

**BIULETYN
INFORMACYJNY
PTG**

17/2010

**Biuletyn redaguje
Prof. dr hab. Wanda Małek**

Lublin 2011

SPIS TREŚCI

1. Wstęp - Anna Skorupska	3
2. Konkurs PTG - Anna Skorupska	4
3. Archeogenetyka ludzkich populacji Europy środkowej i wschodniej w świetle badań markerów haploidalnych - Tomasz Grzybowski	5
4. <i>Elysia chlorotica</i> - „naturalne” GMO - Paweł Szpot	7
5. Struktura organizacyjna PTG	19
6. Firmy wspierające finansowo PTG	23
7. Nagrody PTG za najlepsze prace opublikowane w roku 2010	23
8. Granty PTG dla Studenckich Kół Naukowych	24
9. Informacja o III Polskim Kongresie Genetyki	24
10. IV Polski Kongres Genetyki	26
11. Sprawozdanie z działalności naukowej Oddziałów PTG w roku 2010	26
12. Informacje Zarządu Głównego PTG	29

WSTĘP

Szanowni Państwo,

Przekazujemy Państwu kolejny numer Biuletynu Informacyjnego Polskiego Towarzystwa Genetycznego (PTG). Znajdziecie w nim Państwo, oprócz stałych punktów dotyczących działalności Oddziałów w roku 2010, krótką informację dotyczącą III Polskiego Kongresu Genetyki, konkursu na najlepsze prace opublikowane w 2010 roku w różnych działach genetyki i konkursu na dofinansowanie badań studenckich kół naukowych. Polecam również Państwa uwadze dwa opracowania - autorstwa dr hab. Tomasza Grzybowskiego, prof. UMK w Bydgoszczy oraz mgr Pawła Szpota, obecnie student V roku Biotechnologii Uniwersytetu M. Curie-Skłodowskiej w Lublinie.

Składam serdeczne podziękowania Pani prof. Wandzie Małek za przygotowanie niniejszego numeru biuletynu oraz Pani prof. Annie Nadolskiej-Orczyk za opiekę nad stroną internetową PTG.

Życzę Państwu przyjemnej lektury

Prof. dr hab. Anna Skorupska
Przewodnicząca Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego

KONKURS PTG

Polskie Towarzystwo Genetyczne ogłosiło coroczny konkurs na wyróżniające się prace badawcze z zakresu genetyki wykonane w pracowniach na terenie Polski i opublikowane w 2010 roku. Dokładny regulamin konkursu ustala Komisja Nagród PTG.

Główną ideą konkursu jest propagowanie genetyki jako nauki niezwykle ważnej w medycynie, biotechnologii, rolnictwie oraz hodowli zwierząt o bardzo dużych możliwościach rozwoju. Pragniemy również zwrócić uwagę opinii społecznej na wysoki poziom badań naukowych prowadzonych w Polsce.

Konkurs na wyróżniające się prace badawcze z zakresu genetyki został rozstrzygnięty przez Komisję Nagród PTG. Wyniki konkursu przedstawione są w niniejszym Biuletynie, a nagrody zostaną uroczyście wręczone podczas IV Kongresu Biotechnologii Eurobiotech w Krakowie w dniu 15 października 2011 roku.

Prof. dr hab. Anna Skorupska
Przewodnicząca Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego

Archeogenetyka ludzkich populacji Europy środkowej i wschodniej w świetle badań markerów haploidalnych

Dr hab. Tomasz Grzybowski, prof. UMK
Katedra Medycyny Sądowej i Zakład Genetyki Molekularnej i Sądowej Collegium
Medicum UMK

Archeogenetyka to pojęcie zastosowane po raz pierwszy przez Colina Renfrew'a, brytyjskiego archeologa, a jednocześnie entuzjasty genetyki populacyjnej [Renfrew 2001a]. Odnosi się ono do dyscypliny, w której historia populacji ludzkich odtwarzana jest metodami genetyki molekularnej. W badaniach historii populacji szczególnie użyteczne okazują się markery haploidalne, czyli mitochondrialny DNA (mtDNA) dziedziczony w linii żeńskiej bez rekombinacji oraz nierekombinująca część chromosomu Y (NRY) przekazywana przez ojców tylko ich męskim potomkom. Dzięki takiemu sposobowi dziedziczenia cząsteczki mtDNA oraz chromosomy Y można klasyfikować w tzw. haplogrupach, czyli grupach cząsteczek wywodzących się od wspólnego przodka. Za pomocą odpowiednich technik bioinformatycznych odtwarza się filogenezę haplogrup, tj. powiązania ewolucyjne pomiędzy cząsteczkami DNA w obrębie danej haplogrupy oraz pomiędzy różnymi haplogrupami. Co więcej, mutacje w mtDNA i chromosomie Y można porównać do swoistego przesuwania się wskazówek zegara – im większe jest nagromadzenie mutacji w cząsteczkach wywodzących się od wspólnego przodka, tym dawniej ów przodek się pojawił. Na tej podstawie opracowano różne metody datowania molekularnego, pozwalające na określanie wieku ewolucyjnego haplogrup, a tym samym na odtwarzanie różnych epizodów z historii populacji.

Badania markerów haploidalnych w populacjach słowiańsko-języcznych [Malyarchuk i wsp. 2002; 2008; 2010; Grzybowski i wsp. 2007; Woźniak i wsp. 2007; 2010], przeprowadzone w Katedrze Medycyny Sądowej CM UMK w ciągu ostatnich kilku lat, objęły blisko 2500 osób należących do trzech słowiańskich grup językowych – zachodniej (Polacy, Czesi, Słowacy), wschodniej (Rosjanie, Ukraińcy) oraz południowej (Serbowie, Chorwaci, Słoweńcy). Na poziomie całych populacji Słowianie nie różnią się istotnie od innych Europejczyków. W istocie najmłodsze populacje europejskie, w tym również poszczególne grupy słowiańskie uformowały się na istniejącym wcześniej, wspólnym genetycznym podłożu. Aby jednak zidentyfikować te komponenty genetyczne, które byłyby specyficzne niemalże wyłącznie dla Słowian, zwiększono do maksimum rozdzielczość badań mtDNA. Dzięki badaniom pełnych genomów mitochondrialnych udało się m.in. scharakteryzować mitochondrialną podhaplogrupę U4a2, która, zgodnie z wynikami datowania molekularnego powstała w Europie środkowo-wschodniej około 7000 lat temu, a dziś obserwowana jest przede wszystkim w populacji polskiej, rosyjskiej i ukraińskiej. Jej ekspansja w Europie środkowej, północnej i wschodniej mogła się pokrywać z ekspansją tzw. archeologicznej kultury ceramiki sznurowej, która kwitła w Europie od 3200 do 2300 lat p.n.e. Podobnie można zinterpretować wyniki badań pełnych genomów należących do podhaplogrup U5a2a, U5a2b1 i H5a1,

charakteryzujących się zbliżonym wiekiem ewolucyjnym (ok. 8000 lat) i powstałych najprawdopodobniej w Europie centralnej. Wydaje się, że centralno-europejski rodowód oraz okres ekspansji takich podhaplogrup jak U4a2, U5a2a, U5a2b1 oraz H5a1 mogą być argumentami za ciągłością genetyczną pomiędzy epoką brązu a historycznym pojawieniem się ludności słowiańskiej pomiędzy Odrą i Wisłą. Jeszcze bardziej zaawansowane wiekowo są mitochondrialne haplogrupy HV3, HV4 i U4a1 – powstały one prawdopodobnie już w okresie przedneolitycznym (12000-19000 lat temu) w Europie wschodniej. Z kolei dzięki badaniom chromosomu Y udało się wskazać komponenty specyficzne niemalże wyłącznie dla Słowian zachodnich – Polaków, Czechów i Słowaków. Chodzi o podgrupę chromosomów Y stanowiącą część haplogrupy R1a1 (R1a1a7-M458). Podhaplogrupa ta występuje z najwyższymi częstościami u Polaków (15-36% w różnych subpopulacjach naszego kraju), a datowanie należących do niej haplotypów Y-STR z charakterystycznymi kombinacjami alleli 10 i 14 oraz 9 i 14 w locus DYS385ab za pomocą zegara molekularnego sekwencji mikrosatelitarnych dostarcza wartości około 2000 lat. Takie wyniki datowania również mogłyby świadczyć o istnieniu ciągłości genetycznej pomiędzy ludnością słowiańską a przed-słowiańską.

Należy jednakże zwrócić uwagę, że wspomniana powyżej ciągłość genetyczna (biologiczna) w Europie centralnej nie musiała być tożsama z ciągłością kulturową. W istocie zarówno dane genetyczno-populacyjne, antropologiczne (pochodzące z analiz zróżnicowania cech morfologicznych czaszek i uzębienia), jak i paleodemograficzne świadczą o biologicznej ciągłości zasiedlenia na obszarze zajmowanym przez Słowian zachodnich i wschodnich, a więc sprzeciwia się „allochtonicznej” koncepcji pochodzenia i rozprzestrzenienia się Słowian, zakładającej ich nagłą ekspansję terytorialną z ograniczonego obszaru dorzecza Prypeci, Dniepru i Prutu [Piontek 2006; Piontek i wsp. 2008]. Jednocześnie należy uznać za prawdopodobne, że podłoże na którym ukształtowała się wczesna Słowiańszczyzna miało raczej charakter kulturowy niż biologiczny. Pojawienie się zauważalnych śladów kultury materialnej Słowian w VI stuleciu naszej ery należy zatem przypisać skutecznemu przekazywaniu określonych wzorców kulturowych przez napływową mniejszość, aż do momentu kiedy owe wzorce stały się dominujące wśród całej społeczności Europy środkowej i wschodniej (model tzw. „dominacji elit” zaproponowany pierwotnie przez Colina Renfrew’a jako mechanizm zmian językowych) [Renfrew 2001b]. Mniej prawdopodobna w świetle wyników badań genetyczno-populacyjnych, antropologicznych i paleodemograficznych wydaje się natomiast koncepcja, według której Słowiańszczyzna powstała na skutek gwałtownych ekspansji (migracji) z ograniczonych obszarów wschodniej Europy, którym miał towarzyszyć znaczący przepływ genów.

Piśmiennictwo

Grzybowski T, Malyarchuk BA, Derenko MV, Perkova MA, Bednarek J, Woźniak M (2007). Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial

- DNA analysis. *Forensic Sci Int Genet* 1 (2): 141-147.
- Malyarchuk BA, Derenko M, Grzybowski T, Perkova M, Rogalla U, Vanecek T, Tsybovsky I (2010). The peopling of Europe from the mitochondrial haplogroup U5 perspective. *PLoS One* 5 (4): e10285.
- Malyarchuk BA, Grzybowski T, Derenko MV, Czarny J, Woźniak M, Miścicka-Słiwa D (2002). Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Ann Hum Genet* 66 (Pt 4): 261-283.
- Malyarchuk BA, Grzybowski T, Derenko M, Perkova M, Vanecek T, Lazur J, Gomolcak P, Tsybovsky I (2008). Mitochondrial DNA phylogeny in Eastern and Western Slavs. *Mol Biol Evol* 25 (8): 1651-1658.
- Piontek J (2006). Etnogeneza Słowian w świetle najnowszych badań antropologicznych. *Slavia Antiqua* 47: 161-189.
- Piontek J, Iwanek B, Segeda S (2008). *Antropologia o pochodzeniu Słowian*. Poznań, Monografie Instytutu Antropologii UAM.
- Renfrew C (2001a). From molecular genetics to archaeogenetics. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98 (9): 4830-4832.
- Renfrew C (2001b). *Archeologia i język: łamigłówek pochodzenia Indoeuropejczyków*, Wydawnictwo Naukowe PWN.
- Woźniak M, Grzybowski T, Starzyński J, Marciniak T (2007). Continuity of Y chromosome haplotypes in the population of Southern Poland before and after the Second World War. *Forensic Sci Int Genet* 1 (2): 134-140.
- Woźniak M, Malyarchuk B, Derenko M, Vanecek T, Lazur J, Gomolcak P, Grzybowski T (2010). Similarities and distinctions in Y chromosome gene pool of Western Slavs. *Am J Phys Anthropol* 142 (4): 540-548.

Elysia chlorotica - „naturalne” GMO

Mgr Paweł Szpot

Student V roku Biologii, Uniwersytet M. Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Wstęp

Pierwsze chloroplasty w komórkach eukariotycznych pojawiły się ok. 1,6 miliarda lat temu w wyniku pierwotnej endosymbiozy (Yoon i in. 2004). Komórki bakterii fotosyntetycznych zostały wchłonięte, lecz nie strawione przez tlenową komórkę gospodarza.

Endosymbioza to rodzaj interakcji polegającej na tym, że jeden organizm żyje w ciele innego i funkcjonuje razem z nim. Przykłady endosymbiozy pojawiały się wielokrotnie podczas procesu ewolucji i trwają do dziś. Najnowsze osiągnięcia technologii sekwencjonowania genomów umożliwiają dokładniejsze poznanie zależności między endosymbiontem, a gospodarzem (Nowack i Melkonian, 2010).

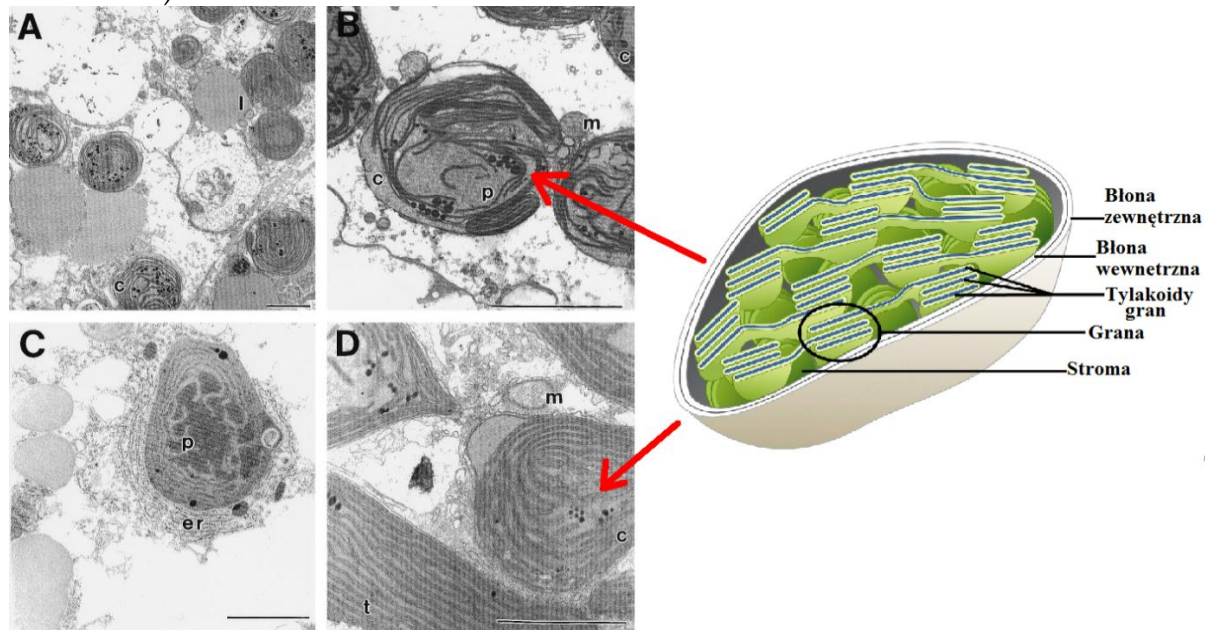
Symbioza *Elysia chlorotica* i *Vaucheria litorea*.

Ciekawym przykładem endosymbiozy jest interakcja tyłoskrzelnego ślimaka morskiego *Elysia chlorotica* z glonem *Vaucheria litorea*. *E. chlorotica* żyje w wodach przy wschodnim wybrzeżu Stanów Zjednoczonych. W cytoplazmie komórek dorosłego zwierzęcia znaleziono chloroplasty pochodzące z nitkowatych

glonów, którymi się odżywia. W komórkach ślimaka nie występują żadne inne organella roślinne (Pierce i in. 1996). Między organizmem ślimaka, a chloroplastami glona dochodzi do specyficznej formy symbiozy zwanej kleptoplastią. W kleptoplastii glon jest zjadany i trawiony, natomiast jego nieuszkodzone chloroplasty są wchłaniane przez komórki drapieżnika, w których przez określony czas mogą przeprowadzać fotosyntezę. Chloroplasty, które znajdują się wewnątrz komórek ślimaka są nazywane kleptoplastami. Zjawisko kleptoplastii związane jest z cyklem życiowym ślimaka (Clark i in. 1990).

Obecność zielonego barwnika w ciele ślimaka morskiego po raz pierwszy została opisana w 1876r. przez De Negri i De Negri. Obiektem obserwacji był ślimak z gatunku *Elysia viridis*. Kilka lat później w 1883r. Brandt wyizolował małe zielone „organizmy” ze zwierzęcia. Zainteresowanie tymi badaniami wzrosło w drugiej połowie XXw. W 1965r. Kawaguti i Yamasu dowiedli, że w komórkach zwierzęcych występują jedynie chloroplasty pochodzące od glonów, a nie jednokomórkowe glony. Od tego czasu prowadzone są skrupulatne badania, które fascynują naukowców na całym świecie (Rumpho i in. 2000).

Chloroplasty znajdujące się w komórkach *E. chlorotica* pod względem strukturalnym są w stanie nienaruszonym mimo tego, że w komórkach *V. litorea* są one dodatkowo otoczone retikulum endoplazmatycznym (Ryc. 1C). W ich wnętrzu znajdują się w pełni wykształcone tylakoidy. Błona zewnętrzna kleptoplastów wydaje się być w bezpośrednim kontakcie z cytoplazmą komórki zwierzęcia. Widma absorpcyjne pigmentów z *E. chlorotica* są podobne do widm absorpcyjnych *V. litorea*, co świadczy o podobieństwie profili barwników glona i ślimaka. Gibson i in. (1986) twierdzili, że zdrowe ślimaki prawdopodobnie mogą przeprowadzać fotosyntezę przez 4 miesiące od momentu wyeliminowania glonów z ich pokarmu. Dzisiaj wiemy, że okres ten może trwać od 9 - 10 miesięcy (Rumpho i in. 2000).



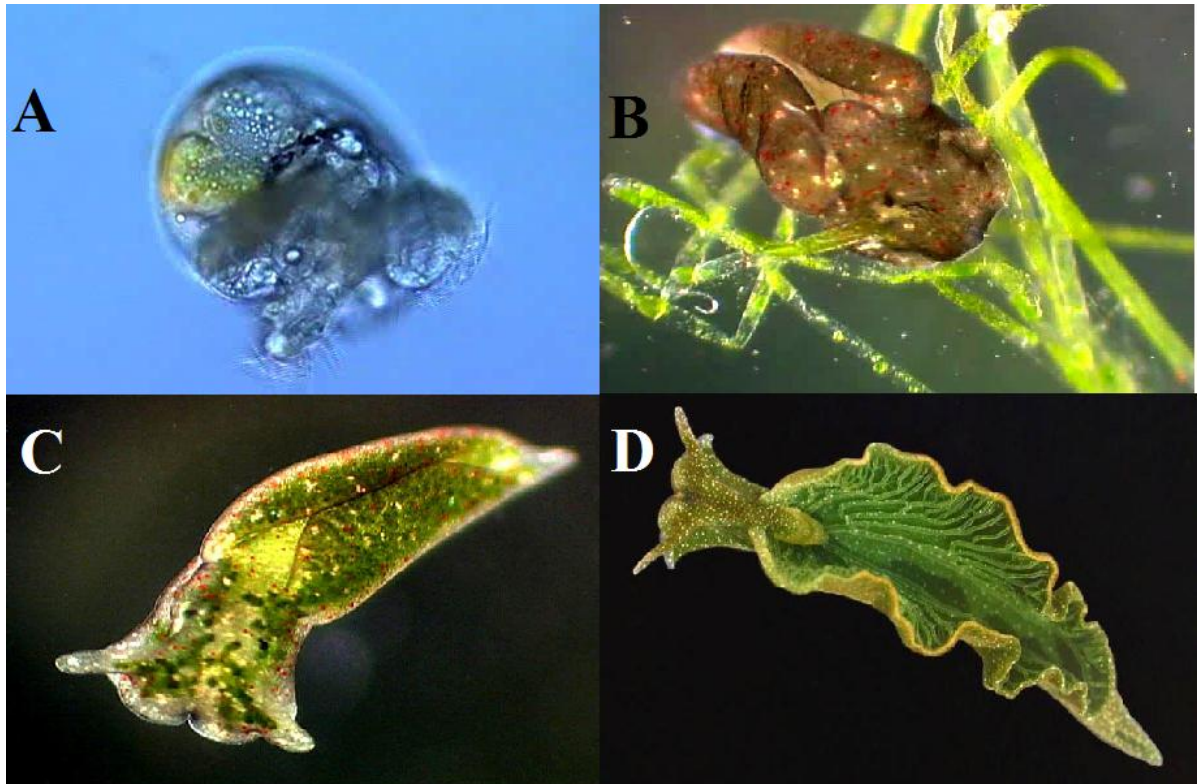
Ryc. 1. Zdjęcia z mikroskopu elektronowego komórek *E. chlorotica* (A i B) oraz *V. litorea* (C i D). Symbiotyczne chloroplasty (c), retikulum endoplazmatyczne (er), duże pirenoidy (p), zakumulowane lipidy (l), tylakoidy (t), mitochondria (m)

(Rumpho i in. 2000; www.uic.edu/classes/bios/bios100/lectures/ps01.htm).

Cykl życiowy *E. chlorotica*

Okolo 11 miesięczny cykl życiowy zaczyna się od złożenia jaj przez osobniki dorosłe późną wiosną. Początkowo planktoniczna larwa ślimaka, która nie zawiera plastydów rozwija się w morzu ok. 7 dni (Fot. 1A). Do metamorfozy potrzebuje ona nitkowatych glonów *Vaucheria litorea* lub *V. compacta*, którymi się odżywia. Spontaniczna metamorfoza jest bardzo rzadka. Larwa traci szaro-brązową skorupkę, co jest bezwzględnym wymogiem do akwizycji plastydów i kontynuowania rozwoju (Fot. 1B). Postać larwalna przekształca się w formę młodocianą już po 5 dniach od pierwszego karmienia (Fot. 1C). Ślimaki zachowują plastydy tylko w komórkach wyścielejących silnie rozgałęziony przewód pokarmowy. Wraz z rozwojem i wzrostem ślimaka rozwijają się także uchylki jego przewodu pokarmowego, co umożliwia rozprzestrzenianie się plastydów w ciele mięczaka. W pełni wykształcona postać dorosła ma jednolity zielony kolor (Fot. 1D). W ciągu następnych miesięcy swojego życia ślimak odżywia się glonami, jeśli są one dostępne, lub odżywia się fotoautotroficznie używając nowo zdobytych chloroplastów. Co ciekawe, w laboratorium zauważono, że wkrótce po złożeniu jaj, pod koniec wiosny, osobniki dorosłe zaczynają synchronicznie, masowo wymierać. Żywotność osobników występujących w naturalnym środowisku jest taka sama, jak osobników hodowanych w laboratorium i nie zależy ona od tego, czy dostarcza się im pokarm w postaci glonów, czy też nie (Rumpho i in. 2008). Naukowcy uważają, że przyczyną tego masowego wymierania nie jest utrata funkcji chloroplastów, ale endemiczne patogeny wirusowe w populacji tych zwierząt (Pierce i in. 1999).

251658240

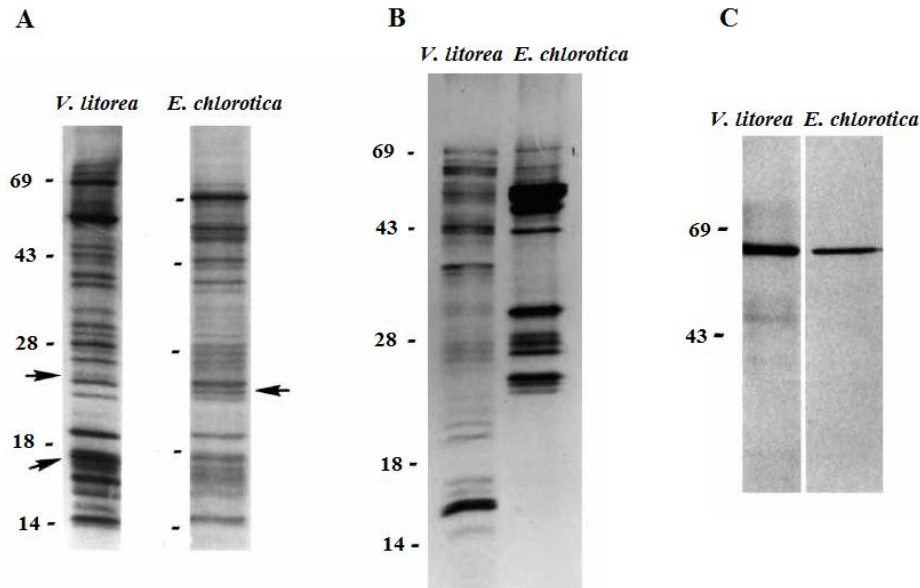


Zdjęcie 1. Cykl życiowy *Elysia chlorotica*. A – żęglarek – planktoniczna larwa.

Zielone zabarwienie jelita można przypisać planktonicznemu pokarmowi. Na tym etapie nie ma jeszcze plastydów w ciele ślimaka. B – postać młodociana po przeobrażeniu, odżywiająca się pierwszy raz *V. litorea*. C- postać młodociana z rozprzestrzeniającymi się plastydami. D – w pełni ukształtowana postać dorosła (Rumpho i in. 2008)

Biochemiczne i molekularne aspekty symbiozy *E. chlorotica* i *V. litorea*.

Portugalscy naukowcy zbadali siedem gatunków ślimaków morskich (*Plakobranthus ocellatus*, *Elysia timida*, *Elysia sp*, *Elysia tomentosa*, *Thuridilla carlsoni*, *T. lineolata* i *Elysiella pusilla*) pod względem ich zdolności do utrzymywania funkcjonalnych chloroplastów. Najdłużej chloroplasty funkcjonowały u *P. ocellatus* – 11 miesięcy (Jesus i in. 2010). Dowiedziano, że chloroplasty pochodzące od *V. litorea* mogą przetrwać w komórkach *E. chlorotica* nawet przez 10 miesięcy (Rumpho i in. 2000). Chociaż nie ma dowodów na podział chloroplastów w cytoplazmie komórek ślimaka, zaobserwowano syntezę kilku białek chloroplastów podczas trwania tej unikalnej endosymbiozy, w tym białek, które są kodowane przez geny jądrowe *V. litorea*. Profile białkowe chloroplastów ślimaka i glona są bardzo podobne. Istnieje przynajmniej jeden polipeptyd w chloroplastach ślimaka, który nie występuje u glona i odwrotnie. Oba organizmy różnią się również względną liczebnością niektórych białek chloroplastów. Najprawdopodobniej spowodowane jest to odmiennym środowiskiem komórkowym, w którym one występują. Pierce i wsp. (1996) inkubowali ślimaki z wyznakowaną [³⁵S]metioniną, a następnie wykonali autoradiografię białek z wyizolowanych chloroplastów. Okazało się, że synteza kilku białek chloroplastów zachodzi w plastydach znajdujących się wewnątrz komórek mieczaków. Był to pierwszy dowód na to, że białka chloroplastu są syntetyzowane przez komórkę zwierzęcą. Dzięki eksperymentom polegającym na immunoprecypitacji dowiedziano, że w ślimaku dochodzi do syntezy dużej podjednostki RuBisCO (Pierce i in. 1996). Geny dużej podjednostki RuBisCO (*rbcL*) nigdy nie zostały znalezione poza genomem plastydowym w żadnym fotosyntetyzującym organizmie eukariotycznym. Analizy hybrydyzacji metodą Southerna dowiodły, że DNA ślimaka koduje również małą podjednostkę RuBisCO (Mujer i in. 1996). Z kolei pięć lat później zbadano rodzinę białek plastydu LHCI (ang. light - harvesting complex I). Z badań wynika, że synteza tych białek zachodzi w chloroplastach znajdujących się wewnątrz komórek przewodu pokarmowego ślimaka. Ponadto wyniki wskazują, że polipeptydy LHCI są produktami genów jądrowych ślimaka, ponieważ ich synteza jest hamowana przez inhibitor rybosomów cytoplazmatycznych – CHX (cykloheksimid), inhibicji nie zaobserwowano w przypadku użycia inhibitora rybosomów plastydowych – CAP (chloramfenikol) (Hanten i Pierce 2001).



Ryc. 2. Analiza białek chloroplastów *E. chlorotica* i *V. litorea*. (A) profile białkowe chloroplastów izolowanych z *E. chlorotica* i *V. litorea* uzyskane drogą elektroforezy SDS - PAGE i wybarwione błękitem Coomassie. Strzałki pokazują białka obecne tylko w chloroplastach glonów lub tylko w chloroplastach ślimaka. (B) Autoradiografia białek przygotowanych analogicznie jak w przypadku „A”, przedstawiająca położenie białek chloroplastów *E. chlorotica* i *V. litorea*, które zawierały [³⁵S]metioninę. (C) Autoradiografia immunoprecypitowanej dużej podjednostki RuBisCO z chloroplastów *E. chlorotica* i *V. litorea* wyizolowanych po oznakowaniu organizmów [³⁵S]metioniną (Pierce i in. 1996, zmodyfikowana).

Badacze wykorzystali immunobloting do analizy białek chloroplastów *E. chlorotica*. Prowadzili hodowle zwierząt zawierających kleptoplasty bez dostępu glonów przez 9 miesięcy. Z ich pracy wynika, że ilość polipeptydów w plastydach zwierzęcia waha się w zależności od długości okresu trwania endosymbiozy oraz od rodzaju badanego białka. Z reguły ilość syntetyzowanych białek zaczyna spadać po okresie ok. 5-6 miesięcy. Po tym okresie odnotowano również spadek wydajności fotosyntezy. Zaobserwowano również utratę pigmentacji u starszych ślimaków, podobną do tej w starzejących się liściach. Sugeruję to, że te zwierzęta poprzez swój naturalny, krótki cykl życiowy trwający ok. 11 miesięcy, nie są w stanie zapewnić niezbędnych warunków środowiska komórkowego i komponentów do produkcji białek, koniecznych dla funkcjonowania „maszyny” fotosyntetycznej endosymbiotycznych chloroplastów (Green i in. 2000).

Przedstawione eksperymenty dowodzą, że relacje pomiędzy *E. chlorotica* i endosymbiotycznymi chloroplastami *V. litorea* są znacznie bardziej skomplikowane niż tylko utrzymanie funkcjonalnych plastydów i wykorzystywanie ich w celu przeprowadzania fotosyntezy.

Aspekt genetyczny

Fenomen symbiozy *E. chlorotica* i *V. litorea* polega na tym, że symbiont nie jest genetycznie autonomicznym, kompletnym organizmem, natomiast jest pojedynczym, pół - autonomicznym organellum (chloroplastem). Co więcej w odróżnieniu od innych znanych nam relacji symbiotycznych, w których biorą

udział glony jednokomórkowe, chloroplasty znajdują się wewnątrz komórek, a nie pomiędzy komórkami (Rumpho i in. 2001), lub wewnątrz wakuoli, jak to ma miejsce u niektórych protistów (Nowack i Melkonian 2010).

Trwające nawet 10 miesięcy funkcjonowanie chloroplastów w cytozolu komórek mięczaka jest zadziwiające chociażby z tego powodu, że większość genów odpowiedzialnych za aktywność metaboliczną chloroplastów w tym: syntezę barwników fotosyntetycznych i regulację ekspresji genów plastydów i regulacja fotosyntezy zostały przeniesione z pradawnego przodka sinicy do jądra komórkowego pradawnego symbionta (Martin i Herrmann, 1998). W toku ewolucji zdążyły się wytworzyć odpowiednie szlaki transportu białek do tych organelli, dzięki czemu mimo ograniczonej liczby genów, chloroplasty mogą normalnie funkcjonować w komórkach roślinnych i niektórych komórkach bakteryjnych (Cavalier-Smith, 2000). Zatem jak to możliwe, że chloroplasty pobrane wraz z pokarmem (kleptoplasty) mogą funkcjonować w komórkach zwierzęcych. Japońscy naukowcy przeprowadzili analizy filogenetyczne, na podstawie których można sądzić, że przodkowie *E. chlorotica* mogli posiadać niefunkcjonalne kleptoplasty, które następnie zanikły (Maeda i in. 2010).

Martin i Herrmann (1998) sugerują, że chloroplasty do swojego funkcjonowania wymagają od 2000 do 4000 białkowych produktów (Martin i Herrmann 1998). Zatem genom chloroplastów pochodzących od *V. litorea* zawierający 115 341 pz, w tym 169 genów, z których 139 genów koduje białka (Rumpho i in. 2008), jest za mały, aby mogły one same funkcjonować. Ogromna liczba białek kodowanych w jądrze musi być importowana do chloroplastu, aby możliwa była regulacja procesów, które zachodzą wewnątrz nich. U niektórych gatunków *Arabidopsis* liczba ta może sięgać 5000 (Martin i Herrmann 1998). Nie od dziś wiadomo, że sygnały wytwarzane przez plastydy dostarczające informacji na temat stanu fotosyntezy i/lub metabolizmu, wpływają na regulację transkrypcji genów jądrowych. Poza tym rozwój i/lub stan metaboliczny plastydu wpływa na ekspresję genów jądrowych, nie plastydowych białek, a także genów mitochondrialnych. Zatem można stwierdzić, że plastydy biorą udział w kontroli rozwoju i metabolizmu komórki (Leister, 2003).

Utrata podwójnej błony otaczającej chloroplasty glona zmniejsza ograniczenia dotyczące transportu białek do kleptoplastów i otwiera możliwość błędnego kierowania białek zwierzęcych do kleptoplastów. W organizmach zwierząt istnieje wiele mitochondrialnych i cytoplazmatycznych białek, które mogłyby zastąpić te same lub podobne białka w kleptoplastach. Jednym z takich białek jest syntetaza metionilo - tRNA (Menand i in. 1998).

Kolejny problem stanowi nadmierna ilość energii świetlnej, która musi być kompensowana przez specjalne fizjologiczne mechanizmy w plastydach, ponieważ wzrasta ilość energii w fotosyntetycznym łańcuchu transportu elektronów. Badania dowodzą, że osobniki *E. viridis* poddawane intensywnemu oświetleniu charakteryzowały się zmniejszonym czasem przeżycia kleptoplastów wynoszącym 5-15 dni, w stosunku do osobników hodowanych w słabym oświetleniu (15-57 dni) (Jesus i in. 2010).

Horyzontalny transfer genów.

Sekwencje genomowe są nieustannie „bombardowane” przez DNA pochodzenia organellowego. Badania wykazują, że DNA z organelli jest przekazywane do jądra komórkowego z częstością, która wcześniej była niewyobrażalna. Endosymbiotyczny transfer genów jest zjawiskiem wszechobecnym, stałym i naturalnym. Nieustający napływ DNA pochodzenia organellowego znosi autonomię tych organelli i zwiększa złożoność genomu jądrowego. Stąd genom niegdyś endosymbiotycznych bakterii (chloroplasty i mitochondria) skurczył się do genomu wielkości plazmidu (Timmis i in. 2004).

Horyzontalny transfer genów (HGT), często określany również, jako poziomy transfer genów jest procesem, w którym organizm biorcy nabywa materiał genetyczny od organizmu dawcy w sposób bezpłciowy. Przeciwnieństwem jest pionowy transfer genów, w którym dochodzi do transmisji materiału genetycznego z rodziców na potomstwo drogą reprodukcji. Zważywszy na to, że HGT pojawia się w procesach bezpłciowych i nie ograniczają go granice gatunkowe, dlatego organizmy tak różne jak np. prokaryoty i eukaryoty mogą być zaangażowane do poziomej wymiany informacji genetycznej (Bock 2009). HGT jest coraz częściej uznawany za znaczącą siłę w ewolucji eukariotycznych genomów (Keeling i Palmer 2008). Zgromadzone dowody świadczą o tym, że HGT jest szczególnie rozpowszechniony między organizmami ze sobą ściśle związanymi, albo między organizmami, których komórki mają ze sobą bezpośredni kontakt tylko sporadycznie. Dotyczy to głównie relacji mutualistycznych lub pasożytniczych (Bock 2009). Naturalny transfer genów może zachodzić drogą transformacji, transdukcji (wirusy) lub koniugacji (plazmidy) (Sorek i in. 2007). Wielu naukowców jest zdania, że między przedstawionymi w tym opracowaniu organizmami (*E. chlorotica* i *V. litorea*) doszło do horyzontalnego transferu genów (Pierce i in., 2007; Rumpho i in., 2009; Schwartz i in., 2010). Prawdopodobnie w transferze uczestniczyły endogenne wirusy *E. chlorotica* (Pierce i in. 1999). Dokładnie jak do tego doszło na razie nie wiadomo. Pewne jest to, że genom ślimaka morskiego zawiera geny pochodzące od glona. Geny te mogą być niezbędne do utrzymywania i funkcjonowania kleptoplastów (Weber i Osteryoung 2010). Horyzontalny transfer genów w tym przypadku wydają się być korzystny, ponieważ białka kodowane przez przeniesione geny pozwalają podtrzymać funkcjonowanie plastydów, dzięki którym ślimak może przetrwać długie okresy głodu trwające niemal całe jego życie. Poziomy transfer genów nie zawsze musi być korzystny. W przypadku niektórych prokariotów może być on neutralny, prawie neutralny (Gogarten i Townsend 2005) lub wręcz szkodliwy (Thomas i Nielsen 2005).

Transfery funkcjonalnych genów zarówno pomiędzy organizmami prokariotycznymi jak i pomiędzy organizmem prokariotycznym, a jednokomórkowym organizmem eukariotycznym są znane (Andersson i in. 2003, Dunning Hotopp i in. 2007). Transfer genów do organizmu wielokomórkowego jest podstawą terapii genowej. Jednakże do roku 2007 nie było bezpośrednich dowodów na tego typu przeniesienie genów w przyrodzie (Pierce i in. 2007). Problem dotyczący mechanizmu transferu funkcjonalnych genów do organizmu wielokomórkowego jest na tyle poważny, że redakcja magazynu *Science* umieściła go, jako jedno z 125 ważnych pytań, które powinno być stawiane w ciągu

najbliższych 25 lat (Kennedy i Norman 2005).

Pierce i wsp. (2007) udowodnili, że transfer funkcjonalnych genów jądrowych między dwoma tak różnymi wielokomórkowymi organizmami jest możliwy. Zbadali oni DNA genomowe zarówno larwy jak i postaci dorosłej *E. chlorotica* oraz *V. litorea* pod kątem obecności trzech białek chloroplastów (*fcp*, *Lhcv1*, *Lhcv2*) kodowanych przez genom jądrowy *V. litorea*. Z tych doświadczeń wynika nie tylko to, że geny te znajdują się w DNA genomowym *E. chlorotica*, ale także to, że zachodzi ich transkrypcja i translacja w komórkach ślimaka. Ponadto obecność tych genów stwierdzono również w komórkach larwy ślimaka, co świadczy, że geny te są również przekazywane w pionowym transferze genów. Sekwencje nukleotydowe tych genów u ślimaka i u glona są identyczne, dlatego sądzi się, że transfer genów między tymi organizmami z ewolucyjnego punktu widzenia zaszedł stosunkowo niedawno. Mechanizm tego transferu nie jest jeszcze znany, aczkolwiek mogły się przyczynić do tego endogenne retrowirusy obecne w całej populacji. Przez 15 lat badań tych ślimaków nie znaleziono zwierzęcia wolnego od tych wirusów (Pierce i in. 2007). Rumpho i in. (2008) znaleźli kolejny gen w genomie ślimaka pochodzący od glona. Jest nim *psbO* kodujący plastydowe białko stabilizujące mangan (MSP) stanowiące podjednostkę fotosystemu II niezbędną do fotolizy wody i produkcji tlenu (Rumpho i in. 2008).

Do chwili obecnej nie zsekwencjonowano genomów *V. litorea* i *E. chlorotica*. W celu zapewnienia częściowej bazy danych natywnych sekwencji glonów, które mogą być wykorzystane do przeszukiwania genomu ślimaka zastosowano sekwencjonowanie transkryptomu *V. litorea* (sekwencyjne znaczniki ekspresji – ESTs, ang. *expressed sequence tags*). ESTs bazują na RNA i reprezentują jedynie geny, które ulegały ekspresji. Mimo tego określają one dokładną sekwencję interesujących nas genów, co umożliwia nie tylko ich identyfikację, ale także porównanie z sekwencją genów ślimaka. W wyniku analiz sekwencji genomowych i cDNA *E. chlorotica* zidentyfikowano sześć kolejnych genów pochodzących od glona: geny 3 i 4 kompleksu zbierającego światło (*Lhcv* – 3, *Lhcv* – 4), gen zaangażowany w przemianę porfiryn (*UroD*) oraz trzy geny kodujące białka niezbędne do syntezy chlorofilu (*ChlH*, *ChlD* i *ChlG*). Ponadto znaleziono fragment genu kodującego fosforybulokinazę (*prk*) uczestniczącą w cyklu Calvina (Schwartz i in. 2010). Obecność genów kodujących fosforybulokinazę potwierdzają także badania Rumpho i in. (2009). Te geny podobnie jak inne odkryte w 2007 r. są także obecne w DNA larwy ślimaka, co wskazuje, że zostały włączone do linii komórek rozrodczych i są aktywnie przepisywane przez „maszynę komórkową” ślimaka (Schwartz i in. 2010). Geny *chlD* i *chlH* kodują dwie podjednostki chelatazy magnezu, która katalizuje reakcję przyłączania do pierścienia protoporfiryny IX jonu magnezu Mg^{2+} . Protoporfiryna IX stanowi miejsce rozgałęzienia dwóch szlaków biosyntezy hemu i biosyntezy chlorofilu. Do momentu powstania protoporfiryny IX oba szlaki wyglądają tak samo. Kolejnym etapem jest przyłączenie do protoporfiryny IX atomu żelaza Fe^{2+} (reakcję katalizuje ferrochelataza) w przypadku hemu, lub atomu magnezu Mg^{2+} (reakcję katalizuje chelataza magnezu) w przypadku chlorofilu (Tanaka i Tanaka 2006). Do niedawna sądzono, że synteza tego enzymu jest zarezerwowana wyłącznie dla roślin i niektórych Prokaryota. W 2009 r. udowodniono, że geny kodujące

podjednostki chelatazy magnezu znajdują się również w genomie *E. chlorotica*, a ich sekwencje są niemal identyczne z sekwencjami tych samych podjednostek chelatazy magnezu *V. litorea*. Bardzo podobne sekwencje są również w przypadku genu syntazy chlorofilu (*chlG*) (Pierce i n. 2009), która katalizuje przyłączenie fitolu do chlorofilidu a. W wyniku tej reakcji powstaje chlorofil a (Tanaka i Tanaka 2006). Doświadczenia Pierce'a i wsp. (2009) dowodzą odkrycia pierwszego zwierzęcia zdolnego do syntezy chlorofilu a przez geny jądrowe, które zostały przeniesione z organizmów stanowiących pokarm tych zwierząt. Jest to pierwszy dowód na przeniesienie całego szlaku biosyntezy między wielokomórkowymi organizmami (Schwartz i in. 2010).

Kolejnym dowodem na transfer szlaku metabolicznego może być możliwość syntezy karotenoidów przez czerwone klony mszyc z gatunku *Acyrtosiphon pisum* (Fot. 2B). Zdolność biosyntezy karotenoidów mają bakterie, grzyby i rośliny. Zwierzęta nie syntetyzują karotenoidów, lecz pobierają je z pokarmu. Dlatego zaskakujące było odkrycie genów kodujących enzymy biosyntezy karotenoidów u tych mszyc. Analizy filogenetyczne wskazują, że geny biosyntezy karotenoidów mszyc pochodzą od grzybów i najprawdopodobniej doszło między tymi organizmami do horyzontalnego transferu genów (Moran i Jarvik 2010).



Zdjęcie 2. *Acyrtosiphon pisum*, zielone (A) i czerwone (B) klony (Moran i Jarvik 2010, zmodyfikowane).

Podsumowanie.

Opisane w tej pracy współzależności między dwoma gatunkami należącymi do oddzielnych królestw są bardzo interesujące z wielu powodów. Jednym z nich jest niewątpliwie zjawisko kleptoplastii. Zagadka utrzymywania funkcjonalnych chloroplastów wewnątrz komórek zwierzęcych będzie spędzała sen z powiek naukowcom jeszcze przez długi czas. W tym celu została przystosowana cała maszyna komórki ślimaka, produkty genów biosyntezy chlorofilu obecne w genomie ślimaka muszą być znakowane i transportowane do chloroplastów, gdzie powinny współdziałać z białkami kodowanymi przez plastydy. Interesujące jest także to, jak doszło do przeniesienia genów i w jaki sposób białka plastydów funkcjonują w obcej cytoplazmie. W świetle przedstawionych badań, transfer genów pomiędzy daleko spokrewnionymi organizmami jest możliwy. Ma to szczególne znaczenie w badaniach terapii genowych, inżynierii metabolicznej, czy inżynierii genetycznej. Jest to również ważny argument w kontekście organizmów genetycznie modyfikowanych.

Literatura:

1. Andersson J. O., Sjögren Å. M., Davis L. A. M., Embley T. M., Roger A. J., 2003, Phylogenetic analyses of diplomonad genes reveal frequent lateral gene

- transfers affecting eukaryotes, *Current Biology*, 13, 94 – 104.
2. Bock R., 2009, The give-and-take of DNA: horizontal gene transfer in plants, *Trends in Plant Science*, 15, 11 – 22.
 3. Cavalier – Smith T., 2000, Membrane heredity and early chloroplast evolution, *Trends in Plant Science*, 5, 174 – 182.
 4. Clark K. B., Jensen K. R., Strits H. M., 1990, Survey of functional kleptoplasty among west atlantic Ascoglossa, *The Veliger*, 33, 339 – 345.
 5. Dunning Hotopp J. C., Clark M. E., Oliveira D. C. S. G., Foster J. M., Fischer P., Muñoz Torres M. C., Giebel J. D., Kumar N., Ishmael N., Wang S., Ingram J., Nene R. V., Shepard J., Tomkins J., Richards S., Spiro D. J., Ghedin E., Slatko B. E., Tettelin H., Werren J. H., 2007, Widespread lateral gene transfer from intracellular bacteria to multicellular eukaryotes, *Science*, 317, 1753 – 1756.
 6. Gogarten J. P., Townsend J. P., 2005, Horizontal gene transfer, innovation and evolution, *Nature Reviews Microbiology*, 3, 679 – 687.
 7. Green B. J., Li W – Y., Manhart J. R., Fox T. C., Summer E. J., Kennedy R. A., Pierce S. K., Rumpho M. E., 2000, Mollusc-algal chloroplast endosymbiosis, photosynthesis, thylakoid protein maintenance, and chloroplast gene expression continue for many months in the absence of the algal nucleus, *Plant Physiology*, 124, 331 – 342.
 8. Hanten J. J., Pierce S. K., 2001, Synthesis of several light-harvesting complex I polypeptides is blocked by cycloheximide in symbiotic chloroplasts in the sea slug, *Elysia chlorotica* (gould): a case for horizontal gene transfer between alga and animal?, *Biol. Bull.*, 201, 34 – 44.
 9. Jesus B., Ventura P., Calado G., 2010, Behaviour and a functional xanthophyll cycle enhance photo-regulation mechanisms in the solar-powered sea slug *Elysia timida* (Risso, 1818), *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 395, 98 – 105.
 10. Keeling P. J., Palmer J. D., 2008, Horizontal gene transfer in eukaryotic evolution, *Nature Reviews Genetics*, 9, 605 – 618.
 11. Kennedy D., Norman C., 2005, What don't we know?, *Science*, 309, 75 – 102.
 12. Leister D., 2003, Chloroplast research in the genomic age, *TRENDS in Genetics*, 19, 47 – 56.
 13. Maeda T., Kajita T., Maruyama T., Hirano Y., 2010, Molecular phylogeny of the Sacoglossa, with a discussion of gain and loss of kleptoplasty in the evolution of the group, *Biol. Bull.*, 219, 17 – 26.
 14. Martin W., Herrmann R. G., 1998, Gene transfer from organelles to the nucleus: how much, what happens, and why?, *Plant Physiol.*, 118, 9 – 17.
 15. Menand B., Maréchal – Drouard L., Sakamoto W., Dietrich A., Wintz H. 1998, A single gene of chloroplast origin codes for mitochondrial and chloroplastic methionyl-tRNA synthetase in *Arabidopsis thaliana*, *Plant Biology*, 95, 11014 – 11019.
 16. Moran N. A., Jarvik T., 2010, Lateral transfer of genes from fungi underlies carotenoid production in aphids, *Science*, 328, 624 – 627.
 17. Mujer C. V., Andrews D. L., Manhart J. R., Pierce S. K., Rumpho M. E., 1996, Chloroplast genes are expressed during intracellular symbiotic association of

- Vaucheria litorea* plastids with the sea slug *Elysia chlorotica*, *Cell Biology*, 93, 12333 – 12338.
18. Nowack E. C. M., Melkonian M., 2010, Endosymbiotic associations within protists, *Phil. Trans. R. Soc. B*, 365, 699 – 712.
 19. Pierce S. K., Biron R. W., Rumpho M. E., 1996, Endosymbiotic chloroplasts in molluscan cells contain proteins synthesized after plastid capture, *The Journal of Experimental Biology*, 199, 2323 – 2330.
 20. Pierce S. K., Curtis N. E., Hanten J. J., Boerner S. L., Schwartz J. A., 2007, Transfer, integration and expression of functional nuclear genes between multicellular species, *Symbiosis*, 43, 57 – 64.
 21. Pierce S. K., Curtis N. E., Schwartz J. A., 2009, Chlorophyll a synthesis by an animal using transferred algal nuclear genes, *Symbiosis*, 49, 121 – 131.
 22. Pierce S. K., Mangel T. K., Rumpho M. E., Hanten J. J., Mondy W. L., 1999, Annual viral expression in a sea slug population: life cycle control and symbiotic chloroplast maintenance, *Biol. Bull.*, 197, 1 – 6.
 23. Rumpho M. E., Pochareddy S., Worful J. M., Summer E. J., Bhattacharya D., Pelletreau K. N., Tyler M. S., Lee J., Manhart J. R., Soule K. M., 2009, Molecular characterization of the calvin cycle enzyme phosphoribulokinase in the stramenopile alga *Vaucheria litorea* and the plastid hosting mollusc *Elysia chlorotica*, *Molecular Plant*, 2, 1384 – 1396.
 24. Rumpho M. E., Summer E. J., Green B. J., Fox T. C., Manhart J. R., 2001, Mollusc/algal chloroplast symbiosis: how can isolated chloroplasts continue to function for months in the cytosol of a sea slug in the absence of an algal nucleus? *Zoology*, 104, 303 – 312.
 25. Rumpho M. E., Summer E. J., Manhart J. R., 2000, Solar-powered sea slugs. mollusc/algal chloroplast symbiosis, *Plant Physiology*, 123, 29 – 38.
 26. Rumpho M. E., Worful J. M., Lee J., Kannan K., Tyler M. S., Bhattacharya D., Moustafa A., Manhart J. R., 2008, Horizontal gene transfer of the algal nuclear gene psbO to the photosynthetic sea slug *Elysia chlorotica*, *PNAS*, 105, 17867 – 17871.
 27. Schwartz J. A., Curtis N. E., Pierce S. K., 2010, Using algal transcriptome sequences to identify transferred genes in the sea slug, *Elysia chlorotica*, *Evolutionary Biology*, 37, 29 – 37.
 28. Sorek R., Zhu Y., Creevey Ch. J., Francino M. P., Bork P., Rubin E. M., 2007, Genome-wide experimental determination of barriers to horizontal gene transfer, *Scienceexpress*, 18 October 2007, 1 – 5.
 29. Tanaka A., Tanaka R., 2006, Chlorophyll metabolism, *Current Opinion In Plant Biology*, 9, 248 – 255.
 30. Thomas Ch. M., Nielsen K. M., 2005, Mechanisms of, and barriers to, horizontal gene transfer between bacteria, *Nature Reviews Microbiology*, 3, 711 – 721.
 31. Timmis J. N., Ayliffe M. A., Huang C. Y., Martin W., 2004, Endosymbiotic gene transfer: organelle genomes forge eukaryotic chromosomes, *Nature Reviews Genetics*, 5, 123 – 135.
 32. van Doorn W. G., Yoshimoto K., 2010, Role of chloroplasts and other plastids in ageing and death of plants and animals: A tale of Vishnu and Shiva,

- Ageing Research Reviews*, 9, 117 - 130.
33. Weber A. P. M., Osteryoung K. W., 2010, From endosymbiosis to synthetic photosynthetic life, *Plant Physiology*, 154, 593 - 597.
 34. Yoon H. S., Hackett J. D., Ciniglia C., Pinto G., Bhattacharya D., 2004, A molecular timeline for the origin of photosynthetic eukaryotes, *Mol. Biol. Evol.*, 21, 809 - 818.

STRUKTURA ORGANIZACYJNA

W skład Polskiego Towarzystwa Genetycznego wchodzi:

□ ZARZĄD GŁÓWNY

□ 10 ODDZIAŁÓW

- ◆ Oddział Białostocki
- ◆ Oddział Gdański
- ◆ Oddział Krakowski
- ◆ Oddział Lubelski
- ◆ Oddział Łódzki
- ◆ Oddział Poznański
- ◆ Oddział Szczeciński
- ◆ Oddział Śląski
- ◆ Oddział Warszawski
- ◆ Oddział Wrocławski

Władze Polskiego Towarzystwa Genetycznego

Zgodnie ze statutem PTG władzami Towarzystwa są:

- ◆ Walny Zjazd Członków Towarzystwa
- ◆ Zarząd Główny
- ◆ Główna Komisja Rewizyjna
- ◆ Sąd Koleżeński

WALNY ZJAZD CZŁONKÓW TOWARZYSTWA

III Polski Kongres Genetyki odbył się w dniach 12-15 września 2010 roku w Lublinie, podczas którego na XVII Walnym Zeździe Członków Towarzystwa Genetycznego wybrano nowe władze na kadencję 2010-2013.

Kolejny, XVIII Walny Zjazd Członków Polskiego Towarzystwa Genetycznego odbędzie się podczas IV Polskiego Kongresu Genetyki w Poznaniu. Walny Zjazd Członków Towarzystwa wybierze nowe władze Towarzystwa na kadencję 2014-2016.

ZARZĄD GŁÓWNY TOWARZYSTWA

Przewodnicząca - **prof. dr hab. Anna Skorupska**

Zakład Genetyki i Mikrobiologii UMCS

ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

tel. (81) 537 59 72

e-mail: anna.skorupska@poczta.umcs.lublin.pl

Sekretarz - **prof. dr hab. Wanda Małek**
Zakład Genetyki i Mikrobiologii UMCS
ul Akademicka 19, 20-033 Lublin
tel. (81) 537 59 76
e-mail: wanda.malek@poczta.umcs.lublin.pl

Skarbnik - **dr Monika Marek-Kozaczuk**
Zakład Genetyki i Mikrobiologii UMCS
ul Akademicka 19, 20-033 Lublin
tel. (81) 537 59 74
e-mail: monika.kozaczuk@poczta.umcs.lublin.pl

Zastępca Przewodniczącej - **prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska**
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW, Warszawa

Zastępca Przewodniczącej - **prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn**
Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański

Członkowie Zarządu:

prof. dr hab. Krystyna Charon, Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt
SGGW, Warszawa

prof. dr hab. Alina T. Midro, Zakład Genetyki Klinicznej, Uniwersytet Medyczny
w Białymstoku

Komisja Nagród:

prof. dr hab. Waclaw Orczyk - przewodniczący (genetyka roślin)

e-mail: a.orczyk@ihar.edu.pl

prof. dr hab. Jerzy Bal (genetyka człowieka)

dr hab. Dorota Cieślak, prof. nadzwyczajny (genetyka zwierząt)

dr hab. Małgorzata Łobocka (genetyka mikroorganizmów)

dr hab. Grzegorz Bartoszewski (genetyka roślin)

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Krzysztof Kowalczyk - przewodniczący

prof. dr hab. Stefan Malepszy

dr hab. Janusz Kocki

Sąd Koleżeński:

prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk

prof. dr hab. Andrzej Paszewski

prof. dr hab. Marek Świtoński

Zarządy Oddziałów Towarzystwa

Oddział Białostocki

Przewodnicząca - **dr n. med. Beata Stasiewicz-Jarocka** (UM, Białystok)

email: bstasiewicz@gmail.com

Sekretarz - dr n. med. Barbara Panasiuk (UM, Białystok)

Skarbnik - mgr Anna Sawicka (UM, Białystok)

Komisja Rewizyjna:

dr n. med. Maria Aleksandrowicz-Bukin (UM, Białystok)

dr n. med. Jolanta Zdrodowska (UM, Białystok)

mgr Katarzyna Kozłowska (UM, Białystok)

Oddział Gdański

Przewodniczący - **dr hab. Borys Wróbel**

e-mail: bwrobel@iopan.gda.pl

Sekretarz - mgr inż. Michał Jachimczak

Skarbnik - dr Monika Słomińska-Wojewódzka

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn

dr Marcin Łoś

Oddział Krakowski - brak działalności

Oddział Lubelski

Przewodnicząca - **prof. dr hab. Wanda Małek** (UMCS, Lublin)

e-mail: wanda.malek@poczta.umcs.lublin.pl

Wiceprzewodnicząca: - prof. dr hab. Grażyna Jezewska-Witkowska

(UP, Lublin) e-mail: grazyna.jezewska@up.lublin.pl

Sekretarz - dr Sylwia Wdowiak-Wróbel (UMCS, Lublin)

Skarbnik - dr hab. n. med. Janusz Kocki (UM, Lublin)

Członkowie Zarządu:

prof. dr hab. Anna Skorupska (UMCS, Lublin)

prof. dr hab. Halina Antosz (UM, Lublin)

prof. dr hab. Krzysztof Kowalczyk (UP, Lublin)

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Daniela Gruszecka (UP, Lublin)

dr hab. n. med. Agata Filip (UM, Lublin) dr Andrzej Mazur (UMCS, Lublin)

Oddział Łódzki (brak aktualnych danych)

Oddział Poznański

Przewodniczący - **prof. dr hab. Tadeusz Rorat** (IGR PAN, Poznań)

e-mail: tror@igr.poznan.pl

Sekretarz - doc. dr hab. Małgorzata Jędryczka (IGR PAN, Poznań)

Skarbnik - dr Izabela Pawłowicz (IGR PAN, Poznań)

Członkowie Zarządu - doc. dr hab. Barbara Naganowska (IGR PAN, Poznań)

dr Agnieszka Kielbowicz-Matuk (IGR PAN, Poznań)

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Zbigniew Broda (UP, Poznań)

doc. dr hab. Teresa Cegielska (IHAR, Poznań)

dr Lidia Błaszczuk (IGR PAN, Poznań)

Oddział Śląski

Przewodniczący – **prof. dr hab. Ewa Grzybowska** (Centrum Onkologii, Gliwice)

e-mail: ewagrzybowska@yahoo.com

Wiceprzewodniczący – prof. dr hab. Aleksander L. Sieroń (Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice) e-mail: alsieron@sum.edu.pl

Sekretarz - dr n. med. Małgorzata Lisik (Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice)

Skarbnik - dr n. med. Jacek Pilch (Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice)

Członek Zarządu:

dr Marek Gaj (Śląski Uniwersytet Medyczny, Katowice)

Oddział Szczeciński

Przewodniczący - **prof. dr hab Piotr Masojć** (Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (ZUT)

e-mail: Piotr.Masojc@zut.edu.pl

Sekretarz - dr Beata Myśków (Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (ZUT)

Skarbnik - dr inż. Miłosz Smolik (Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (ZUT)

Komisja Rewizyjna:

dr Hanna Kulig (Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (ZUT)

dr inż. Paweł Nawrotek (Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie (ZUT)

Oddział Warszawski

Przewodnicząca – **prof. dr hab. Krystyna Izabella Wolska** (UW, Warszawa)

e-mail: izabelaw@biol.uw.edu.pl

Sekretarz - dr Anna Kraczkiewicz – Dowjat (UW, Warszawa)

Skarbnik - dr Anna M. Grudniak (UW, Warszawa),

Komisja Rewizyjna:

Przewodnicząca Komisji: dr hab. Elżbieta Wirth – Dzięciołowska prof. nadzw (Centrum Onkologii, Warszawa)

Członkowie Komisji: prof. dr hab. Stefan Malepszy (SGGW, Warszawa)

prof. dr hab. Lech Zwierzchowski (Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec)

Oddział Wrocławski

Przewodniczący – **dr inż. Dariusz Zalewski** (UP, Wrocław)

e-mail: dariusz.zalewski@up.wroc.pl

Wiceprzewodnicząca – dr inż. Magdalena Zatoń-Dobrowolska (UP, Wrocław)

Sekretarz – dr Agnieszka Stembalska (AM, Wrocław)

Skarbnik – dr Robert Śmigiel (AM, Wrocław)

Członek Zarządu - dr hab. Romuald Kosina, prof. nadzw. UW (UW, Wrocław)

Komisja Rewizyjna:

Prof. dr hab. Ewa Sawicka-Sienkiewicz (UP, Wrocław)

Prof. dr hab. Krystyna Kromer (UW, Wrocław)

Prof. dr hab. Henryk Geringer (UP, Wrocław)

FIRMY WSPIERAJĄCE FINANSOWO PTG

,Towarzystwo nasze jest wspierane finansowo przez :

- abo Grażyna Tarnowska Boreysza
- Bio-Rad Polska Sp. z o.o.
- Roche Polska Sp. z o.o.
- Sigma-Aldrich Sp. z o.o.

NAGRODY PTG ZA NAJWAŻNIEJSZE OSIĄGNIĘCIA Z ZAKRESU GENETYKI W LATACH 2007-2010, NAJLEPSZE PRACE WYKONANE W POLSKICH LABORATORIACH OPUBLIKOWANE W 2010 ROKU ORAZ GRANTY PTG DLA STUDENCKICH KÓŁ NAUKOWYCH

Polskie Towarzystwo Genetyczne przyznało w 2011 roku nagrodę za najważniejsze osiągnięcia z zakresu genetyki w latach 2007-2010. Nagroda ta dotyczyła cyklu 16 prac o łącznym IF = 41,51, opublikowanych przez zespół 23 osób z Katedry Biologii Molekularnej Uniwersytetu Gdańskiego, Pracowni Biologii Molekularnej IBB PAN afiliowanej przy UG i Instytutu Oceanologii Polskiej Akademii Nauk. Wyróżnione prace badawcze dotyczyły biologii molekularnej bakteriofagów i były prowadzone pod kierownictwem prof. dr hab. Grzegorza Węgrzyna. Były to zarówno badania podstawowe prowadzone na modelach bakteriofagowych – zmierzających do poznania molekularnych mechanizmów funkcjonowania tych wirusów, zrozumienia mechanizmów replikacji ich materiału genetycznego oraz regulacji ekspresji genów, jak też wątków aplikacyjnych, mających na celu opracowanie nowych lub ulepszonych metod wykrywania wirusów bakteryjnych. Bardzo ważną część tego cyklu publikacji stanowiły artykuły opisujące regulacje rozwoju bakteriofagów niosących geny toksyny Shiga. Opisane w nich rezultaty badań mają szansę być zastosowane w poszukiwaniach skutecznych metod leczenia zakażeń wywoływanych przez szczepy bakteryjne produkujące toksynę Shiga.

PTG przyznało także w 2011 roku coroczne nagrody za trzy najlepsze prace wykonane w polskich laboratoriach opublikowane w 2010 roku:

1. **Zalewski W, Galuszka P, Gasparis S, Orczyk W, Nadolska-Orczyk A.** 2010. Silencing of the HvCKX1 gene decreases the cytokinin oxidase/dehydrogenase level in barley and leads to higher plant productivity. *J. Exp. Bot.* 61: 1839-1851. IF (2009) = 4.271
2. **Dziewit, L., M. Dmowski, J. Baj, D. Bartosik.** 2010. Plasmid pAMI2 of *Paracoccus aminophilus* JCM 7686 carries *N,N*-dimethylformamide degradation-related genes whose expression is activated by a LuxR family regulator. *Appl. Environ. Microbiol.* 76: 1861-1869. IF (2009) = 3.686
3. **J. Wielbo, M. Marek-Kozaczuk, A. Mazur, A. Kubik-Komar A. Skorupska.** 2010. Genetic and metabolic divergence within a *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* population recovered from clover nodules. *Appl. Environ. Microbiol.* 76: 4593-4600. IF (2009) = 3.686

GRANTY PTG DLA STUDENCKICH KÓŁ NAUKOWYCH

Polskie Towarzystwo Genetyczne dzięki wsparciu finansowemu firm biotechnologicznych rozpoczęło w roku 2006 nowy program finansowania grantów, przeznaczony dla studenckich kół naukowych. Regulamin i formularze wniosku o dofinansowanie projektu badawczego zamieszczone są na stronie internetowej PTG: www.ptgen.pl/granty.html

W kolejnej edycji grantów, tj. 2011/2012 wpłynął jeden wniosek pt. „Udział wybranych polimorfizmów genu receptora interleukiny-23 (IL23R) w patogenezie zaburzeń gospodarki lipidowej” ze Studenckiego Koła Naukowego Genetyki Klinicznej Akademii Medycznej im. Piastów Śląskich we Wrocławiu. Opiekunem naukowym Studenckiego Koła Naukowego jest dr n.med. Ryszard Ślęzak. Zgodnie z decyzją Zarządu PTG grant ten będzie finansowany.

INFORMACJE O III POLSKIM KONGRESIE GENETYKI

W dniach 12-15 września 2010 roku odbył się III Polski Kongres Genetyki w Centrum Kongresowym Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Był to równocześnie XVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego (PTG) i VI Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka (PTGC).

Kongres w obecnej formie był zorganizowany po raz trzeci. Wspólna organizacja zjazdów przez PTG i PTGC sprzyja integracji środowiska genetyków i nawiązaniu nowych kontaktów naukowych.

III Polski Kongres Genetyki cieszył się dużym zainteresowaniem. Uczestniczyło w nim 650 pracowników naukowych z niemal wszystkich ośrodków zajmujących się genetyką, zarówno z wyższych uczelni, jak i instytutów PAN, instytutów branżowych i innych jednostek naukowych. Byli wśród nich doktoranci i studenci.

W Kongresie brali udział zaproszeni goście zagraniczni (18 osób). Uczestnikami Kongresu byli również genetycy ze Słowacji, Litwy i Ukrainy (15 osób).

Zakres problemów poruszanych na Kongresie był bardzo szeroki. Były to wykłady i doniesienia związane między innymi z:

- Organizacją genomów
- Regulacją ekspresji genów
- Genetyką nowotworów i innych chorób genetycznych
- Ewolucją i genetyką populacyjną

Wykład inauguracyjny „Telomery i telomeraza. Czy hamowanie telomerazy może być skuteczną metodą terapii przeciwnowotworowej?” wygłosił prof. dr hab. Janusz A. Siedlecki z Zakładu Biologii Molekularnej, Centrum Onkologii Instytutu M. Skłodowskiej-Curie w Warszawie.

Podczas Kongresu odbyły się trzy sesje plenarne z trzynastoma wykładami o zróżnicowanej tematyce z dziedziny genetyki człowieka, zwierząt, roślin i mikroorganizmów. Sesje tematyczne były podzielone na cztery działy, tj. genetyka człowieka, genetyka zwierząt, genetyka roślin i genetyka mikroorganizmów.

W ramach „Genetyki człowieka” wyodrębniono trzy podsesje tematyczne:

1. Genetyka kliniczna, molekularna i cytogenetyka
2. Genetyka nowotworów układu krwiotwórczego
3. Genetyka nowotworów narządowych.

Trzy podsesje wydzielone w sesji „Genetyka zwierząt” to:

1. Genomika i epigenomika
2. Genetyka cech ilościowych
3. Choroby genetyczne i bioróżnorodność.

W „Genetyce roślin” wyodrębniono następujące podsesje:

1. Struktura i funkcja genu/genetyka rozwoju, interakcja genomu i środowiska/
2. Ewolucja i genetyka populacji
3. Genetyka i rolnictwo.

Dwie podsesje tematyczne wydzielono w „Genetyce mikroorganizmów”:

1. Organizacja genomów mikroorganizmów i genetyka bakteriofagów
2. Ekspresja genów i molekularne podstawy interakcji mikroorganizm-gospodarz.

Podczas uroczystości otwarcia III Polskiego Kongresu Genetyki, tytułem Honorowego Członka Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka została wyróżniona Pani prof. dr hab. Danuta Rożynkowa, długoletni Kierownik Zakładu Genetyki Medycznej Akademii Medycznej w Lublinie, która przez wiele lat była Przewodniczącą PTG Oddział Lublin. Zgodnie z tradycją, na uroczystości otwarcia Kongresu wręczono również nagrody za najlepsze prace wykonane przez polskich genetyków w polskich laboratoriach. W tym samym dniu uczestnicy wysłuchali koncertu i wzięli udział w spotkaniu integracyjnym.

W trakcie Kongresu odbyły się dwie sesje plakatowe, podczas których przedstawiono wyniki badań na 381 plakatach. Komisje nagród wyłoniły w każdej sesji trzy plakaty do nagród książkowych sponsorowanych przez PWN, które zostały wręczone nagrodzonym na uroczystym zakończeniu III Polskiego Kongresu Genetyki.

Jak zawsze, Kongresowi towarzyszyły specjalistyczne warsztaty poświęcone najnowszym technikom badawczym stosowanym w genetyce oraz prezentacje prowadzone przez firmy biotechnologiczne, farmaceutyczne i wiele innych firm, których produkty służą badaniom genetycznym.

III Polski Kongres Genetyki, podobnie jak dwa poprzednie, został pozytywnie oceniony przez uczestników pod względem poziomu naukowych wykładów, sesji plakatowych i towarzyszącym im dyskusjom, ale także pod względem organizacyjnym. Sukces ten był możliwy dzięki wysiłkom Komitetu Organizacyjnego i Naukowego PKG, wsparciu finansowemu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Polskiej Akademii Nauk i różnych firm współpracujących z ośrodkami naukowym oraz dużej życzliwości władz Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej, Uniwersytetu Przyrodniczego i Uniwersytetu Medycznego w Lublinie. Ogromnej pomocy udzielili nam także pracownicy techniczni oraz duża grupa studentów lubelskich uczelni. Patronem medialnym III PKG było Radio Lublin.

IV POLSKI KONGRES GENETYKI

W dniach 10-13 wrzesień 2011 roku w Poznaniu odbędzie się IV Polski Kongres Genetyki – wspólny kongres Polskiego Towarzystwa Genetycznego i Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka. Miejscem obrad będzie Centrum Konferencyjno-Dydaktyczne Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu. Obrady będą odbywać się w czterech sekcjach: genetyka człowieka, genetyka zwierząt, genetyka roślin i genetyka mikroorganizmów.

Organizatorem Kongresu jest Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu, a współorganizatorami: Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, Zakład Genetyki Wydziału Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Przewodniczącym Komitetu Organizacyjnego IV PKG jest prof. dr. hab. Tadeusz Rorat.

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI ODDZIAŁÓW PTG W ROKU 2010

Białostocki Oddział PTG

- Brak danych o działalności Oddziału

Gdański Oddział PTG

W roku 2010 działania Gdańskiego Oddziału PTG koncentrowały się głównie na popularyzacji współczesnej wiedzy genetycznej. Zorganizowano:

- Wykłady/seminaria naukowe
 - ◆ „(Meta)genomika i ekologia molekularna” – wspólnie z Polskim Towarzystwem Mikrobiologów i Sopotkim Towarzystwem Naukowym; odpowiedzialni za organizację: *dr Ewa Kotlarska, dr hab. Borys Wróbel, dr Barbara Urban-Malinga*

- ◆ Trzecie Pomorskie Seminarium Genetyki pt. „Genetyka człowieka” – wspólnie z Sopockim Towarzystwem Naukowym i Wydziałem Biologii Uniwersytetu Gdańskiego;
odpowiedzialni za organizację: *dr Monika Słomińska-Wojewódzka i dr Krystyna Burkiewicz*
- Kursy naukowe
 - ◆ Metody klasteryzacji hierarchicznej w biologii – trzydniowy kurs (4-6.02) zorganizowany we współpracy z Sopockim Towarzystwem Naukowym i Instytutem Oceanologii PAN.
Wykładowcami i organizatorami kursu byli: *dr Przemysław Biecek, dr hab. Borys Wróbel i mgr Joanna Całkiewicz*
 - ◆ Metody klasteryzacji hierarchicznej w biologii – trzydniowy kurs (13-15.05) zorganizowany we współpracy z Sopockim Towarzystwem Naukowym i Instytutem Oceanologii PAN.
Wykładowcami i organizatorami kursu byli: *dr hab. Borys Wróbel i mgr inż. Aleksandra Czarna*
- Happening popularnonaukowy
 - ◆ „Czy teoria ewolucji jest dalej ideą rewolucyjną, zmienia nasze spojrzenie na świat i miejsce w nim człowieka?”
Imprezie patronował Wydział Biologii Uniwersytetu Gdańskiego, Instytut Oceanologii PAN i Komitet Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej PAN

Krakowski Oddział PTG

Zarząd Oddziału nie złożył sprawozdania

Lubelski Oddział PTG

W roku 2010 Zarząd Lubelskiego Oddziału PTG zorganizował 5 spotkań naukowych, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ „Pojawienie się i ewolucja pandemicznych wirusów grypy” – *prof. dr hab. Elżbieta Samorek-Salamonowicz, Instytut Weterynarii w Puławach*
- ◆ „Niektóre aspekty koniugacji i rekombinacji pszenicy” – *prof. Adam Łukaszewski, University of California*
- ◆ „Darwinizm w XXI wieku” – *dr Grzegorz Nowak, UMCS w Lublinie*
- ◆ „Emerging and reemerging diseases” – *prof. dr hab. Jan Franciszek Żmudzinski, Instytut Weterynarii w Puławach*
- ◆ „Postępy w zrozumieniu komórkowych i genetycznych wyznaczników odporności na gruźlicę” – *prof. dr hab. Wiesława Rudnicka, Uniwersytet Łódzki*

Łódzki Oddział PTG

Zarząd Oddziału nie złożył sprawozdania

Poznański Oddział PTG

W roku 2010 Zarząd Poznańskiego Oddziału PTG zorganizował 6 seminariów naukowych, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ “Crop improvement opportunities in lupins through interspecific crossing” - *prof. John Clements, University of Western Australia*
- ◆ “Malowanie chromosomów jako narzędzie nowoczesnej analizy genomów” - *prof. dr hab. Robert Hasterek, Uniwersytet Śląski*
- ◆ “Haplotype diversity and gene flow in North American species northern red oak (*Quercus rubra*)” - *dr Inna Birchenko, stypendystka Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej i Kasy im. Mianowskiego, Ukraina*
- ◆ „Komunikacja międzykomórkowa we wczesnym rozwoju nasion *Arabidopsis thaliana*” - *mgr inż. Katarzyna Gacek, doktorantka University of Warwick, UK*
- ◆ „Immunodiagnosis in medical analysis, food quality control and environmental testing” - *dr Jean Daussant, CNRS, Praga, Republika Czeska*
- ◆ “Sekwencjonowanie i składanie genomu ogórka (*Cucumis sativus* L.) - *prof. dr hab. Zbigniew Przybecki, SGGW, Warszawa*

Śląski Oddział PTG

Brak danych o działalności Oddziału

Szczeciński Oddział PTG

W roku 2010 Zarząd Szczecińskiego Oddziału PTG nie organizował spotkań naukowych.

Warszawski Oddział PTG

W roku 2010 Zarząd Warszawskiego Oddziału PTG zorganizował 6 spotkań naukowych, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ „Ile Mendla w genetyce padaczek - nowe fakty, dużo pytań” - *dr Dorota Hoffman-Zacharska, Uniwersytet Warszawski*
- ◆ „Mukowiscydoza - choroba o wielu obliczach” - *dr Agnieszka Sobczyńska-Tomaszewska, Instytut Matki i Dziecka w Warszawie*
- ◆ „Farmakogenetyka - postęp w farmakoterapii” - *dr Kamila Czerska, Instytut Matki i Dziecka w Warszawie*

- ◆ „Patogeneza i racjonalne perspektywy terapii rdzeniowego zaniku mięśni” - dr *Maria Jędrzejowska*, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
- ◆ „Epidermolysis bulloza - choroba dzieci motyli” - mgr *Katarzyna Wertheim - Tysarowska*, Instytut Matki i Dziecka, Warszawa
- ◆ „Cytogenetyczno - molekularne możliwości analizy genomu w diagnostyce klinicznej zespołów genetycznych” - dr *Beata Nowakowska*, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław

Wrocławski Oddział PTG

W roku 2010 Oddział Wrocławski PTG działał we współpracy z Wrocławskim Oddziałem PTBioch., PTMikrobiol. i PTBiol.Kom., w ramach Wrocławskiego Forum Biologii Eksperymentalnej i wspólnie zorganizował dwa spotkania naukowe w tym jedną konferencję z trzema wykładami:

- ◆ „Lizosomalne choroby spichrzeniowe jako modelowe choroby genetyczne - czyli jak leczyć nieuleczalne choroby?” - prof. dr hab. *Grzegorz Węgrzyn*
- ◆ „Biologia syntetyczna a terapia genowa” - prof. dr *Wacław Szybalski* (University of Wisconsin-Madison, USA),
„Genetyczne podstawy nowotworów” - prof. dr *Małgorzata Sąsiadek* (Katedra i Zakład Genetyki, Akademia Medyczna we Wrocławiu),
„Powierzchniowe antygeny bakteryjne i ich receptory (TLR i NOD)” - doc. dr *Ewa Katzenellenbogen* (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. L. Hirszfelda)

INFORMACJE ZARZĄDU GŁÓWNEGO PTG

Pierwsze zebranie Zarządu Głównego PTG w kadencji 2011-2013 odbyło się 27 stycznia 2011 roku w Zakładzie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW w Warszawie.

Program zebrania:

1. Informacja na temat składu Zarządów Oddziałów PTG w nowej kadencji;
2. Sprawozdanie finansowe z III Polskiego Kongresu Genetyki;
3. Informacje o konkursach na nagrody PTG (roczne);
4. Informacje o biuletynie;
5. Dyskusja na temat działalności Oddziałów (opłacanie składek, konferencje)
6. Sprawy bieżące i wolne wnioski;

Ad. 1. Prof. dr hab. *Anna Skorupska*, przewodnicząca Zarządu Głównego PTG, przedstawiła informacje dotyczące przebiegu III Polskiego Kongresu Genetyki oraz podała skład nowych Zarządów Oddziałów PTG wybranych na kadencję 2011-2013. Sekretarz PTG, prof. dr hab. *Wanda Małek* zwróciła uwagę na brak sprawozdań z działalności niektórych Oddziałów w roku 2010 i za okres 2007-2010.

Ad.2. Skarbnik ZG PTG, dr Monika Kozaczuk-Marek, przedstawiła rozliczenie finansowe III Polskiego Kongresu Genetyki (Lublin 12-15.09.2010).

Ad. 3. Informacje na temat nagród przedstawił prof. dr hab. Waław Orczyk – przewodniczący Komisji Nagród. Końcowy termin nadsyłania prac na konkurs o najlepszą pracę z zakresu genetyki, wykonaną w laboratoriach polskich i opublikowaną w roku 2010 ustalono na dzień 31.03.2011r.

Ad.4. Postanowiono kontynuować wydawanie Biuletynu Informacyjnego PTG w formie Internetowej umieszczając go na stronie internetowej PTG.

Ad.5. Prof. dr hab. Anna Skorupska i dr Monika Kozaczuk-Marek zwróciły uwagę na niską ściągalność składek członkowskich. Padły różne propozycje rozwiązania tego trudnego problemu.

Ad. 6. Omówiono inne sprawy, m.in. brak działalności niektórych Oddziałów PTG oraz dwóch samodzielnych sekcji, tj. „Sekcji mutagenezy” i „Sekcji Cytogenetyki Zwierząt Gospodarskich”.

Drugie zebranie Zarządu Głównego PTG w kadencji 2011-2013 odbyło się 14 lipca 2011 roku w Zakładzie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW w Warszawie.

Program zebrania

1. Informacje o wynikach konkursu na roczne nagrody PTG i granty studenckich kół naukowych;
2. Sprawa IV Polskiego Kongresu Genetyki;
3. Informacje o biuletynie za rok 2010;
4. Sprawy bieżące i wolne wnioski;

Ad.1. Przewodniczący Komisji Nagród, prof. dr hab. Waław Orczyk, przedstawił informacje o nagrodach za najlepszą publikację naukową z zakresu genetyki, wykonaną w laboratoriach polskich i opublikowaną w roku 2010 oraz grantach studenckich kół naukowych. Na konkurs o nagrodę za najlepszą publikację naukową w czterech działach genetyki wpłynęło 7 wniosków: 3 z genetyki mikroorganizmów, 3 z genetyki zwierząt i 1 z genetyki roślin. Do nagrody nie były zgłoszone prace z genetyki człowieka. Komisja nagród rozpatrzyła również jeden wniosek o sfinansowanie projektu badawczego studenckiego koła naukowego. Wyniki konkursu zamieszczono powyżej w Biuletynie i na stronie www.ptgen.

Na zebraniu Zarządu Głównego PTG uzgodniono wysokość nagród.

Ad.2. Prof. dr hab. A. Skorupska, przewodnicząca Zarządu Głównego PTG, poruszyła sprawę organizacji IV Polskiego Kongresu Genetyki w roku 2013. Propozycję zorganizowania Kongresu przyjął prof. dr hab. Tadeusz Rorat z Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.

Ad.3. Członkowie Zarządu Głównego PTG zaakceptowali internetowe wydanie Biuletynu Informacyjnego za rok 2010 i zamieszczenie na stronie www.ptgen.pl

Ad.4. Omówiono problem braku działalności Oddziału PTG w Krakowie. Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska stwierdziła, że decyzja o jego rozwiązaniu wymaga zmiany w statucie, a o tym może zdecydować walne zebranie. Prof. dr

hab. Waław Orczyk poruszył sprawę wynagrodzenia informatykowi, który prowadzi stronę Internetową PTG.

prof. dr hab. Wanda Małek
Sekretarz Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego