

**BIULETYN
INFORMACYJNY
PTG**

14/2007

**Biuletyn redaguje
Prof. dr hab. Krystyna M. Charon**

Warszawa 2008

SPIS TREŚCI

1. Wstęp – Monika Rakoczy-Trojanowska	4
2. Konkurs PTG – Monika Rakoczy-Trojanowska	5
3. Sekwencje i polimorfizmy genomów ssaków – Marek Świtoński	6
4. Znaczenie i rozwój upraw roślin transgenicznych – Europa a reszta świata – Anna Linkiewicz	9
5. Struktura organizacyjna PTG	17
6. Firmy wspierające finansowo PTG	21
7. Nagrody PTG przyznawane co trzy lata	22
8. Nagrody PTG za najlepsze prace opublikowane w roku 2006	24
9. Nagrody przyznane podczas II PKG za najlepszą prezentację młodych pracowników nauki	25
10. Granty PTG dla Studenckich Kół Naukowych	26
11. Sprawozdanie z działalności naukowej Oddziałów PTG w roku 2007	28
12. Informacje na temat II Polskiego Kongresu Genetyki – Monika Rakoczy-Trojanowska	32
13. Journal of Applied Genetics uzyskał <i>impact factor</i> (za 2007 rok) bliski jedności – Marek Świtoński	34
14. Informacje Zarządu Głównego PTG – Anna Nadolska-Orczyk	37

WSTĘP

Szanowne Koleżanki, Szanowni Koledzy,

Szanowni Państwo,

Przekazujemy w Państwa ręce kolejny numer Biuletynu Informacyjnego Polskiego Towarzystwa Genetycznego (PTG). Znajdziecie w nim Państwo, oprócz stałych informacji na temat działalności oddziałów w roku 2007, wzmiankę dotyczącą II Polskiego Kongresu Genetyki, informacje o nagrodach i konkursach PTG oraz opis najważniejszych wydarzeń i najbardziej aktualnych kierunków badań w ostatnim okresie.

Wiele aktywności Polskiego Towarzystwa Genetycznego jest możliwych dzięki wsparciu naszych sponsorów, którym serdecznie dziękujemy i mamy nadzieję na dalszą współpracę.

Składam serdeczne podziękowania pani prof. Krystynie Charon za pracę przy przygotowaniu niniejszego numeru Biuletynu.

Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska
Przewodnicząca Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego

KONKURS PTG

Polskie Towarzystwo Genetyczne co roku ogłasza konkurs na wyróżniające się prace badawcze z zakresu genetyki wykonane w pracowniach na terenie Polski i opublikowane w 2007 roku. Dokładny regulamin konkursu znajduje się w Zarządach Oddziałów PTG.

Główną ideą konkursu jest propagowanie genetyki, nauki, która tak ogromnie dużo znaczy dla współczesnej biologii oraz rozwoju cywilizacyjnego. Chcemy również zwrócić uwagę naszej opinii społecznej, że środowiska naukowe w Polsce rozwijają genetykę nie gorzej niż się to dzieje w innych krajach, a autorom opracowań dodać nieco materialnej otuchy.

Najważniejszymi ustaleniami regulaminu są:

1. do nagrody mogą być zgłaszane prace, które zostały wykonane w laboratoriach na terenie Polski i zostały opublikowane w roku poprzedzającym kolejny konkurs (w przypadku przyjęcia pracy do druku wymagane jest odpowiednie zaświadczenie),
2. do zgłoszenia musi być dołączona zgoda Autora na udział w konkursie, zgłoszenia może dokonać członek PTG; zgłoszenie powinno również zawierać krótkie uzasadnienie,
3. w przypadku pracy wieloautorskiej, główny Autor powinien podać wysokość procentowych udziałów pozostałych członków zespołu,
4. prace opublikowane w 2007 roku zostały przesłane (z załącznikami) na adres przewodniczącej Komisji Nagród PTG.

Konkurs tegoroczny zostanie rozstrzygnięty przez Komisję Nagród PTG do końca października 2008 roku, wyniki będą podane do publicznej wiadomości, a nagrody zostaną uroczyście wręczone.

Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska
Przewodnicząca Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego

SEKWENCJE I POLIMORFIZMY GENOMÓW SSAKÓW

Prof. dr hab. Marek Świtoński

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Rozwój metod i technik molekularnych, cytogenetycznych i bioinformatycznych przyczynił się do szybkiego rozwoju wiedzy o genomach wielu gatunków drobnoustrojów, roślin i zwierząt. Badania te mają oczywiste znaczenie poznawcze, ale ich głównym celem jest wykorzystanie zdobytej wiedzy w praktyce medycznej (np. poznanie podłoża molekularnego chorób dziedzicznych człowieka, identyfikacja patogenów itp.), czy hodowli roślin i zwierząt. Wraz z poszerzającą się wiedzą o genomach ssaków coraz częściej wskazuje się na przydatność zwierząt domowych (np. pies, kot, świnia) w badaniach modelowych chorób człowieka i ich terapii (praca przeglądowa: Świtoński, 2008).

Zakończenie w 2001 roku podstawowego etapu poznania sekwencji genomu człowieka stworzyło warunki (aparatura, oprogramowanie, kadra badawcza) do rozwinięcia prac nad sekwencjami innych gatunków ssaków, a w tym zwierząt laboratoryjnych i domowych.

Aktualnie w bazie *National Center for Biotechnology Information, NCBI* (<http://www.ncbi.nlm.gov/genomes/static/gpstat.html>) uwzględnione są, oprócz człowieka, 44 gatunki ssaków, których sekwencja genomu jest intensywnie badana. Wśród nich 21 gatunków ma już opisaną sekwencję genomu (ze zróżnicowanym stopniem dokładności), a w przypadku kolejnych 23 gatunków prace nad poznaniem sekwencji są zaawansowane. Znaną sekwencję genomu mają takie gatunki jak m.in. : mysz, szczur, świnka morska, pies, kot, bydło, koń, królik, ryjówka aksamitna, szympan, orangutan, rezus i goryl. Natomiast zaawansowane prace dotyczą genomu, m.in. świni, wilka, kojota, słonia afrykańskiego czy delfina butlonosego.

Zasygnalizowany powyżej zakres badań nad sekwencjami genomów różnych gatunków daje coraz większe możliwości badań z zakresu genomiki porównawczej ssaków. W tabeli 1 przedstawiono podstawowe dane dotyczące wielkości genomu dziesięciu gatunków ssaków. Z porównania tego wynika, że haploidalna liczba chromosomów wykazuje znacznie większą zmienność – np. pies domowy ma tę liczbę (39) ponad dwukrotnie większą niż kot domowy (19). Tymczasem wielkość genomu, wyrażona liczbą nukleotydów, waha się w granicach od 2 400 Mbpz (pies) do 3 500 Mbpz (królik dziki), zatem w przypadku królika jest ona wyższa o ok. 50% w porównaniu z psem. Genom psa posiada kilka charakterystycznych cech, szczególnie jeśli jest porównywany z genomem człowieka (praca przeglądowa: Świtoński i Szczerbał, 2008). Dotyczy to m.in. wysokiej haploidalnej liczby chromosomów, wyraźnie mniejszej liczby nukleotydów wchodzących w skład genomu (co jest w dużej mierze efektem mniejszego niż u człowieka udziału sekwencji powtarzalnych) oraz niskiej, przewidywanej liczby genów kodujących białka (ok. 19 700). Tymczasem w genomie człowieka oraz innych ssaków liczba ta oscyluje wokół wartości 22 000.

Jednym z niezwykle ważnych efektów programów sekwencjonowania geno-

mów było uzyskanie wiedzy o wielkim zakresie polimorfizmu genomów. Związany on jest z występowaniem m.in. powtarzających się tandemowo sekwencji mikro- (STR, *Short Tandem Repeats*) i minisatelitarnych, podstawień jednonukleotydowych (SNP, *Single Nucleotide Polymorphism*), niewielkich insercji i delecji (InDel, *Insertion-Deletion Polymorphism*) oraz insercjami lub delecjami sekwencji nukleotydowych, o długości od kilkudziesięciu tysięcy do kilku milionów nukleotydów (CNV, *Copy Number Variation*).

Początkowo, w okresie poprzedzającym gwałtowny wzrost informacji o sekwencjach genomów, główną klasą markerów genetycznych wykorzystywanych w badaniach genomu były markery mikrosatelitarne i to właśnie dzięki nim tworzono markerowe mapy genomu. Z chwilą wykrycia bogactwa polimorfizmów typu SNP stały się one głównym narzędziem analizy badawczej, czego szczególnym dowodem jest tworzenie coraz to bogatszych mikromacierzy DNA, służących równoczesnej identyfikacji dziesiątek, czy nawet setek tysięcy takich polimorfizmów. Natomiast zakończenie sekwencjonowania genomu człowieka przyniosło odkrycie zmienności dotyczącej insercji, delecji bądź powtórzeń długich sekwencji nukleotydowych (CNV). Jak się okazało jest to właściwość genomu prawdopodobnie wszystkich ssaków. Pierwsze doniesienia na ten temat pojawiły się w 2004 roku, kiedy Iafrate i wsp. (2004) wskazali 255 takich *loci* w genomie człowieka. Dwa lata później Redon i wsp. (2006) utworzyli mapę CNV w genomie człowieka, poprzez analizę DNA 270 osób, wywodzących się z populacji europejskiej, azjatyckiej i afrykańskiej. Autorzy zidentyfikowali 1447 regionów zawierających CNV (tzw. CNVRs – *Copy Number Variable Regions*), które obejmują 12% genomu ludzkiego. Ostatnio opracowano mapę CNV w genomie myszy (Graubert i wsp., 2008), wskazując położenie 80 takich regionów, na podstawie analizy molekularnej 21 szczepów wsobnych myszy. Badania takie podjęto również w odniesieniu do genomu zwierząt domowych. Podczas Konferencji Międzynarodowego Towarzystwa Genetyki Zwierząt w Amsterdamie, która odbyła się w lipcu 2008, zaprezentowano pierwsze informacje na temat występowania CNVRs w genomie świni (Fadista i wsp., 2008). Autorzy wskazali położenie 37 CNVRs w czterech analizowanych chromosomach (4, 7, 14 i 17), których sekwencja nukleotydowa jest już znana.

Podkreślić należy, że znaczenie CNV nie jest jeszcze poznane. Niemniej wiadomo już, że w regionach CNV bardzo często występują geny i inne sekwencje funkcjonalne, co najprawdopodobniej może mieć związek ze zmiennością fenotypową, w tym także z występowaniem chorób dziedzicznych (Kehrer-Sawatzki, 2007).

O wielkiej skali zmienności genomu świadczą także dwie prace, których celem było sekwencjonowanie genomu dwóch osób, które odegrały kluczową rolę w pracach nad poznaniem sekwencji genomu człowieka - Craiga Ventera, twórcy *Celera Genomics* (Levy i wsp., 2007) oraz Jamesa D. Watsona, współodkrywcy struktury DNA i inicjatora projektu *HUGO - Human Genome Project* (Wheeler i wsp., 2008). W obu przypadkach odkryto po kilka milionów wariantów sekwencji DNA, w porównaniu z sekwencją referencyjną zdeponowaną w bazie NCBI. Wśród wariantów najliczniejsze były polimorfizmy typu SNP, których wykryto odpowiednio 3,2 mln (C.Venter) i 3,3 mln (J.D.Watson). O znaczeniu gromadzenia informacji na temat polimorfizmu genomu człowieka świadczy fakt

ustanowienia projektu *Human Variome Project* (Editorial w: *Nature Genetics*, 2007), którego celem jest stworzenie katalogu zidentyfikowanych zmienności sekwencji nukleotydowych w genomie człowieka. Katalog ten będzie uzupełnieniem bazy OMIM (*Online Mendelian Inheritance in Man*), która zawiera informacje o znanych chorobach genetycznych człowieka.

Zainteresowanie zmiennością genomu człowieka weszło w tym roku na kolejny etap, jakim jest ogłoszenie projektu pod nazwą *1000 Genomes Project* (<http://www.1000genomes.org/page.php>). Celem projektu jest poznanie pełnej sekwencji genomu co najmniej 1000 osób, reprezentujących populacje z całego świata. W realizację projektu zaangażowane są trzy instytuty: Wellcome Trust Sanger Institute (W. Brytania), Beijing Genomics Institute Shenzhen (Chiny) oraz National Human Genome Research Institute (USA). Realizacja tego zamierzenia zaowocuje opracowaniem mapy zmienności genomu ludzkiego, co będzie miało kluczowe znaczenie w różnorodnych badaniach biomedycznych człowieka oraz analizach z zakresu genomiki porównawczej. Na podkreślenie zasługuje również to, że zgromadzone informacje będą dostępne bez ograniczeń za pośrednictwem Internetu dla całego środowiska naukowego.

Przedstawiony powyżej krótki przegląd aktualnie prowadzonych badań sekwencji genomów ssaków pokazuje, że genomika strukturalna jest nadal dynamicznie rozwijającą się dyscypliną.

Literatura

- Iafate AJ, Feuk L, Rivera MN i wsp. (2004). Detection of large-scale variation in the human genome. *Nat. Genet.* 36:949-951.
- Editorial w *Nature Genetics* (2007). What is the Human Variome Project? *Nature Genet.* 39: 423.
- Fadista J., Thomsen B., Bendixen C. (2008). A snapshot of copy number variation in the pig genome. 31st International Conference for Animal Genetics, Amsterdam, July 20-24 2008, book of abstracts, poster 2092.
- Graubert T.A., Cahan P., Edwin D. i wsp. (2008). A high-resolution map of segmental copy number variation in the mouse genome. *PLoS Genet* 3(1): 3.
- Kehrer-Sawatzki H. (2007). What a difference copy number variation makes. *BioEssays* 29: 311-313.
- Levy S., Sutton G., Ng P.C. i wsp. (2007). The diploid genome sequence of an individual human. *PLoS Biol.* 5 (10): e254.
- Redon R., Ishikawa S., Fitch K.R. i wsp. (2006). Global variation in copy number in the human genome. *Nature* 444: 444-454.
- Świtoński M. (2008). Postępy genomiki zwierząt domowych. *Nauka* 1/2008: 27-43.
- Świtoński M., Szczerbal I. (2008). Comparing the Human and Canine Genomes, w: *Encyclopedia of Life Sciences (ELS)*. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester. DOI: 10.1002/9780470015902.a0020742, <http://www.mrw.interscience.wiley.com/emrw/9780470015902/els/article/a0020742/current/abstract?hd=All,switonski> oraz w: *Handbook of human molecular evolution* (Ed. D.N.Cooper & H. Kehrer-Sawatzki). Wiley, ISBN: 978-0-470-51746-8.
- Wheeler DA, Srinivasan M, Egholm M. i wsp. (2008). The complete genome of an individual by massively parallel DNA sequencing. *Nature* 452: 872-876.

Tabela 1. Porównanie wielkości genomu wybranych gatunków ssaków

Gatunek	Haploidalna liczba chromosomów (n)	Liczba nukleotydów w genomie (mld pz - Mpz)
człowiek (<i>Homo sapiens</i>)	23	3 000
szympan (<i>Pan troglodytes</i>)	24	3 100
mysz domowa (<i>Mus musculus</i>)	20	2 500
szczur wędrowny (<i>Rattus norvegicus</i>)	21	2 800
świnka morska (<i>Cavia porcellus</i>)	31	3 400
królik dziki (<i>Oryctolagus cuniculus</i>)	22	3 500
pies domowy (<i>Canis lupus familiaris</i>)	39	2 400
kot domowy (<i>Felis catus</i>)	19	3 000
bydło domowe (<i>Bos taurus</i>)	30	3 000
koń domowy (<i>Equus caballus</i>)	32	2 700

ZNACZENIE I ROZWÓJ UPRAW ROŚLIN TRANSGENICZNYCH - EUROPA A RESZTA ŚWIATA

Dr Anna Linkiewicz

Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin, Laboratorium Kontroli GMO
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

Na tegorocznej konferencji poświęconej analizom GMO „1st Global Conference on GMO Analysis” w Como (Włochy) w wielu plenarnych wykładach podkreślano, że rośliny zmodyfikowane genetycznie oraz technologie, które prowadzą do ich wytworzenia są ogromną szansą dla rozwiązania problemów dotyczących współczesną produkcję rolną. Zmiany klimatu, kurczenie się powierzchni przeznaczonej pod rolnictwo, potrzeby energetyczne, wzrost populacji ludzkiej czy postępująca urbanizacja to wyzwania, z którymi tradycyjne rolnictwo nie będzie w stanie sobie poradzić. Podstawowym zadaniem agrobiotechnologii w najbliższych 50 latach będzie dostarczenie żywności dla około 9 miliardów ludzi, z których 80% żyć będzie w krajach rozwijających się, głównie na obszarach zurbanizowanych oraz w metropoliach. Dla dostarczenia odpowiedniej ilości żywności w 2050 roku 1 hektar będzie musiał „wyżywić” pięć osób, podczas gdy w 1960 roku wystarczał dla zaspokojenia potrzeb żywnościowych dwóch osób.

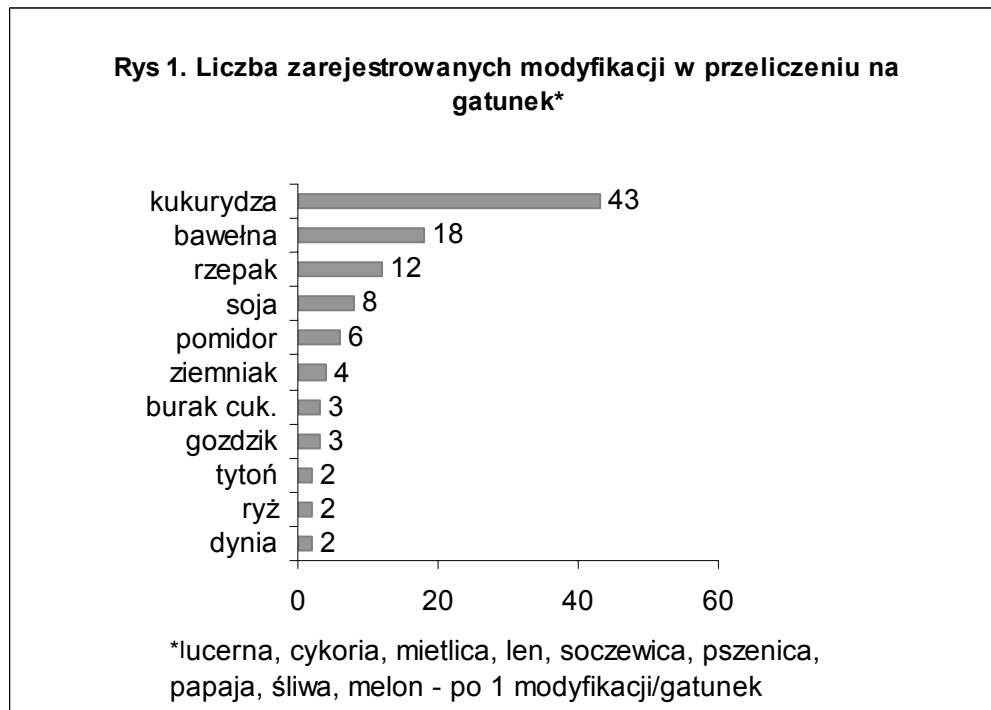
Przez ostatnie 10 lat prawie 300 genomów roślinnych zostało częściowo lub całkowicie zsekwencjonowanych. Zgromadzone w ten sposób informacje mogą być użyte do poszerzenia zasobów genowych wykorzystywanych w hodowli. Dzięki modyfikacjom genetycznym zwiększy się spektrum produktów uzyskiwanych z roślin, pojawią się genotypy tolerujące stresy środowiskowe, nowe odmiany odporne na szkodniki i choroby, czy o ulepszonych cechach jakościowych. Nie zaspokoi to w pełni potrzeb ludzkości, ale będzie jednym ze

sposobów rozwiązania problemu i przybliżenia się do realizacji Milenijnych Celów Rozwoju (<http://www.unic.un.org.pl/cele.php>)

Stan zarejestrowanych odmian GM na świecie i w Europie

Zarejestrowanie w 1994 roku pierwszej transgenicznej rośliny - pomidora z zablokowanym genem poligalaktouronazy, rozpoczęło nowy etap w hodowli i komercjalizacji osiągnięć biotechnologii korzystającej z technik inżynierii genetycznej. Liczbę zarejestrowanych do tej pory na świecie zdarzeń transformacyjnych tzw. „events” GM w przeliczeniu na gatunek przedstawia Rysunek 1. Najwięcej modyfikacji zostało zarejestrowanych dla kukurydzy (43), bawełny (18) i rzepaku (12). Część z nich do 2008 roku zostało już wycofane z rynku. Zarejestrowane do tej pory rośliny genetycznie zmodyfikowane (GM) charakteryzują się jedną lub kilkoma z następujących cech fenotypowych: zmieniony skład aminokwasowy, zmieniony skład kwasów tłuszczowych, przywrócona płodność, tolerancja na herbicydy, odporność na szkodniki, odporność na owady z rzędu *Lepidoptera*, męska sterylność, zmieniony kolor, redukcja poziomu nikotyny, opóźnione dojrzewanie, wprowadzenie markera selekcyjnego, hydroliza skrobi czy odporność na wirusy.

W 2007 roku w USA wprowadzono jako żywność lub pasze oraz uwolniono do środowiska 3 nowe odmiany, w tym pierwsze transgeniczne drzewo - śliwę odporną na szarękę. W tym samym czasie w Europie zarejestrowano jako żywność lub paszę 3 nowe „events” (transgeniczne odmiany) kukurydzy i 1 buraka cukrowego, z czego dwie z modyfikacją typu „stacked genes”, czyli obejmujących więcej niż jeden przypadek transformacji.

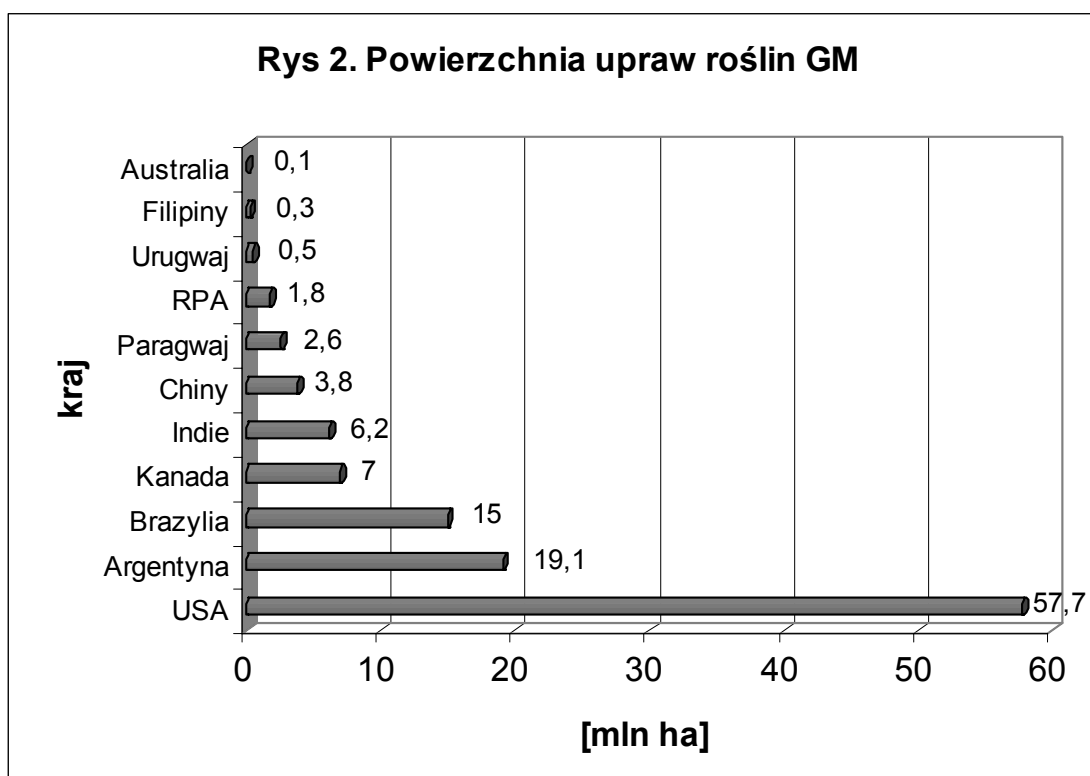


Uprawy roślin transgenicznych na świecie

Od 1996 roku, od kiedy datuje się produkcję roślin zmodyfikowanych genetycznie na większą skalę, obserwujemy systematyczny wzrost powierzchni przeznaczanej pod uprawy transgenicznych odmian. W ciągu 12 lat powierzchnia ta wzrosła sześćdziesięciokrotnie, z 1,7 mln hektarów do 114 mln hektarów w 2007 roku, a w 2008 roku wzrośnie prawdopodobnie o kolejne 10-12%.

W 2007 roku uprawy komercyjne roślin genetycznie zmodyfikowanych prowadzono w 24 krajach (<http://www.isaaa.org/>), najwięcej w USA, Kanadzie, Argentynie, Brazylii, Indiach i Chinach (Rys. 2). Po raz pierwszy uprawy GM pojawiły się w Polsce i Chile. Wyraźnie zarysowuje się tendencja do coraz bardziej dynamicznego wykorzystywania biotechnologii w krajach rozwijających się. Rośliny transgeniczne zajmują tam 43% obszaru upraw, co w 2007 roku dało w tych krajach 21% wzrost. W 2007 roku Brazylia przeznaczyła więcej nowej powierzchni pod uprawy transgenicznych roślin niż Stany Zjednoczone. Było to dodatkowe 3,5 miliona hektarów, co stanowi w sumie 15 mln hektarów pod uprawami transgenicznymi i 28% powierzchni wszystkich upraw w Brazylii. Dla porównania w 2007 r w USA pod uprawy transgeniczne przeznaczono 3,1 miliona hektarów więcej niż w 2006 r, a na 25% powierzchni prowadzona była wielkoobszarowa uprawa GM (Lawrence 2008).

Wyraźny wzrost powierzchni upraw roślin GMO zanotowano również w Indiach, Paragwaju, Południowej Afryce i Urugwaju. Mniej upraw zanotowano w Australii.



Większość upraw kukurydzy, soi i bawełny w USA to odmiany transgeniczne. Ostatnie dane Departamentu Rolnictwa Stanów Zjednoczonych opublikowane na stronach GMO Compass (www.gmo-compass.org) mówią o 10% wzroście powierzchni upraw pod roślinami GM do prawie 60 mln hektarów w 2008 roku.

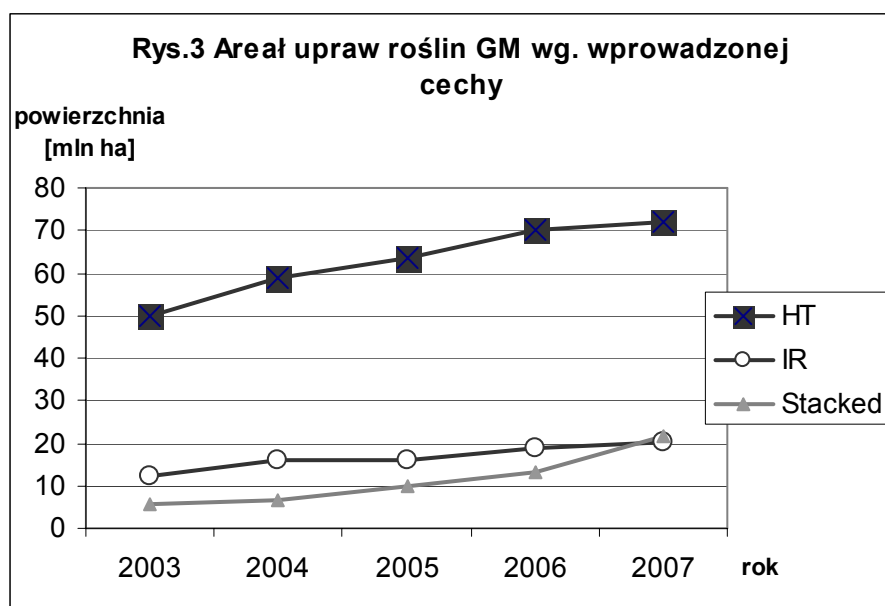
Wzrost zanotowano w uprawach soi i kuku-rydzy, natomiast nieznaczny spadek dotyczył powierzchni upraw bawełny. 80% upraw kukurydzy w USA to kukurydza genetycznie zmodyfikowana. Ten wyraźny 7% wzrost powierzchni upraw dokonał się przede wszystkim dzięki coraz powszechniejszemu zastosowaniu odmian typu „stacked genes”, stanowiących prawie połowę powierzchni zasiewów.

Uprawy soi w Stanach Zjednoczonych są już praktycznie w całości genetycznie zmodyfikowane, 92% powierzchni upraw soi zajmują odmiany transgeniczne. Soja GM uprawiana jest w 95% gospodarstw w stanie Indiana, Iowa, Kansas, Missouri, South Dakota i Nebraska. W porównaniu do 2007 roku obszar upraw soi GM wzrósł z 23,6 do 27,7 miliona hektarów.

Bawełna zmodyfikowana genetycznie uprawiana była w 2008 roku na powierzchni 3,2 milionów hektarów, co w porównaniu do 2007 roku stanowi spadek o 0,7 mln ha. Jest to najniższa powierzchnia przeznaczona w USA pod uprawy bawełny od 1983 roku.

Odmiany typu „stacked genes”- nowy kierunek upraw

Coraz częściej na polach spotykane są rośliny z dwiema lub większą liczbą cech zmienionych drogą inżynierii genetycznej (Rys. 3). Odmiany „stacked” stają się coraz bardziej popularne tak w uprawie jak i w hodowli dzięki korzyściom wynikającym z połączonej odporności na owady (IR) i tolerancyjności na herbicydy (HT). Odmiany te otrzymywane są zazwyczaj poprzez konwencjonalne krzyżowanie dwu odmian GM, z których każda jest odrębnym przypadkiem transformacyjnym. Na przykład, zarejestrowana (jako pasza i żywność) w Unii Europejskiej odmiana „stacked genes” NK603 x MON810 powstała po skrzyżowaniu kukurydzy tolerancyjnej na herbicyd Roundup NK603 z kukurydzą o modyfikacji typu MON810, odporną na owady z rzędu *Lepidoptera*.



Odmiany typu „stacked” w 2007 roku zajmowały już więcej powierzchni niż

odmiany z cechą odporności na owady. Dane wskazują, że 63 % zasiewów kukurydzy w USA to odmiany „stacked genes”. Więcej terenu przeznaczają się również pod nowe odmiany z cechami zapewniającymi lepsze plonowanie, produkcję biopaliw czy polepszone wartości żywieniowe. W doświadczeniach w USA znajdują się odmiany wymagające mniejszego nawadniania, jak np. tolerancyjna na suszę kukurydza Roundup Ready 2 Yield™ firmy Monsanto. W procesie autoryzacji znajduje się odmiana kukurydzy SmartStax™, która ma pojawić się w uprawie od 2010 roku w USA. Będzie to pierwsza odmiana łącząca w sobie cechy tolerancyjności na dwa herbicydy, z ochroną przeciw głównym szkodnikom nadziemnym i podziemnym kukurydzy (odporność na 6 gatunków *Lepidoptera* oraz odporność na 3 gatunki stonki korzeniowej).

Z punktu widzenia regulacji UE, z wykorzystaniem odmian typu „stacked genes” wiążą się realne problemy ze znakowaniem produktów pochodzących z takich odmian - żywności czy paszy. W wielu krajach, w tym w Unii Europejskiej decyzja o znakowaniu opiera się na pomiarze liczby kopii GM w stosunku do liczby kopii genu endogennego, wykrywanego metodą Real Time PCR specyficzną dla zdarzenia transformacyjnego. W wypadku odmian „stacked genes” ta metoda będzie generowała przynajmniej dwukrotnie zawyżony wynik. W ramach projektów finansowanych dotyczących koegzystencji i identyfikacji żywności i pasz (traceability) przez UE jak Co-Extra, próbuje się znaleźć rozwiązanie tego problemu w postaci nowych czy ulepszonych metod pomiaru.

Akty prawne regulujące kwestie GMO w Europie

Autoryzacja roślin GM w Europie przebiega obecnie zależnie od sposobu wykorzystania tych roślin. Dyrektywa 2001/18/WE reguluje kwestie zamierzonego uwolnienia do środowiska roślin GM i późniejszego wprowadzenia ich do obrotu. U podstaw tej Dyrektywy leży zasada przezorności, która wskazuje na konieczność ograniczenia możliwości wystąpienia negatywnych skutków jakichś działań, nawet gdy pojawienie się ich jest mało prawdopodobne lub nieokreślone. Dlatego uwolnienie GMO do środowiska musi poprzedzać szczegółowa ocena ryzyka związana z danym GMO, a funkcjonowanie GMO w środowisku wiązać się musi z jego monitorowaniem.

Regulacje odnoszące się do żywności i pasz, które mają trafić na europejski rynek znajdują się w Rozporządzeniu 1829/2003 dotyczącym zmodyfikowanej genetycznie żywności i paszy, obowiązującym od kwietnia 2004 roku (http://ec.europa.eu/food/food/biotechnology/index_en.htm).

Genetycznie zmodyfikowana żywność czy pasze nie mogą mieć szkodliwego wpływu na zdrowie ludzi, zwierząt czy środowiska, wprowadzać w błąd konsumenta, czy odbiegać jakością od niezmodyfikowanych odpowiedników w taki sposób, by spożycie powodowało niekorzystne skutki dla konsumenta. W Rozporządzeniu 1829/2003 i 1830/2003 dotyczącym śledzenia i etykietowania GMO zawarte są regulacje odnoszące się do znakowania żywności GM. Wszystkie produkty GM powinny być etykietowane, ich obrót łatwy do śledzenia w czym ma pomóc przypisanie każdemu GMO unikatowego identyfikatora. Monitorowanie produktów pozwoli na ich wycofanie z obrotu, jeśli stwierdzi się

występowanie negatywnych skutków dla zdrowia człowieka czy środowiska. W prawie europejskim dotyczącym GMO istotną rolę odgrywają również akty prawa międzynarodowego, jak Konwencja o bezpieczeństwie biologicznym z Rio de Janeiro z 1992 r. oraz Protokół Kartageński, powstały w ramach Konwencji o Różnorodności Biologicznej, regulujący kwestie przemieszczania, przekazywania i wykorzystania żywych zmodyfikowanych genetycznie organizmów (LMO).

Rośliny GM na terenie Unii Europejskiej

Obecnie Unia Europejska importuje genetycznie zmodyfikowane komponenty pochodzenia roślinnego stosowane przy produkcji pasz dla zwierząt oraz na cele żywieniowe. Są to genetycznie zmodyfikowane odmiany kukurydzy, soi, bawełny, rzepaku i buraka cukrowego. Można także kupić kwiaty cięte odmiany goździka Moonlight i Moonshadow firmy Florigene. Dzięki wprowadzeniu genów szlaku syntezy antocyjanów uzyskano niespotykany u tego gatunku silnie fiołkowy kolor płatków. Gen *SuRB*, kodujący zmodyfikowane białko syntazy acetomleczanu (ALS) zagwarantował odporność na herbicydy z grupy sulfonoczników. Do uprawy w środowisku dozwolone są jak dotąd wyłącznie odmiany kukurydzy z modyfikacją typu MON810 (gen *Cry1Ab*). Uprawy te zajmowały w 2007 roku około 110 000 ha. Do października 2008 obowiązują też zezwolenia na uprawę dwu odmian goździka Moonshadow (www.agbios.com).

Rejestracja

Co roku nowe modyfikacje zgłaszane są do rejestracji w UE jako żywność lub pasze oraz w celu uwolnienia do środowiska. Coraz więcej zgłoszeń dotyczy odmian typu „stacked genes”. Listę odmian roślin zmodyfikowanych genetycznie zgłoszonych do rejestracji w Europie można znaleźć na stronie <http://gmocrl.jrc.ec.europa.eu/>.

Jednocześnie, mimo pozytywnych opinii wydawanych przez European Food Safety Authority (EFSA), organizacji, w skład której wchodzi naukowcy z wszystkich państw członkowskich, rejestracja wielu odmian w Europie skazana jest na niepowodzenie. Tak stało się w marcu 2008 roku przy próbie zarejestrowania przez firmę BASF genetycznie zmodyfikowanego ziemniaka Amflora o zmienionym składzie skrobi (zawiera wyłącznie amylopektynę). Pomimo wyliczeń mówiących o dodatkowych 100 milionach euro rocznie jakie może przynieść rolnikom i przemysłowi w Europie stosowanie tej odmiany oraz zgłaszanemu przez 3 europejskie firmy zainteresowaniu uprawą tej odmiany w celu produkcji papieru, wyrobów tekstylnych i kleju, decyzja Komisji Europejskiej podjęta po pięciu latach od zgłoszenia była odmowna.

Zamierzone uwolnienie do środowiska w celach doświadczalnych

W krajach Unii Europejskiej 2007 rok był czwartym z kolei rokiem kiedy można było zaobserwować powolny wzrost liczby doświadczeń nad roślinami genetycznie zmodyfikowanymi. Według danych GMO Compass w 2007 roku

przeprowadzono ok. 120 doświadczeń. Nadal jednak w porównaniu do roku 1997 jest to około 30% doświadczeń. W Europie przeprowadzono w do tej pory 2230 doświadczeń z uwolnieniem do środowiska 78 gatunków roślin GM, najwięcej we Francji - 587, Hiszpanii - 384 i Włoszech - 295. Doświadczenia prowadzone są przede wszystkim dla kukurydzy (34% wszystkich doświadczeń), rzepaku (20%), ziemniaka (14%) i buraka cukrowego (13,5%). Polska z mniej niż 10 doświadczeniami na kukurydzy, ziemniaku, lnianki i ogórku prezentuje się nad wyraz skromnie, ustępując pierwszego od końca miejsca jedynie Austrii. W ostatnim czasie w Polsce takie zezwolenia nie są wydawane ze względu na sformułowany jeszcze za czasu poprzedniego rządu dokument tzw. „Ramowe stanowisko Rządu RP dotyczące organizmów genetycznie zmodyfikowanych” (<http://gmo.mos.gov.pl/>). Brak doświadczeń polowych ma zdecydowanie negatywny wpływ na wiele badań naukowych z GMO w Polsce jak i prace dotyczące koegzystencji upraw.

Uprawy komercyjne roślin GM w Unii Europejskiej

Wszystkie odmiany GM, które zostaną wpisane do Wspólnego Katalogu Roślin Uprawnych (http://ec.europa.eu/food/plant/propagation/catalogues/index_en.htm), mogą być uprawiane na terenie UE. Obecnie jest to ponad 50 odmian kukurydzy z modyfikacją typu MON810.

Co roku w Europie uprawia się coraz więcej transgenicznej kukurydzy. Uprawy roślin genetycznie zmodyfikowanych prowadzono w 2006 roku na obszarze 68,5 tys. ha. Już w następnym roku obszar ten zwiększył się o 41,5 ha, a dane z bieżącego roku wskazują na dalszy wzrost. Największym producentem roślin GM pozostaje Hiszpania, gdzie w 2007 roku uprawy kukurydzy GM prowadzono na obszarze ponad 75 tys. ha. Około 25% produkcji kukurydzy w tym kraju to kukurydza GM. Zasiwy występowały również we Francji (21,2 tys. ha), Czechach (5 tys. ha) Portugalii, Niemczech, Słowacji i Polsce.

Koegzystencja

W gestii każdego z państw członkowskich leży opracowanie zasad uprawy roślin GM na danym terenie. Koegzystencja ma zapewnić harmonijną kohabitację upraw tradycyjnych, ekologicznych i biotechnologicznych z uwzględnieniem zasad zawartych w prawie europejskim. Jak dotąd tylko część z państw europejskich wprowadziła tego typu przepisy na podstawie własnych doświadczeń czy korzystając z doświadczeń innych. W Polsce zasady koegzystencji nie zostały jeszcze opracowane.

Aspekty prawne stosowania roślin GM

Wiele krajów już zaadoptowało, lub jest na etapie tworzenia legislacji związanej z dopuszczaniem do środowiska lub na rynek produktów nowoczesnej biotechnologii. W niektórych przypadkach funkcjonują w tych krajach zasady znakowania żywności i pasz pochodzących z GMO, zazwyczaj przy zastosowaniu progów znakowania (możliwość domieszek transgenicznego materiału w łań-

cuchu żywnościowym).

Zasadnicze różnice w odnośzeniu się Europy i Stanów Zjednoczonych do osiągnięć biotechnologii wywodzą się z dwóch typów postaw przy akceptacji bioproduktów.

W USA stosuje się ocenę produktu tzw. „product-based approach” (McHughen i Smith, 2008). Na podstawie solidnych dowodów naukowych uznaje się, że metody inżynierii genetycznej są specyficzne i nie niosą same w sobie zagrożenia dla bezpieczeństwa człowieka czy środowiska, a wytworzony tymi metodami produkt traktowany jest jak każdy inny mający dostać się na rynek. Produkt GM poddawany więc jest takiej samej ocenie jak produkt wytworzony przy pomocy tradycyjnej hodowli, mutagenezy, czy metod hodowli *in vitro*.

W Unii Europejskiej zaakceptowana została strategia polegająca na ocenie produktu pod kątem procesu jaki doprowadził do jego powstania, tzw. „process-based approach”. Dlatego w przypadku wszystkich produktów otrzymanych metodami inżynierii genetycznej musi być przeprowadzone szczegółowe badanie na każdym etapie uzyskiwania zgody przed dopuszczeniem go na rynek wspólnotowy. Wymagane jest także późniejsze monitorowanie GMO oraz opracowanie zasad reakcji w przypadku pojawienia się zagrożeń. Zasada przezorności („precautionary principle”), która leży u podstaw wszystkich regulacji wspólnotowych, ma na celu zapobieganie negatywnym efektom stosowania GMO, nim one nastąpią.

Wyraźna dysproporcja w wykorzystaniu produktów agrobiotechnologii na starym i nowym kontynencie pogłębia się. Nie można zapominać o oczekiwaniach krajów rozwijających się, w szczególności krajów Afryki. Wciąż postęp w innowacjach biotechnologicznych skierowanych dla krajów biednych jest słaby, czego źródłem jest niewystarczające zainteresowanie ze strony sektora prywatnego, kwestie własności intelektualnych, niesprzyjające regulacje prawne i silna opozycja przede wszystkim ze strony pro-„ekologicznie” zorientowanych grup międzynarodowych. Choć genetycznie zmodyfikowane rośliny są tylko jednym z narzędzi służących do rozwiązywania problemów żywieniowych i ekonomicznych świata, przy odpowiednim wykorzystaniu mogą stać się kamieniem milowym w rozwoju naszej cywilizacji.

Literatura:

<http://www.unic.un.org.pl/cele.php>

<http://www.isaaa.org>

http://ec.europa.eu/food/food/biotechnology/index_en.htm

<http://gmo.mos.gov.pl>

http://ec.europa.eu/food/plant/propagation/catalogues/index_en.htm

<http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/>.

Lawrence S. (2008). Brazil surpasses US in New transgenic crop plantings. *Nature Biotechnology* 26, (3): 260.

McHughen A., Smith S., (2008). US regulatory system for genetically modified [genetically modified organism (GMO), rDNA or transgenic] crop cultivars. *Plant Biotechnology Journal* 6: 2-12.

www.agbios.com//gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/; www.gmo-compass.org

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

□ **2 SAMODZIELNE SEKCJE**

- ◆ Sekcja Mutagenazy Środowiskowej (Poznań)
- ◆ Sekcja Cytogenetyki Zwierząt Gospodarskich (Kraków)

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

XVI Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego odbył się w dniach 18-20 września 2007 roku w Warszawie, podczas którego na Walnym Zebraniu Członków Towarzystwa wybrano nowe władze na kadencję 2007-2010:

ZARZĄD GŁÓWNY TOWARZYSTWA

Przewodnicząca - prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW, Warszawa
ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa, tel. (0-22) 593 21 50
e-mail: monika_rakoczy_trojanowska@sggw.pl pl

Zastępca Przewodniczącego - prof. dr hab. Halina Midro
Zakład Genetyki Klinicznej Akademii Medycznej, Białystok

Zastępca Przewodniczącego - prof. dr hab. Krystyna M. Charon
Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt SGGW, Warszawa

Sekretarz - prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików
05-870 Błonie, tel. (0-22) 725 42 99, fax (0-22) 725 47 14
e-mail: a.orczyk@ihar.edu.pl

Skarbnik - dr Hanna Bolibok-Brągoszewska
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW, Warszawa
ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa, tel. (0-22) 593 21 50
e-mail: tapatik@yahoo.com

Członek - prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn
Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

Członek - Prof. dr hab. Zbigniew Zwierzykowski
Instytut Genetyki Roślin, Poznań

GLÓWNA KOMISJA REWIZYJNA

Prof. dr hab. Danuta Klimuszeko
Prof. dr hab. Anna Skorupska
Prof. dr hab. Stefan Malepszy

SĄD KOLEŻEŃSKI

Prof. dr hab. Andrzej Paszewski
Prof. dr hab. Zbigniew Broda
Prof. dr hab. Antoni Rogóyski

KOMISJA NAGRÓD

Przewodnicząca - prof. dr hab. Elżbieta Jagusztyn-Krynicka
(genetyka mikroorganizmów) e-mail: kjkryn@biol.uw.edu.pl
Prof. dr hab. Maria Sąsiadek (genetyka człowieka)
Prof. dr hab. Ewa Słota (genetyka zwierząt)
Prof. dr hab. Tadeusz Adamski (genetyka roślin)
Doc. dr hab. Waław Orczyk (genetyka roślin)

ODDZIAŁY TOWARZYSTWA

Oddział Białostocki

Przewodnicząca - dr Barbara Panasiuk

e-mail: genetyka@amb.edu.pl

Sekretarz - dr Beata Stasiewicz-Jarocka

Skarbnik - mgr Anna Sawicka

Członkowie Zarządu:

lek. Anna Jakubiuk-Tomaszuk

lek. Renata Posmyk

Oddział Gdański

Przewodniczący - dr Borys Wróbel

e-mail: bwrobel@iopan.gda.pl

Wiceprzewodniczący - dr Marcin Łoś (mlos@biotech.ug.gda.pl)

Sekretarz - mgr inż. Michał Jachimczak

Skarbnik - mgr Joanna Całkiewicz

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Barbara Lipińska

prof. dr hab. Janusz Limon

Oddział Krakowski

brak działalności

Oddział Lubelski

Przewodnicząca - prof. dr hab. Wanda Małek

e-mail: wanda@biotop.umcs.lublin.pl

Sekretarz - dr Sylwia Wdowiak-Wróbel

Skarbnik - dr n. med. Janusz Kocki

Członkowie Zarządu:

prof. dr hab. Anna Skorupska

prof. dr hab. Grażyna Jezewska

dr hab. Krzysztof Kowalczyk, prof. nadzw. UP

Komisja Rewizyjna:

dr hab. Daniela Gruszecka, prof. nadzw. UP

prof. dr hab. Jerzy Hortyński

dr Andrzej Mazur

Oddział Łódzki

Przewodniczący - dr hab. n. med. Lucjusz Jakubowski

e-mail: jakubowski@retsat1.com.pl

Sekretarz - dr n. med. Lech Dudarewicz

Skarbnik - lek. med. Małgorzata Piotrowicz

Oddział Poznański

Przewodniczący - prof. dr hab. Bogdan Wolko

e-mail: bwol@igr.poznan.pl

Sekretarz - doc. dr hab. Barbara Naganowska

Skarbnik - doc. dr hab. Halina Wiśniewska

Członkowie Zarządu:

doc. dr hab. Teresa Cegielska

dr hab. Dorota Cieślak, prof. AR

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Tadeusz Adamski

dr Lidia Błaszczyk

prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek

Oddział Śląski

Przewodniczący - dr hab.n.med. Aleksander L. Sieroń

e-mail: alsieron@sam.edu.pl

Sekretarz - dr n. med. Małgorzata Lisik

Skarbnik - dr n. med. Jacek Pilch

Oddział Szczeciński

Przewodniczący - prof. dr hab. inż. Marek Kmieć

e-mail: marek.kmiec@biot.ar.szczecin.pl

Sekretarz - dr inż. Arkadiusz Terman

Skarbnik - dr inż. Hanna Kulig

Komisja Rewizyjna:

dr Magdalena Achrem

dr Marian Soroka

Oddział Warszawski

Przewodnicząca - dr hab. Elżbieta Wirth - Dzieciołowska, prof. SGGW

e-mail: ewd20@poczta.onet.pl

Sekretarz - dr Marta Gajewska

Skarbnik - dr Katarzyna Unrug

Członek Zarządu - prof. dr hab. Lech Zwierzchowski

Komisja Rewizyjna:

prof. dr hab. Mirosława Włodarczyk

prof. dr hab. Stefan Malepszy

dr Małgorzata Łobocka

Oddział Wrocławski

Przewodniczący - dr hab. Piotr Kuśnierczyk

e-mail: pkusnier@iitd.pan.wroc.pl

Sekretarz - dr Agnieszka Stembalska

Skarbnik - dr Ryszard Ślęzak

FIRMY WSPIERAJĄCE FINANSOWO PTG

Towarzystwo nasze jest wspierane finansowo przez :

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

NAGRODY PTG PRYZNAWANE CO TRZY LATA

Polskie Towarzystwo Genetyczne przyznało w 2007 roku nagrody za działalność naukową i popularyzatorską w latach 2004 -2006 w trzech kategoriach:

Kategoria I – prace oryginalne

I nagroda - dla zespołu prof. dr hab. Włodzimierza Krzyżosiaka z Instytutu Chemii Organicznej, PAN w Poznaniu za cykl 10 prac:

1. Jasińska A., Krzyżosiak W.J., 2004 - Repetitive sequences that shape the human transcriptome. *FEBS Lett.* 567, 136-141
2. Sobczak K., Krzyżosiak W.J., 2004 - Patterns of CAG repeat interruptions in SCA1 and SCA2 genes in relation to repeat instability. *Human Mutat.* 20, 236-247
3. Michlewski G., Krzyżosiak W.J., 2004 - Molecular architecture of CAG repeats in human disease related transcripts. *J. Mol. Biol.* 665-679
4. Sobczak K., Krzyżosiak W.J., 2004 - Imperfect CAG repeats form diverse structures in SCA1 transcripts. *J. Biol. Chem.* 279, 41563-41572
5. Jasińska A., Krzyżosiak W.J., 2004 - Repetitive sequences that shape the human transcriptome. *FEBS Lett.*, 567, 136-141
6. Olejniczak M., Kozłowski P., Sobczak K., Krzyżosiak W.J., 2005 - Accurate and sensitive analysis of triplet repeat expansions by capillary electrophoresis. *Electrophoresis* 11, 2198-2207
7. Sobczak K., Krzyżosiak W.J., 2005 - CAG repeats containing CAA interruptions form branched hairpin structures in SCA2 transcripts. *J. Biol. Chem.* 280, 3898-3910
8. Napierała M., Michałowski D., deMezer M., Krzyżosiak W.J., 2005 - Facile FMR1 mRNA structure regulation by interruptions in CGG repeats. *Nucleic Acids Res.* 33, 451-463
9. Olejniczak M., Krzyżosiak W.J., 2006 - Genotyping simple sequence repeats-factors implicated in shadow bands generation revisited. *Electrophoresis* 19, 3724-3734
10. Krzyżosiak W.J., Sobczak K., Napierała M., 2006 - Structural characteristics of trinucleotide repeats in transcripts. W : Genetic instabilities and neurological diseases, Wells R.D, Ashizawa T. eds, Elsevier, San Diego CA, pp.705-713

Wyróżnienie - dla zespołu prof. dr hab. Andrzeja Langego z Instytutu Immunologii i Eksperymentalnej Terapii im. L. Hirszfelda we Wrocławiu za cykl 9 prac:

1. Młynarczewska A., Wysoczańska B., Karabon L., Bogunia-Kubik K., Lange A., 2004 - Lack of IFN-gama 2/2 homozygous genotype constitutes a risk factor of aGvHD manifestation after allogeneic haematopoietic stem cell transplantation. *Bone Marrow Transplant.* 34(4): 339-344

2. Karabon L., Wysoczańska B., Bogunia-Kubik K., Suchnicki K., Lange A., 2005 - IL-6 and IL-10 promoter gene polymorphisms of patients and donors of allogeneic sibling haematopoietic stem cell transplants associate with the risk of acute graft-versus-host disease. *Hum. Immunol.* 66(6): 700-709
3. Bogunia-Kubik K., Młynarczewska A., Wysoczańska B., Lange A., 2005 - Recipient IFN-gamma 3/3 genotype contributes to the development of chronic GvHD after allogeneic haematopoietic stem cell transplantation. *Haematologica* 90(3): 425-426
4. Bogunia-Kubik K., Lange A., 2005 - HSP70-hom gene polymorphism of allogeneic haematopoietic stem cell transplant recipients contributes to the development of aGvHD. *Transplantation* 79(7): 815-820
5. Bogunia-Kubik K., Duda D., Suchnicki K., Lange A., 2006 - CCR5 deletion mutation is associated with a decreased risk for the development of acute GVHD after allogeneic haematopoietic stem cell transplantation. *Haematologica* 91: 1628-1634
6. Bogunia-Kubik K., Dickinson A., Uklejewska A., Jarvis M., Lange A., 2006 - HSP70-hom gene polymorphism as a prognostic marker of graft-versus-host disease. *Transplantation* 82(8): 1116-1117
7. Bogunia-Kubik K., Młynarczewska A., Jaskula E., Lange A., 2006 - The presence of IFN-GAMMA 3/3 genotype in the recipient associates with increased risk for EBV reactivation after allogeneic haematopoietic stem cell transplantation. *Br. J. Haematol.* 132(3): 326-332

Prace przeglądowe:

1. Bogunia-Kubik K., 2004 - Polymorphisms within the TNF-alpha and TNF-beta encoding genes associate with the incidence of post-transplant complications in the recipients of allogeneic haematopoietic stem cell transplants. *Arch. Immunol. Ther. Exp.* 52(4): 240-249
2. Bogunia-Kubik K., Wysoczańska B., Lange A., 2006 - Non-HLA gene polymorphisms and the outcome of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation. *Curr. Stem Cell Res. Ther.* 1(2): 239-253

Kategoria II – podręczniki

Nagroda - za podręcznik „**Genetyka Molekularna**” - pod red. Piotra Węgleńskiego, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2006

Kategoria III – prace popularyzatorskie

I nagroda - zespołowa dla **Szkoły Festiwalu Nauki**, która powstała w 2002 roku jako konsorcjum kilku instytutów naukowych. Szkoła Festiwalu Nauki stawia sobie za cel popularyzację zagadnień współczesnej biologii poprzez organizowanie warsztatów dla młodzieży, doskonalenia nauczycieli, organizację staży, organizację wykładów, współpracę międzynarodową oraz wiele innych.

Wyróżnienie - dla doktoranta Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego - **mgr Takao Ishikawy**, którego zaangażowanie w procesy edukacyjne i popularyzację współczesnej wiedzy biologicznej zasługuje na uznanie. Jest on m.in. współorganizatorem olimpiad Biologicznych, współpracuje ze Szkołą Festiwalu Nauki, wygłasza pogadanki radiowe, prowadzi kursy „internetowe”.

Sponsorami nagród byli :

- Firma Olympus Optical Polska Sp. z o.o.
- Firma Genzyme sp. z o.o.
- Firma Roche Diagnostics Polska sp. z o.o.

NAGRODY PTG ZA NAJLEPSZE PRACE OPUBLIKOWANE W 2006 ROKU

Towarzystwo przyznało w 2007 roku coroczną nagrodę za najlepszą pracę opublikowaną w 2006 roku:

Z zakresu genetyki człowieka:

Piotrowska E., Jakobkiewicz-Banecka J., Barańska S., Tylki-Szymańska A., Czartoryska B., Węgrzyn A., Węgrzyn G., 2006 - Genistein-mediated inhibition of glycosaminoglycan synthesis as a basis for gene expression-targeted isoflavone therapy for mucopolysaccharidoses. *Eur. J. Hum. Genet.* Jul, 14(7): 846-52

Z zakresu genetyki zwierząt:

Adamowicz T., Flisikowski K., Starzyński R., Zwierzchowski L., Świtoński M., 2006 - Mutation in the Sp1 motif of the bovine leptin gene affects its expression. *Mamm. Genome* Jan, 7(1): 77-82

Z zakresu genetyki roślin:

Ziółkowski P.A., Kaczmarek M., Babula D., Sadowski J., 2006 - Genome evolution in Arabidopsis/Brassica: conservation and divergence of ancient rearranged segments and their breakpoints. *Plant J.* Jul, 47(1): 63-74

Z zakresu genetyki mikroorganizmów:

Rogowska A.T., Puchta O., Czarnecka A.M., Kaniak A., Stępień P.P., Golik P., 2006 - Balance between transcription and RNA degradation is vital for *Saccharomyces cerevisiae* mitochondria: reduced transcription rescues the phenotype of deficient RNA degradation. *Mol. Biol. Cell* Mar, 17(3): 1184-93

Sponsorami nagród byli :

- Firma Olympus Opitcal Polska Sp. z o.o.
- Firma Genzyme sp. z o.o.
- Firma Roche Diagnostics Polska sp. z o.o.

Nagrody zostały wręczone podczas II Polskiego Kongresu Genetyki w dniu 18 września 2007 roku.

NAGRODY PRYZNANE PODCZAS II POLSKIEGO KONGRESU GENETYKI ZA NAJLEPSZE PREZENTACJE MŁODYCH PRACOWNIKÓW NAUKI

Komisja konkursowa w składzie:

Profesorowie: Małgorzata Krajewska-Walasek i Jerzy Bal (genetyka człowieka), Krystyna Charon i Ewa Słota (genetyka zwierząt), Małgorzata Gaj i Wacław Orczyk (genetyka roślin), Elżbieta Jagusztyn-Krynicka i Anna Skorupska (genetyka mikroorganizmów)

przyznała:

- pierwsze miejsce – cztery równorzędne nagrody :

W zakresie genetyki człowieka – Bartłomiej Kisiel za pracę „Rola receptora estrogenowego beta w patogenezie choroby Graves-Basedowa”

W zakresie genetyki zwierząt – Agata Chmurzyńska za pracę „Wykorzystanie genomiki porównawczej do identyfikacji sekwencji konserwatywnych w regionach QTL dla cech otłuszczenia świń”

W zakresie genetyki roślin – Joanna Dąbrowska za pracę „Analiza funkcjonalna wybranych genów pomidora indukowanych atakiem mątwika ziemniaczanego”

W zakresie genetyki mikroorganizmów – Magdalena Lewandowska za pracę „Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna poliwalentnego bakteriofaga gronkowcowego A5W”

- osiem równorzędnych wyróżnień :

W zakresie genetyki człowieka :

- Joanna Pietrzak za pracę „Pierwszy przypadek rodzinnego zespołu Jacobsena z delecją 11q24.3-q25 - analiza kliniczno-molekularna”
- Marta Schab za pracę „Badanie częstości występowania polimorficznego wariantu genu CYP1B1 (355T/T) w raku prostaty”

W zakresie genetyki zwierząt:

- Anna Bratuś za pracę „Wykorzystanie sond molekularnych do fizycznego mapowania genu DMRT1 w kariotypie bydła domowego (*Bos taurus*)”
- Małgorzata Kus-Liśkiewicz za pracę „Różnice w ekspresji genów stresu termicznego pomiędzy komórkami plemnikotwórczymi i somatycznymi”

W zakresie genetyki roślin:

- Aneta Hromada-Judycka za pracę „Izolacja obszarów genomu związanych z reakcją niedojrzałych zarodków żyta ozimego (*Secale cereale* L.) w kulturze *in vitro*”
- Bogna Szarzyńska za pracę „Charakterystyka genów i pierwotnych prekursorów mikroRNA *Arabidopsis thaliana*”

W zakresie genetyki mikroorganizmów:

- Małgorzata Marczak za pracę „Lokalizacja komórkowa, struktura drugorzędowa i funkcja białka PssO *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* TA1”
- Bożena Nejman za pracę „Regulacja replikacji DNA fagów lambdoidalnych niosących geny *stx*”

Sponsorami nagród byli:

- Carl Zeiss Sp. z o.o.
- Wydawnictwo Naukowe PWN

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. W roku bieżącym jest trzecia edycja grantów (2208/2009). Regulamin i formularze wniosku o dofinansowanie projektu badawczego zamieszczone są na stronie internetowej PTG www.ptgen.pl/granty.html

W drugiej edycji grantów (2007/2008) PTG zakwalifikowano do finansowania 4 granty:

1. "Analiza genetycznego podłoża zwyrodnienia plamki związanego z wiekiem (AMD) na podstawie identyfikacji polimorfizmów w genach CFH i HTRE1 u pacjentów z AMD w polskiej populacji – potencjalne implikacje diagnostyczne i terapeutyczne" pod kierownictwem Pana Radosława Maksyma
- Koło Naukowe Biologii Molekularnej Komórki Uniwersytetu Warszawskiego pod opieką dr Moniki Ołdak
2. "Identyfikacja nowych elementów maszynerii segregacyjnej u *Streptomyces*:

rola topoizomerazy w organizacji chromosomów podczas procesu segregacji” pod kierownictwem Pani Patrycji Łambuckiej
- Studenckie Koło Naukowe przy Instytucie Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN pod opieką dr Dagmary Jakimowicz

3. "Poszukiwanie polimorfizmu w eksonie trzecim genu miostatyny w wybranych rasach psów zróżnicowanych pod względem umięśnienia" pod kierownictwem Pani Marii Grześ
- Koło Naukowe Zootechników Akademii Rolniczej w Poznaniu pod opieką dr Izabeli Szczerbal
4. "Lactococci mediated RNA interference in mammalian epithelial cells - exploring its potential in therapy and prevention colon cancer" pod kierownictwem Pana Marka Jankowskiego
- Studenckie Koło Naukowe przy Katedrze Collegium Medicum Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Bydgoszczy pod opieką dr med. Piotra Kopalińskiego

Sponsorzy grantów - firmy:

- Sigma-Aldrich Sp. z o.o.
- abo Grażyna Boreysza
- Roche Diagnostics Polska Sp. z o.o.
- Heliconius A&A Biotechnology
- Kucharczyk Techniki Elektroforetyczne
- Bio-Rad Polska Sp. z o.o.
- Merck Sp. z o.o.
- Polskie Towarzystwo Genetyczne

SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI ODDZIAŁÓW PTG W ROKU 2007

Białostocki Oddział PTG:

W okresie sprawozdawczym Oddział Białostocki prowadził działalność popularyzującą współczesną wiedzę genetyczną:

- ◆ Wiedzieć więcej o zespole Retta – *prof. dr hab. Alina T. Midro* - wykład na zaproszenie Oddział w Lublinie Polskiego Towarzystwa Genetycznego
- ◆ Spotkanie z młodzieżą klas maturalnych Liceum Ogólnokształcącego im. Jana Pawła II w Wilnie/ Litwa w dniu 26 października 2007 - *prof. dr hab. Alina T. Midro*
- ◆ Spotkanie z młodzieżą klas maturalnych VI Liceum Ogólnokształcącego w Białymstoku w dniu 13 listopada 2007 - *prof. dr hab. Alina T. Midro* - Geny a wychowanie
- ◆ Artykuły i wywiady w prasie lokalnej oraz o zasięgu krajowym i zagranicznym – 27 (Kurier Poranny, Medyk Białostocki, Autyzm, Biuletyn OIL, Bardziej Kochani, Nasz Czas, Nasz Dziennik, Pani), audycje radiowe (5) i telewizyjne (2)
- Wykłady i konsultacje na turnusach rehabilitacyjnych oraz spotkaniach z rodzicami ze Stowarzyszeń:
 - ◆ Ogólnopolskiego Stowarzyszenia Pomocy Osobom Z Zespołem Retta
 - ◆ Stowarzyszenia Pomocy Dzieciom i Młodzieży Specjalnej Troski „Jeden Świat”
 - ◆ Stowarzyszenia Rodzin i Opiekunów Osób z Zespołem Downa „Bardziej KOCHANI”
 - ◆ Polskiego Stowarzyszenia Pomocy Osobom z Zespołem Pradera-Williego

Oddział Białostocki PTG liczy obecnie 28 członków.

Gdański Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Oddziału PTG w Gdańsku zorganizował wspólnie z Sopockim Towarzystwem Naukowym 3 spotkania naukowe, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ Budowa białek – *dr Borys Wróbel* dr z Instytutu Oceanologii PAN w Sopocie
- ◆ Budowa kwasów nukleinowych – *dr Borys Wróbel* dr z Instytutu Oceanologii PAN w Sopocie
- ◆ Centralny dogmat biologii – *dr Borys Wróbel* dr z Instytutu Oceanologii PAN w Sopocie

Krakowski Oddział PTG

Zarząd Oddziału nie złożył sprawozdania

Lubelski Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Oddziału PTG w Lublinie zorganizował 5 spotkań naukowych, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ Genetyczna koncepcja gatunku - *dr Grzegorz Nowak* z Zakładu Biochemii UMCS w Lublinie
- ◆ Polimorfizm mitochondrialnego DNA - *dr hab. Piotr Kozioł* z Zakładu Medycyny Sądowej AM w Lublinie
- ◆ Ludzki chromosom Y-zastosowanie w medycynie sądowej, genealogii i poszukiwaniach praojczyzny Słowian - *dr n. med. Krzysztof Rębała* z Zakładu Medycyny Sądowej AM w Gdańsku
- ◆ Adaptacja brodawek korzeniowych grochu do stresu abiotycznego - *dr Wojciech Borucki* z SGGW w Warszawie
- ◆ Wiedzieć więcej o zespole Retta - *prof. dr hab. Alina T. Midro* z Zakładu Genetyki Klinicznej AM w Białymstoku.

Oddział PTG w Lublinie był również współorganizatorem Ogólnopolskiej Konferencji Naukowo-Szkoleniowej pt. „Problemy diagnostyki, rehabilitacji i rozwoju dziecka niepełnosprawnego”, która odbyła się w dniach 25-27.09.2007 w Lublinie.

Oddział Lubelski PTG liczy obecnie 54 członków.

Łódzki Oddział PTG

Zarząd Oddziału nie złożył sprawozdania

Poznański Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Oddziału PTG w Poznaniu zorganizował 7 spotkań naukowych, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ The generation and use of high density SNP and gene expression data to identify quantitative trait genes - *prof. dr Gudrun A. Brockmann* z Instytutu Nauk o Zwierzętach Uniwersytetu Humboldta w Berlinie - zebranie naukowe zorganizowane wspólnie z Poznańskim Kołem Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego
- ◆ Podstawowe zasady uprawy roślin w kontrolowanych warunkach wegetacji - *dr hab. Marcin Rapacz* z Katedry Fizjologii Roślin Akademii Rolniczej w Krakowie
- ◆ Gene regulation code - *dr Alexander Kel* z BIOBASE GmbH, Halchtersche Str. 33,

D-38304 Wolfenbüttel, Niemcy

- ◆ Rola genu NANOS1 w płodności człowieka - *dr Kamila Kusz* z Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
- ◆ Zmiany cytogenetyczne w komórkach roślinnych powodowane przez mikotoksyny fuzaryjne - *dr hab. Danuta Packa* z Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego - zebranie naukowe zorganizowane wspólnie z Sekcją Mikologii i Mikotoksyn Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
- ◆ Nowe narzędzia cytogenetyki roślin - *doc. dr hab. Barbara Naganowska* z Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
- ◆ Chromatyna a integracja sygnalizacji hormonalnej i stresowej u roślin - *prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski* (z Uniwersytetu Warszawskiego oraz Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie).

W roku 2007 zmarli dr Andrzej Kalinowski oraz doc. dr hab. Irena Frencel - Członkowie Poznańskiego Oddziału PTG.

Śląski Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Śląskiego Oddziału PTG zorganizował 4 spotkania naukowe, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ Molekularne różnice w typach histologicznych nowotworów jajnika - *prof. Ewa Grzybowska* z Centrum Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie w Gliwicach
- ◆ *Tuberous sclerosis: genetics, pathogenesis, mouse models, and therapy: implications for tumor biology* - *profesor David Kwiatkowski* z Harvard Medical School, MA, USA
- ◆ Diagnostyka niepełnosprawności intelektualnych - wyzwanie dla genetyki XXI wieku - *dr n. med. Małgorzata Lisik* z Katedry i Zakładu Biologii Ogólnej, Molekularnej i Genetyki SUM w Katowicach
- ◆ Zespół Retta - nowe możliwości diagnostyczne i terapeutyczne. Relacja z wyjazdu do Centrum Retta w Szwecji - *dr n. med. Jacek Pilch* z Kliniki Neurologii Wieku Rozwojowego SUM w Katowicach

Oddział Śląski PTG liczy obecnie 34 członków.

Szczeciński Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Szczecińskiego Oddziału PTG zorganizował 1 spotkanie naukowe, podczas którego wygłoszono referat:

- ◆ Markery genetyczne związane z odpornością na mastitis u krów mlecznych - *dr inż. Katarzyna Wojdak-Maksymiec* z Katedry Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt Akademii Rolniczej w Szczecinie.

Warszawski Oddział PTG

W roku 2007 Zarząd Warszawskiego Oddziału PTG zorganizował 4 spotkania naukowe, podczas których wygłoszono referaty:

- ◆ Choroby rzęskopochodne: co je powoduje i jak są dziedziczone – *prof. dr hab. Michał Witt* z Międzynarodowego Instytutu Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie oraz Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
- ◆ Kontrowersje wokół roślin transgenicznych: przezorność czy technofobia? – *prof. dr hab. Andrzej Anioł* z Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
- ◆ „Mechanizmy epigenetyczne i regulacja rozwoju u roślin” – *prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski* z Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN oraz Instytutu Biologii Eksperymentalnej Roślin UW w Warszawie
- ◆ Labilna pula żelaza: Wróg czy Przyjaciół? – *doc. dr hab. Marcin Kruszewski* z Instytutu Chemii i Techniki Jądrowej w Warszawie.

Ponadto przewodnicząca Oddziału – *prof. dr hab. A. Nadolska-Orczyk*, sekretarz – *dr M. Pawełkowicz* i skarbnik – *dr H. Bolibok-Braęoszewska* wzięły udział w organizowaniu II Polskiego Kongresu Genetyki w Warszawie, któremu przewodniczyła *prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska*. Kongres odbył się w dniach 18-20 września, 2007, a jego organizacja wymagała dużego zaangażowania na parę miesięcy wcześniej.

Oddział Warszawski PTG liczy obecnie 191 członków.

Wrocławski Oddział PTG

Zarząd Oddziału nie złożył sprawozdania

INFORMACJE NA TEMAT II POLSKIEGO KONGRESU GENETYKI

W dniach 18 - 20 września 2007 roku na terenie kampusu Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie odbył się II Polski Kongres Genetyki. Był to jednocześnie XVI Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego i V Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka.

Kongres w obecnym kształcie był zorganizowany po raz drugi. Cztery lata temu, w Gdańsku po raz pierwszy oba Towarzystwa podjęły decyzję o wspólnej organizacji Kongresu co cztery lata. Taka formuła spotkań sprzyja lepszej integracji środowiska genetyków oraz nawiązania nowych kontaktów naukowych.

II Polski Kongres Genetyki cieszył się dużym zainteresowaniem, albowiem wzięło w nim udział ponad 650 uczestników. Wśród nich byli naukowcy z niemal wszystkich ośrodków zajmujących się genetyką, zarówno wyższych uczelni (51%), jak i instytutów PAN (26%), JBR-ów i innych (23%). Ponad połowa uczestników to osoby zajmujące się genetyką człowieka, 24% - genetyką zwierząt, 19% - genetyką roślin i 12% - genetyką mikroorganizmów.

Wachlarz zagadnień prezentowanych na kongresie był bardzo szeroki. Przedstawiono na nim wyniki badań wpisujących się w nurt najbardziej aktualnej problematyki genetycznej. Były to wykłady i doniesienia dotyczące:

- epigenetycznej regulacji ekspresji genów
- diagnostyki i terapii nowotworów oraz chorób genetycznych (również zwierzęcych)
- genomiki funkcjonalnej i strukturalnej, w tym sekwencjonowania i analizy genomów, mechanizmów transkrypcji genów, genetycznych uwarunkowań apoptozy, modyfikacji genetycznych, komórek macierzystych.

W kongresie uczestniczyli wybitni uczeni, wyznaczający nowe kierunki w genetyce, m.in. profesorowie: Jerzy Paszkowski, Malcolm Ferguson-Smith, Mariusz Ratajczak, Jan Barciszewski, Georg Coupland, Martine Yerle, Ruedi Fries.

Wykład inauguracyjny na temat epigenetycznej regulacji ekspresji genów wygłosił prof. Jerzy Paszkowski z Uniwersytetu w Genewie.

Podczas Kongresu odbyły się 2 sesje plenarne, na które składało się 8 wykładów o zróżnicowanej tematyce, m.in. dotyczących:

- wykorzystania komórek macierzystych w medycynie (prof. Mariusz Ratajczak)
- zastosowania technologii RNAi w terapii niektórych nowotworów mózgu (prof. Jan Barciszewski)
- porównawczego mapowania genomów świni i człowieka (prof. Martine Yerle).

W ostatnim dniu Kongresu odbyła się sesja plenarna o charakterze dyskusji panelowej, poświęcona projektowi EuroGentest finansowanemu przez Unię Europejską i mającemu na celu harmonizację, poprawienie oraz, w miarę możliwości, ujednoczenie standardów przeprowadzania różnorodnych medycznych

testów genetycznych (cytogenetycznych i molekularnych) we wszystkich krajach Unii. W sesji tej wzięli również udział członkowie organizacji pomagającym rodzinom dotkniętym chorobami genetycznymi.

Szczególne zainteresowanie wzbudziły wykłady profesorów Mariusza Ratajczaka i Jana Barciszewskiego. Wykład pierwszego z wymienionych wykładowców dotyczył niezwykle aktualnego zagadnienia, jakim są komórki macierzyste. Kierowany przez prof. Ratajczaka zespół wykazał, że w szpiku kostnym myszy oraz krwi pępowinowej człowieka znajdują się komórki, które mają właściwości komórek embrionalnych, jak również mogą być prekursorami komórek płciowych. Komórki te nazwano VSEL (ang. very small embryonic-like stem cells). VSEL mogą stanowić potencjalne źródło w terapii regeneracji tkanek a także być alternatywą w stosunku do komórek macierzystych izolowanych z ludzkich zarodków.

Wykład prof. Barciszewskiego był poświęcony wykorzystaniu interferencyjnego RNA (RNAi) w terapii niektórych rodzajów guzów mózgu, m.in. złośliwych glejaków. Tradycyjne metody leczenia tych nowotworów są mało skuteczne. Prof. Barciszewski pokazał alternatywne podejście terapeutyczne polegające na wykorzystaniu zjawiska RNAi czyli wyciszenie genów kodujących białka wykazujące nadekspresję podczas rozwoju guza przez inaktywację ich transkryptów. Zespół profesora odniósł już pierwsze sukcesy stosując RNAi do wyciszenia genu kodującego tenascynę-C.

Sesje tematyczne były podzielone na 4 sekcje: genetyka człowieka, genetyka zwierząt, genetyka roślin, genetyka mikroorganizmów. W ramach genetyki człowieka wydzielono 7 sesji tematycznych: Ciliopatie - genetycznie uwarunkowane zaburzenia funkcji rzęsek, Nowotwory dziedziczne, Porównawcza hybrydyzacja genomowa (*array CGH*) - potencjał diagnostyczno-badawczy, Onkologia, Dysmorfologia, Neurogenetyka I, Neurogenetyka II; w genetyce zwierząt - 5 sesji: Genomika strukturalna i funkcjonalna, Molekularne podłoże chorób i wad dziedzicznych, Genetyka cech ilościowych, Detekcja genów głównych, Inżynieria genetyczna w hodowli zwierząt; w genetyce roślin - 5 sesji: Struktura i funkcja genu w okresie postgenomowym, Organizacja genomu, Genetyka rozwoju, Genetyka populacji i ewolucja, Genetyka i rolnictwo a w genetyce mikroorganizmów - 4 sesje: Genomika i bioinformatyka mikroorganizmów, Regulacja ekspresji genów, Replikacja DNA. Plazmidy, transpozony i bakteriofagi, Genetyka mikroorganizmów w biotechnologii i medycynie.

Kongresowi towarzyszyły wystawy firm biotechnologicznych oraz farmaceutycznych, odbyły się także warsztaty poświęcone najnowszym technikom badawczym stosowanym w genetyce.

Był on także okazją do wręczenia członkostwa honorowego Polskiego Towarzystwa Genetycznego prof. dr hab. Czesławowi Tarkowskiemu oraz członkostwa honorowego Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka profesorowi Malcolmowi Ferguson-Smith.

Zgodnie z wieloletnią tradycją podczas uroczystości otwarcia wręczono nagrody za najlepsze prace wykonane przez polskich genetyków, a także ogłoszono wyniki konkursu na granty studenckich kół naukowych - jednym z bene-

ficjentów był student Międzywydziałowego Studium Biotechnologii SGGW pan Michał Kowara.

W ostatnim dniu kongresu nagrodzono młodych naukowców za najlepsze prezentacje.

II Polski Kongres Genetyki, podobnie jak poprzedni, został pozytywnie odebrany przez uczestników. Sukces ten osiągnięto dzięki wspólnym wysiłkom komitetów organizacyjnego i naukowego, a także wsparciu finansowemu firm biotechnologicznych oraz dużej życzliwości władz (w szczególności JM Rektora SGGW prof. dr hab. Tomasza Boreckiego i Kanclerza SGGW W. Skarżyńskiego) i pomocy pracowników technicznych SGGW.

Przewodnicząca
Komitetu Organizacyjnego
II Polskiego Kongresu Genetyki
/prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska/

JOURNAL OF APPLIED GENETICS UZYSKAŁ IMPACT FACTOR (ZA 2007 ROK) BLISKI JEDNOŚCI

Prof. dr hab. Marek Świtoński, redaktor naczelny

<http://jag.igr.poznan.pl/>

Journal of Applied Genetics (JAG), jedyne czasopismo genetyczne wydawane w Polsce, jest uwzględniane m.in. w bazach *PubMed* - od 2002r., *Science Citation Index Expanded (SCI-Ex)* i *Current Contents (CC)* - od 2006r. oraz *Journal Citation Reports (JCR)* - od 2008r. Najnowszym osiągnięciem czasopisma jest opublikowany w czerwcu 2008r. pierwszy *impact factor (IF)* - dla 2007r., który wyniósł 0,967. Wartość tę można uznać za bardzo obiecujący punkt wyjścia do starań o sukcesywne podnoszenie międzynarodowego prestiżu JAG.

JAG został zaklasyfikowany w bazie JCR do dyscypliny *Heredity and Genetics*, która obejmuje obecnie 132 czasopisma, a IF tych czasopism zawiera się w przedziale od 0,061 do 25,556 (*Nature Genetics*). Warto jednak zauważyć, że zdecydowana większość czasopism w tej dyscyplinie ma IF, który nie przekracza wartości 6,0, a najliczniejszy jest przedział wyznaczony przez wartości od 2,001 do 4,0 (Ryc. 1). Pozycja JAG jest jak na razie odległa, bowiem zajmuje 115 pozycję wśród 132 czasopism i mieści się w drugim pod względem liczebności przedziale - od 0,001 do 2,0. Obserwowany poziom liczby cytowań w bieżącym roku prac

opublikowanych w *JAG* w latach 2006 i 2007 pozwala zakładać, że *IF* za 2008 rok przekroczy wartość 1,2.

Analiza cytowań prac opublikowanych w *JAG* w latach 2000-2007 wskazuje, że znaczący odsetek publikacji był cytowany w czasopismach indeksowanych przez bazy *SCI-Ex*, *CC* i *JCR* (tabela 1). Świadczy to o faktycznym zasięgu międzynarodowym czasopisma. Wśród cytowanych prac, opublikowanych w tym okresie, zdecydowanymi liderami pod względem liczby cytowań są dwa artykuły przeglądowe:

- a) Chmurzyńska A. (2006). The multigene family of fatty acid-binding proteins (FABPs): Function, structure and polymorphism. *Journal of Applied Genetics* 47 (1): 39-48.
Dział: *Animal Genetics*, 37 cytowań,
- b) Malerba G., Pignatti P.F. (2005). A review of asthma genetics: gene expression studies and recent candidates. *Journal of Applied Genetics* 46 (1): 93-104.
Dział: *Human Genetics*, 33 cytowania.

Najbliższe lata niewątpliwie będą kluczowe dla zdobycia i ugruntowania wysokiej pozycji *JAG* w grupie czasopism genetycznych. Będzie to zależało, jak to wiele razy już podkreślano, od poziomu merytorycznego publikacji, co ma bezpośredni związek z liczbą cytowań. Zachęcam wszystkich PT członków naszego Towarzystwa do składania wartościowych prac naukowych do opublikowania w *JAG* oraz cytowania prac już opublikowanych w tym czasopiśmie. Działania te mogą mieć istotny wpływ na kształtowanie renomy czasopisma, które na stronie tytułowej (Approved by: the Polish Genetic Society, The Polish Society of Human Genetics) podkreśla związek z dwoma krajowymi towarzystwami genetycznymi: Polskim Towarzystwem Genetycznym oraz Polskim Towarzystwem Genetyki Człowieka.

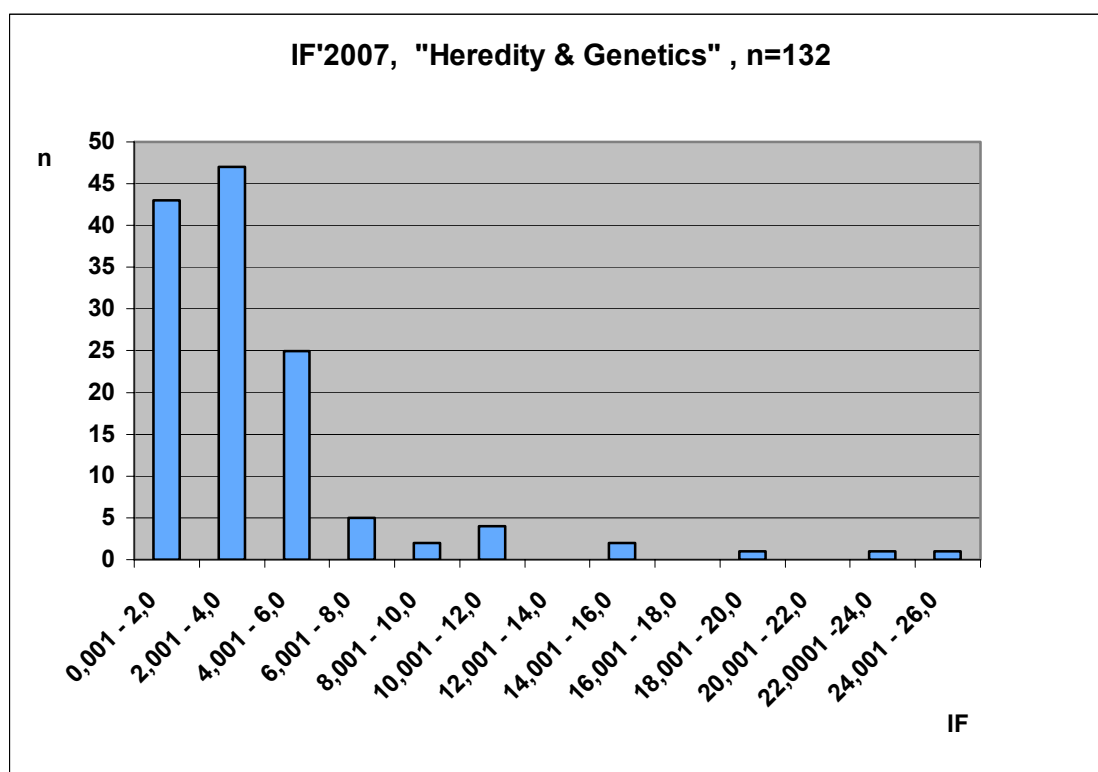
Tabela 1. Cytowania prac opublikowanych w JAG w latach 2000-2007

Rok	Ogólna liczba opublikowanych prac	Liczba cytowanych prac w następnych latach, które opublikowano w danym roku				
		Ogółem (% w stosunku do opublikowanych)	w tym liczba prac w niżej podanych zakresach cytowań			
			1 -9	10 -19	20 - 29	30 - 39
2000	30	21 (70%)	21	0	0	0
2001	53	45 (85%)	42	3	0	0
2002*	53	51 (96%)	44	7	0	0
2003	59	48 (81%)	43	5	2	0
2004	57	48 (84%)	43	5	2	0
2005	64	50 (78%)	46	3	0	1
2006**	62	39 (63%)	37	1	0	1
2007	56	26 (50%)	26	0	0	0

* przyjęcie JAG do bazy PubMed

** przyjęcie JAG do baz SCI-EX, JCR i CC

Rycina 1. Liczba czasopism uwzględnionych w dyscyplinie „Heredity & Genetics” w powiązaniu z wartością IF (szereg rozdzielczy)



INFORMACJE ZARZĄDU GŁÓWNEGO PTG

Pierwsze zebranie Zarządu Głównego PTG w kadencji 2007-2010 odbyło się 10 stycznia 2008 roku.

Główne zagadnienia poruszane podczas tego zebrania :

1. Podsumowanie II Polskiego Kongresu Genetyki – przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego prof. dr hab. M. Rakoczy-Trojanowska przedstawiła informacje o uczestnikach kongresu, a dr H. Bolibok-Brągoszewska - raport finansowy kongresu. Prof. dr hab. Wanda Małek podała proponowany termin następnego kongresu - 12-15 września 2010 roku w Lublinie.
2. Przedstawienie nowych składów Zarządów Oddziałów PTG.
3. Składki członkowskie – ZG PTG przyjął uchwałę o skreślaniu z listy Członków osób zalegających z opłaceniem składek dłużej niż dwa lata. Przyjęto wniosek o utworzenie subkont dla Oddziałów Towarzystwa.
4. Postanowiono wznowić wydawanie Biuletynu Informacyjnego PTG w formie drukowanej. Oprócz tego Biuletyn będzie także na stronie Internetowej PTG.
5. Przegłosowano wniosek o zmianie szaty graficznej strony Internetowej Towarzystwa i utworzeniu w obrębie strony Towarzystwa podstron dla Oddziałów. Opiekę nad stroną Internetową PTG powierzono prof. dr hab. Annie Nadolskiej-Orczyk.
6. Przegłosowano wniosek o dofinansowanie w 2008 roku przez ZG PTG konferencji International Life Science Students' Conference oraz konferencji organizowanej w Lublinie (wniosek prof. Kockiego i prof. Małek).
7. Ukonstytuowanie Komisji Nagród. Kontynuowane będzie coroczne ogłaszanie konkursów i przyznawanie nagród PTG za najlepsze publikacje oraz grantów dla Studencki Kół Naukowych. Ogłaszanie konkursu na granty uzależniono od wcześniejszego uzyskania deklaracji firm o ich finansowaniu.
8. Przegłosowano wniosek przewodniczącej ZG PTG prof. M. Rakoczy-Trojanowskiej o kontynuację prac archiwizujących dokumenty i prace PTG oraz ich pisemne opracowanie.

prof. dr hab. Anna-Nadolska-Orczyk
Sekretarz Zarządu Głównego
Polskiego Towarzystwa Genetycznego

