



Polska Akademia Nauk Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt



Jastrzębiec

05-552 Magdalenka, Poland

Tel: +48 22 756 17 11

Fax: +48 22 756 16 99

E-mail:

l.zwierzchowski@ighz.pl

**Komitet Biotechnologii
Polskiej Akademii Nauk
27 października 2014**





Przedmiotem działania Instytutu jest prowadzenie badań naukowych w zakresie nauk o zwierzętach i nauk pokrewnych oraz upowszechnianie wyników badań.

Misją Instytutu jest działanie na rzecz rozwoju nauk o zwierzętach oraz innowacyjności i postępu biologicznego w hodowli zwierząt, zmierzających do poprawy jakości życia społeczeństwa.

Dyrektor – Prof. dr hab. Jarosław O. Horbańczuk

Zastępca dyrektora d/s naukowych – Prof. dr hab. Lech Zwierzchowski

Zastępca dyrektora ds. ogólnych – mgr Cyprian Tomasik

Przewodniczący Rady Naukowej – Prof. dr hab. Marian Różycki



Aktywność naukowa

Najważniejszymi obszarami działalności naukowej Instytutu są:

- ✓ genetyka molekularna zwierząt, genomika (genomika funkcjonalna), cytogenetyka,
- ✓ bioróżnorodność zwierząt domowych i dzikich,
- ✓ rozród i embriologia, biotechnologia i biotechniki zarodka,
- ✓ biochemia i fizjologia zwierząt,
- ✓ zachowanie się zwierząt, fizjologia stresu, etologia,
- ✓ genetyka populacji,
- ✓ systemy hodowli, chowu i żywienia zwierząt,

Zespół naukowy – stopnie i tytuły naukowe

Zatrudnienie. 140 pracowników, w tym 34 naukowych: 16 profesorów (7 zwyczajnych, 9 - nadzwyczajnych), 17 – adiunktów (w tym 5 ze stopniem doktora habilitowanego), 1 asystent i 2 pracowników badawczo-technicznych.

Doktoranci: Instytut regularnie prowadzi studium doktorskie. Nabór nowych doktorantów zazwyczaj ma miejsce co dwa lata. w Instytucie jest obecnie 35 doktorantów z różnych roczników (8 nowych doktorantów przyjęto w tym roku).

Instytut posiada prawo nadawania stopni naukowych – doktora nauk rolniczych (w zakresie zootechniki), a także doktora habilitowanego nauk rolniczych, ze specjalizacją w zakresie genetyki, embriologii, fizjologii i hodowli zwierząt.



Rada Naukowa IGZH

Laboratoria IGHZ

W Instytucie funkcjonują lub są w trakcie tworzenia cztery samodzielne laboratoria, które służą całemu Instytutowi, są wykorzystywane w naukowej współpracy krajowej i międzynarodowej.



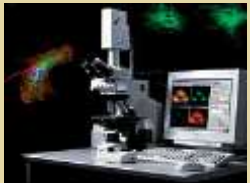
Akredytowane Laboratorium Jakości Surowców i Produktów Pochodzenia Zwierzęcego oraz Pasz, wyposażone w aparaturę do oznaczania wskaźników biochemicznych krwi, parametrów fizyko-chemicznych np. metodą bliskiej podczerwieni FT-NIR, w paszach i surowcach pochodzenia zwierzęcego;



Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej, wyposażone w aparaturę do analiz mikromacierzy ekspresyjnych oraz aparaturę do sekwencjonowania nowej generacji (NGS), umożliwiającą analizę genomów, transkryptomów, eksomów, analiz epigenetycznych (MySeq, Ion Proton).



Laboratorium transkryptomiki i proteomiki, wyposażone w aparaturę do analiz proteomicznych (MALDI-TOFF), mikromacierzy ekspresyjnych i SNIP-owych.



Laboratorium embriologii i mikroskopii konfokalnej, wyposażone w mikroskop konfokalny, różnego typu mikroskopy i mikromanipulatory do badań na zarodkach ssaków.

Gospodarstwo Doświadczalne IGHZ

Gospodarstwo doświadczalne jest integralną częścią Instytutu. Głównym celem jego działalności jest zapewnienie bazy doświadczalnej dla pracowników naukowych - zwierząt modelowych (myszy, króliki, przepiórki) i gospodarskich (bydło, kozy, owce, konie) niezbędnych do prowadzenia doświadczeń.



Nasze zwierzęta

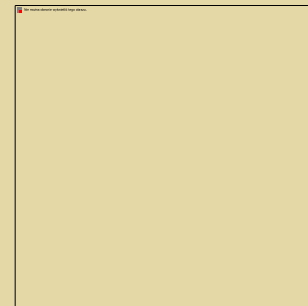
ORGANIZACJA BADAŃ

Badania są prowadzone w sześciu naukowych Zakładach Instytutu:

- ✓ Zakład Doskonalenia Zwierząt - prof. Jarosław O. Horbańczuk
- ✓ Zakład Biologii Molekularnej - prof. Lech Zwierzchowski
- ✓ Zakład Zachowania się Zwierząt - prof. Tadeusz Jezierski
- ✓ Zakład Cytogenetyki Molekularnej - dr hab. Mariusz Pierzchała
- ✓ Zakład Embriologii Doświadczalnej - prof. Jacek Modliński
- ✓ Zakład Immunogenetyki - dr hab. Agnieszka Kossakowska

Badania są także prowadzone w niezależnych zespołach badawczych, często tworzonych *ad hoc* do rozwiązywania konkretnych problemów naukowych.

Większość prac jest prowadzona we współpracy pomiędzy różnymi zakładami i zespołami badawczymi Instytutu, a także we współpracy z innymi ośrodkami naukowymi w Polsce i zagranicą.



Badania statutowe i projekty badawcze są realizowane w Instytucie w pięciu grupach tematycznych

- ✓ **Genomika funkcjonalna** – oddziaływania polimorfizmu genów na cechy przez nie warunkowane - 8 tematów statutowych. Z tą tematyką wiąże się także 9 projektów NCN,
- ✓ **Bioróżnorodność** – badanie polimorfizmu markerów genetycznych w celu wykorzystania i ochrony zasobów genetycznych - 3 tematy statutowe oraz 1 projekt NCN.
- ✓ **Biotechnologia rozrodu** - 2 tematy statutowe i 5 projektów NCN oraz 1 projekt UE.
- ✓ **Wykorzystanie metod hodowlanych** do doskonalenia zdrowia zwierząt i jakości produktów pochodzenia zwierzęcego oraz ekonomiki ich wytwarzania – 6 tematów statutowych, 8 projektów NCN 1 projekt NCBiR.
- ✓ **Genetyczne podstawy behawioru zwierząt** - 4 tematy statutowe, 6 projektów NCN oraz 1 projekt UE.

Projekty finansowane przez Unię Europejską

Obecnie realizowane i zakończone

- ✓ **ANIMBIOGEN** - Centre of Excellence in Genomics and Biotechnology Improving Functional Traits of Farm Animals and Quality of their Products. 2003-2006 – **Koordynator projektu: Prof. Zygmunt Reklewski**
- ✓ **INTERREG IIIC** – Improvement of planning in animal production. 2006-2007 – **Kierownik projektu: Doc. dr hab. Tomasz Sakowski**
- ✓ **NEWMOOD - FP6** – „New molecules in mood disorders: a genomic, neurobiological and systems approach in animal models and human disorder” 2004-2009 (12 partners in consortium) – **Kierownik projektu: Doc. dr hab. Artur H. Świergiel**
- ✓ **Q-PORKCHAINS - FP6** „Improving the quality of pork and pork products for the consumer: Development of innovative, integrated, and sustainable food production chains of high quality pork products matching consumer demands” 2007 – 2011 (53 partners in consortium) - **Kierownik projektu: dr Joanna Wszyńska-Koko**
- ✓ **ANIMBIOGEN in EU – FP7** „Centre of Excellence in Genomics, Biotechnology and Quality of Animal Products in Sustainable Production Systems with consideration of Animal Welfare” 2009-2012 - **Koordynator projektu: prof. dr hab. Jarosław O. Horbańczuk**
- ✓ **AWARE** - Animal WelfAre Research in an enlarged Europe – projekt edukacyjny. - **Kierownik: prof. Tadeusz Jezierski**
- ✓ **FECUND** – Optimisation of early reproductive success in dairy cattle through the definition of new traits and improved reproductive biotechnology. - **Kierownik: prof. Jacek Modliński.**

Konsorcjum naukowo-przemysłowe działające w Instytucie



- ✓ **BIOŻYWNOSC** - innowacyjne, funkcjonalne produkty pochodzenia zwierzęcego”.
- ✓ Projekt działający w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka, w ramach Konsorcjum Naukowo-Przemysłowego, w skład którego wchodzi jednostki naukowe, związek branżowy oraz małe i średnie przedsiębiorstwa przemysłowe.
- ✓ Celem projektu jest opracowanie technologii wytwarzania innowacyjnych produktów pochodzenia zwierzęcego o wysokiej wartości odżywczej i właściwościach prozdrowotnych. – **Kierownik projektu i prof. J. Horbańczuk**



Najważniejsze kierunki badań i osiągnięcia naukowe pracowników IGHZ z ostatnich lat, mogące mieć wpływ na postęp w hodowli zwierząt, w weterynarii i w medycynie człowieka a także w poznaniu bioróżnorodności zwierząt

MARKERY GENETYCZNE W HODOWLI ZWIERZĄT GOSPODARSKICH: POLIMORFIZM, EKSPRESJA GENÓW, GENOMIKA FUNKCJONALNA ZWIERZĄT

- ✓ Prowadzone są badania z zakresu genomiki funkcjonalnej (transkryptomika, proteomika, epigenomika) w celu wykazania związków polimorfizmu i ekspresji genów z cechami produkcyjnymi, jakością mięsa i mleka, głównie świń, bydła i kóz. Na tej podstawie typowane są markery genetyczne przydatne jako biomarkery do zastosowania w produkcji wieprzowiny, wołowiny i mleka.
- ✓ Na podstawie tych badań wytypowano liczne polimorfizmy sekwencji nukleotydów typu SNP, InDel, STR, geny kluczowe, sieci interakcji genów i szlaki biochemiczne i komórkowe, decydujące o cechach fenotypowych zwierząt, związanych z produkcją mięsną i mleczną.

Wykorzystanie transkryptomiki i proteomiki świń do identyfikacji genetycznych markerów jakości wieprzowiny

Dr hab. Mariusz Pierzchała i współpracownicy, we współpracy z Wageningen University, Holandia



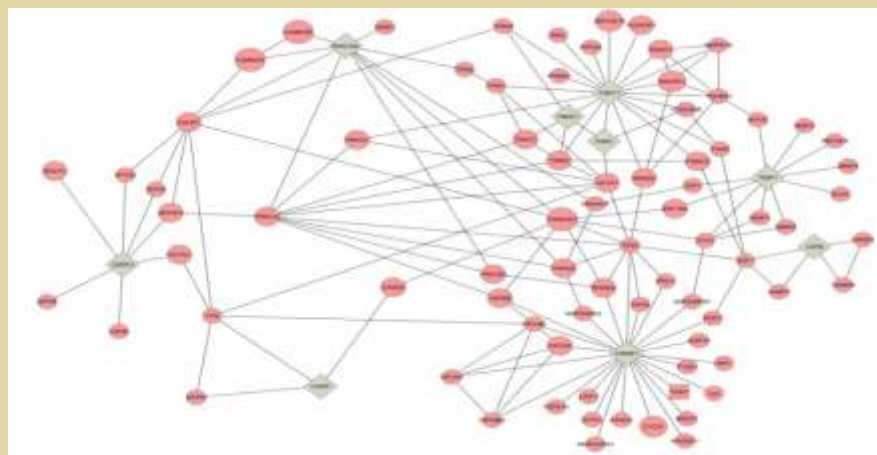
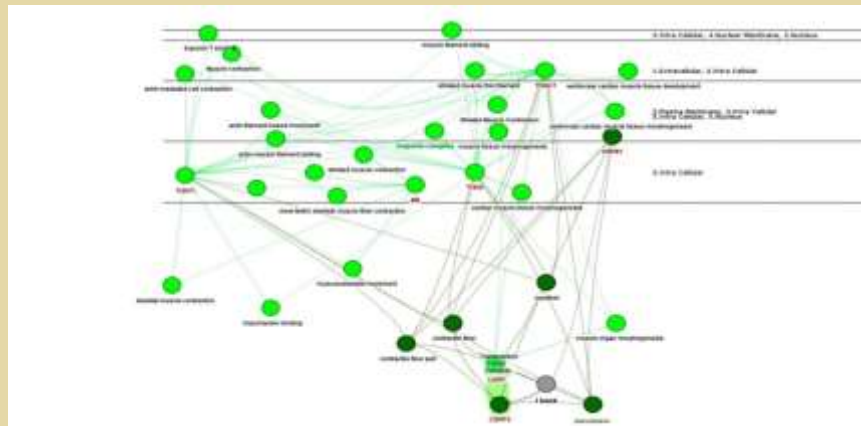
Prowadzono badania transkryptomiczne i proteomiczne w celu znalezienia asocjacji pomiędzy jakością wieprzowiny a profilem ekspresji wybranych genów w wątrobie i mięśniach ras świń różniących się wyrażnie produktywnością i jakością mięsa (Duroc, White Large).

Zidentyfikowano potencjalne biomarkery dla kilku ważnych cech jakości mięsa:

- ✓ **Wyciek wody:** isocitrate dehydrogenase, HSP27, myosin, superoxide dismutase.
- ✓ **pH po 24 godzinach:** haptoglobin, RTN4-C, SERPIN3, isocitrate dehydrogenase, galectin-1, parvalbumin, MYLK2, KBTBD.

Analiza bioinformatyczna znalezionych genów i białek pozwoliła na identyfikację niektórych molekularnych mechanizmów zaangażowanych w regulację badanych cech jakości wieprzowiny.

Wyniki opublikowano w: Meat Science. 2013; Journal of Animal Breeding and Genetics 2014.



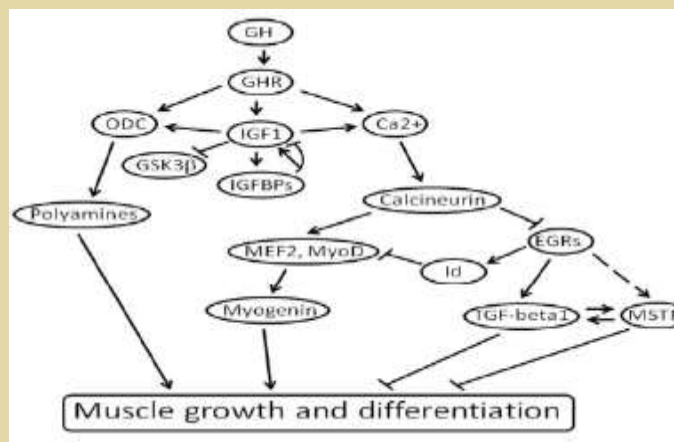
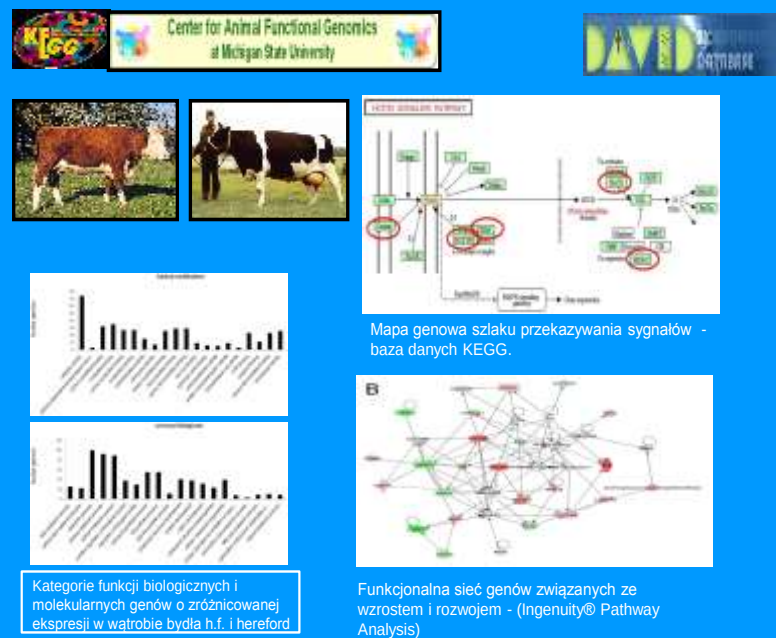
Sieci współzależności genów (na górze) i białek (na dole) kodowanych przez geny: HSPB1, TNNI1, TNNC1, TNNT1, TIMP-1, CSRP3, VABP, CARP.

Analiza transkryptomów mięśni szkieletowych i wątroby bydła w celu poszukiwania genetycznych markerów produktywności mięsnej bydła i jakości wołowiny

Prof. Lech Zwierchowski, dr Paweł Lisowski i wsp., we współpracy z prof. Tomaszem Motylem, Wydział Medycyny Weterynaryjnej SGGW w Warszawie

Badano profile transkryptomiczne wątroby oraz mięśni szkieletowych (dorosłych zwierząt i płodów) bydła ras znacznie różniących się produktywnością mięsa i jakością wołowiny - holsztyńsko-fryzyjska, hereford, limousin, polska czerwona. Zidentyfikowano wiele genów o zróżnicowanej ekspresji, należących do różnych szlaków biochemicznych, które mogą determinować cechy produkcji i jakości wołowiny.

Skonstruowano hipotetyczne modele interakcji genów zaangażowanych w rozwój umięśnienia i produkcję wołowiny przez bydło ras mięsnych – oś somatotropowa, sieci transdukcji sygnałów komórkowych, miostatyna, MRFs, TGF-beta



Wyniki opublikowano w:

Animal Genetics 2013; Journal of Physiology and Pharmacology 2009; Journal of Applied Genetics 2008

GENETYCZNE PODSTAWY CHORÓB ZWIERZĄT; ZWIERZĘCE MODELE CHORÓB CZŁOWIEKA

- ✓ Badany jest polimorfizm i ekspresja genów związanych ze zdrowiem zwierząt gospodarskich, a także zwierząt modelowych. Porównywane są transkryptomy gruczołu mlekowego krów zdrowych i chorych na zapalenie wymienia.
- ✓ Prowadzone są badania nad regulacją na poziomie molekularnym metabolizmu żelaza i miedzi u ssaków – świń, myszy, w tym myszy z nokautem genów związanych z metabolizmem żelaza i stresem oksydacyjnym, a także w hodowlach komórkowych.

Regulacja metabolizmu żelaza i miedzi w komórkach ssaków

Prof. Paweł Lipiński, dr hab. Rafał Starzyński i współpracownicy



- ✓ W badaniach metabolizmu żelaza u świń wykazano, że mechanizm absorpcji tego jonu u młodych zwierząt jest zupełnie inny niż u dorosłych.
- ✓ Na podstawie wyników tych badań opracowano i przetestowano nową metodę suplementacji żelaza u prosiąt; ta nowa metoda wydajnie, lepiej niż metody dotąd stosowane, uzupełnia deficyt żelaza i zapobiega anemii, biegunkom i upadkom prosiąt.
- ✓ Nowa metoda suplementacji żelaza została zgłoszona do patentowania.

Wyniki opublikowano w: PLoS One 2013 oraz w American Journal of Pathology 2010



We współpracy z Wydziałem Biologii UJ, po raz pierwszy wykazano ekspresję transportera miedzi ATP7a w wątrobie nowourodzonych myszy. W genie *atp7a* zidentyfikowano mutację – zamianę nukleotydów G na C w eksonie 15, skutkującą zamianą argininy na prolinę w konserwatywnej 6-tej domenie transbłonowej białka ATP7A.

- ✓ Wykazano, że mutacja G/C w genie *atp7a* powoduje u myszy niedobór jonów miedzi w mózgu, wątrobie i sercu.
- ✓ Myszy niosące tą mutację mogą być ważnym zwierzęcym modelem choroby Menkesa u ludzi.

Wyniki opublikowano w: Gene Expression Patterns. 2011

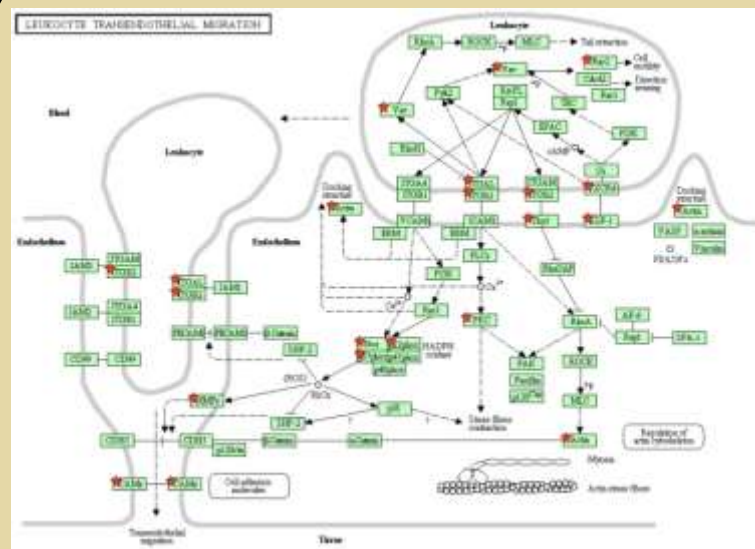
Badanie profilu ekspresji genów układu odporności w patofizjologii gruczołu mlekowego krowy w warunkach zakażenia

Prof. Emilia Bagnicka, dr Ewa Kościuczuk i współpracownicy



- ✓ Analizowano profile transkryptomyczne i ekspresję wybranych genów układu odpornościowego krów w warunkach zakażenia bakteriami *Staphylococcus* – koagulazo-negatywne i koagulazo-pozytywne.
- ✓ Niektóre z genów wybranych na podstawie tych badań mogą się okazać użytecznymi markerami w przewidywaniu podatności / odporności krów na zapalenie wymieni (mastitis).

Wyniki opublikowano w: BMC Veterinary Research 2014



Na podstawie analiz mikromacierzowych geny różniące się poziomem ekspresji w zakażonym i niezakażonym gruczole mlekowym zaliczono do różnych funkcji biologicznych i szlaków biochemicznych – wybrano geny o kluczowym znaczeniu

ROZRÓD ZWIERZĄT, EMBRIOLOGIA DOŚWIADCZALNA I BIOTECHNIKI ZARODKA

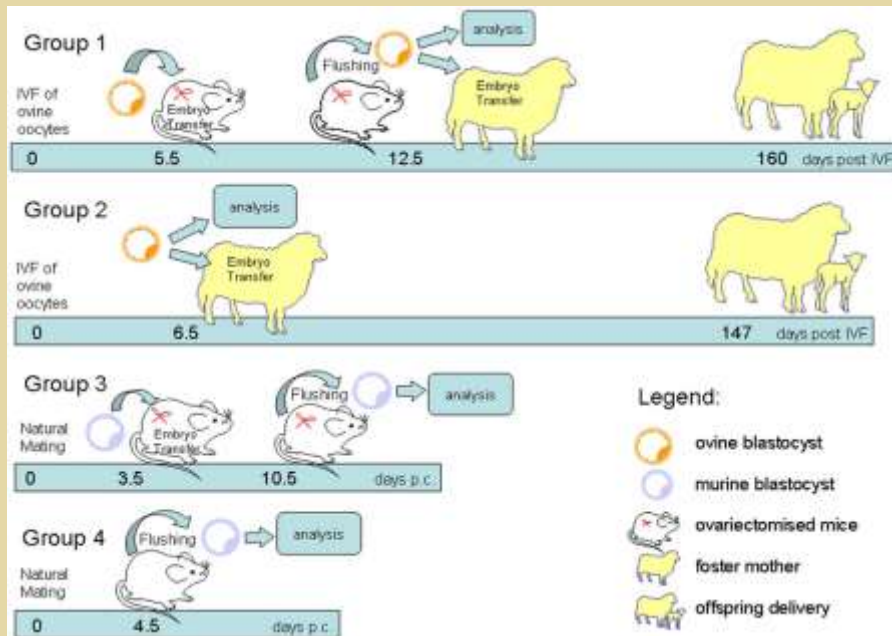


- ✓ Prowadzone są badania nad klonowaniem somatycznym i zarodkowym ssaków, interakcjami jądrocytoplazmatycznymi w trakcie rozwoju zarodków, rekonstrukcją zarodków, uzyskiwaniem chimer zarodkowo-somatycznych myszy i owcy. Uzyskano m.in. po raz pierwszy w świecie, króliki wywodzące się z trzeciej generacji zarodków 8-komórkowych seryjnie klonowanych metodą transplantacji jąder komórkowych.
- ✓ Prowadzone są badania nad klonowaniem międzygatunkowym, np. uzyskaniem zygot bydlęcych po ich rekonstrukcji jądrami fibroblastów skóry żubra. Metoda ta będzie mogła służyć w przyszłości do ratowania zagrożonych gatunków ssaków.
- ✓ Opracowywane są nowe, wysoce wydajne metody kriokonserwacji oocytów i wczesnych zarodków bydła, np. z wykorzystaniem witryfikacji.
- ✓ Na modelach zwierzęcych prowadzone są badania nad wpływem różnych warunków przebiegu ciąży i manipulacji zarodkowych – sztucznie wywołana diapauza, pobranie jednego blastomeru – na rozwój zarodka, przebieg ciąży i zdrowie potomstwa.
- ✓ Zgłoszono do Urzędu Patentowego, wspólnie z IZ-PIB Balice, wynalazek „Sposób somatycznego klonowania ssaków”. Wniosek patentowy nr 403655.

Diapauza jako konserwatywne zjawisko u różnych gatunków ssaków

Prof. Jacek Modliński i wsp., we współpracy z Teramo University, Włochy

- ✓ Wykazano, że diapauzę (zahamowanie rozwoju zarodka) można sztucznie wywołać u gatunków uważanych za „nie-diapauzujące”, np. w blastocystach przeszczepionych do ovariectomizowanych myszy. Uzyskane wyniki mogą świadczyć o tym, że diapauza jest zjawiskiem konserwatywnym ewolucyjnie.
- ✓ Wykazano, że usunięcie jednego blastomeru z wczesnego zarodka myszy (morula, blastocysta) wpływa na niektóre cechy zachowania myszy urodzonych z tych zarodków – np. zwiększona agresja, a także wpływa na otluszczenie tych zwierząt.



W innych badaniach, prowadzonych nad rozrodem myszy, wykazano, że potomstwo pochodzące po starych samcach wykazuje symptomy podobne do objawów autyzmu (the autism-like symptoms) - zaburzenia w zachowaniu socjalnym, ograniczona komunikacja z innymi członkami grupy, zachowania stereotypowe. Te wyniki mogą mieć również, znaczenie w badaniach rozrodu człowieka i w medycynie.

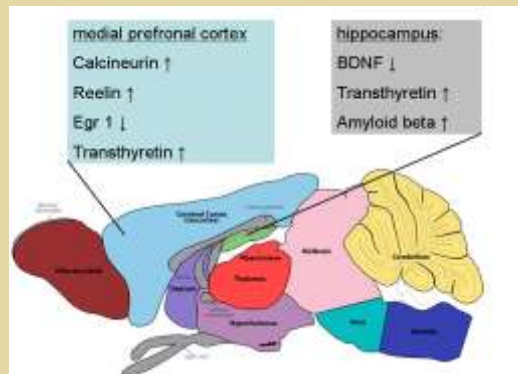
Wyniki opublikowano w: PLoS One. 2012 i Translational Psychiatry 2014

BADANIA NAD STRESEM, DOBROSTANEM I ZACHOWANIEM SIĘ ZWIERZĄT

- ✓ Prowadzone są badania nad genetycznym podłożem zróżnicowania wrażliwości na stres. Badane są transkryptomy i epigenomy mózgu myszy w warunkach stresu, także na modelu myszy o wysokiej lub niskiej analgezji postresowej
- ✓ Opracowane są metody szkolenia i oceny efektywności pracy węchowej psów do wykrywania markerów zapachowych chorób nowotworowych u ludzi, materiałów wybuchowych i narkotyków.
- ✓ Uzyskano patent (dr hab. Mariusz Sacharczuk) – wspólnie z IMDiK i firmą komercyjną NAPCO SARL “Enzymatic hydrolysate of proteins of animal tissue of nervous system for use in treatment of memory disorders”. Patent no. WO2013098415-A1.

Chroniczny stres jako czynnik wywołujący neurodegradację

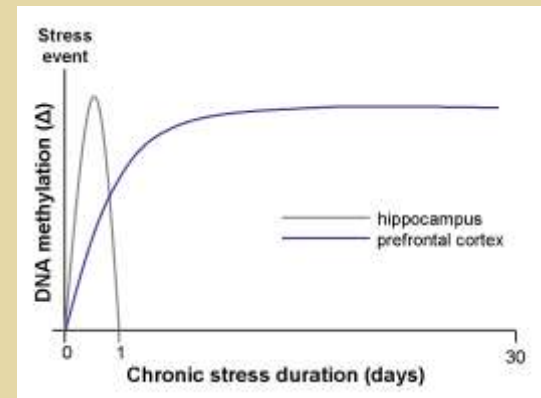
Dr Paweł Lisowski, dr Grzegorz R. Juszcak prof. Artur Świergiel i wsp.



Chroniczny stres wpływa na profil ekspresji genów w różnych strukturach mózgu myszy, głównie genów zaangażowanych w procesy neurodegradacji

- ✓ Stosując ekspresyjne mikromacierze wykazano, że chroniczny stres prowadzi do zróżnicowanej ekspresji wielu genów w różnych strukturach mysiego mózgu.
- ✓ Te geny są zaangażowane w procesy poznawcze (kognitywne) i w procesy neurodegradacji.
- ✓ Zmiany ekspresji genów mogą wynikać z regulacji na poziomie epigenetycznym, np. ze zróżnicowanej metylacji DNA, głównie w hipokampie i korze przedczołowej – kluczowych strukturach zawiadujących zdolnością uczenia się, i kontrolowaniem nastroju.
- ✓ Te wyniki mogą mieć duże znaczenie dla wczesnej diagnozy chorób związanych z nastrojem (mood disorder), neurodegradacją i w rozpoznaniu etiologii np. choroby Alzheimera u ludzi.

Wyniki opublikowano w: BMC Neurosci. 2013; Brain Res. Bull. 2013; J. Mol. Neurosci. 2013; J. Mol. Neurosci. 2012



Chroniczny stres wpływa na permanentną metylację niektórych genów, co może zakłócać procesy poznawcze (kognitywne) i inicjować neurodegradację.

Szkolenie psów do wykrywania markerów zapachowych chorób nowotworowych u ludzi

Prof. Tadeusz Jezierski i wsp.



Opracowano metodę szkolenia i oceny efektywności pracy węchowej psów do wykrywania markerów zapachowych chorób nowotworowych u ludzi w próbkach wydychanego powietrza.

- ✓ Psy są zdolne do odróżnienia zapachu wydychanego powietrza ludzi zdrowych i ludzi cierpiących na nowotwory sutka i na czerniaka.
- ✓ Procent prawidłowych wskazań przekracza 80.
- ✓ W przyszłości, tak wytrenowane psy mogły by służyć w taniej przesiewowej metodzie wczesnego wykrywania nowotworów u ludzi.

Wyniki opublikowano w: Integr. Cancer Ther. 2006; Anal. Bioanal. Chem., 2012

BADANIA BIORÓŻNORODNOŚCI ZWIERZĄ DOMOWYCH I DZIKICH

Dr hab. Agnieszka Kossakowska, dr Barbara Gralak i wsp.

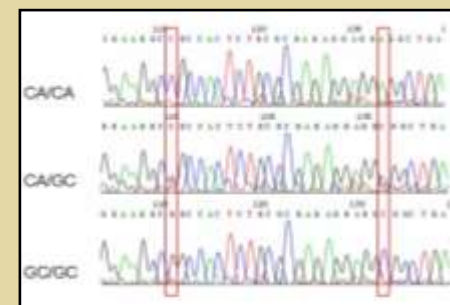


Dokonano genetycznej i filogeograficznej charakterystyki krajowej populacji żółwia błotnego. Uzyskane wyniki mają praktyczne implikacje dla czynnej ochrony tego gatunku w Polsce.

Prowadzono analizy polimorfizmu mikrosatelitarnego DNA w genomie koni arabskich i koni pełnej krwi w celu wykorzystania w kontroli pochodzenia. Przebadane konie otrzymują certyfikaty, które są podstawą do wpisania ich do ksiąg stadnych.



Na podstawie analizy polimorfizmu mitochondrialnego DNA wyodrębniono markery przydatne w hodowli zachowawczej bydła czerwonego polskiego. Uzyskane wyniki wskazują, że bydło pc charakteryzuje się unikalną sekwencją genomu mitochondrialnego.



Wyniki opublikowano w: Hungarian Veterinary Journal 2009; Biologia 2011; Amphibia-Reptilia 2013

ŻYWIENIE ZWIERZĄT I JAKOŚĆ PRODUKTÓW POCHODZENIA ZWIERZĘCEGO

- ✓ Badany jest wpływ różnych suplementów paszowych - kwasów tłuszczowych, selenu związków pochodzenia roślinnego, na wzrost i rozwój zwierząt gospodarskich – bydła, świń, a także na jakość produktów pochodzenia zwierzęcego
- ✓ Badany jest wpływ stosowania pasz pochodzących z roślin GMO na wzrost i rozwój zwierząt i na bezpieczeństwo produktów pochodzenia zwierzęcego.
- ✓ Opracowywane są technologie wytwarzania innowacyjnych produktów pochodzenia zwierzęcego o podwyższonej wartości odżywczej i prozdrowotnej.

Badanie bezpieczeństwa genetycznie modyfikowanych pasz w żywieniu zwierząt na modelu przepiórki japońskiej

Dr hab. Agnieszka Korwin-Kossakowska i współpracownicy

Przepiórki karmiono przez 8 pokoleń paszą zawierającą ziarno roślin genetycznie modyfikowanych – soję (Roundup Ready) i kukurydzę (MON810).

- ✓ Nie stwierdzono żadnego wpływu paszy GMO na rozwój, rozród, zdrowie, produkcję jaj i mięsa. Nie stwierdzono także obecności nawet najmniejszych śladów modyfikowanego DNA w tkankach przepiórek i w jajach.
- ✓ Uzyskane wyniki wskazują na to, że stosowanie modyfikowanych genetycznie roślin w żywieniu przepiórek (a przypuszczalnie także i innych zwierząt) nie stanowi zagrożenia zarówno dla zwierząt, jak i dla konsumentów przepiórczych jaj i mięsa.
- ✓ Doświadczenie będzie kontynuowane przez kilka następnych pokoleń.



Innowacyjne, funkcjonalne produkty pochodzenia zwierzęcego

Prof. Jarosław Horbańczuk i współpracownicy

W ramach działalności konsorcjum BIOŻYWNOŚĆ opracowano technologię wytwarzania i pakowania innowacyjnych produktów pochodzenia zwierzęcego, o wysokiej wartości odżywczej i właściwościach prozdrowotnych - wzbogaconych w składniki bioaktywne, o obniżonej alergenicności i obniżonej zawartości tłuszczu – produkty typu *light*.



Wynikiem tej działalności są zgłoszenia wynalazków w Urzędzie Patentowym:

- ✓ „Sposób wytwarzania wyrobów mięsnych wieprzowych o kontrolowanej alergenicności” nr P.404630 – **wspólne zgłoszenie SGGW i IGHZ PAN.**
- ✓ „Wyrób mięsny wieprzowy i sposób jego wytwarzania,” nr P.404881 – **wspólne zgłoszenie SGGW i IGHZ PAN.**
- ✓ "Sposób pakowania prozdrowotnych wyrobów wieprzowych,” nr P.404882. – **wspólne zgłoszenie SGGW i IGHZ PAN.**
- ✓ „Sposób wytwarzania dodatku paszowego białkowo-energetycznego dla bydła mlecznego i mięsnego”. nr: P.405508 – **wspólne zgłoszenie UR Kraków i IGHZ PAN.**
- ✓ „Sposób wytwarzania pro biotycznego jogurtu i pro biotyczny jogurt” nr P-406168 – **wspólne zgłoszenie IZ-PIG/Kołuda Wielka i IGHZ PAN.**
- ✓ "Sposób wytwarzania sera twarogowego ziarnistego z mleka owczego i ser owczy ziarnisty" Nr: P-405282 – **wspólne zgłoszenie IZ-PIG/Kołuda Wielka i IGHZ PAN.**

Plany na przyszłość



- ✓ **Hodowla zwierząt** – Badania jakości produktów zwierzęcych, wpływu genotypu oraz żywienia i składu pasz na skład i wartość odżywczą mięsa i mleka.
- ✓ **Embriologia doświadczalna** – Zwiększenie efektywności klonowania zwierząt i jakości zarodków zwierzęcych uzyskiwanych metodami IVM/IVF.
- ✓ **Zachowanie się zwierząt** – Identyfikacja molekularnych markerów genetycznych dla wybranych cech behawioru zwierząt doświadczalnych i gospodarskich.
- ✓ **Genetyka molekularna** – Polimorfizm genów i jego wpływ na cechy użytkowe zwierząt. Genomika funkcjonalna zwierząt gospodarskich - badana z wykorzystaniem nowoczesnych metod: transkryptomiki, proteomiki, mikromacierzy ekspresyjnych i SNP, sekwencjonowania następnej generacji (NGS); epigenomika.

**Dziękuję
za uwagę**

