

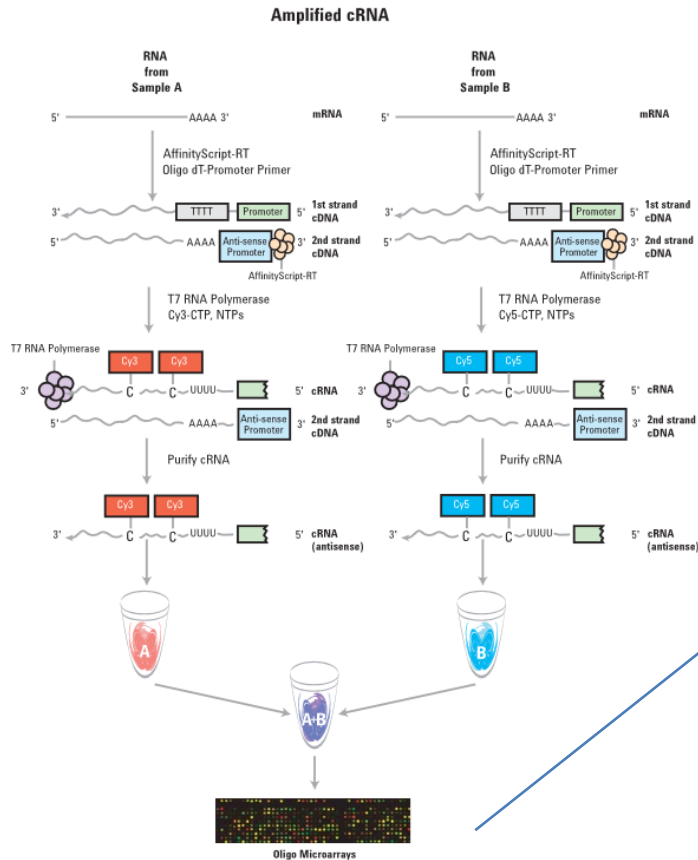
**Badania transkryptomyczne metodą mikromacierzy z
użyciem platformy firmy Agilent pozwalające na
analizę ekspresji genów u zwierząt gospodarskich**



Magdalena Materniak-Kornas, Marzena Rola-Łuszczak, Anna Ryło

27.03.2026

Mikromacierze - etapy



- Skanowanie
- Ilościowa analiza obrazu
- Surowe dane liczbowe
- Normalizacja danych
- Analiza danych – Fold Change (FC)
- Interpretacja wyników

Pracownia mikromacierzy

- 2006/2007 – pracownia mikromacierzy w Zakładzie Biochemii – platforma Perkin Elmer + Bovine long oligoplus microarray (BLOPlus) - 10,195 70-nt sond (Michigan State University)

Grant MNiSW N N308 182438
M. Rola-Łuszczak



Arch Virol
DOI 10.1007/s00705-013-1959-1

BRIEF REPORT



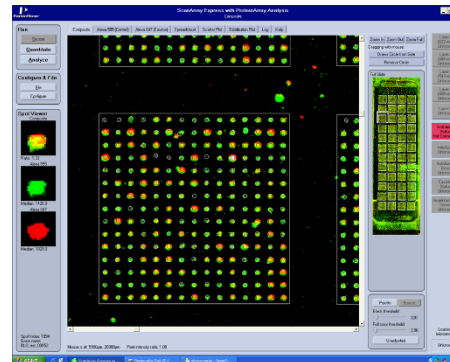
J Vet Res 66, 487-495, 2022
DOI:10.2478/jvetres-2022-0072

Transcriptomic microarray analysis of BoMac cells after infection with bovine foamy virus

Marzena Rola-Łuszczak · Magdalena Materniak ·
Aneta Pluta · Marcel Hulst · Jacek Kuźmak



ProScanArray
(Perkin Elmer)



Transcriptome analysis of bovine macrophages (BoMac) cells after infection with bovine immunodeficiency virus

Marzena Rola-Łuszczak^{1,2}, Magdalena Materniak-Kornas^{1,2},
Piotr Kubis¹, Aneta Pluta^{1,2}, Marlena Smagacz¹, Jacek Kuźmak¹

¹Department of Biochemistry, ²Department of Omics Analysis,
National Veterinary Research Institute, 24-100 Puławy, Poland
mrolka@piwet.pulawy.pl

Pracownia mikromacierzy

- 2011/2012 platforma Agilent – współpraca z ZChS PIWet-PIB i z SGGW

Molecular Biology Reports (2018) 45:675–688
<https://doi.org/10.1007/s11033-018-4204-x>

ORIGINAL ARTICLE

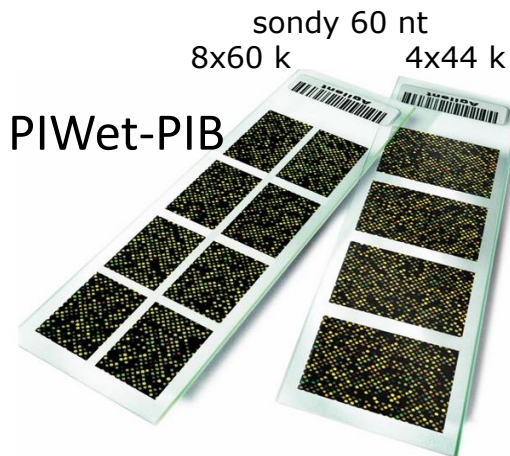


Transcriptional profiles of PBMCs from pigs infected with three genetically diverse porcine reproductive and respiratory syndrome virus strains

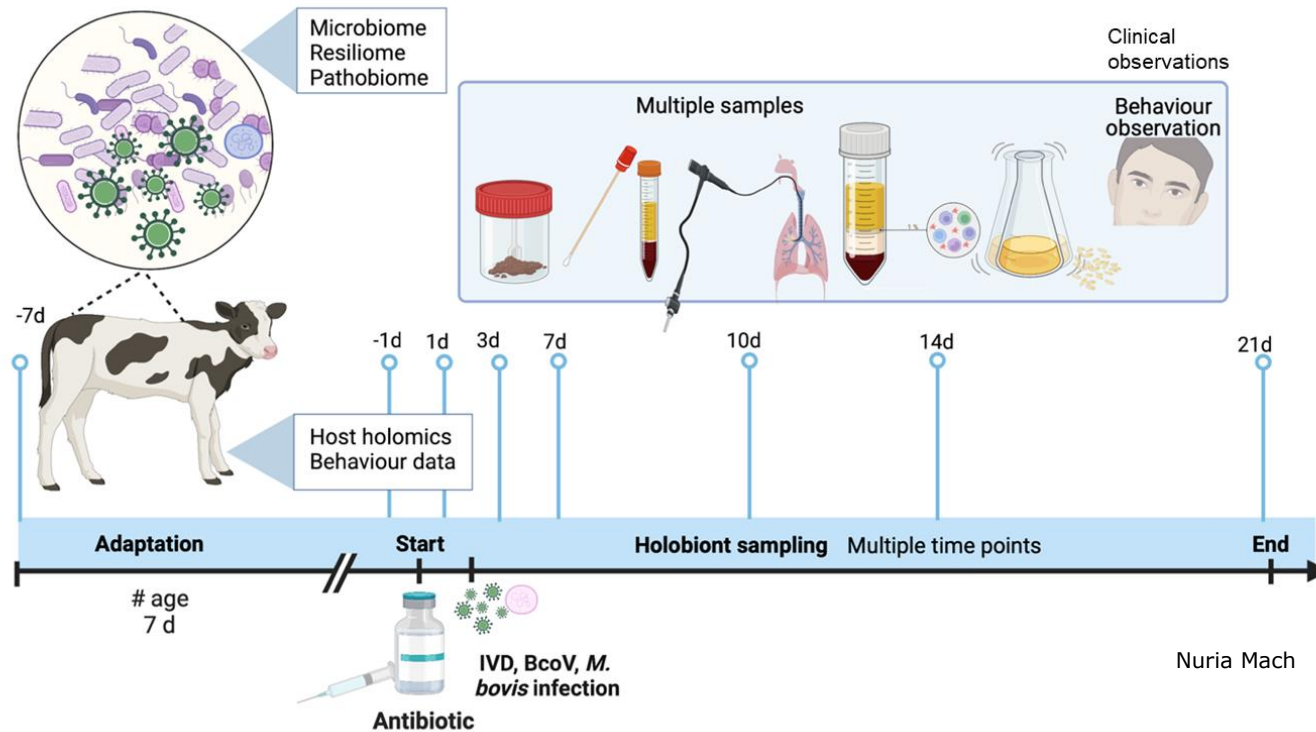
Marzena Rola-Luszczak¹ · Magdalena Materniak-Kornas¹ · Aneta Pluta¹ · Katarzyna Podgórska² · Jens Nielsen^{3,5} · Tomasz Stadejek⁴ · Jacek Kuźmak¹

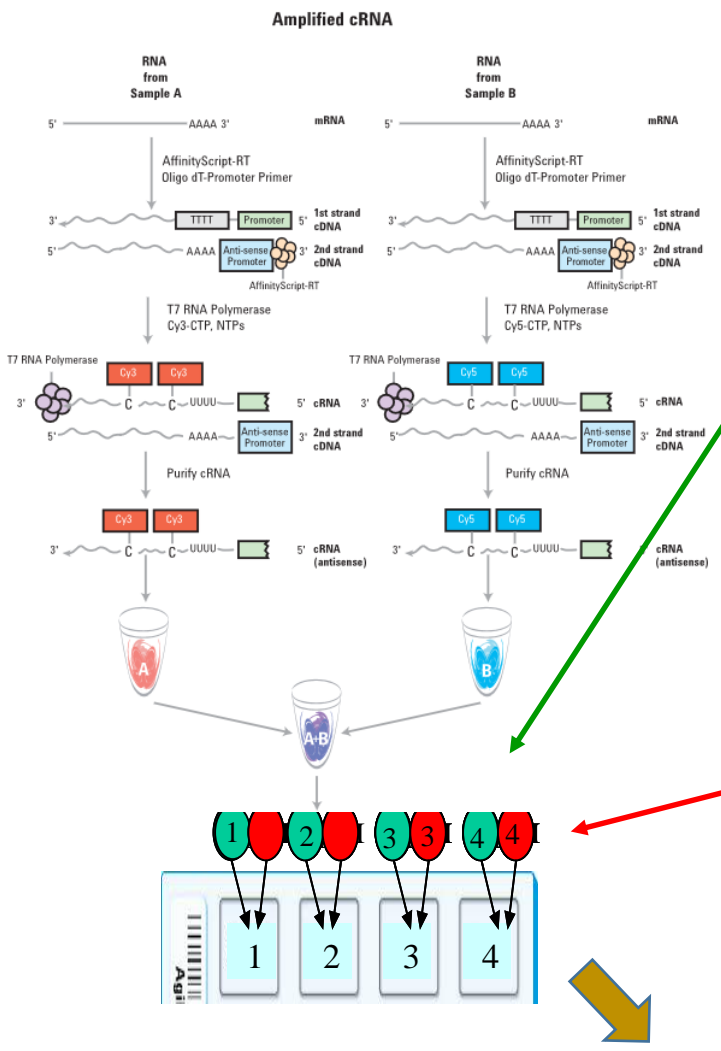
- 2016/ 2017 – włączenie pracowni mikromacierzy do Zakładu Analiz Omicznych (od 2025 r w DNW)

(SureScan Microarray Scanner)



SOA18 (Task 1.1) – Pathogen-microbiome interactions, immune system & mechanisms of AMR





Cy3
5 control samples of 2 groups

- Cy5**
5 samples of 2 groups
- Infected:
 - 1 dpi
 - 3 dpi
 - Antibiotic + Infected
 - 1 dpi
 - 3 dpi

GeneSpring and IPA analysis



Geny o zmienionej ekspresji (DEGs)

Dane wrażliwe – wyniki przed publikacją

P/012 Interdyscyplinarne badania nad skutkami stosowania środków przeciwdrobnoustrojowych u brojlerów



- W jelicie kury znajdują się tkanki limfatyczne związane z jelitami składające się z kępek Peyera, limfocytów lamina propria, limfocytów śród nabłonkowych oraz migdałków jelita ślepego.
- Wzajemne oddziaływania między mikrobiomem jelitowym, nabłonkiem i układem immunologicznym odpowiadają z ogólną odporność zwierzęcia na patogeny jelitowe.
- Badania transkryptomyczne pozwalają poznać profile ekspresji genów odpowiedzialnych za procesy immunologiczne i metaboliczne, dzięki czemu mogą stanowić uzupełnienie badań chemicznych i mikrobiologicznych.

Ferma 1

Ferma 2

Stado 1

Stado 2

Stado 3

Stado 4

Stado 1

Stado 2

Stado 3

Stado 4

T1:

5

5

5

5

5

5

5

5

T5:

5

5

5

5

5

5

5

5

Błona śluzowa jelita czczego



RNA



Analiza transkryptomu



Geny o zmienionej ekspresji (DEGs)

Dane wrażliwe – wyniki przed publikacją



P/012 Interdyscyplinarne badania nad skutkami stosowania środków przeciwdrobnoustrojowych u brojlerów

Dane wrażliwe – wyniki przed publikacją

- **Możliwości:** mikromacierze umożliwiają wykrywanie wcześniej zdefiniowanych transkryptów, właściwe dla dobrze poznanych i opisanych genomów, ale nie tylko modelowych (sondy, możliwość projektowania własnych macierzy przy wsparciu zespołu producenta). Sekwencjonowanie RNA pozwala identyfikować nowe transkrypty, fuzje genów i warianty pojedynczych nukleotydów, można przeprowadzić na materiale z dowolnego gatunku, bez genomu referencyjnego!?
- **Czułość i zakres dynamiczny:** Sekwencjonowanie RNA charakteryzuje się szerszym zakresem dynamicznym i wyższą czułością, co pozwala na lepsze wykrywanie transkryptów o niskiej ekspresji.
- **Koszt i szybkość:** Mikromacierze są zazwyczaj tańsze, co sprawia, że nadają się do badań przesiewowych znanych genów na dużą skalę. Można wykonać samodzielnie.
- **Analiza danych:** mikromacierze oferują szybszą, prostszą analizę (powtarzalność przy mniejszej mocy obliczeniowej), geny na macierzach są już opisane. RNAseq wymaga skomplikowanych analiz i dużej mocy obliczeniowej. Analizy dla słabo scharakteryzowanych gatunków wymagają bardziej skomplikowanych i dłuższych analiz bioinformatycznych.

Mikromacierze czy RNAseq

- Mikromacierze → do badań przesiewowych o wysokiej przepustowości, na dobrze scharakteryzowanych organizmach, gdy budżet jest ograniczony lub w celu zachowania spójności w długoterminowych badaniach.
- Sekwencjonowanie RNA → Do badań ukierunkowanych na poznanie nowych transkryptów czy SNP, do badań wymagających wysokiej czułości (niskie zmiany ekspresji), dla słabo scharakteryzowanych organizmów lub podczas analizy próbek, w których spodziewane są nowe, nieznane sekwencje.

Zapraszamy do współpracy

dr hab. Marzena Rola-Łuszczak

dr Aneta Pluta

dr hab. Magdalena Materniak-Kornas