



Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii

UNIWERSYTET MIKOŁAJA KOPERNIKA

dr hab. Jarosław Tyburski, prof. UMK

Skład osobowy Katedry



kierownik:

prof. dr hab. Andrzej Tretyn

adiunkci:

dr hab. Jacek Kęsy
dr hab. Alina Trejgell
dr hab. Justyna Wiśniewska
dr hab. Krzysztof Jaworski
dr hab. Emilia Wilmowicz
dr Paulina Glazińska
dr Marcin Gołębiowski
dr Joanna Szczepanek
dr Krzysztof Domagalski
dr Agnieszka Pawełek

asystenci:

dr Katarzyna Marciniak
dr Brygida Świeżawska

starsi wykładowcy:

dr Waldemar Wojciechowski

profesorowie nadzwyczajni:

dr hab. Adriana Szmidt-Jaworska, prof. UMK
dr hab. Jarosław Tyburski, prof. UMK

doktoranci:

mgr Milena Kulasek
mgr Natalia Klajn
mgr Wojciech Glinkowski
mgr Katarzyna Kurnik
mgr Agata Kućko
mgr Monika Kamińska
mgr Joanna Laskowska

personel techniczno-naukowy:

dr Monika Skorupa
mgr Lidia Bartnik
mgr Grażyna Czeszewska-Rosiak
mgr Magdalena Wolska
mgr Paweł Zieliński



Pięcioletni program badawczy zlecony przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi
pt.

„Ulepszanie krajowych źródeł białka roślinnego, ich produkcji, systemu obrotu i wykorzystywania w paszach”

Pięcioletni projektu ustanowiony przez Radę Ministrów (nr 222/2015) pt.

„Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”

Projekty realizowane we współpracy z Instytutem Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
w latach 2015–2020.

Koordynatorem obu projektów jest prof. dr hab. Jan Kopcewicz

Identyfikacja i analiza ekspresji genów istotnych dla kontroli rozwoju generatywnego u łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.)



Celem projektu była identyfikacja sekwencji kodujących cDNA genów związanych z indukcją kwitnienia w genomie łubinu żółtego



Uprawy prowadzono w warunkach sztucznych (fitotron) oraz w warunkach polowych (Grubno k Chełmna i Koniczynka k Torunia)

Zidentyfikowano sekwencje kodujące genów:

integratory indukcji kwitnienia (*LISOC1*, *LIFT*, *LILFY*)

determinujących wieku oraz fazy rozwojowe (*LISPL1*, 3, 8, 14)

szlaku autonomicznego indukcji kwitnienia (np. *LIFCA*, *LIFLD*, *LIFY*, *LIFVE*, *LIFPA* i inne)

kodujących białka zapasowe (konglutyny) oraz czynniki regulujące ich gromadzenie

inhibitorów kwitnienia (*LISVP*, *LITOE1*, *LITFL1*)

Występujące w genomie łubinu żółtego homologi genów opisanych u innych gatunków roślin wykazują duże podobieństwo i mogą pełnić podobne funkcje

Grant NCN 2011/01/B/NZ9/03819 „Genetyczna kontrola indukcji kwitnienia *Lupinus luteus* L.”

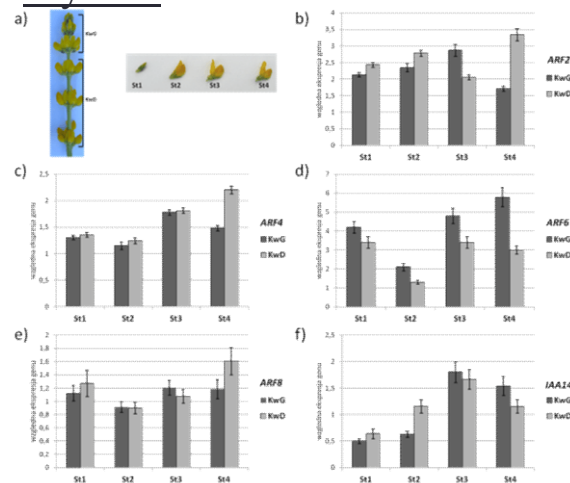
dr Waldemar Wojciechowski, mgr Natalia Klajn

Udział elementów szlaku transdukcji sygnału auksyn w regulacji rozwoju kwiatów i owoców łubinu żółtego

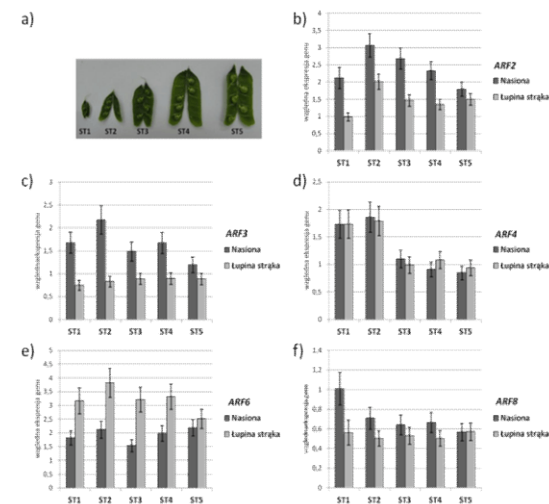


Cel badań: Identyfikacja i zbadanie udziału genów kodujących elementy szlaku transdukcji sygnału auksyn w regulacji rozwoju kwiatów i owoców łubinu żółtego.

Wyniki:



Ekspresja genów szlaku transdukcji sygnału auksyn podczas rozwoju kwiatów zbieranych z górnych, zazwyczaj odpadających (KwG) i dolnych, przekształcanych w strąki (KwD), części kwiatostanu.



Ekspresja genów szlaku transdukcji sygnału auksyn podczas rozwoju nasion i łupin strąków.

Wnioski: Zidentyfikowane geny kodujące elementy szlaku transdukcji sygnału auksyny zaangażowane są w regulację rozwoju kwiatów oraz zawiązywania i wczesnych etapów wzrostu strąków, a zmiany profilu ich ekspresji w organach generatywnych mogą być związane z rozpoczęciem procesu odcinania.

Granty: MRiRW- 149-111 i RM-111-222-15 - koordynator prof. dr hab. Jan Kopcewicz

dr Paulina Głazińska, mgr Milena Kulasek

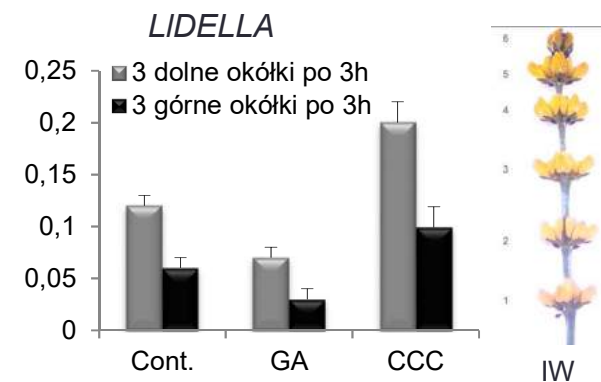
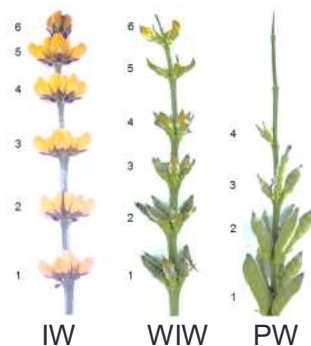
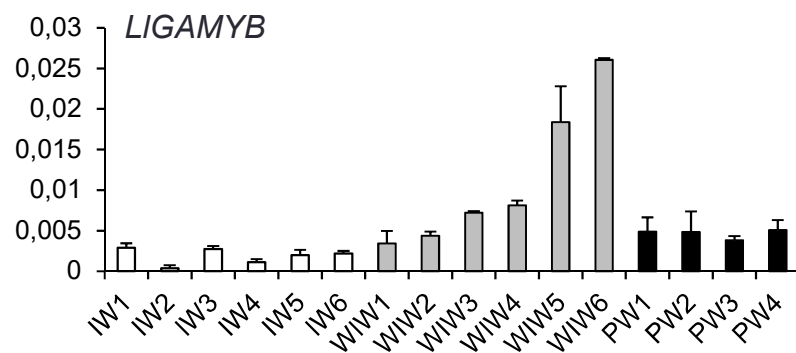


Rola giberelin w rozwoju organów generatywnych łubinu żółtego



Cel: Określenie roli giberelin w rozwoju organów generatywnych łubinu żółtego (*Lupinus luteus*).

Wyniki: Zidentyfikowano i zbadano ekspresję genów *LIGAMYB* i *LIDELLA* kodujących czynniki transkrypcyjne zaangażowane w szlak transdukcji sygnału GAs na różnych etapach rozwoju organów generatywnych *L. luteus* odm. Taper.



Wnioski: (1) Gen *LIGAMYB* jest zaangażowany głównie w początkowe fazy rozwoju młodych strąków, (2) Po aplikacji GA zmniejsza się, a po podaniu CCC zwiększa się ilość transkryptów *LIDELLA*, co może wskazywać, że pełni on, podobnie jak u innych gatunków roślin, funkcje represorowe w szlaku GA, (3) GAs są zaangażowane w rozwój organów generatywnych.

Granty: „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”. Zadanie 2.2. Identyfikacja genów warunkujących zawartość alkaloidów oraz zawiązywanie i utrzymanie organów generatywnych u łubinów. Program wieloletni 2016-2020 MRiRW.

Publikacje: Marciniak K., Świeżawska B., Kęsy J., Tretyn A., Kopcewicz J. Gibereliny – percepcja i transdukcja sygnału u roślin. PBK 2012; 39: 25-48.

Udział niskocząsteczkowych regulatorowych RNA i ich genów docelowych w rozwoju organów generatywnych łubinu żółtego (*Lupinus luteus*) – rozpoczęty lipiec 2016



Cel projektu: Określenie roli si- oraz miRNA i ich genów docelowych w rozwoju organów generatywnych u łubinu żółtego.

Plan:



Identyfikacja mikro oraz siRNA, a także ich genów docelowych charakterystycznych dla poszczególnych etapów rozwoju oraz utrzymywanych i odrzucanych kwiatów u łubinu (sekwencjonowanie NGS bibliotek sRNA i cDNA oraz degradomów),

Określenie zmian ich ekspresji w rozwijających się organach generatywnych oraz pod wpływem różnych czynników, takich jak warunki uprawy oraz aplikacja fitohormonów (RT – qPCR).

Wyniki badań będą mieć istotne znaczenie dla poszerzenia wiedzy o biologii łubinu i zaangażowania si/miRNA w regulację rozwoju roślin. Wykażą, czy istnieje zależność między akumulacją specyficznych si/miRNA, a efektywnym rozwojem organów generatywnych badanej rośliny użytkowej.



pre-miR167-1
L. luteus



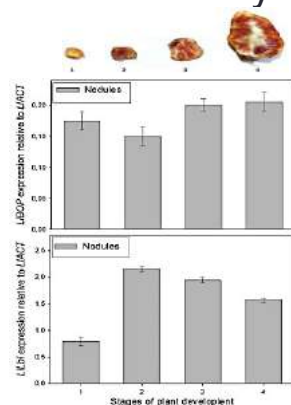
pre-miR167-2
L. luteus

Grant: Narodowe Centrum Nauki Sonata 2015/19/D/NZ9/03601

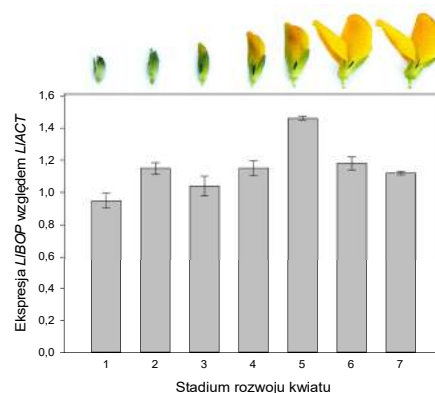
dr Paulina Glazińska, mgr Wojciech Glinkowski

Powstawanie i funkcjonowanie brodawek korzeniowych oraz strefy odcinania (AZ) kwiatów *Lupinus luteus*

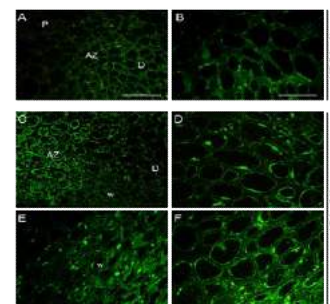
Cel projektu: zbadanie molekularnej i hormonalnej kontroli powstawania oraz funkcjonowania brodawek korzeniowych i AZ kwiatów łubinu żółtego



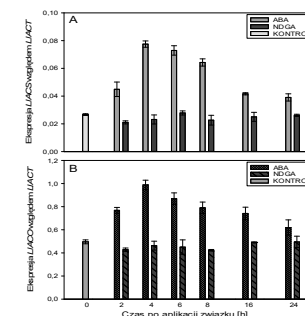
Ekspresja *LIBOP* i *LILbI* w rozwijających się brodawkach korzeniowych *L. luteus*



Ekspresja *LIBOP* w strefie odcinania szypułek kwiatów *L. luteus*



Lokalizacja prekursora etylenu (ACC) w AZ szypułek kwiatów *L. luteus* 24h po aplikacji inhibitora biosyntezy ABA (NDGA (A-B)) lub ABA (C-F)



Ekspresja genu kodującego syntazę (A) i oksydazę (B) ACC w AZ szypułek kwiatów *L. luteus* po aplikacji ABA oraz inhibitora jego biosyntezy

Aktywność transkrypcyjna *LIBOP* (*BLADE-ON-PETIOLE*) warunkuje powstawanie prawidłowo funkcjonujących brodawek korzeniowych *L. luteus*, natomiast *LILbI* (*LEGHEMOGLOBIN*) odpowiednie warunki tlenowe niezbędne dla aktywności nitrogenazy i efektywnego wiązania N_2 .

Wytworzenie oraz funkcjonowanie AZ kwiatów *L. luteus* determinowane jest występowaniem transkryptu *LIBOP* oraz interakcjami pomiędzy etylenem i kwasem abscysynowym.

Publikacje: Frankowski K, Wilmowicz E, Kućko A, Zienkiewicz A, Zienkiewicz K, Kopcewicz J. Molecular cloning of the *BLADE-ON-PETIOLE* gene and expression analyses during nodule development in *Lupinus luteus* (2015) *J. Plant Physiol.* 179:35-39; Wilmowicz E, Frankowski K, Kućko A, The influence of abscisic acid on ethylene biosynthesis pathway in the functioning of flower abscission zone in *Lupinus luteus* (2016) *J. Plant Physiol.* 206:49-58, Granty: MRiRW (149/2011 i 222-2015), WBiOŚ nr 2248-B, Międzynarodowy grant hiszpańskiego konsorcjum eidA3-ceiA3.

dr hab. Emilia Wilmowicz; mgr, Agata Kućko; prof. dr hab. Jan Kopcewicz

Hormonalna regulacja wzrostu i rozwoju roślin

Nadrzędnym celem jest określenie roli poszczególnych fitohormonów w regulacji przebiegu różnych procesów wzrostu i rozwoju roślin:

- indukcja generatywna (*Pharbitis nil*)
 - przerywanie spoczynku (bulwy ziemniaka) (współpraca z IHAR Bonin)
 - stresy biotyczne i abiotyczne (u grochu po infestacji mszycą)
 - rozwój i dojrzewanie owoców (problem przedwczesne opadanie strąków łubinu)
-
- do realizacji tych badań wykorzystujemy dosyć dobrze wyposażoną pracownię analiz chromatograficznych.
 - posiadamy na wyposażeniu aparat do analiz GC-MS.



Mai, V.C., et al. Differential induction of *Pisum sativum* defense signaling molecules in response to pea aphid infestation (2014) Plant Sci, 221-222, 1-12

Wilmowicz, E., et al. Involvement of the IAA-regulated ACC oxidase gene PNACO3 in *Pharbitis nil* flower inhibition (2014) Acta Biol Cracov, 56, 90-96

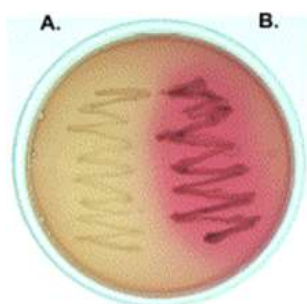
Frankowski, K., et al. Ethylene, auxin, and abscisic acid interactions in the control of photoperiodic flower induction in *Pharbitis nil* (2014) Biol Plant, 58, 305-310



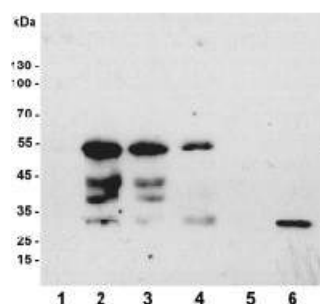
Badania nad mechanizmami morfogenezy i aklimatyzacji roślin do warunków stresu abiotycznego i biotycznego

Analiza szlaku sygnałowego cyklicznych nukleotydów w reakcjach stresowych rośliny cebulowej *Hippeastrum hybridum*

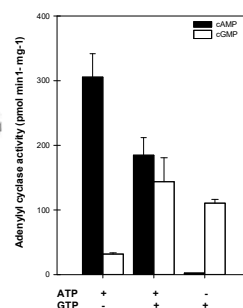
Cel badań: Kompleksowa, wielopoziomowa (molekularno-białkowa) charakterystyka elementów metabolizmu cyklicznych nukleotydów (cAMP i cGMP), enzymów odpowiedzialnych za ich biosyntezę cyklaz adenylanowej (AC) i guanylanowej (GC) oraz fosfodiesteraz (PDE) konwertujących cykliczne nukleotydy do form niecyklicznych oraz ich udział w procesie nabywania gatunkowej immunii u *Hippeastrum hybridum* w odpowiedzi na zranienie i atak swoistego patogenu grzybowego *Phoma narcissi*)



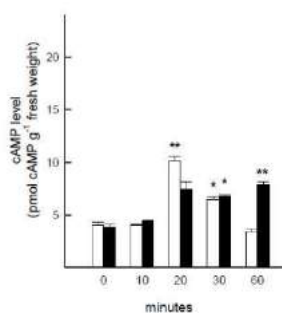
Komplementacja mutanta SP850 *E. coli* przez HpAC1



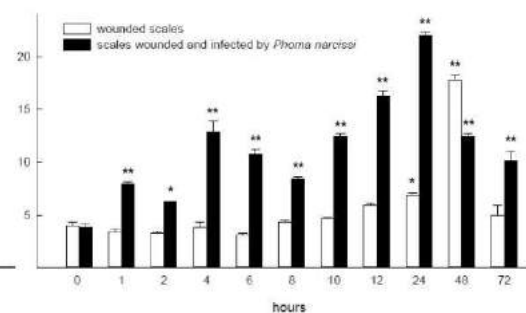
Rekombinowana forma HpAC1



Aktywność HpAC1



Poziom cAMP w efekcie stresu



- Rośliny posiadają w pełni aktywne cyklazy cyklicznych nukleotydów
- cAMP i cGMP są niezbędne w przygotowaniu odpowiedzi roślin na stres

Publikacje:

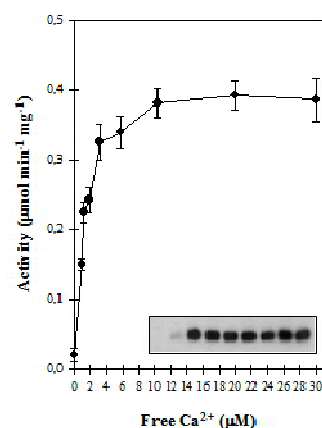
- Świeżawska B, Jaworski K, Pawełek A, Grzegorzewska W, Szmidt-Jaworska A (2014) *Plant Physiol. Biochem.* 80:41-52
- Świeżawska B, Jaworski K, Szewczuk P, Pawełek A, Szmidt-Jaworska A (2015) *J. Plant Physiol.* 189:77-86.
- Grant: Narodowe Centrum Nauki nr. N N310 301839.

dr Brygida Świeżawska, mgr Maria Duszyn, dr hab. Krzysztof Jaworski, dr hab. A. Szmidt-Jaworska

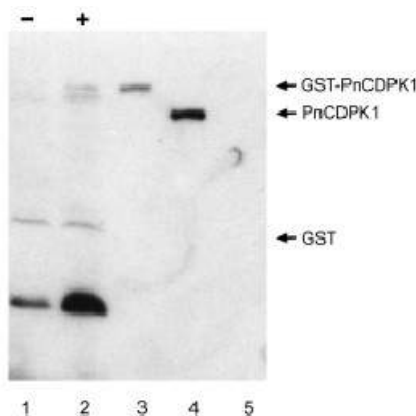
Zaangażowanie efektorów jonów wapnia, kinaz zależnych od wapnia (CDPK), w procesy wzrostu i rozwoju roślin



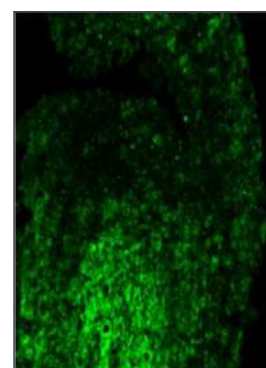
Cel projektu: Kompleksowa charakterystyka kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK) oraz ich udział w procesach (pato)fizjologicznych u wybranych roślin jednoliściennych (*Hippeastrum hybridum*) i dwuliściennych (*Pharbitis nil*)



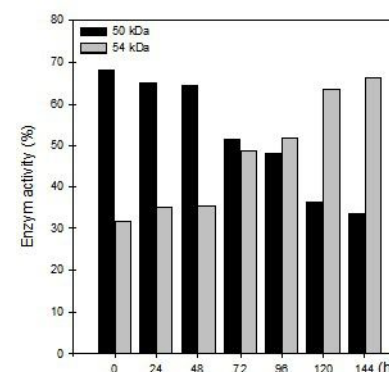
Aktywność PnCDPK1



Rekombinowana PnCDPK1



Immunolokalizacja PnCDPK1 w stożku wzrostu po indukcji fotoperiodycznej



Aktywność PnCDPK1 w trakcie rozwoju nasion



Fitoaleksyna w cebuli *Hippeastrum* w odpowiedzi na zranienie

- Kinaza *PnCDPK1* jest niezbędnym składnikiem wielu procesów wzrostu i rozwoju
- *HpCDPK1* zaangażowania jest w procesie odpowiedzi na zranienie i atak patogenu grzybowego (*Phoma narcissi*) prowadzącego do syntezy fitoaleksyny

Pawełek A., Szmidt-Jaworski A., Świeżawska B., Jaworski K (2015) J. Plant Physiol., 189:87-96.

Jaworski K., Pawełek A., Szmidt-Jaworska A. (2012) J. Plant Physiol., 169: 1578– 1585

Jaworski K., Szmidt-Jaworska A., Kopcewicz J. (2011) Plant Growth Regul., 65: 369-379

Jaworski K., Pawełek A., Szmidt-Jaworska A., Kopcewicz J. (2010) J. Plant Growth Regul., 29: 316-327

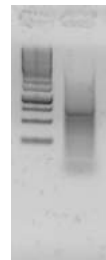
Jaworski K., Szmidt-Jaworska A., Tretyn A., Kopcewicz J. (2003) Phytochem., 62: 1047-1055

dr Agnieszka Pawełek, dr hab. Adriana Szmidt-Jaworska, dr hab. Krzysztof Jaworski

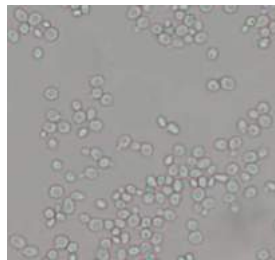
Identyfikacja substratów roślinnej kinazy zależnej od wapnia CDPK w warunkach stresowych



Cel badań: Poszukiwanie i charakterystyka białek fosforylowanych/oddziałujących z kinazą zależną od wapnia (HpCDPK1) z rośliny cebulowej *Hippeastrum hybridum* w odpowiedzi na stres mechaniczny i atak patogennego grzyba *Phoma narcissi*.



cDNA



Zygoty drożdżowe



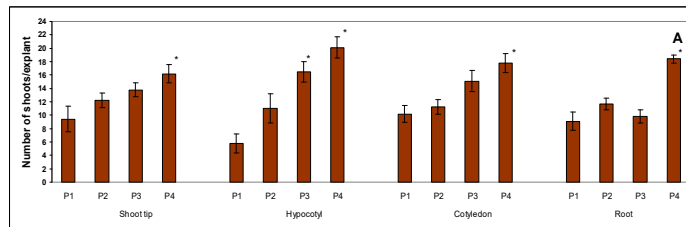
Selekcja drożdży z oddziałujących białkami

- Drożdżowy system dwuhybrydowy (Y2H) pozwolił zidentyfikować kilka potencjalnych substratów kinazy HpCDPK1: białko chaperonowe BiP, rybosomalne białko 60S L37, wakuolarne białko antyportera kationowo-protonowego
- Pawelek A., Ormancey M., Szmidt-Jaworska A., RobeE., Ranty B., Mazars C., Cotelle V. 7th Conference of the Polish Society for Experimental Plant Biology and Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG & MUG, Gdańsk, Poland. 2015. Study of the interaction between *Arabidopsis* CPK3 and 14-3-3 omega using a two-hybrid approach. Abstract book (University of Gdansk): p.92.
- Pawelek A., Jaworski K., Szewczuk P., Świeżawska B., Szmidt-Jaworska A. BIO 2014: 49th Meeting of the Polish Biochemical Society; 12th Conference of Polish Society for Cell Biology; 16th Meeting of the Polish Biophysical Society; 7th Meeting of the Polish Bioinformatics Society, Warszawa, Poland. 2014. Using the yeast two-hybrid system to identify proteins interacting with calcium dependent protein kinase (CDPK). Acta Biochimica Polonica, 2014, Vol. 61 suppl. 1.
- Grant NCN UMO-2011/03/B/NZ9/00752

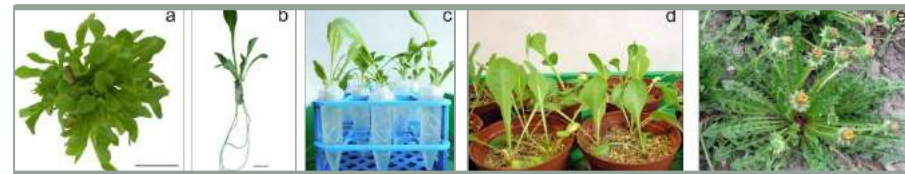
Opracowanie wydajnych systemów regeneracji i przechowywania gatunków zagrożonych w kulturze *in vitro*



Celem badań było ustalenie parametrów efektywnej mikropropagacji.



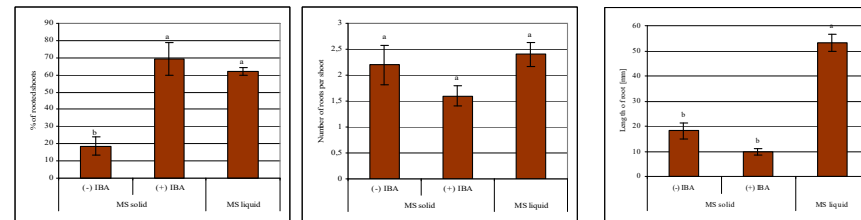
Taraxacum pieninicum



Organogeneza pędów na eksplantatach pochodzących z siewek na MS z dodatkiem 0,25 mg/l BA i 0,025 mg/l NAA w kolejnych pasażach.

Ukorzenianie pędów w płynnej pożywce MS i aklimatyzacja

Inula germanica



Wpływ rodzaju podłoża na proces ukorzeniania pędów w warunkach *in vitro*.

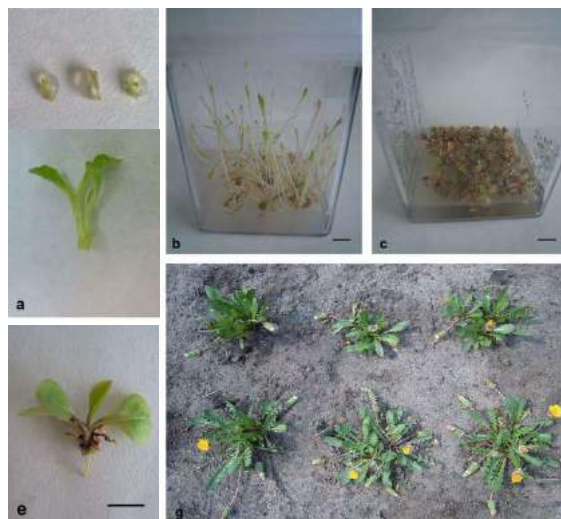
Mikropropagacja może stanowić narzędzie w ochronie gatunkowej dla krytycznie zagrożonych gatunków.

Trejgell A., Chernetsky M., Podlasiak J., Tretyn A., 2013. Efficient regeneration system of *Taraxacum pieninicum* Pawł. from seedling explants. *Acta Biologica Cracoviensia* 55/1: 73–79,
Trejgell A., Kamińska M, Kowalska K, Tretyn A. (2016) Micropropagation and *in vitro* rooting into liquid medium of the endangered species *Inula germanica* L *Acta Sci. Pol., Hortorum Cultus*. (w druku)

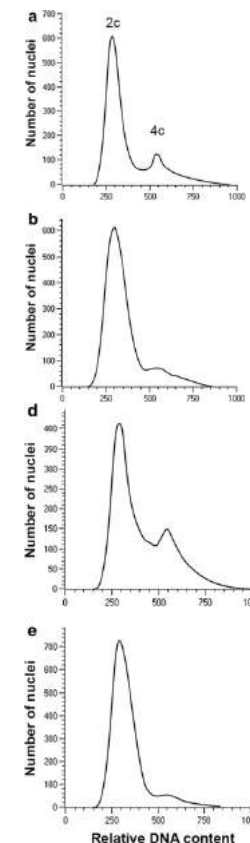
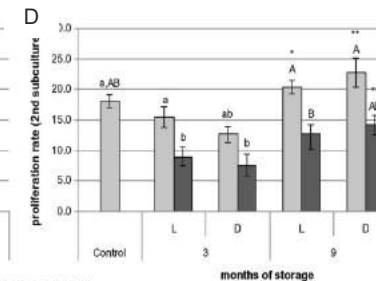
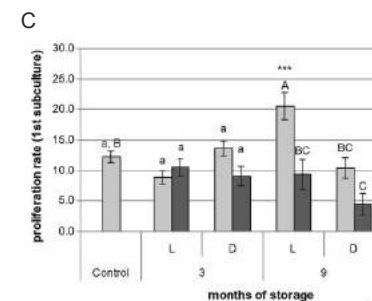
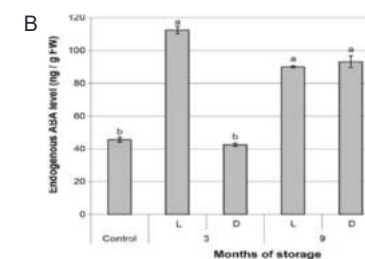
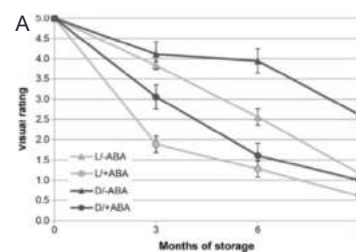
Opracowanie systemów mikrorozmnażania i przechowywania gatunków zagrożonych w kulturze *in vitro*



Celem badań było ustalenie warunków długoterminowego przechowywania kapsułowanych i niekapsułowanych wierzchołków wzrostu pędów oraz ocena stabilności genetycznej rozmnożonego po okresie chłodzenia materiału roślinnego.



Przechowywania *in vitro* w niskiej temperaturze niekapsułowanych i kapsułowanych wierzchołków pędów *Taraxacum pieninicum*.



Przechowywanie w temperaturze 10°C na pożywkach MS bez regulatorów wzrostu umożliwia wydłużenie pasażu do 9-12 miesięcy u *T. pieninicum*.

Trejgell A, Kamińska M, Tretyn A. (2015) In vitro slow growth storage of *Senecio macrophyllus* shoots Acta Physiol Plant 37:234
 Kamińska M, Skrzypek E, Wilmowicz E, Tretyn A, Trejgell A. (2016) Effect of light conditions and ABA on cold storage and poststorage propagation of *Taraxacum pieninicum* Plant Cell Tiss Organ Cult 127:25–34

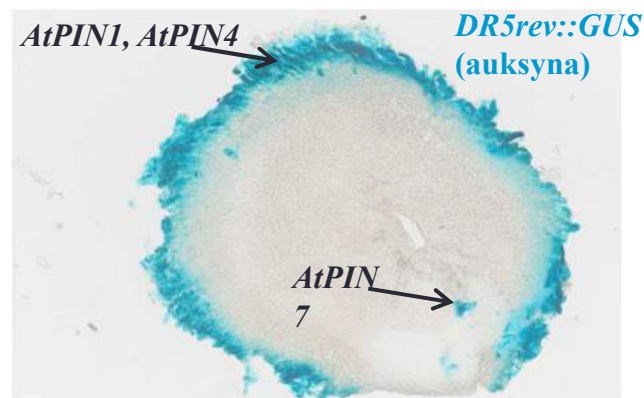
Lokalizacja gradientu auksyny i ekspresji genów *AtPIN* w kalusie embriogenicnym *Arabidopsis thaliana*. Rola genów *AtPIN* podczas somatycznej embriogenezy.



Cele projektu i wnioski:

1. Lokalizacja podwyższonego stężenia auksyny oraz miejsc ekspresji genów *AtPIN* w kalusie embriogenicnym.

Za utrzymanie gradientu badanego fitohormonu w komórkach kalusa embriogenicznego odpowiedzialne są, zlokalizowane białka *AtPIN1* i *AtPIN4* oraz w niewielkim stopniu *AtPIN3*. Białka *AtPIN7* biorą najprawdopodobniej udział w polarnym transporcie auksyny i tworzeniu tkanki przewodzącej w kalusie embriogenicnym.



2. Porównanie zdolności zarodków zygotycznych mutantów genów *AtPIN* i roślin kontrolnych typu dzikiego *A. thaliana* do tworzenia kalusa embriogenicznego i zarodków somatycznych.

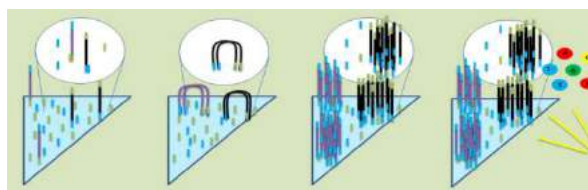
Brak zdolności zarodków zygotycznych mutantów *pin7* do pośredniej somatycznej embriogenezy sugeruje, że białka *AtPIN7* odgrywają istotną rolę podczas tworzenia kalusa embriogenicznego oraz zarodków somatycznych.

Analiza transkryptomu liści buraka (*Beta vulgaris*) podczas aklimatyzacji do zasolenia

Celem badań jest analiza profili transkrypcyjnych w liściach buraka podczas aklimatyzacji do zasolenia



- Halofityczny podgatunek buraka, *Beta vulgaris ssp. maritima*, i hodowlana odmiana buraka cukrowego, *Beta vulgaris* cv. Huzar
- Krótko- lub długotrwałe zasolenie o zróżnicowanej intensywności.
- Transkryptomy są analizowane z wykorzystaniem techniki sekwencjonowania RNA (RNASeq)



sekwencjonowanie transkryptomów



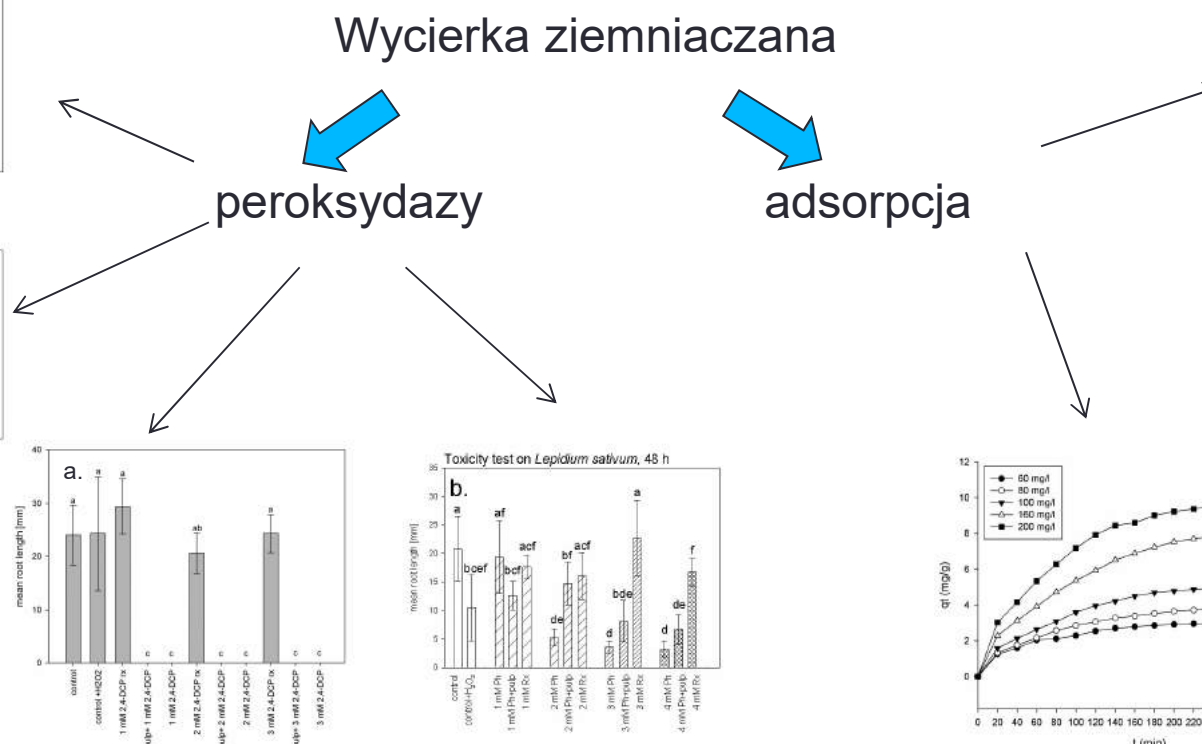
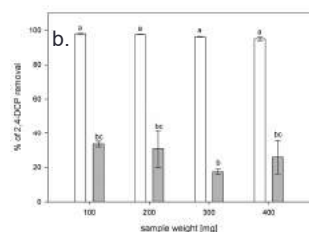
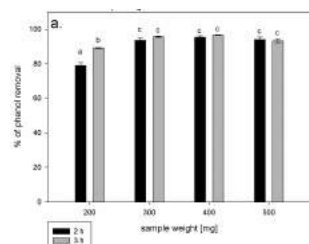
Odcięte liście *Beta vulgaris ssp. maritima* poddane warunkom krótkotrwałego stresu solnego, charakteryzowały się **zwiększeniem aktywności transkrypcyjnej** genów kodujących białka zaangażowane m.in. w **biogenezę rybosomów**, **transport przez błony**, **fotosyntezę** oraz **syntezę ściany komórkowej**.

Skorupa M, Gołębiewski M, Domagalski K, Kurnik K, Abu Nahia K, Złoch M, Tretyn A, Tyburski J (2016)
Transcriptomic profiling of the salt stress response in excised leaves of the halophyte *Beta vulgaris ssp. maritima*. Plant Sci. 243:56-70

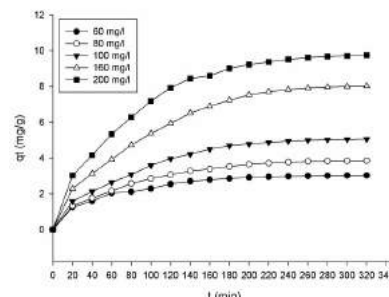
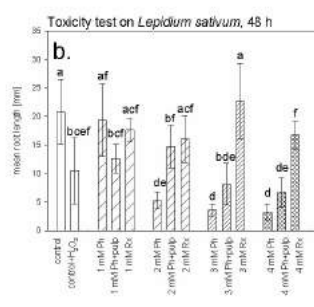
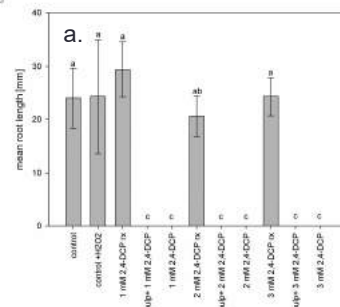
Grant NCN nr UMO-2014/13/B/NZ9/03790. OPUS 7

Wycierka ziemniaczana jako źródło peroksydaz i tani adsorbent

- Cele projektu: zastosowanie wycierki ziemniaczanej do usuwania związków toksycznych oraz barwników przemysłowych.



Isotherm	Parameter	Value
Langmuir type 1	q_m (mg/g)	45
	K_a (l/mg)	0,084291
	R^2	0,5985
Langmuir type 2	q_m (mg/g)	41,841
	K_a (l/mg)	0,117445
	R^2	0,9729
Langmuir type 3	q_m (mg/g)	25,418
	K_a (l/mg)	0,21734
	R^2	0,4658
Langmuir type 4	q_m (mg/g)	47,79051
	K_a (l/mg)	0,1012
	R^2	0,4658
Freundlich	K_F	4,3602
	n	1,153935
	R^2	0,9841
Temkin	A (l/g)	2,654535
	B	4,9946
	R^2	0,971



Peroksydazy wycierki usuwają z wysoką efektywnością zarówno fenol, jak i 2,4-DCP oraz obniżają toksyczność roztworu. Wydajnie przebiega również adsorpcja Brilliant Green na wycierce.

Kurnik K, Treder K, Skorupa M, TretynA, Tyburski J. (2015) Removal of Phenol from Synthetic and Industrial Wastewater by Potato Pulp Peroxidases. Water, Air, & Soil Pollution, 226(8), 254.



Problematyka biomedyczna, metagenomika

Wykorzystanie sekwencjonowania następnej generacji w badaniach nad wpływem czynników środowiskowych na zbiorowiska mikroorganizmów



Cele badań

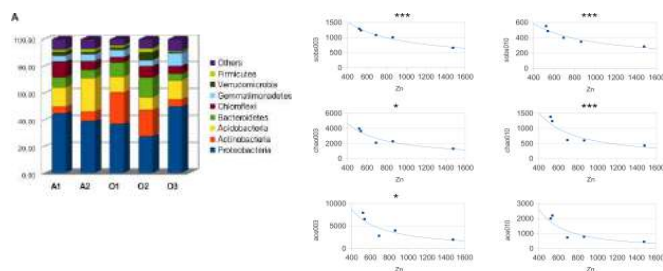
Optimalizacja procedur eksperymentalnych umożliwiających badanie bioróżnorodności mikroorganizmów w różnych środowiskach.

Zbadanie wpływu metali ciężkich na mikroorganizmy glebowe na przykładzie gleb zanieczyszczonych Zn, Pb i Cd z okolic Olkusa.

Zbadanie wpływu pestycydów na mikroorganizmy glebowe na przykładzie gleb pobranych z likwidowanych składowisk przeterminowanych środków ochrony roślin (mogilników).

Zbadanie wpływu zasolenia na mikroorganizmy wodne na przykładzie estuarium Wisły.

Wyniki

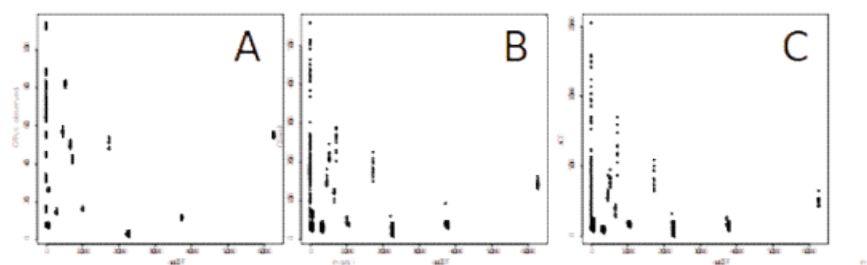


Wnioski:

Zn ogranicza bioróżnorodność bakterii w glebie.

W glebach zanieczyszczonych występuje więcej *Gammaproteobacteria*, a mniej *Alphaproteobacteria* i *Acidobacteria*.

Pestycydy chloroorganiczne wpływają na skład zbiorowisk bakteryjnych w glebach i ograniczają ich różnorodność.



Chodak et al. (2013) Diversity of microorganisms from forest soils differently polluted with heavy metals., ASE

Golebiewski et al. (2014) 16S rDNA Pyrosequencing Analysis of Bacterial Community in Heavy Metals Polluted Soils, ME

Granty:00421/NZ8/2012/29, 795/N-CBOL/2010/0, POIG.01.01.02-14-054/09, 0948/B/P01/2008/34

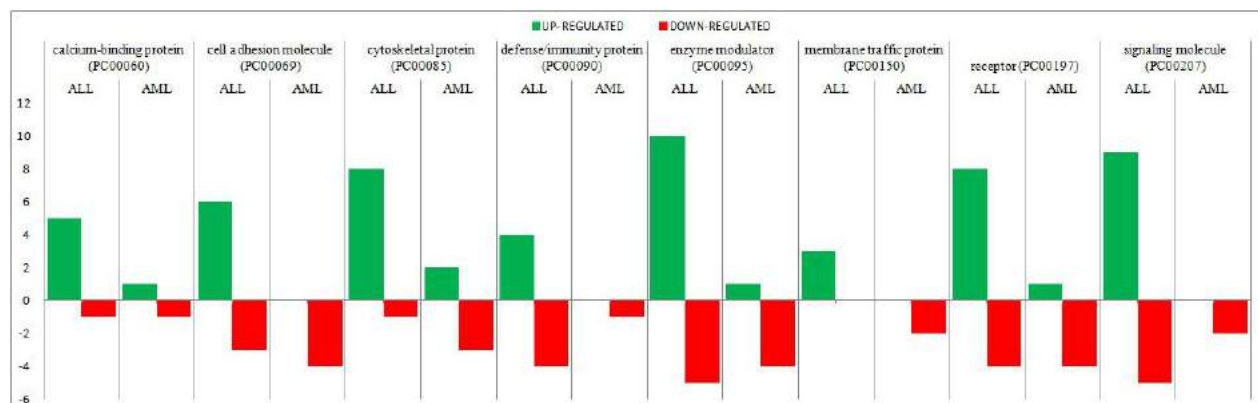
dr Marcin Gołębiewski



Mikromacierzowe profilowanie genomu i transkryptomu w dziecięcej ostrej białaczce mieloblastycznej w poszukiwaniu genów odpowiedzialnych za lekooporność

Cele projektu: Określenie genetycznych profili oporności na cytostatyki z wykorzystaniem technologii mikromacierzy ekspresyjnych i porównawczej hybrydyzacji genomowej w celu identyfikacji genów odpowiedzialnych za zróżnicowaną wrażliwość komórek białaczkowych na cytostatyki.

Wyniki:



Analiza ontologiczna profilów dla cyklofosfamidu w ostrej białaczce limfoblastycznej (ALL) i mieloblastycznej (AML).

Wnioski: Połączenie badań mikromacierzowych, wyników oporności in vitro na cytostatyki oraz odpowiedzi na terapię umożliwia indywidualizację terapii u dzieci z ostrymi białaczkami, a tym samym zwiększenie efektu przeciwnowotworowego przy jednoczesnym zmniejszeniu toksyczności terapii.

Publikacje: Laskowska J, Lewandowska-Bieniek J, Szczepanek J, Styczyński J, Tretyn A. Genomic and transcriptomic profiles and in vitro resistance to mitoxantrone and idarubicin in pediatric acute leukemias. *J Gene Med.* 2016; 18(8):165-79.

Granty: NCN nr 2011/03/D/N25/05749, SONATA BIS

Prognozowanie wyników terapii w grupie pacjentów pediatrycznych przewlekle zakażonych wirusem HBV

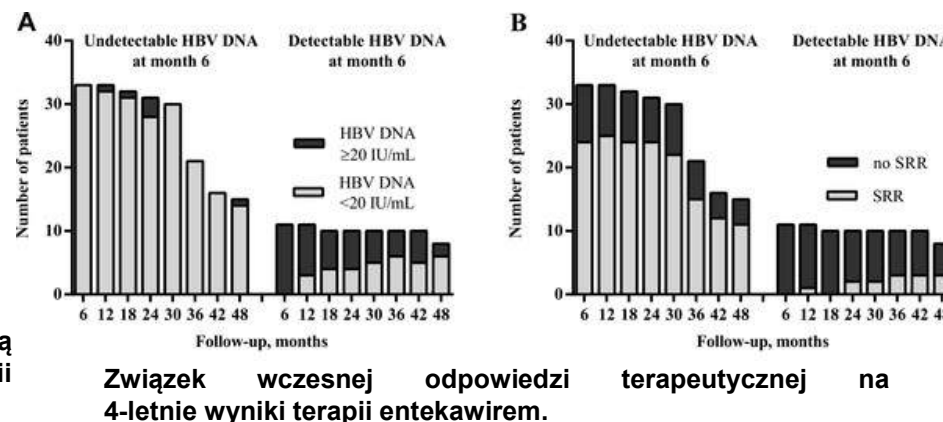


Cele projektu: Analiza zmienności genetycznej gospodarza i wirusa HBV oraz innych czynników klinicznych w celu określenia predyktorów odpowiedzi na terapię przeciwwirusową w grupie pacjentów pediatrycznych przewlekle zakażonych HBV.

Wyniki:

Haplotyp	CR	no-CR	P value	OR (95% CI)
A A A A	0.11	0.16	0.402	0.60 (0.18-1.98)
A A G A	0.03	0.05	0.473	0.47 (0.06-3.78)
A A G G	0.17	0.35	0.031	0.35 (0.13-0.92)
A G G G	0.24	0.12	0.156	2.11 (0.74-6.00)
G A G G	0.28	0.03	0.0003	11.96 (2.38-59.97)
G G G G	0.05	0.17	0.046	0.24 (0.05-1.06)

Związek haplotypów genów OAS z odpowiedzią wirusologiczną u pacjentów poddanych terapii interferonowej.



Wnioski:

Zmienność genetyczna w obrębie genów szlaków interferonowych ma wpływ na końcowe wyniki leczenia interferonowego u dzieci zakażonych HBV.

W przypadku zastosowania długookresowej terapii entekawirem większe znaczenie ma zmienność genetyczna wirusa oraz odpowiedź terapeutyczna w trakcie pierwszych miesięcy leczenia.

Pawłowska M, Domagalski K, i inni. Continuous up to 4 Years Entecavir Treatment of HBV-Infected Adolescents – A Longitudinal Study in Real Life. PLoS One. 2016;11(9):e0163691.
Domagalski K, i inni. Impact of IL28B and OAS gene family polymorphisms on interferon treatment response in Caucasian children chronically infected with hepatitis B virus. World J Gastroenterol. 2016, w druku.

dr Krzysztof Domagalski



W obrębie Katedry Fizjologii Roślin i Biotechnologii działają

3 spółki spin off

GENELYTICA Sp. z o.o.

AxiPlant Sp. z o.o.

METAGENTOR Sp. z o.o.

GENELYTICA sp. z o.o.

GENELYTICA sp. z o.o. jest spółką typu spin off założoną przez dwóch pracowników Katedry Fizjologii Roślin i Biotechnologii: dr Joannę Szczepanek i dr Krzysztofa Domagalskiego, których praca naukowa podąża w kierunku praktycznych aspektów diagnostyki molekularnej w medycynie.

Spółka prowadzi działalność usługową, głównie z zakresu wdrażania nowoczesnych technik biologii molekularnej do praktyki laboratoryjnej i klinicznej.



PROJEKTY

Obecnie rozpoczynamy prace nad projektami:

Zmiany ekspresji wybranych krążących mikroRNA i ich rola w przewidywaniu rozwoju i przebiegu cukrzycy u kobiet w ciąży

Wpływ wybranych polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) u dorosłych pacjentów wymagających profilaktyki zakrzepowo-zatorowej na wynik terapii antagonistami witaminy K



Axillant Sp. z o.o. ul. Gagarina 5/102, 87-100 Toruń, tel. 56 6114456



Cel strategiczny spółki – prowadzenie działalności badawczo-rozwojowej (B+R) i popularyzacja wiedzy biotechnologicznej

Cel operacyjny spółki :

Sprzedaż gotowych rozwiązań oraz dostarczanie kompleksowych analiz związanych z wprowadzeniem rośliny do kultury *in vitro*,

Optymalizacja systemu namnażania dla wybranych gatunków roślin, w celu zwiększenia wydajności przy minimalizacji kosztów,

Wykorzystanie ukierunkowanej mutagenezy i uzyskanie oczekiwanego fenotypu dostosowanego do potrzeb odbiorcy.



Carlina caulescens



Hippeastrum hybridum.

Cele działalności :

Analiza bioróżnorodności mikroorganizmów za pomocą sekwencjonowania następnej generacji (NGS)

Konstrukcja bibliotek metagenomowych i przeszukiwaniem ich pod kątem pożądaných genów

Analizy z dziedziny biologii molekularnej (klonowanie), genomiki (sekwencjonowanie i analiza genomów) i transkryptomiki (sekwencjonowanie i analiza transkryptomów, identyfikacja genów różnicowo ekspresowanych etc.)

Projektowanie analiz bioróżnorodności





Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii

UNIWERSYTET MIKOŁAJA KOPERNIKA

dr hab. Jarosław Tyburski, prof. UMK