologii Molekularnej
i Cytogenetyki Roślin

prof. dr hab. Arkadiusz Kosmala
dr Danuta Babula-Skowrońska
dr Tomasz Książczyk (urlop bezpłatny od 1.07.2017r.)
dr hab. Izabela Pawłowicz
dr Joanna Majka (doktorantka/ asystent)
dr Dawid Perlikowski
mgr inż. Włodzimierz Zwierzykowski
mgr Adam Augustyniak (doktorant)
mgr Joanna Fidler (doktorantka)
mgr Katarzyna Lechowicz (doktorantka)
mgr Natalia Żyła (doktorantka)

Współautorstwo publikacji	Zakład BSŚ	ZREG	ZFMiCR
ogółem	10	1	9
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	10	1	9
Monografie i rozdziały	-	-	-
Inne	-	-	-
Liczba „N”	8	2	6

Kierownictwo projektów	Zakład BSŚ	ZREG	ZFMiCR
ogółem	7	2	5
UE	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rządowe	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	6	2	4
MRiRW	1	-	1
inne	-	-	-

Udział w projektach	Zakład BŚ	ZREG	ZFMiCR
ogółem	8	1	7
UE	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rządowe	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	5	1	4
MRiRW	3	-	3
inne	-	-	-

Prace koncentrują się na poznaniu mechanizmów adaptacji roślin do zmiennych warunków środowiska. Główne nurty badań obejmują: (i) podstawy odporności na stresy abiotyczne i biotyczne u gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; (ii) mechanizmy kontrolujące plastyczność odpowiedzi *Brassica napus* na stresy abiotyczne; (iii) funkcje białek StZPR1 i StBBX20 u *Solanum tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stresy środowiskowe.

Cel: (i) poznanie fizjologiczno-molekularnych podstaw odporności na stresy środowiskowe, m.in. niską temperaturę i deficyt wody u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*; (ii) poznanie molekularnych mechanizmów kontrolujących plastyczność odpowiedzi *B. napus* na stresy abiotyczne; (iii) analiza funkcjonalna białek StZPR1 i StBBX20 u *S. tuberosum* podczas rozwoju oraz w odpowiedzi na stresy środowiskowe.

Prace **Zespołu Fizjologii Molekularnej i Cytogenetyki Roślin** mają charakter wieloletni i są kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych. Najważniejsze prace w 2019 roku:

Badanie mechanizmów zimotrwałości, z uwzględnieniem mrozoodporności, u traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca* prowadzono w oparciu o wyselekcjonowane wcześniej dwie linie form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea* o zróżnicowanym poziomie mrozoodporności – linię o wysokim poziomie mrozoodporności (ang. HFT, high frost tolerant) oraz linię o niskim poziomie mrozoodporności (ang. LFT, low frost tolerant). Linie te charakteryzowały się różną zdolnością do odrostu po mrożeniu oraz różnym poziomem integralności błon biologicznych w warunkach stresowych. W latach wcześniejszych wykazano ponadto, że hartowanie aparatu fotosyntetycznego do niskiej temperatury było kluczowym komponentem hartowania na mróz badanych mieszańców traw. W roku 2019 analizowano aktywność komórkowego systemu antyoksydacyjnego w warunkach hartowania u wyselekcjonowanych form introgresywnych HFT i LFT. Badania obejmowały analizę poziomu akumulacji transkryptów i białek wybranych enzymów oraz analizę ich aktywności. Wykazano: (i) wyższy poziom ekspresji genów peroksydazy askorbinianowej (APX), dysmutazy nadadtlenkowej (Cu/Zn SOD i Mn SOD), reduktazy glutationowej (GR) i katalazy (CAT); (ii) wyższy poziom akumulacji dysmutazy nadadtlenkowej (Fe SOD i Mn SOD), GR i CAT oraz (iii) wyższą aktywność APX i peroksydazy (POX), w większości analizowanych punktów czasowych hartowania u formy o wyższym poziomie mrozoodporności (HFT). Wyższą aktywność CAT i peroksydazy glutationowej (GPX) u tej formy introgresywnej wykazano po trzech tygodniach hartowania na mróz. Obserwowane różnice były związane zarówno z poziomem anionorodnika nadadtlenkowego i nadtlenu wodoru, jak i z poziomem integralności błon biologicznych w komórkach badanych traw. Ponadto, w 2019 r. rozpoczęto badania związane z analizą profilu lipidowego oraz ekspresji wybranych genów cor w warunkach hartowania na mróz u form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea*.

Badanie mechanizmów odporności na suszę u traw kompleksu *Lolium-Festuca* prowadzono dla trzech grup roślin: (i) form introgresywnych *L. multiflorum*/*F. arundinacea*; (ii) genotypów *F. arundinacea* oraz (iii) genotypów *F. glaucescens*. W obrębie każdej grupy analizowano rośliny o zróżnicowanym poziomie odporności na suszę – rośliny o wysokim poziomie odporności (ang. HDR, High Drought Resistant) oraz rośliny o niskim poziomie odporności (ang. LDR, Low Drought Resistant). Badania obejmowały analizę akumulacji wybranych enzymów systemu antyoksydacyjnego (APX, GPX, GR, CAT, Fe SOD, Mn SOD i Cu/Zn SOD) w warunkach symulowanej suszy i po powtórным nawodnieniu. Wstępne wyniki analiz wskazują na stosunkowo wysokie zróżnicowanie poziomu akumulacji tych białek pomiędzy roślinami różniącymi się odpornością na suszę. Jednakże wnioskowanie o roli poszczególnych enzymów w mechanizmach odporności będzie możliwe dopiero po analizie ich aktywności i ekspresji genów, kodujących te białka. Zainicjowano prace zmierzające do wykorzystania technologii edycji genomu CRISPR/Cas9 w badaniu roli wybranych enzymów cyklu Calvina, w tym chloroplastowej aldolazy, w mechanizmach odporności na suszę u gatunków mieszańców *Lolium-Festuca*.

Kontynuowano badania związane z identyfikacją chromosomów i markerów chromosomowych u *F. pratensis* i mieszańców *F. pratensis* × *L. perenne*. Analizowano udostępnioną sekwencję całego genomu *L. multiflorum*, identyfikowano sekwencje niskorepetytywne i projektowano sondy cytogenetyczne.

Równoległy kierunek badań Zespołu koncentruje się na badaniu komórkowej sieci interakcji genów kontrolowanych przez układ *ABI1/HB6* u rzepaku ozimego (*Brassica napus* var. *oleifera*) w warunkach stresów środowiskowych. U rzepaku sieć ta jest złożona ze względu na obecność wielu zduplikowanych genów, które pomimo wysokiej homologii sekwencji pokazują różnice w poziomie ekspresji m.in. w odpowiedzi na warunki stresowe. Z drugiej strony, obecność zduplikowanych genów może wpływać na zmiany funkcjonalne u ich bezpośrednich partnerów białkowych. Stąd nasze prace skupiają się na: (i) określeniu wzorów ekspresji paralogów genu *BnaHB6* w warunkach stresowych; (ii) określeniu czy nadekspresja wybranych paralogów genu *BnaABI1* prowadzi do defosforylacji genów *BnaHB6*; (iii) określeniu oddziaływań między różnymi izoformami *BnaABI1* i *BnaHB6* oraz (iv) identyfikacji grupy genów kontrolowanych przez paralogi genu *BnaHB6* w warunkach stresowych. *BnaHB6* należy do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy I, które są zaangażowane w regulację wzrostu roślin, rozwój oraz odpowiedzi na stres. Jednym z celów badań było ustalenie wzoru ekspresji wszystkich wcześniej wyizolowanych genów *BnaHB6* w odpowiedzi na stres solny (wczesna odpowiedź). Poziom ekspresji był badany w liściach i korzeniach u 3-tygodniowych siewek ekspozowanych na stres w oparciu o technikę qPCR. Wyniki te pokazały wyraźną różnicę w poziomach ekspresji badanych genów, wskazując na ich dywergencję funkcjonalną. Na przykład *Bna.A09.HB6.b* i *Bna.C08.HB6.a* pokazały znaczny wzrost ekspresji w liściach roślin w odpowiedzi na zasolenie, przy czym w różnych odstępach czasowych od momentu zadziałania czynnika stresowego. Natomiast ekspresja *Bna.C04.HB6.b* uległa inhibicji. Ponadto, ekspresja analizowanych genów *BnaHB6* była widoczna tylko w liściach, natomiast w korzeniu uległa zahamowaniu. Badania związane są również z wyprowadzeniem linii transgeniczných rzepaku z nadekspresją wybranych paralogów genu *BnaABI1* oraz z wyciszonymi kopiami genu *BnaHB6*.

W przypadku roślin z nadekspresją *BnaABI1* – wyprowadzamy obecnie pokolenie T3, które poddane zostanie szczegółowym analizom. Natomiast, w celu wyciszenia funkcji wszystkich czterech paralogów genu *BnaHB6*, a także jego pojedynczych kopii u rzepaku, zastosowano technologię edycji genomu CRISPR/Cas9. Przygotowano kasety ekspresyjne gRNA, składające się z promotora genu U3 lub U6 snRNA oraz sekwencji gRNA, które pozwoliły

wygenerować mutacje w genach *BnaHB6*. Obecnie wyprowadzane są linie transgeniczne rzepaku z przygotowanymi konstruktami przy wykorzystaniu techniki agrotransformacji zarodków mikrosporowych.

Prace **Zespołu Regulacji Ekspresji Genów** mają również charakter wieloletni i są kontynuacją badań zainicjowanych w latach wcześniejszych. Najważniejsze prace w 2019 roku:

Przygotowano konstrukty dla uzyskania roślin transgenicznych *Solanum tuberosum* z nadekspresją genu *StBBX20* i genu *StZPR1*. Następnie uzyskano rośliny transgeniczne *S. tuberosum* z nadekspresją genów *StBBX20* i *StZPR1*. Ponadto przeprowadzono analizę wiązania natywnych białek StBBX3 i StBBX4 do rejonu promotorowego genu *StFT* i jego paralogów w warunkach *in vitro* metodą EMSA.

Lista projektów badawczych Zakładu

NCN

1. OPUS 15 „Funkcja białka jądrowego StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego”, nr 2018/29/B/NZ9/01457, 1 marca 2019 – 1 marca 2022, **A. Kielbowicz-Matuk**, M. Biegańska, K. Grądzka, I. Pawłowicz.
2. OPUS 12 „Wgląd w molekularne mechanizmy tolerancji deficytu wody i regeneracji po jego ustąpieniu u wybranych gatunków i mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*”, nr 2016/23/B/NZ9/00820, 3 lipca 2017 – 2 lipca 2021, **A. Kosmala**, I. Pawłowicz, K. Lechowicz, M. Arasimowicz-Jelonek (UAM, Poznań).
3. OPUS 12 „Plastyczność odpowiedzi poliploidów na stresy środowiskowe: zbadanie regulonu ABI1/HB6 w warunkach stresów solnego i suszy u rzepaku (*Brassica napus* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/02175, 26 lipca 2017 – 25 lipca 2020, **D. Babula-Skowrońska**, J. Fidler, N. Żyła, T. Cegielska-Taras (IHAR, Poznań), L. Szała (IHAR, Poznań), A. Ludwików (UAM, Poznań), A. Cieśla (UAM, Poznań).
4. OPUS 8 „Analiza funkcjonalna białka SsBBX24 zawierającego domeny wiążące cynk w cyklu okołodobowym podczas rozwoju i w odpowiedzi na zasolenie”, nr 2014/15/B/NZ9/04809, 21 lipca 2015 – 20 stycznia 2019, **A. Kielbowicz-Matuk**, M. Biegańska, U. Talar.
5. ETIUDA 6 „Charakterystyka cytogenetyczna *Festuca pratensis* oraz allotetraploidalnego mieszańca *Festuca pratensis* × *Lolium perenne*”, nr 2018/28/T/NZ9/00074, 1 października 2018 – 30 września 2019, **J. Majka**.
6. PRELUDIUM 13 „Analiza molekularnych mechanizmów mrozoodporności u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, nr 2017/25/N/NZ9/00001, 1 lutego 2018 – 31 stycznia 2020, **A. Augustyniak**.

MRiRW

1. „Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea*”, projekt nr 35, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2020, **A. Kosmala**, A. Augustyniak, K. Masajada, D. Perlikowski,

I. Pawłowicz, W. Zwierzykowski, Z. Zwierzykowski, A. Płazek (UR w Krakowie),
E. Pociecha (UR w Krakowie), M. Rapacz (UR w Krakowie).

Spis publikacji Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Majka J.**, Bzdęga K., Janiak A., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, **Krajewski P.**, **Książczyk T.**, **Zwierzykowski Z.** (2019). Cytogenetic and molecular genotyping in the allotetraploid *Festuca pratensis* × *Lolium perenne* hybrids. BMC Genomics 20: 367.
DOI: 10.1186/s12864-019-5766-2.
IF=3,501
MNiSW=140
2. **Perlikowski D.**, **Augustyniak A.**, Skirycz A., **Pawłowicz I.**, **Masajada K.**, Michaelis A., **Kosmala A.** (2019). Efficient root metabolism improves drought resistance of *Festuca arundinacea*. Plant and Cell Physiology pcz215.
DOI: 10.1093/pcp/pcz215.
IF=3,929
MNiSW=140
Publikacja jest efektem realizacji projektu:
NCN; PRELUDIUM 8 „Analiza wybranych komponentów architektury systemu korzeniowego i metabolizmu korzenia w odniesieniu do tolerancji deficytu wodnego u traw kompleksu Lolium-Festuca”, nr 2014/13/N/NZ9/00914, 21 stycznia 2015 – 21 stycznia 2017, D. Perlikowski, A. Augustyniak, A. Kosmala (opiekun naukowy).
3. **Perlikowski D.**, **Augustyniak A.**, **Masajada K.**, Skirycz A., Soja A. M., Michaelis A., Wolter G., **Kosmala A.** (2019). Structural and metabolic alterations in root systems under limited water conditions in forage grasses of *Lolium-Festuca* complex. Plant Science 283: 211-223.
DOI: 10.1016/j.plantsci.2019.02.001.
IF=3,785
MNiSW=100
Publikacja jest efektem realizacji projektu:
NCN; PRELUDIUM 8 „Analiza wybranych komponentów architektury systemu korzeniowego i metabolizmu korzenia w odniesieniu do tolerancji deficytu wodnego u traw kompleksu Lolium-Festuca”, nr 2014/13/N/NZ9/00914, 21 stycznia 2015 – 21 stycznia 2017, D. Perlikowski, A. Augustyniak, A. Kosmala (opiekun naukowy);
4. Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., **Babula-Skowrońska D.** (2019). Expression profiling of *CTR1*-like and *EIN2*-like genes in buds and leaves of *Populus tremula*, and in vitro study of the interaction between their polypeptides. Plant Physiology and Biochemistry 139: 660-671.
DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.04.029.
IF=3,404

MNiSW=70 pkt

5. Parrotta L., Aloisi I., Suanno Ch., Faleri C., **Kielbowicz-Matuk A.**, Bini L., Cai G., Del Duca S. (2019). A low molecular-weight cyclophilin localizes in different cell compartments of *Pyrus communis* pollen and is released in vitro under Ca²⁺ depletion. *Plant Physiology and Biochemistry* 139: 660-671.
DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.04.029.
IF=3,404
MNiSW=70
6. **Pawłowicz I., Masajada K.** (2019). Aquaporins as a link between water relations and photosynthetic pathway in abiotic stress tolerance in plants. *Gene* 687: 166-172.
DOI: 10.1016/j.gene.2018.11.031.
IF=2,498
MNiSW=70
7. **Perlikowski D., Wiśniewska H., Góral T., Ochodzki P., Majka M., Pawłowicz I., Belter J., Kosmala A.** (2019). Identification of Proteomic Components Associated with Resistance to *Fusarium* Head Blight in Rye. *The Plant Pathology Journal* 35: 313-320.
DOI: 10.5423/PPJ.OA.11.2018.0278.
IF=1,294
MNiSW=70
8. **Kosmala A., Augustyniak A., Perlikowski D., Pawłowicz I., Zwierzykowski W., Płazek A., Paszkowski E.** (2019). Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea*. *Biuletyn IHAR* 286: 379-382.
MNiSW=20
9. Niemann J., **Jędrzycka M., Majka J.**, Mrówczyński M., Kaczmarek J., Weigt D. (2019). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterility z pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica* do rzepaku (*Brassica napus* L.). *Biuletyn IHAR* 286: 199-201.
MNiSW=20
10. **Jędrzycka M., Kaczmarek J., Majka J., Niemann J., Irzykowski W., Korbas M.** (2019). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce. *Biuletyn IHAR* 286: 219-222.
MNiSW=20

ZAKŁAD BIOMETRII I BIOINFORMATYKI

Informatyczna i statystyczna analiza białek i DNA

Kierownik Zakładu

prof. dr hab. Paweł Krajewski

Zespół Biometrii i Bioinformatyki

prof. dr hab. Paweł Krajewski
dr Aneta Sawikowska (do 20.10.2019)
mgr inż. Hanna Ćwiek-Kupczyńska
mgr inż. Monika Mokrzycka
mgr Maria Nuc (doktorantka)

Zespół Ewolucji Funkcji
 Systemów Biologicznych

dr hab. Grzegorz Koczyk
dr Katarzyna Czyż
mgr Michał Kawaliło (doktorant)
mgr Piotr Zaremba - doktorant/wolontariusz
(do 01.06.2019)
lic. Zuzanna Dutkiewicz - magistrantka (do
12.09.2019)

Współautorstwo publikacji	Zakład BB	ZBB	ZEFSB
ogółem	15	13	3
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	15	13	3
Monografie i rozdziały	-	-	-
Inne	-	-	-
Liczba „N”	5	3	2

Kierownictwo projektów	Zakład BB	ZBB	ZEFSB
ogółem	6	4	2
UE	1	1	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rzadowe	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	5	3	2
MRiRW	-	-	-
inne	-	-	-

Udział w projektach	Zakład BB	ZBB	ZEFSB
ogółem	3	3	-
UE	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rzadowe	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	3	3	-
MRiRW			
inne			

Badania Zakładu Biometrii i Bioinformatyki w roku 2019 dotyczyły metod i zastosowań analizy danych NGS w genomice roślin i grzybów, metod statystycznych i semantycznych w analizie wyników fenotypowania roślin, mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia oraz analiz filogenomicznych i oceny jakości składanych de novo konsensusowych transkryptomów roślin.

Zespół Biometrii i Bioinformatyki

Realizowano badania przewidziane harmonogramem projektów badawczych. Dotyczyły one lokalizacji i charakteryzacji zdarzeń zachodzących w genomach na podstawie danych typu NGS oraz metodologii modelowania statystycznego i semantycznego cech ilościowych obserwowanych w doświadczeniach z roślinami.

EPPN2020. Celem projektu jest rozwój technologii fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych, udostępnianie nowoczesnych platform fenotypowania roślin i rozwój metod przetwarzania i zarządzania uzyskiwanymi danymi. W 2019 roku kontynuowano prace nad aktualizacją standardu MIAPPE v1.1 (Minimum Information About a Plant Phenotyping Experiment) oraz jego reprezentacją w formatach BrAPI i ISA-Tab, na podstawie przykładów zbiorów danych uzyskanych od partnerów projektu. We współpracy z partnerami z INRA opracowano rekomendacje odnośnie identyfikatorów elementów systemów fenotypowania, stosowanych w dokumentowaniu eksperymentów. Ponadto, w ZBB rozpoczęto prace nad wdrożeniem standardu udostępniania danych BrAPI, polegające na wyborze rozwiązań informatycznych oraz opracowaniu zakresu i sposobu dostępu do publicznych danych fenotypowych z bazy danych PlantPhenoDB. Implementacja jest realizowana we współpracy z grupą studentów w ramach realizacji ich projektu inżynierskiego na Wydziale Matematyki i Informatyki UAM.

Harmonia. Celem projektu jest poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za regulację poziomu giberelin u jęczmienia w stadium krzewienia roślin. Materiałem doświadczalnym są odmiana jęczmienia Bowman oraz jej dwie linie prawie izogeniczne (NIL): BW827 and BW828, niosące, odpowiednio, mutacje *sdw1.a* and *sdw1.d*. W roku 2019 przeprowadzono analizę wyników doświadczenia, w którym badano wpływ podwyższonej temperatury na wczesny rozwój roślin. Analizie poddano dane opisujące polimorfizm DNA badanych genotypów (markery SNP), ekspresję genów (dane uzyskane metodą RNA-seq), parametry fotosyntetyczne i fizjologiczne oraz fenotypy. Stwierdzono, że badane genotypy różniły się pod względem cech opisujących długość pędu i charakterystyk nasion. BW827 odbiegał od dwu pozostałych linii pod względem cech fizjologicznych. Linia BW828 okazała się bardziej odległa genetycznie i pod względem profilu ekspresji genów od Bowmana niż BW827. Wpływ podwyższonej temperatury na długość pędu był większy dla Bowmana niż dla obu NIL. Liczba genów o ekspresji zależnej od temperatury była większa dla BW827

niż dla BW828. Przeprowadzono interpretację wyników analizy polimorfizmu SNP i ekspresji genów w odniesieniu do Gene Ontology. Wyniki zostały przedstawione na konferencji międzynarodowej i są one przygotowywane do publikacji.

Biostrateg HYBRE. Celem projektu jest opracowanie strategii dla realizacji programu polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej. Analizowano wyniki genotypowania 509 form pszenicy (odmian i linii hodowlanych) za pomocą markerów SNP, SilicoDart i SSR. W wyniku selekcji otrzymano zbiory informatywnych markerów molekularnych (13499 SNP, 26369 SilicoDart, 17 SSR). Przeprowadzono analizę tych danych obejmującą m.in. ocenę dobroci mapowania markerów w genomie referencyjnym, ocenę heterozygotyczności markerów i akcesji, ocenę pokrewieństwa akcesji i badanie struktury populacji za pomocą metod wielowymiarowych. Oceniono typy mutacji punktowych SNP (transwersje, tranzycje) oraz efekty translacyjne markerów SNP zmapowanych w regionach kodujących genomu. Wyznaczono podzbiór akcesji pszenicy spełniający warunek kolekcji podstawowej (core collection). Wyniki zostały przedstawione na konferencjach i są one przygotowywane do publikacji.

NCN Preludium 11, nr 2016/21/N/ST6/02358. Celem projektu jest opracowanie metody porównywania zbiorów danych ilościowych pochodzących z eksperymentów fenotypowania roślin w oparciu o ich adnotacje semantyczne. Przygotowano metody wyznaczania semantycznej odległości wybranych metadanych eksperymentalnych w oparciu o adnotacje z ontologii, które zostaną wykorzystane w opracowaniu narzędzi do porównywania zbiorów danych eksperymentalnych.

Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych

Podobnie jak w roku poprzednim, celem prowadzonych przez Zespół badań było wypracowanie i przetestowanie nowych narzędzi analizy danych genomicznych i transkryptomicznych, w szczególności pod kątem opartej na filogenezie adnotacji funkcjonalnej (rekoncyliacja historii gatunków i rodzin, usprawnienia przewidywań sekwencji kodujących w oparciu o spokrewnione gatunki modelowe) oraz oceny jakości złożonych transkryptomów z wykorzystaniem złożań cząstkowych o różnych parametryzacjach.

W ramach badań własnych sfinalizowano analizy z zakresu rekonstrukcji filogenetycznych oraz adnotacji rejonów regulatorowych transporterów zaangażowanych w eksport trichotecen. W wyniku badań, zidentyfikowano element regulatorowy potencjalnie odpowiedzialny za zwiększoną odporność części izolatów *Fusarium oxysporum* na trichoteceny (zakończono publikacją, Popiel i in. 2019).

W ramach projektu NCN/SONATA (2016/21/D/NZ8/01300) prowadzono adnotację funkcjonalną złożonych konsensusowych transkryptomów trzech gatunków roślin strączkowych (*Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides*, *Senna obtusifolia*), oraz rozpoczęto pracę nad dalszymi gatunkami (*Gymnocladus dioica*, *Desmanthus vulpinus*, *Adenolobus peuchelii*, *Ceratonia siliqua*, *Faidherbia albida*, *Piptadenia stipulacea*, *Dichrostachys cinerea*). Docelowo charakterystyka szerokiego zbioru odległych ewolucyjnie gatunków pozwoli na wyjaśnienie przemian ewolucyjnych prowadzących do wykształcenia i utrzymania zdolności biologicznego wiązania azotu w obrębie rodziny Fabaceae, w kontekście dywergentnych podrodzin Caesalpinoideae i Mimosoideae.

W ramach trwającego projektu NCN/OPUS (2016/21/B/NZ9/01875) kontynuowano analizy potencjalnych producentów laktonów benzenodiolowych (m.in. kurwularyna, dehydrokurwularyna, zearalenon, resorcynol, pochoniny i radikol) wśród dostępnych izolatów grzybów nitkowatych (w latach 2018-2019 wykonano badania przesiewowe zbioru

około 80 izolatów, w tym 20 izolatów pochodzących z zewnętrznej kolekcji CBS/KNAW). Zastosowana strategia jednoczesnego wykorzystania markerów zdegenerowanych umożliwiających amplifikację fragmentów genów kodujących odpowiednio redukującą oraz nieredukującą syntazę poliketydową, pozwoliła zidentyfikować oraz wytypować (poprzez umiejscowienie filogenetyczne) nowe gatunki kandydackie. Zidentyfikowano i wstępnie scharakteryzowano nowych, prawdopodobnych producentów makrolaktonów wśród gatunków grzybów reprezentujących rzędy Diaporthales (*Coniella*, *Diaporthe* oraz *Valsa*) i Hypocreales (rodzaje: *Fusarium*, *Ilyonectria*, *Pochonia*) jak również pojedynczych przedstawicieli innych taksonów (rodzaje: *Acephala*, *Curvularia*, *Phoma* i *Talaromyces*). Rekonstrukcje filogenetyczne historii ewolucyjnej syntaz makrolaktonowych, dostarczają dowodów wspierających wyjściową hipotezę projektu nt. kluczowej roli transferu horyzontalnego w ewolucji bioróżnorodności producentów tej grupy poliketydów aromatycznych. Przeprowadzone analizy dostarczają prawdopodobnego wyjaśnienia zaobserwowanego w latach poprzednich, polifiletycznego pochodzenia kładów biosyntezy makrolaktonów różnego typu (modyfikowane i niemodyfikowane laktony kwasów resorcylowego i dihydroksyfenylooctowego) u tych samych taksonów grzybów. Udokumentowany wzorzec dotyczy nawet dobrze poznanych, modelowych reprezentantów rzędu Hypocreales (przedstawiciele rodzajów *Cladobotryum*, *Fusarium*, *Ilyonectria*, *Pochonia*). W trakcie prac eksperymentalnych pozyskano, złożono i zanalizowano sekwencje genomowe sześciu izolatów grzybów nitkowatych reprezentujących gatunki: *Curvularia inaequalis*, *Diaporthe toxica*, *Fusarium equiseti*, *Isaria fumosorosea*, *Pochonia* sp. (incertae species, atypowy izolat najprawdopodobniej zdolny do produkcji laktonów kwasu dihydroksyfenylooctowego), *Pochonia bulbillosa*. Jednocześnie prowadzono readnotację dostępnych w bazach danych szkieletowych sekwencji genomowych potencjalnych producentów makrolaktonów, reprezentujących w szczególności rodzaje *Fusarium* i *Ilyonectria*. Kontynuowane badania zmierzają do aktualizacji mapy drogowej nieredukujących syntaz poliketydowych w kontekście lawinowo rosnącej liczby dostępnych genomów grzybowych (Koczyk i in. 2015); konstrukcji nowej, analogicznej mapy dla redukujących syntaz poliketydowych oraz pozyskania dowodów umożliwiających jakościowy i ilościowy opis roli rekombinacji klastrów biosyntezy poliketydów aromatycznych, w tworzeniu nowych wariantów funkcjonalnych rozpowszechnianych następnie poprzez transfer horyzontalny.

Lista projektów badawczych Zakładu

EU H2020

1. EPPN2020 „European Plant Phenotyping Network 2020”, nr. 731013, koordynator INRA, Francja, 1 maja 2017 - 30 kwietnia 2021, **P. Krajewski**, H. Ćwiek-Kupczyńska.

NCN

1. HARMONIA 8 „Regulacja ekspresji genu półkarłowatości *sdw1/denso* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) i jej związek z architekturą i fizjologią roślin”, nr 2016/22/M/NZ9/00251, 18 kwietnia 2017 - 17 kwietnia 2021, **P. Krajewski**, K. Kaufmann (HU Berlin), A. Sawikowska, A. Kiełbowicz-Matuk, K. Mikołajczak, A. Daszkowska-Golec (UŚ Katowice).
2. OPUS 11 „Geneza i rozpowszechnienie zdolności do biosyntezy oraz metabolizmu makrolaktonów wśród grzybów wyższych”, nr 2016/21/B/NZ9/01875, 7 marca 2017-

6 marca 2021, **G. Koczyk**, J. Lalak-Kańczugowska, Ł. Stępień, M. Urbaniak, Z. Dutkiewicz, Ł. Marczak (Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki/Instytut Chemii Bioorganicznej PAN).

3. SONATA 11 „Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych” nr 2016/21/D/NZ8/01300, 3 marca 2017-2 marca 2021, **K. Czyż**, M. Tomaszewska, G. Koczyk, M. Kroc, K. Czepiel.
4. PRELUDIUM 11 „Semantyczne porównywanie zasobów danych ilościowych”, nr 2016/21/N/ST6/02358, 24 lutego 2017 – 23 lutego 2020, **H. Ćwiek-Kupczyńska**, P. Krajewski, A. Ławrynowicz (PP Poznań).

NCBR

1. BIOSTRATEG; HYBRE "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej", nr BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017, koordynacja SGGW Warszawa, 21 sierpnia 2017 - 20 sierpnia 2021, **P. Krajewski**, M. Mokrzycka.

Spis publikacji Zakładu Biometrii i Bioinformatyki

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Kruszka D., Sawikowska A., Selvakesavan R.K., Krajewski P., Kachlicki P., Franklin G.** (2019). Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of *Arabidopsis thaliana*. Science of Total Environment
DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361.
IF=5,589
MNiSW=200
2. You Y. , **Sawikowska A.**, Lee J.E., Benstein R.M., Neumann M., **Krajewski P.**, Schmid M. (2019). Phloem companion cell-specific transcriptomic and epigenomic analyses identify MRF1, a regulator of flowering. Plant Cell 31(2): 325-345.
DOI: 10.1105/tpc.17.007140. Wynik projektu FLOWPLAST.
IF=8,631
MNiSW=200
3. **Kroc M., Koczyk G., Kamel K.A., Czepiel K., Fedorowicz-Strońska O., Krajewski P.**, Kosińska J., Podkowiński J., **Wilczura P., Święcicki W.** (2019). Transcriptome-derived investigation of biosynthesis of quinolizidine alkaloids in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) highlights candidate genes linked to iucundus locus. Scientific Reports 9: 2231.
DOI: 10.1038/s41598-018-37701-5.
IF=4,011
MNiSW=140

4. **Majka J., Bzdęga K., Janiak A., Ćwiek-Kupczyńska H., Krajewski P., Książczyk T., Zwierzykowski Z.** (2019). Cytogenetic and molecular genotyping in the allotetraploid *Festuca pratensis* × *Lolium perenne* hybrids. BMC Genomics 20: 367.
DOI: 10.1186/s12864-019-5766-2.
IF=3,501
MNiSW=140

5. Rodziewicz P., Chmielewska K., **Sawikowska A.**, Marczak Ł., Łuczak M., Bednarek P., **Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Krajewski P., Stobiecki M.** (2019). Identification of drought responsive proteins and related pQTLs in barley. Journal of Experimental Botany 70(10): 2823-2837.
DOI: 10.1093/jxb/erz075. Wynik projektu POLAPGEN-BD
IF=5,360
MNiSW=140

6. **Surma M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Adamski T., Ćwiek-Kupczyńska H., Sawikowska A., Pecio A., Wach D., Józefaciuk G., Łukowska M., Zych J., Krajewski P.** (2019). Barley varieties in semi-controlled and natural conditions—Response to water shortage and changing environment. Journal of Agronomy and Crop Science 205: 295-308.
DOI: 10.1111/jac.12324. Wynik projektu POLAPGEN-BD.
IF=2,960
MNiSW=140

7. **Kroc M., Czepiel K., Wilczura P., Mokrzycka M., Święcicki W.** (2019). Development and Validation of a Gene-Targeted dCAPS Marker for Marker-Assisted Selection of Low-Alkaloid Content in Seeds of Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.). Genes 10(6): 428.
DOI: 10.3390/genes10060428.
IF=3,331
MNiSW=100

8. Popiel D., Dawidziuk A., **Koczyk G.** (2019). Efflux pumps as an additional source of resistance to trichothecenes in *Fusarium proliferatum* and *Fusarium oxysporum* isolates. Journal of Applied Genetics 60(3-4):405-416.
DOI: 10.1007/s13353-019-00501-2.
IF=1,725
MNiSW=100

9. **Susek K., Bielski W.K., Czyż K.B., Hasterok R., Jackson S.A., Wolko B., Naganowska B.** (2019). Impact of Chromosomal Rearrangements on the Interpretation of Lupin Karyotype Evolution. Genes 10(4): 259.
DOI: <https://doi.org/10.3390/genes10040259>.
IF=3,331
MNiSW=100

10. **Święcicki W.**, Czepiel K., Wilczura P., Barzyk P., **Kaczmarek Z.**, **Kroc M.** (2019). Chromatographic Fingerprinting of the Old World Lupins Seed Alkaloids: A Supplemental Tool in Species Discrimination. *Plants* 8(12): 548.
DOI: 10.3390/plants8120548.
IF=2,632
MNiSW=70

11. Warzecha T., Skrzypek E., **Adamski T.**, **Surma M.**, **Kaczmarek Z.**, Sutkowska A. (2019). Chlorophyll a Fluorescence Parameters of Hulled and Hull-less Barley (*Hordeum vulgare* L.) DH Lines Inoculated with *Fusarium culmorum*. *The Plant Pathology Journal* 35(2): 112-124.
DOI: 10.5423/PPJ.OA.07.2018.0124.
IF=1,294
MNiSW=70

12. Wiśniewska H., **Majka M.**, Kwiatek M., Gawłowska M., **Surma M.**, **Adamski T.**, **Kaczmarek Z.**, Drzazga T., Ługowska B., Korbas M., **Belter J.** (2018). Production of wheat doubled haploids resistant to eyespot supported by marker-assisted selection. *Electronic Journal of Biotechnology* 37: 11-17.
DOI: 10.1016/j.ejbt.2018.10.003.
IF=2,040
MNiSW=70

13. Kalembsa D., **Jeżowski S.**, Szymanowicz B., **Głowacka K.**, **Kaczmarek Z.**, Kalembsa S., **Cerazy-Waliszewska J.** (2019). Changes in the content, uptake and bioaccumulation of macronutrients in genotypes of *Miscanthus grass*. *Fresenius Environmental Bulletin* 28(3): 1933-1942.
MNiSW=20

14. Mieldzioc A., **Mokrzycka M.**, **Sawikowska A.** (2019). Covariance regularization for metabolomic data on the drought resistance of barley. *Biometrical Letters* 56: 2, 165-18.
DOI: doi.org/10.2478/bile-2019-0010.
MNiSW=20

15. **Święcicki W.**, **Górny A.**, Barzyk P., **Gawłowska M.**, **Kaczmarek Z.**, (2019) Genetic Analysis Of Alkaloid Accumulation In Seeds Of White Lupin (*Lupinus albus* L.), *GENETIKA*, Vol. 51, No. 3,
DOI: 10.2298/GENSR1903961S
MNiSW=20

ZAKŁAD BIOTECHNOLOGII

Biotechnologiczne narzędzia w zwiększaniu potencjału użytkowego roślin uprawnych

Kierownik Zakładu

dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN

Zespół Fenotypowania
i Genotypowania Zbóż

dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN
prof. dr hab. Tadeusz Adamski (0,2 etatu)
dr inż. Krzysztof Mikołajczak
dr Piotr Ogrodowicz
dr inż. Sławomir Franaszek (0,5 etatu)
mgr Renata Trzeciak
Alina Anioła,
Renata Holewińska
mgr Michał Kempa (doktorant)
mgr Kamil Kowalik (doktorant, do 30.09.2019)

Zespół Bioinżynierii

dr hab. Tomasz Pniewski, prof. IGR PAN
dr hab. Katarzyna Głowacka (0,125 etatu, praca
zdalna)
dr inż. Joanna Ceraży-Waliszewska
dr Karolina Sobańska (doktorant/asystent, urlop
bezpłatny od 01.08.2019)
mgr inż. Hanna Pudelska
Katarzyna Beczek (0,5 etatu od 07.05.2019)
mgr Marcin Pyrski (do 31.03.2019)

Współautorstwo publikacji	Zakład ZB	ZRiGR	ZB
ogółem	26	13	13
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	15	8	7
Monografie i rozdziały	-	-	-
Inne	11	5	6
Liczba „N”	6,825	3,7	3,125

Kierownictwo projektów	Zakład ZB	ZRiGR	ZB
ogółem	14	10	4
UE	2	2	
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rzadowe	2	2	-
NCN/NCBR/POIG	6	4	2
MRiRW	2	2	-

inne	2	-	2
------	---	---	---

Udział w projektach	Zakład ZB	ZRiGR	ZB
ogółem	4	2	2
UE	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-
rządowe	1	-	1
NCN/NCBR/POIG	2	2	-
MRiRW	-	-	-
inne	1	-	1

Celem prac badawczych w Zakładzie Biotechnologii jest zwiększanie potencjału użytkowego roślin uprawnych poprzez: a) badania naturalnej zmienności i selekcję; b) ulepszanie naturalnych cech; c) wprowadzanie nowych cech; d) opracowywanie podstaw procesów technologicznych wykorzystujących materiał roślinny. Prace badawcze prowadzone są z wykorzystaniem modyfikacji genetycznych, kultur *in vitro*, markerów molekularnych i białkowych, metod reologicznych, analiz fizjologicznych i biometrycznych.

Badania **Zespołu Fenotypowania i Genotypowania Zbóż** koncentrują się na poszukiwaniu markerów molekularnych związanych z plonowaniem oraz reakcją na stresy biotyczne i abiotyczne roślin pszenicy (*Triticum aestivum* L.) i jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). Prace Zespołu obejmują także opracowanie technik pozwalających na skrócenie czasu potrzebnego do wytworzenia z heterozygotycznych mieszańców populacji linii homozygotycznych, wykorzystywanych następnie w badaniach genetycznych i w pracach hodowlanych.

W roku 2019 prowadzono analizy architektury systemu korzeniowego 150 różnych form jęczmienia jarego, to jest odmian, rodów lub linii o zróżnicowanym pochodzeniu, wybranych w porozumieniu z firmami hodowlanymi, w warunkach zróżnicowanej wilgotności podłoża z zastosowaniem najnowszych technik nieinwazyjnego obrazowania korzeni w czasie rzeczywistym oraz w warunkach polowych - naturalnych. Wiedza na temat różnic w morfologii systemu korzeniowego jęczmienia jarego może posłużyć do selekcji odmian o korzystnych cechach korzeni oraz zdolnych efektywniej pobierać wodę i składniki odżywcze, co w rezultacie może być użyteczne dla firm hodowli roślin.

Prowadzone badania związane były także z wielopoziomową charakterystyką genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału brassinosteroidów w warunkach optymalnych i niedoboru wody. Uzyskane wyniki stanowią część badań w projekcie, którego celem jest wyjaśnienie roli współdziałania brassinosteroidów, giberelin i strigolaktonów w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia w warunkach niedoboru wody dając podstawy do lepszego zrozumienia skoordynowanej hormonalnej regulacji wzrostu i rozwoju roślin jęczmienia w warunkach optymalnych oraz stresu suszy.

Kolejny kierunek badań prowadził do poznania poziomu ekspresji genu *ns-LTP2* w zróżnicowanych warunkach środowiska w połączeniu z detekcją białka ns-LTP2 w liniach jęczmienia uzyskanych metodą krzyżowania wstecznego oraz liniach rekombinacyjnych uzyskanych techniką pojedynczego ziarna. Materiał roślinny został tak dobrany, by prowadzić badania na genotypach wyselekcjonowanych ze względu na gen *ns-LTP2*, oraz genotypach o zwiększonej adaptacji do warunków niedoboru wody. Badane linie jęczmienia poddane zostały warunkom stresu deficytu wody, zasolenia, wysokiej temperatury oraz ich

kombinacji. Prowadzone wcześniej badania dostarczały jedynie informacji, że zwiększona ekspresja genu *ns-LTP2* u jęczmienia następuje w odpowiedzi na stres biotyczny, zaś przedstawione wyniki pozwoliły potwierdzić fakt wzmożonej ekspresji tego genu w warunkach stresów abiotycznych. Dodatkowo grupa białek LTP należy do rodziny białek stresu roślinnego PR14 (ang. pathogenesis-related proteins 14), które wykazują silne działanie alergenne. Badania dotyczące oznaczania poziomu białka, będącego produktem ekspresji genu *ns-LTP2*, pozwoliły nie tylko zweryfikować jego obecność w nasieniu, ale też potwierdziły, że stres abiotyczny może powodować wzrost syntezy tych alergenów w warunkach nasilającej się suszy oraz ocieplenia klimatu.

Rozpoczęto badania dotyczące analizy składu białek zapasowych oraz ocenę jakościową ziarna pszenięczmienia. Wykazano dużą zawartość białka oraz glutenu, co może stanowić istotną informację dla przemysłu piekarskiego. Analiza elektroforetyczna potwierdziła brak wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS) kodowanych przez loci *Glu-D1* oraz *Glu-D3* na rzecz hordein kodowanych w obrębie locus *Glu-Hch1*. Zdobyta wiedza oraz zastosowane podejście stanowią etap wstępny badań nad pszenięczmieniem dając szansę na wytypowanie materiałów o korzystnych właściwościach, które będą mogły być efektywnie wykorzystywane w hodowli.

Kontynuowano prace nad zastosowaniem metod biotechnologicznych do skrócenia cyklu hodowlanego łubinu białego i bobiku z wykorzystaniem techniki pojedynczych nasion w połączeniu z kulturą *in vitro* zarodków. Prowadzono także badania dotyczące zróżnicowania odmian i mieszańców grochu siewnego ze względu na allele markerów mikrosatelitarnych związanych z odpornością grochu siewnego na mączniaka prawdziwego, wędnięcie fuzaryjne oraz wirusa mozaiki grochu PSbMV.

Dodatkowo prowadzono badania zmierzające do określenia zmian w ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie, a także zbadania roli czynnika transkrypcyjnego *HvGAMYB* w regulacji kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego.

Badania **Zespołu Bioinżynierii** w 2019 koncentrowały się na tematyce bioenergetycznej - wykorzystaniu naturalnego potencjału oraz modyfikacji miskanta dla potrzeb produkcji bioenergii i biopaliw. Badania te prowadzono w kilku kierunkach.

Kontynuowano kilkuletnie badania polowe nad określeniem struktury i jakości plonu oraz fizjologii roślin miskanta uzyskanych z sadzonek *in vitro* w porównaniu do sadzonek rizomowych.

Kontynuowano prace nad wykorzystaniem biomasy miskanta do produkcji bioetanolu i określeniem czynników determinujących wydajność procesu. Rozszerzeniem tego kierunku badawczego jest finalizacja prac nad modyfikacją roślin w kierunku zmiany składu i/lub struktury ścian komórkowych przez wprowadzenie do genomu sekwencji antysens wybranych genów szlaku syntezy ligniny oraz genów enzymów rozkładających niektóre wiązania sieciujące w kompleksie ligninocelulozowym. Prace te prowadzono gł. na tytoniu jako gatunku modelowym. W uzupełnieniu do wcześniej zakończonych analiz biometrycznych, mikroskopowych, molekularnych, składników biomasy oraz prób fermentacji wykonano analizy zawartości polisacharydów i ligniny metodą FTIR oraz Pyr-GC MS we współpracy z UP w Poznaniu i Università di Pisa. Wykazano istotne zmiany w składzie i strukturze, w tym połączeń holocelulozy i ligniny w ścianach komórkowych

modyfikowanego genetycznie tytoniu. Rozpoczęto prace nad integracją uzyskanych wyników.

Wykonano wstępne doświadczenie (w ramach projektu NCN Preludium 15) nad określeniem stopnia tolerancji 19 genotypów miskanta chińskiego na stres niskich temperatur poprzez rejestrację zmian cech biometrycznych, fluorescencji i względnej zawartości chlorofilu oraz wycieku elektrolitów. Uzyskane dane są obecnie przedmiotem analizy statystycznej. Wyniki tej analizy będą podstawą selekcji genotypów o skrajnej podatności na chłód: LCT i HCT (ang. low/high cold tolerant), które z kolei będą obiektami badawczymi we właściwym doświadczeniu. Jego celem będzie określenie reakcją miskanta na chłód na poziomie ekspresji genów i ewentualnych zmian w ścianie komórkowej.

Rozpoczęto prace nad określeniem tolerancji miskanta na zanieczyszczenie gleby związkami arsenu poprzez rejestrację zmian cech biometrycznych, wymiany gazowej fotosyntezy, fluorescencji i względnej zawartości chlorofilu oraz wycieku elektrolitów. Planowany jest zbiór biomasy, analizy elementarne i próby fermentacji, mające na celu określenie kumulacji pierwiastków i wpływu zanieczyszczeń na konwersję biomasy oraz analiza statystyczna całości uzyskanych wyników. Wyniki ww. opisanego doświadczenia będą podstawą planowanego doświadczenia w ramach projektu Miniatura 3 na szczegółowym określeniu molekularnych i fizjologicznych podstaw reakcji miskanta na arsen.

Wieloletnie badania Zespołu Bioinżynierii w drugiej dotychczas równolegle rozwijanej dziedzinie, tj. biofarmingu - nad otrzymywaniem w roślinach cząstek wirusów i kapsydopodobnych do zastosowań biomedycznych zostały zakończone otrzymywaniem iniekcyjnych i doustnych preparatów antygenów HBV i określeniem ich immunogenności oraz ich zastosowaniem do otrzymywania złożonych bionanocząstek typu superparamagnetyczny rdzeń (tlenek żelaza) - otoczka (HBcAg). Planowane jest przygotowanie kolejnych publikacji z ww. zakresu jako podstawy kolejnych projektów badawczych.

Lista projektów badawczych Zakładu

UE H2020

1. EPPN2020 „Drought effects on roots development aspects in spring barley population differentiated in the *sdw1/denso* locus”, Projekt ID: 154, 2018-2019; **K. Mikołajczak**, A. Kuczyńska, P. Ogrodowicz.
2. EPPN2020 „The architecture and development of the roots system in barley plants grown under drought conditions in relation to flowering acceleration”, Projekt ID: 206, 2019-2020; **P. Ogrodowicz**, K. Mikołajczak, A. Kuczyńska.

Rządowy Program Wieloletni

1. „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju.”, uchwała RM nr 222/2015 z dnia 15.12.2015 r., obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”:
 - a) Zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych.”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020; **M. Surma**, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

- b) Zadanie nr 2.4 „Krzyżowania oddalone w obrębie rodzajów *Lupinus*, *Pisum* i *Vicia* – poszukiwanie nowej zmienności genetycznej i sposobu skrócenia cyklu hodowlanego z wykorzystaniem kultur *in vitro*.”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020; **A. Kuczyńska**, M. Surma, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak, H. Pudelska.

NCN

1. OPUS 12 „Wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/B/NZ9/03548, 6 września 2017 – 5 września 2020; **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, P. Krajewski, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, K. Kowalik, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.
2. OPUS 9 „Wpływ stresów abiotycznych na poziom ekspresji genu *LTP2* w odniesieniu do lipidomu i fenomu u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2015/17/B/NZ9/01481, 20 stycznia 2016 – 19 stycznia 2020; **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, H. Ćwiek-Kupczyńska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.
3. SONATA 12 „Zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu liścia flagowego jęczmienia pod wpływem stresów abiotycznych działających symultanicznie”, nr 2016/23/D/NZ9/00043, 10 sierpnia 2017 – 9 sierpnia 2020; **K. Mikołajczak**, M. Kempa.
4. SONATA 12 „Czynnik transkrypcyjny HvGAMYB w regulacji kwitnienia i jego związku z odpowiedzią fotoperiodyczną w warunkach stresu suszy u jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)”, nr 2016/23/D/NZ9/00042, 10 sierpnia 2017 – 9 sierpnia 2020; **P. Ogrodowicz**, M. Kempa.
5. PRELUDIUM 15 „Wpływ zmian w profilu ekspresji genów kodujących białka CesA, PAL i WAK podczas stresu chłodu na skład i strukturę ściany komórkowej *Miscanthus sinensis*”, nr 2018/29/N/NZ9/00854, 2 stycznia 2019 – 1 stycznia 2021; **K. Sobańska**, J. Cerazy-Waliszewska, T. Pniewski.
6. MINIATURA 3 „Ocena wzrostu i fotosyntezy dwóch rodzajów sadzonek wybranych ekotypów *Miscanthus* × *giganteus* w warunkach stresu zanieczyszczenia gleby arsenem”, nr 2019/03/X/NZ9/00064, 7 listopada 2019 – 6 listopada 2020; **J. Cerazy-Waliszewska**.

MRiRW

1. „Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH oraz ich wartość technologiczną”, nr HOR hn-801-8/14 poz. 3, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2020, **T. Adamski**, M. Surma, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

2. „Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)”, Zadanie 106, 1 stycznia 2018 – 31 grudnia 2020, **A. Kuczyńska**, T. Adamski, M. Surma, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Kempa, H. Ćwiek-Kupczyńska, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak.

Inne

1. Projekt IChB PAN dla młodych naukowców „Cząstki kapsydopodobne HBcAg otrzymywane w roślinach jako składnik szczepionek oraz bionanocząstek”, nr 55/SN/2018, 2018-2019, **M. Pyrski**.
2. Projekt IChB PAN dla młodych naukowców „Ocena efektywności konstrukcji genetycznych do transformacji miskanta w celu modyfikacji ściany komórkowej dla potrzeb zwiększenia wydajności fermentacji alkoholowej biomasy”, nr 52/SN/2018, 2018-2019, **K. Sobańska**.

Spis publikacji Zakładu Biotechnologii

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Cerazy-Waliszewska J., Jeżowski S., Łysakowski P., Waliszewska B., Zborowska M., Sobańska K., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Białas W., Pniewski T.** (2019). Potential of bioethanol production from biomass of various *Miscanthus* genotypes cultivated in three-year plantations in west-central Poland. *Industrial Crops & Products* 141: 111790.
DOI: 10.1016/j.indcrop.2019.111790. Wynik projektu NCBR SORMISOL.
IF=4,191
MNiSW=140
2. Rodziewicz P., Chmielewska K., **Sawikowska A.**, Marczak Ł., Łuczak M., Bednarek P., **Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Krajewski P., Stobiecki M.** (2019). Identification of drought responsive proteins and related proteomic QTLs in barley. *Journal of Experimental Botany* 70: 2823-2837.
DOI: 10.1093/jxb/erz075. Wynik projektu POLAPGEN-BD.
IF=5,360
MNiSW=140
3. **Pyrski M., Mieloch A.A., Plewiński A., Basińska-Barczak A., Gryciuk A., Bociąg P., Murias M., Rybka J.D., Pniewski T.** (2019). Parenteral–Oral Immunization with Plant-Derived HBcAg as a Potential Therapeutic Vaccine against Chronic Hepatitis B. *Vaccines* 7: 211.
DOI: 10.3390/vaccines7040211.
IF=4,760
MNiSW=140

4. **Surma M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Adamski T., Ćwiek-Kupczyńska H., Sawikowska A., Pecio A., Wach D., Józefaciuk G., Łukowska M., Zych J., Krajewski P.** (2018). Barley varieties in semi-controlled and natural conditions - response to water shortage and changing environment. *Journal of Agronomy and Crop Science* 205: 295-308.
DOI: 10.1111/jac.12324. Wynik projektu POLAPGEN-BD.
IF=2,96
MNiSW=140

5. Janiak A., Kwasniewski M., Sowa M., **Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Szarejko I.** (2019). Insights into barley root transcriptome under mild drought stress with an emphasis on gene expression regulatory mechanisms. *International Journal of Molecular Sciences* 20: 6139.
DOI: 10.3390/ijms20246139. Wynik projektu POLAPGEN-BD.
IF=4,183
MNiSW=100

6. Kromdijk J., **Głowacka K.,** Long S.P. (2019). Predicting light-induced stomatal movements based on the redox state of plastoquinone: theory and validation. *Photosynthesis Research* 141: 83-97;
DOI: 10.1007/s11120-019-00632-x
IF = 3,057
MNiSW = 100

7. **Sobańska K., Ceraży-Waliszewska J., Kowalska M., Rakoczy M., Podkowiński J., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A., Jeżowski S., Pniewski T.** (2019). Optimised expression cassettes of *hpt* marker gene for biolistic transformation of *Miscanthus sacchariflorus*. *Biomass and Bioenergy* 127: 105255.
DOI: 10.1016/j.biombioe.2019.105255. Wynik projektu NCBR SORMISOL .
IF=3,537
MNiSW=100

8. Wyka T.P., Bagniewska-Zadworna A., **Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Żytkowiak M., Surma M., Adamski T.** (2019). Drought-induced anatomical modifications of barley (*Hordeum vulgare* L.) leaves: An allometric perspective. *Environmental and Experimental Botany* 166: 103798.
DOI: 10.1016/j.envexpbot.2019.103798. Wynik projektu POLAPGEN-BD.
IF=3,712
MNiSW=100

9. **Kuczyńska A.,** Cardenia V., **Ogrodowicz P., Kempa M.,** Rodriguez-Estrada M.T., **Mikołajczak K.** (2019). Effects of multiple abiotic stresses on lipids and sterols profile in barley leaves (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Physiology and Biochemistry* 141: 215-224.
DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.05.033. Wynik projektu NCN OPUS 9.
IF=3,404
MNiSW=70

10. Rybka J.D., Mieloch A.A., Plis A., **Pyrski M., Pniewski T.,** Giersig M. (2019). Assembly and characterization of HBc derived Virus-like Particles with magnetic core. *Nanomaterials (Basel)* 9: E155.
DOI: 10.3390/nano9020155.
IF=4,034
MNiSW=70

11. Warzecha T., Skrzypek E., **Adamski T., Surma M., Kaczmarek Z.,** Sutkowska A. (2019). Chlorophyll a fluorescence parameters of hulled and hull-less barley (*Hordeum vulgare* L.) DH lines inoculated with *Fusarium culmorum*. *Plant Pathology Journal* 35: 112-124.
DOI: 10.5423/PPJ.OA.07.2018.0124.
IF=1,294
MNiSW=70

12. **Wiśniewska H., Majka M., Kwiatek M., Gawłowska M., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z.,** Drzazga T., Ługowska B., Korbas M., **Belter J.** (2019). Production of wheat-doubled haploids resistant to eyespot supported by marker-assisted selection. *Electronic Journal of Biotechnology* 37: 11-17.
DOI: 10.1016/j.ejbt.2018.10.003.
IF=2,040
MNiSW=70

13. Bocianowski J., Siedler-Łożykowska K., Nowosad K., **Kuczyńska A.** (2019). The relationship between RAPD marker-by-marker interactions and quantitative traits of caraway (*Carum carvi* L.). *ACTA Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus* 18: 53-69.
DOI: 10.24326/asphc.2019.3.6.
IF=0,443
MNiSW=40

14. Symanowicz B., Becher M., Kalembasa S., **Jeżowski S.** (2019). Possibilities of using fodder galega in the energy sector and agriculture. *Applied Ecology and Environmental Research* 17: 2677-2687.
DOI: 10.15666/aeer/1702_26772687.
IF=0,689
MNiSW=40

15. Kalembasa D., **Jeżowski S.,** Symanowicz B., **Głowacka K., Kaczmarek Z.,** Kalembasa S., **Ceraży-Waliszewska J.** (2019). Changes in the content, uptake and bioaccumulation of macronutrients in genotypes of *Miscanthus* grass. Possibilities of using ash from *Miscanthus* biomass. *Fresenius Environmental Bulletin* 28: 1933-1942.
IF=0,691
MNiSW=20

ZAKŁAD GENETYKI PATOGENÓW I ODPORNOŚCI ROŚLIN

Genetyka patogenów oraz ich interakcja z mikroorganizmami antagonistycznymi i roślinami użytkowymi

Kierownik Zakładu

prof. dr hab. Łukasz Stępień

Zespół Fitopatologii Molekularnej

prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka
dr Joanna Kaczmarek (01.01-31.12.2019 – nieobecność)
mgr inż. Witold Irzykowski
Magdalena Wlaszczyk (technik)
mgr inż. Noor Ramzi (doktorant, do 30.04.2019 wolontariat, od 1.05.2019 stypendium doktoranckie MSD IGR PAN)
mgr Fatema Bakro (doktorant, umowa o pracę do 30.09.2019, od 1.10.2019 stypendium, MSD IGR PAN)

Zespół Interakcji Roślina-Patogen

prof. dr hab. Łukasz Stępień
dr Justyna Lalak-Kańczugowska
mgr inż. Monika Urbaniak (specjalista/ asystent)
mgr Lakshmi Priya Perrincherry (doktorant)
mgr Natalia Witaszak (doktorant)

Zespół Struktury i Funkcji
Mikrobiomu Roślin

dr hab. Lidia Błaszczuk
dr Sylwia Salamon
mgr Aneta Basińska-Barczak (doktorant/ asystent)
mgr inż. Katarzyna Mikołajczak (doktorant)

Zespół Metabolomiki

prof. dr hab. Piotr Kachlicki
dr Anna Piasecka (0,5 etatu)

Współautorstwo publikacji	ZGPiOR	ZFM	ZIRP	ZM	ZSFM
ogółem	22	4	10	6	6
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	21	4	9	6	2
Monografie i rozdziały	1	-	1	-	-
Inne (streszczenia)	55	24	18	6	13
Liczba „N”	10	3	3	1	3

Kierownictwo projektów	ZGPiOR	ZFM	ZIRP	ZM	ZSFM
ogółem	15	8	4	1	2
UE	1	1	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-	-	-
rządowe	-	-	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	7		4	1	2
MRiRW	1	1	-	-	-
inne	6	6	-	-	-

Udział w projektach	ZGPiOR	ZFM	ZIRP	ZM	ZSFM
ogółem	12	5	4	3	-
UE	-	-	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	1	1	-	-	-
rządowe	-	-	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	10	3	4	3	-
MRiRW	1	1	-	-	-
inne	-	-	-	-	-

Celem badań prowadzonych w Zakładzie Genetyki Patogenów i Odporności Roślin jest wszechstronna charakterystyka molekularna i metabolomiczna patogenów roślin uprawnych oraz mikroorganizmów antagonistycznych oraz symbiotycznych dla poznania ich właściwości biologicznych i chemicznych, a także opracowania metod ich wykrywania i wykorzystania w praktyce rolniczej.

W roku 2019 w **Zespole Fitopatologii Molekularnej** prowadzono badania w dwóch projektach o charakterze aplikacyjnym. W pierwszym z nich obiektem badawczym były rośliny kapustowate i ich interakcja z pierwotniakiem *Plasmodiophora brassicae*. Materiał roślinny stanowiły genotypy z rodziny *Brassicaceae* (*B. rapa* i *B. oleracea*) a także *Raphanus sativus* odporne na kiłę oraz odmiany rzepaku ozimego. Otrzymano potomstwo F₁ mieszańców międzygatunkowych z krzyżowań wybranych odmian rzepaku ozimego z genotypami odpornymi na kiłę oraz wyprowadzono potomstwa F₁BC₁. Ogółem wykonano 906 krzyżowań oddalonych w wyniku których otrzymano 303 łuszczyzny. Efektywność przeprowadzonych krzyżowań wstecznych wyrażona płodnością była znacznie niższa niż efektywność krzyżowań międzygatunkowych; na cztery przeprowadzone kombinacje krzyżowania, zapylone zostały 272 kwiaty, z czego uzyskano 29 nasion. Dotychczas wykonane analizy wykazały, że wszystkie otrzymane rośliny pochodzą z samozapylenia.

W analizach FISH z wykorzystaniem sekwencji 5S i 35S rDNA jako sond, materiał roślinny stanowiły gatunki *B. oleracea*, *B. rapa*, *B. napus* oraz *R. sativus*, w których zidentyfikowano odpowiednio 18, 20, 18 i 38 chromosomów. Zastosowane sondy rDNA pozwoliły na identyfikację wybranych par chromosomów w kariotypie: A1, A10, A3, A5/A6/A9 z genomu *B. rapa* oraz C4, C7 i C8 z genomu *B. oleracea*. W obrębie linii *B. napus* obserwowano od 8 do 14 loci 5S rDNA oraz od 9 do 15 loci 35S rDNA. Wśród analizowanych genotypów najczęstszym wzorem był układ 10 loci 5S i 12 loci 35S rDNA.

Z wybranych kombinacji otrzymanych z krzyżowań pomiędzy *B. napus* i *B. rapa* oraz *B. oleracea* analizie jakości poddano średnio po pięć linii dla których analizowano nasiona z trzech pojedynków badając zawartość tłuszczu, białka, glukozyolanów i włókna. Uzyskany materiał był silnie zróżnicowany pod względem wszystkich badanych parametrów jakościowych.

Wykazano obecność pięciu patotypów *P. brassicae* porażających rzepak w Polsce, przy czym przeważały patotypy P1B oraz P3B (po 27%). Są to formy najgroźniejsze z uwagi na przełamanie odporności związanej z obecnością genów CR, występujących w odmianie Mendel. Rzadziej występowały patotypy P3A (23%), P1A (20%) i P2A (3%).

Wykazano obecność kilkunastu terpenów w próbach liści konopi oleistych, w tym najwięcej α -humulenu, β -caryophyllenu, α -pinenu i cedrolu. Nawożenie miało statystycznie istotny wpływ na tworzenie terpenów, z wyjątkiem β -caryophyllenu, α -bisabololu, α -terpinenu i limonenu. Najwięcej terpenów stwierdzono w liściach dwóch wariantów bez nawożenia dogłębowego lecz z nawożeniem dolistnym cynkiem w formie chelatu (Mikrovit Cynk 112 w dawce 1 L/ha) oraz nanocząstkami cynku. Podobny wynik uzyskano dla kannabidiolu (CBD), którego najwięcej uzyskano w wariancie bez nawożenia dogłębowego lecz z nawożeniem dolistnym chelatem cynku. Nawożenie dolistne mikroelementami każdorazowo sprzyjało tworzeniu CBD w liściach. Doświadczenie polowe z identycznymi wariantami nawozowymi kontynuowano w 2019 roku, w celu określenia wpływu warunków pogodowych na ilość i jakość metabolitów.

W zespole **Zespół Interakcji Roślina-Patogen** w roku 2019 we współpracy z Norwegian Veterinary Institute (NVI) w Oslo przeanalizowano hodowle czterech izolatów grzybów należących do rzędu *Hypocreales*. Dane dotyczące struktury analogów bowerycyny oraz boweniatyny ustalono przy użyciu eksperymentów MS/MS. Zidentyfikowano pięć wcześniej opisanych analogów cyklodepsipeptydów, wstępnie zidentyfikowano dotychczas nieopublikowaną boweniatynę zawierającą leucynę lub izoleucynę.

Wykonane zostały ekstrakcje metabolitów oraz białek z liści oraz korzeni dwóch odmian pszenicy. Następnie wykonano niecelowane analizy metabolomiczne oraz proteomiczne w celu oceny wpływu grzybów z rodzaju *Trichoderma* na metabolizm roślin pszenicy.

Przeprowadzono ekstrakcję białek z liści flagowych oraz węzłów krzewienia roślin jęczmienia poddawanych stresowi suszy. Analizy proteomiczne są w toku, uzyskane wyniki zostały przekazane do analiz statystycznych lub podlegają interpretacji biologicznej.

Wykazano ilościowe i jakościowe różnice w składzie frakcji ekstraktów roślinnych wpływających na zmiany metabolizmu *F. proliferatum* w zależności od polarności rozpuszczalnika użytego do frakcjonowania. Najbardziej uniwersalnym rozpuszczalnikiem okazał się etanol. Zidentyfikowano związki fenolowe, cukry, kwasy tłuszczowe i inne związki niskocząsteczkowe.

Dokonano analizy filogenetycznej zestawu szczepów *F. proliferatum* izolowanych z różnych roślin-gospodarzy. Jednocześnie określono wpływ stresu osmotycznego (PEG) na szybkość wzrostu i przyrost biomasy, a także poziom biosyntetyzowanych fumonizyn. Stresujący wpływ PEG zależał od jego stężenia, ponadto ilość akumulowanych toksyn zmniejszał się z czasem, przy czym nie stwierdzono związku pomiędzy kinetyką akumulacji FB1 i pochodzeniem szczepu.

Porównano aktywność enzymów litycznych czterech szczepów *Fusarium* w zależności od induktora (cukry proste, ekstrakt z odpornej i wrażliwej na infekcje grzybowe odmiany grochu) i wykazano różnice w aktywności niektórych grup enzymów w przypadku indukcji

ekstraktami z grochu pomiędzy odmianą odporną i wrażliwą. Sugeruje to być może obecność w odmianie odpornej specyficznych związków wymagających od patogena wyższej aktywności litycznej w celu skutecznego zainfekowania gospodarza.

Badania prowadzone w **Zespole Struktury i Funkcji Mikrobiomu Roślin** mają na celu poznanie różnorodności grzybów zasiedlających wewnętrzne tkanki pszenicy zwyczajnej; zbadanie wpływu genotypu gospodarza, poszczególnych organów roślinnych oraz warunków wzrostu roślin na zmiany w ich mykobiomie.

Materiał badawczy stanowiło 10 odmian pszenicy zwyczajnej. Wyizolowane grzyby identyfikowano na podstawie analiz morfologicznych i molekularnych z wykorzystaniem sekwencjonowania regionów ITS, SSU, LSU oraz fragmentów genów *tub2*, *tef1* i *RBP1*. Uzyskano 804 izolaty grzybów endofitycznych, a do najczęściej obserwowanych należały gatunki z rodzaju *Sarocladium* sp. oraz *Penicillium* sp. W przypadku roślin uprawianych w szklarni, z kolei *Fusarium* sp. oraz *Alternaria* sp. były najczęściej izolowane z tkanek roślin wzrastających w warunkach polowych. Najbardziej zróżnicowaną pod względem rodzajów grzybów endofitycznych jest odmiana Rusalka uprawiana w warunkach polowych.

Dokonano analizy zmian w profilach białek w korzeniach i liściach siewek pszenicy (odmiany jarej Bombona i ozimej Legenda) w wyniku inokulacji szczepami *Trichoderma* AN35 i AN392. Badania wykazały, że profile białek uzyskane dla poszczególnych układów doświadczalnych (warunki polowe i kontrolowane/rośliny nie traktowane /rośliny traktowane szczepem AN35/rośliny traktowane szczepem AN392/korzenie/liście) są różne. W zależności od układu doświadczalnego zidentyfikowano od 9 do 223 białek różnicujących, m.in. związanych z reakcjami roślin na stres.

W celu określenia wpływu szczepów *Trichoderma* na ekspresję genów w korzeniach i liściach siewek pszenicy traktowanych i nie traktowanych szczepami *Trichoderma* charakteryzowano geny referencyjne do analiz RT-qPCR. Gen *ADP* (kodujący ADP-rybozylo transferazę) został wskazany jako gen referencyjny we wszystkich próbkach poza korzeniami dla obu odmian. Gen *SAR* (scaffold-associated region DNA binding protein) został wytypowany jako gen referencyjny w kombinacji z genem kodującym ADP-rybozylo transferazę w przypadku jednoczesnej analizy dla obu organów dla odmiany Bombona i odmiany Legenda, a także w przypadku analizy dla korzeni dla obu tych odmian.

Na podstawie analiz proteomicznych wyłoniono dwa geny związane z reakcjami obronnymi roślin na stropy abiotyczne, które poddano pełnej analizie zmian ekspresji w wyniku inokulacji roślin pszenicy szczepami *Trichoderma*, *PR2* oraz *SOD*. W odmianie Bombona poziom ekspresji genu *PR2* po traktowaniu grzybami *Trichoderma* był niższy niż w kontroli, zarówno w liściach, jak i w korzeniu. Natomiast poziom ekspresji genu *SOD* po traktowaniu grzybami *Trichoderma* był wyższy niż w roślinach kontrolnych. W przypadku odmiany Legenda, reakcja rośliny na inokulacje grzybami *Trichoderma* była bardziej zróżnicowana. Poziom ekspresji genu *PR2* był wyższy w liściach w przypadku roślin traktowanych zarówno szczepem AN35 jak i AN392, natomiast w korzeniu był wyższy wyłącznie po traktowaniu roślin szczepem *T. cremeum* AN392. Analiza zmian w ekspresji genu *SOD* u pszenicy Legenda wykazała natomiast, że zarówno w liściach, jak i w korzeniach roślin traktowanych szczepem *T. atroviride* AN35 poziom ekspresji tego genu jest wyższy niż w roślinach kontrolnych. Odwrotne reakcje odnotowano w przypadku szczepu *T. cremeum* AN392.

Prace **Zespołu Metabolomiki** dotyczyły badania roślinnych metabolitów wtórnych mających wpływ na jakość produktów żywnościowych i roślin zielarskich oraz zmian profili tych związków pod wpływem czynników zewnętrznych (w tym zwłaszcza traktowania nanocząstkami metalicznymi). Badano wpływ nanocząstek Ag o różnych rozmiarach

(o średnicy 10 nm, 20 nm i 100 nm) zastosowanych w różnych stężeniach (0.5-5.0 ppm) na zestaw metabolitów wtórnych roślin *Arabidopsis thaliana*. Stosując metody HR-UPLC-MS stwierdzono istotną indukcję biosyntezy fitoaleksyn pochodnych kamaleksyny oraz niektórych związków fenolowych w wyniku tego traktowania. W pracach związanych z określeniem wpływu różnych nanocząstek metali na profil fitohormonów dziurawca (*Hypericum perforatum*) stwierdzono istotne różnice w odpowiedzi roślin. Nanocząstki Au i Ag powodowały znaczną indukcję zawartości JA i obniżenie ilości ABA podczas gdy nanocząstki palladu powodowały istotne zwiększenie zawartości SA. Obserwowano także zmiany zawartości fenolowych metabolitów wtórnych.

W roku 2019 zakończono analizy ekspresji genów oraz analizy metabolomiczne związane z porównaniem zmian w metabolizmie jęczmienia, pszenicy oraz *Brachypodium distachyon* pod wpływem infekcji patogenem *Fusarium culmorum*. Ostateczny kształt nadano wynikom ilościowym mykotoksyn znajdujących w ziarnie wymienionych roślin, a także przeprowadzono analizy statystyczne dla uzyskanych danych metabolomicznych.

Lista projektów badawczych Zakładu

EU

1. European Comission; "The creation of the Department of Integrative Plant Biology", FP7-ERA Chairs-Pilot Call-2013, grant agreement no. 621321, 1 lipca 2014 – 30 czerwca 2019, **M. Jędrzycka**, A. Stachowiak-Szrejbrowska.

NCN

1. OPUS 14 „Dynamika mykobioty endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny”, nr 2017/27/B/NZ9/01591, 29 czerwca 2018 - 28 czerwca 2021, **L. Błaszczyk**, S. Salamon, K. Mikołajczak, R. Holewińska, M. Tomaszewska.
2. OPUS 13 „Role enzymów litycznych i mykotoksyn wytwarzanych przez grzyby *Fusarium* w procesie patogenez, oraz metabolitów odpowiedzialnych za odpowiedź obronną roślin” 2017/25/B/NZ9/01210; 09 lutego 2018 - 08 lutego 2021, **L. Stępień**, L. Perrincherry, J. Lalak-Kańczugowska, N. Witaszak, A. Waśkiewicz (UP Poznań).
3. OPUS 10 „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*” NCN 2015/19/B/NZ9/03083, 23 czerwca 2016 - 22 czerwca 2020, **L. Błaszczyk**, A. Basińska-Barczak, A. Kosmala, A. Piasecka, A. Sawikowska, N. Witaszak.
4. OPUS 9 „Roślinne związki bioaktywne indukujące odpowiedź na stres u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*” NCN 2015/17/B/NZ9/03577; 18 stycznia 2016 - 17 lipca 2019, **L. Stępień**, K. Górna, J. Lalak-Kańczugowska, N. Witaszak, U. Strybel, A. Waśkiewicz (UP Poznań).
5. OPUS 8 „Genetyczne podstawy biosyntezy cyklicznych peptydów przez patogeniczne grzyby z rzędu *Hypocreales*” NCN 2014/15/B/NZ9/01544; 13 lipca 2015 - 12 stycznia 2019, **L. Stępień**, M. Urbaniak, G. Koczyk, Z. Dutkiewicz, A. Waśkiewicz (UP Poznań), A. Perczak (UP Poznań).

6. SONATA 9 „Metabolomiczne i proteomiczne aspekty konserwatywnych mechanizmów odpowiedzi roślin z rodziny *Poaceae* na fuzariozę kłosów”, nr 2015/17/D/NZ9/03347, 9 marca 2016 - 8 marca 2020 r., **A. Piasecka**, J. Kaczmarek, A. Sawikowska, N. Witaszak.
7. PRELUDIUM 13 „Zmienność potencjału biosyntezy depsipeptydów pod wpływem czynników regulacyjnych wśród przedstawicieli fito- i entomopatogenów u Hypocreales” 2017/25/N/NZ9/02525; 21 lutego 2018 - 20 lutego 2021, **M. Urbaniak**.

MRiRW

1. „Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł odporności na kilę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce”, umowa HOR hn-801-8/14 nr 50, 1 stycznia 2014 – 31 grudnia 2020, **M. Jędryczka**, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, J. Majka, N. Ramzi.

Inne

1. MNiSW; Dofinansowanie kosztów do projektu międzynarodowego FP7-ERACHairs-Pilot Call-2013: “The creation of the Department of Integrative Plant Biology” (BIO-TALENT), umowa nr 3413/7.PR/2015/2; 1 lipca 2014 - 30 czerwca 2019; **M. Jędryczka**, A. Stachowiak-Szrejbrowska.
2. Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich „Parametry rozwoju roślin konopi oleistych odmiany ‘Henola’ w warunkach uprawy na glebach lekkich, ubogich w składniki pokarmowe i kwaśnych” 15 marca 2018 - 30 czerwca 2019; **M. Jędryczka**, F. Bakro, J. Kaczmarek.
3. Instytut Włókien Naturalnych „Uszlachetnianie genetyczne metodą selekcji negatywnej i badania naukowe nad możliwościami uprawy konopi oleistych i włóknistych na glebach lekkich, ubogich w składniki mineralne i o niskim pH”; umowa nr IWNiRZ-IGR PAN 2019/2020; 15 marca 2019 - 30 czerwca 2020; **M. Jędryczka**, F. Bakro.
4. DuPont Poland Sp. z o.o. “Optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce”, 4 marca - 30 listopada 2019; **M. Jędryczka**, J. Kaczmarek.
5. Innvigo Sp. z o.o.; „Ocena wrażliwości grzybów na wybrane fungicydy” 10 grudnia 2018 - 30 listopada 2019, umowa nr IGR PAN-Innvigo 1/2018-2019; **J. Kaczmarek**.
6. Subwencja IGR PAN/ UP Lublin/ IA PAN Lublin; „Badania melisopalinologiczne miodów uzyskiwanych w przestrzeni miejskiej”; 11 lipca 2019 - 10 lipca 2020; **M. Jędryczka**, N. Ramzi; M. Baryluk (umowa); G. Borsuk (UPL), A. Sulborska (UPL), E. Stawiarz (UPL); A. Nawrocka (IA PAN).

Spis publikacji Zakładu Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Kruszka D.**, Sawikowska A., **Selvakesavan R.K.**, **Krajewski P.**, **Kachlicki P.**, **Franklin G.** (2019). Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of *Arabidopsis thaliana*. Science of Total Environment (In press);
DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361.
IF=5,589
MNiSW=200
2. Czubiński J., Wróblewska K., Czyżniewski M., Górnaś P., **Kachlicki P.**, Siger A. (2019). Bioaccessibility of defatted lupin seeds phenolic compounds in a standardized static *in vitro* digestion system. Food Research International 116: 1126-1134.
DOI: 10.1016/j.foodres.2018.09.057.
IF=3,579
MNiSW=140
3. **Piasecka A.**, **Kachlicki P.**, Stobiecki M. (2019). Analytical Methods for Detection of Plant Metabolomes Changes in Response to Biotic and Abiotic Stresses. International Journal of Molecular Sciences 20: 379.
DOI: 10.3390/ijms20020379.
IF=4,183
MNiSW=140
4. **Pyrski M.**, Mieloch A.A., Plewiński A., **Basińska-Barczak A.**, Gryciuk A., Bociąg P., Murias M., Rybka J.D., **Pniewski T.** (2019). Parenteral-oral immunisation with plant-derived HBcAg as a potential therapeutic vaccine against chronic hepatitis B. Vaccines 7: 211.
DOI: 10.3390/vaccines7040211.
IF=4,760
MNiSW=140
5. Czembor E., Waśkiewicz A., Piechota U., Puchta M., Czembor J.H., **Stępień Ł.** (2019). Differences in ear rot resistance and *Fusarium verticillioides*-produced fumonisin contamination between Polish currently and historically used maize inbred lines. Frontiers in Microbiology 10: 449.
DOI: 10.3389/fmicb.2019.00449.
IF=4,259
MNiSW=100
6. Frąc M., Hannula S.E., Bełka M., **Jędrzycka M.** (2019) Fungal Biodiversity and Their Role in Soil Health. Frontiers in Microbiology 9:707.
DOI: 10.3389/fmicb.2018.00707.
IF=4,259
MNiSW=100 pkt

7. Góral T., **Wiśniewska H.**, Ochodzki P., Nielsen L.K., Walentyn-Góral D., **Stępień Ł.** (2019). Relationship between *Fusarium* head infection, kernel damage, concentration of *Fusarium* biomass and *Fusarium* metabolites in grain of winter wheat breeding lines inoculated with *Fusarium culmorum*. *Toxins* 11: 2.
DOI: 10.3390/toxins11010002.
IF=3,895
MNiSW=100

8. Gromadzka K., **Błaszczak L.**, **Chelkowski J.**, Waśkiewicz A. (2019). Occurrence of Mycotoxigenic *Fusarium* Species and Competitive Fungi on Preharvest Maize Ear Rot in Poland. *Toxins* 11: 224.
DOI: 10.3390/toxins11040224.
IF=3,895
MNiSW=100

9. Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.**, Walkiewicz A., Bulak P., Proc K., **Stępień Ł.** (2019). Biocatalytic conversion of methane – selected aspects. *Current Opinion in Chemical Engineering* 26: 28-32.
DOI: 10.1016/j.coche.2019.07.006.
IF=4,463
MNiSW=100

10. **Książkiewicz M.**, Wójcik K., **Irzykowski W.**, **Bielski W.**, Rychel S., **Kaczmarek J.**, **Plewiński P.**, Rudy E., **Jędrzycka M.** (2019). Validation of *Diaporthe toxica* resistance markers in European *Lupinus angustifolius* germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection. *Journal of Applied Genetics* 61: 1, 1-12.
DOI: 10.1007/s13353-019-00521-y.
IF=1,725
MNiSW=100

11. Lorenc W., Markiewicz B., **Kruszka D.**, **Kachlicki P.**, Barańkiewicz D. (2019). Study on speciation of As, Cr and Sb in bottled flavored drinking water samples using advanced analytical techniques IEC/SEC-HPLC/ICP-DRC-MS and ESI-MS/MS. *Molecules* 24: 668.
DOI: 10.3390/molecules24040668.
IF=3,060
MNiSW=100

12. Maliński M.P., Kikowska M., **Kruszka D.**, Napierała M., Florek E., Śliwiska E., Thiem B. (2019). Various in vitro systems of Ragged Robin (*Lychnis flos-cuculi* L.): a new potential source of phytoecdysteroids? *Plant Cell Tissue and Organ Culture* 139: 39-52.
DOI: 10.1007/s11240-019-01660-0.
IF=2,200
MNiSW=100

13. **Perincherry L., Lalak-Kańczugowska J., Stępień Ł.** (2019). *Fusarium*-produced mycotoxins in plant-pathogen interactions, *Toxins* 11: 664.
DOI: 10.3390/toxins11110664.
IF=3,895
MNiSW=100

14. **Stępień Ł., Gromadzka K., Chelkowski J., Basińska-Barczak A., Lalak-Kańczugowska J.** (2019). Diversity and mycotoxin production by *Fusarium temperatum* and *Fusarium subglutinans* as causal agents of pre-harvest *Fusarium* maize ear rot in Poland. *Journal of Applied Genetics* 60: 113-121.
DOI: 10.1007/s13353-018-0478-x.
IF=1,725
MNiSW=100

15. Suproniene S., Kadziene G., **Irzykowski W.**, Sneideris D., Ivanauskas A., Sakalauskas S., **Serbiak P.**, Svegza P., Auskalniene O., **Jędryczka M.** (2019). Weed species within cereal crop rotations can serve as alternative hosts for *Fusarium graminearum* causing *Fusarium* head blight of wheat. *Fungal Ecology* 37: 30-37.
DOI:10.1016/j.funeco.2018.10.002 1754-5048.
IF=3,990
MNiSW=100

16. Suproniene S., Kadziene G., **Irzykowski W.**, Sneideris D., Ivanauskas A., Sakalauskas S., **Serbiak P.**, Svegza P., Kelpsiene J., Pranaitiene S., **Jędryczka M.** (2019). Asymptomatic weeds are frequently colonized by pathogenic species of *Fusarium* in cereal-based crop rotations. *Weed Research* 59: 312-323.
DOI: 10.1111/wre.12367.
IF=1,857
MNiSW=100

17. **Urbaniak M., Stępień Ł.**, Uhlig S. (2019). Evidence for naturally produced beauvericins containing N-methyl-tyrosine in *Hypocreales* fungi. *Toxins* 11: 182.
DOI: 10.3390/toxins11030182.
IF=3,895
MNiSW=100

18. Kuglarz K., Bury M., Kasprzycka A., **Lalak-Kańczugowska J.** (2019). Effect of nitrogen fertilization on the production of biogas from sweet sorghum and maize biomass. *Environmental Technology*
DOI: 10.1080/09593330.2019.1584251.
IF=1,918
MNiSW=70

19. Abdel-Razek A.G., Shehata M.G., Badr A., Gromadzka K., **Stępień Ł.** (2019). Effect of chemical composition of wild opticus *Ficus indica* byproducts on its nutritional, antioxidant and antifungal efficacy. *Egyptian Journal of Chemistry* 62 (Special Issue Part 1): 47-61.
DOI: 10.21608/EJCHEM.2019.15895.1967.
MNiSW=20

20. Braga R.R., Iorio N.L.P.P, Póvoa H.C.C., Chianca G.C., **Kachlicki P.**, Ożarowski M., Silva V.O., Félix H.P., Lopes I.P., Chaves D.S.A. (2019). Chemical Composition and Anticariogenic Activity of *Tambja stegosauriformis* Nudibranch. *Revista Virtual de Química* 11(5): 1457-1466.
DOI: 10.21577/1984-6835.20190101.
MNiSW=20

21. **Witaszak N., Stępień Ł.**, Bocianowski J., Waśkiewicz A. 2019. *Fusarium* species and mycotoxins contaminating veterinary diets for dogs and cats. *Microorganisms* 7: 26.
DOI: 10.3390/microorganisms7010026.
IF=4,167
MNiSW=20

Publikacje w innych czasopismach (w tym branżowych i popularno-naukowych)

1. Kaczmarek J., Jędrzycka M. (2019). 15 lat SPEC. *Przedsiębiorca Rolny* 5(55)/2019, str. 83-85.
2. Jędrzycka M., Kaczmarek J. (2019). Kiła kapusty na rzepaku. *Przedsiębiorca Rolny* 6(56)/2019, str. 87-89.
3. Jędrzycka M., Wielgusz K. (2019). Choroby konopi oleistych w Polsce. *Przedsiębiorca Rolny* 11/2019 <https://www.agropolska.pl/uprawa/rosliny-oleiste/choroby-konopi-oleistych-w-polsce,208.html>
4. Jędrzycka M. (2019). Od Mendla do GMO – genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. *Przedsiębiorca Rolny* 12(62)/2019, str. 42-43.

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Stępień Ł., Lalak-Kańczugowska J., Witaszak N., Urbaniak M.** (2019). Secondary metabolism biosynthetic pathways in *Fusarium* Species: so close but so far away. In: Mérillon J.-M., Ramawat K.G. (eds.): *Co-Evolution of Secondary Metabolites, Reference Series in Phytochemistry*, Springer Nature Switzerland, str. 1-37.
DOI: 10.1007/978-3-319-76887-8_28-1.

ZAKŁAD GENOMIKI

Analiza genomów roślinnych na poziomie struktury i funkcji genów

Kierownik Zakładu

prof. dr hab. Barbara Naganowska

Zespół Genomiki Porównawczej
Roślin Strączkowych

prof. dr hab. Wojciech Święcicki
prof. dr hab. Wojciech Rybiński (0,2 etatu)
dr Magdalena Gawłowska
dr Magdalena Kroc
mgr inż. Barbara Góryniewicz (nieobecność od 19.07.2019)
mgr Katarzyna Czepiel
mgr Paulina Wilczura (nieobecność od 26.08.2019)
mgr Patrycja Bielecka (8.04 - 30.09 2019)
mgr Aleksandra Burdzińska (od 28.10 2019)
inż. Czesława Nawrot (od 4.01.2019)
*dr hab. Andrzej Górny (do 30.09.2019 – 0,33 etatu;
od 1.10.2019 – 0,25 etatu)*
Katarzyna Beczek (0,5 etatu)
Lucyna Łagodzińska (1.05 – 31.10.2019)
Szymon Ornatowski (3.12.2018 - 31.03.2019)
mgr Pankaj Kumar (od 1.04.2019)

Zespół Struktury i Funkcji Genów

prof. dr hab. Barbara Naganowska
prof. dr hab. Bogdan Wolko
dr hab. Michał Książkiewicz
dr hab. Karolina Susek
dr Sandra Rychel (asystent, 0,2 etatu od 01.12.2019)
mgr inż. Magdalena Tomaszewska
mgr Wojciech Bielski (doktorant)
mgr inż. Piotr Plewiński (doktorant)

Zespół Genomiki Zbóż

prof. dr hab. Halina Wiśniewska
dr Maciej Majka (doktorant/ asystent)
mgr Adriana Twardawska
mgr Waldemar Ułaszewski (doktorant)
mgr inż. Jolanta Belter

Współautorstwo publikacji	ZG	ZGPRS	ZSFG	ZGZ
ogółem	22	9	5	8
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	20	7	5	8
Monografie i rozdziały	2	2	-	-
Inne	-	-	-	-
Liczba „N”	11,4	4,2	4,2	3

Kierownictwo projektów	ZG	ZGPRS	ZSFG	ZGZ
ogółem	17	7	5	5
UE	-	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-	-
rzadowe	1	1	-	-
NCN/NCBR/POIG	9	2	4	3
MRiRW	7	4	1	2
inne	-	-	-	-

Udział w projektach	ZG	ZGPRS	ZSFG	ZGZ
ogółem	5	2	2	1
UE	-	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-	-
rzadowe	-	-	-	-
NCN/NCBR/POIG	2	1	1	-
MRiRW	3	1	1	1
inne	-	-	-	-

Badania obejmowały analizy struktury i funkcji genomów badanych gatunków na poziomie chromosomowym i sekwencyjnym oraz analizy transkryptomów i ekspresji wybranych genów. Celem prac było charakteryzowanie i poszerzanie zmienności genetycznej, zwłaszcza analizy genetycznych i molekularnych podstaw cech użytkowych. Badano ponadto wskaźniki fizjologiczne jako element determinowania plonu. Oddzielny nurt badań miał na celu poznanie mechanizmów ewolucyjnych przemian genomów.

Zespół Genomiki Porównawczej

Badano parametry fizjologiczne jako element determinowania plonu nasion i jego komponentów u grochu i łubinu. Celem było poznanie zakresu zmienności parametrów, ich interakcji ze środowiskiem, wzajemnej korelacji i zmian pod wpływem postępu hodowlanego. Mierzono efektywność wykorzystania azotu u grochu (NUtE), uzupełnioną o aktywność nitrogenazy jako wskaźnika aktywności bakterii *Rhizobium*, oraz zróżnicowanie NUtE zależnie od zaopatrzenia w azot, w warunkach polowych i kontrolowanych. W badanym zestawie linii zależności między plonem nasion, efektywnością wykorzystania wody i azotu były znacznie słabsze w warunkach niedoboru azotu. Analizowano możliwości wykorzystania wskaźników fizjologicznych, takich jak fluorescencja chlorofilu, zawartość chlorofilu i potencjał wodny liści w ulepszaniu produktywności łubinu wąskolistnego i grochu. Analizowano przebieg procesów fotosyntezy liści i rozwój korzeni w zróżnicowanych

warunkach środowiskowych. Badania uzupełniono o aspekt funkcjonalny głównych genów uczestniczących w tych procesach. Prowadzono też badania ekspresji genów warunkujących metabolizm cukrowców i odporność na askochytozę u grochu w celu potwierdzenia współwystępowania tych genów ze zidentyfikowanymi wcześniej QTL odpowiedzialnymi za badane cechy.

W celu identyfikacji genów kandydackich szlaku biosyntezy alkaloidów i odporności/podatności na fuzariozę, na podstawie danych uzyskanych z sekwencjonowania transkryptomów łubinu białego i żółtego oraz analizy ekspresji różnicowej wytypowano geny potencjalnie zaangażowane w proces biosyntezy alkaloidów. Zweryfikowano ekspresję tych genów z zastosowaniem qPCR. Wykazano, że dla obu gatunków regulacja biosyntezy przebiega odmiennie niż w przypadku badanego wcześniej łubinu wąskolistnego. Ponadto przetestowano 6 genów kandydackich związanych z odpornością/podatnością łubinu żółtego na fuzariozę. Wyniki qPCR potwierdziły udział wybranych genów w procesach odpornościowych tego gatunku po porażeniu *Fusarium*. Analizowano zmienność cechy zawartości alkaloidów, odporności na antraknozę, wczesności dojrzewania i zawartości tłuszczu w nasionach łubinu białego, kontynuowano prace nad wyprowadzaniem populacji mapującej i sposobem dziedziczenia alkaloidów w oparciu o krzyżowania dialleliczne u tego gatunku.

Prowadzono waloryzację cech morfo-botanicznych, użytkowych i analizy składu chemicznego nasion wraz z opracowaniem danych paszportowych dla wybranych obiektów marginalnych roślin strączkowych z kolekcji IGR PAN, reprezentujących zróżnicowane regiony geograficzne świata.

Zespół Struktury i Funkcji Genów

Na podstawie porównawczego mapowania chromosomów łubinów Starego Świata, z wykorzystaniem kariotypu *L. angustifolius* referencyjnego dla rodzaju (opracowanego przez przypisanie chromosomów do genomu/pseudomolekuł), sformułowano hipotezę dotyczącą przebiegu ewolucji kariotypów łubinów (rodzaj *Lupinus*), opartą na redukcji chromosomów z $2n=52$ do $2n=36$. Gatunki o liczbie chromosomów $2n=52$ mogły wyewoluować z gatunków ancestralnych o liczbie $2n=54$. Gatunki o liczbie niższej prawdopodobnie przeszły trzy rundy duplikacji całego genomu, w wyniku których wyewoluowały gatunki o liczbach $2n=48$, $2n=42$ i $2n=36$. Natomiast zdarzenia aneuploidii, towarzyszące procesom poliploidyzacji, doprowadziły do ukształtowania się kariotypów takich gatunków jak *L. luteus* ($2n=52$), *L. albus* ($2n=50$), *L. angustifolius* ($2n=40$), *L. atlanticus* ($2n=38$), *L. cosentinii* ($2n=32$). Zaproponowano również hipotezę, że podstawowa liczba chromosomów łubinów Starego Świata wynosi $x=6$. W badaniach wskazano istotną rolę dysploidii i aneuploidii w ewolucji łubinów, zwłaszcza w aspekcie zdarzeń poliploidyzacji. Wyniki badań opublikowano (Susek i in. 2019). Wyniki mapowania cytogenetycznego i porównawczych analiz transkryptomów ujawniły skomplikowane procesy poliploidyzacji łubinów. Podjęto decyzję o sekwencjonowaniu całego genomu gatunku o liczbie chromosomów $2n=36$, w celu identyfikacji rearanzacji na poziomie całych genomów łubinów i roślin strączkowych (projekt Harmonia 7).

Porównawcze badania rearanzacji chromosomów dotyczyły identyfikacji przemian chromosomu 6. *L. angustifolius* (Lang06) i odpowiadających mu chromosomów czterech dzikich łubinów Starego Świata (*L. cryptanthus* $2n=40$, *L. cosentinii* $2n=32$, *L. micranthus* $2n=52$, *L. pilosus* $2n=40$). Na podstawie mapowania cytogenetycznego (metodą oligo-FISH)

zobrazowano międzygatunkowe zróżnicowanie lokalizacji sond w stadium pachytenu (prace w toku, projekt Preludium 12).

Wykorzystując markery polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (SNP) i informacje o poziomie ekspresji genów dla populacji mapującej (z projektu SEGENMAS), przeprowadzono rekonstrukcję mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i mapowanie ekspresyjnych cech ilościowych. Pozwoliło to na zidentyfikowanie genów o poziomie ekspresji skorelowanym z segregacją alleli warunkujących takie cechy, jak wczesność kwitnienia (*Ku*), niska zawartość alkaloidów (*iucundus*), zredukowane pękanie strąków (*tardus i lentus*) i biała barwa kwiatów (*leucospermus*). Wytypowano geny kandydujące i określono szlaki metaboliczne zaangażowane w ekspresję cech. Wyniki zostały opublikowane (open access).

Wykonano genomowe mapowanie asocjacyjne wybranych cech fenologicznych i struktury plonu łubinu wąskolistnego (termin początku i końca kwitnienia, termin dojrzałości strąków, wysokość roślin, całkowity plon nasion, masa tysiąca nasion), wykorzystując zestaw markerów SNP dla 126 linii kolekcyjnych (z projektu SEGENMAS), we współpracy z Zespołem Biometrii i Bioinformatyki. Dla wszystkich badanych cech zidentyfikowano loci SNP ze statystycznie istotną asocjacją. Na podstawie danych literaturowych określono hipotetyczną funkcję genów zawierających te loci. Dla wybranych genów kandydujących loci SNP zasocjowane z cechami przekształcono w markery PCR, które poddano dodatkowej walidacji na matrycy DNA analizowanych linii.

Prowadzono prace w celu profilowania transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji z grzybami patogenicznymi *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*. Zakończono analizy markerów DNA sprzężonych z genami odporności na *D. toxica*, wyniki opublikowano (open access). Wykonano izolację RNA z badanych linii i przeprowadzono wysokoprzepustowe sekwencjonowanie metodą NovaSeq 6000 (Illumina). We współpracy z Zespołem Biometrii i Bioinformatyki wykonano różnicową analizę ekspresji genów i wytypowano geny do analizy poziomu ekspresji metodą ilościowego PCR, która jest aktualnie wykonywana.

Opracowano markery molekularne sprzężone z locus pauper warunkującym niską zawartość alkaloidów łubinu białego. Sekwencje zawierające loci SNP zlokalizowane w grupie sprzężeń ALB18 (z projektu FP7 LEGATO) przyrównano do genomu łubinu wąskolistnego i transkryptomu łubinu białego. Wyselekcjonowane sekwencje genów użyto do zaprojektowania markerów typu PCR. Markery poddano mapowaniu w populacji mapującej łubinu białego, następnie użyto do genotypowania linii z kolekcji nasiennej tego gatunku. Określono korelację markerów z zawartością alkaloidów w nasionach, na podstawie przeprowadzonego genotypowania i danych opublikowanych. Wyniki opublikowano (open access).

Badano podstawy genetyczne i molekularne cechy wczesności kwitnienia łubinu białego i żółtego. Zakończono mapowanie homologów genów związanych z procesem indukcji kwitnienia w populacji mapującej łubinu białego. Wyniki opublikowano (open access).

Wykonano ocenę terminu kwitnienia i wymagań wernalizacyjnych 114 linii kolekcyjnych łubinu żółtego. Opracowano markery genetyczne zakotwiczone w sekwencjach homologów genów indukcji kwitnienia. Markery zmapowano w populacji mapującej, przy czym dwa zlokalizowano w obrębie dwóch głównych loci cechy ilościowej - terminu kwitnienia. Na podstawie wyników mapowania genetycznego i sekwencjonowania RNA wybrano geny kandydujące. Wykonano profilowanie ich ekspresji w odpowiedzi na wernalizację (met. ilościowego PCR), potwierdzając ich udział w procesie indukcji kwitnienia.

W celu identyfikacji układów allelicznych genów wczesności i zdeterminowania wzrostu u soi wykonano genotypowanie 150 linii zestawem 33 markerów rozróżniających allele dwóch genów zdeterminowania wzrostu (Dt1 i Dt2) i siedmiu genów wczesności (E1, E2, E3, E4, E7, E9 i E10). Określono skład alleliczny badanych linii i porównano go z wynikami obserwacji polowych faz fenologicznych z lat 2018 i 2019.

Zespół Genomiki Zbóż

Prace dotyczyły poszerzenia zmienności genetycznej uprawnych form pszenicy i pszenżyta poprzez przeniesienie chromatyny z gatunków pokrewnych, w celu wytworzenia nowych genotypów o zwiększonej odporności na choroby wywoływane przez grzyby patogeniczne.

Kontynuowano prace nad kompleksową analizą introgresywnych form pszenżyta ozimego z wprowadzoną chromatyną trzech gatunków *Aegilops*, charakteryzujących się obecnością genów odporności Lr54+Yr37, Lr59 i Lr22a+Lr39. Wyselekcjonowane za pomocą technik cytogenetyki molekularnej i analizy markerów molekularnych formy introgresywne oraz kontrolne odmiany pszenżyta (formy akceptorowe) i odmianę pszenicy Michigan Amber (wzorzec podatności) poddano testom inokulacyjnym w komorze fitotronowej CUR IGR PAN z wykorzystaniem mieszaniny zarodników z naturalnie występujących ognisk infekcji pszenżyta ozimego przez grzyby *Puccinia triticina*. Analiza wariancji i testowanie post-hoc (test Tukey'a) wykazały, że introgesja genu Lr54 podwyższyła w sposób istotny poziom odporności odm. Sekundo na porażenie przez *P. triticina*. Natomiast stopień porażenia form introgresywnych posiadających loci genów Lr59 i Lr22a+Lr39 wprowadzonych do odmian Lamberto i Bogo nie różnił się istotnie od stopnia porażenia odmian kontrolnych pszenżyta. Istotne różnice stwierdzono porównując średnie porażenia form introgresywnych z porażeniem pszenicy odm. Michigan Amber. Wykazano istotne różnice pomiędzy średnimi wartościami porażenia grzybem *P. triticina* odm. Sekundo, Lamberto i Bogo. Można więc wnioskować, że odm. Bogo jest wysoce odporna, a wprowadzone geny Lr22a+Lr39 nie wpłynęły istotnie na zmianę profilu jej odporności. Natomiast wyniki analiz form pszenżyta odm. Lamberto z wprowadzonym genem Lr59 wskazują na brak ekspresji tych genów lub wirulencję.

Przeprowadzono analizy meiotycznych rekombinacji u pszenicy w obrębie locus warunkującego odporność na mączniaka prawdziwego (QPm.tut-4A), przeniesionego z *T. militinae* do pszenicy odm. Chinese Spring. Głównym zadaniem było zaprojektowanie markerów w obrębie locus genu, identyfikacja miejsc rekombinacji, porównanie tych miejsc pomiędzy dwiema populacjami mapującymi i znalezienie wspólnych motywów DNA, w których dochodzi do rekombinacji. Określono konserwatywne motywy bogate w nukleotydy GC, w szczególności GCCGC, które mogą być związane z procesami meiotycznej rekombinacji u pszenicy.

Zidentyfikowano markery sprzężone z genami odporności na fuzariozę kłosa i łamliwość źdźbła w formach pszenżyta i pszenicy. Wykonano krzyżowania w celu piramidyzacji genów odporności na rdzę brunatną, fuzariozę kłosa i łamliwość źdźbła. Uzyskano formy pszenicy i pszenżyta posiadające gen/geny warunkujące odporność na łamliwość podstawy źdźbła i fuzariozę kłosów.

Lista projektów badawczych Zakładu

Rządowy Program Wieloletni

1. „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”, uchwała RM nr 222/2015 z dnia 15.12.2015 r., 2016-2020, Obszar badawczy 2 „Nowe metody i techniki dla ulepszenia wartości odmian roślin strączkowych”. Kierownik Obszaru – **W. Świąćicki**.
 - a) Zad. 2.1. „Poprawa wartości użytkowej grochu (*Pisum sativum* L.), łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) oraz łubinu białego (*L. albus* L.) poprzez obniżenie w nasionach zawartości anty-żywieniowych oligosacharydów rodziny rafinozy oraz obniżenie podatności grochu na askochytozę”, **M. Gawłowska**, **W. Świąćicki**, L. Boros (IHAR Radzików), L. Lahuta (UWM, Olsztyn).
 - b) Zad. 2.2. „Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymywanie organów generatywnych u łubinów”, **M. Kroc**, **W. Świąćicki**, K. Czepiel, P. Wilczura.
 - c) Zad. 2.5. „Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin”, **B. Góryniewicz**, **W. Świąćicki**, W. Mikulski, W. Pilarczyk (UP Poznań).
 - d) Zad. 2.6. „Fotosynteza liści, formowanie i aborcja organów generatywnych, rozwój korzeni oraz wiązanie azotu atmosferycznego, jako procesy istotne dla poziomu i jakości plonu roślin strączkowych w warunkach stresowych”, **A.G. Górny**, D. Ratajczak, M. Gawłowska, W.K. Świąćicki.

NCN

1. HARMONIA 7 „Mechanizmy leżące u podstaw ewolucji genomów roślinnych, dywersyfikacji i specjacji”, nr 2015/18/M/NZ2/00422, 13.05.2016 r.– 12 maja 2020 r., **K. Susek**, M. Kroc, W. Ulaszewski, M. Tomaszewska, B. Abernathy, S. A. Jackson (University of Georgia, Athens, USA).
2. SONATA 9 „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*”, nr 2015/17/D/NZ9/02112, 3 marca 2016 – 2 marca 2020, **M. Książkiewicz**, J. Kaczmarek, S. Rychel-Bielska, E. Lewartowska, W. Irzykowski, Sz. Ornatowski, R. Wawrzyniak, P. Plewiński, W. Bielski, H. Ćwiek-Kupczyńska.
3. PRELUDIUM 12 „Zróżnicowane losy chromosomów łubinów”, nr 2016/23/N/NZ2/01509, 3 lipca 2017 – 5 stycznia 2020, **W. Bielski**, opiekun B. Naganowska.
4. PRELUDIUM 8 „Doskonalenie genetyczne pszenżyta poprzez krzyżowania oddalone z formami amfiploidalnymi *Aegilops tauschii* x *Secale cereale* w celu przeniesienia genów odporności na rdzę brunatną”, nr: 2014/15/N/NZ9/00448; 21 lipca 2015 – 20 stycznia 2019, **M. Majka**, opiekun naukowy: H. Wiśniewska.
5. PRELUDIUM 7 „Profile ekspresji wybranych genów warunkujących biosyntezę alkaloidów chinolizydynowych w różnych organach łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)”, nr 2014/13/N/NZ9/03943, 27 stycznia 2015 – 27 stycznia 2019, **K. Czepiel**, opiekun naukowy: W. Świąćicki.

6. ETIUDA 6: „Analiza cytomolekularna i fenotypowa oraz ocena odporności na grzyby patogeniczne form pszenżyta ozimego ($\times$ *Triticosecale* Wittm.) z introgresją chromatyny *Aegilops tauschii* Coss.”, nr: 2018/28/T/NZ9/00073, 1 lutego 2019 – 31 stycznia 2020, **M. Majka**, opiekun: H. Wiśniewska.
7. MINIATURA 3 „Badania pilotażowe nowego mechanizmu regulacji niskiej zawartości alkaloidów w nasionach łubinu wąskolistnego, poprzez powiązanie poziomu ekspresji genów szlaku biosyntezy alkaloidów z akumulacją tych związków w poszczególnych organach rośliny”, nr 2019/03/X/NZ1/02009, 18 grudnia 2019 – 17 grudnia 2020, **M. Kroc**.

NCBR

1. LIDER VIII: Wykorzystanie inżynierii chromosomowej w celu efektywnego transferu segmentów chromosomów nieuprawnych gatunków kozińców (*Aegilops* sp.) zawierających geny odpowiedzialne za odporność/tolerancję na choroby wywołane przez grzyby patogeniczne do pszenżyta uprawnego ($\times$ *Triticosecale* Wittmack), nr: 0004/L-8/2016, akronim: SEG-CHROM-TRANS, luty 2018 – luty 2021, **M. Kwiatek** (Uniwersytet Przyrodniczy), projekt rozliczany i wykonywany w IGR PAN, W. Ulaszewski, J. Belter

MRiRW

1. „Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne”, HOR.hn.803.2.2019, Zad. nr 40/2019, 1 stycznia 2019 – 31 grudnia 2019, **W. Święcicki**, M. Gawłowska, A. Górny, K. Beczek, A. Niewiadomska (UP Poznań), L. Boros (IHAR Radzików), A. Wawer (IHAR Radzików).
2. „Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów, ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego”, HOR.hn.803.2.2019, Zad. nr 41/2019, 1 stycznia 2019 – 31 grudnia 2019, **W. Święcicki**, M. Kroc, K. Czepiel, P. Barzyk, P. Wilczura.
3. „Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego”, HOR.hn.803.2.2019 Zad. nr 42/2019, 1 stycznia – 31 grudnia 2019, **W. Rybiński**, W. Święcicki, P. Barzyk, P. Wilczura, Cz. Nawrot.
4. „Podstawy genetyczne i molekularne cechy wczesności kwitnienia łubinu białego i łubinu żółtego”, 01.01.2014-31.12.2020, **M. Książkiewicz**, B. Wolko, P. Plewiński, M. Tomaszewska, S. Rychel-Bielska, W. Bielski, A. Sawikowska.
5. „Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acuformis*”, nr HOR.hn.802.2.2019, 1 stycznia 2019 – 31 grudnia 2019, **Wiśniewska H.**, Majka M., Twardawska A., Belter J., Gawłowska M., Korbas M. (IOR-PIB, Poznań).
6. „Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych”, HOR.hn.802.2.2019, 1 stycznia 2019 – 31 grudnia 2019, **Wiśniewska H.**, Twardawska A., Majka M., Belter J., Góral T. (IHAR PIB, Radzików), Ochodzki P. (IHAR PIB, Radzików), Walentyn Góral D. (IHAR PIB, Radzików).

7. MRiRW; Rządowy Program Wieloletni „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, umowa nr 8/PW 1.2 – IGR Poznań/KCRZG/2019 1 stycznia 2019 – 20 listopad 2019:
 - a) „Prowadzenie kolekcji zasobów genowych marginalnych roślin strączkowych gruboziarnistych”, W. Rybiński, Cz. Nawrot,
 - b) „Kolekcja zasobów genowych rodzaju *Ornithopus*, *Pisum* i *Lupinus*”. W. Święcicki.

Spis publikacji Zakładu Genomiki

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Kroc M., Koczyk G., Kamel K.A., Czepiel K., Fedorowicz-Strońska O., Krajewski P., Kosińska J., Podkowiński J., Wilczura P., Święcicki W.** (2019). Transcriptome-derived investigation of biosynthesis of quinolizidine alkaloids in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) highlights candidate genes linked to *iucundus* locus. *Scientific Reports* 9, 2231.
DOI: 10.1038/s41598-018-37701-5.
IF=4,011
MNiSW=140
Program Białkowy zadanie 2.2
2. **Plewiński P., Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Rudy E., Wolko B.** (2019). Candidate Domestication-Related Genes Revealed by Expression Quantitative Trait Loci Mapping of Narrow-Leafed Lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *International Journal of Molecular Sciences* 20(22):5670.
DOI: 10.3390/ijms20225670
IF=4,183
MNiSW=140
Projekt - SEGENMAS
3. **Kroc M., Czepiel K., Wilczura P., Mokrzycka M., Święcicki W.** (2019). Development and validation of a gene-targeted dCAPS marker for marker-assisted selection of low-alkaloid content in seeds of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Genes* 10(6): 428.
DOI: 2073-4425/10/6/428.
IF=3,331
MNiSW=100
Program Białkowy zadanie 2.2
4. **Susek K., Bielski W., Czyż K.B., Hasterok R., Jackson S.A., Wolko B., Naganowska B.** (2019). Impact of chromosomal rearrangements on the interpretation of lupin karyotype evolution. *Genes* 10(4), 259.
DOI: doi.org/10.3390/genes10040259.
IF=3,331
MNiSW=100
OPUS 2/HARMONIA 7

5. **Rychel S., Książkiewicz M.** (2019). Development of gene-based molecular markers tagging low alkaloid pauper locus in white lupin (*Lupinus albus* L.) Journal of Applied Genetics 60:269–281.
DOI: org/10.1007/s13353-019-00508-9
IF=1,725
MNiSW=100
Projekt – LEGATO (FP7)

6. **Książkiewicz M., Wójcik K., Irzykowski W., Bielski W., Rychel S., Kaczmarek J., Plewiński P., Rudy E., Jędryczka M.** (2019). Validation of *Diaporthe toxica* resistance markers in European *Lupinus angustifolius* germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection. Journal of Applied Genetics 61(1):1-12.
DOI: org/10.1007/s13353-019-00521-y.
IF=1,725
MNiSW=100
Projekt - SONATA 9

7. **Ulaszewski W., Belter J., Wiśniewska H., Szymczak J., Skowrońska R., Phillips D., Kwiatek M.T.** (2019). Recovery of 2R.2S^k Triticale-*Aegilops kotschy* Robertsonian Chromosome Translocations, Agronomy 9, 646.
DOI:10.3390/agronomy9100646.
IF=1,805
MNiSW=100
Projekt LIDER NCBiR

8. **Góral T., Wiśniewska H., Ochodzki P., Nielsen L.K., Walentyn-Goral D., Stępień Ł.** (2019). Relationship between Fusarium Head Blight, Kernel Damage, Concentration of *Fusarium* Biomass, and *Fusarium* Toxins in Grain of Winter Wheat Inoculated with *Fusarium culmorum*, Toxins 11(1), 2.
DOI: 10.3390/toxins11010002.
IF=3,895
MNiSW=100
Zewnętrzny projekt MRiRW nr 6 – kierowany w IHAR Radzików.

9. **Święcicki, W., Czepiel, K., Wilczura, P., Barzyk, P., Kaczmarek, Z., Kroc, M.** (2019). Chromatographic fingerprinting of the Old World Lupins seed alkaloids: a supplemental tool in species discrimination. Plants 8, 548.
DOI: 2223-7747/8/12/548.
IF=2,632
MNiSW=70
Program Białkowy zadanie 2.2

10. **Wiśniewska H., Majka M., Kwiatek M., Gawłowska M., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Drzazga T., Ługowska B., Korbas M., Belter J.** (2019). Production of wheat-doubled haploids resistant to eyespot supported by marker-assisted selection. *Electronic Journal of Biotechnology* 37, 11-17.
DOI: 10.1016/j.ejbt.2018.10.003.
IF=2,040
MNiSW=70
Projekt BIOTRIGEN, NCBiR PBS2/B8/10/2013
11. **Rybiński W., Banda, M., Bocianowski J., Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Nowosad K.,** (2019). Estimation of physicochemical variation of chickpeas seeds (*Cicer arietinum* L.). *International Agrophysics* 33: 67-81.
DOI: 10.31545/intagr/103889.
IF=1,227
MNiSW=70
12. **Rychel S., Książkiewicz M., Tomaszewska M., Bielski W., Wolko B.** (2019). *FLOWERING LOCUS T, GIGANTEA, SEPALLATA, and FRIGIDA* homologs are candidate genes involved in white lupin (*Lupinus albus* L.) early flowering. *Molecular Breeding* 39: 43.
DOI.org/10.1007/s11032-019-0952-0.
IF=1,862
MNiSW=70
Projekt - Zadanie 39 MRiRW
13. **Perlikowski D., Wiśniewska H., Góral T., Ochodzki P., Majka M., Pawłowicz I., Belter J., Kosmala A.** (2019). Identification of proteomic components associated with resistance to Fusarium Head Blight in rye (*Secale cereale* L.). *Plant Pathology Journal* 35(4):313-320.
DOI: <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.11.2018.0278>
IF=1,294
MNiSW=70
Projekt MRiRW nr 14
14. Lahuta L.B., **Rybiński W., Bocianowski J., Nowosad K., A. Borner** (2019). Raffinose family oligosaccharides in seeds of common vetch (*Vicia sativa* L. ssp. *sativa*). *Legume Research; LR-* 491 (1-6); DOI: 10.18805/LR-491
MNiSW=40
15. **Wilczura P., Święcicki W., Kamel K.A., Wasiak W.** (2018). Colorimetric vs. chromatographic analyses of alkaloids in lupin seeds. *Plant Breeding and Seed Science* 78, 63, DOI: 10.1515/plass-2018-0014.
MNiSW=20
16. Góral T., **Wiśniewska H., Walentyn Góral D., Majka M.** (2019). Ocena podatności rodów hodowlanych pszenicy ozimej na fuzariozę kłosów w doświadczeniach infekcyjnych prowadzonych latach 2014–2018, *Biuletyn IHAR*, 285:299-300
MNiSW=20

17. Góral T., **Wiśniewska H.**, Czembor P., Ochodzki P., Radecka-Janusik M., **Majka M.**, Przetakiewicz J. (2019). Poszukiwanie oraz wykorzystanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności na fuzariozę kłosów u form pszenicy o zróżnicowanej podatności, Biuletyn IHAR, 286:13-19
MNISW=20

18. **Wiśniewska H.**, **Majka M.**, **Gawłowska M.**, Korbas M., **Belter J.** (2019). Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acufomis*, Biuletyn IHAR, 286:41-44
MNISW=20

19. **Wiśniewska H.**, Góral T., Ochodzki P., **Majka M.**, Walentyn Góral D., **Belter J.** (2019). Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, Biuletyn IHAR, 286:75-79
MNISW=20

20. **Święcicki W.**, **Górny A.**, Barzyk P., **Gawłowska M.**, **Kaczmarek Z.**, (2019) Genetic Analysis Of Alkaloid Accumulation In Seeds Of White Lupin (*Lupinus albus* L.), GENETIKA, Vol. 51, No. 3.
DOI: 10.2298/GENSR1903961S.
MNiSW=20

Autorstwo/redakcja monografii; autorstwo rozdziału w monografii

1. **Święcicki W.** (2019). The Catalogue of *Pisum* Genes. Agencja Kreatiff, ISBN 978-83-953357-0-9, str. 188.

2. **Rybiński W.**, Karmac M., Sulewska K., Amarowicz R. 2019. Antioxidant Activity of Faba Bean Extraxts. Chapter in „Plant Extracts”, Aman Dekabo, IntechOpen, DOI:10.5772/intechopen.85534. Open Access Books.

ZAKŁAD ZINTEGROWANEJ BIOLOGII ROŚLIN

Poprawa jakości roślin poprzez modyfikację molekularnych oraz komórkowych mechanizmów regulatorowych

Kierownik Zakładu

dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN

Zespół Biologii Systemów Roślinnych

dr hab. Robert Malinowski, prof. IGR PAN

dr Karolina Stefanowicz

dr William Truman

mgr inż. Sara Blicharz (asystent, doktorant)

mgr Soham Mukhopadhyay (doktorant)

mgr Juan Camilo Ochoa (doktorant)

Zespół Nanobiotechnologii i
Biosyntezy Metabolitów Wtórnych

dr hab. Franklin Gregory

dr Selvakesavan Rajendran Kamalabai

dr Aarti Gupta (do 28.02.2019)

dr Karthik Siram (od 24.01 do 10.09.2019)

mgr Dariusz Kruszka (doktorant)

mgr Pradeep Matam (doktorant)

mgr Qaisar Maqbool (do 28.02.2019)

Zespół Inżynierii Ściany Komórkowej
Roślin

dr Jorge A. Pinto Paiva

dr Andrea Pagano

mgr Carolina Gomes (doktorantka)

mgr Michał Jarząb (do 31.01.2019)

Współautorstwo publikacji	ZZBR	ZBSR	ZNiBMW	ZIŚKR
ogółem	6	2	4	1
Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów	6	2	4	1
Monografie i rozdziały	-	-	-	-
Inne	-	-	-	-
Liczba „N”	8	4	4	2

Kierownictwo projektów	ZZBR	ZBSR	ZNiBMW	ZIŚKR
ogółem	7	3	3	1
UE	-	-	-	-
międzynarodowy-bilateralny	-	-	-	-
rzadowe	-	-	-	-
NCN/NCBiR/POIG	7	3	3	1
MRiRW	-	-	-	-
inne	-	-	-	-

Prace Zakładu w roku 2019 obejmowały analizę zmian wzorca metylacji oraz dopracowanie metody uzyskiwania ekspresji przejściowej genów w korzeniach *Salix purpurea* (Zespół inżynierii ściany komórkowej roślin), badanie możliwości wykorzystania technik nanotechnologii do pozyskiwania hyperycyny (Zespół Nanobiotechnologii i biosyntezy metabolitów wtórnych) oraz całościowa charakterystyka molekularnych i komórkowych mechanizmów regulujących oddziaływanie między rośliną a patogenem *Plasmodiophora brassicae* (Zespół Biologii Systemów Roślinnych). W Zespole Biologii Systemów Roślinnych wykonano również charakterystykę zmian metabolomicznych soku floemowego grochu w warunkach suszy.

Zespół Biologii Systemów Roślinnych

Tytuł: Charakterystyka molekularnych i komórkowych mechanizmów regulujących oddziaływanie między rośliną a patogenem *Plasmodiophora brassicae*.

Cel: Poznanie molekularnych mechanizmów warunkujących odporność oraz tolerancję roślin na pierwotniaka *P. brassicae*.

Syntetyczny opis realizowanych prac:

Opisano, w jaki sposób patogen przeprogramowuje postęp syntezy komórkowej oraz różnicowanie komórek a także rozładunek cukrów w zainfekowanej roślinie modelowej *A. thaliana*. Wykorzystano metodę GWAS (Genome Wide Association Studies) i wyselekcjonowano 5 loci w genomie rzodkiewnika odpowiedzialnych za odporność roślin na patogen. Aktualnie trwają analizy funkcjonalne.

Efekt praktyczny: praca ma charakter podstawowy.

Tytuł: Rola floemu w reakcji roślin grochu na suszę.

Cel: poznanie, w jaki sposób przebiega długodystansowa koordynacja odpowiedzi roślin grochu na niedobór wody.

Syntetyczny opis realizowanych prac:

Przeprowadzono analizy metabolomiczne soku floemowego i skorelowano je z pomiarami fizjologicznymi, fenomicznymi oraz transkryptomicznymi. W ten sposób opisano mechanizm długodystansowej koordynacji redystrybucji asymilatów oraz dostosowania właściwości osmotycznych wiązek przewodzących. Praca jest aktualnie w przygotowaniu do publikacji.

Efekt praktyczny: praca ma charakter podstawowy.

Zespół Nanobiotechnologii i biosyntezy metabolitów wtórnych

Tytuł: Podejście omiczne w zrozumieniu interakcji między rośliną a nanocząstką.

Cel: poznanie wpływu nanocząstek srebra na roślinę.

Za pomocą ultrawydajnej analizy chromatografii cieczowej z matrycą HRMS Q-Exactive (UPLC-PDA-MS) badano zmiany w profilu cząstek fenolowych i fitoaleksyn wywołane nanocząstkami srebra. Badano również udział kwasu salicylowego, jasmonowego i abscysynowego w oddziaływaniu nanocząstek roślinnych za pomocą HPLC-ESI-QqQ-MS w hodowli zawieszinowej komórek roślin *Hypericum perforatum*. Dane MS uzyskane dla różnych ekstraktów z obróbki z nanocząstkami zostały poddane analizom

chemoinformatycznym. Tkanki *H. perforatum* traktowane nanocząstkami poddano analizie pod kątem zmian transkryptomicznych za pomocą sekwencjonowania RNA. Standaryzowano również geny referencyjne do analizy Q-RT-PCR komórek roślinnych traktowanych nanocząstkami metalicznymi. Ponadto w wodnym wyciągu *H. perforatum* badano udział różnych wtórnych metabolitów w zielonej syntezie nanocząstek.

Efekt praktyczny: praca ma charakter podstawowy.

Tytuł: Badanie szlaku biosyntezy hiperycyny.

Cel: Poznanie szlaku biosyntezy hiperycyny.

Hiperycyna jest ważną substancją występującą głównie w rodzaju *Hypericum* i zyskuje ogromny potencjał w przemyśle farmaceutycznym. W celu ujawnienia sieci molekularnej zaangażowanej w biosyntezę hiperycyny zoptymalizowaliśmy warunki wywoływania i hamowania produkcji hiperycyny w pędach *H. perforatum* w kulturach *in vitro*. Ujednoliciliśmy również metodę jednoczesnej kwantyfikacji wszystkich znanych komponentów i pochodnych uczestniczących w tym szlaku i potwierdziliśmy wyniki przy użyciu UPLC-Orbitrap-MS.

Efekt praktyczny: praca ma charakter podstawowy.

Tytuł: Zrozumienie odporności roślin na zakażenie *Agrobacterium*.

Cel: Opracowanie metod transformacji roślin opornych.

Odpowiedź na stres oksydacyjny komórek *H. perforatum* po wspólnej kulturze z *Agrobacterium*, samodzielnie lub w połączeniu z nanocząstkami, badano za pomocą sond fluorescencyjnych. Izolowano RNA z kultur traktowanych *A. tumefaciens* i *A. rhizogenes* i przeprowadzono analizę sekwencji RNA. Obecnie dane są analizowane w celu przewidzenia genów przyczyniających się do odporności *H. perforatum* na zakażenie *Agrobacterium*.

Efekt praktyczny: praca ma charakter podstawowy.

Zespół inżynierii ściany komórkowej roślin

Tytuł: Opracowanie metody ekspresji przejściowej genów w korzeniach *Salix purpurea*.

Cel: Wykorzystanie metody do badania funkcji genów roślin z rodzaju *Salix*.

Salix purpurea jest rośliną, dla której dotychczas nie opracowano wydajnej metody transformacji genetycznej. Stwarza to duże ograniczenia w wykorzystaniu gatunku jako modelu do badania wielu procesów biologicznych oraz ewentualnego ulepszania gatunku pod kątem użytkowym. W naszym zespole opracowaliśmy metodę pozwalającą na uzyskanie ekspresji przejściowej w korzeniach po inokulacji *Agrobacterium*.

Lista projektów badawczych Zakładu

EU

1. H2020-WIDESPREAD-2018-04; NANOPLANT “The Creation of the Department of Plant Nanotechnology to Maximise the Impact of the ERA Chair Culture on the IPG PAS”; 1 września 2019 - 31 sierpnia 2024; koordynator: **F. Gregory**.

NCN

1. OPUS 13 “HyperAgro: Understanding the relevance of pathogenesis-related defence mechanisms in plant recalcitrance against Agrobacterium mediated transformation” nr 2017/25/B/NZ9/00720, 7 lutego 2018 – 6 lutego 2021; **F. Gregory**, P. Matam.
2. OPUS 12 „Hyperisyn: Zastosowanie innowacyjnych narzędzi badawczych do poznania sieci molekularno-genetycznych uwarunkowań szlaku biosyntezy hiperycyny”, nr 2016/23/B/NZ9/02677, 3 lipca 2017 - 2 lipca 2020; **F. Gregory**, M. Nuc.
3. OPUS 11 „HyperNano: Badanie zmian metabolizmu wtórnego u *Hypericum perforatum* pod wpływem nanocząsteczek poprzez zastosowanie zintegrowanego podejścia i technologii „omics”, nr 2016/21/B/ NZ9/01980, 12 stycznia 2017- 11 stycznia 2020; **F. Gregory**, D. Kruszka, R. K. Selvakesavan, K. Siram.
4. OPUS 11 „Rola transportu floemowego w adaptacji grochu do warunków niedoboru wody”, nr 2016/21/B/NZ9/02020, 12 stycznia 2017 – 11 stycznia 2020; **R. Malinowski**.
5. OPUS 10 „Zrozumienie roli zależnych od chityny odpowiedzi obronnych roślin podczas infekcji *Plasmodiophora brassicae*”, nr 2015/19/B/NZ3/01489, 20 czerwca 2016 - 19 czerwca 2019; **W. Truman**.
6. SONATA 9 „Znaczenie przemian ściany komórkowej roślin zainfekowanych przez *Plasmodiophora brassicae* dla rozwoju patogena”, nr 2015/17/D/NZ9/01977, 3 czerwca 2016 - 2 grudnia 2019; **K. Stefanowicz**, S. Blicharz.
7. SONATA BIS 5 „PurpleWalls - zintegrowane badania nad (de) regulacją ekspresji genomu w procesie biosyntezy drewna u wierzby purpurowej (*Salix purpurea* L.)”, nr 2015/18/E/NZ2/00694, 12 maja 2016 - 11 maja 2020; **J. Paiva**, C. Gomes, A. Pagano.

Spis publikacji Zakładu Zintegrowanej Biologii Roślin

Artykuły w czasopismach naukowych i recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1. **Kruszka D., Sawikowska A., Kamalabai Selvakesavan R., Krajewski P., Kachlicki P., Franklin G.** (2019). Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of *Arabidopsis thaliana*. Science of The Total Environment, 135361.
DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361.
IF=5,589
MNiSW=200
(NCN; OPUS11)

2. **Malinowski R., Truman W., Blicharz S.** (2019). Genius Architect or Clever Thief - How *Plasmodiophora brassicae* Reprograms Host Development to Establish a Pathogen-Oriented Physiological Sink. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32: 1259-1266.
DOI: 10.1094/MPMI-03-19-0069-CR.
IF=3,649
MNiSW=140
a. (NCN; SONATA BIS2)

3. **Olszak M., Truman W., Stefanowicz K., Sliwinska E., Ito M., Walerowski P., Rolfe S., Malinowski R.** (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in Arabidopsis. *The Plant Journal* 97: 715-729.
DOI: 10.1111/tpj.14156.
IF=5,726
MNiSW=140
(NCN; SONATA BIS2)

4. **Gomes C., Dupas A., Pagano A., Grima-Pettenati J., Paiva J.** (2019). Hairy Root Transformation: A Useful Tool to Explore Gene Function and Expression in *Salix* spp. Recalcitrant to Transformation. *Frontiers in Plant Science* 10: (1427).
DOI: 10.3389/fpls.2019.01427.
IF=4,106
MNiSW=100
(SONATA BIS5)

5. **Siram K, Divakar S, Raghavan CV, Marslin G, Rahman H, Franklin G.** (2019). Prediction and elucidation of factors affecting solubilisation of imatinib mesylate in lipids. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces* 174: 443-450.
DOI: 10.1016/j.colsurfb.2018.11.033
IF=3,973
MNiSW=100
(NCN; OPUS11, OPUS 12)

6. **Shakya P., Marslin G., Siram K., Beerhues L., Franklin G.** (2019). Elicitation as a tool to improve the profiles of high-value secondary metabolites and pharmacological properties of *Hypericum perforatum*. *The Journal of Pharmacy and Pharmacology* 71(1): 70-82.
DOI: 10.1111/jphp.12743.
IF=2,39
MNiSW=70
(NCN; OPUS11)

WSPÓŁPRACA KRAJOWA

Współpraca z krajowymi placówkami naukowymi

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

- Wydział Rolniczy i Ekonomiczny, Katedra Fizjologii Roślin, prof. dr hab. M. Rapacz, prof. dr hab. A. Płazek, dr E. Pociecha; fizjologiczna reakcja na stresy abiotycznych i biotyczne u traw kompleksu *Lolium-Festuca*; wspólnie realizowany projekt MRiRW; trzy publikacje z listy JCR (2018).
- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, dr hab. M. Arasimowicz-Jelonek; rola tlenu azotu (NO) w metabolizmie roślinnym; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS12 i PRELUDIUM13.

Babula-Skowrońska D.,

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Biotechnologii, dr hab. A. Ludwików, prof. UAM, dr A. Cieśla; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny *PP2C* (kodujących fosfatazy białkowe) oraz *HD-Zip* (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS12.
- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, prof. dr hab. T. Cegielska-Taras, dr hab. L. Szała; analiza funkcji wybranych genów należących do rodziny *PP2C* (kodujących fosfatazy białkowe) oraz *HD-Zip* (kodujących czynniki transkrypcyjne) u rzepaku; wspólnie realizowany projekt NCN OPUS12.

Kielbowicz-Matuk A.,

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Ekspresji Genów, prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska; uzyskanie roślin ziemniaka *S. tuberosum* odm. Desiree z wyłączoną ekspresją genu *BBX24*; publikacja w przygotowaniu.
- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Fizyki, Zakład Biofizyki Molekularnej, dr hab. Ewa Banachowicz, prof. UAM; przewidywanie struktury drugorzędowej i trzeciorzędowej białek StBBX3 i StBBX4 z *S. tuberosum* w oparciu o modelowanie porównawcze; publikacja w przygotowaniu.
- Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, dr Agata Daszkowska-Golec; uzyskanie sekwencji nukleotydowej rejonu promotorowego genów: *GA20ox1*, *GA20ox2* (*sdw1*), *GA20ox3* i *GA20ox2-like* u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) oraz identyfikacja sekwencji cis-regulatorowych w uzyskanych rejonach promotorowych; projekt Harmonia, kierownik projektu prof. P. Krajewski (17 kwietnia 2017 – 16 kwietnia 2020).

Kuczyńska A.,

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, dr Maria Katarzyna Wojciechowicz; wspólna realizacja zadania badawczego nr 2.4 w wieloletnim projekcie rządowym RM nr 222/2015.
- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych - dr Grzegorz Gryziak; przekazanie wyselekcjonowanych linii w ramach projektu POLAPGEN „Narzędzia

biotechnologiczne do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę”; dokumentacja oraz wymiana prób z innymi bankami genów i ogrodami botanicznymi w świecie, udostępnianie materiałów wyjściowych hodowcom.

- Uniwersytet Śląski w Katowicach, prof. dr hab. Iwona Szarejko; wyjaśnianie współdziałania hormonów i jego roli w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia; wspólny projekt NCN OPUS12.
- Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki (IChB/PP), dr Łukasz Marczak; analiza genotypów jęczmienia jarego z wykorzystaniem chromatografii gazowej połączonej z spektrometrią mas; wspólny projekt NCN OPUS9.
- Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, Katedra Fizyki i Agrofizyki - dr Renata Matuszak-Slamani; wpływ niedoboru wody na wybrane cechy siewek jęczmienia jarego rosnących przy różnym natężeniu promieniowania fotosyntetycznie czynnego; publikacja w przygotowaniu.
- Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, dr hab. Artur Nosalewicz, prof. IA PAN; wpływ oporu mechanicznego na wzrost korzeni jęczmienia; wspólny projekt MRiRW.

Pniewski T., Pyrski M., Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, CZT - dr hab. Jakub Rybka, prof. UAM, mgr Adam Mieloch, mgr Adam Plewiński; otrzymywanie superparamagnetycznych bionanocząstek typu rdzeń/otoczka na przykładzie tlenku żelaza i HBcAg, doświadczenia w modelu mysim nad immunogennością HBcAg produkowanego w roślinach; złożone wnioski grantowe do NCN OPUS 15-17, 2 publikacje JCR 2019.

Kachlicki P.,

- Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, prof. dr hab. D. Barańkiewicz, Analizy HPLC/MS związków arsenoorganicznych roślin oraz produktów żywnościowych, wspólna publikacja.
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, dr J. Czubiński, Analiza metabolitów wtórnych w żywności pochodzenia roślinnego; wspólna publikacja.
- Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, prof. dr hab. M. Stobiecki; Analizy HPLC/MS bioaktywnych metabolitów wtórnych roślin uprawnych; wspólne publikacje.
- Uniwersytet Medyczny w Poznaniu, Wydział Farmacji prof. dr hab. P. Mikołajczak, dr hab. M. Ożarowski; Analizy HPLC/MS aktywnych biologicznie komponentów roślin zielarskich; wspólne publikacje.

Kosmala A., Perlikowski D., Pawłowicz I., Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, dr hab. T. Góral, dr P. Ochodzki; identyfikacja białek związanych z odpornością na fuzariozę kłosów u żyta; publikacja w czasopiśmie z listy JCR (2019).

Gawłowska M., Święcki W.,

- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, L. Boros, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW Zad. 40.

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Niewiadomska, Identyfikacja rejonów w genomie grochu, warunkujących wybrane parametry sprawności fizjologicznej, jako istotnego elementu odporności na stresy abiotyczne - Projekt MRiRW Zad. 40.

Rybiński W.,

- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, Zakład Roślin Oleistych, M. Starzycki. Ocena zmienności składu chemicznego nasion gatunków z rodzaju *Lathyrus*, *Cicer*, *Vicia* i *Lupinus* (publikacja w 2019 roku).
- Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, R. Rusinek i M. Bańda. Opracowanie parametrów geometrycznych i właściwości mechanicznych (fizycznych) nasion roślin strączkowych pod względem ich odporności na obciążenia mechaniczne. Publikacja w 2019 r.
- Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, L. Lahuta. Ocena zmienności zawartości oligosacharydów w nasionach wybranych gatunków roślin strączkowych z kolekcji IGR PAN (publikacja w 2019 roku).
- Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN w Olsztynie, R. Amarowicz. Antyoksydanty w nasionach wybranych gatunków roślin strączkowych z kolekcji IGR PAN. Rozdział w monografii w j. angielskim - 2019 rok.

Rychel-Bielska S.,

- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, Krajowe Centrum Zasobów Genowych, Radzików: wymiana materiału roślinnego, współpraca w ramach projektu SONATINA 3 „Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.)”, nr 2019/32/C/NZ9/00055.
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Nawracała J., Tomkowiak A., Kurasiak-Popowska D., Weigt D, Niemann J., współpraca w ramach projektu MRiRW, Zad. nr 105.
- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, współpraca w ramach projektu finansowanego ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju oraz projektu SONATINA 3 „Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.)”, nr 2019/32/C/NZ9/00055. Galek R. i Kozak B.

Wiśniewska H.,

- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oddział w Poznaniu, Zakład Fitopatologii, T. Góral, współpraca w projekcie Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych. Publikacja: Biuletyn IHAR 286, 75-79, MNiSW 20 pkt.
- Instytut Ochrony Roślin PIB Poznań, Zakład Mykologii, Korbas M. - współpraca w ramach projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acufiformis*, Publikacja: Biuletyn IHAR 286, 41-43, MNiSW 20 pkt.

Majka J.,

- Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, dr K. Bzdęga, dr A. Janiak; cytogenetyczne i molekularne genotypowanie allotetraploidalnych mieszańców *F. pratensis* × *Lolium perenne*; publikacja w czasopiśmie z listy JCR (2019).
- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli, dr J. Niemann; introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterylności z pokrewnych gatunków rodzaju *Brassica* do rzepaku (*Brassica napus* L.); wspólnie realizowany projekt MRiRW.

Krajewski P., współpraca z Uniwersytetem Śląskim w projekcie HARMONIA.

Susek K., Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska:

- Projekt badawczy HARMONIA 7, 2015/18/M/NZ2/00394 “Comparing genetic and epigenetic variation in a model grass *Brachypodium distachyon* in driving adaptation to distinct natural environments”, NCN, Kierownik: R. Hasterok.
- Opieka naukowa nad doktorantką w charakterze promotora pomocniczego; mgr Aleksandra Skalska (2018-obecnie) „Porównawcza analiza multiomiczna naturalnych populacji *Brachypodium distachyon* w celu poznania molekularnych mechanizmów adaptacji do zmiennych warunków środowiska”.
- Publikacja Lusinska J., Majka J., Betekhtin A., Susek K., Wolny E., Hasterok R. (2018). Chromosome identification and reconstruction of evolutionary rearrangements in *Brachypodium distachyon*, *B. stacei* and *B. hybridum*. *Annals of Botany* 27; 122(3):445-459; doi.org/10.1093/aob/mcy086.
- Publikacja Susek K., Bielski W., Czyż K.B., Hasterok R., Jackson S.A., Wolko B., Naganowska B. Impact of chromosomal rearrangements on the interpretation of lupin karyotype evolution. (*Genes*) 2019.

Mokrzycka M.,

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Zakład Zastosowań Matematyki Katedry Metod Matematycznych i Statystycznych (prof. dr hab. Augustyn Markiewicz, dr Aneta Sawikowska, mgr Adam Mieldzioc, mgr Malwina Janiszewska) mająca na celu realizację wspólnych publikacji.
- Politechnika Poznańska, współpraca z dr hab. Katarzyną Filipiak z Politechniki Poznańskiej dotycząca rozwoju naukowego w dziedzinie matematyki mająca na celu uzyskanie stopnia doktora, złożenie projektu badawczego.

Pniewski T., Cerazy-Waliszewska J., Sobańska K.,

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Technologii Drewna - dr hab. Bogusława Waliszewska, prof. UPP, prof. dr hab. Magdalena Zborowska, dr inż. Beata Doczekalska; Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności - dr hab. inż. Wojciech Białas; analiza biochemiczna i fermentacja biomasy miskanta; publikacja JCR 2019, publikacja przygotowana do złożenia.
- Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, dr Jan Podkowiński; przygotowanie wektorów i analiza molekularna transgeniczných roślin miskanta; publikacja JCR 2019.

Pniewski T.,

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności - dr hab. inż. Roman Marecik, dr inż. Radosław Dembczyński; Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław - dr hab. Joanna Wietrzyk, dr hab. Elżbieta Pajtasz-Piasecka, dr Magdalena Milczarek, dr Justyna Wojaś-Turek; opracowanie doustnej szczepionki pochodzenia roślinnego przeciwko HBV; publikacja JCR 2018, publikacja w przygotowaniu.
- Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, dr hab. Małgorzata Kęsik-Brodacka; Instytut Parazytologii PAN, Warszawa, dr Agnieszka Wesołowska; Badania nad wpływem płci na odpowiedź immunologiczną po szczepieniu preparatami poch. Roślinnego; złożone wnioski grantowe do NCN OPUS 17-18.

Jędrzycka M., Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin; Poznań; dr hab. Janetta Niemann; Identyfikacja źródeł odporności genetycznej na kiłę kapusty i suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju Brassica; dwa wspólne projekty badawcze MRiRW „Postęp biologiczny”, wspólne plakaty na konferencjach krajowych i międzynarodowych.

Stępień Ł., Urbaniak M., Lalak-Kańczugowska J.,

- Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, dr hab. A. Waśkiewicz, dr hab. K. Gromadzka; analiza ilościowa i jakościowa mykotoksyn fuzaryjnych; wspólne projekty, publikacje.
- Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Chemii, dr hab. Tomasz Janeczko, prof. nadzw.; identyfikacja grzybów entomopatogenicznych o zdolnościach do enzymatycznego przekształcania związków bioaktywnych; wspólne publikacje i patenty.
- Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Biologii, Katedra Mykologii, dr Anna Biedunkiewicz; identyfikacja gatunkowa drożdży; wymiana osobowa, publikacja w przygotowaniu.
- Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie, Kasprzycka A., wspólne publikacje (Current Opinion in Chemical Engineering 2019 oraz Environmental Technology 2019).

Książkiewicz M., Wolko B., Plewiński P., Rychel-Bielska S., Bielski W., Naganowska B., Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Zakład Biologii Molekularnej, C. Mądrzak i D. Narożna. Współpraca w ramach projektu finansowanego ze środków NCN i SEGENMAS NCBiR.

Ogrodowicz P., Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, dr Maria Katarzyna Wojciechowicz; wspólna realizacja zadania w ramach projektu SONATA 12.

Krajewski P., Mokrzycka M., realizacja projektu BIOSTRATEG HYBRE z SGGW, ZUT w Szczecinie, UP w Lublinie, Politechniką Rzeszowską, PHR, Hodowla Roślin Strzelce, AGRONAS Sp. z o.o., CENTNAS Sp. z o.o.

Ćwiek-Kupczyńska H., Politechnika Poznańska, współpraca z dr hab. Agnieszką Ławryniewicz w projekcie Preludium.

Naganowska B., Książkiewicz M., Czyż K.B., Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej, M. Figlerowicz i J. Podkowiński. Publikacja JCR (Genes) 2018.

Książkiewicz M., Plewiński P., Rychel-Bielska S., Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, R. Galek i B. Kozak. Współpraca w ramach projektu finansowanego ze środków NCBiR.

Malinowski R., Uniwersytet Naukowo Technologiczny w Bydgoszczy, wykonanie oznaczeń zmian ploidalności roślin po infekcji *P. brassicae*. Publikacja: Olszak, M., Truman, W., Stefanowicz, K., Sliwinska, E., Ito, M., Walerowski, P., Rolfe, S., and Malinowski, R. (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in Arabidopsis. The Plant Journal 97, 715-729. R. Malinowski/ E. Śliwińska, (DOI: 10.1111/tpj.14156, IF 5,726, MNiSW 140), [NCN; SONATA BIS2 „Kompleksowa analiza mechanizmów prowadzących do zaburzenia równowagi między proliferacją a różnicowaniem komórek w trakcie infekcji przez *Plasmodiophora brassicae*”, nr 2012/07/E/NZ3/00510, 16 września 2013 - 15 kwietnia 2018; Kierownik projektu: Robert Malinowski (IGR PAN)].

Książkiewicz M., Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Nawracała J., Tomkowiak A., Kurasiak-Popowska D., Weigt D, Niemann J., współpraca w ramach projektu finansowanego ze środków Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, zadanie numer 105.

Współpraca pracowników IGR PAN z podmiotami gospodarczymi

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział w Szelejewie, projekt naukowo-badawczy MRiRW (‘Postęp biologiczny...’); 2014-2020; **A. Kosmala**, Z. Zwierzykowski, I. Pawłowicz, D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Masajada, W. Zwierzykowski, E. Paszkowski (DANKO), Z. Banaszak (DANKO); współpraca obejmuje: (i) prace związane z uzyskaniem form introgresywnych *Lolium multiflorum/Festuca arundinacea* o podwyższonych parametrach zimotrwałości, mrozoodporności i tolerancji suszy oraz (ii) badania nad identyfikacją markerów fizjologiczno-molekularnych, sprzężonych z tymi cechami.

Hodowla Roślin Grunwald Sp. z o.o. – Grupa IHAR, Z. Zwierzykowski, **A. Kosmala**, J. Majka, M. Sowul (Hodowla), K. Szwarz (Hodowla). Współpraca w ramach umowy dwustronnej od 2018 r. Temat: wyprowadzenie i charakterystyka materiału wyjściowego do hodowli nowych odmian *Festulolium* na bazie mieszańców *F. pratensis* × *L. perenne*.

Konsorcjum HYBRE, PHR Sp. z o.o., HR Strzelce Sp. z o.o., Centnas Sp. z o.o., Agronas Sp. z o.o., współpraca w ramach projektu BIOSTRATEG "Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej", **P. Krajewski**, M. Mokrzycka.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o., – Oddział HR Wiatrowo,

- współpraca w ramach Rządowego Projektu Wieloletniego, Zadanie nr 2.3 „Zastosowanie metod biotechnologicznych dla zwiększenia i przyspieszenia postępu biologicznego w hodowli roślin strączkowych.”, 1 stycznia 2016 – 31 grudnia 2020; **M. Surma**, T. Adamski, H. Ćwiek, Z. Kaczmarek, A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak,
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 41/2019 „Identyfikacja i sposób dziedziczenia genów warunkujących odporność na choroby grzybowe i niską zawartość alkaloidów w doskonaleniu wartości użytkowej łubinów,

ze szczególnym uwzględnieniem łubinu żółtego”, 1 stycznia - 31 grudnia 2019, P. Barzyk / **W. Święcicki, M. Kroc**, K. Czepiel, P. Wilczura,

- umowa na wykonanie usługi: Przeprowadzenie doświadczenia polowego mającego na celu rozmnożenie populacji mapującej łubinu białego (200 obiektów) z zastosowaniem izolatorów w celu utrzymania czystości linii oraz prace porządkowe dotyczące materiału siewnego, w ramach realizacji Programu Wieloletniego, zad. 2.2 (UMOWA nr 2.2/1/2019, zawarta 1.8 2019), P. Barzyk / **M. Kroc, W. Święcicki**, K. Czepiel, P. Wilczura,
- koordynacja programu hodowli roślin strączkowych / **W. Święcicki**.
- umowa na wykonanie usługi: Wysiew, obserwacje i zbiór roślin pochodzących z krzyżowań zbliżających w odniesieniu do mieszańców z kilku kombinacji krzyżówkowych ukierunkowanych na ocenę wybranych cechy użytkowych łubinu białego; w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 42/2019, P. Barzyk / **W. Rybiński, W. Święcicki**,
- **Kroc M.**, Czepiel K., Święcicki W. Wilczura P. Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.; oddz. Wiatrowo. Identyfikacja genów zaangażowanych w syntezę alkaloidów i odporność na choroby grzybowe u łubinów. 2019 - publikacja z listy JCR (Scientific Reports) oraz wspólne projekty: Program Białkowy, zad. 2.2 i MRiRW zad. 41,
- **Rybiński W.**, Święcicki W. Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o. o. Wiatrowo. Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego - Projekt MRiRW Zad. 42.

Poznańska Hodowla Roślin Spółka z o.o.,

- współpraca w ramach umowy nr 5/POIR/2018/USZCZEGÓLOWIENIE/2019 na wykonanie prac B+R w ramach Poddziałania 1.1.1 „Badania przemysłowe i prace rozwojowe realizowane przez przedsiębiorstwa” Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój, konkurs Narodowego Centrum Badań i Rozwoju nr 2/1.1.1/2018 „Szybka ścieżka” duże przedsiębiorstwa i konsorcja przedsiębiorstw „Nowe kierunki i technologie w hodowli zbóż i roślin strączkowych grubonasiennych dla zrównoważonego rolnictwa” nr POIR.01.01.01-00-0449/18-00, 4 kwietnia 2019 – 31 grudnia 2023; **A. Kuczyńska**, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, S. Franaszek, M. Kempa, A. Anioła, R. Holewińska, R. Trzeciak,
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2019: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula acufiformis*, U. Woźna-Pawlak / **H. Wiśniewska**,
- **Święcicki W.** Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o. Polski Bank Genów Pisum. Kurator w ramach Programu Wieloletniego IHAR,
- **Książkiewicz M.**, Plewiński P., Rychel-Bielska S., Tomaszewska M., Wolko B. - Poznańska Hodowla Roślin, P. Barzyk. Wymiana materiału roślinnego, współpraca w ramach projektów finansowanych ze środków MRiRW i NCBiR.

DuPont Poland Sp. z o.o; Warszawa, L. Menzel; **M. Jędryczka**, J. Kaczmarek; System Prognozowania Epidemii Chorób (SPEC) – optymalizacja terminu ochrony chemicznej rzepaku przed suchą zgnilizną kapustnych w Polsce.

Mykoflor, Laboratorium Grzybów Mykoryzowych, Ostrzeszów, Końskowola, W. Szałański, J. Nieswadba; **M. Jędryczka**, F. Bakro; Mykoryza arbuskularna roślin uprawnych.

Hodowla Roślin Smolice sp. z o.o. – Grupa IHAR,

- współpraca w ramach projektu Rządowy Program Wieloletni, zadanie 2.5 „Analiza zmienności, sposobu dziedziczenia wskaźników fizjologicznych u łubinu wąskolistnego i grochu siewnego oraz możliwości ich wykorzystania w ulepszaniu produktywności roślin”, S. Stawiński /B. Górynowicz, **W. Święcicki**,
- współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2019: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*, E. Witkowski / **H. Wiśniewska**,
- **Książkiewicz M.**, Tomaszewska M., Plewiński P., Rychel-Bielska S., Wolko B. - Hodowla Roślin Smolice (Oddział Przebędowo), S. Stawiński. Wymiana materiału roślinnego, współpraca w ramach projektów finansowanych ze środków MRiRW i NCBiR.

Hodowla Roślin DANKO Choryń, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2019: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis* (dr B. Ługowska) oraz zad. nr 14/2019: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych. M. Niwińska / **H. Wiśniewska**.

Hodowla Roślin Strzelce, współpraca w ramach projektu MRiRW nr 14/2019: Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych (dr P. Matysik) oraz nr 2/2019: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae*. P. Matysik / **H. Wiśniewska**.

Małopolska Hodowla Roślin, współpraca w ramach projektu MRiRW – Postęp Biologiczny, zad. nr 2/2019: Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez *Oculimacula yallundae* i *Oculimacula aciformis*. T. Drzazga / **H. Wiśniewska**.

WSPÓŁPRACA Z ZAGRANICĄ IGR PAN

Współpraca bezpośrednia IGR PAN z partnerami zagranicznymi:

Współpraca prowadzona w ramach umów (umowy i porozumienia o bilateralnej międzynarodowej współpracy naukowej zawarte przez IGR PAN)

1. **Institute for Genomic Biology, University of Illinois**, Urbana-Champaign, Stany Zjednoczone, S. Long; Agreement for Co-operation and Transfer of Materials No. 091594; 01.08.2018 - 31.07.2021. Współpraca w ramach realizacji projektu ROGUE, No. DOE DE-SC0018254, w tym staż doktorski **J. Cerazy-**

Waliszewskiej i K. Sobańskiej. Transformacja miskanta i innych roślin energetycznych dla potrzeb zwiększenia produkcji biomasy.

2. **Global Biodiversity Information Facility**, Dostarczanie danych do międzynarodowej bazy GBIF (www.gbif.org) za pośrednictwem Krajowej Sieci Informacji o Bioróżnorodności KSIB www.ksib.pl - P. Tykarski, Uniwersytet Warszawski/**M. Jędryczka**, IGR PAN.
3. **INSA-PAS Bilateral Exchange Programme Erasmus. R. Malinowski.**
4. **Western Australian Agriculture Authority, South Perth, Australia** - Genetic Material Transfer Agreement, od 20.12.2012; **B. Naganowska**, dotyczy otrzymania materiałów roślinnych: populacja mapująca *Lupinus albus*, nadal wykorzystywana do badań zakładu w ramach projektów.
5. **Crops Research Institute Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei, Chiny**, Memorandum of Understanding (10.11.2016 r.–9.11.2020 r.). “Znajdowanie nowych źródeł odporności na patogeny roślin i opracowanie technik ich wykrywania”. **M. Jędryczka.**
6. **Institute of Experimental Botany of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Olomouc**, Republika Czeska, Memorandum of Understanding (01.01.2019 r.–31.12.2021 r.). J. Doležel, E. Hřibová / **B. Naganowska, W. Bielski**; współpraca w ramach realizacji projektu PRELUDIUM 12 „Zróżnicowane losy chromosomów łubinów”, nr 2016/23/N/NZ2/01509, 6 lipca 2017 r. – 5 lipca 2019 r., kierownik W. Bielski, opiekun B. Naganowska; D. Kopecký, J. Doležel/**Z. Zwierzykowski, A. Kosmala, J. Majka**; badania cytogenetyczne związane z identyfikacją chromosomów *Festuca pratensis* przy wykorzystaniu metody BAC-FISH; wizyta D. Kopecký’ego w IGR PAN (2019) – wykład.

Współpraca prowadzona bez formalnych umów

CEA, DSV, IBEB, Lab Ecophysiol Molecul Plantem; CNRS, UMR 7265 Biol Veget & Microbiol Environ; Aix-Marseille Universite, Saint-Paul-lez-Durance, Francja; R. Pascal/ T. Rorat, **A. Kielbowicz-Matuk**; analiza funkcjonalna białek SsBBX24 i StZPR1 u gatunków rodzaju *Solanum* w cyklu okołodobowym podczas wzrostu i rozwoju oraz w odpowiedzi na działanie czynników stresowych; dwie publikacje w czasopismach z listy JCR (2016 i 2017).

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Niemcy; L. Willmitzer, A. Skirycz/**A. Kosmala, D. Perlikowski, A. Augustyniak**; analiza ilościowa i jakościowa glicerolipidów i metabolitów pierwotnych u traw kompleksu *Lolium-Festuca* w warunkach stresu deficytu wody i niskiej temperatury; dwie publikacje w czasopiśmie z listy JCR (2019); wizyta D. Perlikowskiego i A. Augustyniaka (2019).

Eidgenössische Technische Hochschule Zürich (ETH Zürich), Zurych, Szwajcaria; B. Studer/**J. Majka, A. Kosmala**; identyfikacja miejsc niskorepetytywnych w genomie *Lolium multiflorum* i *Festuca pratensis* oraz projektowanie sond cytogenetycznych; staż J. Majki w ramach projektu ETIUDA6 (2019).

Institute of Biophysics, Czech Academy of Sciences, Brno, Republika Czeska; R. Hobza, V. Hudzieczek/**D. Perlikowski, A. Kosmala**; transfer technologii CRISPR

RNA/Cas9 do zastosowania u gatunków traw kompleksu *Lolium-Festuca*; wizyta D. Perlikowskiego (2019).

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Niemcy; G. Hensel/**K. Lechowicz, I. Pawłowicz, A. Kosmala**; transfer technologii CRISPR RNA/Cas9 do zastosowania u gatunków traw kompleksu *Lolium-Festuca*; wizyta K. Lechowicz (2019).

University of Bologna, Department of Biological, Geological and Environmental Sciences, Bologna, Włochy; S. Del Duca/**A. Kielbowicz-Matuk**; analiza akumulacji białka CyP metodą Western blot u *Pyrus communis*; wspólna publikacja (2019).

Institut National de la Recherche Agronomique (INRA): C. Pommier, A.-F. Adam-Blondon; **Wageningen University & Research (WUR):** R. Finkers, E. Papoutsoglou; **Instituto Gulbenkian de Ciência:** D. Faria; **Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK):** A. Junker, U. Scholz, M. Lange, D. Arend, S. Weise; **Oxford e-Research Centre:** P. Rocca-Serra; **Royal Botanic Gardens (Kew):** P. Kersey; **ITQB NOVA:** B. Vasques Costa, C. Miguel, I. Chaves ; **Bioversity International:** E. Arnaud, M.-A. Laporte: / **H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski**; współpraca przy opracowaniu standardu opisu eksperymentów fenotypowania roślin MIAPPE 1.1 i związanych z nim publikacji.

Oxford e-Research Centre: P. Rocca-Serra, A.N. Gonzalez-Beltran, S-A. Sansone; **Wageningen University & Research (WUR):** E.J. Millet, F. van Eeuwijk / **H. Ćwiek-Kupczyńska, P. Krajewski**; współpraca przy realizacji wspólnych publikacji.

Uniwersytet Pavla Jozefa Šafárika w Košicach na Słowacji, Daniel Klein/**M. Mokrzycka** – współpraca dotycząca wspólnych publikacji.

The Food Analysis and Food Technology Laboratory of the Department of Agricultural and Food Sciences (DISTAL) of the Alma Mater Studiorum-Università di Bologna, Italy Maria Teresa Rodriguez-Estrada Vladimiro Cardenia ZFiGZ - **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak** Lipidome profiling of barley leaves exposed to multiple abiotic stresses – wspólny projekt badawczy, publikacja JCR 2019.

The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Australia, Bettina Berger, ZFiGZ - **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak** Doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa.

ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy, Francesco Cellini Angelo Petrozza ZFiGZ - **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak** Wspólny wniosek projektowy w ramach EPPN2020 dotyczący wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego.

The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Wielka Brytania, John Doonan, ZFiGZ - **A. Kuczyńska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz** Zastosowanie najnowszych technik obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia parametrów korzeni – wspólny projekt badawczy, wymiana osobowa.

Aberystwyth University, Aberystwyth, Wielka Brytania, John-Clifton Brown, Terravesta Ltd, Lincoln, Wielka Brytania, Michał Mos, ZB – **J. Cerazy-Waliszewska, T. Pniewski** Zakończono wspólne doświadczenia polowe w ramach przedsięwzięcia „Plonowanie, zmienność genetyczna i interakcja $G \times E$ najnowszych klonów *Miscanthus* ssp. w różnych lokalizacjach Europy” – wymiana osobowa, publikacje (2 w 2017, 1 planowana).

Universität zu Köln, Kolonia, Niemcy, Stanislav Kopriva. ZB – **T. Pniewski** Badania składu mineralnego miskanta i jego wpływu na fermentację alkoholową - złożony projekt ERA-CAPS (pre-proposal), planowana publikacja.

Universita di Pisa, Piza, Włochy, Jeanette Lucejko, ZB – **T. Pniewski** Analiza zmian w składzie i strukturze ściany komórkowej roślin z wykorzystaniem metody Pyr-GC MS - przygotowywana publikacja.

Institute National de la Recherche Agronomique, Thiverval Grignon, Francja; M.H. Balesdent/**M. Jędrzycka**; członek International Advisory Board projektu BIO-TALENT, wymiana osobowa 2018, konsultacje Skype 2019, sprawozdanie końcowe projektu BIO-TALENT.

University of Olomouc, Republika Czeska; J. Doležel/**M. Jędrzycka**; członek International Advisory Board projektu BIO-TALENT, wymiana osobowa 2018, konsultacje Skype 2019, sprawozdanie końcowe projektu BIO-TALENT.

Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Department of Microbial Ecology, Wageningen, the Netherlands; Emilja Silja Hannula/**M. Jędrzycka**; Wspólna publikacja (Fungal Ecology, 2018), wspólna prezentacja (Konferencja „Metagenomy 2019” Lublin).

Institute of Science and the Environment, University of Worcester, Wielka Brytania; Robert J. Herbert/ **M. Jędrzycka**; Wspólna publikacja (International Journal of Biometeorology, 2018)

Lithuanian Research Center for Agriculture and Forestry (LAMMC), Akademia, Litwa; Skaidrė Supronienė, Roma Semaškiene/**M. Jędrzycka**; Wymiana osobowa: wizyta w LAMMC (**W. Irzykowski, P. Serbiak** w 2018), dwie wspólne publikacje w 2019 r.

Scottish Rural University College (SRUC), Edinburgh, Wielka Brytania; Neil Havis/**M. Jędrzycka**; Wymiana osobowa ze SRUC (4 osoby z wizytą w IGR w 2018), kierownik przygotowywanego projektu badawczego.

Freie University of Berlin, Dahlem Centre of Plant Sciences, Department of Biology, Chemistry and Pharmacy, Berlin-Dahlem, Niemcy; Elke Diederichsen/**M. Jędrzycka**; Kierownik złożonego wspólnego projektu badawczego BrassClub.

Technical University, Dresden, Niemcy, Jutta Ludwig-Muller/**M. Jędrzycka**; Wymiana osobowa (2018) oraz kierownik projektu naukowego EuroClub planowanego do złożenia w styczniu 2020.

Technical University of Madrid, Laboratory of Plant Protection, Department of Agricultural Production, Hiszpania, Daniel Palmero/**J. Lalak-Kańczugowska, Ł. Stępień**, wymiana osobowa (2018).

Norwegian Veterinary Institute (NVI) in Oslo, Section for Chemistry and Toxicology, dr Silvio Uhlig/**M. Urbaniak, Ł. Stępień**; wymiana osobowa, publikacja (Toxins 2019).

University of Perugia, Włochy, L. Covarelli, G. Beccari/**Ł. Stępień**, analiza filogenetyczna szczepów *F. verticillioides* z krajów śródziemnomorskich; projekt bilateralny nieformalny; efekt – publikacja w recenzjach.

Arid-land Research Institute, City of Scientific Research and Technology. Alexandria, Egipt, analiza wpływu związków roślinnych na metabolizm grzybów; projekt nieformalny; publikacja (DOI: 10.21608/ejchem.2019.15895.1967). **Ł. Stępień**.

ECM Ingenieria Ambiental SL, Palencia, Hiszpania, Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Norwegia; projekt nieformalny; złożony wspólny projekt ERA-NET. **Ł. Stępień**.

Institute of Biological and Health Sciences, Department of Pharmaceutical Sciences of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazylia; D. Chaves/ **P. Kachlicki**; współpraca w zakresie analizy roślinnych i zwierzęcych metabolitów wtórnych; wspólna publikacja.

University of Georgia, Athens, USA - projekt HARMONIA 7; **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*. 13.05.2016 r. -12.05.2020 r.

University of Zurich, Szwajcaria - projekt HARMONIA 7; **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*. 13.05.2016 r. -12.05.2020 r.

Royal Botanic Gardens, Kew, UK - projekt HARMONIA 7; **K. Susek**, dotyczy analiz ewolucyjnych gatunków należących do rodzaju *Lupinus*. 13.05.2016 r. -12.05.2020 r.

Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Japan, Masaki Ito; praca nad czynnikami DREAM. Publikacja: **M. Olszak, W. Truman, K. Stefanowicz**, E. Sliwinska, M. Ito, **P. Walerowski**, S. Rolfe, **R. Malinowski** (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in *Arabidopsis*. *The Plant Journal* 97, 715-729.

Department of Animal and Plant Sciences, University of Sheffield, UK, Stephen Rolfe; praca nad zmianami transkrypcji genów w trakcie infekcji *P. brassicae*. Publikacja: **M. Olszak, W. Truman, K. Stefanowicz**, E. Sliwinska, M. Ito, **P. Walerowski**, S. Rolfe, **R. Malinowski** (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for *Plasmodiophora brassicae*-driven gall formation in *Arabidopsis*. *The Plant Journal* 97, 715-729.

National Agri-Food Biotechnology Institute, Mohali, Indie, S. Tiwari / **P. Kumar**, Genome editing mediated by CRISPR/Cas9: tools, experimental design and applications, złożone projekty: projekt NAWA i PRELUDIUM 18.

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Production, Gatersleben Niemcy, A. Börner / **W. Rybiński**. Analiza zmienności fenotypowej genetycznej materiałów kolekcyjnych gatunków z rodzajów *Lathyrus*, *Vicia*, *Cicer* i *Lens* oraz pozyskanie nowych obiektów marginalnych roślin strączkowych (publikacja w 2019 roku-DOI: 10.18805/LR-491).

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Perth Australia, K. Singh, L. Kamphuis, M. Nelson / **K. Susek, B. Naganowska**; wspólna publikacja przyjęta do druku “Cytomolecular Insight Into *Lupinus* Genomes” w “Compendium Plant Genomes”, Karam Singh et al. (Eds): “The Lupin Genome” (w druku, Springer Nature), ISBN 978-3-030-21269-8.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Perth Australia, Royal Botanic Gardens, Kew, UK M. Nelson, J. Taylor / **K. Susek, M. Tomaszewska**. Partner projektu EU H2020 “Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems”.

Oxford University, UK, D. Filatov / M. Kroc, M. Tomaszewska, K. Susek. Partner projektu EU H2020 “Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems”.

Università Politecnica delle Marche, Department for Agricultural, Food and Environmental Sciences, Ancona, Włochy, R. Papa / K. Susek, M. Tomaszewska. Złożenie wniosku projektu pt. “Intelligent Collections of Food Legumes Genetic Resources for European Agrofood Systems” EU H2020.

INRA, Francja, Mélisande Blein-Nicolas, Università della Calabria, Włochy, Silvia Mazzuca, CNRS, Francja, Michel Zivy / K. Susek. Złożenie wniosku projektu EU COST action on plant protein production in Europe.

Department of Agriculture and Food Western Australia, Australia, H. Yang/ M. Książkiewicz; wspólna publikacja przyjęta do druku Książkiewicz M., Yang H. “Molecular Marker Resources Supporting the Australian Lupin Breeding Program” w “Compendium Plant Genomes”, Karam Singh et al. (Eds): “The Lupin Genome” (w druku, Springer Nature), ISBN 978-3-030-21269-8.

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Perth Australia, K. Singh, L. Kamphuis, M. Nelson / M. Książkiewicz; wspólna publikacja przyjęta do druku Książkiewicz M., Yang H. “Molecular Marker Resources Supporting the Australian Lupin Breeding Program” w “Compendium Plant Genomes”, Karam Singh et al. (Eds): “The Lupin Genome” (w druku, Springer Nature), ISBN 978-3-030-21269-8.

University of Western Australia, Perth, Australia, M. Nelson i M. Iqbal/ M. Książkiewicz, P. Plewiński; wymiana materiałów roślinnych, wspólne prowadzenie badań, współpraca w ramach projektów finansowanych ze środków NCN i MRiRW.

Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie, Lodi, Włochy, P. Annicchiarico i N. Nazzicari/ M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska; wymiana materiałów roślinnych, wspólne prowadzenie badań, współpraca w ramach projektów finansowanych ze środków NCN: SONATA 9 („Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*”) i SONATINA 3 („Geny zaangażowane w odpowiedź na wernalizację i fotoperiod u łubinu białego (*Lupinus albus* L.)”) oraz MRiRW, złożony projekt SONATA-BIS.

GenXPro GmbH, Niemcy, P. Winter / M. Książkiewicz, B. Wolko, P. Plewiński, S. Rychel-Bielska, W. Bielski; NCBiR: „Sekuencyjowanie nowej generacji i mapowanie asocjacyjne, jako metody generowania markerów molekularnych cech użytkowych łubinu wąskolistnego” SEGENMAS; publikacja w JCR (Genes); NCN, SONATA 9, „Profilowanie transkryptomu łubinu wąskolistnego podczas interakcji roślina-patogen: poznanie molekularnych i genetycznych podstaw odporności na grzyby patogeniczne: *Colletotrichum lupini* i *Diaporthe toxica*”, kierownik M. Książkiewicz.

Wymiana osobowa

Wizyty gości zagranicznych

Dr David Kopecký; Institute of Experimental Botany AS CR, Centre of Structural and Functional Genomics, Olomouc, Republika Czeska, 9-10 października 2019; Cel: omówienie założeń dalszej współpracy w temacie analizy struktury genomu traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca* oraz planów organizacji '9th Eucarpia Festulolium Working Group Workshop' w 2020 r. Dr D. Kopecký wygłosił wykład: "Spatial organization of parental chromatin in hybrid nuclei: consequence for the stability of hybrid genomes" (9.10.2019); Z. Zwierzykowski, A. Kosmala, J. Majka.

Dr Mona Arafa Ibrahim Medicinal and Aromatic Plant Department, Pharmaceutical and Drug Industries Research Division, National Research Centre (NRC), Kair, Egipt; dwa pobyty: 15 marca - 21 kwietnia 2019 oraz 15 października 2019 - 15 lutego 2020; osoba przyjmująca – P. Kachlicki; analizy metabolitów wtórnych roślin Egiptu i Sudanu wykorzystywanych w medycynie ludowej tych krajów.

Chaima Ajmi Universite Libre de Tunis, Tunezja; staż naukowy długoterminowy: 1 kwietnia – 31 lipca 2019; osoba przyjmująca – Ł. Stępień; realizacja projektu w ramach pracy inżynierskiej "Study of the enzymatic secretion of *Fusarium* in the presence of different substrate in order to comprehend the mechanism of resistance of pea".

Dr. N. Radhakrishnan, the University of Madras, Indie. 09.09.2019 – 08.10.2019. Osoba przyjmująca R. Malinowski i W. Truman. Cel: INSA-PAS Bilateral Exchange Programme.

Dr Andrea Pagano, the University of Pavia, Włochy. 11.05.2019 – 11.07.2019. Osoba przyjmująca: J. Paiva. Cel: Erasmus Exchange Programme.

Dr Jana Henzleyova, Univerzita Jozefa Šafarika v Košicach, Słowacja. 14.11.2019 – 28.11.2019. Osoba przyjmująca: F. Gregory.

Wyjazdy krótkoterminowe

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak – wyjazd krótkoterminowy 3.03 - 5.04.2019. The Plant Accelerator – School of Agriculture, Food and Wine at the University of Adelaide, Australia. Bettina Berger. Cel: Doświadczenia wykorzystujące platformę fenotypowania poprzez analizę obrazu, mające na celu poznanie różnic fenotypowych w całym okresie wegetacji wybranych genotypów jęczmienia jarego.

A. Kuczyńska, K. Mikołajczak – wyjazd krótkoterminowy 24.08 – 18.10.2019. ALSIA-Metapontum Agrobios Research Center, Metaponto (MT), Włochy. Francesco Cellini, Angelo Petrozza. Cel: Badania w ramach wniosku projektowego EPPN2020 dotyczącego wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia jarego.

P. Ogrodowicz – wyjazd krótkoterminowy 25.03 - 30.04.2019 oraz 24.06 - 15.08.2019. The National Plant Phenomics Center (NPPC), Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences at Aberystwyth University, Wielka Brytania, John Doonan. Cel: Doświadczenie w ramach projektu MRiRW dotyczącego obrazowania korzeni jęczmienia jarego w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin.

- M. Jędrzycka** – krótki wyjazd-rekonesans dla potencjalnych użytkowników synchrotronu XFEL (European XFEL Users' meeting), Hamburg-Desy, Niemcy; 23-25 lutego 2019; poznanie struktury białek alergennych grzybów chorobotwórczych wobec roślin uprawnych
- F. Bakro** – staż długoterminowy (2 miesiące); **Department of Agricultural, Forestry and Food Sciences, University of Turin, Włochy**; 20 lutego - 23 kwietnia 2019; współpraca: V. Cardenia – badania metabolitów w roślinach konopi oleistych.
- F. Bakro** – staż krótkoterminowy - warsztaty; Workshop on data collection and structure solving in macromolecular X-ray diffraction; **Kraków** 12-16.06.2019; staż sponsorowany przez PAN oraz Uniwersytet Jagielloński.
- M. Urbaniak** – staż krótkoterminowy; **Norwegian Veterinary Institute (NVI) in Oslo**, Section for Chemistry and Toxicology, opiekun naukowy: dr Silvio Uhlig, 24 września – 4 października 2019, badania metabolitów grzybów patogenicznych.
- N. Witaszak, Metabolomics Data Processing and Data Analysis, University of Birmingham, Wielka Brytania**, 21.10-17.11.2019.
- N. Witaszak**, Specjalistyczne szkolenie laboratoryjne z zakresu chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrem mas (GC-MS), Bioszkolenia, EkotechLAB, 25-27.07.2019, Gdańsk.
- N. Witaszak**, Chromatographic Methods of Investigating Organic Compounds, 42nd Chromatographic Symposium, 04.06.2019, Finansowanie:, Szczyrk
- N. Witaszak**, Udział w Polskim Spotkaniu Użytkowników Orbitrapów, Wrocław, 21.11.2019.
- W. Truman W – Palacký University and Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic** c/o Lukas Spichal, 9.05-28.06.2019. Cel: Przeprowadzenie selekcji roślin opornych na *P. brassicae*.
- S. Blicharz – Centre of Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research Crop Research Institute, Palacký University Olomouc, Czech Republic** c/o Lukas Spichal 19-21.03.2019. Cel: Przeprowadzenie badań fenomicznych .
- S. Blicharz – Palacký University and Institute of Experimental Botany Olomouc, Czech Republic** c/o Dr Nuria de Diego Sanchez 27.05-10.06.2019. Cel: Przeprowadzenie badań fenomicznych .
- S. Blicharz – Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Germany**, c/o Dr Ludmilla Borisjuk, 8-19.04.2019. Cel: Przeprowadzenie badań rozkładu węglowodanów w tkankach przewodzących grochu z wykorzystaniem metody FTIR.
- K. Stefanowicz – Sainsbury Laboratory, University of Cambridge, UK**, c/o Prof. Yka Hellariutta, 17.02 – 1.03.2019. Cel: Nauka szczepienia roślin rzodkiewnika.
- C. Gomes – LRSV, Toulouse, Francja** Dr. Jacqueline Grima-Pettenati. STSM COST Action 15223. Willows hairy roots transformation. Luty 2019.

J. Paiva – 3rd TRAINING SCHOOL – COST IPLANTA CA15223 - Microscopy and studying cellular uptake of dsRNA for improved RNAi efficiency. **Gent (Belgium)**, 06/09/2019 -06/09/2019.

J. Paiva – 4th TRAINING SCHOOL – COST IPLANTA CA15223 - Application of RNA molecules by high pressure spraying. Neustadt a.d. Weinstrasse - **Agroscience (Germany)**, 16/10/2019 -17/10/2019.

P. Kumar – krótkoterminowy pobyt w **NABI, Mohali, Indie**, S. Tiwari, A. Pandey; 4-7.11.2019 “Genome editing mediated by CRISPR/Cas9: tools, experimental design and applications” Poznanie technologii CRISPR/Cas9, projektowanie gRNA, ocena konstruktów przez transsekcję i transformację w komórkach zwierzęcych i roślinnych.

M. Gawłowska – krótkoterminowy, 28.07.2019 do 3.08.2019, **P. Kumar** 11.08.2019 do 15.08.2019, krótkoterminowy, Uniwersytet Warmińsko Mazurski, Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, L. Lahuta, W. Pluskota, badania metabolomiczne, różne ich wykorzystanie, również w badaniach genetycznych, fizjologiczna rola cyklotoli, ich rozpoznawanie, badania akumulacji, biosyntezy, znaczenie fizjologiczne.

M. Gawłowska – krótkoterminowy, 07.09.2019 do 14.09.2019, Uniwersytet Śląski, Wydział Biologii, A. Janiak, mapowanie i izolacja genów w oparciu o mapy genetyczne.

Wyjazdy długoterminowe

J. Ceraży-Waliszewska – staż podoktorski, 15.05.2018 - 31.05.2019, **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA**, Stephen Long. Cel: staż podoktorski, realizacja projektu ROGUE.

K. Sobańska – staż podoktorski, 23.04.2018 - 5.05.2020, **Institute for Genomic Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, Stany Zjednoczone**, Stephen Long. Cel: staż podoktorski, realizacja projektu ROGUE.

M. Majka – staż długoterminowy w **Center of Plant Structural and Functional Genomics, Institute of Experimental Botany AS CR, Olomouc, Czech Rep.**; M. Valarik; 01 maja 2019 – 31 października 2019, Cel: realizacja projektu Etiuda 6 (2018/28/T/NZ9/00073): „Analiza cytomolekularna i fenotypowa oraz ocena odporności na grzyby patogeniczne form pszenżyta ozimego ($\times$ *Triticosecale* Wittm.) z introgresją chromatyny *Aegilops tauschii* Coss.”

KONFERENCJE NAUKOWE – ORGANIZACJA I UDZIAŁ

Konferencje zorganizowane przez IGR PAN

Pełna nazwa konferencji: **IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”**

Dokładny termin: 5-7 listopada 2019

Miejsce: Poznań

Konferencja krajowa

Liczba uczestników konferencji: 108

Liczba uczestników konferencji z IGR PAN: 46

Liczba jednostek naukowych, których przedstawiciele brali udział w konferencji: 28

Liczba zagranicznych jednostek naukowych: 0

Liczba i procentowy udział uczestników reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 0

Liczba uczestników prezentujących referaty: 21

Liczba uczestników prezentujących referaty reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 0

Łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 21 referatów (w tym referat inauguracyjny, 3 referaty na zaproszenie, 5 referatów plenarnych oraz 12 prezentacji ustnych wybranych z prezentacji ustnych zgłoszonych przez uczestników), jak również 49 prezentacji plakatowych

Łączna liczba wystąpień gości zagranicznych (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 0

Łączna liczba wystąpień pracowników IGR PAN (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 7 referatów i 29 plakatów

Procentowy udział referatów wygłoszonych przez osoby z zagranicznych ośrodków naukowych: 0

Liczba jednostek naukowych, których przedstawiciele brali udział w konferencji:

Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego z IGR PAN (inicjał i nazwisko, funkcja w KO):

B. Wolko – Dyrektor Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

M. Jędryczka – Zastępca Dyrektora ds. naukowych

A. Kuczyńska – przewodnicząca

członkowie KO: **L. Błaszczuk, A. Kielbowicz-Matuk, M. Gawłowska, A. Stachowiak-Szrejbrowska, K. Mikołajczak, P. Ogrodowicz, M. Roth, J. Szypulska, M. Kempa.**

Pełna nazwa konferencji: **“Multivariate and Mixed Linear Models”**

Dokładny termin: 28 kwietnia – 5 maja 2019

Miejsce: Będlewo

Konferencja międzynarodowa

Liczba uczestników konferencji: 42

Liczba uczestników konferencji z IGR PAN: 3

Liczba jednostek naukowych, których przedstawiciele brali udział w konferencji: 21

Liczba zagranicznych jednostek naukowych: 13

Liczba i procentowy udział uczestników reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 16, 38%

Liczba uczestników prezentujących referaty: 25

Liczba uczestników prezentujących referaty reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 14

Łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 25 w. ustne

Łączna liczba wystąpień gości zagranicznych (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 14 w. ustne

Łączna liczba wystąpień pracowników IGR PAN (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 2 w. ustne

Procentowy udział referatów wygłoszonych przez osoby z zagranicznych ośrodków naukowych: 56%

Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego z IGR PAN (inicjał i nazwisko, funkcja w KO): **M. Mokrzycka** – członek komitetu organizacyjnego

Skład Komitetu Naukowego spoza IGR PAN:

A. Markiewicz, J.T. Mexia, S. Puntanen, D. von Rosen, R. Zmyślony, I. Žežula.

Skład Komitetu Organizacyjnego spoza IGR PAN:

K. Filipiak, D. Klein, J. Pielaszkiewicz, A. Szczepańska-Álvarez

Pełna nazwa konferencji: **"15th International Rapeseed Congress Sclerotinia thematic session oraz Sclerotinia Workshop"**

Dokładny termin (cały kongres): 16-19 czerwca 2019

Dokładny termin: Sclerotinia thematic session 18 czerwca 2019

Dokładny termin: Sclerotinia Workshop 19 czerwca 2019

Miejsce: Berlin, Niemcy

Konferencja międzynarodowa

Liczba uczestników Kongresu:około 500 osób

Liczba uczestników każdego z warsztatów: około 50-60 osób

Liczba uczestników z IGR PAN: 1 osoba

Liczba jednostek naukowych na warsztatach: około 40-50

Liczba zagranicznych jednostek naukowych: około 40 w stosunku do Niemiec; 50 w stosunku do Polski

Liczba uczestników prezentujących referaty: 11

Liczba uczestników prezentujących referaty reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 11

Łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 101 (11 referatów + wstęp i podsumowanie oraz 90 posterów)

Łączna liczba wystąpień gości zagranicznych: jw

Łączna liczba wystąpień pracowników IGR PAN (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty):1 (podsumowanie)

Procentowy udział referatów wygłoszonych przez osoby z zagranicznych ośrodków naukowych: 100%

Liczba jednostek naukowych, których przedstawiciele brali udział w warsztatach: ok. 50-60

Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego z IGR PAN (inicjał i nazwisko, funkcja w KO): **M. Jędryczka**, członek Komitetu Naukowo-Organizacyjnego Warsztatów i Sesji tematycznej

Skład Komitetu Naukowego/Organizacyjnego spoza IGR PAN: W. Friedt, University of Giessen, Germany, L. Buchwaldt, Agriculture and Agri-Food Canada, Saskatoon, Canada, P. Sharma, Sclerotinia Lab, Indian Council of Agricultural Research, Directorate of Rapeseed and Mustard Research, Bharatpur, India.

Pełna nazwa konferencji: **“Third International Legume Society Conference (ILS 3)”**
Dokładny termin: 21-24 Maja 2019 r.
Miejsce: Hotel Novotel Poznań Centrum, plac Andersa 1, 61-898 Poznań
Konferencja międzynarodowa
Liczba uczestników konferencji: 210
Liczba uczestników konferencji z IGR PAN: 13
Liczba jednostek naukowych, których przedstawiciele brali udział w konferencji: 109
Liczba zagranicznych jednostek naukowych: 90
Liczba i procentowy udział uczestników reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 158 (75,24%)
Liczba uczestników prezentujących referaty: 56
Liczba uczestników prezentujących referaty reprezentujących zagraniczne ośrodki naukowe: 48
Łączna liczba wszystkich rodzajów wystąpień (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 56 referatów oraz 139 plakatów = 195 wystąpień
Łączna liczba wystąpień gości zagranicznych (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 48 referatów + 109 plakatów = 157 wystąpień
Łączna liczba wystąpień pracowników IGR PAN (z podziałem na wystąpienia ustne i plakaty): 4 wystąpienia + 7 plakatów = 11 doniesień
Procentowy udział referatów wygłoszonych przez osoby z zagranicznych ośrodków naukowych: 85,71%
Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego z IGR PAN (inicjał i nazwisko, funkcja w KO):
Przewodniczący Komitetu Organizacyjnego: **B. Wolko**,
Zastępca Przewodniczącego Komitetu Organizacyjnego: **B. Naganowska**,
Członkowie komitetu organizacyjnego: **J. Paiva, A. Stachowiak-Szrejbrowska, K. Susek, M. Książkiewicz, M. Kroc, M. Gawłowska, S. Rychel-Bielska, W. Bielski**
Członek Komitetu Naukowego: **W. Święcicki**.
Skład Komitetu Naukowego / Organizacyjnego spoza IGR PAN:
Przewodniczący Komitetu Naukowego: K. McPhee,
Członkowie Komitetu Naukowego: A. Charlton, A. Clemente, B. Julier, C. Mądrzak, D. Rubiales, E. Von Wettberg, F. Stoddard, L. Gentzbittel, M. Carlotta Vaz Patto, M. Nelson, P. Annicchiarico, P. Fevriereiro, P. Wan, Ram Nair, R. Thompson, S. Kumar, Tom Warkentin.

Współudział pracowników Zakładu Biologii Stresów Środowiskowych (**D. Perlikowski, A. Augustyniak, K. Masajada, I. Pawłowicz**) w organizacji Warsztatów BIOTALENT: *‘Abiotic and biotic stresses in changing climate conditions’*. 7-8.05.2019.

Uczestnictwo w krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych

EGF-EUCARPIA Joint Symposium, Zurych, Szwajcaria, 24-27 czerwca 2019; J. Majka (doniesienie ustne), K. Lechowicz (doniesienie ustne, 2 plakaty), I. Pawłowicz (doniesienie ustne, 2 plakaty), D. Perlikowski (doniesienie ustne, 2 plakaty), A. Augustyniak (doniesienie ustne, 2 plakaty), A. Kosmala (2 doniesienia ustne, 2 plakaty).

Konferencja ‘Susza – zagrożenie dla roślin rolniczych w Polsce’, IHAR-PIB i Komitet Nauk Agronomicznych PAN, Pałac Staszica, Warszawa, 23 października 2019; A. Kosmala (wykład na zaproszenie).

Phenome 2019, Tucson, USA, 6-9.02.2019, P. Krajewski (referat plenarny zaproszony i plakat).

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, Toruń, 9-12.09.2019,

➤ P. Krajewski (plakat),

➤ A. Kielbowicz-Matuk (plakat).

Emphasis Support Group Meeting, Leuven, Belgia, 18-19.03.2019, P. Krajewski.

EPPN 2020 Annual General Meeting, Wageningen, Holandia, 8-10.05.2019, P. Krajewski, H. Ćwiek-Kupczyńska.

Multivariate and Mixed Linear Models (MLMM 2019), Będlewo, 28.04. - 4.05.2019, M. Mokrzycka (członek komitetu organizacyjnego),

➤ H. Ćwiek-Kupczyńska (doniesienie ustne),

➤ M. Mokrzycka (doniesienie ustne),

➤ A. Sawikowska (doniesienie ustne).

International Symposium on Integrative Bioinformatics 2019, Paryż, Francja, 18-20.09.2019, H. Ćwiek-Kupczyńska (doniesienie ustne).

Nowoczesne metody fenotypowania roślin, Warszawa, 15.11.2019, P. Krajewski (doniesienie ustne), H. Ćwiek-Kupczyńska.

Statystyka matematyczna, Będlewo, 2-6 grudnia 2018 – M. Mokrzycka (doniesienie ustne).

VII Konferencja Chemometria i Metrologia w Analityce, Poznań 6 – 8 marca 2019; A. Sawikowska (doniesienie ustne).

Big Data Analytics & Applications, Będlewo 4 maja 2019; A. Sawikowska (uczestnik).

Multimics to Mechanisms - Challenges in Data Integration, Heidelberg, Niemcy, 11 – 13 września 2019, A. Sawikowska (plakat).

Big Data Analytics & Applications, Będlewo 4 maja 2019; A. Sawikowska (uczestnik).

Multimics to Mechanisms - Challenges in Data Integration, Heidelberg, Niemcy, 11 – 13 września 2019, A. Sawikowska (plakat).

PRACEdays19, Poznań, Polska, 13-17.05.2019, M. Nuc.

XLIX Międzynarodowe Colloquium Biometryczne, Siedlce, Polska, 8-12.10.2019, M. Nuc (doniesienie ustne).

Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów "MycoriseUp! Młodzi w Mykologii" Spała 12 – 13 kwietnia 2019; M. Kawałiło (plakat; OPUS/2016/21/B/NZ9/01875).

XVIIIth Congress of European Mycologists, Warszawa-Białowieża, 16-21 września 2019; G. Koczyk (referat; OPUS/2016/21/B/NZ9/01875).

Genomic Sciences Program Annual Principal Investigator (PI) Meeting. February 24-27.2019 Tysons, VA, USA. Ceraży-Waliszewska J. – (plakat) - wyniki projektu SORMISOL i ROGUE.

9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, September 25-28, 2019, Poznań, Polska. Pniewski T. - współprzewodniczący sesji, doniesienie ustne - m. in. wyniki projektów: a/ IChB PAN dla młodych naukowców, nr 55/SN/2018; b/ MNiL, nr 2 P04B 001

27; c/ MNiSW nr N N302 157837 Cerazy-Waliszewska J. – (doniesienie ustne) - wyniki m. in. projektu SORMISOL .

IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań.

- Kuczyńska A. - przewodnicząca konferencji, (prezentacje posterowe) - wynik projektu MRiRW zad. 106,
- Mikołajczak K. – członek komitetu organizacyjnego, (prezentacje posterowe) - wynik projektu NCN OPUS 12, nr 2016/23/B/NZ9/03548,
- Ogrodowicz P. – członek komitetu organizacyjnego, (prezentacje posterowe) - wynik projektu MRiRW zad. 106,
- Franaszek S. (prezentacje posterowe),
- Kempa M. – członek komitetu organizacyjnego, (prezentacje posterowe) - wynik projektu NCN OPUS 9, nr 2015/17/B/NZ9/01481,
- Cerazy-Waliszewska J. (doniesienie ustne), wyniki m. in. projektu SORMISOL,
- G. Koczyk (referat plenarny; OPUS/2016/21/B/NZ9/01875),
- M. Kawaliło (plakat; 2016/21/B/NZ9/01875),
- K. Czyż (plakat; SONATA/2016/21/D/NZ8/01300).
- M. Nuc (doniesienie ustne),
- M. Mokrzycka (plakat),
- A. Sawikowska (plakat).
- L. Błaszczyk, S. Salamon, A. Basińska -Barczak, K. Mikołajczak, J. Lalak-Kańczugowska, M. Urbaniak, N. Witaszak, A. Piasecka (plakaty),
- D. Kruska (referat),
- M. Jedryczka członek Komitetu Naukowo-Organizacyjnego, (współautorstwo referatu, plakaty),
- N. Ramzi, F. Bakro (plakaty),
- K. Czepie (plakat, Projekt Wieloletni zad. 2.2),
- M. Kroc (plakat, Projekt Wieloletni zad. 2.2),
- M. Gawłowska, (plakat, Projekt Wieloletni zad. 2.1),
- W. Rybiński, (plakat, MRiRW 42),
- W. Święicki (doniesienie ustne, plakat, Projekt Wieloletni zad. 2.1,
- M. Książkiewicz (doniesienie ustne) – SEGENMAS,
- S. Rychel-Bielska, plakat – MRiRW nr 105; plakat – MRiRW nr 39, (współautorstwo doniesienia ustnego) - SONATA 9, nr 2015/17/D/NZ9/02112,
- P. Plewiński (plakat) – MRiRW nr 39,
- J. Majka (plakat),
- K. Lechowicz (doniesienie ustne, plakat),
- I. Pawłowicz (doniesienie ustne, plakat),

- D. Perlikowski (doniesienie ustne, 2 plakaty),
- A. Augustyniak (doniesienie ustne, plakat),
- A. Kosmala (doniesienie ustne, 2 plakaty),
- D. Babula-Skowrońska (2 plakaty),
- N. Żyła (2 plakaty),
- J. Fidler (2 plakaty),
- A. Twardawska (plakat – projekt MRiRW nr MR2,
- Ulaszewski W. (plakat – projekt LIDER VIII),
- A. Pagano, C. Gomes, J. Paiva (wykład).

II Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia niejedno ma imię”, 23-24 listopada 2019, Poznań. Pniewski T. – (wykład) - m. in. wyniki projektów: a/ IChB PAN dla młodych naukowców, nr 55/SN/2018; b/ MNiI, nr 2 P04B 001 27; c/ MNiSW nr N N302 157837. Ceraży-Waliszewska J. – doniesienie ustne, wyniki m. in. projektu SORMISOL.

Nordic-Baltic Fusarium Seminar, Esbjerg, Denmark, 3-4 kwietnia 2019; M. Jędryczka (prezentacja plakatu); udział w spotkaniu konsorcjum DSS Fusarium.

15th International Rapeseed Congress, Berlin, 16-19 czerwca 2019; M. Jędryczka prowadzenie i podsumowanie Sclerotinia Workshop, prowadzenie sesji tematycznej Sclerotinia; (wystąpienie ustne) na Blackleg Workshop; (prezentacja 2 plakatów).

8th Congress on Plant Protection ‘Integrated Plant Protection for Sustainable Crop Production and Forestry’, Zlatibor, Serbia, 24-29 listopada 2019; M. Jędryczka (wystąpienie ustne), przewodniczenie sesji “Harmful organisms in agriculture - characterization and surveillance”.

18th Congress of European Mycologists, Warszawa-Białowieża, 16-21 września 2019; L. Błaszczyk, S. Salamon, A. Basińska-Barczak, M. Urbaniak, M. Jędryczka – (plakaty).

The 15th Annual meeting: Durable agriculture – Agriculture of the future; 7-8 listopada 2019, Craiova, Romania; K. Mikołajczak – (plakat).

MycoRise Up! Młodzi w Mykologii; 12-13 kwietnia 2019, Łódź-Spała; K. Mikołajczak, plakat, M. Kawaliło, M. Urbaniak – (referat).

15th Annual Conference of the Metabolomics Society “Metabolomics 2019” 23-27 czerwca 2019, Hague, Netherlands, N. Witaszak, A. Piasecka; (plakat).

Plant Genomes, Systems Biology & Engineering, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, USA, 4-7 grudnia 2019, A. Piasecka; (plakat).

XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 2019; L. Błaszczyk, S. Salamon, A. Basińska -Barczak, K. Mikołajczak, M. Urbaniak, N. Witaszak – (referaty, plakaty).

IV Forum Inteligentnego Rozwoju, 28-30 listopada 2019, L. Błaszczyk, (wykład na zaproszenie).

VI Konferencja Naukowa "Nowe patogeny i choroby roślin" Skierniewice 16 kwietnia 2019. M. Jędryczka – (referat).

VI Ogólnopolska Konferencja Młodych Naukowców „Nauka dla środowiska przyrodniczego ze szczególnym uwzględnieniem terenów chronionych”, 24-27 kwietnia 2019, Poznań. F. Bakro – (referat).

IV Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 27-28 czerwca 2019. M. Jędryczka – wykład plenarny na zaproszenie; przewodniczenie sesji „Metagenomika w mikrobiologii środowiskowej”; udział w komisji nagród; (prezentacja 2 posterów).

58. Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. Kraków 1-7 lipca 2019. M. Jędryczka – (wykład); udział w spotkaniu Sekcji Aerobiologicznej PTBot.

53 Ogólnopolska Konferencja Mikrobiologiczna „Mikroorganizmy w zrównoważonym rolnictwie, ochronie środowiska i procesach biotechnologicznych”, Poznań, 8-11 września 2019. M. Jędryczka – (wykład na zaproszenie).

Plant Vascular Biology 2019 (CA. Asilomar, USA) 16.06-21.06.2019; S. Blicharz. Projekt BIO-TALENT EU FP7 programme for research, technological development and demonstration under grant agreement no. 621321 and Polish financial sources for education in the years 2015 - 2019 allocated to international co-financed projects.

Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznań, 21-24 May 2019;

- K. Czepiel (doniesienie ustne, Projekt Wieloletni zad. 2.2), (plakat, MRiRW 41),
- Góryniewicz (plakat, Projekt Wieloletni zad. 2.5),
- M. Kroc, (doniesienie ustne, Projekt Wieloletni zad. 2.2), (plakat, MRiRW 41),
- M. Gawłowska (plakat, MRiRW 40),
- W. Rybiński (plakat, MRiRW 1.2),
- W. Świąćicki (doniesienie ustne, Projekt Wieloletni zad. 2.2), (plakat, MRiRW 41),
- K. Susek (członek komitetu organizacyjnego, doniesienie ustne) - OPUS 2/HARMONIA 7,
- W. Bielski K. Susek, B. Naganowska (plakat) - PRELUDIUM 12 (2016/23/N/NZ2/01509),
- M. Książkiewicz (plakat) – SONATA 9,
- P. Plewiński (doniesienie ustne, plakat) – MRiRW nr 39, SONATA 9,
- S. Rychel-Bielska (członek komitetu organizacyjnego; plakat – MRiRW nr 105; współautorstwo doniesienia ustnego – MRiRW nr 39),
- K. Czyż (plakat; SONATA/2016/21/D/NZ8/01300),
- J. Paiva, A. Barradas, P. Fevereiro (2019) (poster).

European Conference on Crop Diversification, 18-21.09.2019, Budapest, Hungary;

- W. Rybiński (plakat, MRiRW 42),
- M. Gawłowska (plakat, MRiRW 40).

Konferencja “August Cieszkowski – filozof, polityk, prekursor edukacji rolniczej”, Dobrzyca, 28-20 listopada 2019; W. Święcicki (doniesienie ustne).

XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa - Nauka Dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 5.02-8.02.2019. W. Rybiński, (plakat, MRiRW 1.2).

Plant and Animal Genome XXVII International Conference, 12-16 stycznia 2019, San Diego, CA, USA; K. Susek (plakat) - OPUS 2/HARMONIA 7.

9th International Conference on Legume Genetics and Genomics, Dijon, Francja 13-17 maja 2019;

- W. Bielski (doniesienie ustne) - PRELUDIUM 12 (2016/23/N/NZ2/01509),
- K. Susek (plakat) - OPUS 2/HARMONIA 7,
- P. Plewiński (2 plakaty) – SONATA 9, MRiRW nr 39,
- M. Książkiewicz (plakat) - SONATA 9.

41st Mycotoxin Workshop, Lizbona, Portugalia, 06-08 maja 2019; Wiśniewska H. (plakat – projekt MRiRW nr MR14).

Plant and Animal Genome XXVII, 11-15 January 2019, Country & Town Hotel, San Diego, USA (wykład na zaproszenie):

- J. Paiva, C. Gomes, D. Kruszka, P. Kachlicki,
- (Poster) C. Gomes, P. Sulima, J. Paiva.

3rd Cost Action 15223: What Future for RNAi-Based Products: RNAi Modified Plants or Spray Products. 27 Feb - 1 Mar 2019, ITQB NOVA, Oeiras Portugal. E.Valiollahi, J.A. Pinto Paiva (2019) (prezentacja ustna).

Symposium on Willow Genetics and Genomics: “Willow genetics, diversity and breeding for biomaterials and bioeconomy” November 5th, 2019, Poznań, Poland

- D. Kruszka, C. Gomes, A. Pagano, P. Kachlicki, J. Paiva (prezentacja ustna),
- C. Gomes, A. Pagano, D. Kruszka, P. Sulima, J. Paiva (wykład).

Wykłady/ referaty wygłoszone za granicą, na zaproszenie instytucji naukowych

Krajewski P. Multi-omic assessment of plant tolerance to water scarcity: a case study in barley. Research Centrum Jülich, Jülich, Niemcy, 8 listopada 2019.

Doniesienia na konferencjach (referat, doniesienie ustne, wykład)

Kosmala A., (2019). Reakcja roślin na deficyt wody na poziomie fizjologicznym i molekularnym; wybrane mechanizmy odporności roślin na suszę. Konferencja ‘Susza – zagrożenie dla roślin rolniczych w Polsce’, IHAR-PIB i Komitet Nauk Agronomicznych PAN, Pałac Staszica, Warszawa, 23 października 2019 (wykład na zaproszenie).

Błaszczak L., Witaszak N., Basińska-Barczak A., Marczak Ł., Sawikowska A., Perlikowski D., Kosmala A. (2019). Reakcja roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez grzyby *Trichoderma*. Konferencja Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane 5-8 luty 2019, Zakopane, Polska. Biuletyn IHAR 285: 129-130.

Majka J., Zwierzykowski Z., Książczyk T., Kielbowicz-Matuk A., Kopecký D., Majka M., Kosmala A. (2019). Cytogenetic map of *Festuca pratensis* and genome reshufflings in *F. pratensis* × *Lolium perenne* hybrids. EGF-EUCARPIA Joint Symposium, 24-27 czerwca 2019, Zurych, Szwajcaria.

Augustyniak A., Pawłowicz I., Perlikowski D., Masajada K., Kosmala A. (2019). Studying physiological parameters contributing to cold acclimation mechanisms in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. EGF-EUCARPIA Joint Symposium, 24-27 czerwca 2019, Zurych, Szwajcaria.

Augustyniak A., Pawłowicz I., Perlikowski D., Masajada K., Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Kosmala A. (2019). Enzymy systemu antyoksydacyjnego jako markery mrozoodporności traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska.

Krajewski P. (2019). Fenotypowanie roślin: krajobraz współpracy europejskiej. Seminarium Naukowe „Nowoczesne metody fenotypowania roślin”, SGGW, Warszawa, 15 listopada 2019.

Ćwiek-Kupczyńska H., Filipiak K., Markiewicz A., Rocca-Serra P., Gonzalez-Beltran A.N., Sansone S.-A., Millet E.J., van Eeuwijk F., Ławrynowicz A., Krajewski P. (2019). Semantic description of linear mixed model analysis. Multivariate and Mixed Linear Models (MLMM 2019), Będlewo, 28 kwietnia – 4 maja 2019. Streszczenie: <https://www.impan.pl/en/activities/banach-center/conferences/19-multivariate/abstracts>.

Ćwiek-Kupczyńska H., Filipiak K., Markiewicz A., Rocca-Serra P., Gonzalez-Beltran A.N., Sansone S.-A., Millet E.J., van Eeuwijk F., Ławrynowicz A., Krajewski P. (2019). Semantic annotation of statistical inference in designed experiments. International Symposium on Integrative Bioinformatics 2019, Paryż, Francja, 18-20.09.2019. Streszczenie online: <https://symposium.inra.fr/ib2019/Program#>.

Mokrzycka M. (2019) Covariance matrix approximation in doubly multivariate models. Multivariate and mixed linear models, Będlewo 28 kwietnia – 5 maja 2019.

Mokrzycka M. (2019) On some properties of separable covariance matrix. Multivariate and mixed linear models, Będlewo 10 – 16 listopada 2019.

Mokrzycka M. (2019) On some covariance structure estimators under doubly multivariate model. Statystyka matematyczna, Będlewo 2-6 grudnia 2018, Książka abstraktów str. 41.

Sawikowska A., Krajewski P., Piasecka A., Kachlicki P. (2019). Analiza dużych zbiorów danych w metabolomice niecelowanej. VII Konferencja Chemometria i Metrologia w Analityce, Poznań 6 – 8 marca 2019, Książka streszczeń, str. 25.

Nuc M. (2019). Application of mash distance for analysis of transcriptomic data, XLIX Międzynarodowe Colloquium Biometryczne, Siedlce 8-12 października 2019.

Nuc M., Krajewski P. (2019). Odległość Mash oraz inne odległości jako narzędzie do analizy danych transkryptomicznych, IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych", Poznań 5-7 listopada 2019.

Koczyk G, Kawaliło M., Dutkiewicz Z., Urbaniak M., Popiel D. (2019) Fungal macrolactone toolkit: a phylogenomic atlas reveals usual suspects and unusual configurations in biosynthesis of ancient aromatic polyketides. XVIIIth Congress of European Mycologists, Warszawa-Białowieża, 16-21 września 2019, Książka abstraktów, str. 17.

Koczyk G. (2019) Bioinformatyka i genomika ewolucyjna w badaniach metabolizmu wtórnego. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany.” Poznań, 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: str. 21 (*referat plenarny*).

Susek K., Abernathy B., Czyż K., Tomaszewska M., Ulaszewski W., Kroc M., Jackson S., Naganowska B. (2019) Lupin evolutionary stories through chromosome and transcriptome analyses. Third International Legume Society Conference ILS3 2019 “Legumes for human and planet health” Poznań 21-24 maja 2019. Książka abstraktów: str. 25 (*wystąpienie ustne* - K. Susek).

Pniewski T. (2019) Produkcja biofarmaceutyków w roślinach i ich zastosowanie. II Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia niejedno ma imię”, 23-24 listopada 2019, Poznań, Polska (*wykład*).

Cerazy-Waliszewska J. (2019) Wykorzystanie naturalnej zmienności oraz modyfikacji genetycznych miskań do produkcji biopaliw. II Ogólnopolska Konferencja „Biotechnologia niejedno ma imię”, 23-24 listopada 2019, Poznań, Polska (*doniesienie ustne*).

Cerazy-Waliszewska J., Jeżowski S., Sobańska K., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Pniewski T. (2019) Ocena tolerancji stresu suszy dwóch typów sadzonek - otrzymanych w kulturach *in vitro* i z rizomów, wybranych genotypów traw z rodzaju *Miscanthus*. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań. <https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/> książka abstraktów, s. 16. (*doniesienie ustne*).

Cerazy-Waliszewska J., Sobańska K., Łysakowski P., Rakoczy M., Podkowiński J., Jeżowski S., Pniewski T. (2019) The use of natural variability and genetic modification of *Miscanthus* to increase biomass for the needs of fuel production. 9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, September 25-28, 2019, Poznań, Polska. S4-O-17. Conf. Program & Książka abstraktów, str. 17. (*doniesienie ustne*).

Bakro F., Wielgus K., Gaj R., Baraniecki P., Jędryczka M. (2019). Oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.) can help to increase the diversity of agricultural crops in Europe. VI Ogólnopolska Konferencja Młodych Naukowców „Nauka dla środowiska przyrodniczego ze szczególnym uwzględnieniem terenów chronionych”, 24-27 kwietnia 2019, Poznań. Streszczenia:20.

Basińska-Barczak A., Błaszczyk L. (2019). Produkcja związków auksyno-podobnych przez grzyby *Trichoderma* i ich wpływ na wzrost pszenicy. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych; Zakopane; 5-8 lutego 2019; Biuletyn IHAR nr 285/2019, Referaty, str. 81.

Błaszczyk L., Witaszak N., Basińska-Barczak A., Marczak Ł., Sawikowska A., Perlikowski D., Kosmała A. (2019). Reakcja roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez grzyby *Trichoderma*. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych; Zakopane; 5-8 lutego 2019; Biuletyn IHAR nr 285/2019, Referaty, str.129.

Jędrzycka M. (2019). Integrated control of clubroot (*Plasmodiopora brassicae* Wor.) of oilseed rape (*Brassica napus* L.). 8th Congress on Plant Protection 'Integrated Plant Protection for Sustainable Crop Production and Forestry', Zlatibor, Serbia, 24-29 listopada 2019 (referat).

Jędrzycka M. (2019). Mikroorganizmy patogenne oraz przyczyniające się do dobrostanu roślin rzepaku. 53 Ogólnopolska Konferencja Mikrobiologiczna „Mikroorganizmy w zrównoważonym rolnictwie, ochronie środowiska i procesach biotechnologicznych”, Poznań, 8-11 września 2019. Streszczenia: 53-54: (wykład na zaproszenie).

Jędrzycka M. (2019). Najnowsze trendy w fitopatologii prezentowane na kongresie w Bostonie (ICPP, 2018). VI Konferencja Naukowa „Nowe patogeny i choroby roślin” Skierniewice 16 kwietnia 2019, Streszczenia: 23.

Jędrzycka M., Frąć M., Hannula S.E., Bełka M., Gaj R. (2019). Z impetem wgląd: mikrobiom gleb rolniczych [Mining the depths: microbiome of agricultural soils]. IV Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 27-28 czerwca 2019. Abstrakty: 11 (wykład plenarny na zaproszenie).

Kaczmarek J., Dawidziuk A., Matysiak R., Menzel L., Karolewski Z., Kasprzyk I., Borycka K., Żuraw B., Jędrzycka M. (2019). Zmiany stężenia zarodników *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa* w Polsce w latach 2004-2019. 58. Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. Kraków 1-7 lipca 2019. Streszczenia: 20: (referat).

Kaczmarek J., Menzel L., Latunde-Dada A.O., Jędrzycka M. (2019). Stem canker is expanding to East Europe. 15th International Rapeseed Congress. Blackleg Disease: Resistance and management. Berlin, Germany. 16 czerwca 2019 Książka abstraktów: P#559 (referat).

Kruszka D., Sawikowska A., Selvakumaran R. K., Krajewski P., Gregory F., Kachlicki P. (2019). Wpływ nanocząsteczek i jonów srebra na profil metabolitów wtórnych *Arabidopsis thaliana*. V Krajowa Konferencja „Naturalne Substancje Roślinne Aspekty Strukturalne i Aplikacyjne”, Puławy 18-20 września 2019; (referat).

Lalak-Kańczugowska J. (2019). Potential effects of environmental factors on fumonisin accumulation and expression of stress-responsive genes in *Fusarium proliferatum*. Instytut Genetyki Roślin PAN, 25 stycznia 2019, Poznań, Polska.

Mikołajczak K., Salamon S., Basińska-Barczak A., Błaszczuk L. (2019). Grzyby endofityczne zasiedlające pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.), XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych; Zakopane; 5-8 lutego 2019; Biuletyn IHAR nr 285/2019, Referaty, str. 93-94.

Urbaniak M., Uhlig S., Stępień Ł. (2019). Spektrofotometryczna charakterystyka naturalnie występujących heksadepsypeptydów produkowanych przez grzyby z rzędu Hypocreales, Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów „MycoRise Up! Młodzi w mykologii”, 12-13 kwietnia 2019, Łódź, Spala, Polska. Abstrakt: s.70-71.

Rybiński W., Starzycki M., Starzycka-Korbas E., Bocianowski J. (2018). Rodzaj *Lathyrus* – ocena i charakterystyka na podstawie wybranych gatunków i obiektów kolekcyjnych. Konferencja Naukowa „Charakterystyka Zasobów Genowych dla Hodowli Roślin”, Karpacz 18 – 21 września 2018, Biuletyn IHAR nr 283/2018, Referaty, str. 63–64.

Kroc M., Czepiel K., Wilczura P., Koczyk G., Święicki W. (2019). Alkaloid biosynthesis in lupins. Third International Legume Society Conference ILS 3 ”Legumes for human and planet health”, 21-24 maja 2019, Poznań. (referat), książka streszczeń str. 56.

Surma M., Święicki W. (2019). Wielka piątka w świecie roślin IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych - Od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopad 2019, Poznań. (referat na zaproszenie), książka streszczeń str. 7.

Święicki W. (2019). Diversification of feed protein sources for the food security – facts and myths. Third International Legume Society Conference ILS 3 ”Legumes for human and planet health”, Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 37.

Susek K., Abernathy B., Bielski W., Czyż K.B., Tomaszewska M., Ulaszewski W., Kroc M., Jackson S.A., Naganowska B. (2019). Lupin evolutionary stories through chromosome and transcriptome analyses. Third International Legume Society Conference “Legumes for human and planet health”, Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 25.

Bielski W., Naganowska B. (2019). Oligo-based approach for comparative mapping of lupin chromosomes. 9th International Conference on Legume Genetics and Genomics, Dijon, Francja 13-17 maja 2019. Książka streszczeń, str. 16.

Plewiński P., Rychel S., Książkiewicz M., Tomaszewska M., Bielski W., Nelson M.N., Naganowska B., Wolko B. (2019). Genes underlying early flowering trait in white lupin (*Lupinus albus* L.) and yellow lupin (*Lupinus luteus* L.). Third International Legume Society Conference (ILS3), Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str.. 35.

Książkiewicz M., Plewiński P., Rychel S., Rudy E., Krajewski P., Wolko B. (2019). Identyfikacja genów kandydujących na cechy udomowienia łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) metodą mapowania ekspresyjnych cech ilościowych. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany”, Poznań, 5-7 listopada 2019. Książka abstraktów s. 22.

Koczyk G., Kawaliło M., Dutkiewicz Z., Urbaniak M., Popiel D. (2019). Fungal macrolactone toolkit: a phylogenomic atlas reveals usual suspects and unusual configurations

in biosynthesis of ancient aromatic polyketides. XVIII Kongres Europejskich Mykologów, 15-21 września 2019, Warszawa/Białowieża, Polska. Abstrakt: s.17; (referat).

Kruszka D., Selvakesavan R.K., Waligórski P., Kachlicki P., Gregory F., (2019). Induction of phytohormones and polyphenols in *Hypericum perforatum* cell culture by metal nanoparticles. Metabolomics Circle 2019, Olsztyn 15-16 listopada 2019; eposter – (5 min komunikat).

Kruszka D., Gomes C., Pagano A., Kachlicki P., Paiva J. (2019). Untargeted metabolomic analysis of purple willow (*Salix purpurea*) tissues. Symposium on Willow Genetics and Genomics: "Willow genetics, diversity and breeding for biomaterials and bioeconomy", Poznań 5 listopada 2019; (referat).

Koparan B., Bełka M., Dogmus T., Gülden A., Kaya A., Beram R.C., **Kaczmarek J., Woodward S.** (2019). Are *Fusarium circinatum* and pathogenic Oomycetes present at sites of intensive import of conifers in Turkey. Final Conference of COST Action FP 1406 PINESTRENGTH, Skopje, Macedonia, 26-28 marca 2019. Książka streszczeń, str 5; (referat).

Tykowski P., Pawłowska J., **Jędrzycka M.** (2019). System informacji o różnorodności biologicznej GBIF jako narzędzie w badaniach roślin uprawnych i ich patogenów. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 18; (referat).

Doniesienia na konferencjach (postery)

Blicharz S., Beemster G., Ragni L., Perlikowski D., De Diego Sanchez N., Marczak Ł., Kosmala A., Malinowski R. (2019). Zmiany w zawartości eksudatów floemowych odzwierciedlają odpowiedź grochu na stres niedoboru wody. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (plakat).

Masajada K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Augustyniak A., Izbiańska-Jankowska K., Arasimowicz-Jelonek M., Kosmala A. (2019). Aktywność systemu antyoksydacyjnego w warunkach suszy u *Festuca arundinacea* i *F. glaucescens*. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (plakat).

Masajada K., Pawłowicz I., Perlikowski D., Augustyniak A., Kosmala A. (2019). Physiological strategies to withstand soil water deficit in *Festuca arundinacea*, *Festuca glaucescens* and *Lolium multiflorum*/*F. arundinacea* introgression forms. EGF-EUCARPIA Joint Symposium, 24-27 czerwca 2019, Zurych, Szwajcaria (plakat).

Augustyniak A., Perlikowski D., Masajada K., Pawłowicz I., Kosmala A. (2019). Accumulation profiles of COR proteins during cold acclimation of *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms. EGF-EUCARPIA Joint Symposium, 24-27 czerwca 2019, Zurych, Szwajcaria (plakat).

Niemann J., **Kaczmarek J., Majka J., Szwarc J., Jędrzycka M.** (2019) Zastosowanie techniki FISH do analizy struktury genomowej mieszańców *Brassica* z podwyższoną odpornością na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.). IV Ogólnopolska

Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*).

Babula-Skowrońska D., Żyła N., Fidler J. (2019). Wykorzystanie technologii CRISPR/Cas9 w kontrolowanej mutagenezie zduplikowanych genów *BnaHB6* u rzepaku (*Brassica napus* L.). IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*).

Fidler J., Cieśla A., Żyła N., Rzepczak A., Babula-Skowrońska D. (2019). Wpływ duplikacji na ekspresję wybranych genów kodujących czynniki transkrypcyjne z rodziny HB w warunkach stresowych i ich oddziaływania z fosfatazą białkową ABI1 u rzepaku (*Brassica napus* L.). IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*).

Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Kielbowicz-Matuk A., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Surma M., Kaufmann K., Krajewski P. (2019) Genome-wide characterization of polymorphism and gene expression of barley near-isogenic lines. 9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology, 9-12 września 2019, Toruń, Polska (*plakat*).

Ćwiek-Kupczyńska H., Mokrzycka M., Sawikowska A., Krajewski P. (2019). Application of MIAPPE for integration of heterogeneous plant experimental data. Phenome 2019. Tucson, USA, 6-9 lutego 2019. (*plakat*).

Rodziewicz P., **Sawikowska A.**, Marczak Ł., Łuczak M., Bednarek P., **Krajewski P.**, Stobiecki M. (2019). Proteomic analysis of barley mapping population subjected to drought identifies proteins with genotype×environment interaction. 9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. 9-12 września 2019. Książka streszczeń, str. 47. (*plakat*).

Piasecka A., Frerigmann H., Sawikowska A., Krajewski P., Hacquard S., Schulze-Lefert P., Bednarek P. (2019). Metabolomic approaches reveal the impact of growth promoting fungal endophytes on Arabidopsis metabolome. 9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. 9-12 września 2019. Książka streszczeń, str. 100. (*plakat*).

Sawikowska A. (2019). Networks in research on omic changes in barley under drought, Multiomics to Mechanisms - Challenges in Data Integration, Heidelberg, Niemcy, 11 – 13 września 2019 (*plakat*).

Sawikowska A., Krajewski P. (2019). Sieci w badaniach metabolitów i białek w jęczmieniu w warunkach suszy, Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Poznań, 5 – 7 listopada 2019 (*plakat*).

Piasecka A., Sawikowska A., Witaszak N., Waśkiewicz A., Kaczmarek J. (2019). Resistance-related diversity in cereals response to pathogen infection, Plant Genomes, Systems Biology & Engineering, Nowy Jork, USA, 4 – 7 grudnia 2019 (*plakat*).

Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kuczyńska A., Kielbowicz-Matuk A., Surma M., Daszkowska-Golec A., Szarejko I., Kaufmann K., Krajewski P. (2019). Genome-wide characterization of polymorphism and gene expression of barley near-isogenic lines.

9th Conference of the Polish Society of Experimental Plant Biology. 9-12 września 2019. Książka streszczeń, str. 146. (plakat).

David R., Hollebecq J.-E., Cabrera-Bosquet L., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Tardieu F., Neveu P. (2019). Identifying, naming and interoperating data in a phenotyping platform network: the Good, the Bad and the Ugly. Konferencja naukowa "RDA France 2019", Paryż, Francja 12-13 września 2019. (plakat). Streszczenie online: https://rdafrance2019.sciencesconf.org/data/pages/A0_Romain_David_PHIS_RDA_France_poster.pdf

David R., Hollebecq J.-E., Cabrera-Bosquet L., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Tardieu F., Neveu P. (2019). Identifying, naming and interoperating data in a phenotyping platform network: the Good, the Bad and the Ugly. Konferencja naukowa "Open Science FAIR (OSFair2019)", Porto, Portugalia 16-18 września 2019. (plakat) Streszczenie online: <https://www.opensciencefair.eu/posters-2019/identifying-naming-and-interoperating-data-in-a-phenotyping-platform-network-the-good-the-bad-and-the-ugly>

David R., Hollebecq J.-E., Cabrera-Bosquet L., **Ćwiek-Kupczyńska H.**, Tardieu F., Neveu P. (2019). Identifying, naming and interoperating data in a phenotyping platform network: the Good, the Bad and the Ugly. Konferencja naukowa "RDA 14th Plenary", Helsinki, Finlandia 23-25 października 2019. (plakat) Streszczenie online: <https://www.rd-alliance.org/14th-plenary-poster-session>

Adamski T., Barzyk P., Ćwiek-Kupczyńska H., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogrodowicz P., Surma M., Święcicki W.K., Trzeciak R. (2019). Biotechnological approach to creation of new pea cultivars with target features. Konferencja naukowa "European Conference on Crop Diversification 2019", Budapeszt, Węgry, 18-21 września 2019. Streszczenie online: <https://www.cropdiversification2019.net/programme/poster-presentations.html>

Kroc M., Czapiel K., Wilczura P., Mokrzycka M., Święcicki W. (2019). Opracowanie markera molekularnego użytecznego w selekcji hodowlanej linii niskoalkaloidowych łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, Poznań 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: 32. (plakat).

Mokrzycka M., Krajewski P., Bakera B., Rakoczy-Trojanowska M., Szeliga M., Tyrka M., Stojałowski S., Matysik P., Rokicki M. (2019). Struktura genetyczna populacji pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) na podstawie kolekcji HYBRE. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, Poznań 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: 62. (plakat).

Malepszy S., Rakoczy-Trojanowska M., Szabała B., Łyżnik L., Śmiech M., Makowska B., Bakera B., Łotocka B., Zajączkowska U., Dołkin A., Stojałowski S., **Krajewski P., Mokrzycka M., Rokicki M., Matysik P., Denisow B., Tyrka M.** (2019). Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej założenia projektu i wstępne wyniki. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka Dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, Zakopane 5-8 lutego 2019, Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin nr 285: 21. (doniesienie ustne).

Bakera B., Rakoczy-Trojanowska M., **Krajewski P., Mokrzycka M.**, Szeliga M., Tyrka M. (2019). Analiza struktury genetycznej populacji składającej się z 510 form pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem markerów SSR i SNP. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka Dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, Zakopane 5-8 lutego 2019, Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin nr 285: 139. (plakat).

Kawalilo M., Dutkiewicz Z., Urbaniak M., Koczyk G. (2019). Poszukiwanie potencjalnych producentów laktonów benzenodiolowych wśród grzybów wyższych / Screening for potential benzenediol lactones producers among higher fungi. Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów "MycoRiseUp! Młodzi w Mykologii" Spała 12 – 13 kwietnia 2019, Książka abstraktów, str. 98-100 (plakat+prezentacja ustna).

Urbaniak M., Koczyk G., Waśkiewicz A., Dutkiewicz Z., Stępień Ł. (2019) Effects of abiotic stresses on ketoisovalerate reductase (KIVR) gene expression and cyclodepsipeptides production by fungi from *Hypocreales* order. XVIIIth Congress of European Mycologists, Warszawa-Białowieża, 16-21 września 2019, Książka streszczeń, str. 17 (plakat).

Kawalilo M., Dutkiewicz Z., Urbaniak M., Lalak-Kańczugowska J., Koczyk G. (2019) Diversity of plant partners and pathogens - screening for potential benzenediol lactone producers among higher fungi. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany". Poznań, 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: str. 50 (plakat).

Urbaniak M., Koczyk G., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2019) Biosynteza oraz zmienność sekwencji genu kodującego syntazę nierybosomalnych peptydów u wybranych gatunków grzybów z rzędu *Hypocreales*. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany." Poznań, 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: str. 59 (plakat).

Czyż K., Koczyk G. (2019) *Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides* i *Senna obtusifolia* – wygodne modele w analizach ewolucyjnych roślin strączkowych. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych. Od rośliny modelowej do nowej odmiany." Poznań, 5-7 listopada 2019, Książka abstraktów: str. 61 (plakat).

Czyż K., Koczyk G., Kroc M., Czepiel K. (2019) Probing transcriptomes of divergent legumes via merging multiple, independent assemblies: *Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides* and *Senna obtusifolia*. Third International Legume Society Conference ILS3 2019 “Legumes for human and planet health” Poznań 21-24 maja 2019. Książka abstraktów: str. 100 (plakat).

Cerazy-Waliszewska J., Głowacka K., Kromdijk J., Pniewski T., Sobańska K., Long S. (2019) Biolistic transformation of *Miscanthus* species. Preliminary studies. Genomic Sciences Program Annual Principal Investigator (PI) Meeting. 24-27 lutego 2019, Tysons, VA, USA., https://www.ornl.gov/gsp2019/2019_GSP_Abstract_Book.pdf. (plakat).

Franaszek S., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Kempa M. (2019) Analiza składu białek zapasowych oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenięczmienia (*Tritordeum*), IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska.

https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/KSIĄŻKA_ABSTRAKTÓW, str. 69. p.5.1. (plakat)

Kempa M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogródowicz P. (2019) Profilowanie ekspresji genu *ns-LTP2* w warunkach stresów abiotycznych u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.), IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska. https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/KSIĄŻKA_ABSTRAKTÓW, str. 42. p.2.5. (plakat).

Kuczyńska A., Adamski T., Surma M., Krajewski P., Mikołajczak K., Ogródowicz P., Kempa M., Mokrzycka M., Trzeciak R. (2019) Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.), IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska. https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/KSIĄŻKA_ABSTRAKTÓW, str. 43. p.2.6. (plakat).

Mikołajczak K., Kuczyńska A., Ogródowicz P., Kempa M., Krajewski P., Cardenia V., Rodriguez-Estrada M.T., Pérez-Llorca M., Munné-Bosch S. (2019) Wielopoziomowa charakterystyka genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału brassinosteroidów w warunkach optymalnych i niedoboru wody, IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska. https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/KSIĄŻKA_ABSTRAKTÓW, str. 45. p.2.8. (plakat).

Ogródowicz P., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Kempa M., Doonan J., Corke F., Williams K., Krajewski P. (2019) Wysokoprzepustowe fenotypowanie korzeni jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) w warunkach niedoboru wody, IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska. https://konferencja.gg.igr.poznan.pl/static/images/KSIĄŻKA_ABSTRAKTÓW, str. 46. p.2.9. (plakat).

Pniewski T., Czyż M., Pyrski M. (2019) Towards plant-derived vaccines for prophylaxis and therapy of hepatitis B. 9th International Conference on Biotechnology and Bioengineering, 25-28 września 2019, Poznań, Polska. S4-O-15. Conf. Program & Książka streszczeń, str. 16. (doniesienie ustne).

Bakro F., Cardenia V., Wielgusz K., Gaj R., Jędryczka M. (2019). „Związki bioaktywne w liściach konopi oleistych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych w różnych poziomach nawożenia [Bioactive compounds in leaves of oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.) grown under different fertilization schemes]. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych”, Poznań 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 38; (plakat).

Bakro F., Kaczmarek J., Jędryczka M. (2019). Bakterie i grzyby w lekkiej i kwaśnej glebie: studium przypadku w województwie wielkopolskim [Bacteria and fungi in light and acidic soil: a case study from Great Poland region]. IV Ogólnopolskie Sympozjum

Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 27-28 czerwca 2019. Abstrakty: 84; (plakat).

Basińska-Barczak A., Dziurka M., Janeczko A., **Błaszczyk L.** (2019). Grzyby *Trichoderma* i ich wpływ na pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.). IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany”; 5-7 listopada 2019, Poznań; str. 41; (plakat).

Basińska-Barczak A., Homa J., **Błaszczyk L.**, Dziurka M., Janeczko A. (2019). Molecular, physiological and anatomical changes in common wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings during interaction with *Trichoderma* fungi. In: Mleczyński P. (ed.), Abstract Book, XVIII Congress of European Mycologists, 16-21 września 2019, Warszawa-Białowieża. Polskie Towarzystwo Mykologiczne, Warszawa, p. 130; (plakat).

Bełka M., **Kaczmarek J.**, Behnke-Borowczyk J., Baturo-Cieśniewska A., Łakomy P. (2019). Scots pine stand damaged by extreme winds as a source of shoot and needle pathogens – a case study. Joint Meeting IUFRO WP7.02.02 & WP7 02.03, Figline Valdarno/Firenze, Italy, 6-10 maja 2019. Książka streszczeń, str. 12; (plakat).

Błaszczyk L., Homa J. (2019). Wybór genów referencyjnych w ilościowym oznaczaniu ekspresji genów metodą real-time PCR w badaniach oddziaływań pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z grzybami *Trichoderma*. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany”; 5-7 listopada 2019, Poznań; str. 39; (plakat).

Błaszczyk L., **Witaszak N.**, **Basińska-Barczak A.**, Marczak Ł., **Sawikowska A.**, **Perlikowski D.**, **Kosmala A.** (2019). Kompleksowe zmiany zachodzące w roślinach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku interakcji z grzybami *Trichoderma*. 58. Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego; 1-7 lipca 2019, Kraków, str. 187; (plakat).

Börjesson T., Karlsson I., Jasko J., Brauna-Morzevska E., Akk E., Suproniene S., Semaskiene R., Ochodzki P., Góral T., **Jędryczka M.** (2019). Development of Decision Support Systems for *Fusarium* and *Fusarium* toxins in the Baltic region – important factors and differences between countries. Nordic-Baltic *Fusarium* Seminar, 2-4 kwietnia 2019, Flakkesbjerg, Denmark. Abstracts: (plakat).

Brachaczek A., **Kaczmarek J.**, **Jędryczka M.** (2019). Azoxystrobin effectively controls *Verticillium longisporum* in vitro. 15th International Rapeseed Congress. Berlin, Germany. 16-19 czerwca 2019. Abstracts: P#324; (plakat).

Cardenia V., **Bakro F.**, Wielgusz K., Sgorbini B., Inchigoldo R., **Jędryczka M.** (2019). Development and validation of the Fast Gas Chromatography (Fast GC/FID) method for the determination of terpenes and CBD in hemp (*Cannabis sativa* L.). 17 Euro Fed Lipid Congress and Expo “Oils, Fats and Lipids – driving science and technology to new horizons”, Sevilla, Spain, 20-23 października 2019. Książka streszczeń, ANAUL-028; (plakat).

Frański S., Czembor E., **Lalak-Kańczugowska J.**, **Stępień Ł.** (2019). Monitoring porażenia odmian kukurydzy pastewnej grzybami z rodzaju *Fusarium* spp. na terenie Polski w latach 2015-2017. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”. 5-8 lutego 2019, Zakopane, 359; (plakat).

Jędrzycka M., Piechota T., Siatkowski I., Wolna-Maruwka A. (2019). Zróżnicowanie i podobieństwa mikrobiomu ryzosfery roślin uprawnych stosowanych w międzyplonach ścierniskowych. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 48; (plakat).

Jureczko M., Przysaś W., **Urbaniak M.**, **Stępień Ł.** (2019). Potencjał *Trichoderma polysporum* do usuwania leków cytostatycznych – test sorpcji. Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów "Mycorise Up! Młodzi w mykologii", 12-13 kwietnia 2019, Łódź, Spała. Abstrakt: s. 93-95; (plakat).

Kaczmarek J., Menzel L., Borycka K., Wójcik M., Żuraw B., Karolewski Z., Kasprzyk I., **Jędrzycka M.** (2019). Zmiany frekwencji askospor grzybów *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa* w Polsce w latach 2004-2019. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 49; (plakat).

Kawalilo M., Dutkiewicz Z., **Urbaniak M.**, **Lalak-Kańczugowska J.**, **Koczyk G.** (2019). Diversity of plant partners and pathogens – screening for potential benzenediol lactone producers among higher fungi. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopada 2019, Poznań. Abstrakt: s. 50; (plakat).

Kawalilo M., Dutkiewicz Z., **Urbaniak M.**, **Koczyk G.** (2019). Poszukiwanie potencjalnych producentów laktonów benzenodiolowych wśród grzybów wyższych. Ogólnopolska konferencja mykologiczna dla studentów i doktorantów "Mycorise Up! Młodzi w mykologii", 12-13 kwietnia 2019, Łódź, Spała. Abstrakt: s. 98-100; (plakat).

Lalak-Kańczugowska J., **Witaszak N.**, Waśkiewicz A., **Stępień Ł.** (2019). Stres biotyczny a zmiany ekspresji genów kodujących białka szoku cieplnego u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*. IV Ogólnopolska Konferencja Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Poznań, 5-7 listopada 2019, 44; (plakat).

Mikołajczak K., **Basińska-Barczak A.**, **Salamon S.**, **Błaszczak L.** (2019). Charakterystyka molekularna grzybów zasiedlających ryzosferę i endosferę roślin pszenicy (*Triticum aestivum* L.), Mycorise Up! Młodzi w Mykologii; 12-13 kwietnia 2019, Spała, Poland; p. 40-42; (plakat).

Mikołajczak K., **Salamon S.**, **Basińska-Barczak A.**, **Błaszczak L.** (2019). Comparison of common wheat (*Triticum aestivum* L.) endosphere mycobiomes composition in conventional and organic cultivation. The 15th Annual meeting: Durable agriculture – Agriculture of the future; 7-8 listopada 2019, Craiova, Romania; p. 67-68; (plakat).

Niemann J., **Kaczmarek J.**, **Majka J.**, Szwarc J., **Jędrzycka M.** (2019). Zastosowanie techniki FISH do analizy struktury genomowej u mieszańców *Brassica* z podwyższoną odpornością na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.). IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 35; (plakat).

Niemann J., **Majka J.**, **Jędryczka M.**, **Kaczmarek J.** (2019). Identification of the chromosome complement and genome recombination in Brassica interspecific hybrids, with known resistance to clubroot. 5th Conference on Plant Genome Evolution, Sitges, Hiszpania, 29 września - 1 października 2019. Książka streszczeń, str. 26. (plakat).

Niemann J., Szwarc J., **Kaczmarek J.**, **Jędryczka M.** (2019). Broadening the genetic basis of *Leptosphaeria* ssp. resistance in *Brassica napus* by interspecific hybridization. 15th International Rapeseed Congress. Berlin, Germany. 16-19 czerwca 2019. Abstracts: P#375; (plakat).

Piasecka A., **Sawikowska A.**, **Witaszak N.**, Waśkiewicz A., **Kaczmarek J.** (2019). Resistance-related diversity in cereals response to pathogen infection. Plant Genomes, Systems Biology & Engineering, Cold Spring Harbor Laboratory, New York, USA, 4-7 grudnia 2019, Abstracts: 79; (plakat).

Ramzi N., **Kaczmarek J.**, Marzec-Schmidt K., Cłapa T., Narożna D., **Jędryczka M.** (2019). Fungi accompanying the protist *Plasmodiophora brassicae* in the soil. 8th Mycological Congress, Warszawa-Białowieża, 16-21 września 2019. Abstrakt: P98; (plakat).

Ramzi N., **Kaczmarek J.**, Marzec-Schmidt K., Cłapa T., Narożna D., **Jędryczka M.** (2019). Mikrobiom glebowy towarzyszący kile kapusty na rzepaku: studium dwóch przypadków z północno-wschodniej Polski [Soil microbiome accompanying clubroot of oilseed rape: two case studies from north-east Poland]. IV Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne „Metagenomy różnych środowisk”, Lublin, 27-28 czerwca 2019. Abstrakty: 96; (plakat).

Ramzi N., Siatkowski I., Wolna-Maruwka A., **Jędryczka M.** (2019). Mikrobiom bakteryjny w ryzosferze rzepaku (*Brassica napus*) z objawami kiły kapusty (*Plasmodiophora brassicae*) [Bacteria in the rizosphere of oilseed rape (*Brassica napus*) with the disease symptoms of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*)]. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019. Streszczenia: 53; (plakat).

Salamon S., **Mikołajczak K.**, **Basińska-Barczak A.**, Sulewska H., Ratajczak K., **Błaszczyk L.** (2019). Grzyby zasiedlające ryzosferę i endosferę korzeni pszenicy orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta* L.) XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych; 5-8 lutego 2019, Zakopane; Biuletyn IHAR nr 285/2019, str. 165-166; (plakat).

Salamon S., **Mikołajczak K.**, **Błaszczyk L.** (2019). Struktura mykobiomu endosfery form jarych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w warunkach kontrolowanych i polowych. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany”; 5-7 listopada 2019, Poznań; str. 55; (plakat).

Salamon S., **Mikołajczak K.**, **Błaszczyk L.** (2019). Fungal endophytes in common wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivated in Poland. In: Mleczko P.(ed.), Abstract Book, XVIII Congress of European Mycologists, 16-21 września 2019, Warszawa-Białowieża, Poland. Polskie Towarzystwo Mykologiczne, Warszawa, p.186; (plakat).

Urbaniak M., **Koczyk G.**, Waśkiewicz A., Dutkiewicz Z., **Stępień Ł.** (2019). Effects of abiotic stresses on ketoisovalerate reductase (KIVR) gene expression and cyclodepsipeptides

production by fungi from Hypocreales order. XVIII Kongres Europejskich Mykologów, 15-21 września 2019, Warszawa/Białowieża. Abstrakt: s.29; (plakat).

Urbaniak M., Koczyk G., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2019). Biosynteza oraz zmienność sekwencji genu kodującego syntazę nierybosomalnych peptydów u wybranych gatunków grzybów z rzędu *Hypocreales*. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopada 2019, Poznań. Abstrakt: s. 59; (plakat).

Urbaniak M., Uhlig S., Stępień Ł. (2019). Spektrofotometryczna charakterystyka naturalnie występujących bowerycyn i boweniatyn produkowanych przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa "Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych". 5-8 lutego 2019, Zakopane. Abstrakt: s. 271; (plakat).

Witaszak N., Marczak Ł., Sawikowska A., Błaszczyk L. (2019). Zmiany metabolomiczne zachodzące u pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku interakcji z grzybami *Trichoderma*. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa: Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych; 5-8 lutego 2019, Zakopane; Biuletyn IHAR nr 285/2019, str. 181; (plakat).

Witaszak N., Kruszką D., Kachlicki P. (2019). Analizy metabolomiczne oraz proteomiczne – użyteczne rozwinięcie badań genetycznych roślin uprawnych. IV Ogólnopolska konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”. 5-7 listopada 2019, Poznań; (plakat).

Witaszak N., Lalak-Kańczugowska J., Waśkiewicz A., Stępień Ł. (2019). Relation between salinity stress and fumonisins production by pathogenic fungus *Fusarium proliferatum*. The 42nd Symposium “Chromatographic Methods of Investigating Organic Compounds”. Szczyrk, 4-7 czerwca 2019, Książka streszczeń, str. 67; (plakat).

Witaszak N., Piasecka A., Kachlicki P. (2019). Metabolomic studies on conservation in response of cereal secondary metabolism to fungal infection. 15th Annual Conference of the Metabolomics Society “Metabolomics 2019” 23-27 czerwca 2019, Hague, Netherlands, pp. 213; (plakat).

Witaszak N., Waśkiewicz A., Bocianowski J., Stępień Ł. (2019). Care for good pets` nutrition – Is the pet food free of mycotoxins? VI Konferencja Naukowa “Metabolomics Circle 2019”. 15-16 listopada 2019, Olsztyn; (plakat).

Starzycki M., Starzycka-Korbas E., Kamiński P., **Rybiński W.** (2019). Plonowanie mieszańców międzygatunkowych z plemienia *Brassiceae* DC. i ich odporność na porażenie powodowane przez najgroźniejsze patogeny w 2018 roku. XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka Dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 5.02-8.02.2019. Biuletyn IHAR 285, str. 331-332. (plakat).

Rybiński W., Bocianowski J., Rusinek R., Pankiewicz K., Starzycka-Korbas E., Nawrot Cz. (2019). Zmienność parametrów plonowania, geometrii nasion i ich odporności na obciążenia mechaniczne u wybranych form kolekcyjnych lędźwianu siewnego (*Lathrus sativus* L.). XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa Nauka Dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 5-8 lutego 2019. Biuletyn IHAR 285, str. 241-242. (plakat).

Czepiel K., Kroc M., Koczyk G., Święcicki W. (2019). Candidate genes involved in resistance to fusarium wilt in yellow lupin (*Lupinus luteus* L.). Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str., p. 191. (plakat).

Czyż K.B., Koczyk G., Kroc M., Czepiel K. (2019). Probing transcriptomes of divergent legumes via merging multiple, independent assemblies: *Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides* and *Senna obtusifolia*. Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 100. (plakat).

Gawłowska M., Górny A., Ratajczak D., Niewiadomska A., Święcicki W., Beczek K. (2019). Phosphorus use efficiency in the recombinant [*accacia*×normal leaf] lines of the field pea (*Pisum sativum* L.) mapping population. Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 78. (plakat).

Górnyowicz B., Święcicki W. (2019). The variability of the chlorophyll fluorescence parameters, the chlorophyll content, the leaf water potential and their relationship with seed yield of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 111. (plakat).

Lahuta L.B., Rybiński W. (2019). Diversity of the composition of cyclitols and their galactosides in seeds of the genus *Lathyrus* (Leguminosae). Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 81. (plakat).

Rybiński W., Bańda M., Bocianowski J., Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Nowosad K. (2019). Variability in resistance to mechanical loads and chemical composition of seeds for selected accessions of chickpea (*Cicer arietinum* L.). Third International Legume Society Conference ILS 3 "Legumes for human and planet health", Poznan, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 89. (plakat).

Kroc M., Czepiel K., Wilczura P., Mokrzycka M., Święcicki W. (2019). Opracowanie markera molekularnego użytecznego w selekcji hodowlanej linii niskoalkaloidowych łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.). IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych - Od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopad 2019, Poznań. Książka streszczeń str. 32. (plakat).

Gawłowska M., Święcicki W., Lahuta L., Pluskota W., Pluskota M. (2019). Analiza ekspresji genów szlaku syntezy oligosacharydów w odmianach grochu (*Pisum sativum* L.) nisko- i wysokooligosacharydowych". IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych - Od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopad 2019, Poznań. Książka streszczeń str. 29. (plakat).

Rybiński W., Święcicki W., Barzyk P., Nawrot Cz., Starzycki M., Starzycka-Korbas E., Wilczura M. (2019). Ocena zmienności zawartości alkaloidów i tłuszczu w nasionach oraz odporność na antraknozę w krajowej kolekcji łubinu białego. IV Ogólnopolska Konferencja

"Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych - Od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopad 2019, Poznań. Książka streszczeń str. 74. (plakat).

Twardawska A., Majka M., Gawłowska M., Korbas M., Danielewicz J., **Belter J., Wiśniewska H.** (2019). Identyfikacja genów odporności na łamliwość źdźbła poprzez wykorzystanie markerów molekularnych. IV Ogólnopolska Konferencja "Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych - Od rośliny modelowej do nowej odmiany", 5-7 listopad 2019, Poznań. Książka streszczeń str. 58. (plakat).

Gawłowska M., Górny A. , Ratajczak D., Niewiadomska A., Święcicki W. , Beczek K. (2019). Nitrogen and phosphorus use efficiency in the recombinant [*accacia*×normal leaf] lines of a mapping population of field pea (*Pisum sativum* L.). European Conference on Crop Diversification, 18-21 września 2019. Budapeszt, Hungary. Książka streszczeń, str. 200. (plakat).

Rybiński W., Święcicki W., Starzycki M., Wilczura P., Starzycka-Korbas E., Barzyk P., **Góryniewicz B.** (2019). White lupin (*Lupinus albus* L.) with increased fat and reduced alkaloids content. European Conference on Crop Diversification, 18-21 września 2019. Budapeszt, Hungary. Książka streszczeń, str. 198-199. (plakat).

Susek K., Abernathy B., Bielski W.K., Czyż K., Tomaszewska M., Ulaszewski W., Kroc M., Jackson S.A., **Naganowska B.** (2019). When complexity becomes fascinating: lupins relationship at chromosome and transcriptome levels. 9th International Conference on Legume Genetics and Genomics "For the people and the plant", 13-17 maja 2019, Dijon, Francja. Książka streszczeń, str. 20. (plakat).

Susek K., Bielski W.K., Czyż K., Tomaszewska M., Abernathy B., **Kroc M.,** Jackson S.A. (2019). Lupins a challenging set of polyploids: comparative chromosome and transcriptome analyses among Old World lupins. Plant and Animal Genome XXVII International Conference, <https://pag.confex.com/pag/xxvii/meetingapp.cgi/Paper/35571>; nr plakatu PO0807. 12-16 stycznia 2019, San Diego, CA, USA. (plakat).

Bielski W., Susek K., Naganowska B. (2019). Comparative characteristics of Old World lupin chromosome variation by combining BACs with novel oligo-based approach. Third International Legume Society Conference (ILS3), Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 97 (plakat).

Plewiński P., Książkiewicz M., Krajewski P., Tomaszewska M., Nelson M., Wolko B. (2019). Phenotyping of Polish yellow lupin (*Lupinus luteus* L.) germplasm collection and differential gene expression profiling of selected accessions provides candidate genes for flowering time control. 9th International Conference on Legume Genetics and Genomics (ICLGG 2019), 13-17 maja 2019, Dijon, Francja. (plakat).

Książkiewicz M., Plewiński P., Wójcik K., Rudy E., Bielski W., Rychel S., Irzykowski W., Kaczmarek J., Jędryczka M. (2019). Exploring the molecular mechanisms underlying the resistance of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius*) to Phomopsis stem blight disease caused by the pathogenic fungus *Diaporthe toxica*. 9th International Conference on Legume Genetics and Genomics (ICLGG 2019), 13-17 maja 2019, Dijon, Francja. Książka streszczeń, str. 190 (plakat).

Plewiński P., Rychel S., Książkiewicz M., Tomaszewska M., Bielski W., Nelson M., Naganowska B., Wolko B. (2019). Geny warunkujące wczesność kwitnienia w łubinie żółtym (*Lupinus luteus* L.). IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*).

Rychel S., Kurasiak-Popowska D., Niemann J., Tomkowiak A., Weigt D., **Książkiewicz M.**, **Wolko B.**, Nawracała J. (2019.) Validation and implementation of soybean molecular markers for early maturity and growth determination genes. Third International Legume Society Conference (ILS3), Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 119 (*plakat*).

Książkiewicz M., Lewartowska E., **Plewiński P.**, **Bielski W.**, **Rychel S.**, Kaczmarek J., **Jędrzycka M.** (2019). Molecular profiling of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) resistance to anthracnose. Third International Legume Society Conference (ILS3), Poznań, 21-24 maja 2019. Książka streszczeń, str. 198 (*plakat*).

Nawracała J., **Rychel S.**, Tomkowiak A., Kurasiak-Popowska D., Weigt D., Niemann J., **Książkiewicz M.**, **Wolko B.** (2019). Badanie zależności terminu kwitnienia od układu alleli genów wczesności (E) u odmian soi o zróżnicowanym pochodzeniu. IV Ogólnopolska Konferencja Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany, Poznań, 5-7 listopada 2019. Książka abstraktów s. 34 (*plakat*).

Plewiński P., **Książkiewicz M.**, **Tomaszewska M.**, **Rychel S.**, Nelson MN., **Krajewski P.**, **Wolko B.** (2019). Geny warunkujące wczesność kwitnienia w łubinie żółtym (*Lupinus luteus* L.). IV Ogólnopolska Konferencja Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych, Od rośliny modelowej do nowej odmiany, Poznań, 5-7 listopada 2019. Książka abstraktów s. 64 (*plakat*).

Wiśniewska H., Góral T., Ochodzki P., Walentyn-Góral D., **Majka M.**, **Belter J.**, **Twardawska A.**, Banaszak Z., Nita Z., Pojmaj M., Kurlito D., Konieczny M., Budzianowski G., Cicha A., Paizert K. (2019). Study of triticales winter breeding lines for resistance to Fusarium head blight, Konferencja naukowa 41st Mycotoxin Workshop, 06-08 maja 2019, Lizbona, Portugalia (*plakat*)

Góral T., **Wiśniewska H.**, Ochodzki P., Walentyn-Góral D., **Majka M.** (2019). Resistance of winter wheat breeding lines to Fusarium head blight and mycotoxin accumulation in grain. Konferencja naukowa 5th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 04-07 listopada 2019, Budapeszt, Węgry (*plakat*)

Twardawska A., **Majka M.**, **Gawłowska M.**, Korbas M., Danielewicz J., **Belter J.**, **Wiśniewska H.**, (2019). Identyfikacja genów odporności na łamliwość żdźbła poprzez wykorzystanie markerów molekularnych, IV Ogólnopolska Konferencja: Genetyka i Genomika w doskonaleniu roślin uprawnych - od rośliny modelowej do nowej odmiany, 05-07 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*)

Ułaszewski W., **Belter J.**, Szymczak J., **Wiśniewska H.**, Kwiatek M. (2019). Transfer chromatyny *Aegilops kotschy* Boiss. zawierającej locus genu *Lr54* odpowiedzialnego za odporność na rdzę brunatną do pszenżyta uprawnego ($\times$ *Triticosecale* Wittmack), IV Ogólnopolska Konferencja: Genetyka i Genomika w doskonaleniu roślin uprawnych - od rośliny modelowej do nowej odmiany, 05-07 listopada 2019, Poznań, Polska (*plakat*).

Kwiatek M.T., Ulaszewski W., Belter J., Wiśniewska H. (2019) Production of translocation lines triticales ($\times$ *Triticosecale* Wittmack) carrying a segment of 2S^k chromosome with combined leaf and stripe rust resistance genes introduced from *Aegilops kotschy* Boiss. 5th Conference on Plant Genome Evolution 29 września - 1 października 2019, Melia Sitges, Sitges, Hiszpania (*plakat*).

**ARTYKUŁY W CZASOPISMACH NAUKOWYCH I RECENZOWANYCH
MATERIAŁACH Z KONFERENCJI MIĘDZYNARODOWYCH
WRAZ Z PRZYPISANĄ LICZBĄ PUNKTÓW**

Lp.	Publikacja	Impact Factor	Punkty MNiSW
1.	You Y., Sawikowska A. , Lee J.E., Benstein R.M., Neumann M., Krajewski P. , Schmid M. (2019). Phloem Companion Cell-Specific Transcriptomic and Epigenomic Analyses Identify MRF1, a Regulator of Flowering, <i>Plant Cell</i> Vol. 31: 325–345, DOI: https://doi.org/10.1105/tpc.17.00714	8,631	200
2.	Kruszka D. , Sawikowska A. , Selvakesavan R.K. , Krajewski P. , Kachlicki P. , Franklin G. (2019). Silver nanoparticles affect phenolic and phytoalexin composition of <i>Arabidopsis thaliana</i> . <i>Science of Total Environment</i> , DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.135361	5,589	200
3.	Czubinski J., Wroblewska K., Czyzniewski M. , Górnaś P., Kachlicki P. , Siger A. (2019). Bioaccessibility of defatted lupin seeds phenolic compounds in a standardized static <i>in vitro</i> digestion system. <i>Food Research International</i> 116:1126-1134, DOI: 10.1016/j.foodres.2018.09.057	3,579	140
4.	Kroc M. , Koczyk G. , Kamel K.A. , Czepiel K. , Fedorowicz-Strońska O. , Krajewski P. , Kosińska J., Podkowiński J., Wilczura P. , Święcicki W. (2019). Transcriptome-derived investigation of biosynthesis of quinolizidine alkaloids in narrow-leaved lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) highlights candidate genes linked to <i>iucundus</i> locus. <i>Scientific Reports</i> 9: 2231 (2019), DOI: 10.1038/s41598-018-37701-5	4,011	140
5.	Majka J. , Bzdęga K., Janiak A., Ćwiek-Kupczyńska H. , Krajewski P. , Książczyk T. , Zwierzykowski Z. (2019). Cytogenetic and molecular genotyping in the allotetraploid <i>Festuca pratensis</i> × <i>Lolium perenne</i> hybrids. <i>BMC Genomics</i> 20:367, DOI: 10.1186/s12864-019-5766-2	3,501	140
6.	Malinowski R. , Truman W. , Blicharz S. (2019). Genius Architect or Clever Thief - How Plasmodiophora brassicae Reprograms Host Development to Establish a Pathogen-Oriented Physiological Sink. <i>Molecular Plant -Microbe Interactions</i> , DOI:10.1094/MPMI-03-19-0069-CR	3,649	140
7.	Olszak M. , Truman W. , Stefanowicz K. , Śliwińska E., Ito M., Walerowski P. , Rolfe S., Malinowski R. (2019). Transcriptional profiling identifies critical steps of cell cycle reprogramming necessary for <i>Plasmodiophora brassicae</i> -driven gall formation in <i>Arabidopsis</i> . <i>Plant Journal</i> 97(4):715-729, DOI: 10.1111/tpj.14156	5,726	140
8.	Rodziewicz P., Chmielewska K., Sawikowska A. , Marczak Ł., Łuczak M., Bednarek P., Mikołajczak K. , Ogrodowicz P. , Kuczyńska A. , Krajewski P. , Stobiecki M. (2019). Identification	5,360	140

	of drought responsive proteins and related pQTLs in barley. Journal of Experimental Botany, 70(10)2823–2837 DOI: 10.1093/jxb/erz075		
9.	Surma M., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Adamski T., Ćwiek-Kupczyńska H., Sawikowska A., Pecio A., Wach, D., Józefaciuk G., Łukowska M., Zych J., Krajewski P. (2019). Barley varieties in semi-controlled and natural conditions—Response to water shortage and changing environment. Journal of Agronomy and Crop Science 205:295–308, DOI: 10.1111/jac.12324	2,960	140
10.	Cerazy-Waliszewska J., Jeżowski S., Łysakowski P., Waliszewska B., Zborowska M., Sobańska K., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Białas W., Pniewski T. (2019). Potential of bioethanol production from biomass of various <i>Miscanthus</i> genotypes cultivated in three-year plantations in west-central Poland. Industrial Crops & Products 141, 111790, DOI: 10.1016/j.indcrop.2019.111790	4,191	140
11.	Perlikowski D., Augustyniak A., Skirycz A., Pawłowicz I., Masajada K., Michaelis A., Kosmala A. (2019). Efficient root metabolism improves drought resistance of <i>Festuca arundinacea</i> (accepted manuscript), Plant and Cell Physiology, DOI: 10.1093/pcp/pcz215	3,929	140
12.	Plewiński P., Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Rudy E., Wolko B. (2019). Candidate Domestication-Related Genes Revealed by Expression Quantitative Trait Loci Mapping of Narrow-Leafed Lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.). International Journal of Molecular Sciences 20: 5670, DOI: 10.3390/ijms20225670	4,183	140
13.	Pyrski M., Mieloch A.A., Plewiński A., Basińska-Barczak A., Gryciuk A., Bociąg P., Murias M., Rybka J.D., Pniewski T. (2019). Parenteral–Oral Immunization with Plant-Derived HBcAg as a Potential Therapeutic Vaccine against Chronic Hepatitis B. Vaccines 7(4): DOI: 10.3390/vaccines7040211	4,760	140
14.	Piasecka A., Kachlicki P., Stobiecki M. (2019). Analytical Methods for Detection of Plant Metabolomes Changes in Response to Biotic and Abiotic Stresses. International Journal of Molecular Sciences 20: 379; DOI: 10.3390/ijms20020379	4,183	140
15.	Czembor E., Waśkiewicz A., Piechota U., Puchta M., Czembor J. H., Stępień Ł. (2019). Differences in ear rot resistance and <i>Fusarium verticillioides</i> -produced fumonisin contamination between Polish currently and historically used maize inbred lines. Frontiers in Microbiology 10: 449, DOI:10.3389/fmicb.2019.00449	4,259	100
16.	Frąc M., Hannula S.E., Bełka M., Jędrzycka M. (2019). Fungal Biodiversity and Their Role in Soil Health. Frontiers in Microbiology 9:707 DOI: 10.3389/fmicb.2018.00707	4,259	100

17.	Góral T., Wiśniewska H. , Ochodzki P., Nielsen L.K., Walentyn-Góral D., Stępień Ł. (2019). Relationship between Fusarium head infection, kernel damage, concentration of <i>Fusarium</i> biomass and <i>Fusarium</i> metabolites in grain of winter wheat breeding lines inoculated with <i>Fusarium culmorum</i> . Toxins 11(1): 2, DOI:10.3390/toxins11010002	3,895	100
18.	Gromadzka K., Błaszczuk L. , Chelkowski J. , Waśkiewicz A.(2019). Occurrence of Mycotoxigenic <i>Fusarium</i> Species and Competitive Fungi on Preharvest Maize Ear Rot in Poland. Toxins, 11(4), 224; DOI:10.3390/toxins11040224	3,895	100
19.	Kasprzycka A., Lalak-Kańczugowska J. , Walkiewicz A., Bulak P., Proc K., Stępień Ł. (2019). Biocatalytic conversion of methane – selected aspects. Current Opinion in Chemical Engineering, 26: 28-32 DOI:10.1016/j.coche.2019.07.006	4,463	100
20.	Kroc M. , Czepiel K. , Wilczura P. , Mokrzycka M. , Święcicki W. (2019). Development and Validation of a Gene-Targeted dCAPS Marker for Marker-Assisted Selection of Low-Alkaloid Content in Seeds of Narrow-Leafed Lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.). Genes 10(6):428 DOI: 10.3390/genes10060428	3,331	100
21.	Maliński M.P., Kikowska M., Kruszka D. , Napierała M., Florek E. Śliwińska E., Thiem B. (2019). Various <i>in vitro</i> systems of Ragged Robin (<i>Lychnis flos-cuculi</i> L.): a new potential source of phytoecdysteroids? Plant Cell Tissue and Organ Culture. DOI: 10.1007/s11240-019-01660-0	2,200	100
22.	Perlikowski D. , Augustyniak A. , Masajada K. , Skirycz A., Soja A.M., Michaelis Ä., Wolter G., Kosmala A. (2019). Structural and metabolic alterations in root systems under limited water conditions in forage grasses of <i>Lolium-Festuca</i> complex. Plant Science 283:211-223, DOI:10.1016/j.plantsci.2019.02.001	3,785	100
23.	Rychel S. , Książkiewicz M. (2019). Development of gene-based molecular markers tagging low alkaloid pauper locus in white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.) Journal of Applied Genetics, DOI: 10.1007/s13353-019-00508-9	1,725	100
24.	Sobańska K. , Cerazy-Waliszewska J. , Kowalska M., Rakoczy M., Podkowiński J., Ślusarkiewicz-Jarzina A. , Ponitka A. , Jeżowski S. , Pniewski T. (2019). Optimised expression cassettes of hpt marker gene for biolistic transformation of <i>Miscanthus sacchariflorus</i> . Biomass and Bioenergy 127: 105255, DOI: 10.1016/j.biombioe.2019.105255	3,537	100
25.	Stępień Ł. , Gromadzka K., Chelkowski J. , Basińska-Barczak A. , Lalak-Kańczugowska J. (2019). Diversity and mycotoxin production by <i>Fusarium temperatum</i> and <i>Fusarium subglutinans</i> as causal agents of pre-harvest <i>Fusarium</i> maize ear rot in Poland. Journal of Applied Genetics 60(1):113-121, DOI: 10.1007/s13353-018-0478-x	1,725	100

26.	Suproniene S., Kadziene G., Irzykowski W. , Sneideris D., Ivanauskas A., Sakalauskas S., Serbiak P. , Svegza P., Auskalniene O., Jedryczka M. (2019) Weed species within cereal crop rotations can serve as alternative hosts for <i>Fusarium graminearum</i> causing <i>Fusarium</i> head blight of wheat. Fungal Ecology 37: 30-37, DOI:10.1016/j.funeco.2018.10.002 1754-5048	3,990	100
27.	Suproniene S., Kadziene G., Irzykowski W. , Sneideris D., Ivanauskas A., Sakalauskas S., Serbiak P. , Svegza P., Kelpsiene J., Pranaitiene S., Jędrzycka M. (2019). Asymptomatic weeds are frequently colonized by pathogenic species of <i>Fusarium</i> in cereal-based crop rotations. Weed Research 59(4): 312-323 , DOI: 10.1111/wre.12367	1,857	100
28.	Susek K., Bielski W., Czyż K.B., Hasterok R., Jackson S.A., Wolko B., Naganowska B. (2019). Impact of Chromosomal Rearrangements on the Interpretation of Lupin Karyotype Evolution. Genes 10(4): 259. DOI: 10.3390/genes10040259	3,331	100
29.	Urbaniak, M., Stępień, Ł., Uhlig, S. (2019). Evidence for naturally produced beauvericins containing N-Methyl-Tyrosine in Hypocreales Fungi. Toxins 11(3),no.182, DOI: 10.3390/toxins11030182	3,895	100
30.	Gomes C., Dupas A., Pagano A., Grima-Pettenati J., Paiva J.A.P. (2019). Hairy root transformation: a useful tool to explore gene function and expression in <i>Salix</i> spp. recalcitrant to transformation, Frontiers in Plant Science, DOI: doi.org/10.3389/fpls.2019.01427	4,106	100
31.	Ulaszewski W., Belter J., Wiśniewska H., Szymczak J., Skowrońska R., Phillips D., Kwiatek M.T. (2019). Recovery of 2R.2Sk <i>Triticale-Aegilops</i> kotschy Robertsonian Chromosome Translocations, settings, Open Access, Agronomy (2019), 9(10), 646; DOI: https://doi.org/10.3390/agronomy9100646	1,805	100
32.	Książkiewicz M., Wójcik K., Irzykowski W., Bielski W., Rychel S., Kaczmarek J., Plewiński P., Rudy E., Jędrzycka M. (2019). Validation of <i>Diaporthe toxica</i> resistance markers in European <i>Lupinus angustifolius</i> germplasm and identification of novel resistance donors for marker-assisted selection, Open Access, Journal of Applied Genetics 2019, 60, pp 1-12, DOI: https://doi.org/10.1007/s13353-019-00521-y	1,725	100
33.	Wyka T.P., Bagniewska-Zadworna A., Kuczyńska A., Mikołajczak K., Ogrodowicz P., Żytkowiak M., Surma M., Adamski T. (2019). Drought-induced anatomical modifications of barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) leaves: An allometric perspective. Environmental and Experimental Botany. 103798: DOI: 10.1016/j.envexpbot.2019.103798	3,712	100

34.	Popiel D., Dawidziuk A., Koczyk G. (2019). Efflux pumps as an additional source of resistance to trichothecenes in <i>Fusarium proliferatum</i> and <i>Fusarium oxysporum</i> isolates. Journal of Applied Genetics. DOI: 10.1007/s13353-019-00501-2	1,725	100
35.	Siram K., Selvaraj D., Chellan V. R., Gregory M., Habibur R., Gregory F. (2019). Prediction and elucidation of factors affecting solubilisation of imatinib mesylate in lipids, Colloids And Surfaces B-Biointerfaces, Volume 174, Page 443-450, DOI: 10.1016/j.colsurfb.2018.11.033	3,973	100
36.	Janiak A., Kwaśniewski M., Sowa M., Kuczyńska A., Mikolajczak K., Ogradowicz P., Szarejko I. (2019). Insights into Barley Root Transcriptome under Mild Drought Stress with an Emphasis on Gene Expression Regulatory Mechanisms. International Journal of Molecular Sciences. 20, 6139. https://doi.org/10.3390/ijms20246139	4,183	100
37.	Kromdijk J., Głowacka K., Long S.P. (2019). Predicting light-induced stomatal movements based on the redox state of plastoquinone: theory and validation. Photosynthesis Research 141: 83-97, DOI: 10.1007/s11120-019-00632-x	3,057	100
38.	Perincherry L., Lalak-Kańczugowska J., Stępień Ł. (2019). <i>Fusarium</i> -Produced Mycotoxins in Plant-Pathogen Interactions. Toxins 11: 664, DOI: 10.3390/toxins11110664	3,895	100
39.	Jakubowicz M., Nowak W., Gałgański Ł., Babula-Skowrońska D. (2019). Expression profiling of <i>CTR1-like</i> and <i>EIN2-like</i> genes in buds and leaves of <i>Populus tremula</i> , and <i>in vitro</i> study of the interaction between their polypeptides. Plant Physiology and Biochemistry 139: 660-671. DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.04.029.	3,404	70
40.	Kuczyńska A., Cardenia V., Ogradowicz P., Kempa M., Rodrigues-Estrada M.T., Mikolajczak K. (2019). Effects of multiple abiotic stresses on lipids and sterols profile in barley leaves (<i>Hordeum vulgare</i> L.). Plant Physiology and Biochemistry, 141: 215-224, DOI: 10.1016/j.plaphy.2019.05.033	3,404	70
41.	Kuglarz K., Bury M., Kasprzycka A., Lalak-Kańczugowska J. (2019). Effect of nitrogen fertilization on the production of biogas from sweet sorghum and maize biomass. Environmental Technology, DOI:10.1080/09593330.2019.1584251	1,918	7070
42.	Pawłowicz I., Masajada K. (2019). Aquaporins as a link between water relations and photosynthetic pathway in abiotic stress tolerance in plants. Gene 687:166-172, DOI:10.1016/j.gene.2018.11.031	2,498	70
43.	Perlikowski P., Wiśniewska H., Góral T., Ochodzki P., Majka M., Pawłowicz I., Belter J., Kosmala A. (2019). Identification of Proteomic Components Associated with Resistance to <i>Fusarium</i> Head Blight in Rye. Plant Pathology Journal 35(4):313-320, DOI: 10.5423/PPJ.OA.11.2018.0278	1,294	70

44.	Rybka J.D., Mieloch A.A., Plis A., Pyrski M., Pniewski T., Giersig M. (2019). Assembly and Characterization of HBc Derived Virus-like Particles with Magnetic Core. <i>Nanomaterials</i> , 9: 155; DOI:10.3390/nano9020155	4,034	70
45.	Rychel S., Książkiewicz M., Tomaszewska M., Bielski W., Wolko B. (2019). FLOWERING LOCUS T, GIGANTEA, SEPALLATA and FRIGIDA homologs are candidate genes involved in white lupin (<i>Lupinus albus</i> L.) early flowering. <i>Molecular Breeding</i> 39(3):43. DOI:10.1007/s11032-019-0952-0	1,862	70
46.	Shakya P., Marslin G., Siram K., Beerhues L., Franklin G. (2019). Elicitation as a tool to improve the profiles of high-value secondary metabolites and pharmacological properties of <i>Hypericum perforatum</i> . <i>Journal of Pharmacy and Pharmacology</i> . 71(1):70-82 DOI: 10.1111/jphp.12743	2,390	70
47.	Warzecha T., Skrzypek E., Adamski, T., Surma M., Kaczmarek Z., Sutkowska A, (2019). Chlorophyll a Fluorescence Parameters of Hulled and Hull-less Barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) DH Lines Inoculated with <i>Fusarium culmorum</i> . <i>Plant Pathology Journal</i> 35(2): 112-124, DOI: 10.5423/PPJ.OA.07.2018.0124	1,294	70
48.	Wiśniewska H., Majka M., Kwiatek M., Gawłowska M., Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z., Drzazga T., Ługowska B., Korbas M., Belter J. (2019) Production of wheat doubled haploids resistant to eyespot supported by marker-assisted selection . <i>Electronic Journal of Biotechnology</i> . 37: 11-17. DOI: 10.1016/j.ejbt.2018.10.003	2,040	70
49.	Parrotta L., Aloisi I., Suanno C., Faleri C., Kielbowicz-Matuk A., Bini L., Cai G., Del Duca S. (2019). A low molecular-weight cyclophilin localizes in different cell compartments of <i>Pyrus communis</i> pollen and is released <i>in vitro</i> under Ca ²⁺ depletion". <i>Plant Physiology and Biochemistry</i> . https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.09.045	3,404	70
50.	Rybiński W., Banda M., Bocianowski J., Starzycka-Korbas E., Starzycki M., Nowosad K. (2019). Estimation of the physicochemical variation of chickpea seeds (<i>Cicer arietinum</i> L.). <i>International Agrophysics</i> , 1/2019 vol. 33, 67–80, DOI: https://doi.org/10.31545/intagr/103889	1,227	70
51.	Święcicki W., Czepiel K., Wilczura P., Barzyk P., Kaczmarek Z., Kroc M. (2019). Chromatographic Fingerprinting of the Old World Lupins Seed Alkaloids: A Supplemental Tool in Species Discrimination, <i>Plants</i> , 8(12), 548, DOI: 10.3390/plants8120548	2,632	70
52.	Bocianowski J., Seidler-Łożykowska K., Nowosad K., Kuczyńska A. (2019). The relationship between RAPD marker-by-marker interactions and quantitative traits of caraway (<i>Carum carvi</i> L.) <i>Acta Scientiarum Polonorum -Hortorum Cultus</i> , 18, (3):53-69, DOI: 10.24326/asphc.2019.3.6	0,443	40

53.	Symanowicz B., Becher M., Kalembasa S., Jeżowski S. (2019). Possibilities of using fodder galega in the energy sector and agriculture. <i>Applied Ecology and Environmental Research</i> , 17(2):2677-2687. DOI: 10.15666/aeer/1702_26772687	0,689	40
54.	Lahuta L.B., Rybiński W. , Bocianowski J., Nowosad K., Borner A. (2019). Raffinose family oligosaccharides in seeds of common vetch (<i>Vicia sativa</i> L. ssp. <i>sativa</i>). <i>Legume Research</i> ; LR- 491 (1-6); DOI: 10.18805/LR-491	0,336	40
55.	Kalembasa D., Jeżowski S. , Symanowicz B., Głowacka K. , Kaczmarek Z. , Kalembasa S., Cerazy-Waliszewska J. (2019). Changes in the content, uptake and bioaccumulation of macronutrients in genotypes of <i>Miscanthus</i> grass. <i>Fresenius Environmental Bulletin</i> 28(3): 1933-1942	0,691	20
56.	Witaszak N. , Stepień Ł. , Bocianowski J., Waśkiewicz A. (2019). <i>Fusarium</i> Species and Mycotoxins Contaminating Veterinary Diets for Dogs and Cats. <i>Microorganisms</i> , 7:26, DOI:10.3390/microorganisms7010026	4,167	20
57.	Braga R.R., Iorio N.L.P.P., Póvoa H.C.C., Chianca G.C., Kachlicki P. , Ożarowski M., Silva V.O., Félix H.P., Lopes I.C., Chaves D.S.A. (2019). Chemical Composition and Anticariogenic Activity of <i>Tambja stegosauriformis</i> Nudibranch (2019), <i>Rev. Virtual Quim.</i> , 2019, 11 (5), 1457-1466		20
58.	Mieldzioc A., Mokrzycka M. , Sawikowska A. (2019). Covariance regularization for metabolomic data on the drought resistance of barley, <i>Biometrical Letters</i> , Vol. 0 (2019), No. 0, DOI: 10.2478/bile-2019-0010	0,08	20
59.	Abdel-Razek A., Shehata M., Badr A., Gromadzka K., Stepień L. (2019). The Effect of Chemical Composition of Wild <i>Opuntia Ficus Indica</i> Byproducts on its Nutritional Quality, Antioxidant and Antifungal Efficacy. <i>Egyptian Journal of Chemistry</i> , 62 (Special Issue Part 1), 47-61. doi: 10.21608/ejchem.2019.15895.1967	0	20
60.	Kosmala A. , Augustyniak A. , Perlikowski D. , Pawłowicz I. , Zwierzykowski W. , Płażek A., Paszkowski E. (2019). Identyfikacja genów związanych z ekspresją zimotrwałości i tolerancji suszy u form introgresywnych <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> . <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 379-382	0	20
61.	Niemann J., Jędrzycka M. , Majka J. , Mrówczyński M., Kaczmarek J. , Weigt D. (2019). Introdukcja genów odporności na choroby i owady oraz męskiej sterility z pokrewnych gatunków rodzaju <i>Brassica</i> do rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.). <i>Biuletyn IHAR</i> 286: 199-201, DOI: 10.37317/biul-2019-0045	0	20
62.	Jędrzycka M. , Kaczmarek J. , Majka J. , Niemann J., Irzykowski W. , Korbas M. (2019). Zastosowanie konwencjonalnych i molekularnych narzędzi fitopatologicznych w poszukiwaniu źródeł	0	20

	odporności na kiłę kapusty oraz charakterystyka aktualnej populacji patogenu w Polsce. Biuletyn IHAR 286: 219-222, DOI: 10.37317/biul-2019-0049		
63.	Wilczura P., Święcicki W., Kamel K.A., Wasiak W. (2018). Colorimetric vs. chromatographic analyses of alkaloids in lupin seeds. Plant Breeding and Seed Science 78, 63, DOI: 10.1515/plass-2018-0014	0	20
64.	Góral T., Wiśniewska H. , Walentyn Góral D., Majka M. (2019). Ocena podatności rodów hodowlanych pszenicy ozimej na fuzariozę kłosów w doświadczeniach infekcyjnych prowadzonych latach 2014–2018, Biuletyn IHAR, 285:299-300	0	20
65.	Góral T., Wiśniewska H. , Czembor P., Ochodzki P., Radecka-Janusik M., Majka M. , Przetakiewicz J. (2019). Poszukiwanie oraz wykorzystanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności na fuzariozę kłosów u form pszenicy o zróżnicowanej podatności, Biuletyn IHAR, 286:13-19	0	20
66.	Wiśniewska H. , Góral T., Ochodzki P., Majka M. , Walentyn Góral D., Belter J. (2019). Badanie typów odporności na fuzariozę kłosów u pszenżyta ozimego za pomocą markerów fenotypowych i metabolicznych, Biuletyn IHAR, 286:75-79	0	20
67.	Wiśniewska H., Majka M., Gawłowska M., Korbas M., Belter J. (2019). Wykorzystanie markerów molekularnych i fenotypowych do identyfikacji genów odporności pszenicy na łamliwość źdźbła powodowaną przez <i>Oculimacula yallundae</i> i <i>Oculimacula acufornis</i> , Biuletyn IHAR, 286:41-44	0	20
68.	Święcicki W., Górny A., Barzyk P., Gawłowska M., Kaczmarek Z. (2019). Genetic Analysis Of Alkaloid Accumulation In Seeds Of White Lupin (<i>Lupinus albus</i> L.), Genetika, Vol. 51, No. 3, DOI: 10.2298/GENSR1903961S	0	20
69.	Gharari Z., Bagheri K., Khodaeiaminjan M. , Sharafi A. (2019). Potential Therapeutic Effects and Bioavailability of Wogonin, the Flavone of Baikal Skullcap. Journal of Nutritional Medicine and Diet Care. DOI: 10.23937/2572-3278.1510039	0	0
70.	Stępień Ł., Lalak-Kańczugowska J., Witaszak N., Urbaniak M. (2019). Secondary metabolism biosynthetic pathways in <i>Fusarium</i> Species: so close but so far away. In: Mérillon J.-M., Ramawat K.G. (eds.): Co-Evolution of Secondary Metabolites, Reference Series in Phytochemistry, Springer Nature Switzerland, str. 1-37. DOI: 10.1007/978-3-319-76887-8_28-1.	0	0
71.	Lorenc, W., Markiewicz, B., Kruszka, D., Kachlicki, P., Barańkiewicz, D. (2019). Study on speciation of As, Cr, and Sb in bottled flavored drinking water samples using advanced analytical techniques IEC/SEC-HPLC/ICP-DRC-MS and ESI-MS/MS. Molecules 24(4),668, DOI: 10.3390/molecules24040668	3,060	100

