

# BIULETYN

Nr 285/2019

PL ISSN 0373-7837

Nr ind. 352993

INSTYTUTU HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN

BULLETIN  
OF PLANT BREEDING AND ACCLIMATIZATION INSTITUTE

BIULETYN INSTYTUTU HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN Nr 285/2019



RADZIKÓW 2019  
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE

BIULETYN  
INSTYTUTU HODOWLI  
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
Nr 285/2019



**NAUKA DLA HODOWLI I NASIENICTWA ROŚLIN  
UPRAWNYCH**

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
Dyrektor: Prof. dr hab. Henryk Bujak

Komitet Redakcyjny

NAUKA

REDAKTOR NACZELNY: Danuta Boros

REDAKTORZY: Maja Boczkowska, Henryk J. Czembor, Anna Linkiewicz, Wiesław Mądry, Katarzyna Mikołajczyk, Sławomir Podlaski, Barbara Zagdańska

WDROŻENIA

REDAKTOR NACZELNY: Wojciech Nowacki

REDAKTORZY: Józef Adamezyk, Karol Bujoczek, Andrzej Chodkowski, Wiesław Dzwonkowski, Edward Gacek, Piotr Kamiński, Karol Marciniak, Przemysław Matysik, Juliusz Młodecki, Jarosław Mostowski, Adam Stępień, Roman Warzecha, Sławomir Wróbel

KONFERENCJE

REDAKTOR NACZELNY: Magdalena Szechyńska-Hebda

REDAKTORZY: Katarzyna Gacek, Karolina Mitura, Wiesław Podyma

Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Redaktor techniczny i skład komputerowy: Gabriela Wodzyńska-Łapińska

---

Druk: ATEMI Andrzej Jaczewski

KONFERENCJA NAUKOWA

---

**XIV OGÓLNOPOLSKA KONFERENCJA NAUKOWA**  
**NAUKA DLA HODOWLI I NASIENNICTWA ROŚLIN UPRAWNYCH**

**ZAKOPANE, 5.02 — 8.02.2019 r.**

**POD HONOROWYM PATRONATEM**

**MINISTRA ROLNICTWA I ROZWOJU WSI**



**MARSZAŁKA WOJEWÓDZTWA MAŁOPOLSKIEGO**



**MAŁOPOLSKA**

**ORGANIZATOR**

**INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN**  
**PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY**



KOMITET NAUKOWY KONFERENCJI

PROF. DR HAB. HENRYK BUJAK — DYREKTOR IHAR-PIB — PRZEWODNICZĄCY  
KOMITETU NAUKOWEGO  
PROF. DR HAB. JÓZEF ADAMCZYK — HR SMOLICE SP. Z O.O., GRUPA IHAR  
PROF. DR HAB. EDWARD ARSENIUK — IHAR-PIB  
PROF. DR HAB. IWONA BARTKOWIAK-BRODA — IHAR-PIB  
DR ANNA FRAŚ — IHAR-PIB  
DR ANNA LINKIEWICZ — IHAR-PIB  
DR ZYGMUNT NITA — HR STRZELCE, GRUPA IHAR  
DR HAB. MAGDALENA SZECHYŃSKA-HEBDA — Z-CA DYREKTORA DS. NAUKOWYCH  
IHAR-PIB  
DR TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI — IHAR-PIB  
PROF. DR HAB. EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA — IHAR-PIB  
DR HAB. GRZEGORZ ŻUREK PROF. NADZW.— IHAR-PIB

KOMITET ORGANIZACYJNY

WOJCIECH BORAWSKI  
ZBIGNIEW GRYMEK  
MARZENNA CZEMBOR  
MGR EMILIA KOWALCZYK  
DR ANNA LINKIEWICZ  
DR KAROLINA MITURA-NOWAK — SEKRETARZ KOMITETU ORGANIZACYJNEGO  
DR TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI  
MGR MAGDALENA WAGNER  
MGR MARTA WALENDZIK  
MGR KRYSZYNA ŻUREK

PATRONAT MEDIALNY

**agro  
news.com.pl**  
**telewizja interaktywna**

magazyn rolniczy  
**Agro Profil**



**PATRONAT MEDIALNY**

**agro** dawna agrochemia  
**technika**

**agro-technika.pl**  
portal branżowy

**top** **POLSKA**  
**agrar**

SPONSOR GŁÓWNY KONFERENCJI

**syngenta**®

SPONSORZY KONFERENCJI

*Bahlser*

**ZÜRN**  
H A R V E S T I N G

**Roltech E. Majka Sp.j.**  
PLANT BREEDING MACHINERY

THE POLISH EXCLUSIVE DISTRIBUTOR OF

**WINTERSTEIGER**



SPONSORZY KONFERENCJI



**SPONSORZY KONFERENCJI**



**SPONSORZY KONFERENCJI**



## SESJA PLENARNA I

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. HENRYK BUJAK*

## SESJA PLENARNA II

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. HENRYK BUJAK*



**IWONA BARTKOWIAK-BRODA**<sup>1</sup>

**LECH BOROS**<sup>2</sup>

**TADEUSZ OLEKSIAK**<sup>2</sup>

**DANUTA BOROS**<sup>3</sup>

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>1</sup> Zakład Genetyki Hodowli Roślin Oleistych, Oddział w Poznaniu

<sup>2</sup> Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

<sup>3</sup> Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych

e-mail: ibart@nico.ihar.poznan.pl

## Stan badań dla hodowli roślin białkowych w Polsce w celu poprawy krajowego bilansu białkowego

Białko roślinne wykorzystywane w produkcji zwierzęcej jak i bezpośrednio w żywieniu człowieka jest czynnikiem determinującym bezpieczeństwo zaopatrzenia w żywność. W Polsce jak i w innych krajach Unii Europejskiej od dwóch ostatnich dekad obserwuje się pogłębiający deficyt rodzimych pasz wysokobiałkowych. Na powstanie tego deficytu złożyły się różne przyczyny:

- rosnące zapotrzebowanie na białko paszowe,
- stagnacja powierzchni uprawy wykorzystywanej do produkcji roślin białkowych z rodziny bobowatych, tylko częściowo kompensowana przez wzrost plonowania odmian,
- zakaz stosowania mączek mięsno-kostnych w mieszankach paszowych dla przeżuwaczy oraz innych zwierząt gospodarskich, wprowadzony w Unii Europejskiej w 2001 r., a w Polsce w 2003 r.

Deficyt ten uzupełniany jest przede wszystkim importem śruty sojowej, głównie pochodzącej z odmian modyfikowanych genetycznie (GMO). W ostatnich 10 latach Unia Europejska przestała być głównym importerem soi, wyprzedzana przede wszystkim przez Chiny, wskutek czego w mniejszym stopniu kontroluje cenę i możliwości zaopatrzenia w białko sojowe. Założeniem polityki Polski jak i Unii Europejskiej jest zwiększenie zaopatrzenia w białko paszowe pochodzące z rodzimej produkcji oraz ograniczenie użycia genetycznie zmodyfikowanej paszy. Jest to zgodne z trendem realizowanym w pozostałych krajach UE, których mieszkańcy coraz bardziej zwracają uwagę na drogę otrzymywania produktów pochodzenia zwierzęcego, na typ produkcji, preferują żywność pochodzącą z produkcji bez użycia pasz z roślin genetycznie modyfikowanych.

W ostatniej dekadzie w Polsce import pasz wysokobiałkowych wynosił 75–85% całego zapotrzebowania, podczas gdy kraje o rozwiniętym rolnictwie naszej strefy klimatycznej, jak Niemcy czy Francja, osiągnęły już poziom 50% zaopatrzenia w białko paszowe z własnej produkcji roślinnej, głównie dzięki wykorzystaniu śruty rzepakowej.

Także w Polsce dla szybkiego osiągnięcia założonego celu zapewnienia w krótkim czasie przynajmniej 50% pasz wysokobiałkowych krajowej produkcji, pożądane jest większe zwrócenie uwagi na rzepak jako nie tylko roślinę oleistą ale także białkową. Jak dotąd. śruta rzepakowa jest głównym krajowym źródłem białka paszowego. Śruta rzepakowa i wyciek będące dzięki korzystnemu składowi aminokwasów, zwłaszcza wysokiej zawartości metioniny i cystyny, źródłem wartościowego białka są doskonałą paszą dla bydła, trzody chlewnej, w bardzo ograniczonym zakresie dla drobiu. Obecnie uprawiane odmiany rzepaku zawierają w nasionach 21–24% białka, a w poekstrakcyjnej śrucie znajduje się średnio 37% białka. Corocznie produkuje się w Polsce około 1,5 mln ton śruty poekstrakcyjnej. Śruta rzepakowa jest łatwa do stosowania w procesie produkcji pasz, ponieważ zawiera także około 4% tłuszczu.

Poprzez hodowlę jak i rozwiązania biotechnologiczne można zwiększyć poziom plonowania oraz wartość śruty rzepakowej jako paszy dostarczającej białko będące czynnikiem determinującym bezpieczeństwo zaopatrzenia w żywność. Białko pochodzące z nasion rzepaku może być wykorzystywane na cele paszowe, przemysłowe, a także na cele spożywcze. Spektrum wykorzystania można zwiększyć głównie poprzez hodowlę odmian pozbawionych składników obniżających ich wartość paszową, takich jak: włókno, glukozytolany, taniny, związki polifenolowe, kwas fitynowy. Możliwe jest także zwiększenie zawartości białka w nasionach. Uzyskanie odmian o zróżnicowanych proporcjach białek zapasowych spowoduje wykorzystanie białka rzepakowego na różne cele spożywcze i przemysłowe.

Według opracowywanej dyrektywy UE REDII dotyczącej biopaliw płynnych, w Polsce zapotrzebowanie roczne na nasiona rzepaku będzie wynosiło ok. 3,5 mln ton nasion, co przełoży się na większą produkcję śruty poekstrakcyjnej. Wzrost produkcji rzepaku tylko w ograniczonym zakresie jest możliwy poprzez zwiększenie powierzchni uprawy. Konieczna jest więc intensyfikacja hodowli i rozwój innowacyjnych badań potrzebnych zwłaszcza dla hodowli odmian mieszańcowych charakteryzujących się wyższą plennością niż odmiany populacyjne. Obecnie w Krajowym Rejestrze Odmian COBORU znajduje się 140 odmian rzepaku ozimego, w tym 102 odmiany to są odmiany mieszańcowe, głównie pochodzące z firm zagranicznych. Zaledwie 10% odmian znajdujących się w Rejestrze to odmiany polskich firm hodowlanych. Zatem wyzwaniem dla badań i polskiej hodowli rzepaku jest intensyfikacja hodowli odmian mieszańcowych oraz zwiększenie wartości paszowej śruty poprzez poprawienie cech jakościowych nasion rzepaku dla wykorzystania białka na cele paszowe i spożywcze.

Niewątpliwie białko rzepakowe i białko z niemodyfikowanych genetycznie roślin bobowatych muszą się wzajemnie uzupełniać. Szczególnie należy zwrócić uwagę na rozwój hodowli soi nGM oraz określenie regionów uprawy optymalnych dla rozwoju roślin i osiągnięcia dużego plonu. Nasiona soi są szczególnie bogate w białko, zawierają 35–40% białka o bardzo dobrym składzie aminokwasów. Obecnie w Krajowym Rejestrze

Odmian znajduje się 17 odmian tego gatunku. Pożądanym jest rozwój hodowli zwłaszcza odmian wcześniej dojrzewających i zaadaptowanych do warunków klimatycznych Polski.

Obecnie mały jest udział w produkcji pasz wysokobiałkowych rodzimych gatunków z rodziny bobowatych charakteryzujących się dużą zawartością białka, jak bobik (30–35%, groch siewny(22–23%), łubin wąskolistny( 30–35%), łubin żółty (40–45%), ale dużą zmiennością poziomu plonowania Ponadto ich wykorzystanie jest ograniczone poprzez występowanie w nasionach substancji antyżywniowych. Jakkolwiek istnieją już odmiany ulepszone jakościowo.

Podsumowując należy stwierdzić, że krajowy bilans białkowy może zostać poprawiony poprzez zwiększenie nakładów przede wszystkim na tworzenie postępu hodowlanego w zakresie plonowania i poprawy cech jakościowych nasion rzepaku oraz rodzimych roślin białkowych i soi.





**EDWARD ARSENIUK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
e-mail: e.arseniuk@ihar.edu.pl

## Nauka i hodowla roślin kreatorami rozwoju rolnictwa i systemów rolniczych

Rolnictwo zaliczane jest do jednej z najstarszych dziedzin działalności materialnej człowieka. Przechodzenie ludzkości od łowiectwa, zbieractwa i koczownictwa do uprawy roli było dość długotrwałym i stopniowym procesem. Nawet po opanowaniu techniki rolnictwa i hodowli, przez wiele tysięcy lat ludzie pozyskiwali znaczną część pożywienia ze zbieractwa i polowania. W międzyczasie zmieniał się tryb życia z koczowniczego na osiadły. Na terenach prymitywnie rozwijanego rolnictwa dochodziło niejednokrotnie do przeludnienia, które wymuszało migrację nadmiaru mieszkańców na nowe tereny w poszukiwaniu pożywienia wytwarzanego z prymitywnych roślin, głównie zbóż. Pierwszymi roślinami uprawnymi były dzikie zboża, przede wszystkim dzikie pszenice takie jak płaskurka (*Triticum dicoccum* (Schrank) Schübl.) i samopsza (*Triticum monococcum* L.). W następnej kolejności zaczęto uprawiać jęczmień zwyczajny (*Hordeum vulgare* L.), len zwyczajny i rośliny strączkowe, wg. ostatniej nomenklatury zwane bobowatymi. Były to groch zwyczajny, soczewica, wyka, ciecierzycyca. W sumie, w tamtym przedziale czasowym stanowiły one 8 gatunków roślin spożywczych.

Udomowianie roślin sprzyjało doskonaleniu ich uprawy i rozwojowi rolnictwa w różnych regionach kuli ziemskiej co następowało niezależnie od regionu. Poza Bliskim Wschodem rolnictwo rozwijało się w Chinach, na Sahelu, Ameryce Północnej, Środkowej i Południowej, a także w Nowej Gwinei. Rolnictwo do Europy dotarło z Bliskiego Wschodu około 8 tysięcy lat temu przez obszar współczesnych Węgier.

Z upływem lat zmieniał się też stosunek człowieka do przyrody, którą zaczął dostosowywać do własnych potrzeb. Z rozwojem rolnictwa na przestrzeni tysiącleci różnicowały się sposoby zagospodarowania przestrzeni rolniczej przez produkcję roślinną i zwierzęcą, z czasem efektywnie wspierane przez hodowlę. Sposoby te nazwano systemami rolniczymi, których definicje i podziały zmieniały się z upływem lat. Niemniej, w miarę rozwoju i intensyfikacji rolnictwa za podstawę różnicowania systemów rolniczych przyjęto stopień uzależnienia działalności rolniczej od biologicznych i przemysłowych środków produkcji, głównie udomowianych gatunków i

odmian roślin, środków chemicznych stosowanych w rolnictwie (nawozy mineralne, pestycydy) oraz siły oddziaływania systemu na środowisko przyrodnicze.

We współczesnym rolnictwie najczęściej wyróżniane są następujące systemy rolnicze:

- rolnictwo konwencjonalne (intensywne i wysokonakładowe) — sposób gospodarowania ukierunkowany na maksymalizację zysku, osiąganego dzięki dużej wydajności roślin i zwierząt, uzyskiwanej w wyspecjalizowanych gospodarstwach stosujących technologie produkcji oparte na dużym zużyciu przemysłowych środków produkcji i bardzo małych nakładach robocizny; jest to system rolnictwa najbardziej rozpowszechniony w Europie, kojarzony z intensywnym gospodarowaniem – wysokimi nakładami materiałowymi na postęp biologiczny, techniczny i energię, celem uzyskania wysokiej produkcji.
- rolnictwo integrowane — sposób gospodarowania, umożliwiający realizację celów ekonomicznych i ekologicznych poprzez świadome wykorzystanie nowoczesnych technik wytwarzania, systematyczne usprawnianie zarządzania oraz wdrażanie różnych form postępu biologicznego, który wspomaga osiąganie założonych celów,
- rolnictwo ekologiczne (niskonakładowe) — sposób gospodarowania stosowany w środowisku niezdegradowanym, aktywizujący i wykorzystujący przyrodnicze mechanizmy produkcyjne poprzez stosowanie środków naturalnych, technologicznie nieprzetworzonych, system zapewnia trwałą żyzność gleby i zdrowotność zwierząt i roślin oraz wysoką jakość biologiczną produktów rolniczych, system wyklucza stosowanie syntetycznych środków ochrony roślin, nawozów sztucznych, zapraw nasiennych, organizmów genetycznie modyfikowanych, pasz przemysłowych i promieni jonizujących,
- rolnictwo precyzyjne — „system” rolniczy wykorzystujący wysoko rozwinięte technologie nawigacyjne i informatyczne — satelitarne systemy lokalizacyjne (ang. GPS – Global Positioning System) oraz metody pozyskiwania i przetwarzania danych o charakterze przestrzennym (ang. GIS — Geographic Information System).

#### CHARAKTERYSTYKA ROLNICTWA KONWENCJONALNEGO I PRECYZYJNEGO

Nawiązując do systemu rolnictwa konwencjonalnego należy podkreślić, że takie praktyki rolnicze, jak irygacja, stosowanie płodozmianu, nawozów i pestycydów zaczęto stosować w Europie w XVIII i XIX wieku. John Bennet Lawes (1814–1900) w 1842 r. opatentował produkcję superfosfatu w Stacji Badawczej w Rothamsted w Wielkiej Brytanii. W drugiej połowie XIX w. pojawiły się pestycydy produkowane na bazie arsenu (m.in. arsenian miedzi i arsenian ołowiu), które były popularne do lat 50. XX wieku. W 1892 r. wszedł do obrotu pierwszy syntetyczny środek ochrony roślin dinitroortokrezolan potasu. Prawdziwy przełom w chemicznej ochronie roślin nastąpił dopiero po wynalezieniu w 1939 r. DDT — dichlorodifenylotrichloroetanu, związku z grupy chlorowanych węglowodorów, znanego też pod nazwą Azotoxu. Wskutek licznych kontrowersji stosowanie DDT zostało zakazane w latach 70. (w Polsce w 1976 r.).

W 1864 r. Jean Baptiste Boussingault, francuski chemik napisał równanie fotosyntezy:  $6\text{CO}_2 + 12\text{H}_2\text{O} + \text{energia światlna} \rightarrow \text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6 + 6\text{O}_2 + 6\text{H}_2\text{O}$ , podstawowego procesu

biologicznego, który warunkuje istnienie zdecydowanej większości żywych organizmów na ziemi. Dwutlenek węgla, woda i energia światła biorą udział w tworzeniu węglowodanu glukozy bogatego w energię. Tlen jest uwalniany jako produkt uboczny, ale niezbędny do życia wszystkich organizmów heterotroficznych z wyjątkiem bakterii beztlenowych.

W drugiej połowie XX wieku w rolnictwie europejskim dokonały się rewolucyjne przemiany podnoszące wydajność rolnictwa. Powszechne wprowadzanie do praktyki postępu biologicznego (nowe odmiany roślin i rasy zwierząt) oraz nowoczesnych, przemysłowych środków produkcji (nawozy mineralne, chemiczne środki ochrony roślin, wydajne maszyny rolnicze, itp.), a także nowych sposobów żywienia zwierząt skutkowało dynamicznym wzrostem wydajności. W rozwoju rolnictwa, w tym konwencjonalnego można wyróżnić cztery okresy. Są to:

1. zamiana siły pociągowej zwierząt na energię maszyn (po I wojnie światowej),
2. chemizacja rolnictwa, tj. powszechne stosowanie nawozów mineralnych i pestycydów (po II wojnie światowej),
3. 1953 — odkrycie DNA i wykorzystanie osiągnięć genetyki w doskonaleniu odmian roślin uprawnych (Zielone Rewolucje rozpoczęte przez N. Borlauga),
4. rewolucja genowa (obecnie).

Z upływem dekad XX w. zdawano sobie sprawę z faktu, że znacznie łatwiej i taniej jest dostosować genotyp rośliny do warunków środowiska modyfikowanego przez klimat, niż odwrotnie.

Większość nauk rolniczych cechuje dążenie do zwiększenia plonów poprzez zmianę i stwarzanie warunków środowiskowych optymalnych dla danej rośliny. Natomiast hodowla roślin, oprócz podobnych celów, dąży także do zmiany genotypu samej rośliny tak, aby tę roślinę jak najlepiej przystosować do istniejących warunków glebowo-klimatycznych, w których wyda możliwie wysoki i dobrej jakości plon.

Prężnie rozwijający się w ostatnich latach kierunek pod nazwą „rolnictwa precyzyjnego” faktycznie nie jest systemem rolniczym, a przede wszystkim zastosowaniem najnowszych rozwiązań naukowych z zakresu informatyki, hodowli, agrotechniki i techniki w systemie zarządzania praktycznym rolnictwem. Rolnictwo precyzyjne opiera się na precyzyjnym (punktowym — optymalnym, racjonalnym) stosowaniu środków produkcji, w tym nowoczesnych odmian i ras zwierząt) w rolnictwie, w zależności od zmiennych warunków glebowo-klimatycznych. Wyhodowanie odmiany rośliny uprawnej w skróconym cyklu hodowlanym i szybkie wprowadzenie takiej odmiany do produkcji rolniczej przez system nasienny jest sprawą krytyczną w wykorzystaniu efektów postępu biologicznego. Dana odmiana powinna być uprawiana w warunkach glebowo-klimatycznych tych samych, bądź zbliżonych do tych w których tę odmianę hodowano. Rolnictwo precyzyjne wymaga więc:

- znajomości oceny specyficznych cech odmian roślin, w tym odporności na stresy biotyczne i abiotyczne generowane przez warunki glebowo-klimatyczne,
- normy wysiewu nasion,
- zmienności dawek nawozów,
- wyboru i dozowania środków ochrony roślin,

— doboru parametrów roboczych maszyn, etc.

Istota rolnictwa precyzyjnego zasadza się na spełnieniu wymogów rośliny uprawnej w taki sposób, by każde miejsce pola uprawnego i każda roślina otrzymały tylko to i tylko tyle, ile potrzeba do optymalnego wykorzystania potencjału biologicznego rośliny i zasobów gleby w dokładnie oznaczonym miejscu oraz fazie wzrostu i rozwoju rośliny przy minimalnych zagrożeniach dla środowiska.

Rolnictwu precyzyjnemu służy szeroka dostępność aplikacji rolniczych na smartfony, tablety i notebooki z mobilnym oprogramowaniem rolniczym dostarczającym dane zebrane przez urządzenia teledetekcji dalekiego i bliskiego zasięgu. Zobrazowania Ziemi, zwane obecnie teledetekcją, wykonywane z przestrzeni kosmicznej od lat dostarczają informacji, niemożliwej lub trudnej do uzyskania w podobnej formie za pomocą systemów naziemnych. Zebrane dane wykorzystywane są do tworzenia map upraw na potrzeby rolnictwa nie tylko precyzyjnego. Mapa przedstawia dokładnie obrys pola i zmiennie rozłożoną zasobność gleby w makro- i mikroelementy, pH gleby, niedożywienie roślin, bądź ich uszkodzenie przez szkodniki, porażenie chorobami, etc. Elektroniczna mapa pola umożliwia więc prognozowanie, w którym miejscu pola plon będzie większy, a w którym mniejszy. Rolnictwo precyzyjne wspierane teledetekcją uznawane jest za przyszłość nowoczesnych gospodarstw! Teledetekcja jest bowiem technologią szybkiego uzyskiwania informacji umożliwiającą nadzór i kontrolę stanu gospodarstw, plonów i warunków produkcji rolniczej w każdym systemie rolniczym. Teledetekcja stwarza również możliwości zdalnego śledzenia z dalekich odległości produkcji przemysłowej oraz zachowań społecznych. Z powyższego wynika konkluzja, że era cyberrolnictwa wspieranego przez interdyscyplinarną naukę oraz nowoczesną i szybką praktyczną hodowlę roślin to już nie mrzonka a realna rzeczywistość.

**STEFAN MALEPSZY**<sup>1</sup>  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**<sup>1</sup>  
**BARTOSZ SZABAŁA**<sup>1</sup>  
**LESZEK ŁYŻNIK**<sup>1</sup>  
**MIECZYŚLAW ŚMIECH**<sup>1</sup>  
**BOGNA MAKOWSKA**<sup>1</sup>  
**BEATA BAKERA**<sup>1</sup>  
**BARBARA ŁOTOCKA**<sup>1</sup>  
**URSZULA ZAJĄCZKOWSKA**<sup>1</sup>  
**ALICJA DOŁKIN**<sup>1</sup>  
**STEFAN STOJAŁOWSKI**<sup>2</sup>  
**PAWEŁ KRAJEWSKI**<sup>3</sup>  
**MONIKA MOKRZYCKA**<sup>3</sup>  
**MICHAŁ ROKICKI**<sup>4</sup>  
**PRZEMYSŁAW MATYSIK**<sup>5</sup>  
**BOŻENA DENISOW**<sup>6</sup>  
**MIROŚLAW TYRKA**<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>2</sup> Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

<sup>3</sup> Instytut Genetyki Roślin PAN

<sup>4</sup> Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.

<sup>5</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR

<sup>6</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

<sup>7</sup> Politechnika Rzeszowska

e-mail: monika\_rakoczy\_trojanowska@sggw.pl

## Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej założenia projektu i wstępne wyniki

W ramach programu BIOSTRATEG realizowany jest projekt dotyczący opracowania podstaw hodowli heterozyjnej pszenicy zwyczajnej. Jego wykonawcami są następujący partnerzy zrzeszeni w konsorcjum HYBRE (cropnet.pl/hybre):

- Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie (lider)
- Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk
- Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
- Politechnika Rzeszowska

- Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
- Poznańska Hodowla Roślin sp. z o.o.
- Hodowla Roślin Strzelce sp. z o.o.
- Przedsiębiorstwo Produkcyjno Handlowe Agronas
- Przedsiębiorstwo Produkcyjno Handlowe Centnas

Obecnie nie ma polskich odmian heterozyjnych tego zboża, ani nie prowadzi się na szerszą skalę hodowli w tym zakresie. Proponowane w projekcie badania mają doprowadzić do wyselekcjonowania oraz wytworzenia nowych wartościowych komponentów rodzicielskich charakteryzujących się wysoką wartością cech agronomicznych (m.in. podwyższona plenność i tolerancja na suszę) oraz określonymi właściwościami związanymi z biologią kwitnienia (formy męsko sterylne, formy posiadające restorery płodności oraz formy o tzw. męskim i żeńskim typie kwiatów) oraz opracowania efektywnej metody uzyskiwania mieszańców bazującej na naturalnych mechanizmach biologii kwitnienia. Zamierzamy opracować system selekcji form rodzicielskich do krzyżowania, bazujący na dystansie genetycznym oszacowanym na podstawie profili markerów molekularnych. W projekcie wykorzystywane są najnowsze metody biotechnologiczne, w tym np. ukierunkowana mutageneza, wysokoprzepustowe sekwencjonowanie transkryptomów, genotypowanie przez sekwencjonowanie czy fenotypowanie bazujące na analizie obrazu. Zamierzamy też przeprowadzić analizę rynku pod kątem zapotrzebowania na nowoczesne, heterozyjne odmiany pszenicy i oszacować potencjalne zyski z tego tytułu dla różnych grup interesariuszy.

Badanie są realizowane w ramach 5 pakietów (WP):

- WP1. Charakterystyka genotypów pszenicy pod względem ich przydatności jako komponentów rodzicielskich mieszańców heterozyjnych
- WP2. Uzyskanie wartościowych komponentów rodzicielskich mieszańców heterozyjnych
- WP3. Narzędzia molekularne wspomagające uzyskiwanie mieszańców heterozyjnych pszenicy
- WP4. Ocena potencjału i przydatności narzędzi molekularnych dla hodowli pszenicy heterozyjnej
- WP5. Oszacowanie potencjalnych korzyści ekonomicznych i środowiskowych wynikających z wprowadzenia odmian mieszańcowych pszenicy do gospodarstw rolnych na rynek
- Najważniejsze wyniki dotychczasowych prac to:
  - scharakteryzowanie ponad 500 form pszenicy ozimej pod względem najważniejszych cech plonotwórczych,
  - zgenotypowanie metodą GBS ponad 500 form pszenicy ozimej,
  - opisanie biologii kwitnienia i dynamiki pylenia 12 linii pszenicy ozimej oraz oszacowanie wydajności pyłkowej;
  - scharakteryzowanie dynamiki otwierania się plew odmian Piko i Dacanto.

**EDWARD S. GACEK**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka  
e-mail: e.gacek@coboru.pl

## Przyszłość hodowli i biotechnologii roślin w kontekście ochrony prawnej odmian roślin i prawa patentowego

Hodowla roślin odgrywa kluczową rolę w zabezpieczeniu bezpieczeństwa żywnościowego i żywności, a także innych potrzeb współczesnych społeczeństw. Przyczynia się także do poprawy adaptacyjności upraw do coraz częściej występujących, niekorzystnych zjawisk pogodowych związanych ze zmianą klimatu oraz pozwala na zrównoważony i przyjazny dla środowiska rozwój rolnictwa.

Prace hodowlane są ważnym ogniwem łańcucha innowacyjnego, począwszy od badań naukowych, biotechnologii, aż do wytwarzania wysokiej jakości materiału siewnego roślin uprawnych.

Wraz z rozwojem innowacyjnej hodowli roślin i biotechnologii dużego znaczenia nabrała ochrona własności intelektualnej w tych obszarach. Podstawowymi instrumentami prawnymi w obszarach wykorzystania roślinnych zasobów genetycznych, hodowli roślin i biotechnologii jest Konwencja CBD (Konwencja o Bioróżnorodności) i związany z nią IT PGRFA (Międzynarodowy Traktat ds. Zasobów Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa). Przepisy traktatu regulują dostęp do roślinnych zasobów genetycznych, zarówno *in-situ*, jak i w Bankach Genów.

Innym ważnym międzynarodowym instrumentem prawnym, zwłaszcza w obszarach ochrony prawnej nowych odmian roślin, jak i dostępu i zasad korzystania ze zmienności genetycznej w pracach hodowlanych jest Konwencja UPOV (Międzynarodowy Związek Ochrony Nowych Odmian Roślin), na mocy której powołany został Międzynarodowy Związek Ochrony Nowych Odmian Roślin, znajdujący się w strukturze Światowej Organizacji Własności Intelektualnej (WIPO) w Genewie. Konwencja UPOV zawiera regulacje prawne specjalnie dostosowane do ochrony prawnej odmian roślin, mając na względzie niedociągnięcia systemu patentowego w tym specyficznym obszarze ochrony własności intelektualnej.

W Polsce instytucją odpowiedzialną za całokształt spraw związanych z implementacją Konwencji UPOV i administrowaniem krajowego systemu ochrony prawnej odmian jest Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) z siedzibą w Słupii



Wielkiej, w województwie wielkopolskim. Wyłączne prawo do odmiany stanowi podstawę prawną do zarobkowego korzystania przez hodowcę z chronionej odmiany, co pozwala na odtwarzanie kosztów poniesionych przez niego na prowadzenie działalności hodowlanej. W rezultacie, ochrona prawna odmian przyczynia się do rozwoju hodowli roślin i nasiennictwa, a w konsekwencji rolnictwa i dobrobytu społeczeństw.

Hodowcy roślin mają do dyspozycji różne instrumenty prawne umożliwiające im egzekwowanie należnych korzyści z posiadanego prawa do odmian, a także do rekompensowania strat powstałych z naruszenia wyłącznego prawa przez nieuczciwych użytkowników materiału siewnego i/lub rozmnożeniowego chronionych odmian. Naruszenie praw hodowców staje się zjawiskiem coraz bardziej powszechnym o rozmiarze międzynarodowym.

Konwencja UPOV przewiduje szereg obligatoryjnych i jedno fakultatywne odstępstwo od ochrony prawnej odmian. Obligatoryjnymi odstępstwami od prawa hodowców jest możliwość stosowania odmian chronionych: na własne, niezarobkowe potrzeby; do celów badawczych/doświadczalnych (*research exemption*); a zwłaszcza do hodowli nowych odmian roślin (*breeder's exemption*).

Znane jest także odstępstwo fakultatywne od prawa do odmian, zwane „przywilejem rolnika”. Daje ono rolnikom prawo do używania tzw. materiału ze zbioru (FSS) chronionej odmiany, jako materiału siewnego, wyłącznie we własnym gospodarstwie. Rolnicy mają obowiązek odprowadzania opłat na rzecz hodowców za stosowanie FSS, w wysokości co najmniej 50% wniesionej opłaty licencyjnej.

Wymienione odstępstwa, zwłaszcza obligatoryjne mają nieocenione znaczenie dla rozwoju hodowli roślin, biotechnologii, zachowania bioróżnorodności i postępu w rolnictwie. Przede wszystkim zapewniają one dostęp do zmienności genetycznej, począwszy od prymitywnych materiałów roślinnych, pierwotnych populacji i odmian miejscowych, aż po zmienność genetyczną reprezentowaną przez współczesne odmiany komercyjne roślin uprawnych. Wymienione materiały roślinne stanowią niezastąpiony materiał wyjściowy w tworzeniu nowych odmian roślin, który hodowcy doskonalą pod względem ilościowym i jakościowym.

Konwencja UPOV i Traktat IT PGRFA są wzajemnie uzupełniającymi się międzynarodowymi instrumentami prawnymi wspierającymi hodowcę roślin, zachowanie i korzystanie z bioróżnorodności genetycznej i w rezultacie zachowanie bezpieczeństwa żywnościowego społeczeństw, zwłaszcza w dobie pogłębiających się negatywnych skutków zmian klimatycznych.

Podstawowym instrumentem prawnym ochrony własności intelektualnej w biotechnologii roślin jest prawo patentowe. Niestety, prawo patentowe nie przewiduje żadnych odstępstw od ochrony wynalazków i odkryć biotechnologicznych, które mogłyby być stosowane w pracach hodowlanych bez potrzeby autoryzacji ze strony właścicieli patentów. Przyznawane patenty na właściwości genetyczne roślin uzyskiwane w biotechnologii są w konflikcie z prawem hodowców do odmian, a szczególności z przywilejem hodowcy. W praktyce hodowlanej dostęp do zmienności genetycznej, niezależnie czy konwencjonalnej, czy tworzonej z zastosowaniem biotechnologii jest tak ważny dla innowacyjnej hodowli roślin, że niezbędnym jest wprowadzenie prawnego

odstępstwa od prawa patentowego na wzór przywileju hodowcy regulowanego przez Konwencję UPOV.

W prezentacji omówiono zasady koegzystencji wyłącznego prawa do odmian, a systemem ochrony patentowej w biotechnologii, a zwłaszcza w zakresie dostępu do tworzonej zmienności genetycznej.



**ANNA KRAŚNIEWSKA**

Główny Inspektorat Ochrony Roślin i Nasiennictwa, Warszawa  
e-mail: a.krasniewska@piorin.gov.pl

## Zmiana przepisów w zakresie zdrowia roślin i jej wpływ na wytwarzanie i obrót materiału siewnego

14 grudnia 2019 r. wchodzi w życie rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2016/2031 z dnia 26 października 2016 r. w sprawie środków ochronnych przeciwko agrofagom roślin. Zmiana skutkować będzie nowymi zasadami kontroli roślin na obecność organizmów aktualnie nazywanych organizmami podlegającymi obowiązkowi zwalczania oraz organizmów jakościowych. Od wskazanego terminu wyodrębnione zostaną następujące kategorie:

- agrofagi kwarantannowe,
- agrofagi objęte środkami — odpowiednik obecnych organizmów regulowanych decyzjami nadzwyczajnymi, oraz
- regulowane agrofagi niekwarantannowe (RNQP) — nowa kategoria organizmów na liście których znajdują się obecne organizmy podlegające obowiązkowi zwalczania jeśli występują na roślinach przeznaczonych do sadzenia oraz organizmy jakościowe wymienione obecnie w dyrektywach marketingowych.

W nowym rozporządzeniu utrzymane zostaną aktualnie obowiązujące rozwiązania, w tym wpis do rejestru podmiotów profesjonalnych i system zaopatrywania roślin w paszport roślin. Obowiązki te będą dotyczyły jednak szerszego zakresu podmiotów i roślin niż dotychczas. Obowiązkami objęci zostaną wytwarzający i prowadzący obrót materiałem siewnym pszenicy, żyta, rzepaku, soi, itd. Zgodnie z nowym prawem, kontrole prowadzone w celu zaopatrzenia roślin w paszport oraz sporządzanie paszportów roślin będą obowiązkiem podmiotu. Czynności te będą realizowane pod nadzorem właściwych organów. W Polsce nadzór nadal sprawować będzie Państwowa Inspekcja Ochrony Roślin i Nasiennictwa. Tylko w określonych przypadkach Inspekcja będzie prowadzić kontrole i wystawiać paszport roślin. Paszport będzie miał jednolity wzór we wszystkich państwach członkowskich. Podmiot wystawiający paszport roślin będzie zobowiązany do stosowania tego wzoru.

Konsekwencją wprowadzanych nowych przepisów będą również zmiany zakresu roślin jakie będą musiały być zaopatrzone w świadectwo fitosanitarne i podlegać kontroli

fitosanitarnej w imporcie spoza Unii Europejskiej oraz lista organizmów, z którymi działania można prowadzić po uzyskaniu zgody Inspekcji na prowadzenie prac naukowo-badawczych.

Zmiany dotyczyć będą zarówno hodowli roślin, nasiennictwa jak i obrotu materiałem siewnym. Konieczne jest zatem działanie w celu przygotowania się do ich wdrożenia.

**KRZYSZTOF ŁYSKAWA**

Katedra Ubezpieczeń, Uniwersytet Ekonomiczny w Poznaniu

Mentor S.A. Oddział w Poznaniu

e-mail: krzysztof.lyskawa@mentor.pl

## „Ubezpieczenia nie są takie złe” — czyli o wykorzystywaniu ubezpieczenia odpowiedzialności cywilnej w funkcjonowaniu firm nasiennych oraz rolniczych

Prowadzenie każdej działalności gospodarczej czy to firmy nasiennej, firmy doświadczalnej, czy gospodarstwa rolnego niesie za sobą szereg zagrożeń związanych z roszczeniami osób poszkodowanych bezpośrednio działalnością, lub które poniosły straty w sposób pośredni w związku z produktem lub działaniem pracowników. Zmieszany materiał różnych upraw, zbyt niska siła kiełkowania materiału skierowanego na rynek, czy wyprodukowanie przez gospodarstwa rolne nasion, które dotknięte są fuzariozą — takie sytuacje zdarzają się w działalności rolniczej i powodują perturbację dla codziennego funkcjonowania. Dodatkowo działania podwykonawców dodatkowo komplikują relacje w przypadku szkody.

Stąd kluczowe jest określenie sytuacji, w których zaistnieje odpowiedzialność prawna za zobowiązania producenta nasion (gospodarstwa rolnego), firmy nasiennej, czy właściciela odmian. Odpowiedzialność to termin, z którym spotykamy się dość często w codziennym życiu. Wszyscy oczekują odpowiedzialnego zachowania od dzieci, dorosłych, czy nawet od osób prawnych, które mają być np. odpowiedzialne społecznie. Ale co to właściwie oznacza być odpowiedzialnym, odpowiedzialnym w sensie prawnym? Według Leszka Nowakowskiego (2004): „Pod pojęciem „odpowiedzialność” należy rozumieć obowiązek ponoszenia przewidzianych przez przepisy prawne lub inne normy społeczne konsekwencji zachowania się własnego lub innych osób.” Odpowiedzialność można rozróżnić w zależności od źródeł prawnych na karną, konstytucyjną, polityczną itd. W kręgu zainteresowań niniejszej pracy jest szczególny typ odpowiedzialności, jaką jest odpowiedzialność cywilna.

Złożoność i wieloetapowość procesu wytworzenia nasion i samej produkcji roślinnej powoduje, że w trakcie trwania tego procesu powstaje duża liczba stosunków umownych, łączących podmioty zaangażowane w jego realizację. Umowy są źródłem zobowiązań,

opisują prawa i obowiązki stron, a często określają również wymagania dotyczące ubezpieczeń i sposoby zabezpieczenia wykonania umowy (np. gwarancja wykonania kontraktu). W większości przypadków bazę stanowi umowa zlecenia (zdefiniowana w sposób ogólny w Kodeksie cywilnym), która w swoich zapisach odnosi się do konkretnego etapu wytwarzania nasion. Prawodawca uregulował tylko jeden typ umowy, tj. umowę o roboty budowlane. Niewykonanie lub nienależyte wykonanie umowy może doprowadzić do powstania **odpowiedzialności cywilnej kontraktowej**. Prawne uregulowania dotyczące niewykonania lub nienależytego wykonania zobowiązania z tytułu robót budowlanych opisano m.in. w Księdze II k.c. Należy tu przywołać: przepisy Tytułu I Przepisy ogólne (art. 361–363 k.c.), Działu II Tytułu VI Skutki niewykonania zobowiązań (art. 471 i następne k.c.), przepisy Działu III Tytułu VII Wykonanie i skutki niewykonania zobowiązań z umów wzajemnych (art. 487 i następne k.c.) oraz przepisy uzupełniające Tytuł XVI Umowa o dzieło (art. 635–641 k.c.) i przepisy Działu II Tytułu XI Rękojmia za wady. Aby można było mówić o odpowiedzialności cywilnej kontraktowej muszą zaistnieć przesłanki trzy przesłanki, a mianowicie:

- niewykonanie lub nienależyte wykonanie zobowiązania,
- szkoda,
- związek przyczynowy pomiędzy niewykonaniem lub nienależytym wykonaniem zobowiązania a szkodą.

Dodatkowo sprawca/dłużnik musi ponosić odpowiedzialność za okoliczności, które doprowadziły do szkody.

W przypadku firm zajmujących się nasiennictwem kluczowe staje się prawidłowe określenie parametrów produktu oraz oszacowanie faktycznego plonu, który można uzyskać dla danego gatunku rośliny. Określenie poziomu plonowania dla wzorca staje się równoważne ze zobowiązaniem ze strony producenta nasion. Wzrastający poziom roszczeń ze strony rolników powoduje, że należy wyjaśniać zawilości działalności, dla ograniczenia sporów sądowych.

Dlatego tak ważne jest zbudowanie odpowiedniego systemu zarządzania ryzykiem oraz zdefiniowanie instrumentów, które mogą pokryć ewentualne straty klientów i ochronić ich majątek. Z pewnością takim narzędziem, ze względu na wymienione rodzaje roszczeń, mogą stać się Ubezpieczenia Odpowiedzialności Cywilnej.

W wystąpieniu przybliżone zostaną konkretne przypadki roszczeń producentów rolnych, firm nasiennych. Omówione zostaną również wyroki sądowe odnoszące się do konkretnych sytuacji. Wskazane zostaną również zapisy w warunkach ubezpieczenia, które zagwarantują bezpieczeństwo finansowe funkcjonowania firmy nasiennych, przedsiębiorstw prowadzących uprawy nasienne i innych podmiotów zaangażowanych w produkcję roślinną. Jest to szczególnie istotne wobec swobody kształtowania umów pomiędzy podmiotami i wzrastającej częstości i wielkości roszczeń pomiędzy podmiotami. Dodatkowo zostaną wskazane inne zagrożenia produkcji roślinnej i sposób ich rozwiązania poprzez odpowiednie umowy (np. uszkodzenie roślin w wyniku zjawisk atmosferycznych, awarie maszyn).

## SESJA 1

### REFERATY

# INNOWACYJNE TECHNIKI I METODY W HODOWLI ROŚLIN

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. EWA ZIMNOCH-  
GUZOWSKA*





**JANUSZ ZIMNY**  
**KATARZYNA MAKOWSKA**  
**ALEKSANDRA ZIMNY**  
**ANDRZEJ CZAPLICKI**  
**SŁAWOMIR SOWA**  
**SYLWIA OLESZCZUK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin, Pracownia Kultur Tkankowych  
e-mail: j.zimny@ihar.edu.pl

## Postęp w indukowaniu androgenezy i regeneracji roślin na przykładzie kultur *in vitro* mikrospor żyta

Dokonania wielu laboratoriów w ciągu ostatnich 50 lat doprowadziły do praktycznego wykorzystania systemu podwojonych haploidów (DH) w hodowli roślin. W latach siedemdziesiątych zarejestrowano pierwszą odmianę jęczmienia uzyskaną przy wykorzystaniu zjawiska androgenezy. W następnych dziesięcioleciach obserwowano rosnące zainteresowanie wśród naukowców i hodowców podwojonymi haploidami u wielu gatunków roślin. W Polsce spółki HR Strzelce i HR Danko rejestrowały uzyskane tą metodą odmiany pszenżyta. Dziś wszystkie strategie hodowli heterozyjnej zbóż przewidują wykorzystanie DH na różnych etapach procesu hodowlanego (Marulanda i in., 2016). DH umożliwiają zastosowanie linii homozygotycznych w badaniach podstawowych, jak też w eksperymentalnej hodowli roślin. Potomstwo takich linii nie segreguje w kolejnych pokoleniach. Postęp obserwowany w hodowli roślin, który dokonuje się dzięki liniom homozygotycznym prowadzi do wniosku, że androgeneza indukowana *in vitro* jest obecnie najskuteczniejszą metodą biotechnologiczną stosowaną w praktyce hodowlanej.

Podstawowa zaletą androgenezy jest to, że linie homozygotyczne można uzyskać w krótkim czasie. Po wielu latach doświadczeń regeneracja DH żyta, owsa czy pszenicy nadal stanowi wyzwanie dla badaczy. Pomimo wysiłków zmierzających do opracowania skutecznej metody produkcji podwojonych haploidów zbóż nadal wiele problemów pozostaje nierozwiązanych. Jednym z nich jest to, że genotyp pozostaje ciągle głównym czynnikiem, od którego zależy efektywność androgenezy w kulturach *in vitro*.

Wymuszona zmiana szlaku rozwojowego haploidalnych komórek z gametofitowego na sporofitowy była wywoływana przez różne czynniki stresogenne. Zastosowanie odpowiedniego stresu na właściwym etapie nie tylko zatrzymuje rozwój mikrospor prowadzący naturalnie do powstania ziarna pyłku, ale również przeprogramuje te komórki w kierunku inicjowania rozwoju zarodka. Co więcej, rodzaj stresu ma związek z liczbą zregenerowanych zielonych i albinotycznych roślin, jak też skutecznością spontanicznego podwajania liczby chromosomów, dzięki czemu regeneranty stają się płodne.

Po roku 2000 w ZBiCR w IHAR — PIB we współpracy z dr Lucjanem Madejem rozpoczęto prace and regeneracją roślin żyta z haploidalnych mikrospor. Dobór zastosowanego stresu zmieniającego ścieżkę rozwojową mikrospory oraz prace nad selekcją androgenicznych genotypów doprowadziły do regeneracji DH tego gatunku z wysoką wydajnością. Taka wydajność androgenyzy umożliwi w przyszłości skrócenie cyklu hodowlanego nowych odmian heterozyjnych.

W ramach prezentowanych prac badano wpływ różnych stresów na żywotność mikrospor. Zastosowano wiele kombinacji stresowych w celu zaindukowania androgenyzy. Eksperymenty przeprowadzono na mikrosporach i pylnikach kilku linii hodowlanych żyta ozimego. Wyniki wykazały korelację między genotypem i stosowanym stresem, a poziomem indukcji androgenyzy i śmiertelności mikrospor we wczesnym etapie kultury. Przeżywalność mikrospor była najwyższa po wstępnym chłodzeniu kłosów w temperaturze 4°C przez dwa tygodnie i dalszej wstępnej kulturze pylników w roztworze mannitolu w temperaturze 4°C przez siedem dni. Chłodzenie kłosów przez trzy tygodnie, było równie skuteczne.

#### LITERATURA

- Marulanda J. J., Mi X., Melchinger A. E., Xu J-L Würschum T., Longin C. F. 2016. Optimum breeding strategies using genomic selection for hybrid breeding in wheat, maize, rye, barley, rice and triticale TAG; 129, 10: 1901 -1913

**ANNA HAWLICZEK**<sup>1</sup>  
**BRADLEY TILL**<sup>2,3</sup>  
**JOANNA JANKOWICZ-CIEŚLAK**<sup>2</sup>  
**EWA BORŻĘCKA**<sup>1</sup>  
**KATARZYNA TOFIL**<sup>1</sup>  
**ADAM KRAL**<sup>1</sup>  
**HANNA BOLIBOK-BRĄGOSZEWSKA**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW

<sup>2</sup> International Atomic Energy Agency, Vienna International Centre, Vienna, Austria

<sup>3</sup> present address: Agriaquaculture Nutritional Genomic Center (CGNA) Temuco, Chile  
e-mail: anna\_hawliczek\_strulak@sggw.pl

## Wysokoprzepustowe sekwencjonowanie w ocenie zróżnicowania genów oraz w identyfikacji ich funkcjonalnych wariantów \*

Mając na uwadze ciągły wzrost liczby ludności na świecie oraz zmiany klimatu, wprowadzenie bardziej wydajnych odmian roślin uprawnych wydaje się niezbędne. Bardzo często pożądaną zmienność genetyczną i genotypy o interesujących kombinacjach allelicznych można znaleźć w odmianach lokalnych oraz w dzikich formach gatunków uprawnych. Szczegółowa wiedza na temat zróżnicowania genetycznego zgromadzonego w kolekcjach gatunków roślin uprawnych jest kluczowym elementem umożliwiającym ich efektywne wykorzystanie w programach hodowlanych.

Podjęto próbę opracowania ekonomicznej procedury umożliwiającej ocenę zróżnicowania wybranych genów w heterogennych formach żyta. Wykorzystano 95 form o różnym stopniu udoskonalenia i pochodzeniu geograficznym. Do analiz użyto pul zbiorczych DNA, uzyskanych z 96 roślin reprezentujących poszczególne formy. Dla każdej z badanych form zamplifikowano, a następnie zsekwencjonowano 6 genów (*AACT1*, *Pbf*, *Fba*, *SecB*, *Gsp-1*, *Tlp*), o długości od 456 do 4638 pz (łącznie 9,141 pz). W efekcie analizy bioinformatycznej odczytów Illumina MiSeq zidentyfikowano 1000 miejsc polimorficznych oraz 1132 różne warianty alleliczne, w tym warianty wpływające na funkcje genu. Frekwencje poszczególnych alleli wynosiły od 0,001 do 1, a największą grupę stanowiły zmiany pojedynczych nukleotydów (SNP). Spośród zidentyfikowanych

---

\* Badania sfinansowane ze środków NCN — projekt DEC-2014/14/E/NZ9/00285

wariantów 27% było unikatowych i pojawiło się tylko w jednej z analizowanych form. Ilość miejsc polimorficznych w obrębie jednej akcesji zawierała się pomiędzy 594 a 867.

W celu potwierdzenia wiarygodności zastosowanej metody, dla wybranych materiałów przeprowadzono walidację uzyskanych wyników. Analizy wykonano na 10-20 pojedynkach, co okazało się wystarczające do potwierdzenia występowania SNP, których częstotliwość *in silico* określono na min 0,04. W przypadku genu *Pbf*, dla jednej z analizowanych form potwierdzono przy użyciu sekwencjonowania Sangera występowanie mutacji, która według analiz bioinformatycznych zmienia funkcje badanego genu (mutacja typu nonsens).

Uzyskane wyniki wskazują, że zastosowana metodyka jest stosunkowo niedrogą i wiarygodną metodą badania zróżnicowania genów w heterozygotycznym i heterogennym gatunku *Secale cereale* oraz umożliwia szybka i skuteczną identyfikację potencjalnych wariantów funkcjonalnych w badanych kolekcjach.

**ALICJA MACKO-PODGÓRNI**  
**KATARZYNA STELMACH**  
**KORNELIA KWOLEK**  
**DARIUSZ GRZEBELUS**

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii  
Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie  
Al. 29-Listopada 54, 31-425 Kraków  
e-mail: a.macko@ogr.ur.krakow.pl.

## Polimorfizm insercji elementów MITE jako narzędzie dla hodowli \*

Postęp w rozwoju technologii sekwencjonowania NGS umożliwia globalną identyfikację polimorfizmów SNP oraz wariantów strukturalnych, wykorzystywanych do charakterystyki materiałów hodowlanych i asocjacji polimorfizmów z cechami użytkowymi. Insercje ruchomych elementów genetycznych często zlokalizowane są w otoczeniu rejonów kodujących i mogą stanowić źródło zmienności, prowadzące do powstania korzystnych gospodarczo cech. Mimo to, charakterystyka polimorfizmu insercji TE przeprowadzona została dla nielicznych roślin użytkowych.

Globalna analiza wariantów strukturalnych, wynikających z mobilności elementów *DcSto* (*Daucus carota* *Stowaway*-like MITEs), dla 31 resekwencjonowanych genomów marchwi uprawnej oraz dzikiej, umożliwiła zidentyfikowanie 18 812 polimorficznych miejsc insercji. Wśród nich ponad 74% stanowiły insercje w odległości 2 kb od najbliższego genu. Ponad 1000 miejsc insercji zidentyfikowano w rejonach transkrybowanych, szczególnie w rejonie 5'UTR. Stwierdzono również wysoką liczbę insercji w 100-500 nt powyżej 5'UTR, co może wskazywać na zaangażowanie *DcSto* w regulację ekspresji genów. Unikalne miejsca insercji, obecne w jednej z badanych roślin stanowiły 66,2%. Jedynie w przypadku roślin uprawnych, rodzina *DcSto7b* miała największy udział w liczbie unikalnych miejsc insercji, sięgający 67%. Wysoki stopień podobieństwa sekwencji elementów *DcSto7b* oraz obecność w genomie marchwi uprawnej autonomicznego transpozonu *Mariner-Dcmar1*, wskazuje na wybuch aktywności tej rodziny po udomowieniu marchwi i sugeruje, że może ona być nadal aktywna. Dwa genotypy marchwi dzikiej charakteryzowały się znaczącą przewagą unikalnych insercji *DcSto*, należących do siedmiu blisko spokrewnionych rodzin. Fakt, że

\* Badania zostały sfinansowane z dotacji przyznanej przez MNiSW na działalność statutową oraz dotacji celowej na naukę przyznanej przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

obydwa genotypy należały do niezależnych populacji, rosnących w zasolonych glebach na wybrzeżu Francji, może wskazywać na mobilizację tych elementów w odpowiedzi na stres zasolenia.

Analiza zróżnicowania genetycznego z wykorzystaniem polimorfizmu insercji DcSto, odzwierciedlała historię udomowienia marchwi. Ponad 1000 miejsc insercji, zlokalizowanych w intronach, przekształcono w kodominujące markery typu ILP (Intron Length Polymorphism) i wykorzystano do analizy struktury populacji marchwi uprawnej. Wyniki pozwoliły na wyodrębnienie grup odmianowych, charakteryzujących się różnym typem korzenia spichrzowego.

**RUSLAN YATUSEVICH**

**SZYMON ŚWIEŻEWSKI**

Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

Pawińskiego 5a, 02-106 Warszawa

e-mail: sswiez@ibb.waw.pl

## Dormancy and drought — One antisense to rule them all?

### **Antysensowna transkrypcja jako regulator spoczynku nasion i odporności na suszę**

Plants have developed multiple strategies to sense the external environment and to adapt growth accordingly. *Delay of germination 1 (DOG1)* is a major quantitative trait locus (QTL) for seed dormancy strength in *Arabidopsis thaliana*. *DOG1* is extensively regulated, with an antisense transcript (*asDOG1*) suppressing its expression in seeds and in mature plants. We showed that ABA elevates *DOG1* suppression by suppressing *asDOG1* in mature plants. This leads to the discovery of an unexpected role of *DOG1* gene in drought resistance. In this talk we will describe our efforts to understand *DOG1* antisense regulation by endogenous and exogenous signals.





**EWA BORZEŃKA**  
**ANNA HAWLICZEK**  
**PIOTR GAWROŃSKI**  
**MAGDALENA PAWEŁKOWICZ**  
**KATARZYNA TOFIL**  
**HANNA BOLIBOK-BRAGOSZEWSKA**

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin — Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego  
w Warszawie

e-mail: hanna\_bolibok\_bragoszevska@sggw.pl

## Biblioteka BAC i technologia Oxford Nanopore w poszukiwaniu genów warunkujących istotne użytkowo cechy żyta \*

Żyto (*Secale cereale* L.) to zboże ważne dla polskiego rolnictwa, charakteryzujące się dobrą odpornością na różne stresy biotyczne i abiotyczne, efektywnym wykorzystywaniem składników pokarmowych, a także właściwościami prozdrowotnymi. Podstawowymi przeszkodami w efektywnej identyfikacji genów warunkujących istotne cechy żyta jest jego duży genom (ok 8 Gpz) o bardzo wysokiej zawartości sekwencji powtórzonych (>90%) oraz obcocyplność i depresja wsobna, utrudniające uzyskiwanie odpowiednich materiałów roślinnych do analiz genetycznych. W efekcie wiedza o genach warunkujących ważne cechy żyta jest bardzo ograniczona.

Jednym z najpopularniejszych narzędzi wykorzystywanych w izolacji genów oraz analizach genomicznych są biblioteki BAC. Zastosowanie technik DArT i DArTseq pozwoliło na zakotwiczenie na zintegrowanej mapie genetycznej żyta łącznie 5631 klonów biblioteki BAC linii wsobnej żyta L318 oraz przypisanie poszczególnym klonom biblioteki w sumie 4482 markerów DArT i 41438 markerów DArTseq (Borzęcka i in., 2018). Informacje te w połączeniu z wynikami adnotacji funkcjonalnej markerów DArT (Gawroński i in., 2016) pozwoliły na wskazanie klonów BAC zawierających sekwencje powiązane z odpornością na choroby.

Obecnie pracujemy nad poznaniem pełnych sekwencji żytnich genów związanych z odpornością na choroby. W tym celu przy wykorzystaniu metody Oxford Nanopore zsekwencionowano dotychczas 7 klonów BAC o długości od ok. 105 do ok. 140 kbp,

---

\* Badania sfinansowane ze środków NCN — projekt DEC-2014/14/E/NZ9/00285

przypuszczalnie zawierających geny odporności. Średnia długość otrzymanych odczytów wyniosła ok. 9500 pz, przy pokryciu ok. 2000. Najdłuższy uzyskany odczyt miał długość 99961 pz. Dotychczasowe wyniki sugerują, że jakość złożenia sekwencji klonu BAC uzyskanego na podstawie sekwencjonowania Nanopore jest lepsza w porównaniu do jakości złożenia uzyskanego na podstawie krótkich odczytów (Illumina). Dokładność sekwencjonowania, oszacowana poprzez porównanie uzyskanej sekwencji wektora pIndigoBAC-5 z sekwencją zdeponowaną w bazie GenBank wyniosła 99,5%. Analizy bioinformatyczne uzyskanych sekwencji klonów BAC pozwoliły na potwierdzenie w nich obecności poszukiwanych markerów DArT i wskazanie pełnej sekwencji przypuszczalnych genów, w których są te markery zlokalizowane. Wykazują one podobieństwo do opisanych u innych gatunków genów związanych z odpornością.

Uzyskane wyniki pozwalają przypuszczać, że przyjęta strategia pozwala na efektywną identyfikację poszukiwanych genów, stanowią również dodatkową weryfikację wiarygodności wyników przeglądania biblioteki BAC metodami DArT i DArTSeq.

#### LITERATURA

- Borzęcka i in., 2018. *Scientific Reports* 8: 8428.  
Gawroński i in., 2016. *Frontiers in Plant Science* 7: 1600.

**KATARZYNA GACEK**<sup>1</sup>  
**JOANNA WOLKO**<sup>1</sup>  
**AGNIESZKA DOBRZYCKA**<sup>1</sup>  
**LAURENCJA SZALA**<sup>1</sup>  
**IWONA BARTKOWIAK-BRODA**<sup>1</sup>  
**JAN BOCIANOWSKI**<sup>2</sup>  
**PHILIPP E. BAYER**<sup>3</sup>  
**DAVID EDWARDS**<sup>3</sup>  
**JACQUELINE BATLEY**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

<sup>3</sup> School of Plant Biology, University of Western Australia, Perth, Crawley, Australia  
e-mail: kgacek@nico.ihar.poznan.pl

## Poznanie genetycznej regulacji cech wpływających na wartość paszową białka w nasionach rzepaku ozimego przy użyciu mapowania genetycznego

Jednym z najważniejszych celów w hodowli rzepaku oprócz zwiększenia plonu, poprawy odporności na szkodniki i choroby jest ulepszanie i zwiększanie zawartości białka, przy jednoczesnym obniżaniu związków antyżywniowych, tj. włókna i glukozydów w nasionach. Obecność tych związków powoduje, że białko rzepakowe może być wykorzystywane z powodzeniem dla zwierząt przeżuwających, trzody chlewnej, jednak nie nadaje się dla drobiu. Z tego względu ważne jest poznanie genetycznej regulacji tych cech, co pozwoli na opracowanie markerów genetycznych, które zastosowane w hodowli mogą znacząco skrócić proces hodowlany oraz zwiększyć jego efektywność. W tym celu przeanalizowano zawartość białka, włókna (frakcje ADF, NDF) oraz glukozydów w nasionach populacji mapującej złożonej z 78 linii DH rzepaku ozimego oraz zsekwencjonowano (Illumina<sup>®</sup> HiSeq, next generation sequencing) genom tych linii przy użyciu metody skim based genotyping (skimGBS). Odczytane sekwencje przyrównano do genomu referencyjnego rzepaku przy użyciu programu SOAPaligner, dzięki czemu zidentyfikowano 187 794 polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNPs). Polimorfizmy te wykorzystano w analizie QTL (single loci r/QTL),

która wykazała korelację polimorfizmów SNP zlokalizowanych na chromosomie A09 i C09 z zawartością włókna (ADF i NDF) oraz glukozyolanów w nasionach rzepaku. Dalsza analiza zidentyfikowanych polimorfizmów SNP pozwoli poznać geny kandydujące biorące udział w regulacji tych cech w nasionach rzepaku, co pozwoli opracować markery ułatwiające selekcję rzepaku o obniżonej zawartości włókna i glukozyolanów. Śruta rzepakowa charakteryzująca się niższą zawartością związków antyżywniowych może stanowić wartościową paszę wysokobiałkową do wykorzystania w żywieniu wszystkich zwierząt hodowlanych, także drobiu, jako alternatywa dla importowanej śruty sojowej.

**EWA GRZEBELUS**  
**KATARZYNA MAĆKOWSKA**  
**ANETA MALEC**  
**KATARZYNA STELMACH**  
**GABRIELA MACHAJ**  
**MAREK SZKLARCZYK**  
**DARIUSZ GRZEBELUS**

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy  
im. H. Kołłątaja w Krakowie, al. 29 Listopada 54, 31-425 Kraków  
e-mail: ewa.grzebelus@urk.edu.pl

## Wczesna selekcja mieszańców somatycznych marchwi — obiecujące narzędzie dla gatunków o wysokim potencjale regeneracyjnym

Somatyczna hybrydyzacja roślin polegająca na fuzji protoplastów jest techniką, która łączy komórki somatyczne dwóch różnych odmian, gatunków czy rodzajów w celu wygenerowania nowej zmienności. Jest ona szczególnie interesująca dla hodowców w kontekście transferu cechy CMS, gdyż daje potencjalne możliwości skrócenia długiego procesu krzyżowania wstecznego w celu otrzymania par linii męskosterylnych i dopełniających oraz wykorzystania innych gatunków (np. pokrewnych) jako nowych źródeł męskiej sterility lub innych cech o strategicznym znaczeniu gospodarczym (np. odporności na stropy biotyczne czy abiotyczne).

Wydatna hybrydyzacja somatyczna wymaga precyzyjnej selekcji mieszańcowych produktów fuzji. Efektywny system selekcji powinien wykluczać pracochłonną identyfikację mieszańców spośród dużej liczby regenerantów. Znane strategie selekcji uwzględniające właściwości form donorowych obejmują genetyczną lub fizjologiczną komplementację, inaktywację komórek rodzicielskich, czy selekcję mechaniczną (opartą na różnicach morfologicznych protoplastów lub na ich różnicowym wybarwieniu) z pomocą mikromanipulatora lub sortera komórek. Jednak ze względu na specyfikę poszczególnych gatunków i trudności w generowaniu mutantów do selekcji opartej na komplementacji, systemy weryfikacji form mieszańcowych muszą być dopracowywane indywidualnie. W przypadku marchwi, ze względu na jej wysoki potencjał regeneracyjny, wczesna selekcja mieszańcowych produktów fuzji wydaje się konieczna, tym bardziej, że komplementarna inaktywacja genomów jądrowego i cytoplazmatycznego stosowana

rutyno przy transferze CMS nie zawsze jest całkowita, w efekcie umożliwiając także rozwój komórek, które nie są produktami fuzji lub są rezultatem fuzji symetrycznej.

Celem prezentowanych badań było wypracowanie skutecznego systemu wczesnej selekcji produktów fuzji i ich regeneracji. System selekcji testowano w dwóch układach eksperymentalnych uwzględniających (1) fuzję symetryczną pomiędzy marchwią uprawną (*Daucus carota* sub. *sativus*) a dzikim podgatunkiem *D. carota* sub. *gadecaei* oraz (2) fuzję komplementarną w obrębie marchwi uprawnej dla wprowadzenia cechy CMS z linii męskosterylnej do męskopłodnej. Elementem systemu szybkiej selekcji komórek mieszańcowych było opracowanie sposobu barwienia protoplastów fluorochromami przyżyciowymi o różnych właściwościach spektralnych. Protoplasty poddawano elektrofuzji a następnie komórki hybrydowe, czyli te z podwójną fluorescencją, bezpośrednio po fuzji wyławiano za pomocą mikromanipulatora i przenoszono do kultury niańki dla stymulacji podziałów mitotycznych, ze względu na stosunkowo niską gęstość posiewu komórek hybrydowych. Kulturę niańkę stanowiły protoplasty liściowe marchwi immobilizowane w alginianie - systemie gwarantującym wysoki potencjał regeneracyjny niezależnie od obiektu.

Zastosowany system wczesnej selekcji umożliwił prawie 100% identyfikację komórek mieszańcowych. Tym samym od początku kultury regenerację prowadzono tylko i wyłącznie dla właściwych obiektów, co znacząco zredukowało nakłady pracy, a tym samym koszty całej procedury. Skuteczność zaproponowanego systemu została potwierdzona w przeprowadzonych analizach morfologicznych, cytogenetycznych i molekularnych otrzymanych regenerantów.

## SESJA 2

### REFERATY

#### HODOWLA I NASIENNIC TWO ORAZ RYNEK NASIENNY ROŚLIN UPRAWNYCH W POLSCE

##### PODSESJA 2.1. ROŚLINY BIAŁKOWE

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. IWONA  
BARTKOWIAK-BRODA*





**ANDRZEJ KOTECKI**

Instytut Agroekologii i Produkcji Roślinnej  
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu  
e-mail: andrzej.kotecki@upwr.edu.pl

## Soja — nowe wyzwania polskiego rolnictwa

Soja jest czwartą rośliną świata po pszenicy, kukurydzy i ryżu. Departament USDA szacował 16 lipca 2018 roku powierzchnię uprawy soi na 125,8 mln ha, produkcję nasion do 359,5 mln ton, przy średnich plonach  $2,86 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ . Walory soi znane są od ponad 3700 lat. Wykorzystywana jest na cele spożywcze i paszowe. Szczególne znaczenie w żywieniu zwierząt ma śruta, na którą popyt systematycznie wzrasta. W 2018 roku, w porównaniu z 2011 rokiem, zanotowano wzrost powierzchni uprawy soi o 21,4%, plonów o 13% i produkcji o ponad 37%. W wartościach bezwzględnych średniorocznie przyrosty wyżej wymienionych wskaźników wynosiły odpowiednio; 3,17 mln ha,  $47 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$  i 13,9 mln ton. Jak bardzo zmienia się produkcja soi w świecie świadczy opracowanie Ray i in. z 2013 roku, w którym zakładano, że areał uprawy w 2050 roku wyniesie około 91 mln ha, a globalna produkcja 347 mln ton, przy średniej wydajności z 1 ha 3,8 ton. Tymczasem już w 2018 areał uprawy soi wyniósł 125,8 mln ha, plony  $2,86 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ , a globalna produkcja zbliża się do 360 mln ton. Największym importerem nasion soi, z ponad 60% udziałem w skali świata, są Chiny, które sprowadziły w 2018 roku 94,5 mln ton nasion (Rynek rzepaku, 2018).

Dzieje uprawy soi w Polsce sięgają drugiej połowy XIX wieku, kiedy to w 1878 roku Antoni Sempołowski zaczął uprawiać w Żabikowie chińskie odmiany soi otrzymane z Austrii od prof. Haberlanda, które w ówczesnych warunkach klimatycznych Wielkopolski nie dojrzewały.

Aktualnie w Polsce soja uprawiana jest na powierzchni 16,5 tys. ha.

W 2017 roku udział soi w światowej produkcji tłuszczów roślinnych wynosił 29% (54,5 mln t), a śruty ponad 71% (223 mln t).

Uprawa soi jest zdominowana przez USA, Brazylię i Argentynę, na które przypada ponad 70% światowego areału uprawy i ponad 80% światowej produkcji, co powoduje, że nakazem chwili polskiego rolnictwa jest dywersyfikacja źródeł białka ze śruty sojowej.

W 2017 roku polska importowała 2,36 mln ton poekstrakcyjnej śruty sojowej (za prawie 4,0 mld zł) i około 385 tys. ton śruty słonecznikowej, a rodzime źródła białka pokrywały potrzeby paszowe w około 30%.

Ocieplanie się klimatu oraz postęp w hodowli soi w Europie Zachodniej umożliwiają uprawę tego gatunku w Polsce.

Urynkowanie polskiego rolnictwa, które miało miejsce po 1989 r., spowodowało odejście od gospodarki płodozmianowej i dramatyczne zmniejszenie liczby uprawianych gatunków. Efektem tych zmian jest wzrost udziału zbóż w strukturze zasiewów do ponad 70%, a w niektórych rejonach nawet do 80%. Dalsze utrzymanie tego modelu gospodarowania będzie skutkowało wzrostem nakładów na przemysłowe środki produkcji. Soja jest doskonałym przedplonem dla pszenicy i kukurydzy. Mocno rozbudowany system korzeniowy działa strukturotwórczo na glebę. Ponadto dzięki bakteriom brodawkowym wiąże z powietrza znaczącą ilość azotu, a resztki poźniwne zawierają wiele makro- i mikrośladników o wysokiej wartości nawozowej dla roślin następczych.

Według badań amerykańskich powodzenie uprawy soi zależy od układu warunków atmosferycznych, rodzaju gleby i genotypu (Haegele, Below, 2013). Uprawa soi, w odróżnieniu od zbóż i rzepaku, charakteryzuje się krótkim okresem zwrotu zainwestowanych środków finansowych. Do jej uprawy i zbioru wykorzystywany jest ten sam park maszynowy jak przy uprawie zbóż. Nasiona po zbiorze, w niektórych, szczególnie wilgotnych latach mogą wymagać dosuszenia, jednak nie w takim stopniu jak ziarno kukurydzy. Uprawa soi dobrze wpisuje się w system organizacyjny gospodarstw szczególnie w zmniejszenie natężenia prac polowych.

Wyniki produkcyjne i doświadczalne uzyskane na południu Polski w ostatnich latach świadczą o tym, że soja jest aktualnie na tym etapie rozwoju uprawy co kukurydza w połowie lat 90. XX wieku, a głównym czynnikiem ograniczającym wzrost areału uprawy jest mały postęp hodowlany.

Uchwałą nr 222/2015 z 15 grudnia 2015 roku Rada Ministrów ustanowiła program wieloletni (2016–2020) pod nazwą **"Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju"**, który ma przyczynić się do zwiększenia tzw. bezpieczeństwa białkowego kraju. Program obejmuje cztery obszary badawcze: z zakresu genetyki i hodowli roślin, agrotechniki, żywienia zwierząt oraz ekonomii i organizacji rynku. Szczegóły dotyczące programu wieloletniego i dotychczasowe osiągnięcia znajdują się na stronie IUNG — PIB w Puławach ([www.bialkoroslinne.iung.pl](http://www.bialkoroslinne.iung.pl)). Badania prowadzone w ramach obszaru 3, pod nazwą „Agrotechniczne sposoby zwiększenia wykorzystania potencjału biologicznego roślin strączkowych w aspekcie efektów produkcyjnych, środowiskowych i ekonomicznych” Zadanie 3.6. Opracowanie technologii uprawy soi z uwzględnieniem warunków regionalnych kraju.

**EDWARD S. GACEK**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka  
e-mail: e.gacek@coboru.pl

## Założenia Inicjatywy Białkowej COBORU

Od dwóch lat, w Centralnym Ośrodku Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) prowadzi się rozszerzone prace doświadczalne nad gatunkami roślin białkowych, mając na względzie poprawę bilansu białka paszowego w kraju. Poprzez rośliny białkowe rozumie się tradycyjne gatunki roślin bobowatych (strączkowych) grubonasiennych (bobik, groch siewny, łubin wąskolistny i łubin żółty), jak i zaliczaną do roślin oleistych soję.

Powyższe prace określane jako „Inicjatywa białkowa COBORU” zostały zaakceptowane przez Kierownictwo MRiRW, w marcu 2017 roku. Polegają one na znacznym rozszerzeniu zakresu doświadczalnictwa odmianowego z roślinami białkowymi w ramach PDO, zarówno w tradycyjnych gatunkach roślin białkowych, a zwłaszcza z soją. Wzrost liczby doświadczeń odmianowych w tradycyjnych gatunkach roślin strączkowych wynosi 40–60%, natomiast w przypadku soi liczbę doświadczeń odmianowych podwojono. W 2018 roku, przeprowadzono w całym kraju 40 doświadczeń z 45 odmianami soi, zarówno zarejestrowanymi w KR (17 odmian), jak i z prawie 30 zagranicznymi odmianami soi zarejestrowanymi we wspólnym katalogu odmian roślin rolniczych w UE. Odmiany soi pochodzące z katalogu UE coraz liczniej występują w krajowym rynku nasiennym bez uprzedniego sprawdzania ich przydatności do uprawy w naszych warunkach środowiskowych.

Wyniki badań wykazały, że potencjał plonotwórczy współczesnych odmian roślin białkowych jest duży, przy czym wysokość i wierność plonowania tych gatunków zależy od doboru odmian do uprawy w poszczególnych rejonach kraju. Stąd większą niż dotąd rolę powinno odgrywać prowadzone w odpowiedniej skali doświadczalnictwo odmianowe, powiązane z powszechną rekomendacją odmian w poszczególnych województwach. Dobór najlepszych odmian do uprawy pozwoli bardziej efektywnie wykorzystywać potencjał genetyczny współczesnych odmian w praktyce rolniczej. Rekomendacja odmian roślin białkowych prowadzona jest już we wszystkich województwach, natomiast w 2018 roku Listy odmian soi zalecanych do uprawy były publikowane przez stacje doświadczalne oceny odmian, już w sześciu województwach.

W 2017 roku, w miarę optymalnym pod względem wysokości i rozkładu opadów, średnie plony nasion roślin strączkowych grubonasiennych, w zależności od rejonu kraju

i odmiany, były następujące: średni plon nasion bobiku, wynosił — 47 dt/ha, a najwyższe jego plony sięgały nawet 79 dt/ha; groch siewny plonował średnio na poziomie — 50 dt/ha, a jego najwyższe plony wynosiły 72 dt/ha; z kolei łubin wąskolistny plonował średnio na poziomie — 29 dt/ha, z maksymalnymi plonami 45 dt/ha. Najniższy średni plon nasion odnotowano u łubinu żółtego — 18 dt/ha, a jego najwyższe plony sięgały 27 dt/ha.

W suchym 2018 roku, średnie plony nasion wymienionych gatunków roślin były na ogół niższe, przeciętnie o 4-15 dt/ha. Jedyne średni plon odmian soi w skali kraju, był o 2 dt/ha wyższy niż w roku 2017 i wynosił ponad 36 dt/ha, a maksymalny plon średni soi wyniósł 56 dt/ha.

Działalność doświadczalna z odmianami soi, w ramach inicjatywy białkowej COBORU pozwoli na regularną weryfikację przydatności wszystkich rejonów kraju do uprawy tego gatunku.

W niniejszych badaniach określono potencjał plonotwórczy i uzdolnienia adaptacyjne większości odmian komercyjnych soi, znajdujących się na krajowym rynku nasiennym. Wyniki badań pokazały, że bardzo wczesne oraz wczesne i średnio-wczesne odmiany soi można z powodzeniem uprawiać na obszarze całego kraju. Natomiast odmiany soi z grupy późnej i grupy bardzo późnej nadają się do uprawy w południowej, a po uprzedniej weryfikacji, niektóre z nich nadają się także do uprawy w centralnej części Polski. Jest to szansą na szybkie rozszerzenie uprawy tego gatunku w całym kraju.

Oprócz działalności doświadczalnej i rekomendacyjnej dla szybkiego zwiększenia areалу uprawy roślin białkowych, nadal do rozwiązania pozostaje problem organizacji rynku zbytu surowca i utworzenie łańcuchów komercyjnych (od rolników, poprzez skup, przemysł paszowy, aż do hodowców zwierząt).

Zainicjowane działania powinny przyczynić się w niedalekiej przyszłości do zwiększenia areálu uprawy roślin białkowych, znaczącej poprawy paszowego bilansu białkowego w kraju i w rezultacie do zmniejszenia importu śruty sojowej GM. Można oczekiwać, że za kilka lat areał uprawy tradycyjnych roślin białkowych w Polsce powinien zwiększyć się o 100–150 tys. ha, a w przypadku nawet do 200–250 tys. ha.

Ważnym zadaniem w ramach kompleksowych prac nad roślinami białkowymi, a zwłaszcza soją jest zorganizowanie skutecznego systemu transferu wiedzy oraz działalność informacyjna w zakresie promocji i zasad ich uprawy.

**AGNIESZKA OSIECKA**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka  
e-mail: a.osiecka@coboru.pl

## Możliwości zwiększenia areału uprawy roślin białkowych w świetle aktualnych wyników urzędowych i porejestrowych doświadczeń odmianowych COBORU

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w ramach statutowych zadań realizuje zarówno działania dotyczące rejestracji nowych odmian, jak i porejestrowe doświadczalnictwo odmianowe (PDO), obejmujące testowanie odmian wpisanych do Krajowego rejestru (KR), a także, na szczególnych warunkach, odmian niewpisanych do KR w Polsce, lecz zarejestrowanych w innych krajach Unii Europejskiej i znajdujących się we Wspólnotowym katalogu odmian roślin rolniczych (CCA). Regularne badanie dużych zestawów odmian gatunków roślin bobowatych grubonasiennych i soi w doświadczeniach PDO oraz ich rekomendacja w województwach daje rolnikom możliwość wyboru najwłaściwszej odmiany do uprawy. Każda odmiana po wpisaniu do KR z reguły podlega dalszej ocenie w liczniejszej serii doświadczeń PDO, realizowanych we wszystkich rejonach kraju. Efektem tych doświadczeń są wyniki ogólnopolskie, corocznie publikowane w wydawnictwach i na stronie internetowej COBORU. Ostatecznym efektem potwierdzającym dużą wartość gospodarczą odmiany (WGO) jest umieszczenie jej na liście odmian zalecanych (LZO) do uprawy na obszarze poszczególnych województw. Rekomendacja wskazuje odmiany, które na podstawie doświadczeń zrealizowanych w danym województwie zostały uznane za najlepsze do uprawy w tym regionie.

W przypadku rodzimych roślin bobowatych grubonasiennych upowszechnienia wymaga rekomendacja odmian, z racji specyfiki tej grupy roślin. Upowszechnienie rekomendacji jest możliwe dzięki zakładaniu licznych doświadczeń PDO. W przypadku soi, gatunku mało jeszcze znanego w naszym kraju, choć zyskującym na znaczeniu, ważne jest nie tylko testowanie odmian, ale także sprawdzenie przydatności rejonów Polski do uprawy tego gatunku.

Koncepcja, zwana *Inicjatywą Białkową COBORU*, której realizację zainicjowano w 2017 roku koncentruje się na realizacji innowacyjnych rozwiązań metodycznych i rozszerzeniu zakresu doświadczalnictwa odmianowego w tej grupie roślin. U jej podstaw leży potrzeba

zwiększenia powierzchni uprawy roślin bobowatych grubonasiennych (bobiku, grochu siewnego, łubinu wąskolistnego, łubinu żółtego) i soi dla poprawy bilansu paszowego w kraju, a w rezultacie zmniejszenie uzależnienia kraju od śruty sojowej GM.

Celem *Inicjatywy Białkowej COBORU* jest realizacja dużej liczby doświadczeń odmianowych na terenie całego kraju z jak największymi zestawami odmian gatunków roślin bobowatych grubonasiennych i soi. Istotą badań jest regularna weryfikacja przydatności różnych rejonów kraju do uprawy roślin bobowatych grubonasiennych, a w przypadku soi sprawdzenie możliwości uprawy tego gatunku, który do niedawna nie miał żadnego znaczenia gospodarczego i był dla polskiego rolnika nieznaną. Z racji wzrostu zainteresowania możliwością uprawy soi w Polsce i rozwijającym się rynkiem nasiennym tego gatunku istotne jest określenie wartości gospodarczej i przydatności do uprawy odmian, których nasiona są dostępne w obrocie nasiennym. Większość odmian, których nasiona są oferowane do sprzedaży nie jest wpisana do Krajowego rejestru i nieznaną jest ich przydatność do uprawy na terenie Polski. W przypadku soi, przejściowo, możliwe jest badanie odmian z CCA w doświadczeniach PDO, z pominięciem etapu tzw. badań rozpoznawczych. Testowanie odmian soi koncentruje się, między innymi, na określeniu ich terminu dojrzewania w różnych rejonach kraju i w różnych warunkach pogodowych.

Lata 2017 i 2018 skrajnie różniły się ze względu na przebieg pogody w trakcie wegetacji. W roku 2017 w całym okresie wegetacyjnym notowano dostatek, a nawet nadmiar opadów. Przebieg pogody miał wpływ zarówno na fazę wegetatywną, jak i generatywną roślin. Optimum opadowe pozwalało na zachowanie dobrego stanu roślin w czasie wzrostu i prawidłowego ich rozwoju. Sporadycznie jednak, przy dużym nadmiarze wody i dodatkowo niewłaściwym rozkładzie opadów, stan niektórych doświadczeń był słaby. Pogoda była sprzyjająca, zarówno w krytycznej fazie kwitnienia roślin bobowatych grubonasiennych i soi, jak i w czasie wiązania strąków na roślinach. Obserwowano natomiast wydłużenie i opóźnienie dojrzewania w zależności od lokalizacji doświadczenia, co było szczególnie wyraziste w przypadku doświadczeń z soją.

Przebieg pogody w roku 2018 był zupełnie odmienny. Generalnie w całym okresie wegetacyjnym notowano niedobór opadów. Rośliny mogły korzystać jedynie z opadów lokalnych. Dodatkowo w sezonie wegetacyjnym notowano średnio wyższe niż w wieloleciu temperatury powietrza, a w okresie letnim długie okresy upałów i intensywnego nasłonecznienia. Warunki te miały wyraźny wpływ na gorsze plonowanie tradycyjnych gatunków bobowatych grubonasiennych, zwłaszcza łubinów. Średnie plony wszystkich gatunków (bobiku, grochu siewnego, łubinu wąskolistnego i żółtego) były wyraźnie mniejsze niż w roku 2017. Jedynym gatunkiem, w którym nie odnotowano negatywnej reakcji na takie warunki była soja. W trakcie wegetacji widoczne były jej walory jako rośliny ciepłolubnej.

Uzyskane wyniki dla lokalizacji i dla odmian prezentowane w formie graficznej i tabelarycznej są odzwierciedleniem zmienności obu sezonów wegetacyjnych. Wstępne wnioski pokazują, że w celu utworzenia i upowszechnienia ogólnopolskiego systemu doświadczalnictwa i rekomendacji odmian roślin bobowatych grubonasiennych i soi, należy kontynuować w ramach sieci doświadczalnej COBORU przez co najmniej 3–4 lata program innowacyjnych modyfikacji badań odmianowych w tej grupie roślin.

**JANUSZ PRUSIŃSKI**

Katedra Agronomii

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy im. J. J. Śniadeckich w Bydgoszczy

e-mail: janusz.prusinski@utp.edu.pl

## Struktura, pochodzenie i znaczenie odmian roślin bobowatych grubonasiennych w Katalogu Wspólnotowym i w Krajowym Rejestrze Odmian

FAO zalicza zasadniczo 10 rodzajów bobowatych grubonasiennych (strączkowych) z rodziny *Fabaceae* wykorzystywanych w żywieniu ludzi i/lub zwierząt. W Polsce należą do nich bobik, groch siewny, łubiny: biały, wąskolistny i żółty oraz wyka jara i ozima. FAO nie zalicza do roślin bobowatych grubonasiennych soi, która pomimo przynależności do tej samej rodziny botanicznej (*Fabaceae*) na świecie jest klasyfikowana jako roślina oleista.

Komisja Europejska opracowuje na bazie krajowych rejestrów państw członkowskich, Wspólnotowy Katalog Odmian Roślin Rolniczych — Common Catalogue of Varieties of Agricultural Plant Species (CCA). Odmiany znajdujące się w CCA są dopuszczone do obrotu na terytorium Unii Europejskiej. Każdą odmianę wpisaną do katalogu wspólnotowego musi charakteryzować odrębność (*distinctnes*), wyrównanie (*uniformity*) i trwałość (*stability*) (DUS) oraz wysoki potencjał do uprawy i stosowania — *value for cultivation and use* (VCU), tj. plon nasion, odporność roślin na szkodliwe organizmy, ich reakcja na warunki środowiskowe oraz jakość plonu.

Bobowate grubonasienne uznawane są za istotne źródło białka roślinnego w żywieniu ludzi i zwierząt, a ich uprawa przynosi wiele innych korzyści dla człowieka, zwierząt i środowiska, głównie glebowego. Aby zaspokoić rosnące zapotrzebowanie na białko roślinne konieczne są nowe intensywne prace hodowlane. Różnorodność genetyczna, lepsza wartość odżywcza, zwiększenie wydajności, możliwość ograniczenia stosowania pestycydów, zwiększona tolerancja na stresy biotyczne i abiotyczne etc. są niezbędne w technologiach produkcji roślin bobowatych i w zwiększeniu powierzchni ich zasiewów w krajach UE.

W Katalogu Wspólnotowym (CCA) UE najwięcej zarejestrowanych odmian roślin strączkowych dotyczy w kolejności następujących gatunków: groch siewny, bobik, wyka



jara, łubin wąskolistny, wyka ozima, łubin biały, łubin żółty i wyka panońska. Wieloletnia analiza (od 2000 roku) odmian roślin strączkowych w CCA pozwala na sformułowanie następujących obserwacji:

1. Średnia liczba odmian roślin strączkowych zarejestrowanych w CCA w ostatnich latach systematycznie maleje.
2. W Katalogu Wspólnotowym dominują zdecydowanie odmiany grochu siewnego, następnie w kolejności: bobiku, wyki siewnej, łubinu wąskolistnego, wyki ozimej, łubinu białego, łubinu żółtego i wyki panońskiej.
3. Najwięcej odmian roślin strączkowych w katalogu CCA jest rejestrowane przez Francję, Wielką Brytanię i Polskę i Hiszpanię, a najmniej przez Irlandię, Belgię i Cypr; odmian roślin strączkowych nie rejestruje w ogóle Malta.
4. Francja, Wielka Brytania i Polska rejestrują w katalogach własnych najwięcej odmian wykreowanych przez inne kraje.
5. Do najbardziej popularnych, rejestrowanych przez co najmniej kilka krajów UE należały odmiany grochu siewnego — Hardy, Konto, Nitouche, Astronaute i Salamanca; bobiku — Sirrocco, Fanfarę i Vertigo, wyki siewnej — Ebena i Aneto i łubinu wąskolistnego — Boruta, Boregine i Probor.
6. Najwięcej odmian grochu siewnego rejestrują Francja, Wielka Brytania i Czechy, bobiku: Francja, Wielka Brytania i Polska, łubinu białego: Francji, Niemcy i Węgry, łubinu wąskolistnego: Polska, Niemcy i Litwa, łubinu żółtego: Polska, Niemcy i Hiszpania, wyki jarej: Francja, Hiszpania i Włoch, wyki ozimej: Włochy, a wyki panońskiej — Węgry.
7. Średnio każda odmiana grochu siewnego była wysiewana na powierzchni 1884 ha, bobiku — 1747 ha, łubinów — 1230 ha, a wyk — 791 ha, co przy wysokich kosztach hodowli odmian strączkowych wydaje się słabym ich wykorzystaniem w produkcji towarowej.
8. Średnia powierzchnia zasiewów towarowych roślin bobowatych w analizowanych latach wykazuje tendencje rosnące w przypadku bobiku i łubinu, malejące – wyk i utrzymujące się na mniej więcej tym samym poziomie grochu, jednak ze znacznymi wahaniami, co nie wskazuje na rośliny bobowate grubonasienne, jako na rosnące źródło białka roślinnego w krajach UE.
9. W analizowanych latach wyraźną tendencję spadkową w plonowaniu obserwowano w przypadku odmian grochu siewnego; u pozostałych gatunków, mimo różnic w analizowanych latach, uzyskiwane plony nasion były podobne, a wpływ na wysokość plonów nasion nowo rejestrowanych odmian tylko symboliczny.
10. Produkcja kwalifikowanego materiału siewnego była wystarczająca do jego wymiany w produkcji towarowej co najmniej raz na 2 lata, z wyjątkiem łubinu, gdzie obserwuje się wyraźną tendencję spadkową w zaopatrzeniu rolników UE w kwalifikowany materiał siewny.

W Krajowym Rejestrze Odmian prowadzonym przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych najwięcej zarejestrowanych odmian bobowatych grubonasiennych dotyczy w kolejności następujących gatunków: łubinu wąskolistnego, grochu siewnego, bobiku, łubinu żółtego, wyki siewnej, łubinu białego i wyki ozimej.

Krajowe odmiany łubinu żółtego i wąskolistnego dominują w Katalogu Wspólnotowym UE tych gatunków, a udział pozostałych bobowatych grubonasiennych wynosi zaledwie 3–6%. Zapewne wynika to z faktu, że popularność uprawy łubinów w Polsce jest zdecydowanie największa w całej UE. Ostatnio obserwuje się jednak w kraju znaczący wzrost liczby nowo rejestrowanych odmian w krajowym rejestrze. W rejestracji łubinów dominują 2 hodowle krajowe — PHR Tulce i HR Smolice, grochu siewnego — PHR Tulce, Danko HR i HR Smolice, bobiku — HR Strzelce i Danko HR, wyk — Danko HR i PHR Tulce. W latach 2015–2018 średnio tylko 35–40% odmian bobowatych grubonasiennych zarejestrowanych przez COBORU było rekomendowanych do uprawy w ramach. Z 4 gatunków bobowatych ocenianych w badaniach PDO aż w 4 województwach: małopolskim, mazowieckim, świętokrzyskim i warmińsko-mazurskim nie rekomendowano w ogóle ich odmian do uprawy. Ciągłość rekomendacyjną w PDO (4 analizowane lata) stwierdzono tylko dla 3 gatunków (groch siewny, łubin żółty i wąskolistny) i tylko w 2 województwach — kujawsko-pomorskim i podlaskim.



WACŁAW JARECKI <sup>1</sup>  
DOROTA BOBRECKA-JAMRO <sup>1</sup>  
RUSLAN MONICH <sup>2</sup>  
EWA KOPANIA <sup>3</sup>  
GRAŻYNA KORBECKA-GLINKA <sup>4</sup>

<sup>1</sup> Katedra Produkcji Roślinnej, Wydział Biologiczno-Rolniczy, Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

<sup>2</sup> Naukowo Badawcze Centrum Rozwoju Soi — AGESOYA sp. z o.o., ul. Długa 50A, 37-413 Huta Krzeszowska

<sup>3</sup> Instytut Biopolimerów i Włókien Chemicznych, ul. Marii Skłodowskiej-Curie 19/27, 90-570 Łódź

<sup>4</sup> Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy  
e-mail: waclaw.jarecki@wp.pl

## Porównanie przebiegu wegetacji roślin oraz wielkość i jakość plonu nasion wybranych odmian soi\*

Soja zwyczajna (*Glycine max* (L.) Merrill) należy do ważniejszych roślin uprawnych na świecie. Wynika to głównie z możliwości wszechstronnego zagospodarowania jej nasion. W Polsce areal uprawy soi jest nieduży, ale zainteresowanie tą cenną rośliną rolniczą rośnie zwłaszcza na cele paszowe (Jerzak i in., 2012). Dzięki pracom hodowlanym, już zostały upowszechnione w praktyce rolniczej nowe odmiany soi przydatne do uprawy w krajowych warunkach klimatycznych. Odmiany te cechuje wysoki i dobry jakościowo plon nasion. Wartość użytkową nasion ogranicza jednak zawartość substancji antyodżywczych. (Kasprowicz-Potocka i in., 2017). **Odmiany i ich dobór do konkretnego stanowiska i rejonu są kluczem do uzyskania zadowolających plonów soi. Szczególną uwagę należy zwrócić na długość okresu wegetacji danej odmiany.** Filoda i Mrówczyński (2012), wskazują na konieczność opracowania szczegółowych zaleceń agrotechnicznych dla nowych odmian soi. Popelnione błędy agrotechniczne nie pozwolą bowiem uzyskać dużego potencjału ich plonowania. Celem

---

\* Badania prowadzono w ramach projektu: Opracowanie innowacyjnej biodegradowalnej otoczki dla nasion soi opartej na biopolimerach z surowców odnawialnych dla zwiększonej tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe. Akronim: BIOSOYCOAT. Finansowany przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach strategicznego programu badań naukowych i prac rozwojowych "Środowisko naturalne, rolnictwo i leśnictwo". Umowa nr BIOSTRATEG3/346390/4/NCBR/2017. Okres realizacji 2017–2020.

badania było porównanie przebiegu wegetacji roślin oraz wielkości i jakości plonu nasion siedmiu odmian soi.

Ścisłe doświadczenie polowe przeprowadzono w latach 2017 i 2018. Zlokalizowane zostało w gospodarstwie indywidualnym w miejscowości Makowisko (województwo podkarpackie) na polu na którym nie uprawiano soi. Czynnikiem doświadczenia były odmiany soi: Annushka, Atlanta, Lajma, Madlen, Mavka, Smuglyanka, Violetta.

Z badanych odmian najwcześniej wegetację zakończyła odmiana Annushka (112 dni w 2017 r. i 132 dni w 2018 r.) oraz Lajma (119 dni w 2017 r. i 132 dni w 2018 r.). Najpóźniej dojrzały rośliny odmiany Atlanta (143 dni w 2017 r. i 149 dni w 2018 r.) oraz Smuglyanka (148 dni w 2017 r. i 149 dni w 2018 r.). Plon i skład chemiczny nasion był zróżnicowany pomiędzy odmianami oraz w latach badań. W 2017 r. najniżej plonowała odmiana Atlanta ( $2,56 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), zaś w 2018 r. odmiany Madlen ( $3,68 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) i Annushka ( $3,67 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ). Wysoko plonującą odmianą była Madlen w 2017 r. ( $3,71 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) oraz Atlanta w 2018 r. ( $3,80 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ). Średnio w latach badań najwięcej białka ogólnego zawierały nasiona odmiany Atlanta (39,8 % s.m.), zaś tłuszczu surowego nasiona odmiany Madlen (20,8% s.m.).

Wyniki badań polowych i laboratoryjnych wykazały, że w rejonie prowadzenia badań, przydatne do uprawy są wszystkie oceniane odmiany soi. W przypadku odmian Smuglyanka i Atlanta, z uwagi na długi okres wegetacji roślin, mogą wystąpić trudności ze zbiorem nasion.

#### LITERATURA

- Filoda G., Mrówczyński M. (red.) 2012. *Metodyka integrowanej ochrony soi dla producentów*. Poznań: IOR-PIB: 1 — 17.
- Jerzak M. J., Czerwińska-Kayzer D., Florek J., Śmiglak-Krajewska M. 2012. Determinanty produkcji roślin strączkowych jako alternatywnego źródła białka — w ramach nowego obszaru polityki rolnej w Polsce. *Roczniki Nauk Rolniczych. Ser. G*, 99 (1): 113 — 120.
- Kasprowicz-Potocka M., Zaworska A., Kołata T., Grajewski J., Twarużek M., Rutkowski A. 2017. Wyniki wieloletniego monitoringu wartości pokarmowej krajowych pasz wysokobiałkowych pochodzenia roślinnego. [W:] pod redakcją Andrzeja Rutkowskiego. *Zalecenia żywieniowe dotyczące stosowania krajowych pasz wysokobiałkowych pochodzenia roślinnego dla świń i drobiu*. APRA sp. z o.o.: 9 — 25.

**MICHAŁ A. JERZAK**<sup>1</sup>  
**WOJCIECH MIKULSKI**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28; 60-637 Poznań

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin — PAN; ul. Dojazd 11; 60-632 Poznań

e-mail: jertzak@up.poznan.pl; minari@onet.eu

## Efekty finansowe hodowli łubinu na cele paszowe w świetle uzyskiwanych opłat licencyjnych i polityki interwencyjnej państwa

W niniejszym artykule zaprezentowano cząstkowe wyniki badań dotyczące oceny skutków finansowych hodowli łubinów. Analizie poddano znaczenie i dostępność opłat licencyjnych, a także wpływ polityki interwencyjnej państwa na efekty finansowe tej działalności. Niniejsza analiza jest kontynuacją badań dotyczących wpływu dopłat obszarowych do produkcji roślin strączkowych na efekty finansowe produkcji materiału siewnego roślin strączkowych. Wśród odmian łubinu zarejestrowanych przez COBORU w 2018 r. dominowały odmiany polskie, przy czym 9 odmian dotyczyło łubinu żółtego, a 29 odmian dotyczyło łubinu wąskolistnego. Jest to ważne ponieważ podstawą rozwoju produkcji łubinu, jako surowca białkowego na cele paszowe jest zapewnienie odpowiedniej ilości materiału siewnego takich odmian, które odpowiadają warunkom przyrodniczym w Polsce.

Badania mają charakter studium przypadku dwóch krajowych firm hodowli roślin (PHR Tulce i HR Smolice). Badania obejmowały analizę źródeł finansowania hodowli łubinu, a także ostatecznych skutków finansowych tego przedsięwzięcia. Przyjęte zakłady są spółkami hodowli roślin skarbu państwa, które działają w strukturze, gdzie dział hodowli jest częścią większego przedsiębiorstwa rolnego nastawionego na wszechstronną produkcję. Chcąc zatem określić efekty ekonomiczne działu hodowli posłużono się danymi zaczerpniętymi z danych księgowości tych przedsiębiorstw, jak również wykorzystano wywiady bezpośrednie z pracownikami działu hodowli oraz z zarządem spółki. Przeprowadzono też rachunek symulacyjny, w którym założono, że dział hodowli jest niezależnym przedsiębiorstwem i rozlicza się z gospodarstwem na zasadach komercyjnych. Przyjęto zatem, że dział hodowli sprzedaje wartość intelektualną w postaci materiału siewnego kategorii „E”. Gospodarstwo rolne stanowi niejako przedsiębiorstwo nasienne, które sprzedaje nasienną produkcję towarową w kategorii „K”. W podsumowaniu stwierdzono, że działalność w zakresie hodowli łubinu w

badanych przedsiębiorstwach była opłacalna. Wykazano istotny wpływ opłat licencyjnych na efekty finansowe. Nie zaobserwowano natomiast w hodowli łubinu wpływu działalności interwencyjnej rządu w uprawie roślin strączkowych na wyniki finansowe związane z hodowlą tej rośliny. Działalność nasienna analizowanych przedsiębiorstw, gdzie sprzedawano nasiona łubinu w kategorii „K” okazała się bardziej rentowna niż hodowla tych roślin.

**JERZY SZUKAŁA**  
**AGNIESZKA FALIGOWSKA**  
**KATARZYNA PANASIEWICZ**  
**GRAŻYNA SZYMAŃSKA**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii  
e-mail: jszukala@up.poznan.pl

## Produkcyjne i ekonomiczne skutki pasowej uprawy roślin strączkowych\*

Celem przeprowadzonych badań było poszukiwanie ekonomicznie uzasadnionych sposobów uprawy roślin strączkowych.

Doświadczenia z bobikiem, grochem, łubinem białym, łubinem wąskolistnym i soją przeprowadzono w ZD Brody należącym do UP w Poznaniu, w latach 2017–2018. Założono je jako jednoczynnikowe, w czterech powtórzeniach, na glebie płowej, zasobnej w potas, fosfor i magnez o odczynie obojętnym, klasy bonitacyjnej IIIa i IIIb, kompleksu pszennego dobrego. Każdy gatunek uprawiano w stanowisku po pszenicy lub jęczmieniu ozimym. Czynnikiem badawczym był wariant uprawy: 1. tradycyjny orkowy system uprawy roli (jako kontrola) oraz w czterech wariantach siew pasowy: 2. siew pasowy po orce z międzyplonem facelią, 3. siew pasowy po uprawie uproszczonej z międzyplonem facelią, 5. siew pasowy w mulcz po międzyplonie facelii oraz 5. siew pasowy w ściernisko bez międzyplonu facelii.

Nawożenie P i K stosowano przedsięwzięcie w formie Agrofoski (0:20:30) w ilości 250 kg/ha. Regulację agrofagów przeprowadzono stosując zalecane przez MRiRW pestycydy. Wszystkie zabiegi agrotechniczne w ocenianych gatunkach, przeprowadzone w trakcie badań zostały wykonane zgodnie z zasadami dobrej praktyki rolniczej. Plon nasion podano w przeliczeniu na 15% wilgotności.

W porównaniu do tradycyjnej uprawy orkowej, siew pasowy okazał się korzystniejszy dla plonowania bobiku oraz łubinu wąskolistnego we wszystkich czterech zastosowanych wariantach, odpowiednio o 17–26% i 10–20%. Łubin biały w uprawie pasowej i siewie bezpośrednim w ściernisko zwiększył plon nasion o 5,0%, a w uprawie uproszczonej o 21%, z kolei groch i soja tylko w tradycyjnej uprawie orkowej i siewie pasowym o 7%.

---

\* Doświadczenie było finansowane z wieloletniego projektu badawczego MRiRW (2016–2020) „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”



Zastosowane warianty uprawy i siewu nie miały wpływu na skład chemiczny nasion oraz obsadę roślin. Wszystkie warianty siewu pasowego okazały się bardziej korzystne ekonomicznie w uprawie niż tradycyjna uprawa orkowa.

## SESJA 2

### REFERATY

#### HODOWLA I NASIENNICZYSTWO ORAZ RYNEK NASIENNY ROŚLIN UPRAWNYCH W POLSCE

#### PODSESJA 2.2. HODOWLA I NASIENNICZYSTWO ROŚLIN UPRAWNYCH

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. IWONA  
BARTKOWIAK-BRODA*



**JANUSZ ROGACKI**

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR  
e-mail: rogacki@hrsmolice.pl

## Krajowe nasiennictwo kukurydzy

Nasiennictwo odmian mieszańcowych kukurydzy w Polsce rozwija się bardzo dynamicznie. W ostatnim 10-leciu latach powierzchnia kukurydzy nasiennej w Polsce wzrosła dwukrotnie, od niecałych 2 tys. ha w roku 2008 do nieco ponad 4 tys. w roku 2017 (źródło: PIORIN). Zapotrzebowanie na nasiona odmian kukurydzy jest oczywiście związane ze zwiększającą się powierzchnią uprawy kukurydzy w Polsce. W sezonie 2012 po raz pierwszy przekroczonej areal jednego miliona hektarów w kraju. W kolejnych latach utrzymuje się tendencja wzrostowa.

Wraz ze zwiększającym się arealem plantacji nasiennych, nasilają się obserwowane od dłuższego już czasu problemy. Podstawową kwestią jest brak chętnych do ręcznego ogławiania wiech form matecznych. Mechaniczne ogławianie kukurydzy nie jest w stanie zastąpić w 100% pracy rąk ludzkich. Czasochłonna technologia Ms (męskiej sterylności form matecznych) / Rf (przywracania płodności w formach ojcowskich), w świetle bardzo szybkiej wymiany odmian w Krajowym Rejestrze jest problematyczna. Plantacje nasienne wymagają pomiędzy sobą izolacji przestrzennej (200 m dla plantacji "C1"), o którą również coraz trudniej.

Linie wsobne kukurydzy, będące rodzicami odmian mieszańcowych kukurydzy, są o wiele bardziej czułe na niesprzyjające warunki pogodowe aniżeli odmiany mieszańcowe. Powoduje to dużą zmienność w podaży nasion na rynku i problemy z zaspokajaniem popytu na niektóre odmiany. Częściowo można temu przeciwdziałać poprawiając środowisko bytowania roślin, instalując np. deszczownie na plantacjach nasiennych. Z drugiej strony można próbować tworzyć formuły nowych odmian mieszańcowych w oparciu o linie wsobne dobrze radzące sobie z większymi i mniejszymi stresami środowiskowymi występującymi w trakcie trwania okresu wegetacyjnego.

Jest to trudne z uwagi na bardzo słabą korelację pomiędzy wysokim i wiernym plonowaniem linii wsobnych kukurydzy a ich potomstwem mieszańcowym. Często to właśnie z słabo plonujących i podatnych na warunki pogodowe linii wsobnych powstają imponujące odmiany mieszańcowe kukurydzy.



**ROMAN WARZECHA****MONIKA ŻUREK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Pracownia Kukurydzy i Pszenżyta  
e-mail: r.warzecha@ihar.edu.pl

## Linie podwojonych haploidów w hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy

W hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy (*Zea mays* L.) powszechnie wykorzystywane są haploidy maticzne. Z uwagi na szereg korzyści wynikających z zastosowania tej metody (skrócenie cyklu hodowlanego, obniżenie kosztów) stanowi ona potężne narzędzie hodowlane. Linie posiadające zdolność indukowania haploidalnych zarodków w kukurydzy są przedmiotem handlu między jednostkami naukowymi a firmami hodowlanymi. Przydatność danej linii indukującej w indukcji haploidów maticznych określa się za pomocą efektywności indukcji (%) rozumianej jako stosunek ziarniaków o fenotypie haploidalnym (antocyjanowe zabarwienie bielma oraz brak zabarwienia na zarodku) do ogólnej liczby ziarniaków pochodzących z zapylenia linii maticznej induktorem. Początek badań nad haploidami kukurydzy należy datować na 1929 r, kiedy ukazało się pierwsze doniesienie o haploidalnej roślinie kukurydzy. W roku 1951 Chase określił spontaniczną indukcję haploidów kukurydzy na poziomie 0,1% i zasugerował wykorzystanie tego zjawiska w hodowli odmian mieszańcowych. Spontaniczna indukcja haploidów na poziomie 1–2% w linii wsobnej Stock6 została zaobserwowana w 1959 r. przez Coe. W 1966 r. Nanda i Chase, po raz pierwszy wykorzystali marker warunkujący pigmentację ziarniaków w badaniach nad haploidami. Efektywności indukcji wzrosła (do poziomu 3–5%) wraz z wytworzeniem pierwszego induktora w 1988 r przez Lashermesa i Becketa. Induktor ten nosił nazwę WS14, i był wynikiem krzyżowania między liniami W26ig oraz Stock6. W 1994r. linia Stock6 została wykorzystana przez Sarkar i Shatskaya do krzyżowania z rosyjskimi liniami, co zaowocowało induktorem o efektywność indukcji na poziomie 6%. Taką samą efektywność indukcji uzyskał w 1999 roku Chalyk, używając jako induktora krzyżówki Stock6 z genotypem z Mołdawii. W 2005r. zespół z Uniwersytetu w Hohenheim, kierowany przez Röbera wytworzył nowego induktora — RWS (krzyżówka pomiędzy induktorem KEMS i WS14), o średnim poziomie indukcji 8%.

W Polsce badania nad indukcją haploidów maticznych w kukurydzy tą metodą prowadzone są jedynie w Pracowni Kukurydzy i Pszenżyta w Instytucie Hodowli i

Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie. Badania te dotyczą zarówno oceny efektywności indukcji haploidów w zróżnicowanych genotypach matecznych, jak również wytworzenia linii indukującej posiadającej wysoką efektywność indukcji. Otrzymane dotychczas linie są obecnie na etapie testowania pod względem efektywności indukcji haploidów matecznych. W badaniach, oprócz otrzymanych linii wsobnych posiadających pożądane cechy markerowe, wykorzystywany jest induktor RWS. Do dalszych prac wybierane są linie charakteryzujące się najwyższą efektywnością indukcji. W celu określenia efektywności indukcji haploidów wykonywane są krzyżowania roślin genotypów matecznych z wybranymi genotypami indukującymi haploidy, a następnie przeprowadzana jest analiza fenotypowa ziarniaków uzyskanych w wyniku krzyżowań. Jako jeden z genotypów matecznych wykorzystano mieszańca PD3 × PD8 (F<sub>1</sub>), typu „liguleless” charakteryzującego się obecnością recesywnej cechy braku języczka na pochwie liści, co umożliwia fenotypową identyfikację haploidów także w fazie siewek. W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono zróżnicowanie efektywności indukcji zarówno wśród linii indukujących jak również w zależności od genotypu matecznego poddawanego indukcji.

#### LITERATURA

- Geiger H. H., Gordillo G. A. 2009. Doubled haploids in hybrid maize breeding. *Maydica* 54: 485 — 499.
- Rotarenko V., Dicu G., Sarmaniuk M. 2009 Induction of maternal haploids in maize. *Maize Genet. Coop. Newsletter*, <http://www.agron.missouri.edu/mnl/83/pdf%20files/13Rotarenko.pdf>.
- Röber F. K., Gordillo G. A., Geiger H.H 2005 *In vivo* haploid induction in maize- performance of new inducers and significance of doubled haploid lines in hybrid breeding. *Maydica* 50: 275 — 283.

**PAWEŁ KOŁOSOWSKI**

PIONEER HI-BRED Northern Europe Sales Division GmbH Oddział w Polsce; ul Wybieg 6; 61-315 Poznań  
e-mail: pawel.kolosowski@pioneer.info.pl

## Porównanie plonowania mieszańców kukurydzy różnych klas wczesności na przykładzie doświadczeń firmy Pioneer

Postępujące zmiany klimatu wpływają na całą gospodarkę, dotyczy to w szczególności rolnictwa. Ocieplenie klimatu utrudnia uprawę wielu tradycyjnych gatunków roślin, sprzyjając jednocześnie wprowadzaniu nowych lepiej przystosowanych do zmieniających się warunków. Dobrym tego przykładem jest kukurydza, która cieszy się w Polsce coraz większą popularnością. W wielu regionach naszego kraju, w szczególności na północy kukurydzę uprawiano głównie z przeznaczeniem na kiszonkę dla bydła. Zainteresowanie rolników tym kierunkiem użytkowania nie słabnie, a jednocześnie wzrasta powierzchnia uprawy kukurydzy z przeznaczeniem na ziarno. W ostatnich 20 latach areał produkcji kukurydzy ziarnowej wzrósł niemal 10-krotnie, a trend ten jest widoczny również w chłodniejszych regionach. Taki rozwój nie byłby możliwy bez postępu hodowlanego. Nowo wprowadzane odmiany muszą cechować się nie tylko wysokim potencjałem plonowania, ale także odpowiadać charakterystycznym dla danego obszaru warunkom glebowo-klimatycznym. W przypadku kukurydzy ziarnowej niebagatelną rolę odgrywa możliwość zbioru ziarna o możliwie niskiej wilgotności, w zalecany terminie agrotechnicznym. Zmieniające się warunki klimatyczne, wiążą się także z pojawianiem się okresowych niedoborów wody, co stanowi kolejne wyzwanie zarówno dla hodowców, jak i rolników. Wraz ze wzrostem średnich rocznych temperatur, wskazanym wydaje się wprowadzanie do uprawy odmian coraz późniejszych. Spośród ich zalet można wymienić wybitnie wysoki potencjał plonowania oraz tolerancję na niekorzystne warunki, w tym suszę. Celem pracy było porównanie plonowania ziarnowych mieszańców kukurydzy różnych klas wczesności w doświadczeniach poletkowych firmy Pioneer w jednym z gospodarstw w północno-zachodniej Polsce oraz analiza możliwości uprawy na tym obszarze mieszańców średnio późnych.

Badania przeprowadzono w gospodarstwie zlokalizowanym w powiecie choszczeńskim w południowej części województwa zachodniopomorskiego, gospodarującym na glebach od średnich do dobrych. Pomiary wykonano w latach 2014–2017. W okresie prowadzenia badań wysiewano na doświadczeniach poletkowych od 9



do 12 odmian kukurydzy firmy Pioneer, wśród których znajdowały się zarówno mieszańce znajdujące się już w obrocie, jak i dopiero pierwszy raz testowane w Polsce. Porównano odmiany w blokach: średnio wczesne o FAO od 210 do 240 oraz średnio późne o FAO od 250 do 270. Zabiegi agrotechniczne były przeprowadzane zgodnie z technologią stosowaną w gospodarstwie. Poszczególne odmiany osobno zbierano, następnie ważono oraz mierzono wilgotność pozyskanego materiału. Mokra plon ziarna przeliczano, doprowadzając wynik do 14,5%. Wyniki plonowania kukurydzy w poszczególnych latach uśredniono.

Badania potwierdziły wyższy potencjał plonowania późniejszych odmian kukurydzy. Wraz ze wzrostem plonowania zaobserwowano niewielki wzrost wilgotności zbieranego materiału. Stwierdzono, że odmiany średnio późne w całym okresie prowadzenia analiz plonowały o  $1,14 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$  (tj. 14%) więcej niż odmiany średnio wczesne. Jednocześnie zawartość wody w ziarnie pozyskanym z późniejszych mieszańców była wyższa o zaledwie 3%. Podsumowując należy potwierdzić zasadność uprawy mieszańców średnio późnych w południowej części województwa zachodniopomorskiego. Dobór takich odmian może być warunkiem osiągnięcia przez gospodarstwo dodatniego bilansu ekonomicznego.

**MAREK LUTY**

Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR  
e-mail: m\_luty@hr-strzelce.pl

## Polska hodowla roślin rolniczych na krajowym rynku nasiennym

Możliwość dalszego wzrostu plonów są ograniczone i w przyszłości prawdopodobnie będą zależały bardziej od czynników biologicznych niż od nowych osiągnięć agrotechniki. Ważnym narzędziem zwiększania plonów będzie stosowanie wysokiej jakości nasion ulepszonych odmian, dobrze dostosowanych do lokalnych warunków. Nasiona muszą być dostępne po konkurencyjnych cenach zapewniających jednak korzyści zarówno dla hodowców i producentów nasion, jak również i dla użytkujących je rolników. Aby tak się stało niezbędne jest prawidłowe funkcjonowanie krajowego rynku nasiennego i krajowej hodowli jako jej znaczącego elementu.

Oceniono stan i potencjał polskiego rynku nasiennego, czyli czynników rynkowych warunkujących możliwości rozwoju hodowli i nasiennictwa.

Przedstawiono jak zmieniała się wielkość i wartość produkcji nasion roślin rolniczych. Oceniono wartość oraz zmiany strukturalne polskiego rynku nasion w latach 2008–2017. Analizowano zmiany udziału polskich hodowli w krajowym rynku hodowlano nasiennym. Przeprowadzono analizę udziałów rynkowych poszczególnych hodowców (polskich i zagranicznych) na rynku zbóż w latach 2000–2018. Analizie poddana została również efektywność hodowlana polskich firm hodowlanych i jej porównanie z konkurencją na polskim rynku. Podjęta została próba odpowiedzi na pytanie dotyczące perspektyw polskiej hodowli i kierunków, w których będzie zmierzać.

Materiał źródłowy stanowiły dane Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych dotyczące rejestracji i plonowania odmian w doświadczeniach Porejestracyjnego Doświadczalnictwa Odmianowego. Wykorzystano także dane Państwowej Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa dotyczące wielkości produkcji i obrotu materiałem siewnym w analizowanym okresie. Badano jak zmieniała się podaż odmian na rynek, źródła pochodzenia odmian i koncentracja produkcji nasiennej.

O konkurencyjności odmian na rynku można mówić z różnej perspektywy. Dla rolnika istotny jest szereg czynników składających się na wartość gospodarczą

odmiany: poziom plonowania, odporność odmian na stresy, wartość żywieniowa i technologiczna decydująca o możliwości sprzedaży lub wykorzystania płodów rolnych. Dla dystrybutora istotna jest również znajomość wśród rolników marki hodowcy, marki odmiany, wsparcie marketingowe generujące zapotrzebowanie na materiał siewny danej odmiany.

**WOJCIECH NOWACKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Oddział w Jadwisinie, Zakład Agronomii Ziemiaka  
e-mail: w.nowacki@ihar.edu.pl

## Postęp biologiczny — podstawą perspektywicznego Programu dla Polskiego Ziemiaka

Analizując różne dane literaturowe oraz opierając się na własnych wynikach badań można stwierdzić, że potencjał plonowania ziemiaka oraz jakość uzyskanego plonu bulw zależy w równych proporcjach od trzech grup czynników:

- Wykorzystania postępu biologicznego, na który składa się zawsze potencjał wartości użytkowej i agrotechnicznej uprawianej odmiany oraz zdrowotność wysadzanego materiału sadzeniakowego,
- Warunków klimatycznych okresu wegetacji (ze szczególnym uwzględnieniem rozkładu opadów) oraz warunków glebowych w miejscu produkcji ziemiaka,
- Stosowanego poziomu agrotechniki obejmującej wszystkie zabiegi wykonywane w okresie wegetacji (uprawa gleby, nawożenie, sadzenie, pielęgnacja, ochrona roślin przed agrofagami, nawadnianie, przygotowanie do zbioru i zbiór) oraz od stosowanych metod i technologii przechowywania zbiorów.

Produkcja ziemiaka w Polsce pomimo dokonanej już redukcji jej skali w ostatnich dwóch dekadach jest jeszcze bardzo zróżnicowana. W 2017 roku uprawą ziemiaka na powierzchni 321,3 tys. ha zajmowało się 358 tys. gospodarstw rolnych. Poziom uzyskiwanych plonów kształtuje się każdego roku w zależności od stosowanej intensywności technologii od poniżej 200 dt/ha do ponad 500 dt/ha. Zbiory ziemiaka skorelowane są silnie z warunkami klimatycznymi w poszczególnych latach i kształtowały się ostatnio w przedziale od 6,5 do ponad 9 mln ton. W większości sezonów (z wyjątkiem lat nieurodzaju) podaż przewyższa krajowy popyt. Profesjonalnych producentów ziemiaków produkujących na cele rynkowe, którzy są zarejestrowani w PIORIN jest tylko około 47 tys. gospodarstw. Ta grupa producentów uprawia ziemiaki na powierzchni ponad 200 tys. ha stwarzając zaplecze surowcowe dla firm konfekcjonujących, do przetwórstwa spożywczego i dla przemysłu skrobiowego. Pozostałe ponad 300 tys. gospodarstw produkuje ziemiaki hobbystycznie głównie na własne cele a nadwyżki zbiorów sprzedaje wprost z gospodarstwa i na targowiskach.

Obok wielu pozytywnych cech charakteryzujących polski sektor ziemniaczany w ostatnim czasie, po roku 2004 pojawiły się także negatywne zjawiska. Do najważniejszych należą:

- podwyższone wykrywanie w zbiorach ziemniaków towarowych w wielu gospodarstwach obecności bakterii *Clavibacter michiganensis* spp. *sepedonicus* o charakterze kwarantannowym — sprawcy bakteriozy pierścieniowej ziemniaka,
- utrudniony, a tym samym znikomy eksport (wywóz) polskich ziemniaków do krajów UE i krajów trzecich z powodu obowiązujących procedur z zakresu bezpieczeństwa fitosanitarnego,
- nadmierny, ponad uzasadnione potrzeby, import do kraju ziemniaków pochodzących z innych stref klimatycznych oraz ziemniaków jadalnych po przechowaniu,
- niski wskaźnik (około 18%) stosowania kwalifikowanego materiału sadzeniakowego a także niska wiedza wśród producentów o wartościach agrotechnicznych i użytkowych odmian oferowanych przez hodowle zagraniczne z katalogu CCA UE,
- trudności w sprzedaży zbiorów niektórych segmentów rynkowych oraz niska cena płacona producentowi. Niski wskaźnik opłacalności produkcji ziemniaka.

W oparciu o zgłaszane przez rolników — producentów ziemniaka sugestie konieczności usprawnienia funkcjonowania sektora ziemniaczanego w wyżej wymienionych obszarach, MRiRW we wrześniu 2018 roku opracowało strategiczny Program dla Polskiego Ziemniaka, który ma obowiązywać od sezonu 2020 roku i realizowany przez kolejne 4 lata. Idea programu sprowadza się do następujących działań:

1. uzyskanie profesjonalnej produkcji ziemniaka wolnej od bakterii *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* poprzez wprowadzenie obowiązku wysadzania ziemniaków wolnych od bakterii Cms, realizację dopłat do powierzchni obsadzonych kwalifikowanymi sadzeniakami ziemniaka, wsparcie dla gospodarstw w których wykryto bakterię, ułatwienie w zagospodarowywaniu porażonych bulw ziemniaka, zapewnienie szkoleń dla rolników z zakresu bezpieczeństwa fitosanitarnego.
2. wyeliminowanie nieprawidłowości na krajowym rynku ziemniaka poprzez wprowadzenie przepisów zobowiązujących producentów i handlowców do podawania kraju pochodzenia w przypadku obrotu ziemniakami oraz właściwego oznaczania ziemniaków młodych, zwiększenie kar za naruszenia przepisów dotyczących produkcji i obrotu ziemniakami, prowadzenie ukierunkowanych kontroli zdrowotności przez PIORIN, znakowania i jakości w obrocie ziemniakami przez IJHAR-S i inne służby.
3. promocja polskiego ziemniaka na rynku krajowym i rynkach zagranicznych poprzez budowanie patriotyzmu lokalnego, promocję walorów odżywczych ziemniaka, lokowanie kontekstowe „Polska smakuje”, promowanie polskich tradycyjnych potraw ziemniaczanych w kraju i za granicą.

Program z wielu powodów jest bardzo słuszny i nie wyklucza możliwości podejmowania dodatkowych działań, wspierających jego cele. Wydaje się, że takim działaniem koniecznym do wprowadzenia w kraju w dłuższym przedziale czasowym jest unowocześnienie bazy przechowalnictwa ziemniaka by móc sprostać oczekiwaniom rynku ziemniaka konfekcjonowanego w zakresie poprawy jakości wyglądu bulw.

Zakłada się, że Program dla Polskiego Ziemniaka obejmie wszystkich producentów tego gatunku w kraju, którzy są zarejestrowani przez służby PIORIN w liczbie około 48 tys. gospodarstw. Przewidziany w programie obowiązek wysadzania jedynie ziemniaków o znanej zdrowotności — kwalifikowanych sadzeniaków ziemniaka lub ziemniaków innych niż sadzeniaki lecz przebadanych przez PIORiN jest realistyczny tylko dla tej nielicznej grupy producentów towarowych. Nerozwiązanym problemem jeśli chodzi o transfer postępu biologicznego, jest bardzo liczna jeszcze grupa mniejszych producentów ziemniaka, stanowiących naturalne zaplecze preferowanego także rolniczego handlu detalicznego realizowanego na targowiskach. Do rozwiązania w planowanym programie pozostaje także problem utrzymania opłacalności produkcji surowca dla potrzeb przemysłu skrobiowego.

Wydaje się, że analizowany program oparty na transferze postępu biologicznego jest bardzo potrzebny polskiej branży, ale musi uwzględnić realia obecnego i przyszłego stanu nasiennictwa, struktury produkcji towarowej i szans w eksporcie polskiego ziemniaka.



## SESJA 3

### REFERATY

#### MŁODZI NAUKOWCY DLA HODOWLI ROŚLIN

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: DR ANNA FRAŚ*





**ANETA BASIŃSKA-BARCZAK**

**LIDIA BŁASZCZYK**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

e-mail: obos@igr.poznan.pl

## Produkcja związków auksyno-podobnych przez grzyby *Trichoderma* i ich wpływ na wzrost pszenicy\*

Grzyby z rodzaju *Trichoderma* są to wolnożyjące organizmy, których najczęstszym siedliskiem jest próchniejące drewno, gleba oraz ryzosfera. Gatunki z tego rodzaju mogą prowadzić saprofityczny, jak i nadpasożytniczy tryb życia. Poprzez konkurencję, nadpasożytnictwo i antybiozę mogą wpływać na patogeny roślinne. Grzyby *Trichoderma* mogą wywoływać indukowaną odporność systemiczną, a także promować wzrost i rozwój roślin. Ponadto niektóre szczepy są wykorzystywane jako czynniki kontroli biologicznej.

Naszym celem było zbadanie zdolności wybranych 31 szczepów *Trichoderma* do produkcji związków auksyno-podobnych, oraz zbadanie ich wpływu na wzrost i rozwój roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.). Wybrane gatunki/szczepy *Trichoderma*, pochodzą z różnych środowisk z Polski i wchodzi w skład kolekcji IGR PAN (kuratorzy: dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. dr hab. Jerzy Chełkowski). Są dobrze scharakteryzowane pod względem gatunkowym jak i produkcji metabolitów, m.in. enzymów czy związków lotnych. Selekcję przeprowadzono pod względem produkcji lotnego związku 6-n-pentyl-2H-pyran-2-onu (6-PAP, 6PP) oraz brano pod uwagę zdolności antagonistyczne tych grzybów wobec patogenów roślinnych należących do rodzaju *Fuarium*. Wybrano 6 gatunków: *T. atroviride* (6 szczepów), *T. hamatum* (6 szczepów), *T. viridescens* (4 szczepy), *T. longibrachiatum* (2 szczepy), *T. citrinoviride* (2 szczepy), *T. koningiopsis* (2 szczepy), *T. harzianum* (2 szczepy), *T. koningii* (2 szczepy), *T. viride* (2 szczepy), *T. longipile* (1 szczep), *T. virens* (1 szczep), *T. cremeum* (1 szczep), a także dwa szczepy należące do rodzaju *Clonostachys*. Badania pokazały, że 17 spośród badanych gatunków charakteryzuje się zdolnością do produkcji związków auksyno-

---

\* Prace te były sfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektu badawczego Preludium 10, Nr 2015/19/N/NZ9/01625.

podobnych. Wykazano także, że grzyby te jak i ich produkty mają wpływ na kiełkowanie nasion pszenicy. Nasze badania pokazały odmienne reakcje pszenicy wobec różnych szczepów *Trichoderma* i ich metabolitów, gdzie mogą zarówno przyspieszać i jak i hamować kiełkowanie nasion, a także mają wpływ na długość ich korzeni.

**GRZEGORZ CZAJOWSKI**

**PAWEŁ CZ. CZEMBOR**

**PIOTR SŁOWACKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

e-mail: g.czajowski@ihar.edu.pl

## Wirulencja i zmienność genetyczna *Puccinia triticina* na pszenżycie\*

Rdza brunatna pszenicy powodowana przez *Puccinia triticina* Erikss. jest jedną z najważniejszych chorób grzybowych pszenicy i pszenżyta. Występuje corocznie z różnym nasileniem uzależnionym od warunków pogodowych. Przez wiele lat pszenżyto było jednym z odporniejszych zbóż na choroby grzybowe, w tym również na rdzę brunatną. Jednak wraz ze wzrostem areału uprawy, zaczęły pojawiać się nowe, wirulentne rasy patogenu.

Celem przeprowadzonych badań była ocena zmienności genetycznej *P. triticina* występującej na pszenżycie w Polsce. Badaniami objęto grupę 242 jednozarodnikowych izolatów patogenu zebranych w latach 2012–2015, w czterech miejscowościach: Grodkowice, Kraków, Krzeczowice i Małyszyn z wrażliwej odmiany pszenżyta Marko. Analizę wirulencji dla poszczególnych izolatów wykonano w oparciu o zestaw 33 blisko-izogenicznych linii pszenicy z pojedynczymi genami *Lr* odporności na rdzę brunatną. Analizę molekularną przeprowadzono w oparciu o zestaw 34 markerów SSR. Do pogrupowania izolatów na subpopulacje zastosowano oprogramowanie STRUCTURE. Genotypy SSR zostały dodatkowo zgrupowane przy użyciu dwuwymiarowego wykresu współrzędnych głównych (PCoA) wykonanego w programie GenAlEx wersja 6.5, który zastosowano również do obliczenia średnich parametrów pojedynczego locus dla każdej grupy SSR: liczba alleli ( $N_a$ ), liczba efektywnych alleli ( $N_e$ ) i indeks Shannona ( $I$ ), obserwowana heterozygotyczność ( $H_o$ ), nieobciążona oczekiwana heterozygotyczność ( $uHe$ ), wskaźnik wsobności ( $F$ ), a także współczynników zróżnicowania genetycznego:  $R_{ST}$ ,  $F_{ST}$ ,  $\phi_{PT}$  i testu Mantela bazującego na korelacji pomiędzy profilem SSR, a wirulencją.

---

\* Badania przeprowadzono w ramach zadania 3.2: „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji biotroficznych patogenów zbóż podstawowych”, w Programie Wieloletnim IHAR — PIB, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

W oparciu o wyniki analizy molekularnej populację patogenu podzielono na dwie grupy. W obydwu grupach wystąpiły izolaty pochodzące z analizowanych lokalizacji. Indeks Shannona ( $I$ ) wykazał średnie zróżnicowanie na poziomie 0,35. Obserwowana heterozygotyczność ( $H_o=0,51$ ) uzyskała wyższą wartość od nieobciążonej oczekiwanej heterozygotyczności ( $uHe=0,35$ ). Ujemna wartość indeksu wsobności ( $F=-0,46$ ), a także test Mantela ( $r=0,48$ ,  $P=0,001$ ) wskazują na występowanie reprodukcji klonalnej w polskiej populacji *P. triticina* pochodzącej z pszenżyta.

Zmienność genotypów między grupami SSR analizowano za pomocą  $R_{ST}$  i  $F_{ST}$ . Wartości współczynników wskazywały na niewielką zmienność na poziomie 0,12 i 0,125. Zróżnicowanie fenotypowe między grupami SSR, bazujące na wirulencji analizowano za pomocą  $\phi_{PT}$ . Wskazuje on na średnie zróżnicowanie na poziomie 0,32.

Obserwowano zróżnicowanie w częstotliwości wirulencji wobec genów *Lr* odporności na rdzę brunatną. Izolaty przypisane do grupy I SSR wykazały zdecydowanie mniejszą częstotliwość wirulencji wobec genów: *Lr1*, *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr15*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr26*, *Lr32*, *Lr63* i *LrB (PI)*, niż izolaty zaklasyfikowane do grupy II SSR. Podczas gdy, izolaty z grupy II SSR wykazywały mniejszą częstotliwość wirulencji jedynie w przypadku genów *Lr2b* i *Lr2c*.

Zróżnicowanie genetyczne i fenotypowe pomiędzy izolatami *P. triticina* pogrupowanymi w oparciu o ich geograficzne pochodzenie, analizowano za pomocą  $R_{ST}$ ,  $F_{ST}$  i  $\phi_{PT}$ . Znaczące zróżnicowanie genetyczne zaobserwowano jedynie pomiędzy izolatami pochodzącymi z Krzeczowic-Małyszyna i Grodkowic-Małyszyna. W przypadku zróżnicowania fenotypowego analizowanego w oparciu o  $\phi_{PT}$  zaobserwowano istotne statystycznie zróżnicowanie dla wszystkich par lokalizacji.

Podsumowując, populację *P. triticina* zebraną z podatnej odmiany pszenżyta Marko można podzielić na dwie grupy SSR. Pomędzy tymi grupami występowało niewielkie genetyczne i średnie fenotypowe zróżnicowanie, ale nie na poziomie geograficznym. W oparciu o uzyskane wartości  $R_{ST}$  i  $F_{ST}$  można wnioskować, że na poziom zmienności genetycznej w populacji wpływ mają zarówno mutacje, jak i dryf genetyczny. Bazując zarówno na obecnych, jak i na wcześniejszych wynikach frekwencji wirulencji można wyciągnąć wnioski na temat pochodzenia poszczególnych izolatów *P. triticina*. Prawdopodobnie izolaty zaklasyfikowane do grupy I SSR mogą należeć do populacji pochodzącej z pszenżyta, natomiast izolaty z grupy II SSR do populacji wywodzącej się z pszenicy.

**KAROLINA KAŻMIŃSKA**<sup>1</sup>  
**EWELINA HALLMANN**<sup>2</sup>  
**ANNA RUSACZONEK**<sup>1</sup>  
**ALEKSANDRA KORZENIEWSKA**<sup>1</sup>  
**MIROŚLAW SOBCZAK**<sup>3</sup>  
**KATARZYNA NIEMIROWICZ-SZCZYTT**<sup>1</sup>  
**GRZEGORZ BARTOSZEWSKI**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogrodnictwa Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>2</sup> Zakład Żywności Ekologicznej, Katedra Żywności Funkcjonalnej, Ekologicznej i Towaroznawstwa, Wydział Nauk o Żywnieniu Człowieka i Konsumpcji, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>3</sup> Katedra Botaniki, Wydział Rolnictwa i Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie  
e-mail: karolina\_kazminska@sggw.pl

## Identyfikacja QTL związanych z wysoką zawartością karotenoidów w owocach dyni olbrzymiej (*Cucurbita maxima* Duchesne)

Dynia olbrzymia (*Cucurbita maxima* Duchesne) jest cennym warzywem ze względu na wysoką zawartość związków karotenoidowych i cukrów w miąższu owoców. Dzięki możliwościom różnorodnego wykorzystania i wysokiej wartości odżywczej, owoce dyni są cennym surowcem m. in. w przemyśle przetwórczym. Pomimo rosnącego zainteresowania dynią olbrzymią, badania w zakresie genetyki i genomiki u tego gatunku są ograniczone. Celem pracy było skonstruowanie genetycznej mapy sprzężeń dyni olbrzymiej i identyfikacja *loci* koloru zawiązka oraz *loci* cech ilościowych (QTL) związanych z wysoką zawartością karotenoidów oraz barwą miąższu owoców. Do konstrukcji mapy wykorzystano markery DArTseq i SSR oraz populację mapującą RIL F<sub>6</sub> liczącą 92 linie uzyskaną poprzez skrzyżowanie dwóch skrajnych pod względem zawartości karotenoidów linii wsobnych. Wykonano dwa doświadczenia (pole doświadczalne KGHIBR SGGW Wolica), w których pozyskiwano owoce na potrzeby oznaczania koloru zawiązka, zawartości karotenoidów i barwy miąższu. Kolor zawiązków określano w trakcie kwitnienia roślin. Zawartość karotenoidów w owocach oznaczano metodą HPLC. Wykonano analizy mikroskopowe tkanki owoców z wykorzystaniem mikroskopu świetlnego i elektronowego. Analizy statystyczne i bioinformatyczne wykonano za pomocą programów Statistica 12, JoinMap 4, MapQTL

5.0 oraz narzędzi dostępnych na stronie Cucurbit Genomics ([www.cucurbitgenomics.org](http://www.cucurbitgenomics.org)).

Skonstruowana mapa genetyczna zawierała 1826 markerów (36 SSR, 1094 DArTSNP i 696 silicoDArT) rozmieszczonych w obrębie 20 grup sprzężeń. Średni dystans pomiędzy markerami wynosił 1,21 cM. Na mapie zidentyfikowano QTL związane z zawartością  $\alpha$ -karotenu,  $\beta$ -karotenu, luteiny, zeaksantyny, wiolaksantyny i anteraksantyny oraz barwą miąższu (chroma). Większość QTL została zidentyfikowana w trzech rejonach genomu na chromosomach 2, 4 i 14. Wykorzystując wyniki analizy funkcjonalnej genomu *Cucurbita maxima* w obrębie QTL na chromosomie 4 zlokalizowano gen *PSY* kodujący syntazę fitoenu, kluczowy enzym w szlaku biosyntezy karotenoidów. W obrębie pozostałych dwóch QTL (na chromosomie 2 oraz 14) zlokalizowano liczne czynniki transkrypcyjne biorące m. in. udział w biogenezie plastydów. Analizy mikroskopowe potwierdziły różnice w budowie i wielkości w owocach form rodzicielskich populacji RIL.

Badania zostały częściowo sfinansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach programu "Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju - Prowadzenie i ocena kolekcji zasobów genowych roślin dyniowatych". Podczas realizacji badań korzystano także z działań sieciowych w ramach projektu EUROCAROTEN COST Action CA15136.

**MICHAŁ LUDYNIA**  
**AGNIESZKA SIEMIENIUK**  
**MAŁGORZATA RUDNICKA**  
**WALDEMAR KARCZ**

Uniwersytet Śląski w Katowicach  
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra Fizjologii Roślin  
e-mail: [michal.ludynia@us.edu.pl](mailto:michal.ludynia@us.edu.pl)

## Reakcje *Solanum lycopersicum* L. na niesteroidowe leki przeciwzapalne na przykładzie diklofenaku

Niesterydowe leki przeciwzapalne (NLPZ) to chemicznie zróżnicowana grupa leków mająca właściwości przeciwzapalne, przeciwgorączkowe oraz przeciwbólowe. O ile znany jest ich wpływ na organizm człowieka i zwierzęta, o tyle ich działanie na rośliny nie zostało jak dotąd wyjaśnione. Tymczasem ich łatwa dostępność i brak skutecznych metod usuwania ich z zanieczyszczeń sprawia, że ich obecność w środowisku naturalnym wzrasta, potencjalnie oddziałując na rośliny.

Do grupy niesteroidowych leków przeciwzapalnych należy między innymi diklofenak, który, jak większość leków z tej grupy jest kwasem karboksylowym, o dwóch pierścieniach aromatycznych. Jest on najbardziej toksycznym lekiem wśród leków z grupy NLPZ, dodatkowo ma zdolność akumulacji w tkankach organizmów żywych.

W badaniach wykorzystano metodę uprawy hydroponicznej *Solanum lycopersicum* L. i traktowanie lekiem poprzez podawanie leku do pożywki. Okres traktowania wynosił od 7 do 14 dni. W celu określenia wpływu diklofenaku na rośliny *Solanum lycopersicum* L. zmierzono następujące parametry: wzrost (długości organów roślinnych ich świeżą i suchą masę, liczbę wytworzonych liści), reakcję stresową (poziom  $H_2O_2$  i dialdehydu malonowego) oraz aktywność fotosyntetyczną (zawartość barwników fotosyntetycznych, fluorescencja chlorofilu).

Diklofenak wpływa na wszystkie mierzone parametry, hamując wzrost, zmniejszając aktywność fotosyntetyczną. Istotnym zmianom podlega również wartość parametrów określających reakcję stresową.





**MONIKA MARKIEWICZ**<sup>1</sup>**LECH MICHALCZUK**<sup>1</sup>**AGNIESZKA CZAJKA**<sup>2</sup><sup>1</sup> Zakład Biologii Stosowanej, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice<sup>2</sup> Zakład Fitopatologii, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice

e-mail: monika.markiewicz@inhort.pl

## Analiza ekspresji wybranych genów związanych z reakcjami odpornościowymi roślin z rodzaju *Brassica* infekowanych różnymi patotypami *Plasmodiophora brassicae*\*

Kiła kapusty wywoływana przez śluzorośle *Plasmodiophora brassicae* Wor., powoduje ogromne straty w uprawach roślin kapustowatych. Patogen wyniszcza system korzeniowy roślin żywicielskich, porażone rośliny w krótkim czasie więdną i zamierają. Szacuje się, że blisko 30% plantacji warzyw kapustnych i rzepaku w Polsce jest porażonych przez tę chorobę. Kiłę kapusty można zwalczać chemicznie oraz przez stosowanie metod agrotechnicznych, jednak nie eliminują one choroby, a jedynie pozwalają obniżyć jej szkodliwość. Prace hodowlane w obrębie rodzaju *Brassica* utrudniają skomplikowane relacje genetyczne pomiędzy poszczególnymi gatunkami roślin kapustowatych, a także duże zróżnicowanie genetyczne patogena, który szybko może przełamywać odporność genetyczną roślin w warunkach intensywnej uprawy.

Celem badań jest analiza ekspresji wybranych genów zaangażowanych w reakcje odpornościowe badanych genotypów podczas infekcji różnymi patotypami patogena.

Materiał do badań stanowiło siedem genotypów z rodzaju *Brassica* powszechnie uważanych za genotypy odporne na kiłę kapusty: rzepa ECD03, brukiew 'Wilhelmsburger', kapusta głowiasta 'Binsachsner' i 'Kilaton F<sub>1</sub>', jarmuż 'Verheul', kapusta pekińska 'Bilko F<sub>1</sub>' i rzepak 'Mendel F<sub>1</sub>' oraz jeden genotyp podatny na porażenie przez patogena — kapusta chińska 'Granaat'. Badania prowadzono na próbach RNA izolowanych z korzeni roślin inokulowanych trzema patotypami patogena (Pb2, Pb9 oraz Pb3) pobranych po 10, 20 i 35 dniach wzrostu roślin w zainfekowanym podłożu. Obecność patogena w pobranym do analiz materiale roślinnym potwierdzono

\* Badania finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach zadania nr 99 Badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej.

wykonywując ocenę makroskopową korzeni oraz określając ilość DNA patogena przy pomocy testów qPCR. Analizie ekspresji poddano cztery geny zaangażowane w reakcje odpornościowe: gen kodujący dysmutazę ponadtlenkową SOD odpowiedzialną za rozkład reaktywnych form tlenu we wczesnej fazie infekcji, gen kodujący białko G odpowiedzialne za rozpoznanie patogena, gen kodujący białko NPR1 odpowiedzialne za indukcję genów odporności typu PR oraz gen oksydazy NADPH uczestniczący w produkcji reaktywnych form tlenu (ROS).

Poziom ekspresji badanych genów w roślinach zainfekowanych *P. brassicae* był zróżnicowany w zależności od genotypu rośliny oraz patotypu patogena. Najwyższy poziom względnej ekspresji badanych genów związanych z reakcjami odpornościowymi obserwowano u 3 genotypów: brukwi 'Wilhelmsburger', jarmużu 'Verheul' oraz kapusty głowiastej 'Kilaton F<sub>1</sub>'. Najniższy poziom względnej ekspresji tych genów obserwowano u rzepy ECD03, kapusty głowiastej 'Binsachsner', kapusty pekińskiej 'Bilko F<sub>1</sub>' oraz rzepaku 'Mendel F<sub>1</sub>'. Porównując wartości względnej ekspresji badanych genów w zależności od patotypu *P. brassicae*, wywnioskować można, że infekcja patotypem Pb9 wywołuje najsilniejszą reakcję roślin na stres wywołany porażeniem przez patogena.

Względna ekspresja genu kodującego SOD u większości genotypów wzrastała w czasie infekcji. W przypadku rzepy ECD03, kapusty pakińskiej 'Bilko F<sub>1</sub>' oraz rzepaku 'Mendel F<sub>1</sub>' wzrost względnej ekspresji tego genu następował dopiero w 20. dniu od wysiania nasion, po czym spadał w 35. dniu. Podobną zależność obserwowano w przypadku ekspresji genu kodującego białko G u trzech genotypów ('Binsachsner', 'Kilaton F<sub>1</sub>', 'Mendel F<sub>1</sub>'). Także u trzech genotypów obserwowano spadek względnej ekspresji genu kodującego to białko w czasie infekcji: najwyższy poziom ekspresji widoczny był w 10. dniu od wysiania nasion, najniższy w 35. dniu, co może świadczyć o wyciszeniu reakcji odpornościowej w komórkach roślin. Tylko u jarmużu 'Verheul' infekowanego patotypem Pb9, widać wyraźny wzrost ekspresji genu kodującego białko NPR1 w czasie trwania doświadczenia. Także u jednego z genotypów – kapusty głowiastej 'Kilaton F<sub>1</sub>' obserwowano spadek ekspresji tego genu. W przypadku względnej ekspresji genu kodującego oksydazę NADPH (białko RbohG), u żadnego z badanych genotypów nie zaobserwowano wzrostu ekspresji tego genu. U większości badanych genotypów infekowanych patogenem obserwowano spadek ekspresji tego genu w czasie trwania doświadczenia. U dwóch genotypów: brukwi 'Wilhelmsburger' oraz jarmużu 'Verheul' najwyższy względny poziom ekspresji genu obserwowano w 10. oraz 35. dniu od wysiania nasion, co może być spowodowane infekcją wtórną. Co ciekawe, tylko u jednego badanego genotypu — brukwi 'Wilhelmsburger' infekowanego patotypem Pb9 — obserwowano wyższy względny poziom ekspresji wszystkich badanych genów w 10. oraz 35. dniu od wysiania nasion. Może to wskazywać na reakcję rośliny na infekcję wtórną.

Analiza ekspresji i funkcji genów kodujących białka zaangażowane w reakcje obronne pozwoli na zrozumienie mechanizmów leżących u podstawy odporności na kilę i na wytypowanie nowych źródeł odporności, co z kolei umożliwi opracowanie bardziej efektywnej strategii hodowlanej w obrębie rodzaju *Brassica*.

**KRZYSZTOF MICHALSKI**

**ANNA M. LINKIEWICZ**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin, Laboratorium Kontroli GMO

e-mail: krzysztof.michalski@ihar.edu.pl

## Projektowanie, konstrukcja i ocena nukleaz CRISPR/Cas9 w celu edycji genów związanych z porastaniem przedzmiwnym pszenżyta

Pszenżyto jest przykładem obiecującej rośliny paszowej i energetycznej. Mimo wielu pozytywnych cech, takich jak odporność na choroby i duży potencjał plonowania, zbiór pszenżyta bywa utrudniony z powodu jego wysokiej podatności na porastanie przedzmiwne (PHS). Jednym z możliwych sposobów na uzyskanie linii pszenżyta o podwyższonej odporności na porastanie jest wprowadzenie zmian mutacyjnych w genach będących negatywnymi regulatorami spoczynku. Do tego celu wykorzystano technikę edytowania genomów CRISPR/Cas9 warunkującą miejscowo-specyficzną mutagenезę. Opisany jest proces projektowania i oceny nukleaz skierowanych wobec genów zaangażowanych w regulację czasu spoczynku ziarniaków pszenżyta. Wyróżnia się dwie, potencjalnie niezależne ścieżki regulujące czas spoczynku. Jedna z nich zależna jest od poziomu kwasu abscysynowego, druga natomiast integrowana jest przez produkt genu DOG1 (DELAY OF GERMINATION1). Zaprojektowano nukleazy skierowane przeciw negatywnym regulatorom spoczynku występującym w obu tych ścieżkach. CYP707A2 koduje oksydazę kwasu abscysynowego, obniżając poziom tego hormonu w ziarniakach. PP2A-A koduje natomiast podjednostkę fosfatazy białkowej, regulującą aktywność DOG1 w nasionach. Za specyficznosc wiązania nukleazy Cas9 do danego *locus* odpowiada wchodząca z nią w kompleks cząsteczka sgRNA (single guide RNA), którą można zaprojektować dla każdego *locus* o znanej sekwencji genomowej. Przed wprowadzeniem zaprojektowanej nukleazy do rośliny docelowej, konieczna jest odpowiednia ewaluacja specyficznosci i aktywnosci danego konstruktów poprzez analizy *in silico* oraz *in vitro*. Dla każdego z genów zaprojektowano trzy niezależne sekwencje sgRNA, których aktywność i specyficznosc oceniano w systemie przejściowej transfekcji protoplastów pszenżyta.



**KATARZYNA MIKOŁAJCZAK**

**SYLWIA SALAMON**

**ANETA BASIŃSKA-BARCZAK**

**LIDIA BŁASZCZYK**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

e-mail: lgol@igr.poznan.pl

## Grzyby endofityczne zasiedlające pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.) \*

Grzyby endofityczne to mikroorganizmy bytujące wewnątrz tkanek roślinnych, nie wywołujące przy tym żadnych symptomów chorobowych w roślinach gospodarza. Istnienie grzybów endofitycznych wykryto również w tkankach roślin pszenicy. Zaobserwowano, że grzyby endofityczne mogą zmniejszać podatność roślin pszenicy na atak szkodników i porażenie przez patogeny, wzmacniać odporność na suszę i wysoką temperaturę, czy indukować wzrost i rozwój roślin. Brak jest jednak dostatecznej wiedzy na temat różnorodności, cykli życiowych i typów oddziaływań, a tym samym ekologicznej roli grzybów endofitycznych bytujących w roślinach pszenicy. Aby uzyskać pełny wgląd w interakcje pszenica-grzyby endofityczne, należy wstępnie poznać złożoność i różnorodność społeczności grzybów związanych z endosferą pszenicy.

Dlatego też celem prezentowanej pracy była izolacja i charakterystyka molekularna grzybów zasiedlających ryzosferę oraz wewnętrzne tkanki roślin i określenie różnic taksonomicznych w społecznościach tych grzybów pomiędzy odmianą ozimą Legenda a odmianą jarą Bombona.

Grzyby zasiedlające tkanki wewnętrzne roślin izolowane były z odpowiednio przygotowanych fragmentów korzeni, łodyg, liści i ziarniaków. Wyizolowane grzyby identyfikowano na podstawie obserwacji morfologicznych i analiz molekularnych. Analizę porównawczą i filogenetyczną badanych izolatów oparto na sekwencji regionu ITS1-5.8-ITS2 rDNA oraz fragmentów genu *tefl* (kodującej elongacyjny czynnik transkrypcyjny) i *β-tub* (kodującej β-tubulinę).

Na podstawie przeprowadzonych badań wyizolowano 17 szczepów grzybów endofitycznych i 7 szczepów zasiedlających ryzosferę odmiany Bombona, a także 24

---

\* Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt OPUS 14, nr 2017/27/B/NZ9/01591, pt. Dynamika mykobiomu endosfery pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i jej wpływ na wzrost i kondycję rośliny.

szczepy grzybów endofitycznych i 9 szczepów zasiedlających ryzosferę odmiany Legenda. Przeprowadzone badania wykazały dużą różnorodność gatunkową grzybów wyizolowanych z endosfery roślin, zwłaszcza u odmiany ozimej. Zaobserwowano również znaczące różnice w strukturze społeczności tych grzybów pomiędzy różnymi organami roślin, jak i pomiędzy genotypami pszenicy. Wyizolowane szczepy grzybów endofitycznych zaklasyfikowano łącznie do 7 rodzajów: *Alternaria sp.*, *Trichoderma sp.*, *Fusarium sp.*, *Penicilium sp.*, *Setosphaeria sp.*, *Microdochium sp.*, *Cladosporium sp.*

MATEUSZ PRZYBOROWSKI <sup>1</sup>

SEBASTIAN GASPARIS <sup>1</sup>

MACIEJ KAŁA <sup>1</sup>

WACŁAW ORCZYK <sup>2</sup>

ANNA NADOLSKA-ORCZYK <sup>1</sup>

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>1</sup>Zakład Genomiki Funkcjonalnej

<sup>2</sup>Zakład Inżynierii Genetycznej

e-mail: m.przyborowski@ihar.edu.pl

## Wpływ ekspresji genów *Pin* na twardość ziarna w wybranych odmianach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)\*

Twardość ziarna pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) jest czynnikiem wpływającym na właściwości technologiczne ziarna i mąki, między innymi na: wartość przemiałową, wypiekową, wielkość cząstek mąki i zdolność do absorpcji wody. Twardość ziarna jest głównie determinowana przez zmienność w obrębie dwóch genów puroindolinowych, odpowiednio *Pina* oraz *Pinb*. Allele typu dzikiego, *Pina-D1a* i *Pinb-D1a* warunkują powstawanie miękkiego ziarna. Mutacja w jednym lub obydwu genach *Pin* powoduje zwiększenie twardości ziarna.

Celem pracy była analiza ekspresji genów *Pina* oraz *Pinb* w trzech punktach czasowych dojrzewających ziarniaków (odpowiednio w 14, 20 oraz 26 dniu po zapyleniu), w czternastu odmianach pszenicy zwyczajnej ozimej oraz korelacja poziomu ekspresji genów *pin* z twardością dojrzałych ziarniaków mierzona metodą SKCS. Wszystkie wybrane odmiany mają allel *Pina* typu dzikiego, natomiast różnią się pod względem allelu *Pinb*, odpowiednio: allel *Pinb-D1a* — Azzerti, Jane, Quebon, Slade, Viscount; *Pinb-D1b* — Anthus, Fidelius, Finezja, **LG Jutta**; *Pinb-D1c* — Ostroga, Piko; *Pinb-D1d* — Artis, Kws Ozon, Trend.

Analizy ekspresji genów *Pin* zostały wykonane w trzech powtórzeniach biologicznych oraz trzech technicznych. Badania wykazały bardzo dużą zmienność poziomu transkryptów obu genów *Pin* w czasie dojrzewania ziarniaków oraz pomiędzy poszczególnymi odmianami. W przypadku genu *Pina* w dziewięciu odmianach

---

\* Badania finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwój Wsi, grant PW zad. 2.1



maksymalny poziom transkryptu był obserwowany 20 dnia po zapyleniu. W przypadku trzech odmian (Jane, Piko, Artis) poziom transkryptu 20 dnia po zapyleniu miał najniższą wartość w tym punkcie czasowym. Dwie odmiany (Fidelius oraz Ostroga) miały, najniższy poziom transkryptu 14 dnia, a najwyższy 26 dnia po zapyleniu. W przypadku genu *Pinb* zostały zabsorbowane cztery grupy wzorów ekspresji. Pierwszy z nich, najbardziej liczny stanowiła grupa pięciu odmian (Anthus, Azzerti, KWS Ozon, Quebon, Slade), w których odnotowano najwyższy poziom transkryptu 20 dnia po zapyleniu. Drugą grupę stanowiły cztery odmiany (Viscount, Jane, Ostroga, Piko), w których odnotowano najniższy poziom transkryptu w tym samym punkcie czasowym. W przypadku grupy trzeciej (Fidelius, Finezja, **LG Jutta**) najniższy poziom odnotowany został 14 dnia, a najwyższy 26 dnia po zapyleniu. W grupie czwartej (Artis, Trend) najniższy poziom transkryptu został odnotowany 26 dnia po zapyleniu, a najwyższy 14 dnia po zapyleniu. Pomimo braku korelacji istotnej statystycznie, widoczna jest zależność pomiędzy ilością transkryptu oraz twardością dojrzałych ziarniaków mierzoną metodą SKCS. Ponadto wykazano, że profil ekspresji genów *Pin* jest cechą charakterystyczną dla badanych odmian.

**MONIKA ŻUREK**  
**ROMAN WARZECHA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
e-mail: m.zurek@ihar.edu.pl

## Badania nad męską sterylnością i przywracaniem płodności pyłku u kukurydzy

Zjawisko męskiej sterylności u roślin wyższych (zwykle traktowane jako zaburzenie w rozwoju) jest obok protoandrii (wcześniejsze dojrzewanie pręcików), protogynii (wcześniejsze dojrzewanie słupków), heterostylii (różnosłupkowość) i samoniezgodności, jednym z ewolucyjnych mechanizmów wymuszających zapylenie obcym pyłkiem. Promowanie obcocyplności sprzyja wzrostowi wigoru, heterozygotyczności oraz zróżnicowaniu genetycznemu potomstwa (Kaul, 1988). Cytoplazmatyczna męska sterylność (cms) jest zjawiskiem szeroko występującym oraz powszechnie wykorzystywanym w ponad 150 gatunkach roślin uprawnych. Rośliny posiadające ten typ sterylności są niezdolne do produkcji pyłku, bądź produkują niepłodny pyłek (Edwardson, 1962; Levings, 1993). Z punktu widzenia hodowli jest to bardzo pożądane zjawisko pozwalające na uniknięcie samozapylenia w liniach matecznych. W kukurydzy wyróżniamy trzy główne typy cytoplazm męskosterylnych: cms-T (Texas), cms-S (USDA) oraz cms-C (Charrua). W przypadku kukurydzy męska sterylność warunkowana jest mutacjami mitochondrialnego DNA, które zaburzają produkcję pyłku. W cytoplazmie T oraz C występuje męska sterylność typu sporofitycznego w wyniku załamania się komórek tapetum, uniemożliwiona bądź zaburzona, jest produkcja pyłku (Warmke i Lee, 1977). Cytoplazma S charakteryzuje się gametofitycznym typem sterylności-produkowany pyłek jest nieżywotny (Hanson i Bentolia, 2004). Hodowla odmian mieszańcowych w oparciu o linie cms wymaga wytworzenia (stabilnych w różnych warunkach środowiska) sterylnych linii matecznych oraz analogicznych linii ojcowskich posiadających geny przywracania płodności pyłku (restoracji), a także linii dopełniających męską sterylność, pozwalających na rozmnożenie sterylnej linii matecznej. Jest to możliwe jedynie w przypadku poznania reakcji konkretnych linii na poszczególne typy cytoplazm męskosterylnych. Przywracanie płodności pyłku w roślinach posiadających sterylną cytoplazmę (restoracja) jest możliwe przy udziale genów jądrowych (genów Rf= restorer of fertility). Restoracja jest procesem złożonym, często uwarunkowanym obecnością kilku współdziałających genów Rf, a także w dużej mierze zależnym od warunków środowiska. Złożoność tego procesu związana jest z rzadkim

występowaniem genów Rf w puli genowej, a także z współdziałaniem wielu komplementarnych genów, które w przypadku braku głównego genu Rf, częściowo przywracają płodność (Kohls i in., 2011). Częstym zjawiskiem jest występowanie częściowego przywracania płodności, a także w przypadku cytoplazmy C zjawisko „późnego przełamania sterylności” (late brake of sterility — roślina zaczyna produkować pyłek po przekwitnięciu znamion) (Kheyr-Pour, 1981). Doniesienia literaturowe sugerują iż, zarówno cecha męskiej sterylności, jak również przywracanie płodności pyłku, są uzależnione od czynników środowiskowych (Duvick, 1965; Weider i in., 2009). Obecnie badania nad męską sterylnością w kukurydzy koncentrują się głównie na poznaniu czynników wpływających na stabilność tej cechy.

#### LITERATURA

- Duvick D. N. 1965. Cytoplasmic pollen sterility in corn. *Adv. Genet.* 13: 1 — 56.
- Edwardson J. R. 1962. Cytoplasmic male sterility. *The Botanical Review* 341 — 420.
- Hanson M. R., Bentolia S. 2004. Interactions of mitochondrial and nuclear genes that affect male gametophyte development. *Plant Cell* 16: 154 — 160.
- Kaul M. L. H. 1988. Male sterility in higher plants. *Monographs on Theoretical and Applied Genetics* 10; Springer-Verlag.
- Kheyr-Pour A., Gracen V. E., Everett H. L. 1981. Genetics of fertility restoration in the c-group of cytoplasmic male sterility in maize. *Genetics* 98: 379 — 388.
- Kohls S., Stamp P., Knaak C., Messmer R. 2011. QTL involved in the partial restoration of male fertility of C-type cytoplasmic male sterility in maize. *Theor Appl Genet* 123: 327 — 338.
- Levings C. S. III. 1993. Thoughts on cytoplasmic male sterility in cms-T maize. *The Plant Cell* 5: 1285 — 1290.
- Warmke H. E., Lee S-L J. 1977 Mitochondrial degeneration in Texas cytoplasmic male-sterile corn anthers. *The Journal of Heredity* 68: 213 — 222.
- Weider C., Stamp P., Christov N., Husken A., Foucillassar X., Camp K.-H., Munsch M. 2009. Stability of cytoplasmic male sterility in maize under different environmental conditions *Crop Sci.* 49: 77 — 84.

## SESJA 4

### REFERATY

#### HODOWLA JAKOŚCIOWA I ODPORNOŚCIOWA ROŚLIN Z UWZGLĘDNIENIEM ZMIAN KLIMATU

*PRZEWODNICZĄCY SESJI: PROF. DR HAB. EDWARD ARSENIUK*



**PAWEŁ CZ. CZEMBOR**  
**GRZEGORZ CZAJOWSKI**  
**PIOTR SŁOWACKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin  
e-mail: p.czembor@ihar.edu.pl

## Nowe wyzwania dla hodowli odpornościowej na przykładzie rdzy zbóż

Hodowla odpornościowa jest szeroko stosowaną metodą w ograniczaniu strat plonu zbóż powodowanych przez choroby. Tylko poznanie właściwości chorobotwórczych czynników sprawczych powodujących choroby może przyczynić się do właściwego wykorzystania w programach hodowlanych efektywnych genów odporności. Co więcej, populacje patogenów wymagają stałego monitorowania zmienności, które zachodzą m.in. w wyniku migracji, mutacji i rekombinacji, a frekwencja występowania danego patotypu jest silnie zależna od presji selekcyjnej środowiska (np. geny odporności gospodarza, temperatura i wilgotność powietrza).

W warunkach Polski, pszenica i pszenżyto mogą być porażane przez trzy gatunki grzybów z rodzaju *Puccinia*: *P. tritici* (*Pt*, sprawcy rdzy brunatnej), *P. striiformis* f.sp. *tritici* (*Pst*, rdza żółta) i *P. graminis* (*Pg*, rdza żdźbłowa). Rdza brunatna występuje rokrocznie z różnym nasileniem i w sprzyjających warunkach środowiska może spowodować znaczące straty w plonie ziarna. Wciąż efektywne geny odporności gospodarza to *Lr9* i *Lr19*. Niemniej jednak, w ostatnich latach zaobserwowano zjawisko specjalizacji pasożytniczej populacji *Pt* w stosunku do pszenżyta, która w odróżnieniu od populacji grzyba na pszenicy charakteryzuje się co najmniej niższą frekwencją wirulencji w stosunku do genów odporności *Lr*: 1, 3, 3bg, 3ka, 20 i 32. Świadczy to, że z pozoru stabilna populacja również podlega dynamicznym zmianom, w wyniku których należy się spodziewać nowych wirulencji lub bardziej złożonych kombinacji w już zaobserwowanych.

W roku 2011 w Europie zaobserwowano spektakularną wymianę „starej” populacji *P. striiformis* f.sp. *tritici* na „nową”, o zupełnie odmiennej patogeniczności. Zaobserwowana zmiana w tak krótkim okresie czasu i w wielu miejscach jednocześnie, wykazała jak bardzo nie wiele wiemy o potencjalnych możliwościach grzyba, na którego należy spojrzeć w szerszym kontekście, tj. globalnych zmian klimatycznych oraz zdolności migracyjnych i adaptacyjnych. Pojawienie się w dużym nasileniu nowych ras „Warrior”

(rasa Pst7), „Kranich” (Pst8), a ostatnio „Warrior(-)” (Pst10) oraz „Triticale2015” (Pst13) ukazały wąską bazę odporności genetycznej pszenicy i pszenżyta, a co najważniejsze - jej nieefektywność. Obecnie, jedyne geny odporności Yr5 i Yr15 zapewniają efektywną ochronę przeciwko rdzy żółtej, ale nie wiadomo na jak długo przy wzrastającej presji selekcyjnej ze strony Pst.

Rdza źdźbłowa dała o sobie znać w bezprecedensowej epidemii zapoczątkowanej w Ugandzie z udziałem rasy Ug99 (rasa TTKSK) oraz jej patotypów siostrzanych, które posiadały niespotykaną dotąd kombinację wirulecji zwłaszcza w stosunku do genów odporności Sr24, Sr31, Sr36 i Sr38, stanowiących podstawę ochrony genetycznej przed patogenem dla większości odmian pszenicy uprawianej na świecie. Wspólny wysiłek wielu naukowców wspierany przez Laureata Nagrody Nobla Normana Borlauga („Borlaug Global Rust Initiative”) pozwolił na zażegnanie dramatycznej w skutkach epidemii w Afryce i krajach Bliskiego Wschodu, ale niestety pojawiły się kolejne zagrożenia, które już bezpośrednio dotyczą Europy. W roku 2013 w Niemczech i Danii (i prawdopodobnie również w Polsce) obserwowano patotypy z grupy ras nazwanej „Digalu” (TKTTF) niespokrewnionej z Ug99, która w tym samym roku zdewastowała uprawy pszenicy w Etiopii, a ostatnio została wykryta w Wielkiej Brytanii (2018). Co więcej, w roku 2016 na Sycylii rasa TTTTF (również nie spokrewniona z Ug99) zniszczyła uprawy pszenicy zwyczajnej i twardej. Rasa ta jest awirulentna w stosunku do genów Sr31, Sr24 i Sr25. Niezwykle istotne z punktu widzenia zdolności adaptacyjnych Pgt jest stwierdzenie występowania w Szwecji w roku 2017 populacji pochodzącej z rekombinacji mejotycznej (pełno-cyklicznej z udziałem berberysu jako drugiego żywiciela). Zaobserwowanie tego zjawiska potęguje zagrożenie upraw pszenicy i pszenżyta przez możliwość pojawienia się zupełnie nowych wariacji wirulencji, dla których obecnie brak genów odporności gospodarza. Z przeprowadzonych badań w kilku ośrodkach naukowych wynika, że zdecydowana większość odmian pszenicy uprawianych w Europie jest podatna na wykryte rasy Pgt. Również w Polsce w ostatnim sezonie wegetacyjnym zaobserwowano rdzę źdźbłową na pszenicy i pszenżycie. Obecnie w IHAR-PIB w Radzikowie prowadzone są prace nad identyfikacją ras i zakresu ich wirulencji w stosunku do znanych genów odporności. Wszystkie przytoczone powyżej fakty, wskazują na konieczność podjęcia natychmiastowych prac mających na celu włączenie efektywnych źródeł odporności na Pgt do programów hodowlanych pszenicy i pszenżyta.

#### PODZIĘKOWANIA

*Autorzy składają podziękowania Ministerstwu Rolnictwa i Rozwoju Wsi za wsparcie finansowe prac badawczych wykonanych w ramach Programu Wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, zadanie 3.2 „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji biotroficznych patogenów zbóż podstawowych”.*

**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**<sup>1</sup>

**MAGDALENA ŚWIĘCICKA**<sup>1</sup>

**BEATA BAKERA**<sup>1</sup>

**ANNA WLAZŁO**<sup>1</sup>

**MARTA DMOCHOWSKA-BOGUTA**<sup>2</sup>

**WACŁAW ORCZYK**<sup>2</sup>

**MARIUSZ KOWALCZYK**<sup>3</sup>

**ANNA STOCHMAL**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>3</sup> Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

## Benzoksazynoidy — skuteczna broń żyta przeciwko stresom biotycznym i abiotycznym\*

Benzoksazynoidy (BX) są metabolitami wtórnymi, występującymi głównie u gatunków z rodziny *Poaceae* i sporadycznie u gatunków roślin dwuliściennych, biorącymi udział w reakcjach odpornościowych na stresy biotyczne i abiotyczne oraz w allelopatii (Niemeyer, 2009; Makowska i in., 2015). Wieloetapową biosyntezę tych związków u kukurydzy, najlepiej pod tym względem poznanego gatunku, kontroluje 14 genów: *Bx* (*Bx1* — *Bx14*), *glu* i *GT* (Frey i in., 2009, Meihls i in. 2013, Handrick i in., 2016). U żyta dotychczas wyizolowano 9 genów — *ScBx1* – *ScBx7*, *Scglu* i *ScGT* (Sue i in., 2011; Bakera i in., 2015; Tanwir i in., 2017). Ponadto, w naszym zespole sklonowano gen *ScIgl*, który przejmuje rolę genu *ScBx1* w późniejszych stadiach rozwojowych (Rakoczy-Trojanowska i in., 2018; plakat Wlazło i in., 2019).

Żyto charakteryzuje się szczególnie wysoką zawartością BX, jednak ich rola w odpowiedzi na stresy biotyczne (w tym obecność allelozwiązków wokół ryzosfery) i abiotyczne do czasu podjęcia badań przez nasz zespół była niejasna. Nieznana też była zależność poziomu ekspresji genów kontrolujących biosyntezę BX od wpływu czynników środowiskowych.

Celem prac badawczych prowadzonych w ramach projektu NCN Nr UMO-2015/19/B/NZ9/00921 było zbadanie czy i w jaki sposób wybrane stresy biotyczne i abiotyczne wpływają na biosyntezę BX oraz na ekspresję genów *ScBx*, *ScIgl* i *Scglu* u

---

\*Badania finansowane z projektu NCN Nr UMO-2015/19/B/NZ9/00921



trzech wsobnych linii żyta: L318, D33 i D39 wytypowanych na podstawie wcześniejszych eksperymentów.

#### STRESY BIOTYCZNE

Allelozwiązki. Stwierdzono, że ko-uprawa żyta z koniczyną Aleksandryjską wpływa zarówno na ekspresję genów *ScBx*, *ScIgl* i *Scglu*, jak i syntezę BX, jednak reakcja jest uzależniona od genotypu, części rośliny (korzenie, części nadziemne), czasu trwania ko-uprawy; różnice dotyczyły też poszczególnych genów i metabolitów. W odniesieniu do ekspresji genów największe różnice zaobserwowano u linii D39, w nadziemnych częściach roślin, po 6 tygodniach uprawy z koniczyną. Największe zmiany poziomu biosyntezy BX stwierdzono w korzeniach linii D33 po 4 tygodniach uprawy z koniczyną. Ko-uprawa z koniczyną miała największy wpływ na ekspresję genu *ScBx3* i syntezę dwóch metabolitów: GDIOA i DIOA. W blisko 55% przypadków synteza BX była istotnie skorelowana z ekspresją genów. W niektórych przypadkach zmianom ekspresji genów i syntezy metabolitów w korzeniach roślin uprawianych z koniczyną towarzyszyły takie same zmiany w częściach nadziemnych.

Inokulacja *Puccinia recondita f.sp. secalis* (*Prs*). Inokulacja *Prs* spowodowała wzrost ekspresji genów *ScBx1*, *ScBx2* i *ScBx4* u wszystkich linii żyta po 8 godzinach od inokulacji oraz genu *ScBx3* u linii L318, i genu *ScBx4* u linii D39 — po 48 godzinach od inokulacji. W pierwszym punkcie czasowym obserwowano strzępki penetrujące, a w drugim — komórki macierzyste haustoriów. Analizy ekspresji genów *ScBx* i *ScIgl* w korzeniach są w trakcie wykonywania i ich wyniki zostaną zaprezentowane podczas konferencji.

#### STRESY ABIOTYCZNE

Stres podwyższonego zasolenia. Zbadano profile ekspresji sześciu genów: *ScBx1*÷*ScBx6* u 11 niespokrewnionych linii wsobnych żyta, po 4 i 24 godzinach od zainicjowania stresu (podlanie roślin roztworem 100 mM NaCl). Poziom ekspresji genów *ScBx1*÷*ScBx4* osiągał najwyższą wartość po 4 godzinach od zainicjowania stresu, a po upływie 24 godzin ulegał obniżeniu, ale nadal był wyższy niż w warunkach kontrolnych. Geny *ScBx5* i *ScBx6* ulegały ekspresji na poziomie nie różniącym się istotnie od kontroli, niezależnie od linii i czasu wzrostu w warunkach stresu.

Jarowizacja. Poziom ekspresji wszystkich badanych genów — *ScBx1*-*ScBx5*, *ScIgl* oraz *Scglu* po okresie 7-tygodniowej jarowizacji w komorze fitotronowej zmniejszył się. Jednak w kolejnych punktach czasowych (1 i 3 tygodnie uprawy w podwyższonej temperaturze), poziom ekspresji genów w częściach nadziemnych roślin, które były poddane jarowizacji był wyższy, niż u roślin w tym samym wieku, ale nie poddanych stresowi niskiej temperatury. Odwrotną relację obserwowano w przypadku korzeni, z wyjątkiem genu *ScIgl* kodującego liazę indoglicerolową (IGL), którego profil ekspresji był podobny w obu częściach roślin. W korzeniach wszystkich badanych linii oraz w częściach nadziemnych linii D33 i D39, ekspresja genu *ScBx1* (również kodującego IGL)

po 1 tygodniu uprawy w podwyższonej temperaturze (zarówno u roślin, które były poddane jarowizacji, jak i u kontrolnych) była niewykrywalna; natomiast ekspresja genu *ScIgl* (również kodującego IGL) utrzymywała się na stałym poziomie, niewiele niższym niż u roślin 3-tygodniowych.

Na podstawie uzyskanych wyników można wyciągnąć jednoznaczny wniosek, że BXy pełnią istotną funkcję w reakcji na oba rodzaje stresów. Po raz pierwszy wykazano, że modyfikowana jest zarówno ekspresja genów kontrolujących biosyntezę BX, jak i sama biosynteza. Stwierdzono, że żyto jest nie tylko donorem allelozwiązków, ale również reaguje na ich obecność w ryzosferze uruchamiając mechanizmy obronne, a BX mogą być ich istotnym elementem. W niektórych przypadkach zaobserwowano przekazywanie sygnału o zaistnieniu sytuacji stresowej z korzeni do nadziemnych części roślin i odwrotnie. Szczególnie interesujące wydają się wyniki w odniesieniu do genów *ScBx1* i *ScIgl*, które zaprzeczają niektórym z powszechnie powielanych opinii.

#### LITERATURA

- Bakera B, Makowska B, Groszyk J i in. 2015. DOI: 10.1007/s13353-015-0271-z.  
Frey M., Schullehner K., Dick R. i in. 2009. DOI: 10.1016/j.phytochem.2009.05.012.  
Handrick V., Robert C.A.M., Ahern K. R. i in. 2016. DOI.org/10.1105/tpc.16.00065.  
Meihls LN, Handrick V, Glauser G i in. 2013. DOI.org/10.1105/tpc.113.112409.  
Niemeyer H. M. 2009. DOI: 10.1021/jf8034034.  
Rakoczy-Trojanowska M., Święcicka M., Rymuszka J., Stochmal A., Kowalczyk M. 2018. EUCARPIA Cereal Section / IWIW2 Meetings, March 19-22, 2018. Polydôme, Clermont-Ferrand, France: PI-23.  
Sue M., Nakamura C., Nomura T. 2011. DOI.org/10.1104/pp.111.182378.  
Tanwir F., Dionisio G., Adhikari K. B. i in. 2017. DOI.org/10.1016/j.phytochem.2017.04.020.



**TOMASZ GÓRAL**

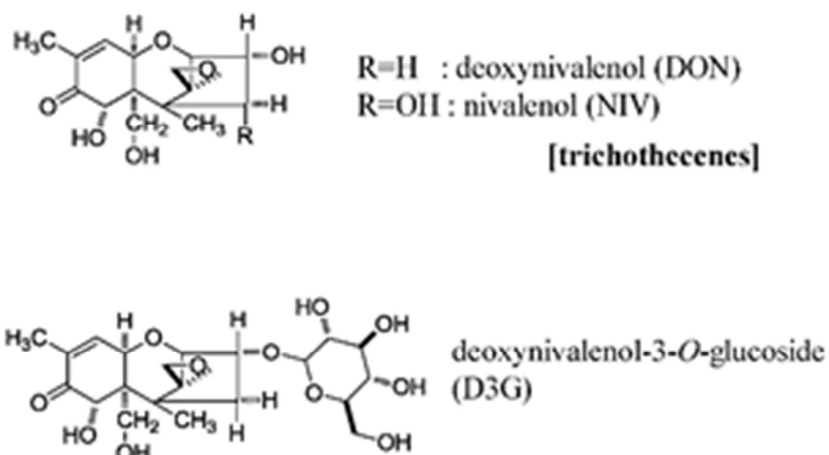
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
e-mail: t.goral@ihar.edu.pl

## Geny oraz *loci* cech ilościowych (QTL) kontrolujące odporność pszenicy i pszenżyta na fuzariozę kłosów oraz mechanizm ich działania

Fuzarioza kłosów pszenicy (zbóż) jest chorobą powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. W Polsce powodowana jest ona głównie przez *F. graminearum sensu stricto* i *F. culmorum*. Odporność pszenicy na tę chorobę jest cechą złożoną. Wyróżnia się kilka typów tej odporności, określonych jako: typ I — odporność na infekcję pierwotną; typ II — odporność na rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie; typ III — odporność na uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium*; typ IV — tolerancja na fuzariozę kłosów i toksyny; typ V — odporność na akumulację toksyn fuzaryjnych w ziarnie poprzez: 1 — chemiczną modyfikację toksyn (glikozylacja toksyn), 2 — blokowanie syntezy toksyn (tworzenie antyoksydantów blokujących szlak metaboliczny toksyn).

Dotychczas zidentyfikowano na każdym chromosomie pszenicy przynajmniej jeden *locus* cech ilościowych (QTL) związany z odpornością na tę chorobę. QTL-e wyjaśniające stosunkowo dużą zmienność w obrębie opisywanej cechy zlokalizowano na chromosomach 2D, 3A, 5AS, 7A, 1B, 3BS, 4B, 5B, 6BS. Wspomniane *loci* pochodzą ze źródeł azjatyckich, jak np. Sumai 3, Wuhan 1 i Nyubai oraz Brazyli — Frontana. Jednym z najbardziej efektywnych genów odporności na fuzariozę kłosów jest *Fhb1* (dawniej oznaczony, jako *Qfhs.ndsu-3BS*) pochodzący z odmiany Sumai 3, który w różnych badaniach był w stanie wyjaśnić od 16% do 60% zmienności odnośnie rozprzestrzeniania się patogena w tkankach (typ odporności II). Znaleziony on został również w odmianach niespokrewnionych z Sumai 3, takich jak Wangshuibai i Nyubai. Inne *loci* odporności na fuzariozę kłosów o dużym efekcie zostały zmapowane i oznaczone jako geny: *Fhb2* pochodzący z Sumai 3 (chromosom 6B; typ II), *Fhb3* pochodzący *Leymus racemosus* (wydmuchrzyca groniasta) (chromosom 7Lr#1; typ II), *Fhb4* pochodzący z odmian pszenicy jarej Wangshuibai, Wuhan 1 i in. (chromosom 4B; typ I), *Fhb5* pochodzący z odmian Wangshuibai, W14 i in. (chromosom 5A; typ I), *Fhb6* pochodzący z *Elymus tsukushiensis* (chromosom 1EIS#1S; typ II); *Fhb7* pochodzący z *Thinopyrum ponticum*

(chromosom 7el; typ II) oraz *Fhb7AC* pochodzący z Sumai 3 (chromosom 7A; typy II i III).



Rys. 1. Deoksyniwalenol (DON), niwalenol (NIV) oraz glikozyd 3-deoksyniwalneolu (D3G) (Nakagawa i in., 2017)

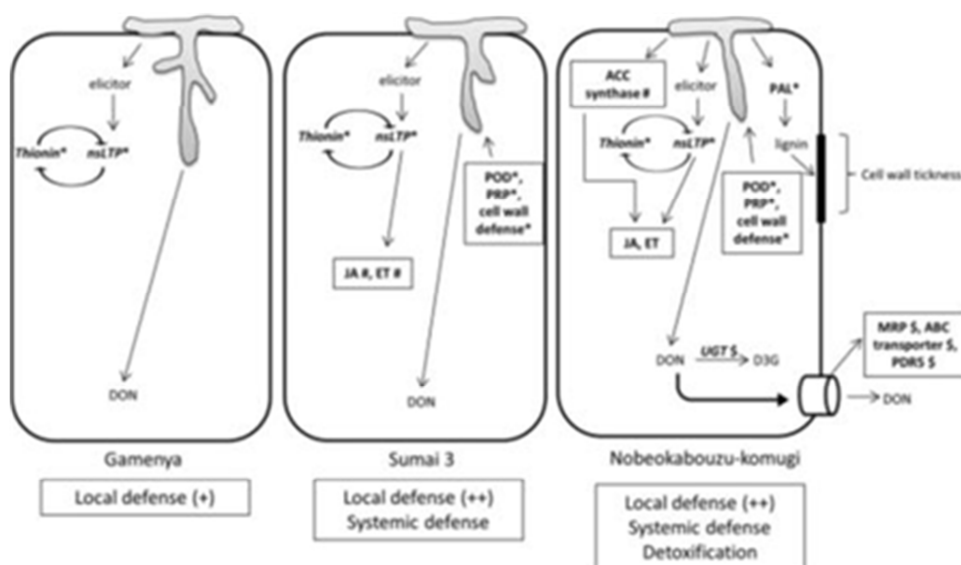
W japońskiej odmianie Nobeokabouzu-komugi zidentyfikowano efektywne *loci* odporności na fuzariozę kłosów odmienne od tych obecnych w Sumai 3. Pierwszy *locus* znajduje się na chromosomie 2DS (*QFhs.kibr-2D*) i jest związany z odpornością typu II oraz obniżoną akumulacją DON. Drugi umiejscowiony jest na chromosomie 3BS, jednak jest prawdopodobnie odmienny od obecnego w odmianie Sumai 3. Nowe *loci* odporności (*QFhs.nau-2DL* i *QFhs.nau-1AS*) o znacznym efekcie zostały zidentyfikowane w linii CJ9306. Są one związane z odpornością na akumulację DON. Ostatnio zidentyfikowano QTL o efekcie zbliżonym do genu *Fhb1* pochodzący z linii uzyskanej z krzyżowania czterech chińskich odmian lokalnych (Ma Zhamai/Bai Qimai/Hong Qimai/Qing Shoumai). Oznaczony on został jako *QFhb.cau-7DL* i zlokalizowany na długim ramieniu chromosomu 7D. Warunkuje zarówno odporność typu I jak i typu II.

W badaniach nad fitotoksycznym działaniem DON stwierdzono, że podstawnym mechanizmem odporności pszenicy na tę toksynę było tworzenie glikozydu 3-deoksyniwalenolu (D3G) (Rys. 1). Pochodna ta miała bardzo słabe działanie fitotoksyczne w porównaniu do DON-u. Proporcja D3G/DON była silnie skorelowana z odpornością genotypów na iniekcję DON do kłosów. Odporność na DON jest powiązana z najważniejszym *locus* odporności (QTL) na fuzariozę kłosów *Fhb1* (*Qfhs.ndsu-3BS*) zidentyfikowanym w genomie pszenicy heksaploidalnej. Postawiono hipotezę, że *Fhb1* koduje glikozylotransferazę lub reguluje ekspresję tego enzymu odpowiedzialnego za proces glikozylacji DON. Przy użyciu standardowych technik analizy DON nie są wykrywane jego pochodne glikozydowe. Stąd pochodne te zostały określone, jako ukryte lub zamaskowane mykotoksyny ('masked mycotoxins'). Ukryte mykotoksyny znaleziono u różnych zbóż w tym także w kłosach podatnej na fuzariozę kłosów pszenicy twardej.

Hipoteza powyższa jest ostatnio podważana w publikacjach wykorzystujących najnowsze techniki badań metabolomicznych i proteomicznych. Badając działanie genu *Fhb1* nie stwierdzono różnic w produkcji D3G pomiędzy liniami izogenicznymi z genem i bez genu *Fhb1*. Zwiększona odporność linii z genem *Fhb1* wynikała ze wzmacniania konstrukcji ścian komórkowych poprzez osadzenie amidów kwasu hydroksycynamonowego, flawonoidów i związków fenolowych (rys. 2).

Stwierdzono natomiast, że mechanizm glikozylacji DON występuje u odmiany Nobeokabouzu-komugi i jest prawdopodobnie związany z obecnością *locus* odporności na chromosomie 2DS (*QFhs.kibr-2D*).

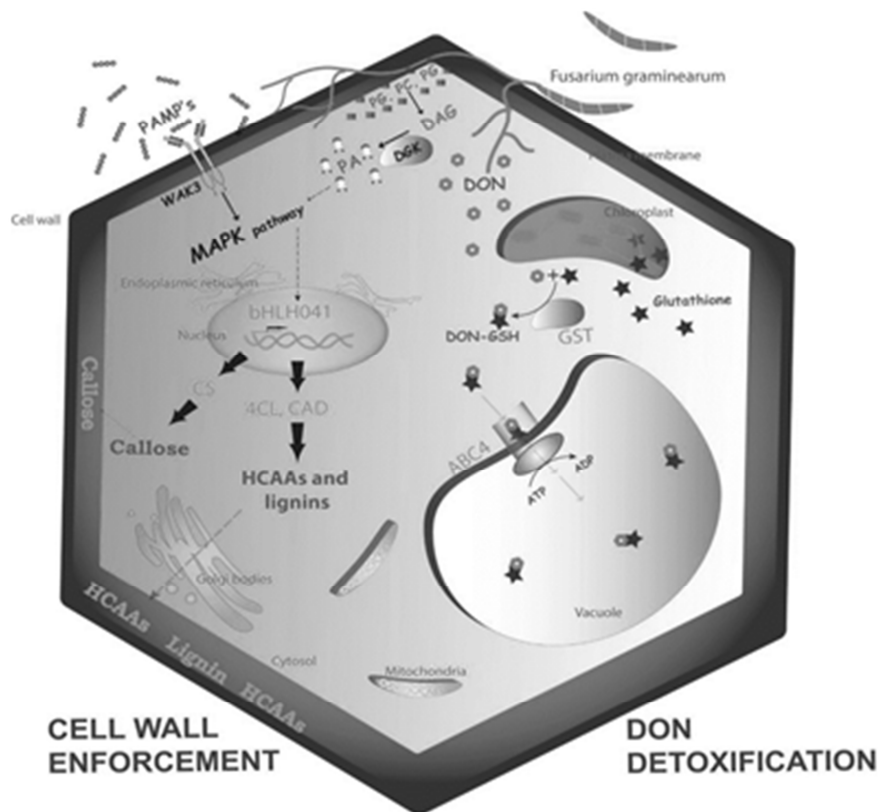
Kolejna hipoteza zakłada, że składnikiem *locus* odporności *Fhb1* jest gen *PFT* kodujący produkcję białek - toksyn tworzących kanały w błonie komórkowej ('pore-forming toxin-like proteins') oraz aglutynin. Gen ten może mieć bezpośrednie działanie wobec grzybów powodując uszkodzenie ich błon komórkowych.



Rys. 2. Reakcja na infekcję grzybem *Fusarium* u podatnej odmiany pszenicy Gamenya oraz dwóch odmian odpornych – Sumai 3 i Nobeokabouzu-komugi (Kosaka i in., 2015)

Badając reakcję na inokulację *F. graminearum* linii izogenicznych pszenicy zaobserwowano znacznie niższą reakcję nadwrażliwości (HSR) u linii z genem *Fhb1*. HSR jest głównym mechanizmem odporności wobec patogenów biotroficznych jednakże w przypadku fuzariozy kłosów HSR wydaje się działać jako głównych czynnik patogeniczności. Wzrost *Fusarium* odbywa się głównie dzięki śmierci komórek spowodowanej przez HSR. Stąd z badań proteomicznych patogenyzy fuzariozy kłosów wywnioskowano, że działanie *Fhb1* polega przede wszystkim na redukcji reakcji nadwrażliwości lub osłabienia odpowiedzi komórek na infekcję.

W przypadku innych genów (QTL) badano jak dotąd jedynie *Fhb2*. Stwierdzono, że QTL-*Fhb2*, związany z odpornością na rozprzestrzenianie się *Fusarium*, zawiera geny warunkujące zarówno wzmacnianie konstrukcji ścian komórkowych jak i detoksykację DON (rys. 3).



Rys. 3. Hipotetyczny model odporności na fuzariozę kłosów u linii z allelami odporności w locus QTL-*Fhb2* (Dhokane i in., 2016)

RENATA LEBECKA <sup>1</sup>  
ZOFIA MURAWSKA <sup>1</sup>  
KATARZYNA SZAJKO <sup>1</sup>  
JANUSZ DĘBSKI <sup>2</sup>  
MICHAŁ KISTOWSKI <sup>2</sup>  
WALDEMAR MARCZEWSKI <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,  
Oddział w Młochowie

<sup>2</sup> Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawa  
e-mail: r.lebecka@ihar.edu.pl

## Badania ekspresji białek w bulwach odmian ziemniaka o zróżnicowanej odporności na bakterie *Dickeya solani*

*Dickeya solani* należy do szeregu gatunków bakterii pektynolitycznych patogennych w stosunku do ziemniaka wywołujących mokrą zgniliznę bulw. Sprawca choroby jest polifagiem, poraża wiele gatunków roślin. W krajach Europy Zachodniej bakteria ta rozprzestrzeniła się i powoduje duże straty ekonomiczne. W Polsce po raz pierwszy wykryto ją w ziemniaku w 2005 r. (Sławiak i in., 2009), a w latach 2009–2013 wykrywano bakterie tego gatunku w 11 województwach (Potrykus i in., 2016). W badaniach Czajkowskiego i in. (2013) bakterie gatunku *Dickeya solani* charakteryzowały się wyższą agresywnością niż inne bakterie pektynolityczne. Nie stosuje się chemicznej ochrony ziemniaka przed bakteriami. Nie znaleziono też źródeł skrajnej odporności na te bakterie. Bakterie są zaliczane do patogenów oportunistycznych, takich, które są zdolne wywołać objawy chorobowe w pewnych sprzyjających do rozwoju warunkach. Najważniejszymi są wysoka temperatura i niski poziom tlenu. Odporność bulw ziemniaka na bakterie pektynolityczne jest warunkowana wieloma czynnikami genetycznymi, zależnymi od środowiska.

W IHAR-PIB w Oddziale w Młochowie wykonano badania proteomiczne w celu wyjaśnienia różnic w ekspresji białek w odmianach ziemniaka o podwyższonej odporności na bakterie *Dickeya solani* w porównaniu z odmianami podatnymi, 8 i 48 godzin po inokulacji.

Z puli 25 odmian pochodzących od odmiany Katahdin (half-sib family) wybrano po dwie odmiany charakteryzujące się skrajnie różną reakcją bulw na porażenie przez bakterię *D. solani*. Oceny odporności bulw prowadzono przez trzy kolejne lata, po dwa



terminy w każdym roku badań metodą opisaną przez Lebecką (2017). Do grupy odmian podatnych dodano bardzo podatną odmianę Irys. Bulwy wybranych odmian inokulowano w dwóch terminach, w marcu i w kwietniu, w dwóch latach badań. W pierwszym roku badań próbki pobierano 48, a w drugim roku 8 godzin po inokulacji. Bulwy inokulowano w świeżo zranioną tkankę, bulwy kontrolne były ranione i traktowane wodą. Bulwy po inokulacji zraszano wodą, umieszczano w zamkniętych pudełkach i przechowywano w temperaturze 26°C. W czasie pobierania próbek bulwy krojono wzdłuż miejsca inokulacji. Fragmenty tkanki pobierano wzdłuż miejsca inokulacji i mrożono w ciekłym azocie. Pobierano od dwóch do czterech fragmentów każdej kombinacji doświadczenia. Białko izolowano metodą opisaną przez Murawską i in. (2017). Próbki analizowano metodą wysokosprawnej chromatografii cieczowej sprzężonej z tandemowym spektrometrem mas (LC-MS/MS). Na podstawie widm fragmentacyjnych ustalano listę peptydów/białek obecnych w badanej próbce z *Solanum tuberosum* oraz ich względną intensywność. Następnie, listy peptydów grupowano zgodnie z układem eksperymentu. Grupy eksperymentalne porównano przy pomocy programu Diffprot (Malinowska i in., 2012), w celu wytypowania białek których poziom ekspresji pomiędzy badanymi grupami zmienił się w sposób istotny statystycznie.

Analiza głównych składowych (PCA) wyników po 8 h po inokulacji pozwoliła na odróżnienie odmian o wyższej odporności od odmian podatnych.

Porównano białka z bulw ziemniaka inokulowanych bakterią *D. solani* z białkami bulw zranionych i traktowanych wodą. Przeprowadzono cztery porównania, dla każdej z grup odmian osobno, po 8 i 48 godzinach po inokulacji. Wyróżniono wyłącznie jedno białko różnicowe, peroksydazę, w grupie odmian odpornych, 48 godzin po inokulacji.

Porównano ekspresję białek w bulwach odmian odpornych i podatnych. We wczesnej fazie infekcji, 8 godzin po inokulacji, wyróżniono 4 białka (patatyny, inhibitory proteinaz i inhibitor chymotrypsyny), których ekspresja była istotnie wyższa w odmianach odpornych, w próbkach pobranych zarówno z bulw inokulowanych bakterią, jak i traktowanych wodą. Wyższą ekspresją w odmianach odpornych po inokulacji bakterią charakteryzowały się dwa białka, inhibitor proteinazy PTI i syntetaza tiaminowa. W późniejszej fazie infekcji w odmianach odpornych w obu rodzajach bulw, inokulowanych i traktowanych wodą, było istotnie więcej inhibitorów proteinaz, patatyny (tak samo jak po 8 h) i inhibitorów proteazy serynowej. Wyróżniono białka o wyższej ekspresji w odmianach odpornych wyłącznie po inokulacji bakteriami, inhibitory proteazy aspartylowej, oksydazy polifenolowe i endoplazminy.

Wykazano różnice w białkach pomiędzy odpornymi i podatnymi odmianami na mokrą zgniliznę bulw, w początkowej i późniejszej fazie infekcji. Większość białek różnicowych występuje zarówno w bulwach zranionych i inokulowanych bakteriami w zranienia. W celu sprawdzenia czy różnice w białkach są powodowane przez uszkodzenia mechaniczne bulwy czy występują także w bulwach niezranionych pobrano próby z bulw nietraktowanych 8 godzin po inokulacji.

LITERATURA

- Czajkowski R, De Boer WJ, Van der Zouwen PS, Kastelein P, Jafra S, de Haan EG, Van den Bovenkamp GW, Van der Wolf JM, 2013. Virulence of '*Dickeya solani*' and *Dickeya dianthicola* biovar-1 and -7 strains on potato (*Solanum tuberosum*). *Plant Pathol* 62: 597 — 610.
- Lebecka R. 2017. Screening for potato resistance to blackleg and soft rot. *Plant Breeding and Seed Science* 75: DOI:10.1515/plass-2017-00013.
- Malinowska A, Kistowski M, Bakun M, Rubel T, Tkaczyk M, Mierzejewska J, Dadlez M. 2012. Diffprot — software for non-parametric statistical analysis of differential proteomics data. *J Proteomics* 75 (13): 4062 — 4073.
- Murawska Z, Dębski J., Szajko K., Lebecka R. 2017. Isolation of proteins from potato tubers. *Plant Breeding and Seed Science* 75: DOI: 10.1515/plass-2017-0005.
- Potrykus M, Golanowska M, Sledz W, Zoledowska S, Motyka, A, Kolodziejska A, Butrymowicz J, and Lojkowska E. 2016. Biodiversity of *Dickeya* spp. isolated from potato plants and water sources in temperate climate. *Plant Dis* 100: 408 — 417.
- Ślawiak M., Lojkowska E., Van der Wolf J. M. 2009. First report of bacterial soft rot on potato caused by *Dickeya* sp. (syn. *Erwinia chrysanthemi*) in Poland. *Plant Pathol.* 58: 794.



GABRIELA MACHAJ<sup>1</sup>  
ALICJA MACKO-PODGÓRNI<sup>1</sup>  
KATARZYNA STELMACH<sup>1</sup>  
KAMILA KOZAK-STANKIEWICZ<sup>2</sup>  
ADAM SITARSKI<sup>2</sup>  
DARIUSZ GRZEBELUS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa,  
Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

<sup>2</sup> Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego w Straszkwie, Sp. z o.o.  
e-mail: gabrielamachaj@gmail.com

## Odporność buraka cukrowego na rizomanię warunkowana genem *Rz1*: różnicowa ekspresja genów i możliwości prowadzenia selekcji wspomaganej markerami

Rizomania to jedna z najbardziej ekonomicznie istotnych chorób buraka. Obecnie występuje ona na większości obszarów uprawy buraka cukrowego, powodując znaczne straty w plonach. Przyczyną rizomanii jest porażenie wirusem nekrotycznego żółknięcia nerwów buraka (ang. *Beet Necrotic Yellow Vein Virus*, BNYVV), przenoszonym przez mikroorganizm glebowy *Polymyxa betae*. Charakterystycznym symptomem porażenia jest tzw. broda korzeniowa, od której choroba bierze swoją nazwę. Jedynym efektywnym sposobem kontrolowania rizomanii jest stosowanie odpornych lub tolerancyjnych odmian. Zidentyfikowano kilka źródeł odporności na rizomanię, a najszerzej wykorzystywana jest dominująca odporność typu Holly warunkowana genem *Rz1*, zmapowanym do 3 chromosomu. Do oceny podatności roślin w procesie hodowli odmian odpornych stosuje się test ELISA. Alternatywą dla immunodetekcji może stać się selekcja wspomagana markerami molekularnymi sprzężonymi z cechą odporności. Celem badań była ocena zmian globalnego profilu ekspresji genów buraka cukrowego w reakcji na infekcję BNYVV w celu identyfikacji genów kandydujących, a następnie opracowanie markerów molekularnych umożliwiających identyfikację roślin niosących allel *Rz1* warunkujący odporność na BNYVV.

Badania prowadzono na roślinach z segregującej populacji F2 buraka cukrowego uzyskanej w KHBC z krzyżowania linii wrażliwej na rizomanię z linią odporną, u której odporność była warunkowana genem *Rz1*. Rośliny F2 (231 sztuk) zostały poddane inokulacji

BNYVV w teście szklarniowym, w wyniku wysiewu w zakażonej glebie, a ok. 50 roślin tej samej populacji, stanowiących grupę kontrolną, uprawiano w analogicznych warunkach, ale bez kontaktu z patogenem. Po ok. ośmiu tygodniach od siewu, testem ELISA określono zawartość wirusa w korzeniach roślin. Sekwencjonowanie transkryptomów przeprowadzono dla pięciu roślin wrażliwych i pięciu roślin odpornych. Identyfikację genów charakteryzujących się różnicową ekspresją (ang. *differentially expressed genes*, DEGs) przeprowadzono przy wykorzystaniu trzech różnych pakietów w środowisku R (DESeq2, EBSeq, edgeR) przy założeniu minimalnej ilości odczytów  $\geq 10$  i FDR (ang. *false discovery rate*)  $\leq 0,001$ . Geny ulegające różnicowej ekspresji zostały pogrupowane zgodnie z ich potencjalną funkcją. Ekspresję wytypowanych genów kandydujących oraz innych genów potencjalnie zaangażowanych w reakcję odporności zweryfikowano przy użyciu ilościowego PCRu (RT-qPCR). Polimorfizmy pojedynczego nukleotydu zidentyfikowane w genach kandydujących zlokalizowanych na chromosomie 3 buraka i cechujących się różnicową ekspresją zostały wykorzystane do zaprojektowania markerów CAPS (ang. *cleaved amplified polymorphic sequence*). Markery te wykorzystano do genotypowania roślin ocenionych pod względem ich odporności testem ELISA, w celu potwierdzenia sprzężenia pomiędzy markerem a cechą.

Zidentyfikowano 171 genów, które istotnie różnicowały rośliny buraka cukrowego wrażliwe i odporne na rizomanię. Analiza genów ulegających różnicowej ekspresji pozwoliła na przyporządkowanie 38 genów do reakcji roślin na stres biotyczny. Trzy z przypisanych genów były związane z bezpośrednią reakcją na atak patogena (stres biotyczny — białka PR). Pozostałe 35 genów zostało sklasyfikowanych jako biorące udział w procesach metabolicznych związanych z reakcją komórki na stres biotyczny. Analiza RT-qPCR potwierdziła około 2,5-krotny wzrost poziomu ekspresji genu kandydującego *Rz1* u roślin odpornych w stosunku do roślin wrażliwych, oraz około 3-krotne obniżenie poziomu ekspresji genu będącego analogiem genu odporności zlokalizowanego bezpośrednio poniżej genu *Rz1*. Jest zatem prawdopodobne, że oba te fizycznie sprzężone geny są zaangażowane w warunkowanie reakcji odporności na rizomanię. Zbadano ekspresję kilku genów różnicowo ekspresjonowanych w roślinach odpornych i wrażliwych na BNYVV w odniesieniu do nieinfekowanej kontroli. Wskazały one na konstytutywne różnice poziomu ekspresji genu *Rz1* u roślin odpornych i wrażliwych, zgodne z wynikami opisanymi powyżej. Wbrew wynikom analizy transkryptomu nie zaobserwowano różnic ekspresji genów związanych z biogenezą siRNA (*Ago2* i *DCL2*), natomiast potwierdzono wyższą ekspresję polimerazy RNA zależnej od RNA (*RDR6*).

Analizy polimorfizmów pojedynczych nukleotydów w sekwencjonowanych próbkach przez obliczenie współczynnika utrwalenia ( $F_{ST}$ ) ujawniły rejon genomu na chromosomie 3 różnicujący subpopulacje odporną i wrażliwą, obejmujący gen *Rz1*. Do opracowania markerów molekularnych sprzężonych z odpornością na rizomanię wyselekcjonowano jedynie takie miejsca polimorficzne (SNP), które występowały w genach ulegających różnicowej ekspresji zmapowanych do chromosomu 3. Walidacja opracowanych markerów na roślinach z segregującej populacji F2 potwierdziła kosegregację sześciu z nich z odpornością na rizomanię. Mogą one zatem stanowić skuteczną alternatywę dla selekcji roślin odpornych w toku hodowli nowych odmian buraka cukrowego.

**STANISŁAW SPASIBONEK**  
**MAGDALENA WALKOWIAK**  
**TERESA PIĘTKA**  
**KRZYSZTOF MICHAŁSKI**  
**KATARZYNA MIKOŁAJCZYK**  
**MARCIN MATUSZCZAK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,  
Oddział w Poznaniu  
e-mail: sspas@nico.ihar.poznan.pl

## Modyfikacje składu kwasów tłuszczowych w olejach nasion rzepaku, gorczycy białej i lnu oleistego\*

Niezmiennie, podstawowym kierunkiem hodowli jest uzyskanie stabilnych i wysokoplennych odmian roślin oleistych. Rozwój rynku nasion roślin oleistych zależy także od dalszych modyfikacji jakościowych oleju i sruoty, które pozwolą na rozszerzenie możliwości wykorzystania oleju i białka na cele spożywcze, paszowe, techniczne oraz jako źródła energii odnawialnej.

W Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Oddział w Poznaniu wykorzystując mutagenезę indukowaną chemicznie oraz zmienność naturalną uzyskano linie wsobne mutantów i rekombinantów rzepaku, które stanowią ważne źródło zmienności genetycznej, niezbędne w badaniach i w hodowli twórczej odmian. Dużym sukcesem tych prac (z wykorzystaniem mutantu o wysokiej zawartości kwasu oleinowego) było wpisanie w 2016 roku do Krajowego Rejestru (KR) pierwszej polskiej odmiany rzepaku ozimego Polka w typie HO (ang. high oleic) o wysokiej utrwalonej zawartości kwasu oleinowego (powyżej 79%, powszechnie uprawiane odmiany zawierają ok. 60% kwasu oleinowego w oleju) i pożądanym stosunku kwasów: linolowego do  $\alpha$ -linolenowego (omega-6/omega-3) — 1:1. Odmiana ta charakteryzuje się lepszymi walorami dietetycznymi niż dotychczas uprawiane odmiany rzepaku. Dla optymalnego dostosowania oleju rzepakowego do przerobu w różnych technologiach pożądanym jest uzyskanie oleju naturalnie stabilnego, nie podlegającego szybkim procesom oksydacyjnym. Z tego względu prowadzone są badania (z wykorzystaniem mutantów o

---

\* Badania finansowane przez MRiRW w ramach: Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej, Zadanie 53:  
„Wykorzystanie nowej puli genowej dla uzyskania form rzepaku ozimego o zmienionych cechach jakościowych

zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych) nad otrzymaniem odmian rzepaku typu HOLL (ang. high oleic & low linolenic) o wysokiej zawartości kwasu oleinowego, powyżej 75% i obniżonej do około 3% kwasu  $\alpha$ -linolenowego będącego wielonienasyconym kwasem tłuszczowym oraz odmian typu HOLP (ang. high oleic & low polyunsaturated fatty acid) o skrajnie wysokiej zawartości kwasu oleinowego, powyżej 85% i obniżonej do około 10% kwasów wielonienasyconych. Olej zawierający dużą ilość wielonienasyconych kwasów tłuszczowych charakteryzuje się bowiem oksydacyjną niestabilnością. Jest to niekorzystne zarówno przy zastosowaniu oleju na cele spożywcze do głębokiego smażenia, jak i do produkcji biopaliw, ponieważ olej taki nie nadaje się do długiego przechowywania.

Poszukuje się również innych roślin oleistych, zwłaszcza jarych, mogących urozmaicić krajową produkcję olejów roślinnych, bądź mogących zastąpić rzepak ozimy lub jary w warunkach nie pozwalających na jego uprawę, np. w przypadku złego przezimowania. Gorczyca biała (*Sinapis alba* L.) ma w Polsce największe znaczenie gospodarcze ze względu na szerokie możliwości wykorzystania, między innymi w produkcji przypraw i oleju, a przy uprawie w międzyplonie jako zielony nawóz, roślina sanitarna oraz mulcz ważny element nowoczesnych technologii uprawy. Uprawiane dotychczas tradycyjne odmiany gorzycy białej zawierają w oleju nasion szkodliwy dla zdrowia człowieka kwas erukowy (ok. 40%) oraz charakteryzują się wysoką zawartością glukozynolanów (ok. 160  $\mu\text{M/g}$ -1 nasion), które pozostają w śrucie poekstrakcyjnej lub wytloku. W IHAR — PIB O/Poznań prowadzone są badania nad ulepszeniem składu chemicznego nasion gorzycy białej. W wyniku tych prac w 2006 roku wpisana została do KR odmiana Bamberka, pojedynczo ulepszona („0”) o zredukowanej zawartości kwasu erukowego do ok. 2% a w 2012 roku odmiana podwójnie ulepszonych („00”) Warta bez kwasu erukowego w oleju i obniżonej zawartości glukozynolanów. Aby w pełni wykorzystać nasiona gorzycy białej jako wartościowej rośliny oleisto-białkowej należy zwiększyć zawartość tłuszczu w odmianach podwójnie ulepszonych („00”) bez kwasu erukowego w oleju, a zawartość glukozynolanów powinna ulec jeszcze znacznemu obniżeniu. Równolegle należy prowadzić prace w kierunku zwiększenia plonu nasion. Taka wysokoplenna odmiana gorzycy białej „00” może być źródłem dobrego oleju spożywczego, a śruta poekstrakcyjna lub wytlók uzyskane z nasion tego typu odmiany mogą dostarczyć wartościowej paszy wysokobiałkowej.

Prace badawcze i hodowlane prowadzone nad lnem zwyczajnym (*Linum usitatissimum* L.) przyniosły na przestrzeni ostatnich 20 lat ogromny postęp. Wytworzono nowe oleiste odmiany zarówno o brązowych, jak i żółtych nasionach charakteryzujące się korzystnymi cechami gospodarczymi. Obecnie w Krajowym Rejestrze znajdują się cztery polskie oleiste odmiany lnu zwyczajnego: Szafir, Oliwin, Jantarol oraz Bukoz — wzorzec w doświadczeniach COBORU. Większość uprawianych obecnie oleistych odmian lnu zwyczajnego dostarcza oleju o typowym dla tego gatunku składzie kwasów tłuszczowych tj. kwasów tłuszczowych nasyconych: palmitynowego (około 6%) i stearynowego (około 3%) oraz nienasyconych kwasów tłuszczowych: oleinowego (16–20%), linolowego (13–18%) i  $\alpha$ -linolenowego (52–60%). Spośród olejów jadalnych, olej lniany jest

najbogatszym źródłem kwasu  $\alpha$ -linolenowego dzięki któremu posiada właściwości prozdrowotne, lecznicze i znalazł zastosowanie m.in. w przemyśle spożywczym, farmaceutycznym, paszowym oraz jako składnik suplementów diety i żywności funkcjonalnej. Poza tym olej lniany ze względu na dużą zawartość kwasu  $\alpha$ -linolenowego posiada właściwości szybko schnące i jest wykorzystywany w przemyśle chemicznym do produkcji farb, lakierów i tuszy drukarskich.

Istotnym ograniczeniem komercjalizacji oleju lnianego na szeroką skalę jest jego niska trwałość. Ze względu na wysoką zawartość nienasyconych kwasów tłuszczowych olej lniany jest wrażliwy na działanie światła i temperatury oraz może ulegać szybkim przemianom oksydacyjnym. Kwas  $\alpha$ -linolenowy jest podatny na zmiany oksydacyjne i utlenia się 20–40 razy szybciej niż kwas oleinowy i 2–4 razy szybciej niż kwas linolowy. Utlenianie kwasów tłuszczowych może skutkować niepożądanymi zmianami zapachu i smaku, obniżeniem wartości odżywczej produktu, a także powstawaniem związków szkodliwych dla zdrowia.

Dalsze prace hodowlane nad nowymi oleistymi odmianami lnu zwyczajnego prowadzone w IHAR-PIB w Poznaniu zmierzają nie tylko do zwiększenia plonu nasion ale również do poprawienia składu kwasów tłuszczowych tj. obniżenia zawartości sumy nasyconych kwasów tłuszczowych (SFA): palmitynowego i stearynowego oraz obniżenia zawartości kwasu  $\alpha$ -linolenowego. W niniejszych badaniach wyodrębniono dwie grupy genotypów cechujących się obniżoną zawartością kwasu  $\alpha$ -linolenowego od 22,9 do 37,8% i podwyższoną zawartością kwasu linolowego od 33,3 do 50,3%. Dla tych form obliczony stosunek kwasów: linolowego (omega-6) do  $\alpha$ -linolenowego (omega-3) wynosił od 1:1 do 2:1. Taki skład kwasów tłuszczowych warunkuje wyższą stabilność produktu i pożądaną wartość żywieniową. Trzecią grupę stanowią genotypy tzw. niskolinolenowe, cechujące się skrajnie obniżoną zawartością kwasu  $\alpha$ -linolenowego od 2,2 do 15,8% i podwyższoną zawartością kwasu linolowego od 52,8 do 68,6% o stosunku kwasów: linolowego (omega-6) do  $\alpha$ -linolenowego (omega-3) od 3,3:1 do 30,8:1. Tego typu skład kwasów tłuszczowych warunkuje wyższą trwałość produktu, lecz znacznie niższą wartość żywieniową.





MARCIN PRZYBYŚ<sup>1</sup>

TERESA DOROSZEWSKA<sup>1</sup>

ANDRZEJ DOROSZEWSKI<sup>1</sup>

JEAN-LOUIS VERRIER<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

<sup>2</sup> Bergerac Seed & Breeding, Bergerac, France

e-mail: dorter@iung.pulawy.pl

## Wpływ warunków pogodowych na infekcję tytoniu wirusem Y ziemniaka (PVY)

Rozwój większości chorób wirusowych roślin zależy od interakcji pomiędzy wirusami, wektorami, roślinami i środowiskiem. Wirus Y ziemniaka (*Potato virus Y*, PVY) należący do rodziny *Potyvirydae* i rodzaju *Potyvirus* poraża gatunki z rodziny psiankowatych (ziemniaki, tytoń, paprykę i pomidory) oraz wiele gatunków chwastów i roślin ozdobnych. Straty w plonach roślin uprawnych powodowane przez PVY mogą być bardzo wysokie. Zależą one przede wszystkim od istniejących źródeł odporności, populacji wirusa i jego zjadliwości oraz od warunków środowiskowych. Warunki meteorologiczne, zwłaszcza temperatura, wilgotność powietrza oraz natężenie światła mają szczególnie duże znaczenie dla infekcji i rozwoju brunatnej nekrozy nerwów liści tytoniu. Na rozprzestrzenianie się wirusa Y ziemniaka w warunkach polowych duży wpływ mają mszyce jako wektory, szczególnie *Myzus persicae* oraz warunki żerowania, podczas którego mszyce pobierają i przenoszą PVY.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu warunków pogodowych na rozwój infekcji PVY w uprawie tytoniu w Polsce. Uwzględniono średnią i kwadrat temperatury powietrza, opady atmosferyczne, wilgotność względną, liczbę dni ze średnią temperaturą powietrza powyżej 20°C i 25°C oraz interakcję pomiędzy temperaturą powietrza i opadami na rozwój infekcji PVY.

Dane meteorologiczne pozyskiwano ze stacji meteorologicznej IUNG — PIB zlokalizowanej w Puławach. Badania prowadzono w warunkach polowych w Puławach, w latach 1996–2010. Wykorzystano trzy odmiany podatne na PVY: Burley 21, K326 i NC 95. Produkcję rozsady prowadzono w paletach wielokomórkowych w szklarni. Sadzonki wysadzano w polu w pierwszej połowie maja metodą bloków kompletnie zrandomizowanych w czterech powtórzeniach, uwzględniając ogółem po 128 roślin każdej odmiany. Obserwacje objawów chorobowych powadzano co 14 dni do końca września. Weryfikację infekcji wykonywano metodą immunoenzymatyczną (DAS-

ELISA) z wykorzystaniem przeciwciał monoklonalnych. Analizy statystyczne wykonano stosując program Statistica 9.0.

Pierwsze objawy infekcji obserwowano 8 tygodni po posadzeniu roślin w polu, widoczne jako przejaśnienia nerwów, prowadzące następnie do ich nekrozy. Obserwowano wysoką i istotną zmienność pomiędzy latami pod względem występowania objawów chorobowych od 18% i 23% odpowiednio w roku 2010 i 2003 do prawie 99% w latach 1996, 2004 i 2009. Warunki meteorologiczne podczas zimy i okresu wegetacyjnego w lecie miały najwyższą korelację z liczbą zainfekowanych roślin tytoniu. Spośród czynników meteorologicznych uwzględnionych w badaniach, średnia temperatura powietrza wykazywała najbardziej ścisły związek z obserwowaną zmiennością. Temperatura powietrza zimą była pozytywnie skorelowana z frekwencją roślin zainfekowanych, natomiast obserwowano negatywną korelację pomiędzy temperaturą podczas lata i porażeniem przez PVY.

**GRAŻYNA KORBECKA-GLINKA**<sup>1</sup>

**ANNA TROJAK-GOLUCH**<sup>1</sup>

**TERESA DOROSZEWSKA**<sup>1</sup>

**SIMON GOEPFERT**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

<sup>2</sup> PMI R&D, Philip Morris Products S.A w Neuchâtel, w Szwajcarii

e-mail: gkorbecka@iung.pulawy.pl

## Wpływ introgresji pochodzącej od *Nicotiana alata* na deformacje morfologiczne linii hodowlanych tytoniu odpornych na wirus brązowej plamistości pomidora (TSWV)

Wirus brązowej plamistości pomidora (*Tomato spotted wilt virus*, TSWV) jest jednym z najbardziej destrukcyjnych wirusów dla uprawy tytoniu. Odmiana ‘Polalta’ posiada gen odporności przeniesiony z dzikiego gatunku, *Nicotiana alata*, ale użycie tej odmiany w hodowli jest ograniczone z powodu morfologicznych deformacji form mieszańcowych otrzymanych z krzyżowania z innymi odmianami. W ciągu ostatnich 10 lat, w IUNG — PIB, otrzymano z tej odmiany kilka linii hodowlanych (w tym DH3 i DH6) poprzez krzyżowanie, androgenezę oraz selekcję genotypów odpornych na TSWV. Celem niniejszych badań był opis lokalizacji introgresji od *N. alata* w genomie oraz opis efektów fenotypowych jakie ta introgresja powoduje u w/w linii hodowlanych. ‘Polaltę’, *N. alata* oraz tytoń uprawny (*N. tabacum*) poddano sekwencjonowaniu genomu a porównanie sekwencji pozwoliło na lokalizację introgresji w genomie ‘Polalty’ w rejonie 0–40 cM grupy sprzężeń nr 7. Następnie sekwencje specyficzne dla *N. alata* i *N. tabacum*, położone w tym rejonie chromosomowym, zostały użyte do zaprojektowania gatunkowo specyficznych starterów PCR w celu wykrycia obecności introgresji w liniach DH3, DH6 oraz w roślinach pokolenia F<sub>2</sub> otrzymanych z krzyżowania tych dwóch linii z WAC 121D7 — odmianą papierosową jasną o wysokiej jakości. Wyżej wymienione, gatunkowo specyficzne startery zostały użyte do genotypowania segregującej populacji F<sub>2</sub> rosnącej w warunkach polowych. Spośród 1550 roślin F<sub>2</sub>, 15,5% było homozygotami z introgresją (ALA/ALA), 51,2% było heterozygotami, i 33,1% było homozygotami bez introgresji (TOB/TOB). Tylko 3 rośliny (0,2%) będące rekombinantami wykryto w badanej populacji F<sub>2</sub>. Morfologiczne deformacje, takie jak: grube, nieregularne nerwy

i czasami także nienormalnie wąskie liście, były obserwowane w około połowie homozygot ALA/ALA oraz heterozygot (odpowiednio w 44,4% i 52,4% roślin). Natomiast, tylko 26,3% homozygot TOB/TOB wykazywało takie deformacje. Dlatego, jest prawdopodobne, że introgresja pochodząca od *N. alata* zawiera czynnik genetyczny, który ma negatywny wpływ na morfologię form mieszańcowych.

**MAŁGORZATA PODWYSZYŃSKA**  
**AGATA BRONIAREK-NIEMIEC**  
**AGNIESZKA WOJTANIA**  
**KRZYSZTOF KLAMKOWSKI**  
**AGNIESZKA MARASEK-CIOŁAKOWSKA**  
**JOANNA PUŁAWSKA**

Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

e-mail: Malgorzata.Podwyszynska@inhort.pl

## Ocena fenotypowa autotetraploidów jabłoni ze szczególnym uwzględnieniem podatności na porażenie przez *Venturia inaequalis* i *Erwinia amylovora* \*

Jednym z ważnych źródeł zmienności dla hodowli, w Polsce niedocenianym, jest proces poliploidyzacji. Poliploidy — genotypy o zwielokrotnionej liczbie chromosomów są szeroko wykorzystywane w programach hodowlanych wielu roślin użytkowych, gdyż charakteryzują się bujnym wzrostem, większymi rozmiarami organów, np. kwiatów, owoców, mniejszą liczbą kwiatów w kwiatostanie, czasem krótszymi pędami i bardziej zwartym pokrojem, wyższą zawartością chlorofilu, późniejszym kwitnieniem oraz zwiększonymi zdolnościami adaptacyjnymi na stresowe czynniki biotyczne (patogeny i szkodniki) i abiotyczne (np. deficyt wody w podłożu). W naszym kraju jabłoń jest najważniejszym gatunkiem sadowniczym uprawianym na dużą skalę. Wielkim zagrożeniem dla sadów jabłoniowych są choroby grzybowe i bakteryjne. Spośród chorób grzybowych jabłoni duże straty w plonie powoduje parch jabłoni wywołany przez *Venturia inaequalis*. Z kolei najpoważniejszą chorobą bakteryjną jest zaraza ogniowa, powodowana przez *Erwinia amylovora*. Bakteria ta ma status organizmu kwarantannowego w materiale rozmnożeniowym roślin żywicielskich. W związku z brakiem skutecznych środków ochrony przeciwko zarazie ogniowej niezwykle istotnym jest wprowadzenie do produkcji odmian o zmniejszonej podatności na tego patogena. Z kolei regulacje prawne oraz informacje o przełamywaniu genetycznie uwarunkowanej odporności na choroby takie jak parch czy mączniak skłaniają do poszukiwania nowych

---

\* Badania finansowane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej (MRiRW, zad. 70)

metod uzyskiwania odmian jabłoni o bardziej ustabilizowanej odporności a jednocześnie o wysokich walorach produkcyjnych.

W pierwszych latach realizacji badań opracowano metodę poliploidyzacji *in vitro* jabłoni, w wyniku której uzyskano tetraploidy 6 odmian. Należy zaznaczyć, że są to pierwsze tetraploidy jabłoni uzyskane w kraju. Dokonano też wstępnej oceny fenotypowej i genetycznej uzyskanych tetraploidów.

Celem prezentowanego zakresu badań jest ocena wielkości i charakteru zmian fenotypowych jakie pojawiły się u autotetraploidów oraz ocena tych zmian pod względem użytkowym, zwłaszcza odporności na ww. groźne choroby jabłoni.

Do badań wykorzystano tetraploidy 6 odmian: 'Free Redstar', 'Gala Must', 'Pinova', 'Redchief', 'Sander' i 'Co-op 32'. Ich fenotyp oceniano w odniesieniu do diploidalnych odmian wyjściowych. W przypadku oceny stopnia odporności na choroby, w testach dodatkowo stosowano odmiany referencyjne o dużej wrażliwości na badane choroby 'Idared' i 'Lobo'.

W naszych badaniach, podwojenie liczby chromosomów spowodowało wyraźną zmianę fenotypu. Korelacja pomiędzy zwielokrotnieniem liczby chromosomów a wartościami kilku cech morfologicznych była ujemna. W porównaniu z diploidami, nowo otrzymane autotetraploidy miały krótsze pędy i mniejsze liście o zmienionym kształcie. Jednak zawartość chlorofilu w liściach była znacząco wyższa, także wydajność fotosyntezy i fluorescencja były zwiększone w roślinach autotetraploidalnych.

Podatność na parcha jabłoni oceniano w doświadczeniu szklarniowym prowadzonym na uzyskanych 5–6 miesięcznych i 1-roczych tetraploidach. Rośliny inokulowano zawiesiną zarodników *V. inaequalis* o koncentracji ok.  $10^5$  zarodników/ml, uzyskaną w wyniku zmywania zarodników z silnie porażonych liści jabłoni pobranych z sadu. Po inokulacji rośliny umieszczano na 48 godzin w warunkach sprzyjających infekcji (98–100% wilgotności względnej powietrza i temperaturze 20–25°C). Po tym czasie rośliny przenoszono do standardowych warunków szklarniowych (temperatura 18–25°C). Ocena porażenia liści została przeprowadzona po 4 tyg. od inokulacji przy użyciu 6-stopniowej skali od 0 (brak objawów porażenia) do 5 (75,0% powierzchni liścia zajętej przez grzyb). Wykazano, że spośród diploidalnych odmian wybranych do poliploidyzacji, mniej podatne na porażenie przez *V. inaequalis* okazały się 'Free Redstar', 'Redchief' i 'Pinova', dla których porażenie według skali bonitacyjnej wyniosło od 2,8 do 3,7. Należy zaznaczyć, że mniejsza podatność na parcha jabłoniowego odmian 'Pinova' i 'Free Redstar' warunkowana jest obecnością genów *Vf* (*Rvi6*), *Vr* (*Rvi15*), *Vbj* (*Rvi11*) i *Vm* (*Rvi 5*). Bardziej podatne okazały się odmiany 'Gala Must' i 'Sander' (stopień porażenia powyżej 4,8). Spośród 25 testowanych tetraploidalnych klonów badanych odmian, wykryto 8 klonów, które okazały się istotnie mniej podatne na parcha w porównaniu do odmian wyjściowych (stopień porażenia pędów wynosił od 0 do 0,8). Obniżoną podatność obserwowano u tetraploidalnych klonów następujących odmian: 'Free Redstar' (wszystkie 4 badane klony), 'Pinova' (2 klony spośród 7), 'Redchief' (1 klon spośród 6) i 'Sander' (1 spośród 6). W przypadku odmiany 'Free Redstar', tetraploidy testowano dwukrotnie w 2017 i 2018 r. i w żadnym z testów nie stwierdzono objawów porażenia w

przeciwnie do roślin diploidalnych, których stopień porażenia w 2017 r. wynosił 1,5 a w 2018 — 3,7.

Ocenę podatności uzyskanych tetraploidów jabłoni na porażenie przez *Erwinia amylovora* wykonano przy użyciu wcześniej opracowanego testu *in vitro*. Wykorzystano wyizolowany z jabłoni szczep *E. amylovora* nr 659 o średniej wirulencji. Użyto pędów o długości 4–5 cm, które inokulowano bakteriami poprzez usunięcie wierzchołka pędu skalpelem zanurzonym w inokulum (105 bakterii w mililitrze). Następnie pędy inkubowano *in vitro* na standardowej pożywce do namnażania pędów, w fitotronie, w warunkach standardowych dla tego gatunku. Stopień porażenia pędów oceniano wg skali bonitacyjnej: od 0 (brak objawów porażenia) do 4 (całkowita nekroza pędu i liści). Obserwacje wykonywano w tygodniowych odstępach przez 6 tygodni. Spośród 17 testowanych klonów tetraploidalnych sześciu odmian wykryto w sumie siedem klonów o istotnie mniejszym stopniu porażenia pędów w porównaniu do diploidalnych odmian wyjściowych oraz odmiany referencyjnej ‘Lobo’. Istotnie mniejszą podatnością na *E. amylovora* charakteryzowały się tetraploidalne klony 3 odmian: ‘Free Redstar’ (2 klony spośród 4 testowanych), ‘Pinova’ (wszystkie 3 testowane klony) i ‘Redchief’ (2 spośród 4). U pozostałych odmian klony tetraploidalne nie różniły się istotnie pod względem porażenia pędów przez *E. amylovora* od pędów odmian wyjściowych.

Wiele doniesień dotyczących różnych gatunków roślin uprawnych wskazuje, że tetraploidy są bardziej odporne na choroby w porównaniu do swoich diploidalnych odpowiedników. Autorzy przypisują to podwojeniu liczby genów (w tym wypadku odporności na patogeny) na skutek poliploidyzacji. To może tłumaczyć uzyskanie klonów tetraploidalnych o niższym stopniu podatności na *V. inaequalis* czy *E. amylovora* w porównaniu do genotypów diploidalnych. W naszych badaniach ocenę podatności na patogeny wykonano w testach szklarniowych (*V. inaequalis*) oraz *in vitro* (*E. amylovora*). Aby uwiarygodnić wyniki przeprowadzonej oceny wskazane jest powtórzenie testów w kolejnych latach badań, a w przyszłości potwierdzenie wyników poprzez obserwację podatności na badane patogeny w warunkach uprawy roślin tetraploidalnych w sadzie.





LIDIA BŁASZCZYK<sup>1</sup>  
NATALIA WITASZAK<sup>1</sup>  
ANETA BASIŃSKA-BARCZAK<sup>1</sup>  
ŁUKASZ MARCZAK<sup>2</sup>  
ANETA SAWIKOWSKA<sup>1</sup>  
DAWID PERLIKOWSKI<sup>1</sup>  
ARKADIUSZ KOSMALA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

<sup>2</sup> Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań  
e-mail: lgol@igr.poznan.pl

## Reakcja roślin pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez grzyby *Trichoderma*\*

*Trichoderma* (teleomorfa *Hypocrea*) jest dobrze przebadanym rodzajem grzybów, do którego obecnie zalicza się ponad 200 gatunków. Grzyby z rodzaju *Trichoderma* charakteryzują się szerokim występowaniem we wszystkich strefach klimatycznych, a ich najczęstszym siedliskiem jest gleba i próchniejące drewno. W ryzosferze gatunki *Trichoderma* zasiedlają zarówno zewnętrzne warstwy korzeni roślin i drzew, mają zdolność do wnikania i kolonizacji wewnątrz korzeni lub występują w formie endofitów. Dotychczasowe badania pokazują, iż obecności grzybów *Trichoderma* w ryzosferze i tkankach roślin może prowadzić do zwiększonej odporności roślin na stresy biotyczne i abiotyczne, a także do stymulacji wzrostu i rozwoju roślin oraz wydajniejszego ich plonowania. Jednakże brak jest dostatecznej wiedzy na temat molekularnych podstaw interakcji roślina — *Trichoderma*. Co więcej, nie podjęto do tej pory kompleksowych prac związanych z oddziaływaniem roślin pszenicy z tymi grzybami. Poznanie podstaw reakcji roślin pszenicy może natomiast w dalszej perspektywie przyczynić się do prowadzenia bardziej świadomych działań w kierunku wykorzystywania *Trichoderma* jako czynników kontroli biologicznej i opracowywania biopreparatów nowej generacji, które mogłyby być wykorzystywane w praktyce hodowlanej pszenicy.

---

\* Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projektu badawczego OPUS 10, nr 2015/19/B/NZ9/03083, tytuł: „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*”.

Celem prezentowanych badań było określenia zmian morfologicznych, anatomicznych, fizjologicznych oraz zmian na poziomie proteomu i metabolomu u roślin pszenicy powstałych w wyniku kolonizacji korzeni przez dwa gatunki *Trichoderma*.

W badaniach wykorzystano dwie odmiany pszenicy (jarą Bombona i ozimą Legenda) oraz dwa szczepy *Trichoderma*: *Trichoderma atroviride* AN35 i *Trichoderma cremeum* AN392, wyizolowane z różnych biotopów w Polsce i wchodzące w skład kolekcji własnej IGR PAN. Szczep *T. cremeum*, został uznany za efektywnego producenta enzymów celulolitycznych i ksylanolitycznych, natomiast szczep *T. atroviride* charakteryzuje się wydajną produkcją metabolitów lotnych (w tym metabolitów o działaniu antygrzybowym) i enzymów glukanolitycznych oraz wysokim potencjałem antagonistycznym względem toksynotwórczych gatunków: *Fusarium culmorum*, *Fusarium graminearum* i *Fusarium avenaceum*. Doświadczenia przeprowadzono w warunkach kontrolowanych — laboratoryjnych i polowych. W celu określenia wpływu szczepów *Trichoderma* na morfologię, anatomię i fizjologię roślin pszenicy analizowano parametry wzrostu, plonu ziarna, parametry fluorescencji chlorofilu, jak również wykonano mikroskopowe obserwacje zmian anatomicznych w korzeniach i liściach roślin pszenicy z wykorzystaniem mikroskopu świetlnego oraz skaningowego mikroskopu elektronowego (SEM). Analizy zmian w profilach białek w korzeniach i liściach siewek pszenicy w wyniku inokulacji szczepami *Trichoderma* przeprowadzono z wykorzystaniem metod spektrometrii mas. Natomiast zmiany w metabolomie siewek pszenicy w wyniku interakcji ze szczepami *Trichoderma*, określano za pomocą wysoko-przepustowych metod spektrometrii mas i chromatograficznych, w dwóch systemach: HPLC-ESI-MSn i UPLC-HESI-MS/MS.

Wstępna analiza zmian morfologicznych, anatomicznych, fizjologicznych, proteomicznych i metabolomicznych wskazuje na brak jednoznacznej reakcji roślin pszenicy na grzyby *Trichoderma*, co może świadczyć, że zachodzące w roślinach zmiany zależą zarówno od gatunku/szczepu *Trichoderma* jak i od odmiany pszenicy. Poznanie podstaw reakcji roślin pszenicy może w dalszej perspektywie przyczynić się do prowadzenia bardziej świadomych działań w kierunku wykorzystywania *Trichoderma* jako czynników kontroli biologicznej i opracowywania biopreparatów nowej generacji, które mogłyby być wykorzystywane w praktyce hodowlanej pszenicy.

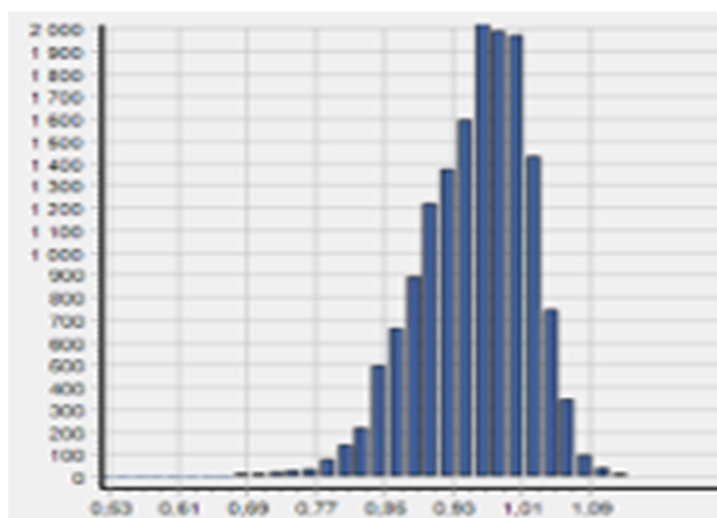
**JERZY KORONCZOK**

Agrocom Polska, ul. Strzelecka 47, 47-120 Żędowice  
e-mail: koroncok@agrocompolska.pl

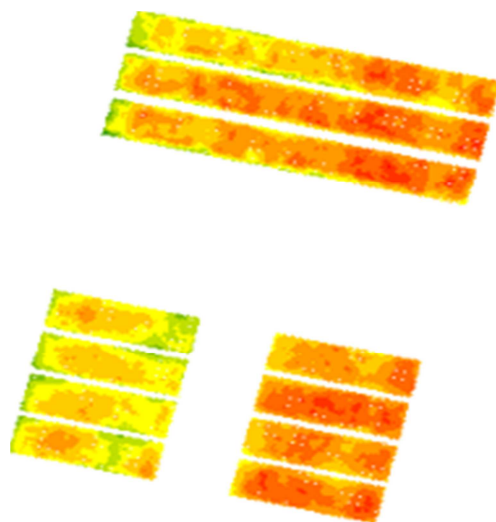
## Innowacyjne niskopułapowe teledetekcyjne metody zwiększenia komfortu prowadzenia prac w hodowli i doświadczalnictwie roślin uprawnych

Hodowla i doświadczalnictwo roślin są prowadzone w naturalnych warunkach polowych, które są bardzo zmienne przestrzennie. Bardzo znaczący wpływ na wyniki doświadczeń ma zmienność glebowa. Zróżnicowane przestrzennie warunki glebowe mogą determinować lokalizację bloków doświadczeń. Teledetekcyjne metody pozyskiwania informacji pozwalają na precyzyjne określenie struktury gleby na czterech poziomach, występowanie podeszwy płużnej, wilgotności względnej — to jest cech istotnych przy wyborze lokalizacji doświadczeń. Podczas wegetacji roślin niskopułapowe metody teledetekcyjne (za pomocą dronów) pozwalają na bezinwazyjne, precyzyjne oraz wydajne, prawie jednoczesne pomiary szeregu cech wegetacyjnych jak również wielu cech morfologicznych roślin. Dzięki zastosowaniu precyzyjnych technik pozycjonowania oraz kamer i sensorów o różnych zakresach działania uzyskuje się obiektywne i dokładne informacje np. o wartościach indeksów odżywienia azotowego roślin, o indeksach biomasy w formacie 2D oraz bardzo precyzyjną chmurę punktów 3D (numeryczny model pokrycia terenu) poszczególnych obiektów doświadczalnych przedstawioną w zakresie widzialnym RGB. Poprzez stworzenie chmury punktów 3D powstaje możliwość bezinwazyjnych analiz np. wysokości roślin doświadczalnych w gęstości przekraczającej 1000 punktów pomiarowych na metr kwadratowy obiektu doświadczalnego.

**Słowa kluczowe:** hodowla roślin, teledetekcja, niskopułapowe, dron, 2D, 3D, numeryczny model pokrycia terenu.



Rys. 1. Zróżnicowane indeksy wegetacyjne wewnątrz obiektów doświadczalnych



Rys. 2. Rozkład wysokości punktów pomiarowych [m] wewnątrz pojedynczego obiektu doświadczalnego (12 m.kw.)

**ANNA SZAFRAŃSKA**

Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. Wacława Dąbrowskiego w Warszawie  
Zakład Przetwórstwa Zbóż i Piekarstwa, ul. Rakowiecka 36, 02-532 Warszawa

## Zróżnicowanie wartości technologicznej ziarna pszenicy ze zbiorów kolejnych pięciu sezonów wegetacyjnych w różnych rejonach Polski

Wartość technologiczna ziarna pszenicy zapisana jest genetycznie jako cecha odmianowa ale w dużej mierze kształtowana jest przez warunki siedliskowe i czynniki agrotechniczne podczas wegetacji rośliny oraz dojrzewania i zbioru ziarna. Warunki klimatyczne Polski pozwalają na uprawę pszenicy na terenie całego kraju. Występują jednak pewne różnice odmianowe tak w obrębie całego gatunku, jak również ze względu na formę jarą i ozimą.

Zakład Przetwórstwa Zbóż i Piekarstwa Instytutu Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. Wacława Dąbrowskiego w Warszawie (ZPZiP IBPRS) w latach 1993-2014 realizował badania dotyczące oceny wartości technologicznej ziarna pszenicy ze zbiorów danego roku. Ocena podstawowych cech jakościowych przeprowadzana była na dużej liczbie próbek ziarna pszenicy (co najmniej 500 próbek rocznie) pochodzących z towarowej produkcji rolniczej. Celem realizowanej pracy było określenie zróżnicowania wartości technologicznej ziarna pszenicy, na podstawie m.in.: zawartości białka i liczby opadania, w zależności od roku zbioru ziarna, formy pszenicy, odmiany (w tym m.in. Tonacja, Muszelka i Bogatka) oraz rejonu klimatyczno-uprawowego, z którego pochodziły badane próbki ziarna. Przedstawione wyniki dotyczą łącznie 3240 próbek badanych w pięciu kolejnych sezonach wegetacyjnych: 2009/2010–2013/2014.

Badania dotyczące wstępnej oceny wartości technologicznej ziarna pszenicy realizowane w ZPZiP IBPRS wykazały, że zawartość białka w ziarnie pszenicy pochodzącym z sezonów wegetacyjnych 2009/2010-2013/2014 zbieranym w omawianym okresie w Polsce kształtowała się w zakresie od 8,6 do 19,0 % s.m. Stwierdzono znaczne zróżnicowanie tego wskaźnika w kolejnych sezonach wegetacyjnych oraz w poszczególnych sześciu rejonach klimatyczno-uprawowych ustalonych przez COBORU a także u badanych formy pszenicy (tab. 1). Ziarno pszenicy formy jarej wykazuje na ogół wyższą (o ok. 1% s.m.) średnią zawartość białka niż ziarno formy ozimej, co obrazują średnie zawartości białka w ziarnie tych form pszenicy, przedstawione w tabeli 1.

Tabela 1

**Średnie zawartości białka (Nx5,7) (% s.m.) w ziarnie pszenicy z sezonów wegetacyjnych 2009/2010-2013/2014 w zależności od formy pszenicy i rejonu klimatyczno-uprawowego**

Sezon wegetacyjny	Ziarno pszenicy ogółem	Forma pszenicy		Ziarno pszenicy z danego rejonu klimatyczno-uprawowego					
		ozima	jara	I	II	III	IV	V	VI
2009/2010	12,7±1,44	12,6	13,6	13,4	13,1	12,7	12,7	12,4	12,2
2010/2011	12,9±1,52	12,6	13,6	13,5	13,6	13,6	12,8	12,2	12,0
2011/2012	13,6±1,60	13,2	14,2	14,0	13,0	13,8	14,2	13,4	12,5
2012/2013	13,0±1,40	13,1	12,8	12,9	12,8	13,2	13,0	12,7	12,9
2013/2014	12,1±1,57	12,0	13,3	12,3	12,4	12,1	12,2	11,9	11,3

\* - ± odchylenie standardowe

Niekorzystne warunki pogodowe w początkowych fazach wzrostu pszenicy jarej, gdy forma ozima jest już na zupełnie innym etapie rozwoju, mogą spowodować sytuację odmienną, jaką obserwowano w przypadku ziarna pszenicy zebranego w 2013 roku (tab. 1). Ziarno obydwu form pszenicy wykazało praktycznie taką samą średnią zawartość białka (różnica to +0,3% s.m. na korzyść formy ozimej).

W przemyśle zbożowo-młynarskim i piekarskim, stan aktywności enzymów amylo-litycznych ziarna określany jest najczęściej poprzez oznaczanie liczby opadania. Wyróżnik ten informuje pośrednio także o przydatności przechowywanej ziarna. Wyniki badań zrealizowanych w ZPZiP IBPRS wykazały, że liczba opadania w ziarnie pszenicy zbieranym w omawianych sezonach wegetacyjnych w Polsce kształtowała się w zakresie od 62 do 500 s. Stwierdzono istotne zróżnicowanie liczby opadania w zależności od roku zbioru ziarna oraz rejonu klimatyczno-uprawowego ale nie stwierdzono znaczącego zróżnicowania poziomu wartości tego wskaźnika w zależności od formy pszenicy (tab. 2).

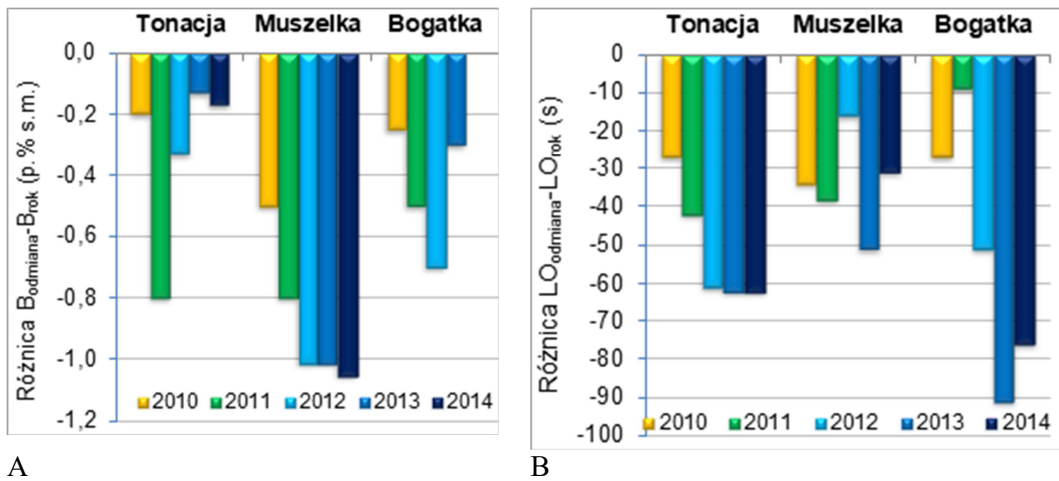
Tabela 2

**Średnie wartości liczby opadania (s) w ziarnie pszenicy z sezonów wegetacyjnych 2009/2010-2013/2014 w zależności od formy pszenicy i rejonu klimatyczno-uprawowego**

Sezon wegetacyjny	Ziarno pszenicy ogółem	Forma pszenicy		Ziarno pszenicy z danego rejonu klimatyczno-uprawowego					
		ozima	jara	I	II	III	IV	V	VI
2009/2010	249±108	247	257	235	344	244	235	285	218
2010/2011	196±92	180	181	189	209	194	184	246	125
2011/2012	308±79	312	297	290	279	290	298	338	336
2012/2013	359±64	352	390	389	372	350	354	374	335
2013/2014	362±71	362	363	393	376	384	358	346	292

± odchylenie standardowe

Ozime odmiany: Tonacja, Muszelka i Bogatka badane w ZPZiP IBPRS w omawianych sezonach wegetacyjnych charakteryzowały się niższymi średnimi zawartościami białka (rys. 1A) i liczby opadania (rys. 1B) niż wartości średnie obliczone dla danego roku dla wszystkich badanych próbek ziarna pszenicy.



A

B

**Rys. 1. Ocena jakości ziarna pszenicy odmian ozimych: Tonacja, Muszelka i Bogatka, na tle oceny ziarna pszenicy ogółem w danym sezonie wegetacyjnym przy uwzględnieniu zawartości białka (A) oraz liczby opadania (B). Na osiach pionowych: różnice między średnią zawartością parametru obliczoną dla ziarna pszenicy ogółem w Polsce oraz średnią tego parametru dla ziarna danej odmiany**





## SESJA 1

## PLAKATY

# INNOWACYJNE TECHNIKI I METODY W HODOWLI ROŚLIN



**BEATA BAKERA**<sup>1</sup>  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**<sup>1</sup>  
**PAWEŁ KRAJEWSKI**<sup>2</sup>  
**MONIKA MOKRZYCKA**<sup>2</sup>  
**MAGDALENA SZELIGA**<sup>3</sup>  
**MIROŚLAW TYRKA**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

<sup>3</sup> Politechnika Rzeszowska

e-mail: beata\_bakera@sggw.pl

## Analiza struktury genetycznej populacji składającej się z 510 form pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem markerów SSR i SNP\*

Obecnie w rolnictwie jest duże zapotrzebowanie na nowe, heterozyjne odmiany pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.), które zapewniają wyższe plony niż odmiany tradycyjne. Jednym z kryteriów doboru komponentów rodzicielskich mieszańców F<sub>1</sub> jest jak największy dystans genetyczny (GD). Prezentowane badania miały na celu opisanie struktury genetycznej populacji 510 form pszenicy zwyczajnej (odmian oraz materiałów hodowlanych pochodzących z dwóch polskich firm hodowlano-nasiennych) na podstawie genotypowania markerami SSR oraz SNP.

*Analizy SSR.* DNA badanych form wyizolowano metodą CTAB. Przeprowadzono elektroforezę kapilarną w aparacie Genetic Analyser 3500 z użyciem 17 par starterów SSR podzielonych na trzy multipleksy. Przy analizie wyników zastosowano program GeneMapper. W zależności od pary starterów liczba alleli wyniosła od 3 do 20.

*Analizy SNP.* DNA izolowano metodą Milligana. Otrzymano dane dotyczące 50929 markerów typu DArT oraz 33135 markerów DArT-seq. Markery filtrowano ze względu na częstość rzadszych alleli oraz liczbę obserwacji brakujących.

Na podstawie danych SSR i DArT-seq oceniano współczynniki heterozygotyczności markerów i form, które w większości przypadków nie przekraczały, odpowiednio, 0,1 i 0,2. Za pomocą narzędzia Structure, poprzez analizę składowych głównych oraz analizę

\* Finansowanie - BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017

skupień oceniano i wizualizowano strukturę populacji. Porównano ocenę struktury wynikającą z różnych typów danych markerowych. Przeanalizowano przydatność różnych metod oceny GD do wyboru komponentów rodzicielskich.

**BOŻENA DENISOW**<sup>1</sup>  
**MONIKA STRZAŁKOWSKA-ABRAMEK**<sup>1</sup>  
**ERNEST STAWIARZ**<sup>1</sup>  
**JACEK JACHUŁA**<sup>1</sup>  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**<sup>2</sup>  
**STEFAN STOJAŁOWSKI**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

<sup>2</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

<sup>3</sup> Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

e-mail: bozena.denisowa@lublin.pl

## Charakterystyka kwitnienia i pylenia 12 genotypów pszenicy (*Triticum aestivum* L.) w roku 2018\*

W hodowli heterozyjnej pszenicy, która jest gatunkiem samopylnym, bardzo istotne jest znalezienie form ojcowskich o odpowiednich parametrach i właściwościach pyłku. W doświadczeniu prowadzonym w roku 2018 w ramach projektu HYBRE — Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej testowano 12 odmian/linii pszenicy ozimej, w celu określenia ich wydajności pyłkowej. Nasiona odmian/linii pszenicy wysiano w październiku na poletka doświadczalne zlokalizowane na terenie Ogrodu Botanicznego UMCS w Lublinie.

Potencjał pyłkowy odmian i linii określano wykorzystując metodę eterowo-wagową (Denisow, 2011). Pylniki w fazie przed pękaniem woreczków pyłkowych ekstrahowano z kwiatów i umieszczano w cylinderkach. Pyłek z pylników wyplukiwano eterem oraz alkoholem etylowym. Następnie oddzielano tkanki pylników od pyłku i ustalano suchą masę pylników i pyłku.

Odmiany i linie pszenicy charakteryzowały się wczesnorannym rytmem otwierania kwiatów oraz pylenia. Stwierdzono, że najwięcej pylników (ok. 50–80%) uwalnianych jest do godziny 12.00, ze szczytem ok. godziny 5.30. Pomiędzy 12.00-17.00 proces pylenia ustaje całkowicie, a od godziny 17.00 obserwuje się ponownie otwieranie pylników, ale mniej intensywne. Najwięcej kwiatów w kłoskach, uwalniających pręciki znajduje się w środkowej części kłosa. Średnio występuje 9,04 pręcików w kłosku oraz

---

\* Badania zrealizowano ze środków NCBiR w ramach projektu Biostrateg III, HYBRE Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej; BIOSTRATEGIII/343665/6/NCBR/2017

196,4 pręcików w jednym kłosie. Genotypy pszenicy różnią się efektywnością wyrzucania pylników, która waha się od 9,02% do 54,7%. Masa pyłku dostępnego do zapylania różni się pomiędzy odmianami i liniami i wynosi u najmniej efektywnych 0,54 mg/kłos, a u najbardziej efektywnych 147 mg/kłos.

**AGNIESZKA DOBRZYCKA**<sup>1</sup>  
**JOANNA WOLKO**<sup>1</sup>  
**JAN BOCIANOWSKI**<sup>2</sup>  
**IWONA BARTKOWIAK-BRODA**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych  
e-mail: a.m.dobrzycka@gmail.com

## Analiza wielowymiarowa linii DH, mieszańców pojedynczych i trójliniowych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) pod względem wybranych cech

Ze względu na duży popyt i wszechstronne zastosowanie nasion rzepaku, będących źródłem oleju wykorzystywanego na cele spożywcze i przemysłowe oraz białka paszowego, zapotrzebowanie na nasiona tej rośliny ciągle rośnie. Programy hodowlane skupiają się głównie na wytwarzaniu odmian o wysokim plonie nasion. Jednym ze sposobów na zwiększenie plonu jest hodowla odmian mieszańcowych. Dobór genotypów rodzicielskich o korzystnych wartościach wielu cech oraz ocenę ich zróżnicowania ułatwia charakterystyka wielocechowa. Wykorzystuje się w tym celu statystyczne metody wielowymiarowe, np. analiza składowych głównych, czy analiza zmiennych kanonicznych, które pozwalają na uproszczenie wielocechowych porównań obiektowych.

Celem pracy była wielowymiarowa charakterystyka zmienności ośmiu cech mieszańców pojedynczych, trójliniowych oraz form rodzicielskich tych mieszańców za pomocą metody analizy zmiennych kanonicznych opartej na modelu wielowymiarowej analizy wariancji dla obserwowanych cech. Materiał roślinny, na którym prowadzono badania obejmuje 182 obiekty: 60 linii DH, 60 mieszańców pojedynczych F<sub>1</sub> (CMS×DH), 60 mieszańców trójliniowych (CMS/DH×Rfo), oraz 2 linie rodzicielskie użyte do otrzymania tych mieszańców (linia męskosterylna CMS *ogura* i linia z genem restorerem Rfo). Doświadczenia polowe prowadzono przez dwa sezony wegetacyjne w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Badany materiał został scharakteryzowany fenotypowo pod względem cech takich jak: wczesność i długość kwitnienia, wysokość roślin, liczba rozgałęzień na roślinie, liczba łuszczyń na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyźnie, masa tysiąca nasion.



Na podstawie ocenionych cech fenotypowych wyliczono zmienne kanoniczne oraz wyznaczono odległości Mahalanobisa dla badanych obiektów. Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniają w sumie 50,38% ogólnej zmienności ( $V1 = 33,92\%$  i  $V2 = 16,46\%$ ). W układzie tych zmiennych najbardziej zróżnicowane były linie DH, chociaż większość z nich znajdowała się na wykresie po lewej stronie osi  $V2$ . Mieszańce  $CMS \times DH$  umiejscowiły się w centrum układu, natomiast mieszańce  $CMS/DH \times Rfo$  — po prawej stronie osi  $V2$ . Na prezentowanym posterze przedstawione zostaną także minimalne i maksymalne wartości dystansu fenotypowego dla wszystkich badanych genotypów ( $min = 0,479$ ;  $max = 7,791$ ), także z uwzględnieniem podziału na wartości obserwowane w obrębie poszczególnych grup obiektów oraz pomiędzy tymi grupami. Stwierdzono większe zróżnicowanie badanych obiektów pomiędzy grupami niż wewnątrz nich.

**MARIOLA DREGER**  
**TOMASZ WRÓBEL**  
**MILENA SZALATA**  
**MAŁGORZATA GÓRSKA-PAUKSZTA**  
**GRAŻYNA MAŃKOWSKA**  
**MARCIN OŻAROWSKI**  
**KAROLINA WIELGUS**

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Zakład Biotechnologii  
ul. Wojska Polskiego 71b, 60-630 Poznań  
e-mail: mariola.dreger@iwnirz.pl

## Zastosowanie mikropropagacji w celu otrzymania i selekcji genotypów konopi włóknistych o potencjale medycznym\*

Konopie (*Cannabis sativa* L.) są coraz szerzej wykorzystywane do celów medycznych, a postępowi badań w tej dziedzinie towarzyszy ciągły wzrost popytu na surowiec o określonym profilu kannabinoidów. Ograniczenia uprawy tych roślin, wynikające z obostrzeń prawnych, pociągają za sobą nacisk na selekcję odmian pozbawionych działania psychotycznego, warunkowanego zawartością THC, a bogatych w inne kannabinoidy o znaczeniu medycznym jak np.: kannabidiol (CBD). Dlatego konieczne jest wdrożenie nowoczesnych technologii w programy hodowlane nowych, ulepszonych odmian konopi o potencjale farmaceutycznym. Zastosowanie mikropropagacji umożliwia wydajne namnażanie genotypów roślin o pożądanych cechach w ściśle kontrolowanych warunkach. Celem badań jest opracowanie wydajnego protokołu mikropropagacji wybranych genotypów konopi siewnych do otrzymywania wysokiej jakości materiału rozmnożeniowego, a w dalszej perspektywie uzyskania nowych odmian o potencjale medycznym.

Obiektem badawczym były dwie krzyżówki konopi siewnych. Nasiona do incjacji kultur pochodziły z Banku Genów Instytutu Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich. Epikotyle sterylnych siewek wykładano na pożywkę ½ MS z kwasem 3-indoliloctowym IAA (0,5 mg/l) w celu regeneracji pędów. Gdy pędy były dobrze wykształcone (wiek ok.

---

\* Badania sfinansowano ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu nr: INNOMED/I/11/NCBR/2014 oraz programu wieloletniego Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (RM 171/2017).

3 tygodni) odcinano wierzchołek pędu by pobudzić pąki kątowe do wzrostu i otrzymać pędy boczne. Odciętą część wierzchołkową dzielono na eksplantaty: wierzchołek pędu (WP) i odcinki węzłowe (OW), po czym wykładano na pożywkę ukorzeniającą. Pozostałą część pędu dalej inkubowano przez następne 2–3 tygodnie do otrzymania nowych pędów bocznych. Zregenerowane pędy boczne cięto ponownie, zliczając indywidualnie z każdego pędu liczbę eksplantatów wtórnych: WP i OW. Eksplantaty umieszczano pojedynczo w pojemnikach zawierających pożywkę ukorzeniającą. Kultury pasażowano w odstępach 3–4 tygodni. Warunki prowadzenia kultur: temperatura: 25°C; fotoperiod 16h/8 h; natężenie światła: 80–120  $\mu\text{mol/s/m}^2$ . Zregenerowane rośliny w wieku 3 tygodni oceniano pod względem: przeżywalności (%), ukorzenia (%), wysokości pędu (cm) i liczby korzeni. Ukorzone rośliny o wysokości około 2 cm i prawidłowo rozwiniętym systemie korzeniowym aklimatyzowano do warunków *ex vitro*.

Dotychczas otrzymano 32 genotypy konopi. Średnia wydajność metody namnażania oscylowała w granicach od 5,4 do 7,9 eksplantatów w przeliczeniu na jeden pęd i była zależna od genotypu. Wydajność zastosowanej metody liczona dla wszystkich linii wynosiła  $6,6 \pm 2,35$  SD eksplantatów w przeliczeniu na jeden pęd. Przeżywalność eksplantatów była wysoka i wynosiła od 98% do 100%. Odsetek ukorzonych pędów wynosił od 57% do 69%. Zauważono znaczne różnice w regeneracji obu typów eksplantatów (WP i OW), prawidłowość ta dotyczyła wszystkich linii, niezależnie od genotypu. Niemal dwukrotnie więcej eksplantatów WP niż OW ukorzeniało się i formowało większą liczbę korzeni (72% versus 45%; 79% versus 39%; 80% versus 59%). Średnia wysokość pędów zregenerowanych z WP była ok. 2-krotnie wyższa od pędów zregenerowanych z OW. Zaobserwowano różnice osobnicze (między genotypami) odnośnie regeneracji i tempa wzrostu zarówno pędu jak i korzeni (przeciętnie od 2 do 4 tygodni). Przeżywalność roślin po aklimatyzacji do warunków *ex vitro* wynosiła 100%, a do warunków hali wegetacyjnej 85%.

Wprowadzenie modyfikacji metody mikrorozmnażania poprzez odcinanie wierzchołka pędu pozwoliło na regenerację pędów bocznych, a przez to: zwiększenie całkowitej liczby eksplantatów, w tym 3-krotne zwiększenie liczby wierzchołków pędów, które lepiej się ukorzeniały i regenerowały pędy. Umożliwiło to namnażanie linii i otrzymanie zaaklimatyzowanych roślin, z których pobrano próby do oceny zawartości kannabinoidów.

#### LITERATURA

- Wróbel T, Dreger M, Wielgus K, Słomski R. 2018. The application of plant *in vitro* cultures in cannabinoid production. *Biotechnol Lett.*;40 (3): 445 — 454.
- Murashige T., Skoog F. 1962. A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. *Physiol. Plant* 15: 473 — 497.

**KINGA DZIURKA**  
**MICHAŁ DZIURKA**  
**ILONA CZYCYŁO-MYSZA**  
**KAMILA KAPŁONIAK**  
**IZABELA MARCIŃSKA**  
**ANGELIKA NOGA**  
**MARZENA WARCHOŁ**  
**EDYTA SKRZYPEK**

Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Kraków  
e-mail: k.dziurka@ifr-pan.edu.pl

## Czy kwas 4-chloro-indolilo-3-octowy może być hormonem śmierci w organach generatywnych owsa?\*

Termin „hormon śmierci” zaistniał w naukach przyrodniczych pod koniec lat osiemdziesiątych ubiegłego stulecia (Engvild, 1989) i dotyczy głównie chlorowcopochodnych auksyn. Sugeruje się, że chlorowcopochodne auksyny syntetyzowane w organach generatywnych oraz nasionach mogą inicjować proces starzenia organów wegetatywnych roślin monokarpicznych. Przedstawiciel tej grupy hormonów, kwas 4-chloroindolilo-3-octowy (4Cl-IAA), był wykrywany głównie w nasionach roślin strączkowych (Reinecke, 1999). Natomiast Dziurka i in. (2016) wykazali obecność 4Cl-IAA w zalążni owsa trzy tygodnie po przeprowadzeniu krzyżowania oddalonego z kukurydzą, w przypadku, gdy nie doszło do powstania haploidalnego zarodka. Można przypuszczać, że w zalążniach, w których nie rozwinął się haploidalny zarodek zapoczątkowany został proces ich starzenia i obumierania. Celem badań było potwierdzenie występowania 4Cl-IAA w organach generatywnych owsa, tj. pylnikach i słupkach oraz zweryfikowanie hipotezy, że 4Cl-IAA może indukować proces starzenia wyżej wymienionych organów.

Przeprowadzono analizę zawartości 4Cl-IAA w niedojrzałych i dojrzałych pylnikach owsa, a także w słupkach niezapylnych oraz zapylnych pyłkiem kukurydzy (3, 7, 14 i 21 dni po zapyleniu). Materiał roślinny stanowił owies odmiany Krezus oraz kukurydza odmiany Waza. 4Cl-IAA oznaczono metodą HPLCMS/MS (Dziurka i in., 2016).

---

\* Badania finansowano z projektu Miniatura DEC-2017/01/X/NZ9/01309.

Wykazano, iż niedojrzałe pylniki owsa zawierają kilkanaście razy więcej 4Cl-IAA w porównaniu z dojrzałymi (odpowiednio 99,05 i 7,63 ng/g s.m.). Nie zaobserwowano różnic w stężeniu 4Cl-IAA pomiędzy słupkami owsa w 3, 7, 14 i 21 dniu po zapyleniu pyłkiem kukurydzy. Dojrzałe, niezapylone słupki owsa zawierały około trzykrotnie więcej 4Cl-IAA aniżeli słupki zapylone pyłkiem kukurydzy w 3, 7, 14 i 21 dniu po zapyleniu (odpowiednio 14,79 i średnio 4,15 ng/g s.m.). W wyniku przeprowadzonych analiz potwierdzono obecność 4Cl-IAA w organach wegetatywnych owsa. Odrzucono hipotezę zakładającą możliwość indukowania przez tę chlorowcopochodną procesu starzenia pylników i słupków owsa ze względu na fakt, iż niedojrzałe pylniki oraz niezapylone słupki zawierały więcej 4Cl-IAA w porównaniu z dojrzałymi pylnikami oraz zapylonymi słupkami.

#### LITERATURA

- Dziurka K., Skrzypek E., Warchoń M., Noga A., Kapłoniak K., Juzoń K., Czyczyło-Mysza I., Marcińska I., Dziurka M. 2016. Death hormone in the development of oat haploid embryos. *Acta Biologica Cracoviensia series Botanica* 58 (2): 14.
- Dziurka M., Janeczko A., Juhasz C., Gullner G., Oklestkova J., Novak O., Saja D., Skoczowski A., Tobias I., Barna B. 2016. Local and systemic hormonal responses in pepper leaves during compatible and incompatible pepper-tobamovirus interactions. *Plant Physiology and Biochemistry* 109: 355 — 364.
- Engvild K. 1989. The death hormone hypothesis. *Physiologia Plantarum* 77: 282 — 285.
- Reinecke D. M. 1999. 4-Chloroindole-3-acetic acid and plant growth. *Plant Growth Regulation* 27: 3 — 13.

**BARBARA GOLIŃSKA****PIOTR GOLIŃSKI**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego

e-mail: barbara.golinska@up.poznan.pl

## Ocena wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych materiałów hodowlanych i odmian traw za pomocą nowoczesnego stanowiska pomiarowego

W hodowli traw przeznaczonych na pastwiska ważną cechą biologiczną jest wytrzymałość na zerwanie liści, w szczególności blaszek liściowych. Łatwo zrywalne pędy vegetatywne i liście gatunków występujących w runi pastwiskowej zmniejszają nakład pracy pasących się zwierząt potrzebny na pobranie dzienniej dawki pokarmowej i zwiększają efektywność wykorzystania paszy. Zróżnicowanie genotypów traw w zakresie wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych pozwala na odpowiednią selekcję materiałów hodowlanych w kierunku doskonalenia odmian pastwiskowych. Dotychczasowe badania wytrzymałości na zerwanie liści traw były prowadzone z wykorzystaniem prostych urządzeń działających na zasadzie dynamometrów. Aktualnie istnieje możliwość zastosowania nowoczesnych urządzeń pomiarowych, znacznie zwiększających wiarygodność badań i trafność wnioskowania. Celem badań była ocena wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych materiałów hodowlanych i odmian wybranych gatunków traw za pomocą nowoczesnego stanowiska pomiarowego.

Badania przeprowadzono w latach 2012–2016 na materiale roślinnym pozyskiwanym z kilku doświadczeń polowych założonych w Stacji Doświadczalnej Katedry Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu zlokalizowanej w Brodach. W doświadczeniach założonych w układzie bloków losowanych w 3 powtórzeniach testowano wartość użytkową odmian i rodów hodowlanych *Lolium perenne*, *Festuca pratensis*, *Festuca arundinacea*, *Phleum pratense* oraz *Dactylis glomerata*. W latach użytkowania pozyskiwano trzy odrosty oraz stosowano nawożenie NPK w dawkach, odpowiednio, 120 kg·ha<sup>-1</sup> N, 40 kg·ha<sup>-1</sup> P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> i 80·kg·ha<sup>-1</sup> K<sub>2</sub>O. Blaszkę liściową pobierano losowo z każdego poletka w stadium dojrzałości pastwiskowej runi w 30 replikacjach. Badania prowadzono w każdym odroście na blaszkach liściowych

pierwszego, w pełni wykształconego liścia, licząc od szczytu pędu. Analizę wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych wykonano na materiale świeżym, w dniu zbioru liści. Jednocześnie prowadzono badania biometryczne, polegające na określeniu masy liści oraz szerokości blaszek liściowych.

W badaniach wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych traw zastosowano prototypowe stanowisko pomiarowe. Zasadniczym elementem tego stanowiska jest maszyna wytrzymałościowa do zrywania materiału biologicznego w zakresach 30 N i 300 mN z wykorzystaniem podzespołów firmy HBM (Höttinger Baldwin Messtechnik). Jej elementami składowymi są czujniki tensometryczne siły o odpowiednich zakresach znamionowych, a także specjalne wzmacniacze pomiarowe z przetwarzaniem analog/cyfra o rozdzielczości 24 bity, z których dane są gromadzone za pomocą rejestratora cyfrowego pracującego w systemie operacyjnym MS Windows.

Przeprowadzenie precyzyjnych pomiarów wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych stwarza możliwość oceny różnych genotypów traw w obrębie gatunku oraz dokonania porównań pomiędzy gatunkami, z punktu widzenia struktury fizycznej runi pastwiskowej. Spośród badanych traw, najmniejszą wytrzymałość na zerwanie blaszek liściowych stwierdzono u diploidalnych genotypów *Lolium perenne*, a największą u *Dactylis glomerata*.

JOANNA GRYNIA

MICHAŁ ROKICKI

URSZULA WOŹNA-PAWLAK

Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o. ul. Kasztanowa 5, 63-004 Tulce

e-mail: joanna.grynja@phr.pl

## Identyfikacja genów warunkujących odporność pszenicy ozimej na porażenie przez grzyb *Blumeria graminis* s.sp. *tritici* przy użyciu markerów molekularnych

Mączniak prawdziwy zbóż i traw powodowany przez grzyb *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* jest najpowszechniej występującą chorobą pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Zwalczanie chorób poprzez wykorzystanie hodowli odpornościowej uważa się za najbardziej właściwe, zarówno ze względów ekonomicznych, jak i środowiskowych. Pojawianie się nowych wirulentnych patotypów dla dotychczas odpornych odmian jest podstawowym problemem hodowli odpornościowej. Uzyskanie trwałej odporności możliwe jest poprzez wprowadzenie do genomu rośliny kombinacji kilku genów warunkujących odporność na choroby. Identyfikacja genów sprzężonych z cechami użytkowymi, w tym odporności na choroby, przy użyciu markerów molekularnych jest nieocenionym czynnikiem przyspieszającym hodowlę roślin. Markery molekularne stały się niezbędnym narzędziem diagnostycznym nowoczesnej hodowli roślin uprawnych, znalazły zastosowanie w selekcji materiału roślinnego — MAS (ang. Marker Assisted Selection), która odbywa się na podstawie polimorfizmu markera molekularnego.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja genów *Pm2*, *Pm3a* i *Pm6* w odmianach pszenicy ozimej za pomocą specyficznych markerów molekularnych oraz polowa ocena stopnia porażenia tych odmian przez grzyb *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*.

Materiał roślinny do badań stanowiły odmiany pszenicy ozimej Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o. (PHR) oraz odmiany pochodzące z kolekcji odmian zgromadzonej przez PHR. Ocenę stopnia porażenia roślin pszenicy ozimej przez grzyb *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* przeprowadzono w warunkach naturalnego porażenia zgodnie z przyjętą przez COBORU metodyką w skali 9-stopniowej (1 — pełna podatność, 9 — pełna odporność). Z ocenionych odmian pszenicy ozimej wyizolowano DNA do analiz molekularnych. Do identyfikacji genu *Pm2* wykorzystano specyficzny marker *Xcfd81*. Marker *Pm3a* posłużył



do stwierdzenia w analizowanych odmianach obecności genu *Pm3a*. Identyfikacje genu *Pm6* wykonano przy użyciu specyficznego markera *NAU/STS<sub>BCD135-2</sub>*.

Oceniane odmiany pszenicy ozimej wykazały zróżnicowanie pod względem stopnia porażenia przez grzyb *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* powodującego mączniaka prawdziwego zbóż i traw. Na podstawie przeprowadzonych analiz molekularnych stwierdzono zróżnicowanie badanych odmian pszenicy ozimej pod względem obecności genu *Pm2* identyfikowanego przy użyciu markera *Xcfd81*. Przeprowadzona reakcja PCR z wykorzystaniem markera specyficznego dla genu *Pm3a* również wykazała zróżnicowanie analizowanych odmian pod względem obecności tego genu. W wyniku reakcji PCR z użyciem starterów markera *NAU/STS<sub>BCD135-2</sub>* stwierdzono zróżnicowanie ocenianych odmian pod względem obecności produktu amplifikacji o wielkości 230 pb świadczącego o obecności genu *Pm6*.

Identyfikacja genów warunkujących odporność na choroby ułatwia wprowadzanie komponentów odpornych do nowotworzonych odmian oraz ułatwia proces selekcji a tym samym przyspiesza hodowlę twórczą nowych odmian pszenicy ozimej.

**IRENA KOLASIŃSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin  
e-mail: i.kolasinska@ihar.edu.pl

## Efekty nowego programu hodowli restorerów dla CMS-Pampa u żyta ozimego

Hodowla i produkcja nasion odmian mieszańcowych żyta jest prowadzona głównie z wykorzystaniem genowo-cytoplazmatycznego systemu męskiej sterylności typu Pampa (CMS-Pampa). Wszystkie uprawiane obecnie odmiany mieszańcowe żyta charakteryzują się niższym niż odmiany populacyjne poziomem męskiej płodności. Głównym zadaniem w hodowli tego typu odmian pozostaje nadal wyhodowanie komponentów ojcowskich (restorerów) efektywnie przywracających męską płodność roślin mieszańców  $F_1$ .

Przedstawiono rezultaty programu hodowli nowej generacji komponentów ojcowskich obejmującego wytworzenie nowych populacji wyjściowych z wykorzystaniem donorów genów restorujących o różnym pochodzeniu, a następnie testowanie zdolności przywracania męskiej płodności wyprowadzanych młodych linii wsobnych w zróżnicowanych warunkach środowiska oraz przeprowadzenie intensywnej selekcji pełnych i stabilnych restorerów.

Materiał badań stanowiły genotypy żyta, pochodzące z poszczególnych etapów programu hodowli HR Smolice Sp. z o.o.: linie wsobne pokolenia  $S_2$  i  $S_3$ , wyprowadzone z nowych populacji hodowlanych z udziałem różnych donorów genów przywracających płodność, komponenty ojcowskie mieszańców (tzw. syntetyki restorery (Syn-R)) oraz mieszańce testowe i mieszańce eksperymentalne. Zdolność przywracania męskiej płodności wszystkich grup genotypów określono poprzez krzyżowanie ich z tym samym męskosterylnym testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt) i ocenę męskiej płodności mieszańców testowych w dwóch warunkach uprawy (tunele foliowe, pole). Męską płodność mieszańców testowych oceniono poprzez wizualną bonitację intensywności pylenia roślin na poletkach obserwacyjnych i/lub bonitację męskiej sterylności/płodności pojedynczych roślin w skali 9-stopniowej. Następnie wyznaczono indeksy restoracji według wzoru:  $IR = \% \text{ roślin płodnych} + 1/2\% \text{ roślin częściowo płodnych}$ . Jako wskaźnik efektywności hodowli przyjęto frekwencję częściowych restorerów (pylenie 4–6° lub  $IR=50\text{--}70\%$ ) i pełnych restorerów (pylenie 7–9° lub  $IR>70\%$ ) wśród różnych grup genotypów ocenianych w latach 2017–2018.

Badania wykazały dużą efektywność programu hodowli nowej generacji komponentów ojcowskich (Syn-R), opartego na kumulacji w puli ojcowskiej genów przywracających płodność o różnym pochodzeniu oraz prowadzeniu skutecznej selekcji pełnych i stabilnych restorerów. Stwierdzono wysoką frekwencję restorerów całkowicie przywracających męską płodność mieszańców z cytoplazmą Pampa wśród wszystkich grup genotypów (linie wsobne pokolenia  $S_2$  i  $S_3$ , Syn-R). Niektóre linie wsobne i komponenty ojcowskie całkowicie przywróciły męską płodność mieszańców testowych (IR=100%) w obu warunkach uprawy. Wyselekcjonowano pełne i stabilne restorery, które mogą być bezpośrednio wykorzystane do tworzenia odmian mieszańcowych żyta i/lub stanowić donory genów przywracających płodność w kolejnych cyklach hodowli. Wyhodowanie nowej generacji komponentów ojcowskich, charakteryzujących się dobrą wartością hodowlaną i wysoką zdolnością przywracania męskiej płodności w cytoplazmie Pampa, stwarza możliwość znaczącego poprawienia poziomu plonowania i męskiej płodności odmian mieszańcowych żyta.

PIOTR M. KOPEĆ<sup>1</sup>  
KATARZYNA MIKOŁAJCZYK<sup>2</sup>  
JOANNA NOWAKOWSKA<sup>2</sup>  
EWA JAJOR<sup>3</sup>  
AGNIESZKA PEREK<sup>3</sup>  
EMILIA CUGIER<sup>4</sup>  
MAGDALENA GRYNIA<sup>4</sup>  
DOMINIKA PAWLAK<sup>4</sup>  
EWELINA MAJCHRZAK<sup>4</sup>  
DOROTA KAWKA<sup>4</sup>  
MAREK KORBAS<sup>3</sup>  
IWONA BARTKOWIAK-BRODA<sup>2</sup>  
WOJCIECH M. KARŁOWSKI<sup>1,♦</sup>

<sup>1</sup> Zakład Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

<sup>3</sup> Zakład Mikologii, Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań

<sup>4</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział w Borowie

♦ e-mail: wmk@amu.edu.pl

## Analiza genetycznego podłoża odpowiedzi na *Plasmodiophora brassicae* Wor. u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)\*

Porażenie przez *Plasmodiophora brassicae* powoduje znaczne straty w uprawie rzepaku ozimego (*Brassica napus*). Z racji braku skutecznych środków ochrony przed pierwotniakiem wyprawdzanie odmian wykazujących odporność jest obecnie najlepszą strategią ograniczania szkód. Kluczowym elementem hodowli jest identyfikacja zmienności genetycznej powiązanej ze zróżnicowaną odpowiedzią na ekspozycję na patogen. Zastosowanie metod molekularnych oraz wysokoprzepustowych pozwala na uzyskanie danych o wysokiej rozdzielczości, które umożliwiają określenie markerów hodowlanych, a jednocześnie dają możliwość zgłębienia biologicznego charakteru układu gospodarz — pasożyt.

W toku badań wyprawdzono mapującą populację podwójnych haploidów (DH) powstałą przez skrzyżowanie odpornej oraz podatnej na porażenie *Plasmodiophora*

---

\* Projekt realizowany w ramach grantu NCN 2016/22/M/NZ9/00604 oraz POWR.03.02.00-00-I022/16.

*brassicae* odmian rzepaku ozimego. Wykorzystując analizę danych z sekwencjonowania nowej generacji, mikromacierzy *Brassica* 60K SNP Chip oraz *loci* SRR zidentyfikowano allele zasocjowane ze zróżnicowaną odpowiedzią na patogen. W przyszłości badania zostaną uzupełnione o kolejne linie DH oraz przeprowadzone zostaną transkryptomiczne analizy układu rzepak — *Plasmodiophora brassicae*.

ALINA LIERSCH<sup>1</sup>  
JAN BOCIANOWSKI<sup>2</sup>  
WIESŁAWA POPLAWSKA<sup>1</sup>  
KRZYSZTOF MICHAŁSKI<sup>1</sup>  
KRYSTYNA KRÓTKA<sup>1</sup>  
KATARZYNA MIKOŁAJCZYK<sup>1</sup>  
JOANNA NOWAKOWSKA<sup>1</sup>  
MARCIN MATUSZCZAK<sup>1</sup>  
JOANNA WOLKO<sup>1</sup>  
IWONA BARTKOWIAK-BRODA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

e-mail: alal@nico.ihar.poznan.pl

## Analiza asocjacji markerów mikrosatelitarnych i AFLP z elementami struktury plonu i plonem kolekcji genotypów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)\*

Markery molekularne stosowane w programach hodowli roślin (marker-assisted selection, MAS) stanowią dogodne narzędzie zwiększające efektywność procesu selekcyjnego, jak również podnoszące skuteczność selekcji fenotypowej, zwłaszcza dla cech dziedziczonych poligenicznie lub o niskim poziomie odziedziczalności.

Celem pracy było określenie asocjacji pomiędzy cechami fenotypowymi związanymi z plonem a genotypem linii i odmian rzepaku ozimego z kolekcji IHAR — PIB, Oddział w Poznaniu. Badana kolekcja obejmowała: polskie i zagraniczne odmiany rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego; mieszańce F<sub>1</sub> CMS *ogura* i ich komponenty rodzicielskie — linie męsko-sterylne i linie restorera (*Rfo*); linie o zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych C:18, jedno- i wielonienasyconych, uzyskane na drodze mutagenyzy chemicznej i ich rekombinanty; linia o jasnej barwie okrywy nasiennej i obniżonej zawartości włókna oraz linia rzepaku otrzymana na drodze resyntezy *de novo* z gatunków podstawowych *B. rapa* i *B. oleracea*.

---

\* Badania zostały wykonane w ramach zadania nr 48 w programie Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej 2014–2020 finansowanym przez MRiRW.

Doświadczenia polowe kolekcji 25 genotypów przeprowadzono w układzie bloków kompletnych losowanych, w czterech powtórzeniach, dwóch miejscowościach i trzech kolejnych sezonach wegetacyjnych. Plon nasion oceniono na podstawie zbioru z całych poletek, a po zbiorze określono masę 1000 nasion (średnia z czterech prób dla każdego badanego obiektu). Pomiary biometryczne struktury plonu wykonano na 100 łuszczynach z każdego genotypu, pobranych 2 tygodnie przed zbiorem ze środkowej części pędu głównego pięciu roślin.

Genotypy charakteryzowano z zastosowaniem 84 *loci* mikrosatelitarnych oraz 10 kombinacji starterów AFLP, jak również przy użyciu allelo-specyficznych markerów CAPS i SNP oraz markerów SCAR dla męsko-sterylnej cytoplazmy typu ogura i genu restorera Rfo. Łącznie analizowano 779 polimorficznych produktów amplifikacji DNA. Analizy asocjacyjne wykonano niezależnie dla wyników doświadczeń w sześciu środowiskach z zastosowaniem pakietu GenStat 18. Markery DNA określające takie cechy fenotypowe jak plon nasion i strukturę plonu na poziomie istotności  $p=0,05$  scharakteryzowano pięcioma parametrami, którymi są: wartość estymatora, błąd standardowy tej oceny, wartość statystyki testowej  $t$ , wartość popętnienia błędu pierwszego rodzaju oraz zakres zmienności badanej cechy fenotypowej określonej przez dany marker; estymacji dokonano z użyciem analizy regresji.

Zakres zmienności fenotypowej wyjaśnianej przez poszczególne markery wyniósł, odpowiednio: dla plonu nasion 12,1%–45,7%, liczby łuszczyn na roślinie 12,3%–35,6%, długości łuszczyn 12,1%–38,5%, liczby nasion w łuszczynie 12,1%–61,3%, oraz MTN 12,0%–55,1%. Na podstawie uzyskanych wyników wyselekcjonowano markery DNA zasocjowane z plonem, a także najważniejszymi cechami struktury plonu.

**AGNIESZKA SIEMIENIUK**  
**MICHAŁ LUDYNIA**  
**MALGORZATA RUDNICKA**  
**WIKTORIA BANASIAK \***  
**SEBASTIAN DIRKS \***  
**KATARZYNA KRUPA\***  
**OLGA ŁAGOWSKA \***  
**MARTYNA NIEWDANA \***  
**WALDEMAR KARCZ**

Uniwersytet Śląski w Katowicach

Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra Fizjologii Roślin

e-mail: [michal.ludynia@us.edu.pl](mailto:michal.ludynia@us.edu.pl)

## Reakcje wybranych roślin użytkowych jednoliściennych (*Zea mays* L.) i dwuliściennych (*Solanum lycopersicum* L.) na niesterydowe leki przeciwzapalne na przykładzie acetaminofenu, diklofenaku i naproksenu\*

Duża popularność i łatwa dostępność niesteroidowych leków przeciwzapalnych (NLPZ) sprawia, że wzrasta zanieczyszczenie nimi środowiska naturalnego. Nawet w nowoczesnych oczyszczalniach ścieków komunalnych nie ma możliwości usunięcia ich przez co stanowią one bezpośrednie zagrożenie dla wód powierzchniowych, podziemnych oraz gleby. NLPZ są związkami biologicznie czynnymi a ich obecność w glebie i wodach może oddziaływać na organizmy żywe. O ile dość dobrze poznany jest ich wpływ na organizm człowieka oraz zwierząt, nadal niewiele wiadomo na temat ich działania na rośliny.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu wybranych leków z grupy NLPZ na wzrost organów roślinnych (długości organów roślinnych, świeża i sucha masa organów, pole powierzchni liści, współczynniki wzrostowe), stres oksydacyjny wyrażony

---

\* Prace wykonywane w ramach studenckich zespołów badawczych Projektu „NEW. Zwiększenie konkurencyjności studentów Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Śląskiego na rynku pracy przez rozwój ich kompetencji zawodowych”.



w zawartości nadtlenku wodoru w określonych organach roślinnych oraz intensywność fotosyntezy.

Obiekt badań stanowiły rośliny *Solanum lycopersicum* L. i *Zea mays* L. wznoszące w uprawach hydroponicznych w obecności leków w stężeniu 1,5 mg/L. Leki obecne były w pożywce przez 7 i 14 dni uprawy.

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono, że leki z grupy NLPZ mają wpływ na wzrost i reakcję stresową analizowanych roślin. W przypadku zwierząt i człowieka mechanizm działania tych leków jest podobny, związany z regulacją aktywności oksygenaz. W przypadku badanych roślin różnice w reakcjach na różne leki wskazują na odmienny i niejednorodny mechanizm ich działania w różnych gatunkach roślin.

**BOGNA MAKOWSKA**  
**EWELINA ZŁOTKOWSKA**  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie ul. Nowoursynowska 159, 02–776 Warszawa  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin  
e-mail: bogna\_makowska@sggw.edu.pl

## Analiza sekwencji wybranych genów kodujących białka PPR u pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)

Rosnące zainteresowanie hodowlą roślin mieszańcowych wynika zarówno ze względów ekonomicznych (wyższe plony, lepsza jakość), jak i społecznych (zabezpieczenie interesów hodowców). Pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum* L.) jest gatunkiem samopylnym, co w znaczący sposób utrudnia krzyżowanie form rodzicielskich z wykorzystaniem naturalnych procesów biologicznych. System bazujący na gametocydach — substancjach chemicznych powodujących obumarcie pyłku jest w Polsce zabroniony. O ile uzyskanie roślin matecznych (cytoplazmatycznie męskosterylnych, CMS) nie stanowi większego problemu, można to osiągnąć przez wprowadzanie sterylizującej cytoplazmy z gatunków dzikich, głównie z *T. timopheevi*, o tyle znalezienie form ojcowskich, posiadających dominujące allele *Rf* genów przywracających płodność jest bardzo trudne z uwagi na wyjątkowo rzadkie występowanie form pszenicy posiadających *Rf*. Ponadto, wiedza na temat genetycznego i molekularnego podłoża przywracania płodności u pszenicy jest nadal fragmentaryczna. Z dostępnych źródeł literaturowych wiadomo, że geny te u blisko spokrewnionych gatunków w większości (z wyjątkiem genu *Rf2* u kukurydzy (*Zea mays* L.)) kodują białka z motywem PPR, z podrodziny P. Z tego względu w 2017 roku pobrano z dostępnej wówczas bazy danych [www.plantppr.com](http://www.plantppr.com) sekwencje cDNA kodujące takie białka u pszenicy. Następnie wybrano sekwencje przyporządkowane do poszczególnych chromosomów, w obrębie których wcześniejsze badania wykazały obecność genów *Rf* i, po dokonaniu kolejnej selekcji ograniczającej liczbę sekwencji kandydujących do 50, zaprojektowano startery do PCR. Pary starterów, które umożliwiły uzyskanie oczekiwanego produktu poddano amplifikacji na matrycy DNA pochodzącej z odmiany posiadającej dominujące allele *Rf*. W rezultacie otrzymano zbiór 27 sekwencji, wśród których potencjalnie może znajdować się sekwencja poszukiwanego genu *Rf*.



**PIOTR PAŁKA**

**ADELA ADAMUS**

**MAŁGORZATA CZERNICKA**

**DOROTA CHACHLOWSKA**

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Al. 29 Listopada 54, 31-425 Kraków

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa

e-mail: a.adamus@urk.edu.pl

## Badania nad wpływem metod uwalniania od wirusów na efektywność mikrorozmnażania wybranych odmian czosnku (*Allium sativum* L.)\*

Kultury in vitro i związane z nimi mikrorozmnażanie są bardzo ważne w przypadku czosnku, który utracił naturalną zdolność do rozmnażania generatywnego. Produkcja tradycyjnymi metodami jest narażona na straty w plonowaniu z powodu gromadzenia się w materiale rozmnożeniowym czynników chorobotwórczych, z których najgroźniejsze są wirusy. W celu otrzymania materiałów roślinnych wolnych od patogenów ząbki czosnku poddaje się termoterapii, chemoterapii lub mikrorozmnażaniu w kulturach merystemów. Często najlepsze wyniki w odwirusowaniu otrzymuje się po połączeniu wyżej wymienionych metod.

Celem pracy było określenie efektywności mikrorozmnażania czosnku z wykorzystaniem merystemów oraz gdy technikę tę połączono z termoterapią lub chemoterapią. W niniejszej pracy wykorzystano metodę kultury merystemów pochodzących z ząbków czosnku. Porównano zdolność do mikrorozmnażania trzech odmian czosnku (2 odm. polskie i 1 hiszpańska) z wykorzystaniem termoterapii (T — temp. 50°C, łaźnia wodna 15 min) i chemoterapii (R — rybawiryna w pożywce). U wszystkich badanych odmian najczęściej eksplantatów tworzących pędy (80–90%) otrzymano w kontroli (K — bez terapii antywirusowych). Średnia liczba pędów na eksplantat w tej kombinacji wynosiła dla 'Garpek', 'Ornak' i 'Mega' odpowiednio 5,6; 2,7; i 2,1 pędów. Zastosowanie termoterapii (T) spowodowało spadek liczby eksplantatów z pędami do 58%, dodatek rybawiryny do pożywki obniżył tę liczbę do 11%, a po zastosowaniu metody łączonej (R+T) było ich tylko 3%.

---

\* Badania finansowane z dotacji przyznanej przez MNiSW na działalność statutową

Wykazano, że badane odmiany różniły się reakcją na zastosowane czynniki. Obserwacja współdziałania czynnika odmianowego i sposobu odwirusowania wykazała, że termoterapia w mniejszym stopniu obniżyła % regenerantów z pędami w przypadku odm. Ornak (66%), natomiast eksplantaty pobrane z ząbków 'Mega' i 'Garpek' po traktowaniu wysoką temperaturą tworzyły pędy z częstotliwością odpowiednio 56% i 52%. W różny sposób zareagowały odmiany na chemoterapię. Dodatek do pożywki rybawiryny znacznie obniżył liczbę eksplantatów z pędami. W odm. 'Ornak' było ich 14%, 'Garpek' —12% i 'Mega' 6%. Połączenie termoterapii z rybawiryną (R+T) spowodowało, że większość eksplantatów pozostała na pożywce bez rozwoju pędów. Tę kombinację odwirusowania najlepiej zniosły fragmenty pobrane z 'Garpek', gdyż 6% z nich wytworzyło pędy. U odmian Ornak i Mega było ich tylko po 2%. Znalazło to odbicie w efektywności mikrorozmnażania. Liczba regenerantów z 1 eksplantatu po termoterapii spadła do 2,0 pędów/eksplantat, a w kombinacjach R i R+T była poniżej 1 pędu na eksplantat. Zastosowane terapie wpłynęły także na przeżywalność regenerantów, która wynosiła dla kombinacji K, T, R i R+T odpowiednio 84%, 71%, 41% i 47%. Oznacza to, że u badanych odmian chemoterapia (R) oraz kombinacja R+T nie tylko znacznie obniżały zdolność do mikrorozmnażania, ale także wpływały na zmniejszenie przeżywalności regenerantów. Otrzymane tą drogą rośliny czosnku przetrwały aklimatyzację w wysokim procencie (94%–96%) i łatwo przystosowały się do warunków *ex vitro*.

Interesującym okazał się fakt, że w badanym doświadczeniu końcowa efektywność mikrorozmnażania odmian Mega i Ornak była podobna. Zjawisko to w pewnym stopniu potwierdziły badania molekularne. Ocena tożsamości genetycznej oparta o loci mikrosatelitarne typu SSR wykazała bardzo wysoki stopień pokrewieństwa pomiędzy polskimi odmianami: Mega i Ornak i odrębność genetyczną hiszpańskiej odmiany Garpek.

SYLWIA SALAMON<sup>1</sup>  
KATARZYNA MIKOŁAJCZAK<sup>1</sup>  
ANETA BASIŃSKA-BARCZAK<sup>1</sup>  
HANNA SULEWSKA<sup>2</sup>  
KAROLINA RATAJCZAK<sup>2</sup>  
LIDIA BŁASZCZYK<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu,  
Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii  
e-mail: lgol@igr.poznan.pl

## Grzyby zasiedlające ryzosferę i endosferę korzeni pszenicy orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta* L.)

Grzyby pełnią istotną rolę zarówno w naturalnych ekosystemach jak i w obecnym rolnictwie. Są ważnymi destruentami materii organicznej. Oddziałują z korzeniami roślin w ryzosferze lub z ich częściami nadziemnymi; żyją w bliskim związku z roślinami, bytując na powierzchni lub wewnątrz tkanek roślinnych. Wiedza o ekologii i oddziaływaniach grzybów wchodzących w skład ryzosfery i endosfery roślin uprawnych, w tym zbóż i pszenicy jest jednak wciąż ograniczona. Aby uzyskać pełny wgląd w interakcje pszenica-grzyby endofityczne, należy wstępnie poznać złożoność i różnorodność społeczności grzybów związanych z ryzosferą i endosferą. Wiedza ta umożliwi wykrycie szczepów grzybów, które mogą odgrywać korzystną rolę dla rośliny żywicielskiej.

Celem prezentowanych badań była izolacja i charakterystyka molekularna grzybów zasiedlających ryzosferę oraz endosferę korzeni pszenicy orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta* L.). W badaniach wykorzystano 3 odmiany pszenicy orkisz: Zollernspelz, Badenstern i Badenkronne. Grzyby izolowano z ryzosfery roślin oraz z wewnętrznych tkanek korzeni poddanych wcześniejszej sterylizacji. Obecność grzybów endofitycznych w tkankach korzeni potwierdzono na podstawie obserwacji mikroskopowych.

W badaniach uzyskano 93 szczepy. Wyizolowane i oczyszczone szczepy grzybów zidentyfikowano na podstawie cech morfologicznych, wzrostu grzybni na podłożach agarowych, obserwacji mikroskopowych i analiz molekularnych. Identyfikacji molekularnej dokonano z wykorzystaniem analizy sekwencji regionu ITS1-5.8-ITS2 rDNA oraz fragmentów genu *tefl* (kodującego elongacyjny czynnik transkrypcyjny) i *β-tub* (kodującego

$\beta$ -tubulinę). Uzyskane szczepy grzybów zaklasyfikowano do 6 rodzajów grzybów: *Trichoderma sp.*, *Alternaria sp.*, *Penicillium sp.*, *Fusarium sp.*, *Microdochium sp.*, *Cladosporium sp.*

**EWA SIEDLECKA**  
**AGNIESZKA SKARZYŃSKA**  
**ALEKSANDRA MAJEWSKA**  
**ALICJA GAŁADYK**  
**MICHAŁ WOJCIESZEK**  
**MAGDALENA PAWEŁKOWICZ**  
**WOJCIECH PŁADER**  
**ZBIGNIEW PRZYBECKI**

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa,  
Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu,  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin  
e-mail: ewa\_siedlecka@sggw.pl

## Gen *CsWIP1* o domenie palca cynkowego $Cys_2/His_2$ w zmutowanej linii ogórka 2gg o recesywnym *locus gygy*

Determinacja płci roślin jest złożonym procesem o znaczeniu biologicznym, ewolucyjnym i ekonomicznym. U jednopiennych gatunków z rodziny Dyniowatych (*Cucurbitaceae*), bez wyraźnego dymorfizmu płciowego roślin oraz bez heteromorficznych chromosomów płci, badanie mechanizmu determinacji płci jest utrudnione. Bazując na posiadaniu unikalnej w skali świata kolekcji mutantów chemicznych względem genów płci, możliwe jest identyfikowanie oraz badanie genów płci. W Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW w Warszawie, dostępna jest unikalna kolekcja linii ogórka (*Cucumis sativus* L.), będąca dorobkiem nauki polskiej. W kolekcji wyróżnić można linie charakteryzujące się (1) recesywną żeńskością — genotyp: *MMffgygyAA* (linia 2gg), (2) dominującą żeńskością — genotyp: *MMFFGyGyAA* (linia Gy3), (3) mało poznaną trójjednopiennością o nietypowych morfologicznie załączniach kwiatów żeńskich i hermafrodytycznych (linia 2667), (4) kwiatami tylko hermafrodytycznymi — genotyp: *mmFFGyGyAA* (linia HGy3), (5) jednopiennością — genotyp: *MMffGyGyAA* (linia B10, typ dziki).

Celem niniejszej pracy jest przeprowadzenie analiz molekularnych genu płci *CsWIP1* w rozwijających się pąkach kwiatowych ogórka oraz w populacji segregującej w *locus Gy/gy*.

Posiadając unikalne linie ogórka B10 i 2gg wykonano reakcje PCR osobników rodzicielskich P, pokolenia F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub>. W pokoleniu P tylko w linii B10, F<sub>1</sub> oraz u 69



osobników  $F_2$  charakteryzujących się jednopiennością (*locus GyGy* lub *Gygy*) otrzymano produkt PCR długości 1200 nukleotydów. W pokoleniu P linii 2gg oraz u 23 żeńskich osobników (recesywne *locus gygy*)  $F_2$  nie obserwowano produktu PCR. Gen *CsWIP1* został zmapowany w *locus Gy/gy*. Przeprowadzono analizy ekspresji genu *CsWIP1* w rozwijających się pąkach kwiatowych ogórka używając par starterów zaprojektowanych do niehomologicznych regionów cDNA między badanymi liniami. Startery WIP-7 użyte w reakcji qPCR wykazały znaczący wzrost ekspresji w pąkach kwiatowych linii 2gg w porównaniu do linii B10. Pozostałe pary starterów WIP-2, WIP-4, WIP-6, WIP-8 pokazały wyższy poziom ekspresji w linii B10. Parę starterów WIP-7 wybrano do dalszych analiz.

EDYTA SKRZYPEK <sup>1</sup>  
MARZENA WARCHOŁ <sup>1</sup>  
ILONA CZYCYŁO-MYSZA <sup>1</sup>  
KINGA DZIURKA <sup>1</sup>  
IZABELA MARCIŃSKA <sup>1</sup>  
ANGELIKA NOGA <sup>1</sup>  
KAMILA KAPŁONIAK <sup>1</sup>  
TOMASZ WARZECHA <sup>2</sup>  
AGNIESZKA SUTKOWSKA <sup>2</sup>  
ZYGMUNT NITA <sup>3</sup>  
KRYSTYNA WERWIŃSKA <sup>3</sup>  
DOMINIKA IDZIAK-HELMCKE <sup>4</sup>  
MAGDALENA ROJEK <sup>4</sup>  
MARTA HOSIAWA-BARAŃSKA <sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Zakład Biotechnologii, ul. Niezapominajek 21, 30–239 Kraków

<sup>2</sup> Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, ul. Łobzowska 24, 31–140 Kraków

<sup>3</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR, ul. Główna 20, 99–307 Strzelce

<sup>4</sup> Uniwersytet Śląski w Katowicach, Katedra Anatomii i Cytologii Roślin, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

e-mail: e.skrzypek@ifr-pan.edu.pl

## Charakterystyka linii owsa otrzymanych poprzez krzyżowanie z kukurydzą \*

Krzyżowania oddalone gatunków z różnych środowisk genetycznych mogą być przydatnym narzędziem służącym do wytwarzania nowych odmian roślin uprawnych, zwłaszcza w kontekście zmian klimatycznych. W krzyżowaniach między *Panicoideae* i *Pooideae*, w mieszańcach, np. owies × kukurydza lub owies × proso perłowe, chromosomy *Panicoideae* są eliminowane krótko po zapłodnieniu na początku procesu embriogenezy. Czasami może jednak dochodzić do niekompletnego usuwania chromosomów *Panicoideae*. W przypadku krzyżowań zbóż z kukurydzą, eliminacja chromosomów kukurydzy wynika z ich ograniczonej ruchliwości w czasie mitozy

---

\* Badania finansowano z projektu NCBiR nr PBS3/B8/17/2015

(podczas metafazy i anafazy) i niepowodzenia przyczepiania włókien wrzeciona podziałowego do centromerów.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja i charakterystyka molekularno-cytogenetyczna mieszańców owsa z kukurydzą. Indukcję i regenerację linii podwojonych haploidów (DH) i linii mieszańcowych prowadzono metodą opisaną przez Noga i in. (2016). Łącznie 138 linii owsa uzyskanych przez skrzyżowanie ponad 2 tys. roślin z 80 genotypów z kukurydzą odm. Waza przetestowano pod kątem obecności chromosomów kukurydzy (Skrzypek i in., 2018). Obecność chromatyny kukurydzy wskazano w 66 liniach, dzięki amplifikacji fragmentu retrotranspozonu kukurydzy *Grande-1* (500 bp) metodą PCR. Za pomocą genomowej hybrydyzacji *in situ* (GISH) w 14 liniach wykryto całe chromosomy kukurydzy. Wszystkie analizowane rośliny posiadały pełny zestaw chromosomów owsa. Liczba chromosomów kukurydzy różniła się między liniami. Dwanaście linii posiadało 2 chromosomy kukurydzy o podobnej wielkości, jedna linia — 1 chromosom kukurydzy i jedna linia — 4 chromosomy kukurydzy. Obecność sześciu *loci* 45S rDNA wykryto na chromosomach owsa, ale żaden z dodanych chromosomów kukurydzy w żadnej z linii nie posiadał *locus* 45S rDNA. Cztery z analizowanych linii nie posiadały całych chromosomów kukurydzy, a tylko fragmenty chromatyny kukurydzy wbudowane w chromosomy owsa. Pięć z 66 mieszańców charakteryzowało się trawiastym pokrojem i nie wytwarzało wiech. Dwadzieścia siedem linii było płodnych i zawiązało ziarna w liczbie od 1 — 102/linię (w sumie 613). Sześćdziesiąt trzy płodne linie DH, spośród 72, które nie zawierały chromosomów ani chromatyny kukurydzy, produkowały nasiona w liczbie od 1–343/linię (w sumie 3760).

#### LITERATURA:

- Noga A., Skrzypek E., Warchoń M., Czyczyło-Mysza I., Dziurka K., Marcińska I., Juzoń K., Warzecha T., Sutkowska A., Nita Z., Werwińska K. 2016. Conversion of oat (*Avena sativa* L.) haploid embryos into plants in relation to embryo developmental stage and regeneration media. *In Vitro Cellular & Developmental Biology Plant*, 52: 590 — 597.
- Skrzypek E., Warzecha T., Noga A., Warchoń M., Czyczyło-Mysza I., Dziurka K., Marcińska I., Kapłoniak K., Sutkowska A., Nita Z., Werwińska K., Idziak-Helmcke D., Rojek M., Hosiawa-Barańska M. 2018. "Complex characterization of oat (*Avena sativa* L.) lines obtained by wide crossing with maize (*Zea mays* L.)". *PeerJ* 6:e5107: 1 — 27.

**SŁAWOMIR SOWA**  
**ANNA M. LINKIEWICZ**  
**BARBARA JANIK-JANIEC**  
**JOANNA CHOJAK-KOŹNIEWSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Laboratorium Kontroli GMO, Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin,  
e-mail: s.sowa@ihar.edu.pl

## Czy certyfikowane ekologiczne produkty mogą zawierać GMO?

Organizmy zmodyfikowane genetycznie nie powinny być stosowane w rolnictwie ekologicznym lub w trakcie przetwarzania produktów rolnictwa ekologicznego ponieważ nie są zgodne z koncepcją produkcji ekologicznej i sposobem, w jaki konsumenci postrzegają produkty rolnictwa ekologicznego (Rozporządzenie (WE) nr 834/w sprawie produkcji ekologicznej i znakowania produktów ekologicznych). Jednak w paszach oznakowanych jako ekologiczne GMO bywa znajdowane. Należy dołożyć wszelkich starań by w produktach rolnictwa ekologicznego występowało jak najmniej organizmów zmodyfikowanych genetycznie. Zgodnie z Rozporządzeniem (WE) nr 1829/2003 w sprawie genetycznie zmodyfikowanej żywności i pasz, komponenty do pasz ekologicznych zawierające GMO w ilości nie większej niż 0,9% mogą być oznakowane jako ekologiczne jeśli zawartość ta jest przypadkowa lub nieunikniona technicznie. Taka domieszka może być zaakceptowana tylko w przypadku GMO dopuszczonych w UE jako żywność i pasze co należy potwierdzić przez wykonanie analiz laboratoryjnych. Określenie w jakim wypadku można uznać, że stwierdzona domieszka GMO w produktach ekologicznych była nie do uniknięcia jest możliwe tylko po przeprowadzeniu indywidualnej analizy każdego przypadku. Taki obowiązek spoczywa na jednostkach certyfikujących, które odpowiedzialne są za kontrolę produkcji ekologicznej zgodnie z wymaganiami prawa w UE. Stwierdzenie niezgodności skutkuje zawieszeniem certyfikatu dla producenta ekologicznego a tym samym powoduje duże straty finansowe. Wydaje się, że kluczowym elementem w produkcji żywności i pasz ekologicznych jest zapewnienie czystości produkcji nasiennej. W UE nawet śladowe domieszki nasion genetycznie zmodyfikowanych roślin nie są dopuszczone w ekologicznym materiale siewnym dlatego jego kontrola powinna być prowadzona. W pracy przeanalizowano łańcuch produkcji ekologicznej żywności i pasz (zaczynając od hodowli roślin) oraz określono sytuacje, kiedy domieszka GMO w ekologicznych produktach może



**PIOTR STEFAŃSKI**<sup>1</sup>  
**PRZEMYSŁAW MATYSIK**<sup>1</sup>  
**ZYGMUNT NITA**<sup>1</sup>  
**PATRYCJA SIEDLARZ**<sup>2</sup>  
**KRYSTYNA RYBKA**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

e-mail: p\_stefanski@hr-strzelce.pl

## Skrócenie cyklu hodowlanego vs energooszczędność — oświetlacze LED w hodowli roślin rolniczych

Istotnym czynnikiem środowiskowym gwarantującym wzrost i rozwój roślin jest światło. Z punktu widzenia rośliny istotna jest zarówno ilość światła (liczba zaabsorbowanych fotonów), jak i jego jakość (charakterystyka spektralna). W produkcji szklarniowej, w naszej strefie klimatycznej, konieczne jest dostarczanie roślinom ciepła. Jednak równie ważną rzeczą jest dostępność światła. Oprócz dwutlenku węgla zawartego w powietrzu, wody dostępnej dla systemu korzeniowego, światło wpływa na prawidłowy przebieg fotosyntezy roślin.

Dynamiczny rozwój technologii produkcji oświetlaczy LED, a zarazem stopniowy wzrost cen energii elektrycznej w ostatnich latach, spowodowały większe zainteresowanie alternatywnymi źródłami światła w stosunku do konwencjonalnych lamp sodowych. Równocześnie unikalne właściwości diod LED, pozwalające na dobór odpowiedniej charakterystyki spektralnej emitowanego światła, stworzyły możliwości wpływu na rozwój roślin przy pomocy odpowiedniego doboru składowych widma.

W opracowywanym doświadczeniu testowano 6 różnych oświetlaczy szklarniowych: dla 5 oświetlaczy, w których źródło światła stanowiły diody LED kontrolę stanowiła lampa sodowa. Testowane lampy charakteryzowały się zbliżonymi wartościami natężenia światła, natomiast różniły się charakterystyką widma oraz zużyciem energii elektrycznej. Przeprowadzone doświadczenie pozwoliło stwierdzić, że nie tylko charakterystyka widmowa lecz również konstrukcja oświetlacza pozwalająca na uzyskanie równomiernego doświetlenia mają istotny wpływ na prawidłowy przyrost roślin oraz na zużycie energii elektrycznej.



**KATARZYNA TOFIL**<sup>1</sup>  
**ANNA HAWLICZEK-STRULAK**<sup>1</sup>  
**EWA BORZĘCKA**<sup>1</sup>  
**HANNA BOLIBOK-BRĄGOSZEWSKA**<sup>1</sup>  
**ANDRZEJ KILIAN**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin,

<sup>2</sup> Diversity Arrays Technology Pty Ltd., Canberra, Australia  
e mail: katarzyna.tofil@gmail.com

## Konstrukcja mapy genetycznej żyta do identyfikacji rejonów genomu poddanych presji selekcyjnej podczas udomowienia i hodowli

Żyto (*Secale cereale* L.), pierwotnie występujące na terenach południowo-zachodniej Azji, około X wieku przed naszą erą zostało wprowadzone do Europy, na przestrzeni lat zyskując tam status ważnej rośliny uprawnej. Polska jest w czołówce producentów tego zboża na świecie. Wielkość (7,9 GB) oraz złożoność (~92% sekwencji powtórzonych) genomu żyta, a także występujące zjawiska samoniezdgodności oraz depresji wsobnej znacząco spowalniają postęp w hodowli i badaniach nad tym gatunkiem.

Zgodnie z przyjętym modelem zmian genetycznych zachodzącym podczas udomowienia i hodowli, opisującym zawężanie się zmienności genetycznej w miarę postępu tych procesów, regiony genomu warunkujące ważne agronomicznie i użytkowo cechy, na które nakierowana była selekcja (np. niełamlivość osadki, wielkość ziarniaków), stały się monomorficzne u odmian uprawnych. Do efektywnego określania lokalizacji w genomie tych regionów, na które była wywierana presja selekcyjna w czasie udomowienia i hodowli żyta, uzyskano dwie populacje mapujące: C i D (odpowiednio 166 i 216 osobników) z krzyżowań genetycznie odległych form rodzicielskich – polskich współczesnych odmian uprawnych z formami prymitywnymi z Turcji i Afganistanu (strategia *two-way pseudo-testcross*). DNA osobników zostało zgenotypowane przy użyciu markerów SSR oraz DArTseq.

Spośród testowanych markerów SRR, wybrano dla populacji C i populacji D odpowiednio 28 i 22 takich markerów, które ze względu na odpowiedni układ alleli w formach rodzicielskich pozwoliły na weryfikację poprawności krzyżowania oraz będą



mogły zostać wykorzystane do ustalania tożsamości chromosomalnej poszczególnych grup sprzężeń. W analizach DArTseq zidentyfikowano ponad 57 tysięcy polimorfizmów typu SNP oraz ponad 120 tysięcy dominujących markerów SilicoDArT. Wstępne analizy pozwoliły na wyselekcjonowanie dla każdej z populacji kilku tysięcy markerów o spodziewanym rozkładzie genotypów w osobnikach potomnych i potencjalnie użytecznych do konstrukcji map genetycznych. Prawie dwóm tysiącom markerów przypisano lokalizacje chromosomalne (1R-7R) przy wykorzystaniu pszeniczno-żytnich linii addycyjnych.

Obecnie prowadzone są prace nad skonstruowaniem na podstawie uzyskanych danych map genetycznych poszczególnych populacji oraz mapy zintegrowanej.

**MARZENA WARCHOŁ**  
**ILONA CZYCYŁO-MYSZA**  
**KINGA DZIURKA**  
**IZABELA MARCIŃSKA**  
**ANGELIKA NOGA**  
**KAMIŁA KAPŁONIAK**  
**EDYTA SKRZYPEK**

Instytut Fizjologii Roślin im. F. Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Kraków  
e-mail: m.warchol@ifr-pan.edu.pl

## Wpływ rodzaju pożywki indukcyjnej oraz substancji przeciwutleniających na powstawanie struktur zarodkowych w kulturach pylników owsa (*Avena sativa* L.)

Otrzymywanie *in vitro* haploidalnych roślin poprzez indukcję androgenezy stanowi potencjalnie najefektywniejszą metodę otrzymywania w pełni homozygotycznych linii podwójnych haploidalnych (DH), wykorzystywanych w programach hodowlanych oraz badaniach genetycznych. Androgenezę definiuje się jako alternatywną dla zygotycznej embriogenezy drogę rozwojową, opartą na zmianie kierunku rozwoju mikrospor z gametofitowego na sporofitowy. Istnieją dwie podstawowe metody androgenezy: kultury pylników oraz izolowanych mikrospor, prowadzące do powstania zarodków i roślin, które dziedziczą cechy genetyczne męskiej rośliny dawcy. Wiele czynników endogennych i egzogennych wpływa na embriogenną odpowiedź pylników w kulturze, do których należą: genotyp, etap rozwoju mikrospor, wstępne traktowanie pylników oraz skład pożywki indukcyjnej.

Materiał do badań stanowiły dwie odmiany owsa: Bingo i Chwat. Pędy roślin donorowych ścinano i umieszczano w płynnej pożywce Hoaglanda (Hoagland i Arnon, 1983) na okres 2 tygodni w temperaturze 4 °C, a następnie na 24 godziny w temperaturze 32°C. Kultury pylnikowe indukowano na pożywce W14 (Ouyang i in., 1989) z dodatkiem auksyny: kwasu 2,4-dwuchlorofenoksyoctowego (2,4-D) w stężeniu 2,0 mg/dm<sup>3</sup> oraz cytokininy: kinetyny 0,5 mg/dm<sup>3</sup>. Pożywkę wzbogacono 9% maltozą, a pH ustalono na 6,0. W badaniach zastosowano pożywki W14: stałą, agarową (agar 6 g/dm<sup>3</sup>), dwuwarstwową (pożywka agarowa z warstwą pożywki płynnej) oraz płynną. W pożywce płynnej obniżono stężenie soli mineralnych o 50% oraz dodawano fikorol w stężeniu 100

g/dm<sup>3</sup>. Każdy rodzaj pożywki wzbogacono kwasem askorbinowym (50 mg/dm<sup>3</sup>) lub zredukowaną formą glutationu (GSH) w stężeniu 30 mg/dm<sup>3</sup>. Efektywność androgenezy oceniano przeliczając uzyskane struktury na 100 pylników wyłożonych na pożywkę.

Struktury zarodkowe tworzyły się z mikrospor obydwu badanych odmian. U odmiany Chwat otrzymano 86 struktur zarodkowych (0,52%), a u odmiany Bingo — 13 (0,1%). Rodzaj pożywki nie miał istotnego wpływu na liczbę otrzymanych struktur. Najwięcej struktur zarodkowych otrzymano, prowadząc kulturę pylników na pożywkach stałych W14 z dodatkiem 2,0 mg/dm<sup>3</sup> 2,4-D, 0,5 mg/dm<sup>3</sup> kinetyny oraz W14 z dodatkiem 2,0 mg/dm<sup>3</sup> 2,4-D, 0,5 mg/dm<sup>3</sup> kinetyny i (GSH) w stężeniu 30 mg/dm<sup>3</sup> (odpowiednio: 0,45% oraz 0,42%). Dodatek substancji przeciwutleniających miał statystycznie istotny wpływ na liczbę powstałych struktur zarodkowych. Struktury nie tworzyły się na pożywkach wzbogaconych 50 mg/dm<sup>3</sup> kwasu askorbinowego, natomiast na pożywkach z GSH w stężeniu 30 mg/dm<sup>3</sup> otrzymano 0,15% struktur zarodkowych.

#### LITERATURA

- Hoagland D. R., Arnon D. I. 1938. A water culture method for growing plants without soil. California Agricultural Experiment Station Circulation 347: 1 — 39.
- Ouyang J. W., Jia S. E., Zhang C., Chen X. D., Feng G. H. 1989. A new synthetic medium (W14 medium) for wheat anther culture. Annual Report, Institute of Genetics, Academia Sinica (1986–1988): 91 — 92.

MARIA WIŚNIEWSKA-WRONA <sup>1</sup>  
BEATA PAŁYS  
SYLWIA JAGODZIŃSKA <sup>1</sup>  
GRAŻYNA KORBECKA-GLINKA <sup>2</sup>  
ANNA CZUBACKA <sup>2</sup>  
URSZULA SKOMRA <sup>2</sup>  
TERESA DOROSZEWSKA <sup>2</sup>  
RUSLAN MONICH <sup>3</sup>  
LIUDMYLA KOBA <sup>3</sup>  
MAGDALENA SKÓRKA <sup>3</sup>  
DOROTA BOBRECKA-JAMRO <sup>4</sup>  
WACŁAW JARECKI <sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Biopolimerów i Włókien Chemicznych w Łodzi

<sup>2</sup> Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

<sup>3</sup> Naukowe Badawcze Centrum Rozwoju Soi w Hucie Krzeszowskiej

<sup>4</sup> Uniwersytet Rzeszowski w Rzeszowie

e-mail: s.jagodzinska@ibwch.lodz.pl

## Opracowanie innowacyjnej otoczki nasion soi w celu zwiększenia tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe\*

Soja jest rośliną stanowiącą bogate źródło tłuszczu i białka, dlatego znajduje szerokie zastosowanie w produkcji pasz i żywności. Polska co roku importuje około 2 mln ton soi, ponieważ krajowa produkcja jedynie w niewielkim stopniu pokrywa zapotrzebowanie. Ograniczenia uprawy wynikają z położenia geograficznego i klimatu Polski. Sezon wegetacyjny jest stosunkowo krótki, a w dodatku często podczas wiosny występują długie okresy charakteryzujące się niską temperaturą oraz wysoką wilgotnością gleby. W takich warunkach czas kiełkowania nasion ulega wydłużeniu, przez co wzrasta ryzyko infekcji patogenami grzybowymi.

Celem projektu BIOSOYCOAT jest opracowanie otoczki chroniącej nasiona przed niekorzystnym wpływem niskiej temperatury, wysokiej wilgotności oraz przed

---

\*Badania prowadzono w ramach projektu: Opracowanie innowacyjnej biodegradowalnej otoczki dla nasion soi opartej na biopolimerach z surowców odnawialnych dla zwiększonej tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe. Akronim: BIOSOYCOAT. Finansowany przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach strategicznego programu badań naukowych i prac rozwojowych "Środowisko naturalne, rolnictwo i leśnictwo". Umowa nr BIOSTRATEG3/346390/4/NCBR/2017. Okres realizacji 2017–2020.

infekcjami grzybowymi. W pierwszym etapie w ramach projektu testowana jest odporność soi na patogeny grzybowe, które stanowią największe zagrożenie dla uprawy soi w Polsce. Badania są prowadzone na wybranych odmianach, których autorem i właścicielem jest Naukowo Badawcze Centrum Rozwoju Soi AgeSoya Sp.z o.o, reprezentujących klasy wczesności od 00 do 0000 i dlatego odpowiednich do uprawy na terenie naszego kraju. Ocena odporności jest prowadzona w warunkach kontrolowanych przy użyciu czystych kultur grzybów. Wyselekcjonowane trzy odmiany o zróżnicowanej odporności zostaną przeznaczone do dalszych badań mających na celu optymalizację składu otoczki.

Bazę dla dwuwarstwowej otoczki stanowią surowce odnawialne w połączeniu z kompozycjami biopolimerów zawierającymi polisacharydy lub ich pochodne. Przeprowadzono ocenę parametrów wytrzymałościowych otoczki oraz zbadano szybkość przenikania pary wodnej przez jej błony, a także kąt zwilżania. Stwierdzono, że po określonym czasie dwuwarstwowe błony wchłaniają wodę, która zostaje zamknięta w ich strukturze, a jednocześnie wykazują zdolność do transmisji pary wodnej. Określenie tych cech jest istotne, ponieważ mogą one wpływać na zdolność kiełkowania nasion, jak również warunkować sposób przechowywania materiału siewnego.

Skuteczność nowej otoczki będzie testowana zarówno w warunkach kontrolowanych (w komorze klimatycznej) jak i polowych. Wykonane zostaną testy kiełkowania otoczkowanych i nieotoczkowanych nasion. Ponadto określona będzie zdrowotność siewek, a identyfikacja występujących na nich gatunków grzybów zostanie przeprowadzona z wykorzystaniem metod molekularnych, w tym metagenomiki.

NATALIA WITASZAK<sup>1</sup>  
ŁUKASZ MARCZAK<sup>2</sup>  
ANETA SAWIKOWSKA<sup>1</sup>  
**LIDIA BŁASZCZYK<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

<sup>2</sup>Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań  
e-mail: lgor@igr.poznan.pl

## Zmiany metabolomiczne zachodzące u pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w wyniku interakcji z grzybami *Trichoderma*\*

Grzyby z rodzaju *Trichoderma* są saprotroficznymi grzybami powszechnie występującymi w glebie oraz drewnie, wykazującymi wysoki antagonizm w stosunku do innych organizmów patogenicznych oraz wywierającymi korzystny wpływ na rośliny, z którymi wchodzi w interakcję. Dotychczasowe badania pokazują, że obecność grzybów *Trichoderma* (teleomorfa *Hypocrea*) w ryzosferze i tkankach roślin przyczynia się zwiększonej odporności roślin na stresy biotyczne i abiotyczne, a także do stymulacji wzrostu i rozwoju roślin oraz wydajniejszego ich plonowania. Poza opisem zmian jakościowych, wiele aspektów tego zagadnienia pozostaje niewyjaśnionych. Do tej pory nie zostały rozpoznane molekularne podstawy zmian zachodzących w roślinach pod wpływem grzybów *Trichoderma*. Nie sprawdzono także różnic w reakcji rośliny wynikających z interakcji z różnymi szczepami *Trichoderma*. Co więcej, nadal nie podjęto kompleksowych prac związanych z oddziaływaniem roślin pszenicy z tymi grzybami, a dotychczasowe obserwacje wpływu *Trichoderma* na pszenicę oparte były jedynie na doświadczeniach polowych oraz analizie podstawowych parametrów wzrostu i plonowania roślin, a także odporności na stresy biotyczne.

Celem prezentowanych badań jest analiza zmian w profilach metabolitów w korzeniach i liściach pszenicy w wyniku inokulacji korzeni szczepami *Trichoderma*.

W niniejszych badaniach wykorzystano dwa szczepy *Trichoderma*: *T. atroviride* AN35 i *T. cremeum* AN392 oraz dwie odmiany pszenicy: Bombona (forma jara) i Legenda (forma ozima). Doświadczenie prowadzono w warunkach polowych

---

\* Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projektu badawczego OPUS 10, nr 2015/19/B/NZ9/03083, tytuł: „Molekularne podstawy reakcji pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na kolonizację korzeni przez gatunki *Trichoderma*”.

oraz kontrolowanych, w których dwutygodniowe siewki inokulowane były jednym ze szczepów *Trichoderma*. Materiał został zebrany po dwóch tygodniach od inokulacji i przechowywany w temperaturze  $-80^{\circ}\text{C}$  do czasu wykonania analiz. Materiał homogenizowano w ciekłym azocie, a następnie 100 mg materiału poddawano ekstrakcji metanolem (v:v, 80:20) oraz derywatywacji. Następnie przeprowadzono analizy GC-MS z wykorzystaniem spektrometru masowego typu potrójny kwadrupol (TripleQuad) firmy Thermo model TSQ8000, natomiast statystyczna analiza danych została wykonana przy użyciu programu Perseus (wersja 1.6.2.2).

Wyniki analiz GC-MS pozwoliły na zidentyfikowanie metabolitów występujących w korzeniach i liściach siewek dwóch odmian pszenicy. Po przeprowadzeniu analizy statystycznej uzyskano listę metabolitów różnicujących w różnych układach doświadczalnych. Na tej podstawie można wywnioskować, że szczepy *Trichoderma* AN35 oraz AN392 wywołują reakcję w organizmie rośliny, natomiast ważne jest, że profile metabolitów roślin inokulowanych tymi grzybami różnią się od siebie istotnie.

Kompleksowa analiza metabolomiczna może pozwolić na zrozumienie mechanizmów zachodzących w roślinach inokulowanych *Trichoderma*. Wiedza ta w przyszłości może znaleźć zastosowanie w biologicznej ochronie roślin.

AGNIESZKA WOJTANIA <sup>1</sup>

STANISŁAW PLUTA <sup>2</sup>

ŁUKASZ SELIGA <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Zakład Biologii Stosowanej, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice

<sup>2</sup> Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice

e-mail: agnieszka.wojtania@inhort.pl

## Ocena zdolności regeneracyjnych klonów hodowlanych borówki wysokiej (*Vaccinium corymbosum* L.) w warunkach *in vitro*\*

Borówka wysoka (*Vaccinium corymbosum* L.) jest ważnym gatunkiem uprawnym krzewów owocowych w Polsce i świecie. Owoce borówki uznawane są za wybitnie deserowe, będące doskonałym suplementem diety, ze względu na wysoką zawartość antyoksydantów, antocyjanów, polifenoli, witamin i związków mineralnych (Vidovic 2018). Jak wynika z ostatnich danych GUS, areal uprawy borówki w naszym kraju wynosi ok. **11 tys. ha**, a zbiory tych owoców zwiększyły się z **4 tys. t do 16 tys. ton w latach 2004–2017**. **Polska, zaraz po Hiszpanii jest największym producentem i eksporterem borówki amerykańskiej w Europie. Duże zainteresowanie tym gatunkiem w uprawie towarowej pociąga zapotrzebowanie na nowe odmiany wytwarzające owoce i spełniające wymagania producentów, konsumentów i przetwórców.** Metoda *in vitro* coraz częściej staje się głównym sposobem wegetatywnego rozmnażania borówki wysokiej, ze względu na zdecydowanie bardziej wydajne mnożenie, niezależne od pory roku. Pozwala ona także na szybkie rozmnożenie roślin elitarnych, wolnych od patogenicznych mikroorganizmów oraz szybkie wprowadzenie do uprawy nowych odmian (Debnath, 2006).

Celem przeprowadzonych badań była ocena zdolności regeneracyjnych w warunkach *in vitro* 25 wyselekcjonowanych pojedynków (klonów hodowlanych) borówki wysokiej uzyskanych z krzyżowania 7 form matecznych ('Hardblue', 'Chandler', 'Earlibue', 'Draper', 'Bluecrop', 'Spartan', 'Northland') oraz 6 form ojcowskich ('Patriot', 'Chandler', 'Draper', 'Northland', 'Bluegold', 'Safir'). Materiał badawczy stanowiły tegoroczne pędy pobierane w czerwcu z mieszańców rosnących w Sadzie

\* Prace realizowane w ramach zadania 1.2 Programu Wieloletniego „Działania na rzecz poprawy konkurencyjności i innowacyjności sektora ogrodniczego z uwzględnieniem jakości i bezpieczeństwa żywności oraz ochrony środowiska naturalnego”.



Doświadczalnym w Dąbrowicach (k/Skierniewic). Eksplantaty inicjalne (pąki wierzchołkowe i kątowe), po odkażeniu, wykładano na pożywkę WPM (Lloyd, McCown, 1980) uzupełnioną zeatyną. Na etapie inicjacji kultur oceniano czystość kultur, a następnie po 3 miesiącach wzrostu w warunkach *in vitro* zdolność do regeneracji pędów na podstawie pięciostopniowej skali bonitacyjnej (1 — zamieranie pędów; 2 — słaby wzrost, tendencja do żółknięcia liści; 3 — wzrost i rozwój pędów, tendencja do żółknięcia liści; 4 — wzrost i rozwój pędów, współczynnik namnażania <4; 5 — wzrost i rozwój pędów, współczynnik namnażania >4).

Spośród 2208 eksplantatów wyłożonych na pożywkę, wzrost inicjalny podjęło 90,5% czystych pąków. Ocena wzrostu i rozwoju pędów borówki oraz ich jakości pokazała, że genotypy należące do 14 rodzin mieszańcowych różniły się znacząco zdolnościami regeneracyjnymi w warunkach *in vitro*. Bardzo niskie zdolności regeneracyjne (słaby wzrost pędów, żółknięcie liści, tendencja do zamierania) stwierdzono u klonów pochodzących z następujących krzyżowań: ‘Chandler’×‘Patriot’, ‘Earlibue’×‘Draper’, ‘Patriot’×‘Northland’. Najwyższymi zdolnościami regeneracyjnymi odznaczały się natomiast klony hodowlane pochodzące z następujących rodzin: ‘Spartan’×‘Bluegold’ i ‘Spartan’×‘Chandler’, dla których uzyskano wysoki współczynnik mnożenia (5,5–6 pędów/eksplantat) i wysoką jakość pędów (intensywnie zielone, bez tendencji do przebarwień i nekroz). Wyniki badań wskazują, iż zdolności regeneracyjne klonów hodowlanych borówki wysokiej w warunkach *in vitro* są uwarunkowane genetycznie.

#### LITERATURA

- Debnath S. C. 2006. Propagation of *Vaccinium in vitro*. International Journal of Fruit Science 6: 47 — 71.
- Lloyd G, McCown B. 1980. Commercially feasible micropropagation of mountain laurel, *Kalmia latifolia*, by use of shoot tip culture. Comb. Proc. Int. Plant Prop. Soc. 30: 171 — 172.
- Vidovic N. 2018. Berries and berry products. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.22497-9>.

**MARIA ZDZIECHOWSKA-DUDEK**

**MAGDALENA TACIAK**

**JUSTYNA PATELSKA**

**MICHAŁ ROKICKI**

Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o. — Pion Hodowli Roślin — Oddział Wiatrowo

e-mail: maria.zdziechowska@phr.pl

## Wpływ białek arabinogalaktanowych (AGP) na efektywność androgenezy w kulturach pylnikowych pszenicy ozimej i jęczmienia ozimego w Laboratorium *in vitro* Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o.

W kulturach komórek i tkanek *in vitro* białka arabinogalaktanowe (AGP — arabinogalactan proteins) są akumulowane w pożywkach i pełnią ważne funkcje regulacyjne w trakcie różnicowania. AGP poprawiają żywotność mikrospor i wpływają na efektywność indukcji struktur androgenicznych oraz wydajność regeneracji. W przedstawionych badaniach porównywano wpływ pożywki indukcyjnej oraz regeneracyjnej z dodatkiem AGP na efektywność powstawania zarodków i kalusów oraz regenerację roślin w kulturach pylnikowych pszenicy ozimej i jęczmienia ozimego.

Kłosa pszenicy ozimej zawierające mikrospory w stadium średnio-późnym do późnym traktowano wstępnie temperaturą 4°C przez okres 14 dni, natomiast kłosa jęczmienia ozimego traktowano chłodem przez 21 dni. Do indukcji androgenezy użyto zmodyfikowaną pożywkę N6 (Chu i in., 1978) z dodatkiem AGP. Uzyskane struktury androgeniczne pasażowano na zmodyfikowaną pożywkę regeneracyjną KBP (Kumlehn i in., 2006) z dodatkiem AGP. Łącznie wyłożono 108 000 pylników (54 000 pylników pszenicy ozimej oraz 54 000 pylników jęczmienia ozimego). Pierwsze struktury androgeniczne obserwowano już po 14 dniach prowadzenia kultury. Uzyskane struktury powyżej 1 mm przenoszono na pożywkę regeneracyjną. Ukorzenione sadzonki przesadzano do donic w szklarni. Zdecydowanie wyższą indukcję struktur androgenicznych oraz wydajność regeneracji uzyskano na pożywkach z dodatkiem AGP.



**MAGDALENA ŻURAWSKA-ZAJFERT**  
**NATALIA WASIAK-MICHALSKA**  
**EWELINA ŻMIJEWSKA**  
**KATARZYNA GRELEWSKA-NOWOTKO**  
**JAROSŁAW NOWOSIELSKI**  
**SŁAWOMIR SOWA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin, Laboratorium Kontroli GMO  
e-mail: m.zurawska@ihar.edu.pl

## GMO w produkcji ekologicznej na podstawie monitoringu pasz

Produkcja pasz ekologicznych w UE może być prowadzona w mieszalniach, które wytwarzają również pasze konwencjonalne i pasze oznakowane jako GMO. Jednak nawet wytwarzanie pasz wyłącznie z komponentów ekologicznych nie eliminuje ryzyka, że pasza będzie zupełnie wolna od GMO. Zgodnie z Rozporządzeniem 1829/2003 w sprawie genetycznie zmodyfikowanej żywności i pasz komponenty do pasz i pasze ekologiczne zawierające GMO w ilości nie większej niż 0,9% mogą być oznakowane jako ekologiczne jeśli zawartość ta jest przypadkowa lub nieunikniona technicznie. Rozporządzenie (WE) nr 834/2007 nakazuje stosowanie tego zapisu również w produkcji ekologicznej. W takim przypadku wykorzystanie do produkcji paszy komponentów oznakowanych jako ekologiczne, w których zawartość GMO jest nie do uniknięcia i jest <0,9%, może być źródłem śladowych domieszek GMO w paszy ekologicznej. W przypadku produkcji paszy dużym ryzykiem jako potencjalne źródło domieszki są jednak GMO autoryzowane jako żywność i pasza, ponieważ ogromna część paszy produkowanej w Polsce i UE zawiera komponenty GMO, głównie soję. W EU autoryzowanych jest jako żywność i pasza ok. 60 różnych GMO (soja, rzepak, kukurydza, bawełna i burak cukrowy). UE importuje ok 30 mln ton genetycznie zmodyfikowanej soi, która jest wykorzystywana głównie jako pasza. Do Polski każdego roku trafia ok. 2 mln ton genetycznie zmodyfikowanej soi. Ze względu na zachowanie czystości produkcji paszy ekologicznej w Polsce istotne staje się podjęcie środków mających na celu ograniczenie niezamierzonego występowania GMO w produktach znakowanych jako ekologiczne. Ponieważ w przypadku nieautoryzowanych w UE GMO pochodzących z krajów trzecich nawet śladowe domieszki nie mogą być akceptowane w produktach ekologicznych, zanieczyszczenia niemożliwe do uniknięcia dotyczą wyłącznie autoryzowanych w UE

GMO. W pracy przedstawiono wyniki przeprowadzonego w 2018 r monitoringu pasz ekologicznych wykonanego w ramach projektu na rzecz badań w rolnictwie ekologicznym. Z zebranych prób pasz i karm otrzymanych od jednostek certyfikujących oraz zakupionych z polskiego rynku wyizolowano DNA, a następnie wykonano analizy specyficzne dla gatunków roślin uprawnych, których modyfikacje genetyczne mogą znajdować się w paszy (kukurydza, soja i rzepak). Wykonanie analiz przesiewowych wykrywających 7 najczęściej występujących elementów DNA (p35S, tNOS, pFMV, 35S-pat, CTP2-CP4-EPSPS, Cry1Ab/Ac, Bar) w genetycznie zmodyfikowanych roślinach pozwoliło na wykrycie GMO w badanych próbach. Wyniki analiz skринingowych umożliwiły wyselekcjonowanie GMO, które mogły znajdować się w paszy. Po wykonaniu analiz specyficznych dla konkretnych GMO i ich ilościowym oznaczeniu oceniono zgodność z wymaganiami produkcji ekologicznej.

## SESJA 2

### PLAKATY

# HODOWLA I NASIENNICtwo ORAZ RYNEK NASIENNY ROŚLIN UPRAWNYCH W POLSCE



**TADEUSZ DRZAZGA**<sup>1</sup>  
**MARCIN STUDNICKI**<sup>2</sup>  
**MIROSLAW TYRKA**<sup>3</sup>  
**PRZEMYSŁAW MATYSIK**<sup>4</sup>  
**ROŻA MAZUR**<sup>5</sup>  
**TERESA SIKORA**<sup>6</sup>  
**EDWARD WITKOWSKI**<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Małopolska Hodowla Roślin

<sup>2</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki

<sup>3</sup> Politechnika Rzeszowska, Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki

<sup>4</sup> Hodowla Roślin Strzelce, Sp. z o.o. Grupa IHAR, Strzelce

<sup>5</sup> Poznańska Hodowla Roślin, Tulce

<sup>6</sup> DANKO Hodowla Roślin, Modzurów

<sup>7</sup> Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, Smolice

e-mail: pustkow@hbp.pl

## Zgodność rankingu plonu odmian pszenicy ozimej w dwóch sezonach wegetacyjnych 2016/2017 i 2017/2018

Celem opracowanie jest ocena zgodności plonu około 200 rodów pszenicy ozimej w dwóch sezonach wegetacyjnych różniących się znacząco przebiegiem warunków pogodowych w serii doświadczeń wstępnych. Zadanie będzie miało na celu także identyfikację rodów o szerokiej adaptacji w tych dwóch sezonach. Do realizacji powyższych celów wykorzystano dane o plonowaniu odmian pszenicy ozimej z dwuletnich wielokrotnych serii doświadczeń przedrejestranych — wstępnych, pochodzących z różnych ośrodków hodowli w Polsce. Doświadczenia były założone w sezonach 2016/17 oraz 2017/18 w 5 miejscowościach (KBP — Kobierzyce, MOB — Modzurów, NAD — Nagradowice, SMH — Smolice, STH — Strzelce), w układzie bloków niekompletnych z 2 (sezon 2016/17) lub 3 (sezon 2017/2018) powtórzeniami, na intensywnym poziomie agrotechniki A2 o podwyższonym poziomie nawożenia i zabiegów pielęgnacyjnych. W 3 seriach doświadczeń badano po 56 odmian (53 rody pochodzące z krajowej hodowli i 3 wzorce), w jednej serii 43 odmiany (40 rodów pochodzące z krajowej hodowli i 3 wzorce). Odmiany wzorcowe były takie same w każdym pojedynczym doświadczeniu rozpatrywanej serii — Artist, Patras, Kilimanjaro. W trakcie analizy statystycznej w pierwszej kolejności zostanie zastosowana dwuetapowa



analiza oparta o liniowych modelach mieszanych, która pozwoli oszacować średnie poprawione dla kombinacji odmiany  $\times$  sezon wegetacyjny  $\times$  miejscowości. Tak wyznaczone średnie pozwolą na ocenę zgodności rankingu odmian pszenicy ozimej na podstawie średniej z dwóch sezonach oraz oddzielnie w badanych miejscowościach. Zgodność rankingu plonu odmian zostanie zbadana z zastosowaniem współczynnika korelacji Spearmana. Dodatkowo zostanie zastosowana wykres GGA aby zidentyfikować odmiany o szerokiej zdolności adaptacyjnej. Wielośrodowiskową serię doświadczeń przeprowadzono w ramach projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi pod tytułem „Selekcja genomowa pszenicy ozimej”

**WIOLETTA M. DYNKOWSKA**

**MAŁGORZATA R. CYRAN**

**DARIUSZ R. MAŃKOWSKI**

**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

e-mail: m.cyran@ihar.edu.pl

## Zróźnicowanie stopnia usieciowania mostkami diferulowymi arabinoksylianów w nowych formach pszenicy polskiej hodowli

Arabinoksyliany ziarna zbóż pod wpływem stresu oksydacyjnego ulegają sieciowaniu oksydacyjnemu poprzez wytworzenie dehydrodimerów kwasu ferulowego. Stopień usieciowania tych polimerów w znaczący sposób wpływa na właściwości mąki, w szczególności na lepkość wodnego ekstraktu.

Celem badań była charakterystyka materiałów hodowlanych pszenicy w zakresie zawartości i składu polisacharydów błonnika pokarmowego a także stopnia jego usieciowania mostkami diferulowymi jako podstawy do wskazania linii pszenic odpowiednich do hodowli nowych odmian o podwyższonej koncentracji związków bioaktywnych. Oceniono ziarno linii pszenicy ozimej ze zbioru w 2017 roku z ośmiu różnych lokalizacji. Średnia zawartość skrobi w materiałach z 2017 roku uległa nieznacznemu zmniejszeniu (53,36% s.m.) w porównaniu z formami pszenicy pochodzącymi z lat poprzednich. Zmianie uległ również stosunek amylozy do amylopektyny, średni procentowy udział amylozy w skrobi stanowił 14,02%, co równocześnie związane jest ze średnim procentowym wzrostem udziału amylopektyny. Średnia zawartość arabinoksylianów rozpuszczalnych (0,86% s.m.) w ziarnie pszenicy ze zbioru w 2017 roku i ich zakres zmienności (0,63 – 1,13% s.m.) nie różniły się istotnie od wartości tych parametrów uzyskanych dla populacji z lat poprzednich. Zawartość arabinoksylianów rozpuszczalnych była istotnie skorelowana z poziomem lepkości ekstraktu ziarna z 2017 roku ( $R = 0,8158$ ) podczas gdy taka zależność nie występowała w przypadku ich indeksu masy cząsteczkowej. Ilość mostków diferulowych zawartych w jednostce arabinoksylianu wynosiła średnio  $6,4 \cdot 10^3$  z zakresem wartości od  $1,4 \cdot 10^3$  do  $11,4 \cdot 10^3$ . Pozostałe parametry oceny prozdrowotnej badanych linii pszenicy nie różniły się zasadniczo od ich wartości otrzymanych dla populacji uprawianych w typowych warunkach klimatycznych.

*PODZIĘKOWANIE*

*Autorzy składają serdeczne podziękowania hodowcom ze stacji Hodowli Roślin w Choryni, Smolicach, Strzelcach, Antoninach, Nagradowicach, Laskach, Dębinie i Polanowicach za udostępnienie ziarna materiałów hodowlanych pszenicy do analiz fizyko-chemicznych. Praca została wykonana w ramach Programu Wieloletniego 2015-2020 finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi z budżetu w roku 2018.*

**AGNIESZKA FALIGOWSKA**  
**KATARZYNA PANASIEWICZ**  
**GRAŻYNA SZYMAŃSKA**  
**JERZY SZUKAŁA**  
**WIESŁAW KOZIARA**  
**KAROLINA RATAJCZAK**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii  
e-mail: faliga@up.poznan.pl

## Wpływ terminu siewu na plonowanie i wartość siewną nasion soi\*

### **The influence of the sowing date on the yielding and sowing value of soybean**

Soja jest jedną z najbardziej wartościowych roślin uprawnych na świecie. Nasiona soi wykorzystuje się nie tylko jako pokarm dla ludzi, ale również do produkcji wysoko-białkowych pasz dla zwierząt. Wzrastające zapotrzebowanie na białko paszowe wpłynęło na wzrost zainteresowania rolników gatunkami z rodziny *Fabaceae*, w tym soi. Między innymi, duży postęp biologiczny, jaki nastąpił w hodowli tego gatunku sprawił, że w Polsce powierzchnia uprawy soi stale rośnie. Według WIORINu, w roku 2018 liczba plantacji nasiennych poddanych ocenie wyniosła 143, tj. 1 250 ha i dotyczyła reprodukcji 35 odmian. Dla porównania w roku 2010, liczba plantacji poddanych ocenie stanowiła zaledwie 13, tj. 30,4 ha, a reprodukowano 4 odmiany. Taka sytuacja rodzi konieczność prowadzenia badań na użytek praktyki rolniczej, dotyczących wpływu szeregu czynników agrotechnicznych nie tylko na plonowanie, ale również na jakość nasion soi.

Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu terminu siewu na plonowanie trzech odmian soi oraz wpływ tego czynnika na wartość siewną i wigor nasion soi.

Ścisłe doświadczenie polowe z soją, przeprowadzono w latach 2016–2018 na polach w Zakładzie Doświadczalno-Dydaktycznym Gorzyń (N52° 34' 0.7909" E15° 54' 33.8855"), jako dwuczynnikowe, w układzie split-plot w czterech powtórzeniach polowych. Jako czynnik I-rzędu rozlosowano termin siewu: I — wczesny (druga dekada kwietnia), II — optymalny (trzecia dekada kwietnia), III — opóźniony (pierwsza dekada maja). Jako czynnik II-rzędu rozlosowano odmianę: Aldana, Merlin oraz Lissabon.

---

\* Doświadczenie było finansowane z wieloletniego projektu badawczego MRiRW (2016–2020) „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”.

Doświadczenie założono po pszenicy ozimej, a nasiona wysiano w ilości 90 kiełkujących nasion na 1 m<sup>2</sup> przy rozstawie międzyrzędzi 15 cm. Wszystkie zabiegi agrotechniczne przeprowadzone w trakcie badań zostały wykonane zgodnie z zasadami dobrej praktyki rolniczej.

Plon nasion był zróżnicowany w latach badań; średnio najwyższy uzyskano w roku 2016, a najniższy w 2018. Odmiana Aldana plonowała na poziomie 1,5 t·ha<sup>-1</sup>, natomiast średni plon odmian Merlin i Lissabon stanowił odpowiednio 2,6 i 2,5 t·ha<sup>-1</sup>. Czynniki drugi doświadczenia, istotnie modyfikował plonowanie soi. Z terminu wczesnego uzyskano 1,8 t·ha<sup>-1</sup>. Soja wysiana w terminie optymalnym plonowała na poziomie 2,2 t·ha<sup>-1</sup>, a najwyższy plon nasion uzyskano z trzeciego terminu siewu — 2,5 t·ha<sup>-1</sup>.

Wartość siewna i wigor nasion soi były zróżnicowane w latach badań pod wpływem obu czynników doświadczenia.

**KRZYSZTOF GAWĘCKI**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Stacja Doświadczalna Oceny Odmian  
w Głubczycach, ul Kolejowa 5, 48-100 Głubczyce  
e-mail: k.gawecki.glubczyce@coboru.pl

## Problemy agrotechniczne w uprawie soi

Ograniczenie erozji płodozmianów jak również zwiększenie udziału rodzimych komponentów białkowych w paszach dla zwierząt to wyzwania stawiane europejskim i polskim producentom rolnym. Zwiększenie udziału roślin bobowatych w strukturze zasiewów może się dokonać poprzez różnego rodzaju systemowe instrumenty wspierania produkcji towarowych gatunków roślin bobowatych, ale również, a może przede wszystkim poprzez dostarczanie rolnikom podstawowych informacji na temat zaleceń agrotechnicznych w unowocześnionej technologii uprawy konwencjonalnych odmian soi w Polsce. Jednym z najbardziej istotnych elementów agrotechniki jest właściwy dobór odmiany do warunków klimatyczno-glebowych. Technologia uprawy gleby oraz sama technika siewu musi opierać się o znajomości podstawowych wymagań tego gatunku. Gęstość siewu, nawożenie, ochrona i technika zbioru to czynniki decydujące o efektywności ekonomicznej uprawy soi w warunkach wolnego rynku surowców rolnych. Wyniki doświadczeń odmianowych, agrotechnicznych oraz rekomendacja odmian prowadzona przez COBORU są dla rolników podejmujących po raz pierwszy uprawę soi podstawą wiedzy agrotechnicznej.



**PIOTR GOLIŃSKI**

**BARBARA GOLIŃSKA**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego

e-mail: [pgolinsk@up.poznan.pl](mailto:pgolinsk@up.poznan.pl)

## Analiza polskiego i europejskiego rynku nasiennego traw i motylkowatych drobnonasiennych

Nasiennictwo traw i motylkowatych drobnonasiennych pozostaje ważnym segmentem rynku nasiennego roślin rolniczych w Polsce i w Europie. Po wstąpieniu naszego kraju do Unii Europejskiej wzajemne powiązania i oddziaływania rynkowe w nasiennictwie roślin łąkowych są coraz większe, zwłaszcza w odniesieniu do poziomu produkcji, kształtowania się cen oraz opłacalności. Obecnie w naszym kraju produkcja nasienne traw koncentruje się na następujących gatunkach: *Lolium perenne*, *Lolium multiflorum*, *Lolium weterwoldicum*, *Lolium x boucheanum*, *Festuca rubra*, *Festuca pratensis*, *Festuca arundinacea*, *Dactylis glomerata* i *Phleum pratense*. Świadczy o tym ich udział w areale zakwalifikowanych plantacji nasiennych w ostatnich latach. W przypadku motylkowatych drobnonasiennych największe znaczenie na rynku nasiennym mają koniczyny i lucerny. Wiodącą rolę w naszym kraju odgrywa *Trifolium pratense*. O opłacalności upraw nasiennych traw i motylkowatych drobnonasiennych decyduje cena nasion oraz koszty produkcji. Największe znaczenie w opłacalności produkcji nasion tej grupy roślin ma jednak wielkość zbieranego plonu. Plon nasion traw i motylkowatych drobnonasiennych zależy od wielu czynników, stymulujących biologiczny potencjał plonowania oraz ograniczających straty. Celem pracy jest analiza polskiego i europejskiego rynku nasiennego traw i motylkowatych drobnonasiennych w aspekcie powierzchni upraw nasiennych oraz poziomu ich plonowania.

W pracy wykorzystano dane PIORIN oraz ESCAA z lat 2004–2018 dotyczące areалу zakwalifikowanych upraw traw i motylkowatych drobnonasiennych oraz produkcji nasion.

Stwierdzono, że polski rynek nasienne traw z upływem lat zajmuje coraz silniejszą pozycję w Europie. W 2017 roku udział Polski w ogólnej powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych traw na rynku europejskim wyniósł 11%. Analizując poszczególne gatunki traw stwierdzono, że w uprawie *Lolium multiflorum* i *Festuca*



*rubra* Polska zajmuje drugie miejsce, a *Lolium perenne* jako najważniejszej trawy na rynku nasiennym — trzecie. W uprawie na nasiona roślin motylkowatych drobnonasiennych Polska ma mniejsze znaczenie na rynku europejskim, jednak w przypadku *Trifolium pratense* jest znaczącym graczem, zajmując trzecie miejsce pod względem arealu uprawy. W krajach zachodnioeuropejskich produkcja nasion większości gatunków traw jest większa od zapotrzebowania. Typowo proeksportowymi krajami w odniesieniu do nasion traw są Dania i Holandia, a motylkowatych drobnonasiennych — Włochy i Francja. Pojawiają się jednak, nawet w krajach Europy Zachodniej, tak zwane nisze eksportowe, które stanowią dużą szansę dla polskich firm hodowlano-nasiennych i nasiennych.

**MIECZYŚLAW GRZESIK**<sup>1</sup>

**REGINA JANAS**<sup>1</sup>

**ZDZIŚLAWA ROMANOWSKA-DUDA**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Pracownia Nasiennictwa, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice

<sup>2</sup> Pracownia Ekofizjologii i Rozwoju Roślin, Uniwersytet Łódzki, Łódź

e-mail: mieczyslaw.grzesik@inhort.pl

## Zastosowanie odpadów po fermentacji metanowej w uprawie sorgo w warunkach ograniczonego nawożenia syntetycznego\*

Zagospodarowanie odpadów z przemysłu spożywczego i ich ekologiczne wykorzystanie w produkcji roślinnej staje się jedną z ważniejszych kwestii w światowym rolnictwie. Do tych problemów zalicza się również recykling odpadów z fermentacji metanowej, których ilość szybko wzrasta w związku z dynamicznym rozwojem instalacji biogazowych, będących w najbliższej perspektywie czasowej znaczącą gałęzią produkcji energii. W związku z tym problem zarządzania nimi staje się bardzo ważnym z ekonomicznego i środowiskowego punktu widzenia. Ze względu na wysokie koszty składowania i zagrożenie dla środowiska, najbardziej racjonalne jest wykorzystywanie tych odpadów do nawożenia roślin. Dostępna do tej pory literatura światowa w tym zakresie jest ograniczona i w większości przypadków odnosi się do odpadów wytwarzanych przez konkretne biogazownie i wykorzystywane tam surowce.

Przedmiotem prezentowanych doświadczeń było zbadanie możliwości zagospodarowania odpadów z fermentacji metanowej w uprawie sorgo jako alternatywy lub uzupełnienia nawożenia syntetycznego. W tym celu zbadano wpływ różnych dawek tych odpadów, stosowanych osobno lub razem z biostymulatorami Apol-humus (polepszacz gleby) i Stymjod (nawóz nano-organiczno-mineralny), na dynamikę kiełkowania nasion oraz wschody, wzrost, zdrowotność i aktywność fizjologiczną roślin uprawianych w pojemnikach, nawożonych zróżnicowanymi ilościami nawozów syntetycznych.

Uzyskane wyniki wykazały, że aplikowane do gleby odpady korzystnie wpłynęły na dynamikę kiełkowania nasion i wschodów siewek ocenianych codziennie, wzrost roślin, których wysokość mierzono co 30 dni w okresie wegetacyjnym oraz na plon świeżej i suchej biomasy. Przyspieszony wzrost roślin, uzależniony od metody nawożenia, był

\* Badania były prowadzone w ramach projektu finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, Grant No. BIOSTRATEG2/296369/5/NCBR/2016.

skorelowany ze zwiększoną aktywnością kwaśnej i alkalicznej fosfatazy, RNazy i dehydrogenazy, indeksem zawartości chlorofilu oraz wymianą gazową, którą oceniano na podstawie pomiarów fotosyntezy netto, transpiracji, przewodnictwa szparkowego i zawartości międzykomórkowego CO<sub>2</sub>. Suplementacja tych odpadów biopreparatami Apol-humus i Stymjod dodatkowo zwiększyła zdrowotność i rozwój roślin, plon biomasy i aktywność fizjologiczną sorgo. Zastosowane odpady umożliwiły znaczne zmniejszenie koniecznych dla wzrostu dawek nawozów syntetycznych, których wytwarzanie i stosowanie jest szkodliwe dla środowiska. Przeprowadzone badania wykazały, że odpady z fermentacji metanowej mogą być wykorzystywane jako naturalny nawóz w uprawach sorgo, co zapewnia ich optymalny recykling, ogranicza stosowanie nawozów sztucznych i jest przyjazne środowisku.

**REGINA JANAS**

**MIECZYŚLAW GRZESIK**

Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach

Pracownia Nasiennictwa

e-mail: regina.janas@inhort.pl

## Zastosowanie fal elektromagnetycznych w uszlachetnianiu nasion wybranych gatunków roślin warzywnych\*

W integrowanej i ekologicznej produkcji nasiennej roślin warzywnych największym problemem jest niska zdolność kiełkowania nasion powodowana najczęściej wysokim porażeniem nasion przez grzyby patogeniczne oraz niedobór skutecznych środków biologicznych zwalczających patogeny. Dobra jakość nasion i odpowiednie przygotowanie materiału siewnego jest jednym z ważniejszych czynników plonotwórczych. Nasiona o wysokiej jakości powinny kiełkować w 100%, być mało wrażliwe na stresy, dobrze się przechowywać, wytwarzać rośliny szybko rozwijające się, nawet w niekorzystnych warunkach środowiskowych oraz dobrze plonujące (Grzesik, Janas, 2014; Janas i in., 2017).

Znanych jest obecnie wiele chemicznych, fizycznych i fizjologicznych metod ulepszenia materiału siewnego. Najlepiej poznane i najczęściej stosowane w praktyce są metody chemiczne związane z zaprawianiem nasion różnymi substancjami (zaprawy nasienne, regulatory wzrostu itp.). Środki chemiczne mimo ich dużej skuteczności stanowią zagrożenie dla środowiska, muszą być również ograniczane w produkcji integrowanej i wyeliminowane w produkcji ekologicznej. W związku z tym poszukuje się alternatywnych, proekologicznych metod uszlachetniania nasion, zwiększających opłacalność ekonomiczną produkcji nasiennej poprzez poprawę wartości siewnej. Wśród metod uszlachetniania nasion największe zainteresowanie wzbudzają metody fizjologiczne, do których należy kondycjonowanie nasion, biologiczne – zaprawianie środkami biologicznymi oraz fizyczne, do których należą między innymi płukanie nasion, traktowanie nasion światłem LED, laserem, polem magnetycznym, falami elektromagnetycznymi, skaryfikacja, stratyfikacja i hydrotermoterapia (Grzesik i in., 2012,

---

\* Badania wykonano w ramach Programu Wieloletniego Instytutu Ogrodnictwa (2015–20200 finansowanego przez MRiRW

2017; Janas, 2013; Janas, Grzesik, 2016; Janas i in., 2016, 2017; Kubala i in., 2013; Radzevičius i in., 2013).

Celem pracy była ocena skuteczności fizycznej metody — stosowania fal elektromagnetycznych w uszlachetnianiu nasion wybranych gatunków roślin warzywnych. Materiałem badań były nasiona gatunków sprawiających problemy w produkcji nasiennej, trudno kiełkujących, charakteryzujących się wysokim zasiedleniem mikoflorą, bądź zawierających w okrywie nasiennej inhibitory kiełkowania (koper ogrodowy, burak ćwikłowy). Nasiona wymienionych gatunków traktowano falami elektromagnetycznymi przy pomocy generatora RFG 3C PLUS (Radionics, Burlington, MA, U.S.A). Uwzględniono najważniejsze parametry przedsięwzięcia stosowania fal elektromagnetycznych w nasionach poszczególnych gatunków: czas traktowania nasion, napięcie prądu (V), częstotliwość impulsów (Hz) oraz okres trwania impulsu (Ms). Wyniki badań prowadzonych w warunkach laboratoryjnych, szklarniowych i polowych wskazują na ochronne oddziaływanie fal elektromagnetycznych w zakresie redukcji grzybów patogenicznych przenoszonych z nasionami buraka ćwikłowego i kopru ogrodowego oraz poprawę zdrowotności i jakości nasion. Po przedsięwzięciu zastosowaniu fal elektromagnetycznych uzyskano w zależności od gatunku rośliny 50–80% redukcję grzybów patogenicznych zasiedlających nasiona. Rezultatem traktowania nasion roślin warzywnych falami elektromagnetycznymi była również poprawa dynamiki kiełkowania i wschodów roślin. Rośliny uzyskane z nasion traktowanych falami elektromagnetycznymi charakteryzowały się szybszym wzrostem i rozwojem oraz większą zawartością chlorofilu w liściach. Spektakularne rezultaty uzyskano u buraka ćwikłowego, w którym problemem produkcji nasiennej jest wysokie zasiedlenie nasion mikoflorą oraz obecność inhibitorów kiełkowania w okrywie nasiennej. Wyniki trzyletnich badań wskazują na wysoką efektywność stosowanej fizycznej metody uszlachetniania i jej przydatność w optymalizacji ekologicznej i integrowanej produkcji nasiennej. Jest to nieinwazyjna, przyjazna środowisku i perspektywiczna metoda uszlachetniania nasion buraka ćwikłowego i kopru ogrodowego w aspekcie poprawy zdrowotności i wartości siewnej nasion oraz zwiększenia ich potencjału plonotwórczego.

#### LITERATURA

- Grzesik M., Janas R. 2014. Physiological method for improving seed germination and seedling emergence of root parsley in organic systems. *J. Res. Appl. Agric. Eng.* 59 (3): 80 — 86.
- Grzesik M., Janas R., Górnik K., Romanowska-Duda Z. 2012. Biologiczne i fizyczne metody stosowane w produkcji i uszlachetnianiu nasion. *J. Res. Appl. Agric. Eng.* 57: 147 — 152.
- Grzesik M., Górnik K., Janas R., Lewandowki M., Romanowska-Duda M., Duijn B. 2017. High efficiency stratification of apple cultivar Ligol seed dormancy by phytohormones, heat shock and pulsed radio frequency. *Journal of Plant Physiology* 219: 81 — 90.
- Janas R. 2013. Ocena możliwości poprawy zdrowotności nasion kopru ogrodowego i włoskiego uprawianego w systemach ekologicznych. *Journal of Agriculture and Application Research* 58 (3): 226 — 228.
- Janas R., Grzesik M. 2016. Wpływ biokondycjonowania nasion wybranych gatunków warzyw na zasiedlenie mikoflorą i wartość przechowalniczą. W: *Nowe Osiągnięcia w Biologicznej Ochronie Roślin przed Chorobami*. Bydgoszcz, 20–21.10 2016: 58 — 59.

- Janas R., Grzesik M., Romanowska-Duda Z. 2016. Proekologiczne metody osłony nasion roślin warzywnych przed patogenami. W: Wybrane zagadnienia ekologiczne we współczesnym rolnictwie. Monografia t. 9: 72 — 76.
- Janas R., Grzesik M., Romanowska-Duda Z. 2017. Ocena skuteczności nie chemicznych metod stosowanych przedsięwzięcie do poprawy zdrowotności i wartości siewnej nasion roślin warzywnych z rodziny selerowatych (*Apiaceae*). W: Wybrane zagadnienia ekologiczne we współczesnym rolnictwie. Monografia t. 10: 5 — 12.
- Kubala S., Wojtyła Ł., Garnczarska M. 2013. Kondycjonowanie jako strategia uszlachetniania nasion. Postępy Biologii Komórki. Tom 40 (2): 215 — 230.
- Radzevičius A., Sakalauskienė S., M. Dagys M. 2013. The effect of strong microwave electric field radiation on: (1) vegetable seed germination and seedling growth rate. Zemdirbyste vol. 100, (2): 179 — 184.



**BOGUSŁAWA JAŚKIEWICZ**<sup>1</sup>**MONIKA JASIŃSKA**<sup>2</sup>

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy, Puławy

Rolniczy Zakład Doświadczalny, Puławy — Kępa

e-mail: kos@iung.pulawy.pl

## Efektywność wykorzystania azotu przez pszenżyto ozime

Azot w rolnictwie spełnia rolę produkcyjną, przyczyniając się do wzrostu plonów. Niewykorzystany azot ma negatywny wpływ na środowisko rolnicze (denitryfikacja, spływy powierzchniowe, emisja, ulatnianie) powoduje również duże straty ekonomiczne producentów rolnych. Na wykorzystanie przez rośliny uprawne azotu, dostarczonego do gleby w formie nawozów mineralnych, wpływają liczne czynniki, do których zaliczamy: właściwości biologiczne gatunku, fazę rozwojową rośliny, termin stosowania nawozu, równomierność rozsiewu, głębokość jego przykrycia, wielkość dawki, właściwości gleby oraz czynniki środowiska. Wieloletnie badania nad reakcją odmian na nawożenie azotem prowadzone przez Zakład Uprawy Roślin Zbożowych wykazały, że można wyróżnić odmiany efektywnie wykorzystujące małe dawki azotu, odmiany średnie i odmiany efektywnie wykorzystujące duże dawki azotu. U odmian efektywnie wykorzystujących średnie dawki azotu wzrost ilości azotu nie powodował istotnej wyżki plonu, a u niektórych nawet obniżenie poziomu plonowania. Postęp hodowlany ostatnich lat, między innymi wprowadzenie do doboru odmian mieszańcowych, może przyczynić się do lepszego wykorzystania azotu.

Badania prowadzono w SD Osiny, na statycznym poligonie badawczym założonym w 1999 roku. Zakres badań obejmował: udział zbóż w strukturze zasiewów (75%, 100%), sposób uprawy roli (orkowy, bezorkowy), odmiany pszenżyta ozimego (BOH2415, Meloman, Rotondo, Trapero), poziom nawożenia azotem (0, 90 i 120 kg N/ha). W celu porównania reakcji odmian pszenżyta ozimego na nawożenie azotem zostały oznaczone właściwości chemiczne gleby: zawartość N<sub>min</sub> w glebie, pH oraz wyliczono następujące wskaźniki: indeks żniwny azotu, efektywność rolnicza nawożenia azotem, efektywność fizjologiczna nawożenia azotem oraz współczynniki wykorzystania azotu z nawozów.





**BEATA KALISKA**

**DANIEL KRAUKLIS**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych  
Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Chrząstowie  
e-mail: b.kaliska.chrzastowo@coboru.pl

## Wpływ suszy na plonowanie gatunków roślin bobowatych grubonasiennych i soi w województwie kujawsko-pomorskim

Podstawowym czynnikiem determinującym wysokość plonowania roślin jest optymalne zaopatrzenie ich w wodę. Gatunki roślin bobowatych (strączkowych) grubonasiennych są wrażliwe na okresowe niedobory wody. Okresy posuchy, zwłaszcza podczas wchodów (bobik, groch siewny, łubiny — kwiecień; soja — maj), a także w fazie kwitnienia i zawiązywania strąków (bobik, groch siewny, łubiny — czerwiec; soja — lipiec) są przyczyną spadków uzyskiwanych plonów i tym samym przyczyniają się do zmienności plonowania odmian w latach.

W opracowaniu wykorzystano dane pochodzące z doświadczeń odmianowych prowadzonych przez COBORU w ramach Porejstrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO). Wyniki pochodzą z punktów doświadczalnych w województwie kujawsko-pomorskim: Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Chrząstowie (groch siewny, soja), Zakładu Doświadczalnego Oceny Odmian w Głębokim (bobik, groch siewny, soja) oraz z Zakładu Doświadczalnego Oceny Odmian w Głodowie (łubin wąskolistny, łubin żółty).

W warunkach środowiskowych każdego punktu doświadczalnego porównano ze sobą wyniki plonowania, masę tysiąca nasion oraz długość okresu wegetacji (wyrażoną w liczbie dni od siewu do dojrzałości technicznej) dla poszczególnych gatunków w sezonach wegetacji z największymi i najmniejszymi niedoborami wody.

Do określania okresów posusznych lub ich braku posłużono się danymi meteorologicznymi z punktów, w których doświadczenia były prowadzone. Na ich podstawie wyliczono ilości opady i ich rozkład z uwzględnieniem zapotrzebowania na wodę wg Klatta. Do określenia okresów posusznych i suchych posłużono się także współczynnikiem Sielianiowa. Wyliczeń dokonano dla całego okresu wegetacji i dla miesięcy, w których zapotrzebowanie na wodę dla poszczególnych gatunków jest największe.



**KATARZYNA KOTARSKA**  
**WOJCIECH DZIEMIANOWICZ**  
**ANNA ŚWIERCZYŃSKA**

Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. Wacława Dąbrowskiego  
Zakład Technologii Gorzelnictwa i Odnawialnych Źródeł Energii, ul. Powstańców Wielkopolskich 17  
85-090 Bydgoszcz  
e-mail: katarzyna.kotarska@ibprs.pl

## Znaczenie przemysłowe kukurydzy uwarunkowane zawartością skrobi w ziarnie

W Polsce kukurydza ma zastosowanie głównie w żywieniu zwierząt, szczególnie drobiu, trzody chlewnej i bydła mlecznego. Zawartość skrobi w ziarnie kukurydzy zależy w największym stopniu od jej genotypu i jest czynnikiem decydującym o przydatności kukurydzy na cele paszowe i przemysłowe. Zapotrzebowanie na skrobię wzrasta zarówno w przemyśle spożywczym, papierniczym, chemicznym młynarskim do wyrobu mąki i grysu, w przemyśle spirytusowym w produkcji etanolu.

Przy wyborze odmian kukurydzy do produkcji kiszonki bierze się pod uwagę przede wszystkim plon ogólny suchej masy. Odmiany o dużej biomase (wysokie i obficie ulistnione) zapewniają wyższy plon masy kiszonkowej, niż odmiany o budowie kompaktowej. Kiszonka z kukurydzy powinna charakteryzować się wysoką koncentracją energii. Energia ta pochodzi z dwóch źródeł: ze skrobi pochodzącej z ziarna oraz z włókna obecnego w łodydze, liściach, osadce oraz liściach okrywowych.

Kukurydza może być również wykorzystywana do produkcji biogazu. Podstawową cechą odmiany przeznaczonej do produkcji biogazu — podobnie, jak w przypadku produkcji kiszonki — jest plon ogólny suchej masy, przy czym najważniejsza jest biomasa zawarta w łodygach i liściach, natomiast nie w kolbie i ziarnie. Ze skrobi otrzymuje się w procesie fermentacji mniej metanu, niż w przypadku składników ścian komórkowych, jakim jest surowe włókno.

Istotnym kierunkiem przerobu ziarna kukurydzy jest produkcja bioetanolu. Do tego celu nadają się zarówno odmiany wczesne, jak i późne o ziarnie typu flint i dent, jednak ze względu na wydajność tego procesu najefektywniejsze jest wykorzystanie odmian późniejszych (o ziarnie typu dent lub pośrednim) o wysokim potencjale plonowania. Takie wykorzystanie kukurydzy nie wymaga suszenia ziarna oraz daje możliwość zagospodarowania ziarna uszkodzonego, o niższej wartości pokarmowej. Wybór odmian kukurydzy do produkcji etanolu odbywa się w praktyce poprzez ocenę różnic w

wydajności etanolu, uzyskiwanego z przerobu ziarna. Stwierdzono, iż różnice dochodzą do 30–40 litrów spirytusu z 1 tony ziarna kukurydzy, pomimo tej samej ceny surowca.

Kukurydza jest obecnie najbardziej efektywnym pod względem energetycznym i wydajności surowcem do produkcji etanolu.

Wybór właściwej odmiany kukurydzy dla określonego kierunku użytkowania jest jednym z ważniejszych czynników decydujących o powodzeniu uprawy. W wielu przypadkach wysoki potencjał plonowania jest najistotniejszą cechą wspólną wyróżniającą najlepsze odmiany kukurydzy.

**JOLANTA KOWALSKA**

Instytut Ochrony Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Poznań  
ul. Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań  
e-mail: j.kowalska@iorpib.poznan.pl

## Zróżnicowane nawożenie krzemem pszenicy jarej w systemie ekologicznym

Zastosowanie krzemu (Si) może zwiększyć plony, złagodzić stres abiotyczny, zwłaszcza suszę oraz poprawić kondycję zdrowotną rośliny. Doświadczenia polowe przeprowadzono w 2017–2018 roku w gospodarstwie badawczym. Dokonano oceny wpływu trzech metod stosowania dwóch nawozów Si na parametry wzrostu, plonowanie i zdrowotność pszenicy. Zabiegi obejmowały zalecaną dawkę dwóch różnych nawozów krzemowych stosowanych osobno — Adesil i ZumSil w dawce 10 kg i 0,3 t·ha<sup>-1</sup>, odpowiednio. W doświadczeniach polowych wykorzystano pszenicę jara, odm. „Arabella” uprawianą w systemie ekologicznym. Obserwacje potwierdziły znaczący wpływ krzemu na rośliny, zróżnicowany efekt w zależności od stosowania kwasu ortokrzemowego lub ziemi amorficznej oraz metody ich stosowania.



**ARTUR KOZERA**<sup>1</sup>  
**WITOLD SZCZEPANIAK**<sup>2</sup>  
**TOMASZ MIKULSKI**<sup>3</sup>  
**MARCIN PUŚLEDNIK**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> RAPOOL Polska Sp. z o.o.

<sup>2</sup> Katedra Chemii Rolnej i Biogeochemii Środowiska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

<sup>3</sup> Norddeutsche Pflanzenzucht, Hans-Georg Lembke KG

e-mail: artur.kozera@rapool.pl

## Wpływ terminu siewu i poziomu nawożenia azotem na plonowanie i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego

Czynniki plonotwórcze można podzielić na trzy grupy: definiujące, ograniczające i redukujące plon. Do pierwszej grupy zalicza się przede wszystkim czynniki roślinne, jak odmianę czy architekturę łanu, a także promieniowanie, temperaturę i dwutlenek węgla. W drugiej znajduje się woda i azot oraz czynniki odpowiedzialne za ich efektywność. Natomiast w trzeciej wyróżnia się chwasty, patogeny i szkodniki. Wymienione czynniki plonotwórcze w dużym stopniu są ze sobą powiązane. Stąd też między innymi w uprawie rzepaku należy poszukiwać odmian, które dostosują się do zmiennych warunków pogodowych, a także będą mniej podatne na patogeny. Bardzo ważne jest także, aby efektywnie gospodarowały azotem, który jest zarówno głównym składnikiem plonotwórczym, jak i stanowi zagrożenie dla środowiska naturalnego.

Celem badań była ocena wpływu dwóch terminów siewu i wzrastających poziomów nawożenia azotem na plon i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego.

Badania przeprowadzono w sezonie wegetacyjnym 2017–2018 w stacji doświadczanej NPZ Lembke na obiektach doświadczalnych na południu Wielkopolski w miejscowości Pępowo, powiat Gostyń. Doświadczenie polowe założono w układzie split-blok w trzech powtórzeniach. Czynnikiem doświadczenia były: 1) termin siewu: optymalny (22.08), opóźniony (04.09); 2) odmiany: Atora, Einstein, Ragnar, Prince; 3) dawka azotu: 0, 60, 120, 180 i 240 kg N·ha<sup>-1</sup>. Odmiany Ragnar i Prince posiadają gen odporności na wirusa żółtaczkę rzepy (Turnip Yellow Virus — TuYV).

Przeprowadzone badania wykazały istotny wpływ badanych czynników zarówno na plon nasion, jak i zawartość tłuszczu (tab.1).



**Plon nasion i zawartość tłuszczu**

Czynnik	Plon nasion, t·ha <sup>-1</sup>	Zawartość tłuszczu, %
Termin siewu		
Optymalny	4,397 <sup>b</sup>	47,52 <sup>a</sup>
Opóźniony	3,834 <sup>a</sup>	48,80 <sup>b</sup>
F	53,59***	117,1***
Odmiany		
Atora	4,022 <sup>ab</sup>	48,30 <sup>b</sup>
Einstein	3,897 <sup>a</sup>	49,08 <sup>c</sup>
Ragnar	4,266 <sup>b</sup>	47,23 <sup>a</sup>
Prince	4,278 <sup>b</sup>	48,02 <sup>b</sup>
F	5,94**	41,3***
Dawka azotu, kg N·ha <sup>-1</sup>		
0	3,003 <sup>a</sup>	49,36 <sup>d</sup>
60	3,950 <sup>b</sup>	48,69 <sup>c</sup>
120	4,433 <sup>c</sup>	47,78 <sup>b</sup>
180	4,523 <sup>c</sup>	47,80 <sup>b</sup>
240	4,668 <sup>c</sup>	47,16 <sup>a</sup>
F	61,94***	42,7***

F— iloraz wariancji; \*, \*\*, \*\*\* odpowiednio dla  $p \leq 0,05$ ; 0,01; 0,001

**MARIA KOZIOL**

**ADAM MAZUR**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych  
Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Przecławiu  
e-mail: m.koziol.przeclaw@coboru.pl

## Zmienność plonowania i cech użytkowych odmian soi w latach 2014–2018 oraz rekomendacja odmian dla województwa podkarpackiego

Prowadzone w Polsce doświadczenia z odmianami soi wskazują na korzystne warunki do uprawy tego gatunku w południowo-wschodniej części kraju. Ze względu na swoje specyficzne wymagania klimatyczne, a zwłaszcza wyraźną reakcją na długość dnia, duże wymagania cieplne i dość długi okres wegetacji, obecne odmiany soi uzyskują w rejonie Podkarpacia zadowalające plony z ekonomicznego punktu widzenia.

Celem pracy jest ocena przydatności do uprawy odmian soi pod względem potencjału plonowania i innych cech użytkowych. Analizie poddano wyniki plonowania i wybrane cechy użytkowe odmian uzyskane w doświadczeniach odmianowych z lat 2014–2018, realizowanych w ramach Porejestrowego doświadczalnictwa odmianowego (PDO). Doświadczenia przeprowadzono w trzech miejscowościach województwa podkarpackiego w zróżnicowanych warunkach glebowych: w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Przecławiu oraz w Zakładzie Doświadczalnym Oceny Odmian w Skołoszowie i w Zakładzie Doświadczalnym Oceny Odmian w Nowym Lublińcu. Przebieg pogody w poszczególnych latach i miejscowościach w sezonie wegetacyjnym był bardzo zróżnicowany.

W latach 2014–2018 przebadano łącznie 40 odmian soi z różnych grup wczesności. Liczba badanych odmian w doświadczeniach wahała się od 7 do 32. W analizowanym okresie tylko sześć odmian było badanych we wszystkich doświadczeniach: Augusta, Mavka, Aligator, Petrina, Madlen i Abelina.

Plonowanie odmian było zróżnicowane w latach i miejscowościach. Ogólnie poziom plonowania w doświadczeniach był zadowalający. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że plon nasion soi wahał się w przedziale od 12,2 dt/ha (w Nowym Lublińcu, rok 2015) do 68,5 dt/ha (w Przecławiu, rok 2018) i zależał w dużym stopniu od

warunków siedliskowych oraz meteorologicznych (głównie opadów). W trakcie wegetacji szczegółowej ocenie poddano takie cechy jak: długość okresu wegetacji, długość okresu kwitnienia, wysokość roślin i osadzenia najniższego strąka, skłonność do pęknięcia strąków, wylegania, porażenia chorobami, a także oznaczono masę 1000 nasion.

Począwszy od 2016 roku, na podstawie doświadczeń, tworzona jest „Lista odmian soi zalecanych do uprawy na obszarze województwa podkarpackiego”.

**DANUTA LESZCZYŃSKA**

**PIOTR KOSTIW**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach  
e-mail: leszcz@iung.pulawy.pl

## Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na plonowanie jęczmienia ozimego mieszańcowego

Jęczmień ozimy mieszańcowy zyskuje uznanie u rolników. Przemawia za tym fakt, że w tych samych warunkach glebowych odmiany mieszańcowe plonują wyżej od odmian populacyjnych. Lepiej rozbudowany system korzeniowy sprawia, że rośliny lepiej radzą sobie z suszami wiosennymi.

Przeprowadzono badania nad określeniem optymalnej ilości wysiewu, terminu siewu oraz efektywności azotu na plonowanie odmian heterozyjnych (4 odmiany) w porównaniu z odmianą populacyjną jęczmienia ozimego.

Stwierdzono istotne różnicowanie plonu ziarna i elementów plonowania jęczmienia ozimego w zależności od właściwości odmian, terminu siewu i gęstości siewu.

Zmienność plonu ziarna badanych odmian pod wpływem terminu siewu była niejednakowa. Istotną zniżkę plonu wskutek opóźnienia terminu siewu wykazano tylko dla odmian Galation i Sandra. Przyczyną tego było istotne zmniejszenie liczby kłosów w łanie tych odmian. Nie stwierdzono wpływu terminu siewu na plon ziarna i liczbę kłosów na jednostce powierzchni dla odmian Hobbit i Zoom. Opóźnienie siewu wywarło dodatni wpływ na masę 1000 ziaren tylko u odmian Hobbit i Zoom. Liczba ziaren w kłosie badanych odmian nie zależała od terminu siewu.

Badane odmiany jęczmienia ozimego różniły się pod względem plonu ziarna i elementów plonowania. Najwyższy plon ziarna wydała odmiana Hobbit, a najniższy odmiana Sandra. Największą liczbą kłosów na jednostce powierzchni charakteryzowała się odmiana Zoom, a najmniejszą Galation. Dwurzędowa odmiana Sandra wykazała znacznie wyższą masę 1000 ziaren od odmian wielorzędowych. Najwyższą liczbę ziaren w kłosie posiadała odmiana Hobbit, niższą odmiana Galation i Zoom, a znacznie niższą odmiana Sandra.

Uściślenie elementów technologii uprawy przyczynia się do zminimalizowania kosztów uprawy odmian heterozyjnych jęczmienia ozimego, z uwagi na konieczność corocznego zakupu materiału nasiennego.



**JOLANTA MADEJSKA**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych  
Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Węgrzcach  
e-mail: j.madejska.wegrzce@coboru.pl

## Doświadczenia ekologiczne realizowane z roślinami rolniczymi w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Węgrzcach

Rolnictwo ekologiczne opiera się na zasadach służących minimalizacji wpływu człowieka na środowisko, przy jednoczesnym zapewnieniu jak najbardziej naturalnego funkcjonowania systemu rolniczego. Typowe praktyki rolnictwa ekologicznego w produkcji roślinnej obejmują: właściwy płodozmian, wydajne użytkowanie zasobów własnych, bez wykorzystania syntetycznych nawozów i pestycydów, stosowanie gatunków roślin odpornych na choroby i dobrze zaadaptowanych do lokalnych warunków, a także całkowity zakaz stosowania organizmów zmodyfikowanych genetycznie.

Od roku 2015, po dwóch latach konwersji, w SDOO Węgrzce realizowane są doświadczenia ekologiczne, mające na celu sprawdzenie przydatności odmian do uprawy w gospodarstwach ekologicznych. Ustalając dobór odmian do doświadczeń ekologicznych kierowano się przede wszystkim odpornością odmian na choroby, potencjałem plonowania i cechami morfologicznymi roślin. W doświadczeniach ekologicznych badano większość odmian rekomendowanych do uprawy w województwie małopolskim. Testowano odmiany następujących gatunków roślin rolniczych: pszenica ozima, pszenica jara, owies jary oraz ziemniak. Do płodozmianu ekologicznego włączono także koniczynę czerwoną.

### WNIOSKI

1. Rolnictwo ekologiczne wymaga stosowania odpowiednich gatunków.
2. Wysokie plony można uzyskać stosując właściwy dobór odmian.
3. Wybierając odmiany do upraw ekologicznych należy brać pod uwagę ich potencjał plonowania i reakcję na ekstremalne warunki uprawy.
4. Bardzo duży wpływ na plonowanie odmian ma przedplon.

5. Gatunki ozime zbóż w uprawie ekologicznej dają pewniejszy efekt ekonomiczny niż gatunki jare.
6. W przypadku gatunków zbóż jarych trzeba się liczyć ze sporymi stratami spowodowanymi wystąpieniem szkodników.
7. Wszystkie bardzo wczesne odmiany ziemniaka nadają się do uprawy ekologicznej, pod warunkiem zastosowania dobrej jakości sadzeniaków.
8. Odmiany ziemniaka z grupy średnio późnych i późnych dają oczekiwany efekt ekonomiczny tylko w korzystnych warunkach uprawy, zwłaszcza w latach o niskiej presji zarazy ziemniaka.

**ELŻBIETA MALUSZYŃSKA**

**DARIUSZ R. MAŃKOWSKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

e-mail: e.maluszynska@ihar.edu.pl

## Wartość siewna kwalifikowanego materiału siewnego pszenicy ozimej przechowywanego w magazynie nasiennym

Wobec niskiego zużycia kwalifikowanego materiału siewnego w kraju, producentów interesuje jak długo można przechowywać materiał siewny bez utraty wartości siewnej. Niekiedy brakuje popytu określonej odmiany i rodzi się pytanie czy nadal przechowywać materiał, czy przeznaczyć na cele niesiewne.

Zamiarem badań była ocena wartości siewnej materiału kwalifikowanego w stopniu C1 pszenicy ozimej podczas 5 lat przechowywania w warunkach magazynowych. Materiał badawczy stanowiły próby żelazne różnych partii pszenicy ozimej odmian Tonacja i Bamberka przechowywane w magazynie nasiennym Zakładu Doświadczalnego IHAR — PIB w Radzikowie. Próby reprezentowały 13 partii zakwalifikowanych laboratoryjnie ze zbioru w 2013 roku w Radzikowie. W magazynie w okresie od jesieni 2013 r. do jesieni 2018 r. prowadzono monitoring temperatury i wilgotności względnej powietrza, który wykazał, że temperatura w pomieszczeniu wahała się od  $-7^{\circ}\text{C}$  do  $31^{\circ}\text{C}$ , a wilgotność od 30% do 84%.

W każdym roku przechowywania badano wilgotność nasion, która wynosiła od 12,0% do 14,5%. Ponadto corocznie oceniano wartość siewną pod względem zdolności kiełkowania oraz różnych cech wigoru: szybkości kiełkowania jednego nasienia, długości części pędowej siewki, długości części korzeniowej siewki, suchej masy siewki oraz kiełkowania po zastosowaniu testu sztucznego starzenia nasion. Analizy przeprowadzono zgodnie z metodyką polecaną przez Międzynarodowy Związek Oceny Nasion ISTA.





**DARIUSZ R. MAŃKOWSKI**<sup>1</sup>  
**DOROTA JASIŃSKA**<sup>2</sup>  
**MAGDALENA ANIOŁA**<sup>2</sup>  
**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**<sup>1</sup>  
**MONIKA JANASZEK-MAŃKOWSKA**<sup>3</sup>  
**MAŁGORZATA R. CYRAN**<sup>4</sup>  
**WIOLETTA M. DYNKOWSKA**<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa, Pracownia Ekonomiki, Nasiennictwa i Hodowli Roślin

<sup>2</sup> Stacja Hodowli Roślin Nagradowice, Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o. o.

<sup>3</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wydział Inżynierii Produkcji, Katedra Podstaw Inżynierii

<sup>4</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin, Pracownia Stresów Środowiskowych

e-mail: d.mankowski@ihar.edu.pl

## Jedno- i wielozmienna charakterystyka rodów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) wyhodowanych w Stacji Hodowli Roślin Nagradowice Poznańskiej Hodowli Roślin, badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych w latach 2017–2018\*

Celem badań była ocena zróżnicowania wartości cech poprzez charakterystykę badanych rodów i odmian jęczmienia jarego. Materiałem badawczym były rody jęczmienia jarego wyhodowane w Stacji Hodowli Roślin Nagradowice Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o. Obiekty te badane były w dwóch latach (2017 i 2018) w 2 seriach Zespołowych Doświadczeń Hodowlanych w 6 miejscowościach (Bąków, Nagradowice, Modzurów, Polanowice, Radzików i Strzelce), a uzyskane wyniki polowe i laboratoryjne stanowiły podstawę do przeprowadzenia analiz statystycznych.

---

\* Badania wykonano w ramach realizacji zadania 2.9 (temat nr. 3-2-00-0-09) pt.: „Analiza, weryfikacja i optymalizacja metod oceny jakościowej materiałów roślinnych” w Programie Wieloletnim IHAR-PIB, finansowanym przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Do analizy zróżnicowania badanych obiektów pod względem zmiennych ilościowych, tj. plonu, wysokości roślin, podatności na wyleganie i choroby, zastosowano dla obydwu lat i obydwu serii, analizę wariancji w układzie hierarchiczno-krzyżowym. Na tej podstawie wyznaczono estymatory BWLUE do oceny efektów badanych odmian i rodów. W celu opracowania wielocechowej charakterystyki badanych rodów i odmian wykorzystano samoorganizującą się mapę cech Kohonena.

**RUSLAN MONICH**  
**LYUDMYLA KOBA**  
**ARTEM TARANENKO**  
**MAGDALENA SKÓRKA**

Naukowo Badawcze Centrum Rozwoju Soi AgeSoya Sp. z o.o. w Hucie Krzeszowskiej  
e-mail: m.skorka@agesoya.com

## Innowacyjne otoczkowanie nasion szansą na ochronę nasion soi i zwiększenie poziomu plonowania\*

Naukowo Badawcze Centrum Rozwoju Soi AgeSoya Sp. z o.o. specjalizuje się w hodowli nowych wysokoplonujących odmian soi dostosowanych do warunków europejskiego obszaru geograficznego. Pracujemy w Polsce od 2011 roku. W 2012 roku nasiona naszych odmian wysiano na obszarze 1500 ha, w 2017 roku powierzchnia ta wzrosła do 10 000 ha. AgeSoya Sp. z o.o. jest liderem popularyzowania uprawy soi na terenie RP jako źródła cennego białka roślinnego. Wszystkie nasze odmiany otrzymano bez wykorzystania metod genetycznej modyfikacji roślin.

Naszym celem jest tworzenie wysokowydajnych odmian soi, przystosowanych do warunków środowiskowych, odpornych na choroby i odpowiednich dla przemysłu spożywczego.

Odmiany hodowli „AgeSoya”, mają wysoki potencjał plonotwórczy (ponad 4 t/ha); wysokość osadzenia dolnego strąka wynosi 10–20 cm; odmiany są odporne na wyleganie i choroby; zawartość białka w nasionach jest na poziomie (33–44%); wszystkie odmiany są odporne na pęknięcie strąków. Większość strąków zawiera 4 nasiona. Odmiany „AgeSoya”, mają jasno żółtą warstwę nasienną na całej swojej grubości co jest szczególnie ważne dla przemysłu spożywczego.

W warunkach klimatycznych Polski na wczesnych etapach rozwoju pędy soi są narażone na niską temperaturę i ryzyko infekcji patogenami. Projekt BIOSOYCOAT

---

\* Badania prowadzono w ramach projektu: Opracowanie innowacyjnej biodegradowalnej otoczki dla nasion soi opartej na biopolimerach z surowców odnawialnych dla zwiększonej tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe, akronim: BIOSOYCOAT, finansowany przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach strategicznego programu badań naukowych i prac rozwojowych "Środowisko naturalne, rolnictwo i leśnictwo". Umowa nr BIOSTRATEG3/346390/4/NCBR/2017. Okres realizacji 2017–2020. W ramach badań współpracujemy z Instytutem Biopolimerów i Włókien Chemicznych w Łodzi, Instytutem Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — PIB w Puławach oraz Uniwersytetem Rzeszowskim w Rzeszowie

zakłada stworzenie otoczki chroniącej nasiona przed wczesnym kiełkowaniem w niekorzystnych warunkach i infekcją grzybami.

W projekcie badania prowadzone są z wykorzystaniem 7 odmian soi autorstwa „AgeSoya”, Annushka, Mavka, Violetta, Atlanta, Madlen, Lajma, Smuglyanka, najczęściej uprawianych na terenie RP. W szczególności uwagę zwraca Annushka jako najwcześniej dojrzewająca odmiana, możliwa do uprawy na terenie RP. Charakteryzuje się sumą temperatur efektywnych 1800°C, co pozwala na jej wzrost nawet w północnej Polsce. Annushka oraz odmiany Lajma i Madlen, mają szybki wzrost dzięki czemu zalecane są jako przedplon upraw ozimych, doskonale nadają się jako nawóz zielony. Odmiany Lajma, Violetta, Mavka, Madlen należą do grupy wczesnie dojrzewającej. Najwyższy potencjał genetyczny odnośnie zdolności do plonowania (plonowanie powyżej 4 t/ha) mają odmiany Lajma, Violetta, Mavka, Madlen, Atlanta. Najwyższy wskaźnik odporności na suszę mają odmiany Lajma, Violetta, Mavka. Najwyższa zawartość białka (do 44%) jest charakterystyczna dla odmian Violetta, Atlanta, Smuglyanka. Nasiona odmiany Violetta szybko się emulgują i dlatego najlepiej nadają się do produkcji mleka sojowego i tofu. Najwyższą zawartość oleju ma odmiana Madlen (do 24%).

W ramach projektu badana jest zależność pomiędzy zastosowaniem otoczkowanych nasion a podwyższeniem odporności roślin na stresy biotyczne i abiotyczne oraz plonowaniem.

**MIROSLAW NOWAKOWSKI**

**MARCIN ŻUREK**

**ŁUKASZ MATYKA<sup>1</sup>**

**MARIA DOMINIAK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział Bydgoszcz

<sup>1</sup> Krajowa Spółka Cukrowa S.A. Toruń

e-mail: m.nowakowski@ihar.bydgoszcz.pl

## Zdrowotność i plony wybranych odmian buraka cukrowego na stanowisku zasiedlonym przez *Rhizoctonia solani* i *Aphanomyces cochlioides*

W ramach zadania 3.9 ujętego w Programie Wieloletnim IHAR — PIB przeprowadzono w Sypniewie (woj. kujawsko-pomorskie) w 2015 roku na glebie płowej typowej pasowe doświadczenie, w którym porównywano efekty uprawy buraka cukrowego z zastosowaniem 5 odmian odpornych na *Rhizoctonia solani* (Rs): Arrival, Boa, Mattea, Okapi i Premiere, 7 odpornych na *Cercospora beticola* (Cr): Bravo, Finezja, Jagoda, Jampol, Marino, Milton i Sobieski oraz 9 odmian standardowych, odpornych na wymienione agrofagi: Basilius, Danuška, Gellert, Piast, Polanin, Primadonna, Tadeusz, Telimena i Tuwim. Wszystkie odmiany charakteryzowały się ponadto odpornością na rizomanię. Na stanowisku doświadczalnym stwierdzono we wcześniejszych badaniach znaczne porażenie buraka cukrowego przez *A. cochlioides* i *R. solani*. Ocenę badanych parametrów plonu i zdrowotności wykonano dla każdej odmiany w 4 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m<sup>2</sup>. Indeks porażenia liści liczono wg wzoru Townsenda-Heubergera z zastosowaniem skali 0–9 (0 — brak porażenia, 9 — całkowicie zasychające liście), a w przypadku porażenia korzeni z użyciem skali 0–4 (0 — brak porażenia, 4 — > 70% porażenia korzenia).

Stwierdzono istotnie mniejszy średni plon korzeni, liści i cukru dla grupy odmian odpornych na *R. solani* w porównaniu do grupy odmian odpornych na *C. beticola* i grupy odmian nieodpornych na wymienione patogeny. Ponadto zarejestrowano istotnie niższą zawartość cukru i tendencję do wyższych zawartości melasotworów, azotu alfaaminowego i sodu, dla obu grup odmian odpornych, w porównaniu do odmian nieodpornych.

Znaczne zróżnicowanie ocenianych parametrów wystąpiło pomiędzy poszczególnymi odmianami w obrębie każdej badanej grupy odmian. Największy plon korzeni i cukru

oraz zawartość cukru wśród odmian odpornych Rs wykazała odmiana Boa (odpowiednio 51,5 t·ha<sup>-1</sup>, 8,51 t·ha<sup>-1</sup> i 18,39%), a wśród odmian odpornych Cr szczególnie wysokimi plonami charakteryzowały się odmiany Bravo (58,1 t·ha<sup>-1</sup>, 9,35 t·ha<sup>-1</sup>) i Sobieski (57,5 t·ha<sup>-1</sup>, 9,42 t·ha<sup>-1</sup>). Z kolei w grupie odmian nieodpornych największymi plonami korzeni i cukru (57,3 t·ha<sup>-1</sup>, 9,74 t·ha<sup>-1</sup>) i wysoką zawartością cukru odznaczała się odmiana Tuwim (18,87%).

Zarejestrowano ogólnie niewielkie porażenie liści chorobami grzybowymi — chwościkiem buraka i brunatną plamistością liści. Najmniejsze porażenie przez *C. beticola* wykazano dla grupy odmian Rs, a w przypadku *R. beticola* dla grupy Cr. Z kolei najmniejsze indeksy porażenia korzeni zgnilizną wierzchołkową, parchem pasowym i brunatną zgnilizną korzeni określono dla grupy odmian Rs.

Odmiany wyróżniające się w trzech grupach odmian dużym plonowaniem odznaczały się najczęściej mniejszą podatnością na infekcje wywołane chorobami liści i korzeni. Stwierdzono małe porażenie odmian Boa i Bravo przez *C. beticola*, *R. beticola*, *A. cochlioides* (parch pasowy) i *R. solani*, u odmiany Sobieski — przez *R. beticola*, *A. cochlioides* (zgnilizna wierzchołkowa) i *R. solani*, a u odmiany Tuwim przez *C. beticola*, *R. beticola*, *A. cochlioides* (zgnilizna wierzchołkowa) i *R. solani*.

**KAMIŁA NOWOSAD**

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu  
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa  
kamila.nowosad@upwr.edu.pl

## Ocena porażenia mączniakiem prawdziwym materiałów hodowlanych żyta

Mączniak prawdziwy zbóż jest jedną z najbardziej dewastacyjnych i powszechnie występujących chorób w uprawie zbóż, w tym także żyta. Choroba wywoływana jest przez wyspecjalizowane do porażenia poszczególnych gatunków zbóż rasy grzyba *Blumeria graminis*. Patogen ten zasiedla powierzchnię blaszek liściowych rozwijających się roślin zmniejszając ich powierzchnię asymilacyjną, co w konsekwencji może bezpośrednio prowadzić do obniżenia produktywności zainfekowanych roślin. U żyta rozpoznano wiele genów warunkujących odporność na porażenie przez mączniaka prawdziwego, a dla niektórych z nich opracowano markery molekularne ściśle sprzężone z allelami tych genów. W 2018 roku w doświadczeniach infekcyjnych testowano 180 genotypów żyta ozimego dostarczonych przez hodowców w celu poszukiwania źródeł odporności na mączniaka prawdziwego. Ocena podatności genotypów żyta na porażenie przez *Blumeria graminis* prowadzono w doświadczeniu szklarniowym, zgodnie z metodyką przedstawioną w pracy Zamorski i in. (1994), posługując się czterostopniową skalą porażenia (1–4), gdzie 1 oznaczało brak objawów, natomiast 4 — bardzo silne porażenie z koloniami mączniaka zajmującymi 75–100% powierzchni blaszek liściowych. Doświadczenia infekcyjne prowadzono w szklarni utrzymując temperaturę od 14 do 24°C i wilgotność powietrza zbliżoną do 100%. Do infekcji wykorzystano połowę populację patogena utrzymywaną na siewkach wrażliwej odmiany żyta. Inokulację przeprowadzono w fazie trzech liści metodą „miotłkową”, a dodatkowo obok ocenianego materiału ustawiono rośliny z namnożonym patogenem, co sprzyjało porażeniu. Stopień porażenia roślin oceniano po dwóch tygodniach od inokulacji, posługując się wspomnianą skalą. Wyniki ocen zostały poddane analizom statystycznym. Dla prawidłowego opracowania statystycznego otrzymanych danych eksperymentalnych przeprowadzono ich transformację, w celu spełnienia warunków koniecznych do analiz, a następnie wykonano jednoczynnikową analizę wariancji zgodnie z modelem kompletnej randomizacji (ANOVA). Do grupowania genotypów o tej samej wartości średnich, czyli do ich podziału na grupy jednorodne wykorzystano wielokrotny test Duncana. Większość badanych genotypów wykazywała podatność na porażenie przez mączniaka



prawdziwego, ponieważ na liściach zauważalne były ślady zarodnikowania. Ponad połowa badanych genotypów została oceniona na 4 według przyjętej skali porażenia, co wskazuje na ich bardzo dużą wrażliwość na porażenie przez mączniaka prawdziwego. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych genotypów żyta pod względem ich podatności na porażenie. Zastosowany test Duncana do porównania średnich ocen porażenia pozwolił na podział materiałów hodowlanych na siedem częściowo zachodzących na siebie grup jednorodnych. Wśród testowanych genotypów wystąpiło 16 obiektów bez śladów zarodników na liściach, uzyskały one średnią ocenę 1,0 (PHR 34/18, PHR 35/18, PHR 37/18 — PHR 50/18) i zostały zaliczone do pierwszej grupy jednorodnej genotypów o pełnej odporności. Dugą grupę jednorodną genotypów o wysokiej odporności utworzyło siedem obiektów (PHR36/18, CHD Ma 520, CHD Ma 524, LAD Ma 301, LAD Ma 302, LAD Ma 304 i LAD Ma 308) ze średnią oceną 1,7–2,0. Kolejną silnie zachodzącą na poprzednią grupę utworzyło siedem genotypów, które zostały ocenione średnio na 2,0–2,3 i charakteryzują się większą podatnością na porażenie przez mączniaka prawdziwego. Na uwagę zasługują przede wszystkim obiekty z pierwszej grupy jednorodnej, charakteryzujące się pełną odpornością na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *secalis*), które mogą stanowić dobry materiał wyjściowy do hodowli odmian odpornych na tego patogena. Pozostałe badane genotypy nie wykazywały całkowitej odporności na patogena i były w różnym stopniu zainfekowane.

**EDWARD S. GACEK**

**AGNIESZKA OSIECKA**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka  
e-mail: a.osiecka@coboru.pl

## Inicjatywa Białkowa COBORU w latach 2017 i 2018 — wdrożenie i upowszechnienie oraz promocja gatunków bobowatych grubonasiennych

Koncepcja nazwana *Inicjatywą Białkową COBORU* realizowana jest przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) od 2017 roku. Impulsem do jej powstania była i w dalszym ciągu jest potrzeba zwiększenia powierzchni uprawy roślin białkowych i soi w celu poprawy bilansu krajowego białka paszowego, a w rezultacie zmniejszenia uzależnienia od importowanej śrutki sojowej GMO. Założenia tego przedsięwzięcia koncentrują się na realizacji innowacyjnych rozwiązań metodycznych, w tym przede wszystkim na rozszerzeniu zakresu doświadczalnictwa odmianowego w tej grupie roślin. Docelowym efektem ma być powszechna rekomendacja odmian poszczególnych gatunków na terenie wszystkich województw.

Rozwijanie doświadczalnictwa odmianowego w ramach *Inicjatywy Białkowej COBORU* obejmuje najważniejsze gatunki roślin bobowatych grubonasiennych (strączkowych), tj.: bobik, groch siewny, łubin wąskolistny, łubin żółty oraz soję — roślinę najmniej poznaną, choć wyraźnie zyskującą na znaczeniu w ostatnich latach.

Głównym celem *Inicjatywy Białkowej COBORU* jest weryfikacja przydatności rejonów kraju do uprawy poszczególnych gatunków bobowatych grubonasiennych, a w ramach gatunków — systematyczna ocena dostępnych na rynku nasiennym odmian. W tym celu, w całym kraju realizowane są liczne doświadczenia polowe, z możliwie dużymi zestawami odmian.

Szerokie testowanie odmian umożliwia sprawdzenie:

- potencjału i wierności plonowania,
- innych ważnych cech rolniczych, a zwłaszcza tolerancji na stresy abiotyczne (susza oraz inne ekstremalne warunki środowiskowe) i stresy biotyczne (choroby, szkodniki i in.),

— określenie wczesności i możliwości adaptacyjnych do uprawy w kraju odmian soi pochodzących z różnych rejonów Europy, a także innych kontynentów.

W ramach *Inicjatywy Białkowej COBORU* zwiększono liczbę realizowanych doświadczeń średnio o ponad 50%, a przypadku soi liczba doświadczeń uległa podwojeniu. Doświadczenia z soją obecnie zakładane są także w północnym pasie kraju, gdzie dotąd nie było ich wcale.

Dotychczasowe wyniki badań odmianowych pochodzą z dwóch skrajnie odmiennych pod względem przebiegu pogody sezonów wegetacyjnych. W roku 2017 notowano dostateczną, a nawet nadmierną ilość opadów przez większą część sezonu wegetacyjnego, natomiast rok 2018 cechował się ich długookresowym deficytem oraz bardzo wysokimi temperaturami.

Miarą zmian zachodzących w tej grupie roślin jest m.in. znaczący wzrost liczby nowych odmian soi zgłaszanych do badań urzędowych oraz wpisanych do Krajowego rejestru (KR). Aktualnie zarejestrowanych jest 17 odmian, pochodzących z różnych firm hodowlano-nasiennych, o zróżnicowanej długości okresu wegetacji. Nastąpił także wzrost liczby odmian soi oferowanych na polskim rynku nasiennym — w roku 2018 było ich 35, o 10 więcej niż w roku 2017.

Wraz z wielostronną działalnością doświadczalną realizowane są międzyinstytucjonalne działania publikacyjne i wdrożeniowo-upowszechnieniowe. Na terenie stacji i zakładów doświadczalnych oceny odmian organizowane są spotkania popularyzujące uprawę roślin białkowych i soi, np. „Dni Pola Roślin Białkowych”, a także „Dni Soi”. Drukowane są także ulotki i broszury, zawierające ogólne i szczegółowe informacje nt. badanych odmian bobowatych grubonasiennych.

**KATARZYNA PANASIEWICZ**  
**AGNIESZKA FALIGOWSKA**  
**GRAŻYNA SZYMAŃSKA**  
**JERZY SZUKAŁA**  
**WIESŁAW KOZIARA**  
**KAROLINA RATAJCZAK**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii  
e-mail: katarzyna.panasiewicz@up.poznan.pl

## Efekty stosowania hydrożelu w uprawie grochu siewnego (*Pisum sativum* L.)\*

Produkcja roślinna przede wszystkim uwarunkowana jest czynnikami genetycznymi ale duże znaczenie mają również czynniki przyrodnicze i ekonomiczne. Spośród czynników przyrodniczych szczególną zmiennością charakteryzują się warunki meteorologiczne, a zwłaszcza suma i rozkład opadów. Alternatywą dla częściowego ograniczania deficytu wody, a tym samym przeciwdziałanie stresowi suszy, może być dogłębne zastosowanie polimerów, zwanych hydrożelami. Superabsorbenty polimerowe (SPA) stanowią związki wielocząsteczkowe o znacznych właściwościach retencyjnych, przez co możliwe jest dostarczenie rozwijającym się roślinom wody, w okresach jej największego niedoboru. Zastosowanie hydrożelu wymaga jednak przeprowadzenia licznych badań, które pozwolą na określenie możliwości jego wykorzystania, czy też sformułowania zaleceń dla praktyki.

Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu stosowania hydrożelu S-Aqua na plonowanie oraz wartość siewną i wigor nasion grochu siewnego.

Ścisłe doświadczenia polowe z grochem odmiany Tarchalska, przeprowadzono w latach 2016–2018, na polach Zakładu Doświadczalno-Dydaktycznego Gorzyń filia Brody (52°26' N; 16°18' E) należącego do Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, jako jednoczynnikowe, w czterech powtórzeniach. Czynnikiem badawczym było stosowanie hydrożelu: kontrola (bez hydrożelu), 30 kg/ha i 60 kg/ha.

Hydrożel wysiano wiosną przed zastosowaniem agregatu uprawowego. Groch uprawiano w tradycyjnym orkowym systemie uprawy roli w stanowisku po pszenicy ozimej, wysiewając 100 kiełkujących nasion na 1 m<sup>2</sup>.

---

\* Doświadczenie było finansowane z wieloletniego projektu badawczego MRiRW (2016–2020) „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju”

Wszystkie zabiegi agrotechniczne przeprowadzone w trakcie badań zostały wykonane zgodnie z zasadami dobrej praktyki rolniczej.

Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, iż plonowanie grochu było bardziej zróżnicowane w latach badań niż czynnikiem badawczym. Zastosowanie hydrożelu S-Aqua nie miało istotnego wpływu na plonowanie grochu siewnego. Ponadto nie udowodniono istotnego wpływu stosowania hydrożelu na podstawowe parametry wartości siewnej i wigoru nasion grochu siewnego.

**GRAŻYNA PODOLSKA**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach  
Zakład Uprawy Roślin Zbożowych  
aga@iung.pulawy.pl

## Wykorzystanie azotu przez odmiany pszenicy ozimej w zależności od czynników agrotechnicznych

Azot jest jednym z najważniejszych czynników plonotwórczych pszenicy ozimej. Niewykorzystanie azotu przez łan pszenicy jest wymierną stratą finansową dla rolnika, a dla środowiska nasilenie procesów między innymi eutrofizacji wód i denitryfikacja. Szacuje się, że wymywanie bazowe azotu to około 15–40 kg na hektar na rok. Na wykorzystanie przez rośliny uprawne azotu, dostarczonego do gleby w formie nawozów mineralnych, wpływają liczne czynniki, do których zaliczamy: warunki klimatyczno-glebowe, właściwości gatunku i odmiany, termin i dawka stosowania nawozu, równomierność rozsiewu, głębokość jego przykrycia oraz zabiegi agrotechniczne.

Celem badań było określenie efektywności wykorzystania azotu przez odmiany pszenicy ozimej w zależności od przedplonu i uprawy roli.

Badania polowe przeprowadzono w latach 2016/2017 i 2017/2018 w RZD Kępa gospodarstwo Osiny. Czynnikiem doświadczalnym były odmiany pszenicy ozimej Belissa, Bonanza, Hybery, Pokusa oraz sposób uprawy roli: orkowy i uproszczony. Pszenice uprawiano w monokulturze zbożowej oraz na poletkach z 75% i 50% udziałem zbóż w płodozmianie. W badaniach uwzględniono obiekt bez nawożenia azotem oraz nawożenie w dawce 100 i 140 kg N·ha<sup>-1</sup>. Przed założeniem doświadczenia oznaczono ilość azotu mineralnego w glebie. Zbiór pszenicy wykonano w fazie dojrzałości pełnej oznaczając plon ziarna oraz plon suchej masy, zawartość azotu w nasionach i suchej masie. Ponadto oznaczono ilość glutenu w ziarnie. Oznaczono efektywność rolniczą zastosowanego azotu.

Wykazano, różnice odmianowe w efektywności rolniczej wykorzystania azotu. Odmiana Belissa wykorzystywała azot najefektywniej, podczas gdy Hybery najmniej efektywnie. Efektywność rolnicza zastosowanego azotu na poletkach z uprawą orkową zarówno w ilości 100 jak i 140 kg N·ha<sup>-1</sup> była podobna, co wskazuje, że większa dawka azotu nie miała negatywnego wpływu na środowisko. Ponadto stwierdzono zależności wykorzystania azotu w zależności od udziału zbóż w płodozmianie.



**JUSTYNA REJMANIAK**<sup>1</sup>  
**MAGDALENA PAWLAK**<sup>1</sup>  
**GWIDON TRATWAŁ**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Śremie

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych

<sup>2</sup> Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Słupi Wielkiej

e-mail: zdoo.sremwojtostwo@coboru.pl

## Plonowanie łąbinu wąskolistnego i łąbinu żółtego w doświadczeniach ekologicznych w porównaniu z tradycyjną uprawą w doświadczeniach PDO

Rolnictwo ekologiczne stanowi jedną z najbardziej rozwijających się obecnie gałęzi rolnictwa na świecie. Ostatnie lata w Polsce charakteryzują się stałym wzrostem powierzchni użytkowej i liczby gospodarstw ekologicznych. Wzrost zapotrzebowania na białko paszowe spowodowało większe zainteresowanie roślinami bobowatymi grubonasiennymi. Zaczęto poszukiwać nowych technologii uprawy bardziej przyjaznych dla środowiska.

Celem badań była ocena przydatności wybranych odmian łąbinów do uprawy w warunkach produkcji ekologicznej. O wyborze odpowiedniej odmiany powinny decydować takie cechy jak: plon nasion i jego jakość, adaptacja do lokalnych warunków klimatycznych, odporność na choroby, większa konkurencyjność w stosunku do chwastów.

Doświadczenia z łąbinem wąskolistnym i łąbinem żółtym przeprowadzono w Zakładzie Doświadczalnym Oceny Odmian w Śremie zgodnie z obowiązującymi metodykami. Doświadczenia w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzone były w warunkach rolnictwa konwencjonalnego, natomiast doświadczenia prowadzone w ramach Ekologicznego Doświadczalnictwa Odmianowego (EDO) prowadzone były bez użycia nawozów mineralnych i środków ochrony roślin.

W sezonie wegetacyjnym 2018 w doświadczeniu konwencjonalnym z odmianami łąbinu wąskolistnego najwyższy plon osiągnęła odmiana Samba, a w doświadczeniu ekologicznym odmiana Tango. W doświadczeniu z odmianami łąbinu żółtego, zarówno w uprawie konwencjonalnej, jak i ekologicznej najplenniejsza była odmiana Bursztyn.



Jednoroczne wyniki przeprowadzonych doświadczeń pozwalają stwierdzić, że prowadzenie uprawy w systemie rolnictwa ekologicznego jest trudniejsze w porównaniu do systemu konwencjonalnego. Szczególne trudności sprawia zachwaszczenie upraw i utrzymanie zasiewów w stanie gwarantującym odpowiedni poziom i jakość uzyskanego plonu.

**WOJCIECH RYBIŃSKI**<sup>1</sup>  
**JAN BOCIANOWSKI**<sup>2</sup>  
**ROBERT RUSINEK**<sup>3</sup>  
**KATARZYNA PANKIEWICZ**<sup>1</sup>  
**ELŻBIETA STARZYCKA-KORBAS**<sup>4</sup>  
**CZESŁAWA NAWROT**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

<sup>3</sup> Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie

<sup>4</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu  
e-mail: wryb@igr.poznan.pl

## Zmienność parametrów plonowania, geometrii nasion i ich odporności na obciążenia mechaniczne u wybranych form kolekcyjnych lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Biorąc pod uwagę zachodzące zmiany klimatyczne i priorytetowe znaczenie w tym kontekście odporności roślin na stresy abiotyczne, w ostatnim coraz częściej większego znaczenia nabierają prace badawcze nad niedocenianymi i marginalnymi gatunkami roślin. Należy do nich niewątpliwie lędźwian siewny (*Lathyrus sativus* L.) który według prof. Milczaka z UP w Lublinie dotarł do Polski (rejon Podlasia) towarzysząc soczewicy jako chwast, już w XVII wieku wraz z osadnictwem tatarskim. Jest on ważną rośliną proekologiczną i wyróżnia się kompleksem takich cech, jak odporność na niskie temperatury, wybitna odporność na suszę, tolerancja na rodzaj gleb, wyższa odporność na pęknięcie dojrzałych strąków niż groch i odporność polowa na choroby grzybowe przy wysokiej zawartości białka w nasionach na poziomie nawet 33%. Z uwagi na swe unikalne właściwości w obrębie rodzaju *Lathyrus*, lędźwian siewny uznany został za modelową roślinę dla potrzeb rolnictwa zrównoważonego (Vaz Patto i in., 2006).

W aspekcie interdyscyplinarnym, zarówno genetycy i hodowcy z jednej strony, jak i agrofizycy z drugiej, dysponują obecnie nowoczesnym warsztatem badawczym umożliwiającym opracowanie zmienności genetycznej cech oraz oddziaływań fizycznych i fizykochemicznych zachodzących w szeroko pojętym środowisku wzrostu i rozwoju roślin.

Prezentowane badania są próbą statystycznego ujęcia zmienności cech fenotypowych i plonotwórczych na podstawie doświadczenia polowego z właściwościami geometrycznymi nasion i ich odpornością na obciążenia mechaniczne na przykładzie zróżnicowanych ze względu na pochodzenie geograficzne form kolekcyjnych łądzwianu siewnego. Materiał do badań stanowiły formy kolekcyjne łądzwianu siewnego pochodzące z różnych krajów europejskich, a dwie odmiany: Krab i Derek reprezentowały rodzime formy z Podlasia. Ocenę zmienności cech fenotypowych i struktury plonu prowadzono na podstawie wyników uzyskanych z doświadczenia polowego. W warunkach laboratoryjnych oceniano właściwości geometryczne zebranych nasion wraz z analizą ich odporności na obciążenia mechaniczne. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie wykorzystując w tym celu wielocechową metodę analizy statystycznej. Wykazano, że badane obiekty pod względem parametrów plonowania charakteryzują się szerokim spektrum zmienności wewnątrzgatunkowej w obrębie *L. sativus*. Pod względem obciążeń mechanicznych zbliżone wartości średnich uzyskano dla siły maksymalnej i siły sprężystości przy znacznym zróżnicowaniu tych cech między poszczególnymi obiektami, co obrazują wartości skrajne: minimum i maksimum. Szeroki zakres wartości skrajnych dla pozostałych cech obciążeń mechanicznych wskazuje na znaczne zróżnicowanie między obiektami kolekcyjnymi, co umożliwia wybór form o największej odporności nasion na uszkodzenia mechaniczne. Szczególnie szeroki zakres zróżnicowania obiektów obserwowano dla parametrów geometrycznych nasion (grubość, szerokość i długość nasion). Na podstawie przeprowadzonych pomiarów wykazano, że obok form drobnonasiennych charakterystycznych dla krajowych materiałów oraz pochodzących z Niemiec i północnej Francji, występowały też formy wielkonasienne typowe dla obszaru południowej Europy: Włoch i Hiszpanii. Mniejszej zmienności wyrażonej wartością współczynnika zmienności podlegała grubość nasion, a większej szerokość i długość.

Uzyskana zmienność pod względem kompleksu ocenianych cech umożliwia wybór najbardziej wartościowych genotypów i wytypowanie komponentów rodzicielskich do krzyżowań ukierunkowanych na ulepszenie krajowych form łądzwianu siewnego.

#### LITERATURA

- Vaz Patto M. C., Skiba B., Pang E. C. K., Ochatt S. J., Lambein F., Rubiales, D. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133 — 147.

**MALGORZATA STRZELCZYK**

**MAGDALENA CHUDY**

**EWA PRZYDANEK**

**EWA PIECHOCKA**

**WANDA BESTRZYŃSKA**

**GRZEGORZ OLESZAK**

**KRZYSZTOF RYBAK**

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu

e-mail: malgorzata.strzelczyk@iwnirz.pl

## Nasiennictwo odmian roślin włóknistych i zielarskich wyhodowanych w IWNiRZ Poznań

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu (IWNiRZ) posiada ponad osiemdziesięcioletnią tradycję w pracach badawczych, hodowli i nasiennictwie odmian roślin włóknistych, oleistych i zielarskich. Prowadzona jest hodowla twórcza i zachowawcza. Ponadto Instytut w ramach kontraktów produkuje kwalifikowany materiał siewny odmian konopi, lnu, kminku, ostropestu, rumianku pospolitego i innych roślin zielarskich, w zależności od popytu. Dla licznej grupy plantatorów bogata oferta nasion polskich odmian tych gatunków jest bardzo atrakcyjna. Priorytetem są działania mające na celu uzyskanie i dopuszczenie do obrotu nasion spełniających tylko najwyższe standardy jakościowe.

Uprawa roślin na cele kwalifikowanego materiału siewnego podlega ustawie z dnia 9 listopada 2012 roku o nasiennictwie (Dz. U. z 2017 r, z późn. zmianami). Zakładając plantację, która podlega lustracji polowej i laboratoryjnej, należy przestrzegać wymagań dla poszczególnych grup roślin. Powyższe wymogi dotyczą: roślin z *grupy włóknistych* konopie, len; z *grupy oleistych* len oleisty, kminek zwyczajny. Ocena polowa plantacji nasiennych nadzorowana jest przez Wojewódzkie Inspektoraty Ochrony Roślin i Nasiennictwa właściwe ze względu na położenie plantacji.

Dla wyhodowanych odmian roślin zielarskich, które nie zostały włączone do żadnej z grup w myśl w/w ustawy oceniany jest hodowlany materiał siewny (lub reprodukowany zgodnie z metodyką IWNiRZ), w celu oceny laboratoryjnej badanej partii nasion.

**Słowa kluczowe:** nasiennictwo, rośliny włókniste, rośliny zielarskie, kwalifikowany materiał siewny.



**EWA SZPUNAR-KROK**  
**MICHAŁ NOWORÓL**  
**DOROTA BOBRECKA-JAMRO**  
**RENATA PAWLAK**

Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów  
e-mail: szpunar-krok@wp.pl

## Reakcja odmian pszenicy ozimej na wzrost intensywności technologii produkcji

Badania nad reakcją wybranych odmian pszenicy ozimej na poziom intensywności technologii produkcji wykonano na Polu Doświadczalnym Podkarpackiego Ośrodka Doradztwa Rolniczego w Boguchwale k. Rzeszowa (N 49°59' E 21°57'), w latach 2012–2015. Doświadczenie polowe wykonano w układzie split-block, w 4 powtórzeniach. Czynnikiem zmiennymi były: I) poziom intensywności technologii produkcji: technologia niskonakładowa, technologia wysokonakładowa, II) odmiana pszenicy ozimej: Tonacja, Bogatka, Figura, Muszelka, Smuga, Batuta, Akteur, Ostroga, Komnata, Jenga, Mulan, Naridana.

Technologia produkcji i czynnik odmianowy nie miały wpływu na wzrost i rozwój roślin do fazy BBCH 21, zaś w kolejne fazy rozwojowe rośliny w technologii wysokonakładowej wchodziły o ok. 1–2 dni później w porównaniu do technologii niskonakładowej. Zwiększenie intensywności technologii produkcji do poziomu wysokonakładowego spowodowało istotny wzrost zawartości chlorofilu, parametrów fluorescencji chlorofilu *a* ( $F_v/F_m$ , PI) i wymiany gazowej ( $P_N$ ,  $E$ ,  $g_s$ ) w liściu flagowym w fazie BBCH 55, jak też długości kłosa, liczby kłosek w kłosie, obsady kłosek na 1 m<sup>2</sup>, gęstości usypowej ziarna, zawartości glutenu mokrego w ziarnie, plonu ziarna i białka ogółem, wartości energetycznej plonu, a istotny spadek wysokości roślin. Uprawa pszenicy w technologii wysokonakładowej ograniczyła porażenie roślin przez patogeny grzybowe.

Istotnie najniższy plon ziarna wydała odmiana Komnata, natomiast pozostałe odmiany nie różniły się istotnie pod względem plonowania. W obu technologiach produkcji plon ziarna był dodatnio skorelowany z długością kłosa, masą ziaren z kłosa, obsadą kłosek na 1 m<sup>2</sup> oraz następującymi parametrami fizjologicznymi roślin:  $P_N$  (intensywność fotosyntezy netto),  $E$  (intensywność transpiracji), zawartość chlorofilu,  $F_v/F_m$  (maksymalna wydajność PS II),  $F_v/F_0$  (szczytowa efektywność reakcji rozkładu wody), PI (wskaźnik witalności PSII) i WUE (współczynnik wykorzystania wody), a ujemnie

skorelowany z Ci (wewnątrzkomórkowe stężenie CO<sub>2</sub>). Ponadto, w technologii niskonakładowej plon ziarna był dodatnio skorelowany z LAI (wskaźnik powierzchni liści) w fazie BBCH 55 i liczbą ziaren w kłosie, a w technologii wysokonakładowej dodatnio z liczbą kłosek w kłosie, a ujemnie z powierzchnią i masą liścia flagowego.

**TOMASZ SZYMAŃSKI**<sup>1</sup>

**MARCIN PUŚLEDNIK**<sup>2</sup>

**TOMASZ MIKULSKI**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Saaten-Union Polska Sp. z o.o.

<sup>2</sup> Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG

e-mail: tomasz.szymanski@saaten-union.pl

## Porównanie plonu oraz ważniejszych cech rolniczo-użytkowych form jarych i ozimych grochu siewnego (*Pisum sativum* L.) w latach 2015–2017

W ostatnich paru latach wzrosło zainteresowanie uprawą roślin bobowatych (dawniej: strączkowych). W 2017 r. w ogólnej powierzchni, uprawy bobowatych jadalnych na nasiona, najwięcej zajmował groch, tj. 42,2%. Coraz częściej w uprawie spotykamy również formy ozime grochu siewnego. Dość popularny jest on w Czechach, gdzie testuje i rejestruje się tego typu odmiany. W Polsce jedyną firmą nasienną posiadającą w swojej ofercie odmiany grochu ozimego jest Saaten-Union Polska Sp. z o.o.

Wyniki doświadczeń pochodzą z badań rejestrowych prowadzonych w latach 2015–2017 w stacjach doświadczalnych Ústřední kontrolní a zkušební ústav zemědělský (UKZUZ) czyli czeskiego odpowiednika Centralnego Ośrodka Badań Roślin Uprawnych (COBORU). Celem badań było porównanie przydatności rolniczej form jarych i ozimych grochu siewnego (*Pisum sativum* L.). Wybrane zostały najplenniejsze odmiany jare: (ASTRONAUTE, SALAMANCA) oraz ozime (DEXTER, JAMES), których reprezentantem w Polsce jest firma Saaten-Union Polska Sp. z o.o. Organizacja ta została utworzona m.in. przez firmę hodowlaną Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, która od dwóch lat z powodzeniem testuje groch ozimy w warunkach klimatu polskiego w południowej Wielkopolsce.

Wyniki plonowania odmian ozimych okazały się wyższe w porównaniu do form jarych. Najplenniejszą odmianą w ciągu 3 lat badań okazał się groch ozimy DEXTER ze średnim plonem nasion 59,2 dt/ha.. Średnio zbiory form ozimych w stosunku do form jarych były przyspieszone o ponad 10 dni. Odmiany jare charakteryzowały się natomiast wyższymi wartościami cech rolniczo-użytkowych: wyższą masą tysiąca nasion oraz zwiększoną odpornością na choroby i wyleganie.





**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI<sup>1</sup>, EWA BEDNARCZYK<sup>1</sup>, EDWARD ARSENIUK<sup>1</sup>  
EDWARD WITKOWSKI<sup>2</sup>, KRYSZYNA WITKOWSKA<sup>2</sup>, ADA BOGUSŁAWSKA<sup>2</sup>,  
DOMINIKA DWOJAK<sup>2</sup>, JAROSŁAW BOJARCZUK<sup>2</sup>  
URSZULA WOŹNA-PAWLAK<sup>3</sup>, RÓŻA MAZUR<sup>3</sup>, MICHAŁ ROKICKI<sup>3</sup>,  
MAREK ZAJĄC<sup>3</sup>  
PRZEMYSŁAW MATYSIK<sup>4</sup>, ZYGMUNT NITA<sup>4</sup>, BARBARA ŻMIJEWSKA<sup>4</sup>  
KAROL MARCINIAK<sup>5</sup>, BOGUSŁAWA ŁUGOWSKA<sup>5</sup>, ZOFIA BANASZAK<sup>5</sup>,  
TERESA SIKORA<sup>5</sup>, MARIA BOGACKA<sup>5</sup>, JERZY BOGACKI<sup>5</sup>, MIROSLAW POJMAJ<sup>5</sup>,  
TOMASZ ADAMCZYK<sup>6</sup>, ANDRZEJ BICHOŃSKI<sup>6</sup>, TADEUSZ DRZAZGA<sup>6</sup>,  
JERZY KUD<sup>6</sup>**

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>2</sup> Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, Smolice

<sup>3</sup> Poznańska Hodowla Roślin

<sup>4</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Strzelce

<sup>5</sup> Hodowla Roślin DANKO

<sup>6</sup> Polanowice MHR

e-mail: t.smialowski@ihar.edu.pl

## Zmienność i genetyczne uwarunkowanie ważnych cech rolniczych oraz korelacje fenotypowo-genotypowe pomiędzy nimi u odmian i rodów pszenicy ozimej badanych na 2 poziomach agrotechniki w latach 2015–2018

W latach 2015–2018 w doświadczeniach polowych przeprowadzonych na dwóch poziomach agrotechniki: podstawowym i zawansowanym w 10 zróżnicowanych środowiskach: Dębina, Kobierzyce, Kończewice, Krzemlin, Modzurów, Nagradowice, Polanowice, Radzików, Smolice i Strzelce zbadano łącznie 619 obiektów pszenicy ozimej.

Oprócz oceny plonu wykonano pomiary i obserwacje wysokości roślin, terminów kłoszenia, stopnia przezimowania, porażenia przez choroby, podatności na wyleganie, a w laboratorium ocenę masy 1000 ziaren i hektolitra. Na podstawie polowych i laboratoryjnych wyników doświadczeń hodowlanych z rodami i odmianami pszenicy ozimej

przeprowadzono analizę statystyczno-genetyczną polegającą na obliczeniu współczynników zmienności, wskaźników genetycznych i wyznaczeniu ich błędów, obliczeniu współczynników korelacji fenotypowo-genotypowych.

Okazało się, że zawansowany poziom agrotechniki sprzyjał uzyskaniu wyższego plonu badanych obiektów pszenicy ozimej przeciętnie o 12,9 dt/ha w stosunku do poziomu podstawowego. Również niektóre cechy pszenicy ozimej: wysokość roślin, odporność na wyleganie, masa 1000 ziaren okazały się korzystniejsze przy zawansowanym poziomie agrotechniki.

Stwierdzono silne zróżnicowanie plonu ziarna, podatności na wyleganie i choroby często odmienne w kolejnych latach badań. Znacznie niższą zmiennością charakteryzowały się termin kłoszenia, masa 1000 ziaren i masa hektolitra ziaren. Warunki glebowe, agrotechniczne i klimatyczne również wpłynęły na zróżnicowanie wskaźników genetycznego uwarunkowania badanych cech. Okazało się, że na wartość i kierunek korelacji fenotypowo-genotypowych pomiędzy cechami większy wpływ miały lata badań niż poziomy zastosowanej agrotechniki.

**BEATA TATAROWSKA**

**JAROSŁAW PLICH**

**BOGDAN FLIS**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Młochowie  
e-mail: b.tatarowska@ihar.edu.pl

## Zwiększenie wydajności i konkurencyjności ekologicznej hodowli roślin (ECOBREED)

Jednym z najważniejszych problemów rolnictwa ekologicznego jest niewielka liczba dostępnych odmian roślin uprawnych przydatnych do upraw ekologicznych oraz brak certyfikowanego materiału nasiennego wyprodukowanego w ramach obowiązujących przepisów Unii Europejskiej. W chwili obecnej nasiona organiczne muszą spełniać zarówno kryteria obowiązujące konwencjonalny materiał nasienne, jak i posiadać system certyfikacji ekologicznej, co znacznie podnosi koszty produkcji takich nasion. Pomimo tych trudności sektor ekologiczny ma ogromny potencjał i obserwujemy jego stały rozwój, co przyciąga zainteresowanie firm nasiennych. Z drugiej jednak strony, firmy wahają się inwestować w ten sektor ze względu na nieprecyzyjne lub zmieniające się regulacje prawne. W konsekwencji dostępność na rynku certyfikowanych nasion ekologicznych jest ograniczona. Obowiązujące obecnie w UE przepisy mówią, że do wszelkich upraw ekologicznych konieczne jest stosowanie wyłącznie materiału nasiennego uzyskanego metodami ekologicznymi, lecz ze względu na braki takiego materiału dopuszczalne są pewne odstępstwa umożliwiające stosowanie przez eko-rolników tradycyjnego materiału nasiennego. W roku 2018 wydano jednak nowe Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady UE 848/2018, które będzie stosowane od 1 stycznia 2021 roku. Jedną z ważniejszych części dotyczących produkcji ekologicznej materiału siewnego jest preambuła 105, w której wspomina się o zamiarze UE wycofania odstępstw dotyczących korzystania z nie ekologicznego materiału rozmnożeniowego roślin w produkcji ekologicznej. Nowe rozporządzenie także po raz pierwszy zdefiniowało pojęcie „ekologicznej odmiany” odpowiedniej do produkcji ekologicznej. Takie zmiany legislacyjne wymuszają podjęcie szybkich działań w dziedzinie hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych, umożliwiające zapewnienie dostatecznej ilości ekologicznego materiału nasiennego. Jednym z takich działań jest powstanie międzynarodowego projektu ECOBREED.

Ecobreed jest europejskim programem wspierający rozwój hodowli i nasiennictwa na potrzeby rolnictwa ekologicznego i niskonakładowego. Głównym koordynatorem

projektu jest prof. dr. Vladimir Meglič ze Słoweńskiego Instytutu Rolniczego w Lublanie. W badania zaangażowanych jest 24 partnerów pochodzących z 14 krajów europejskich oraz Stanów Zjednoczonych. W projekcie tym Polska reprezentowana jest przez Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział Młochów (koordynator prac dotyczących ziemniaka).

Celem projektu jest poprawa dostępności na rynku nasion i odmian przeznaczonych do produkcji ekologicznej i niskonakładowej. Badania prowadzone są na czterech gatunkach roślin uprawnych wybranych ze względu na ich potencjalny wkład w zwiększenie konkurencyjności sektora ekologicznego, tj. pszenica zwyczajna, ziemniak, soja i gryka. W ramach projektu opracowane zostaną (a) metody, strategie i infrastruktura hodowli ekologicznej, (b) odmiany odporne na choroby, szkodniki i czynniki środowiskowe, lepiej wykorzystujące dostępne zasoby i wyróżniające się wysoką jakością, oraz (c) ulepszone zostaną metody produkcji ekologicznej nasion.

Celem prac prowadzonych na ziemniaku jest :

1. Stworzenie kolekcji odmian ziemniaka z przeznaczeniem dla sektora ekologicznego i szeroka charakterystyka tego materiału pod względem wielu ważnych cech (fenotypowych i genotypowych).
2. Poprawa jakości sadzeniaków ziemniaka przeznaczonych do hodowli ekologicznej.
3. Ocena wytypowanych odmian/rodów w różnych warunkach środowiskowych (doświadczenia wieloletnie i wielokrotne).
4. Wytworzenie nowych odmian ziemniaka i materiałów hodowlanych odpowiednich do produkcji ekologicznej.
5. Tworzenie najwyższej jakości linii hodowlanych o trwałej odporności na wiele ras *Phytophthora infestans*.

Wszelkie informacje dotyczące projektu Ecobreed oraz prac, które są w nim realizowane można znaleźć na stronie internetowej <http://ecobreed.eu>.



**JAROSŁAW WILK**  
**PAWEŁ DOPIERAŁA**  
KWS Lochow Polska Sp. z o.o.  
jaroslaw.wilk@kws.com

## Skuteczność działania regulatorów wzrostu i ich wpływ na plonowanie żyta ozimego

W uprawie żyta mieszańcowego jedną z cech mającą istotny wpływ na wysokość i jakość plonu jest wyleganie roślin. W intensywnych technologiach prowadzenia łanu żyta musimy korzystać ze środków, które przeciwdziałają temu zjawisku. Jest to możliwe dzięki zastosowaniu substancji chemicznych — retardantów, wpływających na skrócenia źdźbła i wzmocnienie tkanki mechanicznej. W przypadku uprawy żyta na dobrym stanowisku przy wysokim nawożeniu azotowym oraz przy dostatecznej zasobności stanowiska w wodę regulator wzrostu należy zastosować bezwzględnie.

Celem badań było dobranie jak najefektywniejszej kombinacji retardantów dostępnych na rynku, aplikowanych w różnych fazach rozwojowych roślin w uprawie żyta ozimego na glebach dobrych. Szesnastoobiektowe doświadczenie polowe zostało założone w sezonach 2016–2017 i 2017–2018 w jednej miejscowości, w czterech powtórzeniach, na jednym poziomie agrotechniki, na poletkach o wielkości 14 m<sup>2</sup>. W doświadczeniu została użyta stosunkowo podatna na wyleganie odmiana KWS Livado. Zabiegi przy pomocy opryskiwacza rowerowego były wykonywane w czterech fazach rozwojowych — BBCH 29/30 (koniec krzewienia, początek strzelania w źdźbło), BBCH 31 (pierwszy węzeł przynajmniej 1 cm nad węzłem krzewienia), BBCH 32 (drugi węzeł co najmniej 2 cm nad pierwszym) oraz BBCH 39 (liść flagowy całkowicie rozwinięty). Otrzymane wyniki opracowano statystycznie za pomocą programu FiVal. 15 kombinacji porównano do niechronionego wzorca. Analiza wariancji wykazała istotne różnice w plonowaniu obiektów, którymi były różne kombinacje retardantów i terminów ich zastosowania. Zaobserwowano także ich istotny wpływ na masę tysiąca ziaren, wysokość roślin, wyleganie oraz termin kłoszenia i dojrzewania.



**MARCIN WŁODARCZYK**<sup>1</sup>**JADWIGA CIEPIELSKA**<sup>2</sup><sup>1</sup> Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych; Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Zybiszowie<sup>2</sup> Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Tarnowiee-mail: [sdoo.zybiszow@coboru.pl](mailto:sdoo.zybiszow@coboru.pl)

## Ocena stabilności plonowania odmian gatunków bobowatych grubonasiennych testowanych w doświadczeniach PDO na terenie województwa dolnośląskiego

Celem badań było wskazanie odmian wyróżniających się wysokim oraz stabilnym plonowaniem w gatunkach roślin bobowatych grubonasiennych — bobik, groch siewny, łubin wąskolistny i żółty oraz soja, na terenie województwa dolnośląskiego, w latach 2016–2018.

Odmiany wyżej wymienionych gatunków testowane były w układzie losowanych bloków (z grupami odmian), w 3–4 powtórzeniach, w punktach doświadczalnych COBORU, na terenie Dolnego Śląska. Dwa punkty doświadczalne charakteryzują się bardzo dobrymi warunkami glebowymi — Tarnów, Zybiszów, z kolei w miejscowościach Krościna Mała, Tomaszów Bolesławiecki i Jelenia Góra występują gleby lżejsze. W Tarnowie prowadzone były doświadczenia z bobikiem, grochem siewnym, łubinem wąskolistnym oraz soją. W Krościnie Małej, ZDOO Tomaszowie Bolesławieckim oraz w Jeleniej Górze prowadzono, doświadczenia odmianowe z wszystkimi gatunkami roślin bobowatych grubonasiennych, w zależności od roku. Natomiast w Zybiszowie badana była tylko soja.

W roku 2017 średnio dla województwa, bobik najlepiej plonował na poziomie 46 dt/ha, natomiast najslabiej (29 dt/ha) w roku 2016. Najwyższe plony grochu siewnego uzyskano w roku 2016, średnio 52 dt/ha w województwie, natomiast najslabsze w suchym roku 2018 (26 dt/ha). Łubin wąskolistny najslabiej plonował w roku 2018 (26 dt/ha), najlepiej natomiast w roku 2017 (30,0 dt/ha). Najwyższe plony łubinu żółtego uzyskano w roku 2016, a najniższe w roku 2018. W roku 2017 plony soi były najwyższe w ostatnim trzyleciu i średnio wyniosły 43 dt/ha. W wyjątkowo suchym roku 2018 soja



plonowała nieco gorzej, na poziomie 34 dt/ha średnio z trzech miejscowości (Zybiszowie, Tarnowie, Krościnie Małej).

## SESJA 3

## PLAKATY

## MŁODZI NAUKOWCY DLA HODOWLI ROŚLIN



**DAGMARA BRONISZ**  
**TADEUSZ OLEKSIAK**  
**BARBARA WIEWIÓRA**  
**ELŻBIETA MAŁUSZYŃSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa  
e-mail: d.bronisz@ihar.edu.pl

## Jakość materiału siewnego zbóż ozimych stosowanego przez rolników w 2018 roku

Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego umożliwia wykorzystanie efektów postępu hodowlanego oraz daje gwarancję dobrej zdrowotności nasion, czystości i wysokiej zdolności kiełkowania. Niestety wielu rolników wciąż rzadko korzysta z nasion kwalifikowanych. Najgorzej jest pod tym względem w Polsce centralnej i wschodniej. Na Mazowszu udział kwalifikowanego materiału siewnego w zasiewach jest jednym z najniższych w kraju i w 2017 roku wynosił zaledwie 6%. Plony uzyskiwane w województwie mazowieckim są także wyraźnie niższe niż w innych rejonach. Niski poziom plonowania może być spowodowany brakiem wykorzystania postępu hodowlanego, wyradzeniem się odmian powodowanym wielokrotnym rozmnożeniem własnego materiału w gospodarstwach oraz złą jakością nasion. Rolnik stosujący niekwalifikowany materiał siewny nie zna jego zdolności kiełkowania, dlatego zwiększa normę wysiewu. Nieprawidłowa ilość wysianych nasion skutkuje niewłaściwą obsadą kłosów na m<sup>2</sup>, co prowadzi do pogorszenia jakości lub obniżenia plonu. Efektem niewłaściwej czystości nasion jest wprowadzanie na pole chwastów i nasion innych gatunków. Natomiast stosowanie materiału o niskiej zdrowotności powoduje introdukcję patogenów do gleby, czego konsekwencją jest wzrost kosztów związanych z ochroną roślin i gorsze plonowanie.

Celem pracy jest sprawdzenie faktycznej jakości stosowanego materiału siewnego w gospodarstwach rolnych oraz porównanie ze standardami jakości kwalifikowanego materiału siewnego.

Przedmiotem badań są próby materiału siewnego zbóż ozimych pobrane z 98 gospodarstw rolnych położonych na terenie województwa mazowieckiego. Materiał stanowi łącznie 113 prób, w tym 23 próby żyta ozimego, 37 prób pszenżyta ozimego, 44 próby pszenicy ozimej oraz 9 prób jęczmienia ozimego. W materiale oceniano czystość, zawartość nasion innych roślin, masę tysiąca nasion, zdolność kiełkowania oraz

zdrowotność. Ocenę przeprowadzono zgodnie z aktualną metodyką ISTA. Uzupełnieniem prac są badania ankietowe, w ramach których analizowano związek między czynnikami osobowymi (wykształcenie, wiek gospodarza) i produkcyjnymi (powierzchnia gospodarstwa, powierzchnia gruntów orných, jakość gleby, poziom nawożenia), a rodzajem i jakością stosowanego materiału siewnego. W pracy przedstawiono pierwszy etap badań: ocenę jakości siewnej żyta ozimego. Badania będą kontynuowane dla pozostałych gatunków.

**ANNA CIEPLICKA**

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział Bąków  
e-mail: cieplicka@hrsmolice.pl

## Wpływ warunków pogodowych w Hodowli Roślin Smolice na plonowanie odmian jęczmienia jarego

W pracy oceniono wpływ warunków pogodowych na średni plon 8 odmian jęczmienia jarego: Ella, Iron, KWS Atrika, Olympic, Rubaszek, Soldo, SU Lolek. W tym celu wykorzystano wyniki z doświadczeń porejestrowych przeprowadzonych w latach 2014–2017 w Oddziale Bąków, Hodowli Roślin Smolice. Doświadczenia prowadzone były na dwóch poziomach agrotechniki: A1 — ekstensywnym, A2 — intensywnym. Na podstawie danych pochodzących ze stacji agrometeorologicznej w Bąkowie określono rozkład średniej temperatury powietrza oraz sumy opadów atmosferycznych w poszczególnych miesiącach. Wyznaczono również dwa okresy krytyczne dla plonowania jęczmienia jarego: 1 okres to kwiecień-maj, a 2 okres to czerwiec-lipiec. Porównano średni plon odmian z roczną sumą opadów oraz średnią temperaturą powietrza w badanych latach.

Najwyższą średnią temperaturę powietrza (8,5°C) i najniższy roczny opad (504 mm) zanotowano w roku 2015. Najchłodniejszym rokiem był 2017, gdzie średnia temperatura powietrza nie przekroczyła 7,7°C. Z kolei rok 2014 charakteryzował się najwyższym opadem (726 mm) oraz wysoką średnią temp. powietrza (8,4°C) wśród badanych lat. Najniższe plony uzyskano w 2016 (A1 — 55,8 dt/ha, A2 — 53,8 dt/ha), a najwyższe w 2017 (A1 — 73,2 dt/ha, A2 — 72,0 dt/ha). Zatem na podstawie rocznych sum opadów i średniej temperatury powietrza nie można określić wpływu pogody na plon. Wyznaczając dwa krytyczne okresy, stwierdzono niższe plony w latach w których rozkład temperatury i opadów był niekorzystny dla rozwoju jęczmienia jarego (2016, 2015), natomiast w latach o bardzo dobrych warunkach pogodowych przypadających w krytycznych okresach dla roślin plon był najwyższy (2017, 2014). Analizując plonowanie stwierdzono, że KWS Atrika osiągnęła najwyższe plony spośród badanych w latach, w których wystąpiły najbardziej niekorzystne warunki pogodowe dla rozwoju jęczmienia jarego. Odmiany Rubaszek i Soldo na gorsze czynniki agrometeorologiczne reagowały znacznym spadkiem plonu. W latach o korzystnym przebiegu pogody dla uprawy

jęczmienia jarego najlepiej plonujące były odmiany Ella, SU Lolek i Soldo, a najgorzej Olympic, Podarek, KWS Atrika.

**AGNIESZKA MACIEJEWSKA**

**EDWARD ARSENIUK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Fitopatologii, Pracownia Organizmów Kwarantannowych  
e-mail: a.wegierek@ihar.edu.pl

## Ocena patogeniczności polskich izolatów bakterii *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* na przełomie lat 2005–2017

Bakterioza pierścieniowa ziemniaka wywołana przez *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* jest szeroko rozprzestrzenioną chorobą kwarantannową na świecie, trudną do zdiagnozowania i kontroli ze względu na patogenezę układu naczyniowego bulw, łodyg i liści, powolny rozwój objawów na roślinach oraz obecność formy latentnej (utajonej), dającej całkowicie bezobjawową postać choroby (Pietraszko i in., 2015; Slack, 1987).

Bakterie Cms powodują ogromne straty gospodarcze przez co stwarzają zagrożenie dla produkcji i hodowli materiału siewnego, a także utrudniają krajowy marketing ziemniaków w Unii Europejskiej i poza nią. Polityka "Zero tolerancji" obowiązuje w obszarze kwalifikowanego materiału siewnego, zarówno w Unii Europejskiej, jak i w niektórych krajach poza nią.

Szczepy bakterii *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* mogą różnić się zjadliwością (Holtmark, Gunnhild, 2008). Miarą zjadliwych szczepów bakterii Cms jest stopień ich patogeniczności, rozumiany jako zdolność do wywoływania choroby w roślinie gospodarza (Baer, Gudmestad, 1995; De Boer, McCann, 1990). Naturalne zakażenie prowadzące do typowych objawów występuje tylko na ziemniaku (*Solanum tuberosum*) (roślina ziemniaka) — Maćkowiak-Sochacka (2010). W wyniku sztucznej inokulacji wykazano, że wiele gatunków z rodziny *Solanaceae* włącznie z pomidorem i obojętną, jest podatnych na zakażenie.

W celu oceny stopnia patogeniczności 200 szczepów bakterii Cms pochodzących z polskiej kolekcji zebranej w latach 2005–2017 w Radzikowie zainokulowano siewki bakłazana w fazie trzeciego liścia a ocenę stopnia porażenia prowadzono po 12, 24 i 36 dniach od dnia inokulacji. Doświadczenie prowadzono na trzech roślinach dla każdego izolatu, w trzech powtórzeniach. Objawy choroby oceniono według skali zaproponowanej



przez Stead i Janse. Równolegle prowadzono ocenę fotograficzną dla wybranej rośliny w celu monitorowania rozwoju patogeniczności każdego szczepu z osobna.

W wyniku przeprowadzonej analizy statystycznej wyników doświadczenia udowodniono, że szczepy bakterii istotnie różniły się patogenicznością w stosunku do roślin bakłażana.

**Słowa kluczowe:** *Clavibacter michiganensis subsp. sepedonicus, solanum melongena*

#### LITEARATURA

- Pietraszko M., Gryń G., Pastuszewska T., Przewodowski W., Przewodowska A. 2015. Podatność wybranych odmian ziemniaka na porażenie bakteriami *Clavibacter michiganensis* subsp. *Sepedonicus* w zróżnicowanych warunkach glebowych. Biul. IHAR 277: 99 — 108.
- Slack S. A. 1987. Biology and ecology of *Corynebacterium sepedonicum*. Am. Potato J. 64: 665 — 669.
- Holtsmark I., Gunnhild W. T. 2008. Expression of putative virulence factors in the potato pathogen *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* during infection. Arch Microbiol. 189: 131 — 139.
- Baer D., Gudmestad N. C. 1995. In vitro cellulolytic activity of the plant pathogen *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus*. Can J Microbiol. 41: 877 — 888.
- De Boer S. H., McCann M. 1990. Detection of *Corynebacterium sepedonicum* in potato cultivars with different propensities to express ring rot symptoms. American Potato J. Vol. 67.
- Maćkowiak-Sochacka A. 2010. Bakterioza Pierścieniowa Ziemniaka. *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* (Cms), IOR — PIB Poznań.

**ALICJA MACKO-PODGÓRNI**

**KATARZYNA STELMACH**

**KORNELIA KWOLEK**

**DARIUSZ GRZEBELUS**

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Zakład Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa

e-mail: kornelia.kwolek@gmail.com

## Analiza ekspresji genu kandydującego *DCAF1*, związanego z kształtem korzenia marchwi\*

Marchew uprawna (*Daucus carota* subsp. *sativus*) jest rośliną wykorzystywaną produkcyjnie ze względu na walory odżywcze i smakowe korzenia spichrzowego. Kształt korzenia marchwi jest ważną cechą użytkową. Aby sprostać wymaganiom konsumentów, opracowanych zostało wiele odmian marchwi, a preferowany kształt korzenia różni się zależnie od regionu uprawy.

Wpływ na kształt dojrzałego korzenia spichrzowego ma wiele czynników fizycznych takich jak temperatura czy wiek rośliny, czynniki odżywcze oraz związane z uprawą, na przykład gęstość sadzenia, ilość dostarczanej wody, a także gleba. Do tej pory niewiele jednak wiadomo o wpływie genetycznych determinantów na parametry korzenia marchwi.

Mapowanie asocjacyjne (*GWAS, Genome Wide Association Study*) przeprowadzono dla 307 roślin reprezentujących 14 różnych typów kształtu korzenia uwzględniając 6 cech korzenia oraz 81 748 polimorfizmów SNP otrzymanych metodą GBS (*Genotyping by Sequencing*). Wynik umożliwił identyfikację regionu, zlokalizowanego na chromosomie 1, istotnie związanego ze średnicą ramienia. W regionie tym znajduje się gen (LOC108201261) kodujący białko DCAF1 (DDB1- And CUL4-Associated Factor homolog 1). Rośliny należące do 6 odmian marchwi, reprezentujących dwa typy korzenia: Imperator i Oxheart, genotypowano z użyciem sond TaqMan, specyficznych do polimorfizmu w rejonie genu *DCAF1*. Na podstawie wyników, do analizy ekspresji genu *DCAF1* dla każdej z czterech odmian wybrano dwie rośliny z przeciwstawnymi, homozygotycznymi wariantami w rejonie genu kandydującego. Analizę ekspresji przeprowadzono w 4 terminach odpowiadających etapom rozwoju korzenia spichrzowego marchwi od stadium siewki do dojrzałego korzenia.

\* Badania finansowane ze środków Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (G7503)

Analiza genów homologicznych wskazuje, że białko kodowane przez gen kandydujący jest odpowiedzialne za rozpoznawanie kompleksu biorącego udział w procesie ubikwitynacji i zależnej od proteasomu degradacji białek. Homolog *DCAF1* z *Arabidopsis thaliana* negatywnie reguluje sygnalizację kwasu absycynowego (ABA). Na podstawie analizy qPCR stwierdzono wzrost ekspresji badanego genu w terminie III (przyrost korzeni na grubość). Najwyższy poziom transkryptu zaobserwowano dla korzeni typu Oxheart. Wykazano również spadek poziomu transkryptu w dojrzałych korzeniach marchwi, potwierdzając hipotezę, że *DCAF1* może wpływać na ekspresję genów reagujących na ABA, a także na ABA-zależne hamowanie wzrostu korzenia.

**DOMINIKA PIASKOWSKA**  
**PAWEŁ CZ. CZEMBOR**  
**MAGDALENA RADECKA-JANUSIK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Radzików  
e-mail: d.piaskowska@ihar.edu.pl

## Selekcja molekularna genu *Fhb1* odporności na fuzariozę kłosa w trzech populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej

Fuzarioza kłosów (ang. Fusarium Head Blight — FHB) to jedna z ważniejszych pod względem ekonomicznym chorób pszenicy wywoływanych przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Głównym problemem związanym z tą chorobą jest skażenie ziarna mykotoksynami, które są bardzo szkodliwe zarówno dla ludzi jak i dla zwierząt. Jako, że duża grupa fungicydów wydaje się być nieefektywna w zwalczaniu tej choroby, alternatywą może być wprowadzenie do pszenicy wysoce efektywnych *loci* odporności drogą krzyżowania wstecznego wspomaganego markerami molekularnymi (ang. Marker Assisted Backcrossing — MAB).

Celem niniejszej pracy była selekcja molekularna pokolenia  $F_2BC_2$  trzech kombinacji krzyżówkowych pszenicy ozimej, do których na drodze dwóch krzyżowań wstecznych wprowadzono gen odporności na fuzariozę kłosa — *Fhb1*. Biorcami genu były linie: STH 1178 (Hodowla Roślin Strzelce), MIB 11262 (Małopolska Hodowla Roślin SHR Mikulice) i NAD 10041 (Poznańska Hodowla Roślin Oddział Wiatrowo), natomiast dawcą genu była linia AIII62 ( $F_3BC_2$ ) otrzymana poprzez skrzyżowanie chińskiej odmiany Sumai 3 oraz polskiej odmiany Muszelka.

W celu potwierdzenia obecności genu *Fhb1* wykorzystano dwa polimorficzne markery SSR: UMN10 i cfb6033. Dodatkowo poszukiwano obiektów, w których doszło do rekombinacji pomiędzy markerami flankującymi (gpw3248, gwm493, gwm389 i barc12) a wprowadzanym genem, tzw. selekcja rekombinantów (ang. Recombinant Selection, RS). Celem tak pomyślanej selekcji było zmniejszenie rozmiarów segmentu chromosomu dawcy zawierającego pożądaną gen, co miało zapobiec wprowadzeniu do genomu biorcy wielu niepożądanych genów, które mogą być z nim sprzężone.

Korzystając z wspomnianego zestawu markerów przebadano 360 próbek (120 dla każdej kombinacji) i na podstawie otrzymanych wyników wybrano łącznie 44 osobniki, które posłużą jako materiał w doświadczeniach infekcyjnych.

**KAMIL PROKOPIUK**<sup>1</sup>  
**GRZEGORZ ŻUREK**<sup>1</sup>  
**PIOTR KRZYWICKI**<sup>2</sup>  
**AGNIESZKA KASPRZYCKA**<sup>3</sup>  
**HANNA NOWAK**<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>2</sup> BARENBRUG Polska, Tarnowo Podgórne

<sup>3</sup> Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

<sup>4</sup> PIONEER Polska

e-mail: k.prokopiuk@ihar.edu.pl

## Biomasa odpadowa z trawników miejskich, jako substrat do produkcji biogazu\*

Celem pracy było określenie potencjalnych możliwości zagospodarowania biomasy powstającej jako odpad przy koszeniu trawników miejskich do wytwarzania biogazu. Mieszanki trawnikowe (firma BARENBRUG) wysiano na powierzchni doświadczalnej w IHAR — PIB w Radzikowie i użytkowano zgodnie ze standardowymi zaleceniami dla trawników miejskich (koszenie 6 cm) oraz sportowych (koszenie 3 cm). Badania realizowano w latach 2017 i 2018, ważąc każdy pokos. Z zebranej w roku 2017 we wrześniu biomasy sporządzono 3 reprezentatywne próby, które następnie zamknięto próżniowo dla zainicjowania procesów fermentacji beztlenowej. Następnie przeprowadzono analizę wstępnie zakiszzonej w atmosferze beztlenowej biomasy traw za pomocą analizatora NIRS Politec G (PIONEER Polska). Analizowano m.in.: % suchej masy, pH, a także zawartość: białka surowego, włókna surowego, cukrów, strawność, ADF i NDF.

Na podstawie regresji wielokrotnej pomiędzy wynikami analizy pełnej, wykonanej dla innych prób (IA PAN) oraz analizy NIRS wyznaczono równanie regresji, które umożliwiło estymowanie zawartości biogazu w próbach, badanych metodą NIRS.

Uzyskane wyniki wskazują na potencjał biogazowy biomasy odpadowej jaką jest zielonka pozostała z koszenia trawników. W zależności od roku, mieszanki oraz wysokości koszenia plony biogazu wyprodukowanego z takiej biomasy mogą wahać się od ok. 630 m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup> do ponad 2800 m<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>. Warto podkreślić, że mieszanki sportowe, koszone na 3 cm plonują łącznie w roku wyżej niż mieszanki koszone na wysokość 6 cm.

---

\* Badania sfinansowano z umowy na wykonanie usługi badawczej dla firmy BARENBRUG

W drugim pełnym roku użytkowania różnica w plonie biogazu może wynosić ok.  $760 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1}$ .

Zagadnienie to jest istotne zwłaszcza po uwzględnieniu arealu trawników miejskich, który np. w Warszawie szacuje się na 2800 ha oraz powierzchnię trawiastych nawierzchni sportowych (ok. 40 ha). Efektywne zagospodarowanie tej biomasy, dotychczas traktowanej, jako odpad wymagałoby opracowania logistyki dowozu biomasy do biogazowni oraz być może stworzenia sieci mikrobiogazowni, pracujących w bezpośredniej bliskości dużych obiektów trawiastych (osiedla mieszkaniowe, kluby sportowe itp.).

**MONIKA URBANIAK**<sup>1</sup>**SILVIO UHLIG**<sup>2</sup>**ŁUKASZ STĘPIEŃ**<sup>1</sup><sup>1</sup> Zespół Interakcji Roślina-Mikroorganizm, Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska<sup>2</sup> Norwegian Veterinary Institute, P.O. Box 750 Sentrum, 0106 Oslo, Norwegia

e-mail: murb@igr.poznan.pl

## Spektrofotometryczna charakterystyka naturalnie występujących bowerycyn i boweniatyn produkowanych przez grzyby z rodzaju *Fusarium*\*

Grzyby z rodzaju *Fusarium* produkują szeroką gamę metabolitów wtórnych niebezpiecznych dla zdrowia ludzi i zwierząt nawet w niskich stężeniach. Zaliczyć można do nich nierybosomalne depsyptydy takie jak bowerycyna, boweniatyna oraz ich analogi. Wiele naturalnie niewystępujących bowerycyn oraz boweniatyn powstało poprzez dodanie prekursora aminokwasu do pożywki hodowlanej. Celem badań było znalezienie naturalnie produkowanych analogów bowerycyn oraz boweniatyn i wstępne określenie ich struktur za pomocą spektrometrii mas. Przeanalizowano również strukturę genu *esyn1* poprzez sekwencjonowanie transkryptów *esyn1* z różnych gatunków *Fusarium*.

Pięć izolatów *Fusarium*: RT 6.7 — *Fusarium fujikuroi*, RT 5.4 — *Fusarium proliferatum*, MU12 — *Fusarium verticillioides*, P35 — *Fusarium concentricum* i PIN 5.5 — *Fusarium polyphialidicum* hodowano na ziarnie ryżu. Grzyby te są patogenami roślin hodowlanych, często izolowanymi z takich gatunków jak kukurydza, pszenica czy szparag. Dlatego tak ważnym elementem skutecznej strategii ochrony roślin jest monitorowanie fitopatogenicznych grzybów oraz metabolitów przez nich produkowanych. Po dwóch tygodniach hodowli przygotowano ekstrakty i analizowano je przy użyciu chromatografii cieczowej sprzężonej ze spektrometrią mas o niskiej i wysokiej rozdzielczości. Dane dotyczące struktury analogów bowerycyny oraz boweniatyny ustalono przy użyciu eksperymentów MS/MS, a także analizy

---

\* Badania sfinansowano z projektu NCN OPUS 8 NR 2014/15/B/NZ9/01544



aminokwasów i hydroksykwasów po hydrolizie kwasowej. Cztery wcześniej opisane analogi bowerycyny i jeden boweniatyny zostały wstępnie zidentyfikowane w ekstrakcie; były to bowerycyna C, boweniatyna A, bowerycyna J, bowerycyna A/F i bowerycyna D. Ponadto, dotychczas nieopublikowane boweniatyna i dwa analogi bowerycyny zawierające tyrozynę zostały wstępnie zidentyfikowane w hodowlach.

Gen syntazy peptydów nierybosomalnych — *esyn1* — badano za pomocą dostępnych sekwencji *ESYNI* pochodzących z *F. equiseti* (ex. *scirpi*) (NCBI Z18755.3) i *FpBEAS* z *F. proliferatum* (NCBI JF826561.1).

Badanie to wykazuje wysoką zmienność cykloheksadepsypeptydów produkowanych przez różne gatunki *Fusarium*. Pokazuje również, że grzyby te mogą naturalnie wytwarzać nowe typy bowerycyn oraz boweniatyn.

**PRZEMYSŁAW WERECKI**<sup>1</sup>  
**MARTA DMOCHOWSKA-BOGUTA**<sup>1</sup>  
**ANNA NADOLSKA-ORCZYK**<sup>2</sup>  
**WACŁAW ORCZYK**<sup>1</sup>

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>1</sup> Zakład Inżynierii Genetycznej

<sup>2</sup> Zakład Genomiki Funkcjonalnej

e-mail: p.werecki@ihar.edu.pl

## Znaczniki typów odporności pszenicy warunkowanej przez wybrane geny odporności\*

Odporność genetyczna jako sposób ochrony roślin uznawana jest za najbardziej ekonomiczną oraz sprzyjającą środowisku naturalnemu. Warunkiem sukcesu nowych odmian jest m.in. wprowadzenie skuteczniejszych cech ilościowych, przy ich równoczesnej stabilności oraz trwałości. Część z tych założeń jest realizowana poprzez badanie nowych genów odporności oraz wprowadzanie ich do odmian w ramach hodowli odpornościowej roślin. Odporność roślin dorosłych APR (adult plant resistance) jest rodzajem ilościowej odporności, najczęściej rasowo-niespecyficznej, charakteryzującej się spowolnionym rozwojem patogenu oraz obniżonym ryzykiem epidemii (Ellis i in., 2014; Li i in., 2016).

Celem pracy było wskazanie różnic pomiędzy odpornością siewek (obecną we wszystkich stadiach rozwoju ASR (all stage resistance)) oraz odpornością roślin dorosłych. Materiałem do badań była pszenica podatna odmiana Thatcher (Tc), wybrane linie izogeniczne z genami warunkującymi określone, znane typy odporności: ASR (TcLr9 i TcLr24) oraz APR (TcLr12, TcLr13, TcLr22, TcLr34, TcLr35), a także linie dostarczone przez hodowców o nieznanym charakterze odporności na rdzę brunatną. Założono, że obydwie typy odporności oceniane na siewkach i roślinach dorosłych będą różniły się: fenotypową oceną typów infekcji (skala 0–4), wybranymi reakcjami gospodarza (wybuch oksydacyjny, reakcje mikronekrotyczne), profilem interakcji roślina — patogen (Orczyk i in., 2010) oraz stopniem kolonizacji rośliny przez patogena (czas latencji, wielkość uredyniów) (Das i in., 1993). Rośliny ASR wykazywały typ infekcji 0 lub 2 w siewkach oraz 0 i 0; dla roślin dorosłych (odpowiednio dla TcLr9 i TcLr24). W każdym stadium wegetacji podczas infekcji następuje wybuch oksydacyjny oraz

\* Program Wieloletni, zadanie 2.1.3: Charakterystyka odporności przedłużonej pszenicy (*Triticum aestivum*) na rdzę brunatną (*Puccinia triticina*, syn. *P. recondita*) oraz wykorzystanie jej do selekcji roślin w hodowli odmian odpornych.

reakcja mikronekrotyczna w pierwszych dniach po inokulacji. Profil interakcji roślina-patogen w roślinach dorosłych charakteryzował się małą ilością KMH. Rośliny z APR wykazywały typ infekcji 4 w siewkach oraz 2 lub 3 w roślinach dorosłych. W stadium siewek podczas infekcji reakcja roślin była zbliżona do reakcji odmiany podatnej Thatcher, charakteryzującej się brakiem wybuchu oksydacyjnego, brakiem reakcji mikronekrotycznej, szybkim rozwojem struktur grzybowych (KMH) zakończonych wytworzeniem uredinum. Rośliny dorosłe charakteryzowały się akumulacją  $H_2O_2$  oraz reakcją mikronekrotyczną. Profil interakcji roślina-patogen charakteryzował się rozwojem struktur grzyba (KMH oraz uredinia), ale wykazywał spowolnienie względem odmiany podatnej Thatcher. Dla siewek czas latencji oraz wielkość urediniów była zbliżona względem odmiany podatnej Thatcher. Dla roślin dorosłych czas latencji był dłuższy, a powierzchnia urediniów mniejsza. Wstępna ocena typu infekcji na siewkach 10 linii dostarczonych przez hodowców charakteryzowała się zróżnicowanym typem odpowiedzi na inokulacji: od odpornych (0;) przez średnio odporne (1–3) do podatnych (4). Dla wybranych linii trwają szczegółowe analizy. Przeprowadzone analizy mogą być pomocne w ocenie poszczególnych linii o nieznanym typie odporności.

#### LITERATURA

- Das M. K., Rajaram S., Kronstad W. E, Mundt C. C., Singh R. P. 1993. Associations and genetics of 3 components of slow rusting in leaf rust of wheat. *Euphytica* 68: 99 — 109.
- Ellis J. G., Lagudah E.S., Spielmeier W., Dodds P. N. 2014. The past, present and future of breeding rust resistant wheat. *Frontiers in Plant Science* 5: 13.
- Li X. Y., Zhang Y. J., Zhang W. H., Zhang J. R., Wang H. Y., Liu D. Q. 2016. Expression Profiles of Pathogenesis-Related Gene, TaLr35PR1, as it Relate to Lr35-Mediated Adult Plant Leaf Rust Resistance. *Plant Molecular Biology Reporter* 34: 1127 — 1135.
- Orczyk W., Dmochowska-Boguta M., Czembor H. J., Nadolska-Orczyk A. 2010. Spatiotemporal patterns of oxidative burst and micronecrosis in resistance of wheat to brown rust infection. *Plant Pathology* 59: 567 — 575.

**ANNA WLAZŁO**  
**MAGDALENA ŚWIĘCICKA**  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie  
e-mail: annawlazlo@outlook.com

## Geny *ScBx1* i *ScIgl* — współpracownicy czy współzawodnicy?\*

Benzoksazynoidy (BX) to metabolity wtórne występujące głównie wśród gatunków roślin jednoliściennych, m.in. u kukurydzy (*Zea mays*), pszenicy (*Triticum L.*) i żyta (*Secale cereale L.*). Związki te biorą udział w oddziaływaniach allelopatycznych oraz w obronie roślin przed bakteriami, pasożytami i grzybami (Niemeyer, 2009).

Szlak biosyntezy BX rozpoczyna się od przemiany fosforanu indolo-3-glicerolu (IGP) w indol w stromie chloroplastów. Enzymy, które katalizują reakcję przemiany IGP w indol, są kodowane przez geny: *TSA*, *Bx1*, i *Igl*. Pierwszy z wymienionych genów koduje  $\alpha$ -podjednostkę syntazy tryptofanowej. Powstający indol jest od razu wprowadzany do reakcji syntezy tryptofanu katalizowanej przez  $\beta$ -podjednostkę syntazy tryptofanowej. Ekspresja *Bx1* oraz *Igl* doprowadza do produkcji odpowiednio enzymu BX1 i IGL. Oba katalizują reakcję produkcji wolnego indolu. Dotychczas uważano, że genem odpowiedzialnym za dostarczanie indolu do szlaku biosyntezy BX w fazie juwenilnej żyta zwyczajnego jest *ScBx1*, a *ScIgl* aktywowany jest jedynie w wyniku naruszenia tkanki roślinnej (Frey i in., 2000). Ostatnie badania Groszyk i in. (2017) wykazały, że ekspresja genu *ScBx1* gwałtownie spada w siewkach 7-dniowych i całkowicie ustaje po 21 dniach od kiełkowania nasion. Natomiast stężenie związków BX utrzymuje się na tym samym poziomie aż do 99 dnia, co sugerowało, że inny gen, prawdopodobnie *ScIgl*, „zastępuje” gen *ScBx1* w późniejszych stadiach rozwoju.

Celem pracy było zbadanie profilu i poziomu ekspresji genów *ScBx1* i *ScIgl* w liściach 3 linii wsobnych żyta zwyczajnego (L318, D33 i D39) od 2-ego do 77-ego dnia po kiełkowaniu.

Ekspresja genu *ScBx1* u wszystkich linii była w pierwszym badanym dniu na najwyższym poziomie, a następnie sukcesywnie malała, aż była niewykrywalna - w linii D39 po 21 dniach, w linii L318 po 28 dniach oraz w linii D33 po 42 dniach. Ekspresja

---

\* Badania finansowane z projektu NCN Nr UMO-2015/19/B/NZ9/00921

*ScIgl* w drugim dniu po kiełkowaniu była na bardzo niskim poziomie u wszystkich linii, a następnie rosła do 21-go dnia u linii D39, i do 28-ego dnia u dwóch pozostałych, następnie znowu malała. Jednak u dwóch linii — L318 i D33 ekspresja genu *ScIgl* była wykrywalna aż do 77-ego dnia uprawy. Zbadano również poziom ekspresji genu *ScIgl* w odmianie Konto F<sub>1</sub> żyta z wyciszoną ekspresją genu *ScBx1*. Ekspresja tego genu była na wykrywalnym i zarazem najwyższym poziomie w 7 dniu po kiełkowaniu i utrzymywała się do 21-ego dnia. Przeprowadzone analizy wykazały jednoznacznie, że po ustaniu ekspresji genu *ScBx1* jego funkcję przejmuje gen *ScIgl*.

#### LITERATURA

- Niemeyer H.M. 2009. DOI: 10.1021/jf8034034.  
Frey M. i in., 2000. DOI: 10.1073/pnas.260499897  
Groszyk J. i in., 2017. DOI: 10.1371/journal.pone.0171506

**EWELINA ŻMIJEWSKA**  
**ANNA M. LINKIEWICZ**  
**SŁAWOMIR SOWA**  
**JAROSŁAW NOWOSIELSKI**  
**MAGDALENA ŻURAWSKA-ZAJFERT**  
**KATARZYNA GRELEWSKA-NOWOTKO**  
**JANUSZ ZIMNY**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin,  
e-mail: e.zmijewska@ihar.edu.pl

## Zastosowanie modelu shift log do oceny tempa rozpadu białka Cry1Ab w glebie

Kukurydza typu MON810 to aktualnie jedyna genetycznie zmodyfikowana roślina uprawna dopuszczona do uprawy w UE. Odmiany kukurydzy MON810 zawierają gen *cry1Ab* z bakterii glebowej *Bacillus thuringiensis*, odpowiedzialny za syntezę białka Cry1Ab, które jest szkodliwe dla owadów z Rzędu *Lepidoptera*. Białko to może być wprowadzane do gleby na skutek uprawy kukurydzy MON810 (resztki poźniwne, pyłek, wydzieliny korzeniowe) lub chemicznej ochrony kukurydzy poprzez zastosowanie bakteryjnego insektycydu zawierającego spory *Bacillus thuringiensis var. kurstaki* (np. DiPel WG). Ponieważ białko Cry1Ab może mieć negatywny wpływ na organizmy niedocelowe, istotne jest określenie jego stężenia, trwałości i ewentualnej akumulacji w glebie.

W kontrolowanych warunkach analizowano wpływ wyjałowienia gleby, temperatury i pH gleby na rozpad białka Cry1Ab pochodzenia bakteryjnego (DiPel WG) i roślinnego (liście MON810), w 2 rodzajach gleby. Wykazano, że działanie mikroorganizmów glebowych (gleba niewyjałowiona), zakwaszenie gleby (pH 5) oraz podwyższenie temperatury inkubacji (z 4°C do 15°C) dodatnio wpływają na czas rozpadu Cry1Ab w glebie.

Do oceny dynamiki rozpadu Cry1Ab w glebie zastosowano model typu shift-log, w celu określenia sposobu i tempa rozpadu białka. Zastosowana analiza wykazała, że rozpad ma charakter nieliniowy i jest dwufazowy.



## SESJA 4

### PLAKATY

# HODOWLA JAKOŚCIOWA I ODPORNOŚCIOWA ROŚLIN Z UWZGLĘDNIENIEM ZMIAN KLIMATU





**MARCIN BARAN**  
**MAGDALENA JAKUBOWSKA**  
**ANNA TRATWAŁ**

Instytut Ochrony Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Poznań  
m.baran@iorpib.poznan.pl

## Platforma Sygnalizacji Agrofagów — narzędzie wspomagające naukę i praktykę rolniczą

Realizując postanowienia Krajowego Planu Działania na rzecz ograniczania ryzyka związanego ze stosowaniem środków ochrony roślin na lata 2013–2017, gdzie przyjęto jako główne cele upowszechnianie ogólnych zasad integrowanej ochrony roślin oraz zapobieganie zagrożeniom związanym ze stosowaniem środków ochrony roślin, wykonano dotychczas szereg prac zmierzających do ich osiągnięcia uruchamiając *Platformę Sygnalizacji Agrofagów*. Platforma jest narzędziem wspomagającym naukę i praktykę rolniczą, która udostępnia on-line dane sygnalizacji i monitoringu podstawowych upraw rolniczych na terenie kraju. W sezonie wegetacyjnym monitoringiem objętych było około 300 punktów z których dane pozwoliły na wspomaganie walki z agrofagami przy ochronie chemicznej, a także zapobieganiu rozprzestrzeniania się ognisk chorobowych poprzez działania prewencyjne.

Istotnym elementem wspierającym realizację celów i działań przyjętych w Krajowym Planie Działań są min. programy wieloletnie wykonywane przez instytuty naukowo-badawcze nadzorowane przez resort rolnictwa, a także zapewniające transfer wiedzy dla praktyki. Jednym z kluczowych zadań wykonywanych w ramach programów wieloletnich w obszarze ochrony roślin, jest monitorowanie ważnych gospodarczo agrofagów roślin rolniczych oraz utrzymanie „*Platformy Sygnalizacji Agrofagów*” ([www.agrofagi.com.pl](http://www.agrofagi.com.pl)), co zakłada kolejny Krajowy Plan Działania na lata 2018–2022. Platforma prowadzona jest przez Instytut Ochrony Roślin — PIB w ścisłej współpracy z Instytutem Ogrodnictwa oraz Instytutem Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — PIB.

Narzędzie umożliwia wszystkim zainteresowanym jednostkom oraz organizacjom szeroką i spójną współpracę w obszarze ochrony roślin obejmując, w szczególności informacje takie jak:

- wyniki sygnalizacji i monitoringu ważnych gospodarczo agrofagów,
- metodyki monitorowania i sygnalizacji agrofagów,
- funkcjonalność systemów wspomaganie decyzji w ochronie roślin,

- metodyki integrowanej ochrony najważniejszych roślin rolniczych, warzywnych, sadowniczych i przemysłowych,
- metodyki integrowanej produkcji roślin,
- internetowe programy i zalecenia ochrony roślin, w tym dotyczące rolnictwa ekologicznego,
- informacje związane z możliwościami łącznego stosowanie agrochemikaliów,
- wyszukiwarki środków ochrony roślin i ich etykiet,
- techniki ochrony roślin,
- bazy danych archiwalnych,
- bezpieczne stosowanie środków ochrony roślin i inne.

**LECH BOROS****ANNA WAWER****KRYSTYNA BORUCKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

e-mail: l.boros@ihar.edu.pl

## Poziom i stabilność plonowania odmian soi o różnej wczesności w zróżnicowanych warunkach agro-klimatycznych\*

Zainteresowanie soją w Polsce ma ponad 100-letnią historię, a atrakcyjność jej przechodziła różne koleje losu. Dopiero w latach 80. wytworzono odmiany soi charakteryzujące się odpowiednią wczesnością dla warunków Polski, plenne i przystosowane do zmechanizowanej uprawy. Zmieniające się warunki klimatyczne, dobre wyniki plonowania soi u wieloletnich jej producentów, rozwój rolnictwa ekologicznego i krajowe potrzeby białka roślinnego spowodowały ponowny wzrost zainteresowania tym gatunkiem zarówno hodowli oraz uprawy. W ostatnich latach znacznie wzrosła liczba zarejestrowanych odmian soi oraz będących w badaniach COBORU. Również w uprawie są odmiany z CCA. Odmiany soi różnie reagują na zmienne warunki środowiska. Ważnym aspektem oceny odmian znajdujących się w produkcji rolniczej jest stabilność plonowania, wynikająca z interakcji genotypowo-środowiskowej.

Celem badań była ocena poziomu i stabilności plonowania oraz zawartości białka i tłuszczu w nasionach odmian soi o różnej wczesności uprawianej w zróżnicowanych warunkach agro-klimatycznych kraju.

W cyklu 2-letnim, w 6 lokalizacjach oceniano 10 odmian soi, w tym 6 zagranicznych (Anushka, Mavka, Madlen, Merlin, Lissabone i Abelina), 4 dawne, wczesne odmiany krajowej hodowli, w tym Progres, linię LP2 oraz odmiany Aldana i Augusta z KR. Analizę statystyczną zmienności plonów i interakcji G×E wykonano programem statystycznym Sergen.

Średni plon soi wyniósł 31,1dt, przy zróżnicowaniu odmianowym 15,3% CV i 19,9% CV dla miejscowości. Plonowanie soi w poszczególnych miejscowościach, w szeregu

---

\* Praca współfinansowana z dotacji MRiRW w ramach zad.2.6 P

malejącym przedstawiało się następująco: Przeclaw> Tarnów> Strzelce> Kawęczyn> Radzików> Przebędowo. Analiza warunków pogodowych dla poszczególnych miejscowości wyjaśnia w pewnym stopniu zróżnicowanie plonowania soi w miejscowościach. Wyższa wartość wskaźnika hydrotermicznego i wyższe sumy ciepła miały decydujący wpływ na wysokość plonowania, niezależnie od warunków glebowych. Średnia zawartość białka i tłuszczu w nasionach wyniosła 38,5% i 22,1% przy zróżnicowaniu odmianowym odpowiednio 2,2% CV i 3,9% CV.

Analiza wariancji wykazała występowanie istotnej interakcji G×E oraz istotne odchylenie od regresji interakcyjnej. Szczegółowa analiza pozwoliła na wskazanie odmian o istotnych efektach głównych. Odmiany późne, o dużych wymaganiach cieplnych jak Lissabone, Merlin i Abelina wykazały się istotnymi dodatnimi efektami głównymi. Natomiast odmiany wczesne tj. Annushka, Augusta, LP2 i Progres, o zdecydowanie niższych sumach temperatur efektywnych za okres wegetacji, istotnymi ujemnymi efektami głównymi. Wszystkie badane odmiany cechowały się istotną interakcją G×E (brak odmian stabilnych). Testowanie regresji interakcyjnej nie wykazało istotnych współczynników regresji co oznacza, że wszystkie badane odmiany można zaliczyć do odmian nieprzewidywalnych, tj. takich których efektu interakcyjnego nie da się opisać za pomocą funkcji regresji prostej.

KRYSTYNA BORUCKA

LECH BOROS

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa  
e-mail: k.borucka@ihar.edu.pl

## Zmienność populacji grzyba *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Briosi et Cav. w Polsce w latach 2007–2017

Antraknoza fasoli powodowana przez grzyba *C. lindemuthianum* jest jedną z najgroźniejszych chorób przenoszonych z materiałem siewnym powodującą znaczne straty w plonie w latach o dużym nasileniu opadów. Ze względu na liczne rasy fizjologiczne tego grzyba występujące w świecie, ważna jest ich identyfikacja, stały monitoring występowania oraz uprawa odpornych odmian fasoli.

Celem pracy była ocena zmienności populacji grzyba *C. lindemuthianum* wywołującego antraknozę fasoli w Polsce w latach 2007–2017.

Na szalki Petri'ego z pożywką Mathur'a wykładano fragmenty porażonych roślin. Zarodnikujące kultury *C. lindemuthianum* posłużyły następnie do przygotowywania kultur jednoczarodnikowych, z których uzyskiwano zawiesinę zarodników (inokulum) o stężeniu  $1 \times 10^6$  zar./mL. Skielkowane nasiona fasoli po usunięciu łupiny nasiennej zanurzano na 2 minuty w świeżo przygotowanym inokulum. Następnie przenoszono je do pojemników wypełnionych sterylnym, wilgotnym piaskiem, gdzie zapewniono wysoką wilgotność sprzyjającą infekcji i umieszczano w warunkach kontrolowanych. Po 12-14 dniach od inokulacji przeprowadzono ocenę porażenia siewek. Patogeniczność izolatów grzyba oceniano na podstawie reakcji odmian testowych zgodnie z metodyką opisaną w CPVO-TP/012/3. Za odporne (R) uznawano te rośliny, na których nie rozwijały się objawy chorobowe lub rozwijały się zmiany nekrotyczne w postaci drobnych kresek lub plam o jedynie powierzchniowym zasięgu, bez zarodnikowania. Na roślinach odmian zaklasyfikowanych jako podatne (S) występowały głębokie, zarodnikujące nekrozy, mogące powodować nawet zamieranie roślin.

Przedstawiono wyniki wieloletnich badań patogeniczności izolatów *C. lindemuthianum* zebranych w Polsce w oparciu o rekomendowany w świecie zestaw testowy 12 odmian fasoli tj. Michelite, MDRK, Perry Marrow, Cornell 49-242, Widusa, Kaboon, Mexico 222, PI 207262, TO, TU, AB 136, G2333. Zestaw ten został ustalony w

Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT 1988) i łącznie z nomenklaturą binarną (Balardin i Kelly, 1997) pozwala na precyzyjną identyfikację ras *C. lindemuthianum* wśród badanych izolatów oraz wskazywanie źródeł odporności. Zgodnie z nomenklaturą binarną każdej rasie jest przypisywana unikalna, stała liczba wynikająca z podatności poszczególnych odmian testowych.

W latach 2007–2017 przebadano 75 izolatów grzyba. Badania wykazały, że należą one do 12 ras. W badanym okresie najczęściej występowały w Polsce rasy: 407 i 87. Reprezentowane były one odpowiednio przez 27 i 16 izolatów co stanowiło łącznie 57% wszystkich zbadanych. Rasa 407 występowała corocznie od 2007 do 2013 roku (z wyjątkiem 2011 r.) natomiast rasę 87 odnotowano tylko w latach 2007-2009. Ponadto zidentyfikowano rasę 23 reprezentowaną przez 4 izolaty oraz rasę 295 reprezentowaną przez 3 izolaty. Powyższe 4 rasy (407, 87, 23 i 295) odnotowano także w innych krajach. Pozostałe rasy: 151, 263, 279, 311, 403, 423, 437, 439 występowały sporadycznie w poszczególnych latach badanego okresu.

Żaden z badanych izolatów nie porażał następujących odmian testowych: Cornell 49-242, TU, AB136 oraz G2333. Odmiany te są zatem doskonałym źródłem odporności na rasy grzyba dotychczas stwierdzone w Polsce.

Stały monitoring patogeniczności grzyba *C. lindemuthianum* jest niezbędny aby możliwe było uniknięcie strat spowodowanych epidemią antraknozy wywołaną przez ewentualne pojawienie się jego nowej rasy.

**MAŁGORZATA R. CYRAN**<sup>1</sup>  
**KRZYSZTOFA SNOCHOWSKA**<sup>1</sup>  
**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**<sup>2</sup>

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>1</sup> Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin

<sup>2</sup> Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

e-mail: m.cyran@ihar.edu.pl

## Wysokocząsteczkowe arabinoksyłany ziarna pszenicy: zawartość, masa cząsteczkowa oraz związek z poziomem lepkości ekstraktu\*

Arabinoksyłany (AX) ziarna pszenicy są głównym składnikiem błonnika pokarmowego o charakterze terapeutycznym i prozdrowotnym. Rozpuszczalna frakcja tych hydrokoloidów, ze względu na unikalny potencjał lepki, determinuje redukcję poziomu cholesterolu i glukozy we krwi, powiązanych ze spadkiem ryzyka i procesem leczenia choroby wieńcowej i cukrzycy (Jenkins i in., 2004). Dotychczas, podstawowe kryterium selekcji zbóż w kierunku zwiększonego potencjału lepkiego, poziom lepkości ekstraktów ziarna, odnoszony był wyłącznie do ogólnej zawartości arabinoksyłanów rozpuszczalnych, jakkolwiek to ich masa cząsteczkowa i udział frakcji wysokocząsteczkowej warunkuje właściwości prozdrowotne ziarna. Celem badań było opracowanie rutynowej metody analizy zawartości wysokocząsteczkowych arabinoksyłanów i ich masy cząsteczkowej, zbadanie ich poziomu zmienności w materiałach hodowlanych oraz związku z lepkością ekstraktu ziarna.

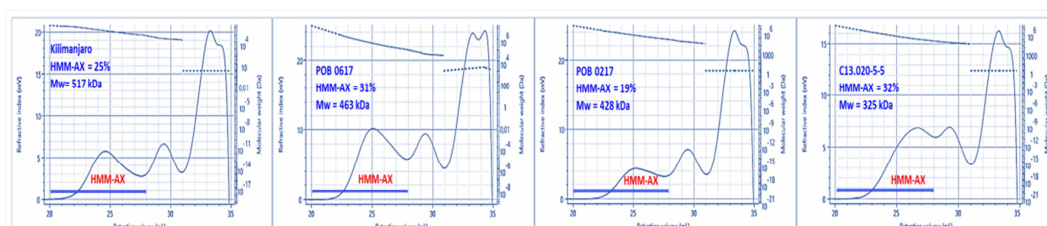
Ziarno 7 odmian oraz 51 linii pszenicy ozimej zostało zmielone w laboratoryjnym młynku Cyclotec 1093 (Foss). Rozpuszczalną frakcję błonnika pokarmowego wyizolowano zgodnie ze standardową procedurą (AOAC 985.29), zmodyfikowaną w sposób umożliwiający bezpośrednią separację podjednostek o wysokiej, średniej i niskiej masie cząsteczkowej na 3 kolumnach Shodex OHpak w sekwencji SB-807, SB-804 i SB-806M oraz ich analizę makromolekularną (system HPSEC z czterema detektorami, Omnisec Resolve/Reveal, Malvern). Do identyfikacji poszczególnych polisacharydów w profilu elucyjnym zastosowano selektywną hydrolizę enzymatyczną. Skład i zawartość monocukrów w izolatach polisacharydowych analizowano metodą chromatografii

\* Praca została wykonana częściowo w ramach Zad. 2.9 Programu Wieloletniego 2015-20 IHAR — PIB finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.



gazowej (Cyran, Dynkowska, 2014). Pomiar lepkości wodnego ekstraktu ziarna (1:3, w/v) wykonano w temperaturze 30°C stosując reometr typu stożek/płytkę (Brookfield LV DV-II+).

Ogólna zawartość arabinoksylianów rozpuszczalnych i wysokocząsteczkowych w ziarnie pszenicy wynosiła odpowiednio 0,63–1,13 i 0,22–0,54% s.m. Poziom lepkości ekstraktu ziarna wahał się od 1,44 do 3,58 mPa·s. Wysokocząsteczkowe arabinoksyliany (HMM-AX, rys. poniżej), które stanowiły pierwszy pik w profilu elucyjnym, były kompletnie trawione endo-1,4-D- $\beta$ -ksylanazą. Druga populacja polisacharydów błonnika o 10-krotnie niższej masie cząsteczkowej, zbudowana z arabinoksylianów o wysokim stopniu rozgałęzienia zasocjowanych z  $\beta$ -glukanem, była hydrolizowana odpowiednio  $\beta$ -ksylanazą w kombinacji z dwiema arabinofuranozydami (AXH-m i AXH-d3), działającymi na jedno- i dwu-podstawione rozgałęzienia oraz lichenazą. Masa cząsteczkowa HMM-AX wahała się od 325 do 517 kDa (CV=10%), natomiast ich udział we frakcji polisacharydowej błonnika pokarmowego wynosił 19–33% (CV=12%). Biorąc pod uwagę minimalny wpływ populacji o średniej i niskiej masie cząsteczkowej na poziom lepkości ekstraktu ziarna, iloczyn masy cząsteczkowej HMM-AX i ich proporcji odzwierciedla średnią masę cząsteczkową polisacharydów w ekstrakcie (72–143 kDa). Parametr ten był najsilniej skorelowany z lepkością ekstraktu ziarna ( $r^2=0,81$ ,  $n=51$ ), co potwierdza jego użyteczność jako nowego wskaźnika do selekcji materiałów hodowlanych pszenicy.



**Słowa kluczowe:** Pszenica (*Triticum aestivum* L.), błonnik pokarmowy, arabinoksyliany, masa cząsteczkowa, potencjał lepki

## LITERATURA

- Cyran M. R., Dynkowska W. M. 2014. Mode of endosperm and wholemeal arabinoxylans solubilisation during rye breadmaking: Genotypic diversity in level, substitution degree and macromolecular characteristics. *Food Chem.*, 145: 356 — 364.
- Jenkins D. J. A., Marchie A., Augustin L. S. A., et al. 2004. Viscous dietary fibre and metabolic effects. *Clin. Nutr. Suppl.* 1 (2): 39 — 49

**PAWEŁ CZ. CZEMBOR**

**MAGDALENA RADECKA-JANUSIK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

p.czembor@ihar.edu.pl

## Pokrewieństwo genetyczne europejskich odmian pszenicy ozimej

Celem niniejszej pracy było określenie pokrewieństwa genetycznego odmian pszenicy ozimej uprawianych w Europie. Badany zestaw składał się z 83 odmian pszenicy ozimej z krajowej listy opisowej odmian COBORU (2013) i 60 odmian pszenicy ozimej zarejestrowanych w innych krajach europejskich. Analizę wykonano na podstawie wyników genotypowania na platformie DArTseq (wersja wheat DArTseq 1.0; Diversity Arrays Technology P/L, Australia), która pozwoliła na identyfikację 40 035 markerów SNP, spośród nich 2 983 markerów było unikalnych i spełniało kryteria o częstości występowania rzadkich alleli co najmniej 5% i braku danych nie większym niż 20%. Następnie obliczono macierzę podobieństwa (Genstat ver. 18), która posłużyła do analizy skupień metodą pełnego łączenia obiektów (ang. complete linkage) przy szacowaniu odległości na podstawie współczynnika korelacji Pearsona (XLSTAT).

Przy podobieństwie nie większym niż 61,42% można wyróżnić trzy zasadnicze grupy odmian. Niemniej jednak, każda z nich obejmuje odmiany, które pochodzą z różnych państw. Polskie odmiany (za wyjątkiem Satyny) znalazły się w dwóch grupach. Co więcej, ta sama firma hodowlana ma swoje odmiany w różnych grupach. Świadczy to o wykorzystaniu w programach hodowlanych bardzo różnych źródeł do krzyżowań, w celu pozyskania nowych cech poprawiających konkurencyjność własnych materiałów hodowlanych na wymagającym rynku europejskim.



**PAWEŁ CZ. CZEMBOR**  
**MAGDALENA RADECKA-JANUSIK**  
**GRZEGORZ CZAJOWSKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin  
g.czajowski@ihar.edu.pl

## Postulowanie genów odporności na rdzę liściową (*Puccinia triticina*) wśród europejskich odmian pszenicy ozimej

Hodowla odpornościowa jest szeroko propagowaną metodą w ograniczaniu strat plonu w pszenicy powodowanych przez rdzę brunatną (*Puccinia triticina*). Obecnie zidentyfikowano blisko 80 genów odporności (*Lr*) na *P. triticina*. W celu lepszego wykorzystania genów odporności w programach hodowlanych, konieczna jest znajomość ich występowania w obecnie uprawianych odmianach europejskich. Klasyczną metodą dla biotroficznych układów pasożytniczych (np. dla rdzy i mączniaków), która z dużym prawdopodobieństwem pozwala wnioskować o występowaniu genów odporności w odmianach jest tzw. metoda postulowania genów. Metoda ta opiera się na ogólnie znanym modelu interakcji gen-na-gen Flora. Obecność rasowo specyficznych genów odporności może być postulowana na podstawie jego wzoru ekspresji fenotypowej w postaci tzw. typu infekcyjnego (ang. Infection Type, IT) przy użyciu zestawu izolatów patogena. Porównanie wzoru IT (kombinacji odporny/podatny) dla tych samych izolatów *P. triticina* odnośnie zestawu różnicującego (w tym przypadku linii blisko izogenicznych Thatcher) o znanych genach odporności pozwala na postulowanie o przypuszczalnej obecności danego genu *Lr* w nieznanym genotypie.

Celem niniejszej pracy było postulowanie występowania wybranych genów odporności *Lr* na rdzę liściową wśród 143 europejskich odmian pszenicy ozimej. W badaniach wykorzystano zestaw linii blisko-izogenicznych odmiany Thatcher zawierających znane geny *Lr* oraz 18 izolatów *P. triticina*. Reakcję fenotypową genotypów pszenicy na zakażenie poszczególnymi izolatami grzyba badano w stadium siewki. W wyniku przeprowadzonych analiz możliwe było postulowanie występowania w odmianach pszenicy następujących genów odporności *Lr*: 9, 10, 14a, 14b, 18, 19, 28 i 33. Niestety, dla 99 odmian pszenicy nie można było wytypować żadnego z badanych genów odporności. Natomiast, dla 4 odmian postulowano występowanie genu *Lr28*; dla 10

odmian możliwe geny *Lr* (pojedynczo lub w kombinacji): 9, 19; dla 30 odmian możliwe geny *Lr*: 10, 14a, 14b, 18, 33. Brak możliwości postulowania genów *Lr* w większości odmian pszenicy ozimej może wynikać z użycia zbyt mało zróżnicowanego pod względem wirulencji zestawu izolatów *P. triticina*.

#### PODZIĘKOWANIA

*Autorzy składają podziękowania Ministerstwu Rolnictwa i Rozwoju Wsi za wsparcie finansowe prac badawczych wykonanych w ramach programu Badań Podstawowych na Rzecz Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej (lata 2014-2020), temat 4: Mapowanie asocjacyjne genów odporności na rdzę brunatną (*Puccinia triticina*) i septoriozę paskowaną liści (*Septoria tritici*) w pszenicy.*

MARTA DMOCHOWSKA-BOGUTA <sup>1</sup>

PRZEMYSŁAW WERECKI <sup>1</sup>

YULIYA YANUSHEVSKA <sup>1</sup>

ANNA NADOLSKA-ORCZYK <sup>2</sup>

WACŁAW ORCZYK <sup>1</sup>

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>1</sup> Zakład Inżynierii Genetycznej

<sup>2</sup> Zakład Genomiki Funkcjonalnej

e-mail: m.dmochowska@ihar.edu.pl

## Odporność roślin dorosłych pszenicy na rdzę brunatną (*Puccinia triticina*)\*

Pszenica jest zbożem uprawianym na całym świecie. Jedną z najważniejszych jej chorób jest rdza brunatna powodowana przez *Puccinia triticina*. Infekcje mogą powodować straty plonu wyższe niż 50% [1]. Ważnym elementem ochrony roślin jest genetyczna odporność, która jest bardziej pożądana przez konsumentów w porównaniu do ochrony roślin z zastosowaniem fungicydów [2], dlatego poznanie mechanizmów odporności jest ważne w selekcji materiałów do takiej hodowli odpornościowej oraz zapewnia szerokie i różnorodne źródła odporności. Znanych jest prawie osiemdziesiąt genów odporności (*Lr*) pszenicy na rdzę brunatną, wśród których są geny warunkujące odporność roślin dorosłych (APR, *adult plant resistance*). Odporność typu APR jest bardzo ważnym typem odporności, ponieważ jest najczęściej rasowo niespecyficzna, jest potencjalnie bardziej trwała oraz zmniejsza ryzyko epidemii [3].

Celem pracy była charakterystyka wybranych linii *Lr* z odpornością typu APR oraz porównanie jej z reakcją roślin odmiany Kontesa z podniesioną ekspresją genu *TaWAK6*. Gen *TaWAK6* został zidentyfikowany przez nas jako klon biblioteki SSH, poznano jego sekwencję kodującą oraz wprowadzono do pszenicy odmiany Kontesa [4]. Gen ten należy do dużej rodziny genów kinaz związanych ze ścianą komórkową (WAK, *wall associated kinases*), które biorą udział w odporności roślin na choroby, m. in. w pszenicy [5, 6], kukurydzy [7, 8] czy ryżu [9].

---

\* Program Wieloletni, zadanie 2.1.3: Charakterystyka odporności przedłużonej pszenicy (*Triticum aestivum*) na rdzę brunatną (*Puccinia triticina*, syn. *P. recondita*) oraz wykorzystanie jej do selekcji roślin w hodowli odmian odpornych; Temat Działalności Statutowej IHAR — PIB nr 1-1-01-4-01, „Analiza funkcjonalna genów wybranych cech u roślin użytkowych”

Badania wybranych linii *Lr* z odpornością typu APR wskazują na występowanie zmniejszonych uredyniów i/lub wydłużonego czasu latencji i/lub zmniejszonej ilości powstających uredyniów w liściu flagowym w porównaniu do podatnej odmiany Thatcher oraz w porównaniu do siewek. Rośliny z podniesioną ekspresją *TaWAK6* charakteryzują się zwiększoną odpornością na rdzę brunatną. Obserwowane zmiany fenotypowe tj. zmniejszenie liczby i wielkości uredyniów oraz zwiększenie liczby nekroz w miejscu infekcji są skorelowane ze zwiększoną ekspresją tego genu i wskazują na udział *TaWAK6* w reakcji odporności. Ponadto zwiększenie odporności na roślinach dorosłych w porównaniu do siewek wskazuje na cechy podobne do odporności roślin dorosłych (APR). Uzyskane wyniki wskazują, że *TaWAK6* bierze udział odporności typu APR. Z tego względu pożądana byłaby identyfikacja naturalnej zmienności tego genu w pszenicy i selekcja form o zwiększonej odporności.

#### LITERATURA

1. Huerta-Espino, J. et al. 2011. *Euphytica* 179 (1): p. 143 — 60.
2. Shiferaw, B. et al. 2013. *Food Security* 5 (3): 291 — 317.
3. Sivasamy, M. et al. 2014. *Cereal Research Communications* 42 (2): 262 — 273.
4. Dmochowska-Boguta, M., et al. 2015. *BMC Genomics* 16 (1): p. 742.
5. Saintenac, C., et al. 2018. *Nature Genetics* 50 (3): p. 368-+.
6. Liu, D. D., et al. 2018. *International Journal of Biological Macromolecules* 111: 1083 — 1090.
7. Zuo, W., et al. 2015. *Nat Genet* 47 (2): 151 — 157.
8. Hurni, S., et al. 2015. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112 (28): 8780 — 8785.
9. Delteil, A., et al. 2016. *Bmc Plant Biology*: 16.

**ANDRZEJ DOROSZEWSKI**  
**TOMASZ JÓZWICKI**  
**ELŻBIETA WRÓBLEWSKA**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach  
e-mail: ador@iung.pulawy.pl

## Częstość występowania suszy rolniczej w Polsce w uprawie ziemniaka

Większa częstotliwość występowania suszy w Polsce jest wynikiem obserwowanych w ostatnich latach zmian klimatycznych. Susza rolnicza przejawia się długim i głębokim niedoborem wody dla roślin w okresie wegetacyjnym, powodując obniżenie plonów. Występowanie wysokiej temperatury powietrza, dużej prędkości wiatru, dużego usłonecznienia to elementy, które potęgują intensywność wyparowania wody z gleby oraz z roślin. Ważnym elementem decydującym o wielkości strat w plonach są zasoby wody w glebie. Gleby bardzo lekkie i lekkie (I i II kategoria) posiadają mniej wody ogólnodostępnej niż gleby średnie i ciężkie (III i IV kategoria).

Celem pracy było przedstawienie zróżnicowania regionalnego częstości występowania suszy w uprawach ziemniaka na obszarze Polski.

Warunki meteorologiczne powodujące suszę określano za pomocą klimatycznego bilansu wodnego (KBW) tzn. jako różnicę pomiędzy opadem a ewapotranspiracją potencjalną (ETP), wyznaczaną za pomocą wzoru Doroszewskiego i in (1995):

$$ETP = -89,6 + 0,621 \cdot t^2 + 0,000448 \cdot h^{1,66} + 9,1 \cdot f,$$

gdzie:  $t$  — temp.,  $h$  — usłonecznienie,  $f$  — dł. dnia.

Wystąpienie suszy odnotowywano, gdy wartości KBW były równe lub niższe od wartości krytycznych określonych dla roślin i kategorii gleb w Rozp. MRiRW. Osiągnięcie tych wartości powoduje obniżenie plonów przynajmniej o 20% w skali gminy w stosunku do plonów uzyskiwanych przy średnich wieloletnich warunkach pogodowych. Częstość występowania suszy opracowano dla okresu 1961–2010 na podstawie 30 stacji meteorologicznych, rozmieszczonych równomiernie na obszarze Polski.

**Susza na glebach I kategorii.** Deficyt wody na glebach bardzo lekkich powodujący obniżenie plonów przynajmniej o 20% najczęściej występował na Pojezierzu: Południowopomorskim, w zach. częściach Pradoliny Toruńsko-Eberswaldzkiej oraz na Pojezierzach: Lubuskim i Wielkopolskim 14–15 razy w ciągu 50 lat (śr. co ok. 3,5 roku). Nieco rzadziej, 12–13 razy notowano ją na północ, wschód i południe od tej strefy. Na



płn. kraju susza występowała 10–11 razy. Znacznie rzadziej występowała na południu kraju 8–9 razy (śr. co ok. 6 lat). Na Przedgórzu Sudeckim, na Nizinie Śląskiej, na Wyżynach: Śląsko-Krakowskiej oraz w Kotlinie Sandomierskiej notowano ją 4–5 razy w ciągu 50 lat, a na południowym skraju Polski na terenie Pogórza Zachodniobeskidzkiego nie notowano jej wystąpienia na glebach bardzo podatnych na suszę. Największy zasięg susza na tych glebach osiągnęła w 1994 roku obejmując aż 83,3% rozpatrywanych miejscowości.

**Susza na glebach II kategorii.** Suszę najczęściej notowano w płn.-zach. Polsce 10–11 razy w okresie 50 lat. Nieco rzadziej od 8 do 9 razy notowano ją w strefie okalającej obszary w/w. Na dużym terytorium kraju suszę notowano co 7–8 lat. W południowych obszarach Polski notowana była od 2-3 razy na 50 lat. Szczególnie niekorzystny pod względem zasobów wody był 1992 rok, w którym suszę notowano w aż 70% rozpatrywanych miejscowościach.

**Susza na glebach III kategorii.** Susza 4–5 razy w ciągu 50 lat występowała na obszarze Pobrzeża Szczecińskiego, na Pojezierzach: Południowopomorskim, Wielkopolskim, Chełmińsko-Dobrzyńskim oraz w Pradolinie Toruńsko-Eberswaldzkiej. Na bardzo dużym obszarze w płn. Polsce (oprócz Pobrzeża Koszalińskiego) notowano ją od 2 do 3 razy w ciągu półwiecza. W południowej części kraju susza w uprawie ziemniaka występowała sporadycznie. Najbardziej rozległy deficyt wody miał miejsce w 1971 i 1995 roku, odnotowano ją w 33,3% rozpatrywanych miejscowościach.

**Susza na glebach IV kategorii.** Na glebach ciężkich, mało podatnych na suszę, niedobór wody powodujący 20% straty w plonach ziemniaka występował bardzo rzadko.

**KINGA GOŁĘBIEWSKA**  
**DAMIAN GOŁĘBIEWSKI**  
**DANUTA BOROS**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
e-mail: d.boros@ihar.edu.pl

## Wpływ odmiany na zróżnicowanie zawartości składników włókna pokarmowego w śrucie rzepakowej\*

Rzepak jest najważniejszą krajową rośliną oleistą, a po odtłuszczeniu nasion stanowi źródło wartościowego białka otrzymywanego w formie makuchu lub poekstrakcyjnej śruty. Produktem bardziej rozpowszechnionym w żywieniu zwierząt gospodarskich jest śruta. O stopniu wykorzystania poekstrakcyjnej śruty rzepakowej w żywieniu różnych gatunków zwierząt decyduje jej skład chemiczny. Skład chemiczny nasion rzepaku, a tym samym uzyskanej z nich śruty, jest ściśle związany z ich przynależnością gatunkową, odmianową i zależy przede wszystkim od czynników genetycznych. Celem pracy było określenie zawartości włókna pokarmowego oraz poszczególnych jego składników w śrutach rzepakowych uzyskanych z nasion rzepaku o czarnej barwie okrywy owocowo-nasiennej.

Materiał badawczy stanowiły śruty rzepakowe otrzymane z nasion 66 odmian rzepaku ozimego wpisanych do Krajowego Rejestru. Śruty uzyskano w warunkach laboratoryjnych przez ekstrakcję tłuszczu heksanem w aparacie Soxhleta. W tak przygotowanym materiale oznaczono zawartość suchej masy, lipidów resztkowych oraz włókna pokarmowego (TDF) metodą enzymatyczno-chemiczną, tzw. Uppsalską jako sumę nieskrobiowych polisacharydów (NSP), oligocukrów, kwasów uronowych oraz ligniny. Wszystkie wyniki przeliczono na suchą masę beztłuszczową.

Zawartość włókna pokarmowego w śrutach otrzymanych z 66 odmian rzepaku ozimego charakteryzowała się małym zróżnicowaniem ( $C_v=4,0\%$ ) i wynosiła średnio 39,3%. Największą zawartością TDF odznaczała się śruta z odmiany Birdy (43,0%), natomiast najmniejszą ilość tego składnika, 36,4%, stwierdzono w śrucie z odmiany Mentor. Biorąc pod uwagę skład włókna, najwyższy w nim udział stanowiły NSP oraz lignina, obie frakcje po ok. 40%. Natomiast udział kwasów uronowych był na znacznie

\* Badania są częścią projektu ProRapeSeed ( WP1. T1) w ramach inicjatywy CORNET (call 22).

niższym poziomie, ok. 14,6% TDF, a oligocukrów tylko 4,2%. Najniższą zawartością NSP charakteryzowała się śruta z odmiany Trumpf (13,8%), a najwyższą śruta z odmiany Alexander (18,0%). Zawartość ligniny w badanych śrutach rzepakowych mieściła się w zakresie od 12,8% w śrucie otrzymanej z nasion odmiany Alexander do 18,5% w śrucie z odmiany Birdy. Pod względem zawartości oligosacharydów wyróżniała się śruta z odmiany Archibald (2,0%). Kwasy uronowe były najbardziej zróżnicowanym składnikiem włókna ( $C_v=10\%$ ), w zakresie od 4,5% w śrucie z odmiany SY Medal do 7,2% w śrucie z odmiany Alvaro KWS.

Stwierdzona wysoka zawartość włókna w badanych śrutach rzepakowych oraz niewielkie zróżnicowanie odmianowe wskazuje na konieczność istotnego zmniejszenia ilości tego składnika na drodze genetyczno-hodowlanej lub poprzez zastosowanie odpowiedniej technologii przerobu nasion.

**TOMASZ GÓRAL**<sup>1</sup>

**HALINA WIŚNIEWSKA**<sup>2</sup>

**DOROTA WALENTYN-GÓRAL**<sup>1</sup>

**MACIEJ MAJKA**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

e-mail: d.walentyn-goral@ihar.edu.pl

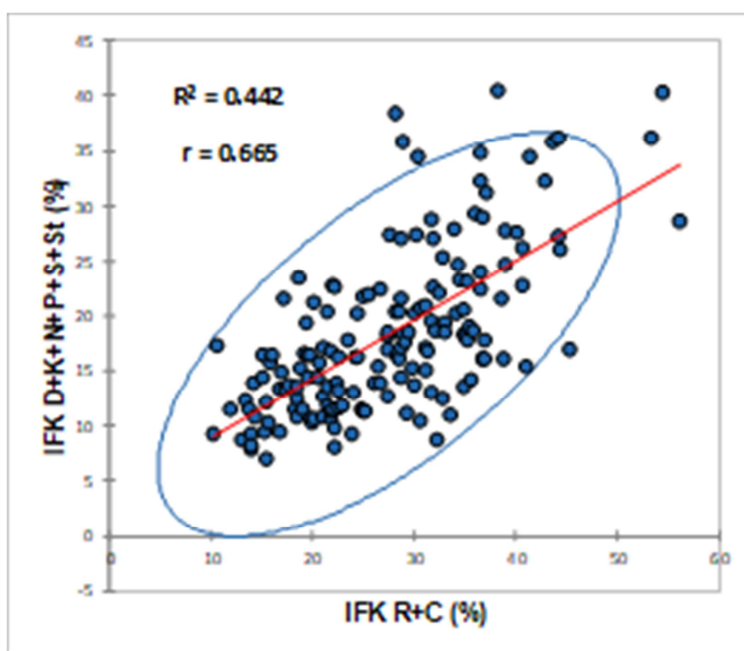
## Ocena podatności rodów hodowlanych pszenicy ozimej na fuzariozę kłosów w doświadczeniach infekcyjnych prowadzonych latach 2014–2018

W latach 2014–2018 prowadzono doświadczenia infekcyjne, w których oceniano odporność pszenicy ozimej na fuzariozę kłosów. Materiał badawczy stanowiły rody pszenicy ozimej badane w ramach Doświadczeń Wstępnych. Doświadczenia polowe zakładano w 8 punktach doświadczalnych: 1) Radzików (IHAR — PIB); 2) Cerekwica (IGR PAN, Poznań); 3) Strzelce (Hodowla Roślin Strzelce sp. z o. o. Grupa IHAR); 4) Dębina (Danko Hodowla Roślin sp. z o. o.); 5) Smolice (Hodowla Roślin Smolice sp. z o. o.); 6) Nagradowice (Poznańska Hodowla Roślin sp. z o. o.); 7) Kobierzyce (Małopolska Hodowla Roślin — HBP Spółka z o. o.); 8) Polanowice (Małopolska Hodowla Roślin — HBP Spółka z o. o.).

Do inokulacji zastosowano mieszaninę zarodników 3 izolatów *Fusarium culmorum*. Kłosa pszenicy w fazie pełni kwitnienia opryskiwano zawiesiną zarodników w ilości około 100 ml zawiesiny na 1 m<sup>2</sup>. Inokulacja powtarzana była około 3 dni później. Nasilenie fuzariozy kłosów było określane na podstawie proporcji porażonych kłosków w kłosie (tylko w kłosach z objawami choroby) oraz proporcji kłosów porażonych na poletku. Z tych wartości został wyliczony indeks fuzariozy kłosów (IFK). W niektórych lokalizacjach prowadzono ocenę za pomocą skali 9° (9° — brak choroby, 1° — maksymalne nasilenie choroby). Wyniki te zostały przetransformowane do skali procentowej.

Ze względu na duże zróżnicowanie średniego nasilenia fuzariozy kłosów w poszczególnych lokalizacjach, wartości indeksów fuzariozy kłosów poddawano standaryzacji zgodnie z wzorem:  $(IFK_i - \overline{IFK})/\sigma$ , gdzie  $IFK_i$  — wartość IFK dla danego rodu,  $\overline{IFK}$  — wartość średnia w danej lokalizacji,  $\sigma$  — odchylenie standardowe. Z wartości standaryzowanych wyliczono średnie dla poszczególnych rodów.

Uzyskane uszeregowanie genotypów pod względem indeksu fuzariozy kłosów w poszczególnych lokalizacjach podlegało silnym wpływom środowiska. W związku z tym wyliczone współczynniki korelacji były istotne, jednakże miały zróżnicowane wartości. Najniższe współczynniki uzyskano w latach 2015 oraz 2018. Wynikało to w pierwszym roku z wystąpienia suszy w niektórych lokalizacjach (np. Radzików) i wysokich opadów w innych (np. Poznań). W roku 2018 wystąpiła długotrwała susza, która w kilku lokalizacjach całkowicie zahamowała rozwój choroby. Współczynniki korelacji pomiędzy średnim IFK dla Radzikowa i Cerekwicy a średnim IFK dla lokalizacji w spółkach hodowlanych przyjmowała wartości od  $r = 0,109$  n.i. (2018) do  $r = 0,665$ ,  $P < 0,0001$  (2014) (rys. 1).



Rys. 1. Zależność pomiędzy IFK w Radzikowie i Cerekwicy a IFK w 6 punktach doświadczalnych dla 162 rodów pszenicy ozimej

We wszystkich latach badań wystąpiło istotne zróżnicowanie podatności badanych rodów na fuzariozę kłosów. Pomimo istotnego wpływu środowiska na uzyskiwane wyniki możliwe było zidentyfikowanie rodów wykazujących stabilną odporność w poszczególnych lokalizacjach. Wybrane rody o najniższej podatności były badane na zawartość toksyn fuzaryjnych (deoksyniwalenol, zearalenon) w ziarnie oraz wysiewane w kolejnym roku badań w celu potwierdzenia podwyższonej odporności na fuzariozę kłosów.

**MARLENA GZOWSKA**<sup>1</sup>

**ANNA FRAS**<sup>1</sup>

**BARTOSZ RUDZKI**<sup>2</sup>

**PAWEŁ DOPIERAŁA**<sup>2</sup>

**TOMASZ SCHWARZ**<sup>3</sup>

**DANUTA BOROS**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych

<sup>2</sup> KWS Lochow Polska Sp. z o.o., Kondratowice

<sup>3</sup> Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie  
e-mail: a.fras@ihar.edu.pl

## Żyto mieszańcowe jako komponent mieszanek paszowych dla zwierząt gospodarskich \*

Zboża są podstawowym komponentem mieszanek paszowych, stanowiąc w nich główne źródło energii oraz znaczące źródło białka. Spośród 4 podstawowych zbóż, pszenica, jęczmień i pszenżyto są w największych ilościach wykorzystywane w żywieniu drobiu i trzody chlewnej. Żyto nie cieszy się dobrą reputacją w tym względzie. Większe wykorzystanie żyta w żywieniu zwierząt monogastrycznych jest notowane wówczas, gdy cena ziarna jest znacznie niższa aniżeli ziarna innych zbóż paszowych. W takiej sytuacji niższa cena ziarna rekompensuje gorsze efekty produkcyjne uzyskane u zwierząt karmionych żytem. Współczesne odmiany żyta a w szczególności odmiany hybrydowe, posiadają wysoki potencjał produkcyjny i coraz częściej potwierdzaną wartość paszową, przez co mogą stanowić konkurencję dla innych tradycyjnych treściwych surowców paszowych (Schwarz i in., 2015; 2016; [ryebelt.com/fileadmin/RyeBelt\\_Fuetterungsbroschüre\\_eng\\_web.pdf](http://ryebelt.com/fileadmin/RyeBelt_Fuetterungsbroschüre_eng_web.pdf)). Nowe odmiany hybrydowe żyta zaczynają dominować w uprawie nad tradycyjnymi. Taki trend obserwuje się zarówno w Niemczech oraz w Danii, również w Polsce z roku na rok rośnie areal uprawy odmian mieszańcowych.

Celem badań było określenie zawartości substancji antyżywniowych w ziarnie odmian żyta hybrydowego o największej repartycji w Polsce, a więc stanowiących potencjalny surowiec do produkcji mieszanek paszowych. Badania wykonano w porównaniu do kontrolnych odmian pszenicy i pszenżyta oraz odmiany żyta populacyjnego. Określono również zmienność tych substancji w zależności od warunków środowiska.

\* Badania wykonano w ramach projektu BIOSTRATEG2/297910/12/NCBR/2016 — ENERGYFEED.

Materiał badawczy składał się z 6 zestawów tych samych 3 odmian hybrydowych żyta oraz po jednej odmianie żyta populacyjnego, pszenicy i pszenżyta ozimego, pochodzących ze Stacji Oceny Odmian COBORU rozlokowanych w 6 rejonach Polski o zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych. W ziarnie oznaczono zawartość włókna pokarmowego ogółem (TDF) oraz jego poszczególnych składników — nieskrobiowych polisacharydów (NSP), w tym arabinoksylianów rozpuszczalnych (WE-AX) i nierozpuszczalnych w wodzie (WUE-AX),  $\beta$ -glukanu, skrobi opornej, oligosacharydów, kwasów uronowych oraz ligniny Klasona. Ponadto zbadano zawartość związków fenolowych ogółem (TPC), tanin oraz alkilorezorcynoli (AR), a także poziom inhibitora trypsyny (TUI). Zmierzono lepkości ekstraktów wodnych ziarna (WEV) oraz w kwaśnym buforze (AEV).

Stwierdzono istotne zróżnicowanie zawartości TDF w ziarnie różnych gatunków zbóż, ale także w obrębie badanych odmian żyta. Ziarno żyta miało ponad dwukrotnie większą zawartość frakcji WE-AX, uznanej za główny endogeny składnik antyżywnościowy ziarna żyta w porównaniu do ziarna pszenicy i pszenżyta. Duża ilość WE-AX w ziarnie wpływa na wzrost lepkości treści jelitowej, co utrudnia procesy trawienia i wchłaniania składników pokarmowych. Lepkość wodnego ekstraktu ziarna żyta była blisko 4-krotnie większa aniżeli lepkość ekstraktów ziarna pszenicy i pszenżyta. Na podstawie dotychczasowych badań nie można wnioskować o większej przydatności ziarna odmian żyta hybrydowego do żywienia zwierząt. Badania wykazały brak istotnych różnic w zawartości włókna i jego składników, w szczególności WE-AX, pomiędzy odmianami hybrydowymi a populacyjną. Warunki środowiska silnie modyfikują zawartość składników TDF w ziarnie badanych genotypów zbóż.

Wykazano małe zróżnicowanie zawartości AR, TPC i tanin oraz TUI w badanych odmianach żyta, a duże między gatunkami zbóż. Nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic w zawartości tych związków między średnimi wartościami uzyskanymi dla odmian żyta hybrydowego a odmianą populacyjną. Nie stwierdzono również różnic pomiędzy odmianami pszenżyta i pszenicy w zawartości polifenoli ogółem.

MAGDALENA JAKUBOWSKA <sup>1</sup>

KAROL TORZYŃSKI <sup>2</sup>

KAMIŁA ROIK <sup>1</sup>

JAN BOCIANOWSKI <sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Ochrony Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

<sup>2</sup> Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Stacja Doświadczalna Oceny Odmian, Słupia Wielka

<sup>3</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu  
e-mail: m.jakubowska@iorpib.poznan.pl

## Podatność odmian buraka cukrowego na występowanie mszyc i przędziorków w latach 2015–2018

Przędziorki, są ważną grupą szkodników dotychczas kojarzoną z uszkodzeniami w szklarniach czy na warzywach w gruncie. Jednak od kilku lat obserwuje się ich zwiększoną liczebność na plantacjach buraka cukrowego.

Przędziorek chmielowiec (*Tetranychus urticae* Koch) jest polifagicznym szkodnikiem różnych roślin uprawnych. Ostatnio również sprawia wiele problemów w roślinach polowych, szczególnie na buraku cukrowym. Powoduje on przedwczesne żółknięcie i zasychanie liści, co ma niekorzystny wpływ na wzrost i plonowanie roślin. Konsekwencją w buraku cukrowym jest zakłócenie fotosyntezy, a co za tym idzie, ograniczenie substancji pokarmowych, zahamowanie wzrostu i rozwoju roślin oraz obniżenie jakości cukru występującego w liściach i korzeniach. Wzrost liczebności przędziorków i dalsze żerowanie powoduje deformację liści, pojawia się pajęczyna oplatająca wierzchołkową część rośliny. Spadek plonu korzeni w wyniku intensywnego żerowania przędziorków na burakach może wynosić od 20% do 50% a zawartość cukru w korzeniach może ulec zmniejszeniu nawet o 2%. Agrofagi należą do gatunków wielożernych, na polu występują "placowo", zaczynając od obrzeży upraw. Symptomami żerowania przędziorków są skupienia jasnych punkcików na liściach, najczęściej w wierzchołkowej części rośliny.

Mszyc burakowa — (*Aphis fabae* Scop.) jest jednym z najgroźniejszych szkodników jaki może wystąpić na plantacji buraka cukrowego. Jej żerowanie może prowadzić do obniżki plonów buraków o przeszło 30%, potencjalnego plonu korzeni i liści, a także na zmniejszenie zawartości cukru w korzeniach. Mszyc trzmielinowo burakowa, zagraża burakom w sposób bezpośredni i pośredni. Szkodliwość bezpośrednia polega na wysysaniu z soku komórkowego podstawowych składników pokarmowych,



mechanicznym uszkodzaniu tkanek i wprowadzaniu ze śliną substancji aktywnych (toksyny, enzymy, regulatory wzrostu), powodujących zmiany w metabolizmie uszkodzonych organów. Szkodliwość pośrednia wynika z faktu, że ten gatunek mszycy jest wektorem przeszło 30 wirusów i mikoplazm, z których najważniejszymi są: wirus nekrotycznej żółtaczk buraka (BYV), wirus mozaiki buraka (BMV) oraz wirus żółtaczk łagodnej buraka (BMYV). Ponadto, na wydalanej przez mszycę rosie miodowej rozwijają się pasożytnicze grzyby, ograniczające dostęp światła do chloroplastów, co utrudnia proces asymilacji roślin. W naszych warunkach klimatycznych szkodliwość bezpośrednia *Aphis fabae* ma większy ujemny wpływ niż infekcja wirusowa. Największa redukcja powierzchni asymilacyjnej, wynosząca 92% jest obserwowana w przypadku zasiedlenia roślin najmłodszych (w fazie 2 listków), a spadek w plonie korzeni buraków zasiedlonych przez migrantki przelatujące z gospodarzy zimowych wynosi 30%–70%.

Obecnie dopuszczony do obrotu handlowego preparat — przedziorkobójczy (akarycyd) Ortus 05 SC, zarejestrowany jest w uprawach buraka cukrowego tylko czasowo od kwietnia do września. W przypadku mszycy trzmielinowo burakowej dysponujemy w obrocie handlowym wystarczającym asortymentem preparatów chemicznych o różnym działaniu. Celem niniejszego badania było przeprowadzenie monitoringu występowania przedziorków i mszyc na buraku cukrowym oraz ocena przydatności wybranych preparatów do zwalczania mszyc burakowych i przedziorka chmielowca na plantacjach buraka cukrowego.

Doświadczenie prowadzono na plantacjach buraka cukrowego na terenie stacji doświadczalnej COBORU w Słupi Wielkiej na różnych odmianach. Przez cały okres wegetacyjny buraka cukrowego prowadzono systematyczny monitoring szkodników. Liczebność przedziorków określono bezpośrednio przed opryskiwaniem, a następnie 4–5 razy po zabiegu, w odstępach 1–2 tygodniowych. Liczebność szkodnika oceniano na losowo pobranych 25–30 liściach z każdego wariantu. Do oceny liczebności szkodnika wykorzystano technikę Hendersona i McBurniego (1943). Ocenę skuteczności badanych środków w ochronie roślin buraka cukrowego przed żerowaniem przedziorka chmielowca prowadzono określając liczebność szkodnika na roślinach chronionych i na roślinach kontrolnych (na których nie prowadzono zabiegów ochronnych) przed zabiegiem oraz 2 dni, 6 dni i 14 dni po każdym zabiegu.

**DOROTA JASIŃSKA**  
**URSZULA WOŹNA-PAWLAK**  
**RÓŻA MAZUR**  
**MAGDALENA ANIOŁA**  
**BOGUMIŁA KIELISZKOWSKA**  
Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.  
e-mail: d.jasinska@phr.pl

## Ocena odporności odmian pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) na porastanie

Przedźniwne porastanie ziarna to ważny problem w wielu rejonach świata, dotyczący wszystkich gatunków zbóż, w tym również pszenicy. W warunkach klimatycznych Polski w przeciętnym roku porastanie ziarna występuje średnio na 5%–10% plantacji zbóż, lecz w latach, w których odnotowuje się wysokie temperatury powietrza, opady deszczu i wysoką wilgotność w okresie dojrzewania ziarniaków straty plonu mogą przybrać rozmiary kłeski. Porośnięte ziarno traci do 15% składników pokarmowych oraz obniża się jego wartość technologiczna, ponieważ wzrost alfa-amylaz pogarsza właściwości wypiekowe mąki.

Aby zapobiegać występowaniu niekorzystnego zjawiska, jakim jest porastanie przedźniwne, należy uprawiać odmiany pszenicy odporne na porastanie. Dlatego ciągle jednym z ważniejszych kierunków prowadzonych prac hodowlanych jest uzyskanie odmian odpornych na kiełkowanie ziaren w kłosie przy jednoczesnym połączeniu tej cechy z wieloma innymi, decydującymi o wartości gospodarczej odmiany. Jednym z ważniejszych aspektów prowadzenia takiej hodowli jest dysponowanie szerokim materiałem wyjściowym o wysokiej odporności. Celem badań była wstępna ocena linii i odmian pszenicy ozimej pod względem odporności na porastanie.

Badania przeprowadzono na 39 odmianach i liniach pszenicy ozimej. Materiał badawczy stanowiły kłosa pobrane po 7 dniach od momentu osiągnięcia dojrzałości woskowej, które zostały poddane atestacji w warunkach prowokacyjnych, przy zachowaniu wysokiej wilgotności powietrza. Odporność na porastanie ziarna w kłosach oceniano w skali 9–1 (gdzie: 9 — oznacza całkowitą odporność, 1 — całkowite porośnięcie) po 3, 6 i 9 dniach.

Badane odmiany i linie różniły się istotnie pod względem porastania w warunkach prowokacyjnych. Średnia odporność na porastanie oceniona po 3 dniach wynosiła odpowiednio 7,4; po 6 dniach 5,4; po 9 dniach 4,2 w skali 9-stopniowej. Spośród

ocenianych odmian i linii wytypowano szesnaście, które wykazywały dużą odporność na porastanie (powyżej 6 w skali 9-stopniowej), w tym trzy z nich charakteryzowały się całkowitą odpornością (9 w skali 9-stopniowej). Można je uznać za źródła tej cechy.

**KAMILA KAPŁONIAK**<sup>1</sup>

**BEATA MYŚKÓW**<sup>2</sup>

**MICHAŁ DZIURKA**<sup>1</sup>

**ILONA CZYCYŁO-MYSZA**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Kraków

<sup>2</sup> Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

e-mail: i.czyczylo@ifr-pan.edu.pl

## Charakterystyka wpływu mutacji zaburzających tworzenie nalotu woskowego u żyta na cechy morfologiczne, biochemiczne i fizjologiczne w warunkach optymalnego nawodnienia oraz stresu suszy glebowej\*

Celem badań było określenie zróżnicowania linii bliskoizogenicznych (NILs, ang. Near-Isogenic Lines) żyta pod względem obecności mutacji recesywnej zaburzającej tworzenie nalotu woskowego na częściach nadziemnych rośliny oraz ocena roli składu nalotu woskowego w tolerancji na suszę.

Materiał roślinny stanowiły linie wsobne żyta tworzące 2 pary linii bliskoizogenicznych: L35,L35bw oraz RXL10,RXL10bw. Każda para składała się z linii typowej („woskowa”) oraz linii posiadającej mutację recesywną zaburzającą formowanie właściwej okrywy woskowej („bezwoskowa” oznaczona przyrostkiem „bw”). Testowane linie poddano trzytygodniowemu stresowi suszy glebowej, a w ostatnim dniu suszy wykonano następujące parametry fizjologiczne: pomiar fluorescencji chlorofilu a, zawartości chlorofilu w liściach ( w jednostkach SPAD) oraz przewodności szparkowej liścia flagowego pędu głównego. Liście flagowe odcięto i zamrożono, a następnie liofilizowano i zmielono. Taki materiał wykorzystano do przeprowadzania analizy biochemicznej polegającej na spektrofotometrycznym oznaczeniu zawartości barwników fotosyntetycznych: chlorofilu a (Chl a, ang. Chlorophyll a), chlorofilu b (Chl b, ang. Chlorophyll b), sumy chlorofilu a + b (TChl, ang. Total Chlorophyll a + b) oraz karotenoidów (Car, ang. Carotenoids).

\* Badania finansowano z projektu NCN nr UMO-2015/17/B/N29/01694

Analiza otrzymanych danych pozwoliła na odnotowanie różnic pomiędzy parami linii, jak i pomiędzy liniami „woskowymi” i „bezwoskowymi” w parach. W wyniku stresu suszy u badanych linii odnotowano obniżony poziom średnich wartości wszystkich parametrów biochemicznych w porównaniu z kontrolą (nawet do 13% wartości kontroli), jednak u pary niskich linii RXL10,RXL10bw wystąpiła odmienna tendencja w postaci zwiększenia zawartości Chl a, Chl b, TChl i Car (wzrost o 13–23% u RXL10bw i o 6–82% u RXL10). W obrębie wszystkich analizowanych biochemicznych parametrów wystąpiły różnice wewnątrz par, pomiędzy linią „woskową” a „bezwoskową”, kierunek zmian różnił się pomiędzy parami linii. Pomiar zawartości chlorofilu w jednostkach SPAD potwierdził tendencję zmian obserwowanych w analizie zawartości TChl u linii RXL10bw, ponownie wykazała wzrost TChl po stresie suszy co było ponownie odmienną reakcją w stosunku do pozostałych linii. Stres suszy obniżył przewodność szparkową u wszystkich linii, lecz nie spowodował różnic w przewodności szparkowej wewnątrz par linii jak i pomiędzy liniami. W ostatnim dniu suszy parametry fluorescencji chlorofilu a uległy obniżeniu u prawie wszystkich badanych linii. Wyjątek stanowiła „bezwoskowa” linia RXL10bw, u której odnotowana wzrost w stosunku do kontroli, na uwagę zasługuje wzrost parametru PI (o 21%), który stanowi ogólny wskaźnik funkcjonowania fotosystemu PSII. Odnotowano różne wyniki parametrów kinetyki fluorescencji chlorofilu (TRo/CSm, Fv, Fv/Fm) pomiędzy parami linii oraz liniami woskowymi i bezwoskowymi.

**KAMIŁA KOZAK-STANKIEWICZ**<sup>1</sup>

**JAKUB SZKUDELSKI**<sup>1</sup>

**JACEK PISZCZEK**<sup>2</sup>

**ADAM SITARSKI**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Kutno Sugar Beet Breeding Company, Straszków 12, PL 62-650 Kłodawa

<sup>2</sup> Institute of Plant Protection — National Research Institute Regional Experimental Station Toruń,

Pigwowa 16 St., 87-100 Toruń

e-mail: straszkow@khbc.pl

## Sugar beet breeding — rapid screening technique for nematode resistance

Nematodes are soil borne parasites that occur naturally in soil. The sugar beet cyst nematode (SBCN) *Heterodera schachtii* is a major problem in all sugar beet growing regions. The symptoms of root systems are often malformed and exhibit proliferation of secondary roots. Leaves becoming yellow and reversibly wilting. Finally it can cause up to 40% of yield losses. Chemical control to reduce this parasite in soil is rarely used due to low selectivity of action, high ecological damage and high costs of the procedure. Proper crop rotation and catch crop cultivation with SBCN-resistant oilseed radish and mustard are favoured. Crop rotation with breaks of more than four years between sugar beet cultivation is usually not performed for economic reasons. Standard sugar beet varieties are susceptible to SBCN and strongly support nematodes reproduction. Another type of variety is resistant to SBCN. Such cultivars have been released on the polish market but have not been widely accepted by growers due to low productivity in the absence of insect infestations. In KHBC laboratory efficient screening procedure to determine nematodes population has been established. Method was also created for identification of adequate sources of durable resistance. The screening methods were accomplished on a year-round basis in a greenhouse. Utilization of artificial inoculation and infestation in these screens allows us to control of quantity and quality of the SBCN. Nematode parasites levels were determined by counting the number of second stage infective juveniles (resting in the cysts) in defined soil samples. SBCN infestation levels were monitored before and after culturing sugar beet. An initial population level and a final population level were established. Reproduction rate reflected the capacity of genotypes to multiply or reduce a given initial population. Methodology for nematode resistance breeding programme proposed in KHBC have identified resistant germplasm. Consequently, proper nematode management in breeding company will mostly rely on the availability and use of adequate resistant genotypes.



**ARTUR KOZERA**<sup>1</sup>  
**WITOLD SZCZEPANIAK**<sup>2</sup>  
**TOMASZ MIKULSKI**<sup>3</sup>  
**MARCIN PUŚLEDNIK**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> RAPOOL Polska Sp. z o.o.

<sup>2</sup> Katedra Chemii Rolnej i Biogeochemii Środowiska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

<sup>3</sup> Norddeutsche Pflanzenzucht, Hans-Georg Lembke KG

e-mail: artur.kozera@rapool.pl

## Wpływ terminu siewu i poziomu nawożenia azotem na plonowanie i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego

Czynniki plonotwórcze można podzielić na trzy grupy: definiujące, ograniczające i redukujące plon. Do pierwszej grupy zalicza się przede wszystkim czynniki roślinne, jak odmianę czy architekturę łanu, a także promieniowanie, temperaturę i dwutlenek węgla. W drugiej znajduje się woda i azot oraz czynniki odpowiedzialne za ich efektywność. Natomiast w trzeciej wyróżnia się chwasty, patogeny i szkodniki. Wymienione czynniki plonotwórcze w dużym stopniu są ze sobą powiązane. Stąd też między innymi w uprawie rzepaku należy poszukiwać odmian, które dostosują się do zmiennych warunków pogodowych, a także będą mniej podatne na patogeny. Bardzo ważne jest także, aby efektywnie gospodarowały azotem, który jest zarówno głównym składnikiem plonotwórczym, jak i stanowi zagrożenie dla środowiska naturalnego.

Celem badań była ocena wpływu dwóch terminów siewu i wzrastających poziomów nawożenia azotem na plon i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego.

Badania przeprowadzono w sezonie wegetacyjnym 2017–2018 w stacji doświadczanej NPZ Lembke na obiektach doświadczalnych na południu Wielkopolski w miejscowości Pępowo, powiat Gostyń. Doświadczenie polowe założono w układzie split-blok w trzech powtórzeniach. Czynnikiem doświadczania były: 1) termin siewu: optymalny (22.08), opóźniony (04.09); 2); odmiany: Atora, Einstein, Ragnar, Prince; 3) dawka azotu: 0, 60, 120, 180 i 240 kg N·ha<sup>-1</sup>. Odmiany Ragnar i Prince posiadają gen odporności na wirusa żółtaczkę rzepy (Turnip Yellow Virus — TuYV).

Przeprowadzone badania wykazały istotny wpływ badanych czynników zarówno na plon nasion, jak i zawartość tłuszczu (tab.1).



**Plon nasion i zawartość tłuszczu**

Czynnik	Plon nasion, t·ha <sup>-1</sup>	Zawartość tłuszczu, %
Termin siewu		
Optymalny	4,397 <sup>b</sup>	47,52 <sup>a</sup>
Opóźniony	3,834 <sup>a</sup>	48,80 <sup>b</sup>
F	53,59***	117,1***
Odmiany		
Atora	4,022 <sup>ab</sup>	48,30 <sup>b</sup>
Einstein	3,897 <sup>a</sup>	49,08 <sup>c</sup>
Ragnar	4,266 <sup>b</sup>	47,23 <sup>a</sup>
Prince	4,278 <sup>b</sup>	48,02 <sup>b</sup>
F	5,94**	41,3***
Dawka azotu, kg N·ha <sup>-1</sup>		
0	3,003 <sup>a</sup>	49,36 <sup>d</sup>
60	3,950 <sup>b</sup>	48,69 <sup>c</sup>
120	4,433 <sup>c</sup>	47,78 <sup>b</sup>
180	4,523 <sup>c</sup>	47,80 <sup>b</sup>
240	4,668 <sup>c</sup>	47,16 <sup>a</sup>
F	61,94***	42,7***

F- iloraz wariancji; \*, \*\*, \*\*\* odpowiednio dla  $p \leq 0,05$ ; 0,01; 0,001

**RENATA KURTYKA**

Katedra Fizjologii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski,  
ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice  
e-mail: renata.kurtyka@us.edu.pl

## Rola jonów wapnia we wzroście elongacyjnym koleoptyli *Zea mays* L. poddanych działaniu chlorku kadmu

Antropogeniczne zanieczyszczenie środowiska metalami ciężkimi prowadzi do zahamowania wzrostu roślin uprawnych i tym samym do obniżenia ich plonowania. Spośród metali ciężkich, kadm jest jednym z najbardziej toksycznych pierwiastków, który nawet w niskich stężeniach zaburza wiele procesów metabolicznych roślin. Jedną z odpowiedzi roślin na wysokie stężenia kadmu w środowisku wzrostowym jest hamowanie wzrostu elongacyjnego indukowanego auksyną. W wielu pracach, z jednej strony wskazywano na niezbędność wapnia we wzroście indukowanym auksyną, z drugiej zaś wykazano, że 1–20 mM stężenia wapnia hamują ten wzrost. Ponadto stwierdzono konkurencję pomiędzy jonami  $\text{Ca}^{2+}$  oraz  $\text{Cd}^{2+}$  o systemy transportu uczestniczące w pobieraniu  $\text{Ca}^{2+}$  do komórki.

Celem podjętych badań było określenie roli jonów wapnia (0; 0,1; 1; 10 mM  $\text{CaCl}_2$ ) we wzroście elongacyjnym segmentów koleoptyli kukurydzy traktowanych 0,1 mM  $\text{CdCl}_2$ . Prowadzono synchroniczne pomiary wzrostu elongacyjnego i zmian pH środowiska inkubacyjnego, jak również pomiary potencjału membranowego, poziomu stresu oksydacyjnego oraz kumulacji obu pierwiastków w segmentach koleoptyli kukurydzy. Badania przeprowadzono na 1 cm segmentach koleoptyli wycinanych w odległości 3 mm od wierzchołka, z 4-dniowych etiolowanych siewek *Zea mays* L., które są obiektem modelowym w badaniach nad indukowaną przez auksynę elongacją komórek roślinnych. Wykazano, że wapń częściowo znosi toksyczne działanie kadmu na wzrost elongacyjny koleoptyli kukurydzy, co związane jest z poziomem kumulacji obu pierwiastków oraz stresu oksydacyjnego w segmentach koleoptyli.



**ALICJA MACKO-PODGÓRNI**  
**ANETA ŁUKASIEWICZ**  
**KORNELIA KWOLEK**  
**MAGDALENA KLIMEK-CHODACKA**  
**DARIUSZ GRZEBELUS**  
**RAFAŁ BARAŃSKI**

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy  
w Krakowie, Al. 29-Listopada 54, 31-425 Kraków  
e-mail: r.baranski@urk.edu.pl

## Zmiany transkryptomu marchwi w odpowiedzi na stres zasolenia\*

Ze względu na zwiększające się zasolenie gleb, zarówno w wyniku zmian klimatycznych związanych z globalnym ociepleniem jak również działalnością człowieka, poznanie mechanizmów genetycznych związanych z tolerancją roślin na stres zasolenia jest bardzo istotne. Mimo iż marchew jest rośliną bardzo wrażliwą na zasolenie, istnieją jej odmiany lokalne, które są uprawiane na glebach o podwyższonej zawartości soli. Zdolność marchwi do wzrostu w takich warunkach świadczy o istnieniu mechanizmów genetycznych warunkujących tolerancję na zasolenie, pozostają one jednak niescharakteryzowane.

W celu zidentyfikowania genów, warunkujących tolerancję na stres zasolenia, przeprowadzono globalną analizę różnicowej ekspresji genów genotypu wrażliwego (DH1) oraz tolerancyjnego na zasolenie (DLBA), uprawianych w warunkach kontrolnych oraz pod wpływem stresu zasolenia. Z doświadczenia założonego w pięciu powtórzeniach do analizy sekwencjonowania wybrano rośliny z trzech powtórzeń.

RNA zostało wyizolowane zarówno z liści jak i korzeni roślin. Dla każdego genotypu i organu roślin, kontrolnych i uprawianych w glebie o podwyższonym zasoleniu przygotowano próby mieszane RNA pochodzące z 38 osobników, które poddano sekwencjonowaniu z wykorzystaniem platformy Illumina 4000. Łącznie zsekwencjonowano 24 próby mieszane RNA.

Ilościowa analiza różnicowej ekspresji genów (DEG) wykazała różnice w ekspresji pomiędzy roślinami tolerancyjnymi i wrażliwymi na zasolenie, zarówno w korzeniu jak i liściach. W przypadku roślin tolerancyjnych, w korzeniu i liściach zidentyfikowano

---

\* Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (Nr 2016/21/B/NZ9/01054)

odpowiednio 1207 oraz 2553 DEG, w tym 67% oraz 55% stanowiły geny o obniżonej ekspresji w warunkach stresu zasolenia w stosunków do warunków kontrolnych. Rośliny wrażliwe na zasolenie charakteryzowały się silniejszą odpowiedzią na stres w korzeniu, gdzie zidentyfikowano 2703 DEG, z czego 69% stanowiły geny o obniżonej ekspresji w warunkach stresu. W liściach roślin tolerancyjnych 487 genów miało różną ekspresję w warunkach stresu w stosunku do warunków kontrolnych. Wśród nich 49% stanowiły geny o niższej ekspresji. Ponadto, zidentyfikowane zostały geny, których ekspresja obecna była jedynie w przypadku roślin tolerancyjnych, uprawianych w zasolonym podłożu. Wstępna analiza wykazała, że wśród nich większość stanowiły geny o nieznannej funkcji lub nowe transkrypty, a geny o scharakteryzowanej funkcji były związane z reakcją na stres. Między innymi, zarówno w korzeniu jak i liściach roślin DLBA zidentyfikowane zostały transkrypty genu MNS3 kodującego AT5ptase (Type IV inositol polyphosphate 5-phosphatase 7), białko enzymatyczne związane z regulacją powstawania reaktywnych form tlenu (ROS), wpływających na indukcję ekspresji genów związanych z odpowiedzią na stres. Ponadto, tylko w liściach roślin DLBA uprawianych na zasolonym podłożu znajdowały się transkrypty genu TAF10, kodującego czynnik transkrypcyjny zaangażowany w adaptację do stresu osmotycznego. W przypadku roślin wrażliwych uprawianych w warunkach stresu, nieliczne geny ulegały ekspresji tylko w przypadku tego genotypu w warunkach zasolenia, a ich adnotacja nie sugerowała związku z reakcją na stres.

**PIOTR OCHODZKI**<sup>1</sup>  
**ROMAN WARZECHA**<sup>1</sup>  
**MONIKA ŻUREK**<sup>1</sup>  
**TADEUSZ SZYMAŃCZAK**<sup>2</sup>  
**WANDA CHOJNACKA**<sup>3</sup>  
**ANNA FARYN**<sup>3</sup>  
**PAWEŁ WÓJCICKI**<sup>3</sup>  
**KRZYSZTOF WIŚNIEWSKI**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>2</sup> Gospodarstwo Rolne Skrzelew, gmina Teresin

<sup>3</sup> Zakład Doświadczalny Oceny Odmian COBORU Kawęczyn

e-mail: p.ochodzki@ihar.edu.pl

## Wpływ chemicznego i biologicznego zwalczania omacnicy prosowianki na zawartość mikotoksyn w ziarnie kukurydzy

Omacnica prosowianka (*Ostrinia nubilalis* Ostrinia nubilalis Hübner, 1796) jest najgroźniejszym szkodnikiem kukurydzy. Poprzez uszkodzenia roślin i kolb powoduje straty w plonie ziarna oraz obniża jego jakość. Przez uszkodzone miejsca następuje infekcja roślin przez grzyby z rodzaju *Fusarium*, a w następstwie tego zwiększa się zawartość mikotoksyn przez nie wytwarzanych. W latach 2017–2018 prowadzono obserwacje wylotów omacnicy prosowianki w Skrzelewie na Mazowszu oraz określono stopień uszkodzenia roślin na poletkach doświadczalnych w ZDOO w Kawęczynie.

Przeprowadzono doświadczenia z zastosowaniem chemicznych i biologicznych metod ochrony roślin kukurydzy przed tym owadem.

W roku 2017 wyloty omacnicy były intensywniejsze w porównaniu do roku 2018 maksymalna liczba odłowionych motyli w ciągu doby (45 szt.) była większa niż w roku 2018 (16 szt.). Główny okres wylotów w roku 2018 był znacznie wcześniejszy niż w roku 2017 (odpowiednio 14 czerwca — 14 lipca i 12–26 lipca). Stopień porażenia roślin kukurydzy uprawianej na ziarno w roku 2017 był wysoki, od 63% dla grupy odmian średnio wczesnych i 77% dla odmian wczesnych, do 93% dla odmian średnio późnych. W roku 2018 wartości te były niższe (odpowiednio 34%, 28% i 48%).

Odmiany uprawiane na kiszonkę roku 2017 były uszkodzane w mniejszym stopniu, średnio w 50% w porównaniu do odmian ziarnowych (ok. 78%).

Zastosowanie ochrony chemicznej i biologicznej w roku 2017 zmniejszyło liczbę uszkodzonych kolb w porównaniu z grupą kontrolną (odpowiednio 6,3%, 15,9% i 20,5%).

W roku 2018 udział uszkodzonych kolb był znacznie niższy (9,4%), a skuteczna była jedynie ochrona chemiczna (3,2%).

Zawartość mikotoksyn fuzaryjnych w roku 2017 w grupie chronionej chemicznie i biologicznie była niższa niż w grupie kontrolnej, natomiast w roku 2018 zawartość mikotoksyn była niewielka, i w grupie chronionej chemicznie niższa niż w kontrolnej.

**MARCIN PRZYBYŚ**  
**GRAŻYNA KORBECKA-GLINKA**  
**URSZULA SKOMRA**

Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy w Puławach  
e-mail: mprzybys@iung.pulawy.pl

## Wiroidy HSVd, CBCVd, AFCVd — nowe zagrożenia dla uprawy chmielu w Polsce

Chmiel w Polsce uprawiany jest na powierzchni około 1440 ha, co plasuje nasz kraj na trzecim miejscu w Europie i piątym na świecie pod względem arealu i wielkości produkcji. Chmiel uprawiany jest przede wszystkim na potrzeby przemysłu piwowarskiego, jako surowiec będący źródłem charakterystycznego smaku i aromatu. Przemysł farmaceutyczny wykorzystuje wyciągi z szyszek do produkcji leków o działaniu nasennym i uspokajającym, wspomagających trawienie oraz łagodzących dolegliwości związane z menopauzą. Chmiel wykazuje również działanie przeciwzapalne i przeciw utleniające przez co jest chętnie stosowany w przemyśle kosmetycznym do produkcji szamponów i kremów opóźniających proces starzenia się skóry. Żeńskie owocostany, zwane szyszkami, zawierają gruczoły lupulinowe o specyficznym składzie chemicznym. Ich głównymi składnikami są alfa kwasy, nadające piwu gorzki smak oraz olejki eteryczne tworzące charakterystyczną kompozycję zapachową. Chmiel jest gatunkiem wieloletnim, uprawianym przez szereg lat na tym samym stanowisku, bez zmianowania. Po założeniu plantacji w miarę upływu czasu dochodzi do stopniowej akumulacji czynników chorobotwórczych w roślinach oraz w glebie. Wiroidy są patogenami, które szczególnie łatwo gromadzą się w roślinach, gdyż brak jest skutecznych chemicznych metod ich zwalczania. Dodatkowym problemem sprzyjającym zakażeniom jest łatwość z jaką są przenoszone podczas zabiegów agrotechnicznych w czasie, których dochodzi do mechanicznego zranienia roślin. Choroby powodowane przez wiroidy rzadko powodują widoczne objawy na roślinach chmielu, dlatego trudno jest zdiagnozować chorobę i usunąć z plantacji zakażone rośliny. W ekstremalnych przypadkach infekcja wiroidem może doprowadzić do zmian morfologicznych liści, karłowatości lub obumarcia. Jednak najczęściej rośliny porażone przez wiele lat nie wykazują żadnych objawów, ale dają niższy plon szyszek o niekorzystnie zmienionym składzie chemicznym. Poziom redukcji plonu i zawartości alfa kwasów zależy w dużym stopniu od odmiany. Porażenie chmielu przez wiroidy powoduje obniżenie plonu nawet o 35% oraz redukcję zawartość alfa kwasów nawet o 40-50%. W ostatnich latach coraz



częściej pojawiają się doniesienia o wykryciu w Europie trzech nowych wiroidów porażających rośliny chmielu. W Polsce dotychczas nie prowadzono badań na szeroką skalę nad występowaniem w chmielu: wiroida karłowatości chmielu (Hop stunt viroid, HSVd), wiroida wyboistości jabłek (Apple fruit crinkle viroid, AFCVd) i wiroida Citrus bark cracking (CBCVd). HSVd jak każdy wiroid, jest nagą, samoreplikującą się formą jednoniciowego RNA, bez okrywy białkowej. HSVd infekuje liczną grupę roślin wieloletnich takich jak winorośl, migdałowiec, śliwa, brzoskwinia, morela i chmiel. HSVd na chmielu może prowadzić do karłowatości roślin, żółknięcia i zwijania liści, ale objawy mogą się pojawić po kilku latach od infekcji. Zakażenie HSVd skutkuje znacznym obniżeniem zawartości alfa kwasów. HSVd pojawił się na chmielu po raz pierwszy w Japonii, prawdopodobnie w wyniku międzygatunkowego transferu z winorośli, i z Japonii rozprzestrzenił się do Korei, Chin i Stanów Zjednoczonych. Obecnie uważa się, że występuje na całym świecie włączając kraje europejskie. HSVd przenoszony jest wyłącznie mechanicznie poprzez zabiegi agrotechniczne powodujące uszkodzenie roślin, a jedynym sposobem długo dystansowego rozprzestrzeniania się choroby jest przenoszenie wraz z zakażonymi sadzonkami. AFCVd należy do rodzaju *Apscaviroid*. Po raz pierwszy wykryto go w Japonii na jabłkach odmiany 'Mutsu', a w 2004 również na chmielu. Objawy zakażenia przypominają HSVd, ale stwierdzono obecność tego wiroida w bezobjawowych roślinach. W Japonii AFCVd często występuje w roślinach zakażonych dwoma innymi wiroidami chmielu: HSVd i HLVd. Występowanie CBCVd na chmielu, po raz pierwszy stwierdzono w Słowenii w 2007 r. Nazwa CBCVd pochodzi od objawów jakie wywołuje na trzylistnej pomarańczy *Poncirus trifoliata*. Wykazano, że wiroid ten wywołuje objawy podobne do HSVd, jednak w przypadku porażenia CBCVd okres inkubacji jest znacznie krótszy, choroba postępuje w sposób bardziej agresywny. Choroba bardzo szybko rozprzestrzenia się na plantacji chmielu, zwykle wzdłuż rzędów. Ze względu na niedawną epidemię w Słowenii oraz poziom zagrożenia dla upraw chmielu w Europie, w czerwcu 2015 opublikowano ostrzeżenie na liście alertowej EPPO. Z uwagi na często bezobjawowy rozwój infekcji chmielu powodowanych przez wiroidy, badania nad występowaniem tych patogenów na plantacjach wymagają opracowania narzędzi diagnostycznych, które umożliwią sprawne zbadanie dużej liczby próbek. Celem aktualnie realizowanego projektu jest opracowanie narzędzi diagnostycznych do wczesnego wykrywania zakażonych przez HSVd, AFCVd i CBCVd roślin oraz monitoring występowania tych patogenów na polskich plantacjach produkcyjnych. Badania prowadzone są w ramach projektu: „Występowanie dotychczas nie monitorowanych wirusów (HpLV, ArMV) i wiroidów (HpSVd, AFCVd, CBCVd) na plantacjach produkcyjnych chmielu w Polsce” finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA <sup>1</sup>

MIROSLAW TYRKA <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych

<sup>2</sup> Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza, Rzeszów  
Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki  
e-mail: a.pietrusinska@ihar.edu.pl; mtyrka@prz.edu.pl

## Mapowanie genu odporności na rdzę brunatną *Lr55* w pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)

Rdza brunatna zbóż i traw jest jedną z najpoważniejszych chorób liści pszenicy jarej oraz ozimej. Największe straty wyrządza w uprawie pszenicy ozimej. Obserwowana jest we wszystkich fazach rozwojowych roślin. Przy silnym porażeniu starty wywołane przez tą chorobę sięgają od 40 do 50%. W Polsce średnio straty w plonach szacuje się na około 5 do 10%.

Głównym celem dzisiejszej produkcji roślinnej jest uzyskanie jak najwyższego plonu przy jednoczesnej minimalizacji stosowania środków ochrony roślin. Uprawa odmian o korzystnych cechach gospodarczych, w tym również o wysokim potencjale ich plonowania, ściśle związana jest z ich odpornością na choroby grzybowe oraz wirusowe. Ważną rolę odgrywa hodowla odpornościowa zbóż, która dysponuje wieloma narzędziami genetyki klasycznej i molekularnej, z powodzeniem mogących być wykorzystywane w celu uzyskania roślin odpornych na powszechnie występujące choroby zbóż.

Wykorzystanie narzędzi biologii molekularnych, w tym markerów DNA, znalazło szerokie zastosowanie w programach hodowlanych. Konstruowanie map genetycznych oraz identyfikacja *loci* cech ilościowych pozwala na przedstawienie położenia poszczególnych genów na chromosomie powiązanych z daną cechą.

Celem niniejszej pracy było wyznaczenie markerów molekularnych sprzężonych z genem odporności na rdzę brunatną zbóż i traw *Lr55*. Materiał roślinny stanowiły dwie populacje mapujące: F<sub>2</sub> (*Lr55*×Bogatka) oraz F<sub>2</sub> (*Lr55*×Nadobna). Do mapowania genu *Lr55* wykorzystano łącznie 15 markerów DArTs oraz 68 markerów SSR. Na podstawie analizy sprzężeń genetycznych ustalono rozmieszczenie genu *Lr55* wraz z markerami oraz określono odległości genetyczne pomiędzy nimi.



**KAMIŁA ROIK**<sup>1</sup>  
**ANNA TRATWAŁ**<sup>1</sup>  
**PAWEŁ DOPIERAŁA**<sup>2</sup>  
**JAN BOCIANOWSKI**<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Ochrony Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, ul. Wł. Węgorka 20, 60-318 Poznań

<sup>2</sup> KWS Lochow Polska sp. z o.o., Kondratowice, ul. Słowiańska 5, 57-150 Prusy

<sup>3</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, ul. Wojska Polskiego 28; 60-637 Poznań  
e-mail: k.roik@iorpib.poznan.pl

## Stworzenie ujednoliconej metody testowania odporności żyta na sporysz (*Claviceps purpurea*) i zminimalizowanie zanieczyszczenia ziarna żyta alkaloidami

Badania realizowane w ramach projektu „Stworzenie ujednoliconej metody testowania odporności żyta na sporysz (*Claviceps purpurea*) i zminimalizowanie zanieczyszczenia ziarna żyta alkaloidami” finansowanego przez CORNET 21 th.

Sporysz to groźna choroba wywoływana grzybem buławinki czerwonej (*Claviceps purpurea* [Fr.] Tul) występująca na życie (*Secale cereale* L.). Patogen pasożytuje na słupkach kwiatów żyta. W czasie kwitnienia na porażonych kłosach pojawiają się kropelki słodkiej cieczy, która zwana jest rosą miodową. W okresie dojrzewania zbóż w porażonych kłosach zamiast ziarniaków występują przetrwalniki grzyba zwane sklerocjami, które zawierają ponad 30 groźnych dla ludzi i zwierząt mikotoksyn — alkaloidów sporyszu. Przetrwalniki są czarnofioletowe, twarde, łamliwe, wydłużone, nieco wygięte (rogalikowate), wewnątrz białe. Sklerocja zazwyczaj są większe od ziarniaków. Ich wielkość zależy od gatunku rośliny żywiciela i od ilości zakażonych kłosek. Sklerocja wypadają z kłosek w czasie zbioru lub pozostają z ziarnem. Ze względu na toksyczność ponad 30 groźnych alkaloidów zawartych w sklerocjach sporyszu UE określiła poziomy progowe jego zawartości w ziarnie.

Celem jest stworzenie ujednoliconej metody testowania odporności żyta na sporysz i analiza zawartości alkaloidów w zanieczyszczonym ziarnie w zależności od lokalizacji, roku i pochodzenia izolatu grzyba. Doświadczenia zlokalizowane były w dwóch miejscowościach (ZDOO Kościelna Wieś i SDOO w Zybiszowie). W badaniach uwzględniono 16 genotypów. Doświadczenia zostały złożone na poletkach o wielkości

5 m<sup>2</sup>, w układzie bloków losowanych w dwóch powtórzeniach. Aktualnie prawidłowa agrotechnika i odporność odmian są jedynymi środkami ograniczania ryzyka zakażenia sporyzmem.

**RENATA SŁOMNICKA**  
**HELENA OLCZAK-WOLTMAN**  
**GRZEGORZ BARTOSZEWSKI**

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie  
Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin  
e-mail: grzegorz\_bartoszewski@sggw.pl

## Porównanie profili transkrypcyjnych dwóch linii ogórka (*Cucumis sativus* L.) różniących się podatnością na bakteryjną kanciastą plamistość we wczesnych stadiach tej choroby \*

Bakteryjna kanciasta plamistość jest jedną z kilku chorób występujących w uprawie gruntowej ogórka przyczyniającą się do strat plonów. Sprawcą tej choroby jest *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*. Celem badań było wykonanie profilowania transkryptomocznego dla dwóch linii ogórka różniących się podatnością na bakteryjną kanciastą plamistość i identyfikacja genów ulegających zróżnicowanej ekspresji we wczesnych stadiach rozwojowych tej choroby. Jako materiał roślinny wykorzystano dwie wysoce wsobne (>S12) linie ogórka, linię Gy14 charakteryzującą się częściową odpornością na kanciastą plamistość i wrażliwą linię B10. Do inokulacji roślin wykorzystano wirulentny szczep 814/98 *P. syringae* pv. *lachrymans* sklasyfikowany do grupy filogenetycznej 3 (Słomnicka i in., 2018). Rośliny rosnące w warunkach fitotronowych inokulowano stosując metodykę opisaną przez Olczak-Woltman i in. (2008). Gęstość inokulum wynosiła  $1 \times 10^7$  CFU/ml. Tkanekę do analiz transkryptomocnych pobierano w trzech punktach czasowych, przed- oraz jeden i trzy dni po inokulacji (0, 1 i 3 dpi). Następnie z prób zbiorczych tkanki wyizolowano RNA i wykonano sekwencjonowanie RNA-seq z wykorzystaniem platformy Illumina HiSeq (Genomed, Warszawa). Analiza profili transkryptomocnych pokazała, że u częściowo odpornej linii Gy14 znacznie więcej genów ulega zmienionej ekspresji w pierwszym dniu po inokulacji (1 dpi) w porównaniu z linią wrażliwą B10. U linii Gy14 zidentyfikowano 2757 genów ulegających zmienionej ekspresji 1 dpi, spośród których 1430 genów ulegało podwyższonej, zaś 1327 genów obniżonej ekspresji. U wrażliwej linii B10 w punkcie

\* Badania zrealizowano w ramach programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej (zadanie 100 realizowane w latach 2015-2018) dotowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

czasowym 1 dpi jedynie 1648 genów ulegało zmienionej ekspresji, w tym 885 genów ulegało podwyższonej, zaś 763 obniżonej ekspresji. Wśród genów różnicujących badane linie 1 dpi były geny kodujące białka uczestniczące w biosyntezie i metabolizmie kwasu jasmonowego (JA), kwasu salicylowego (SA), kwasu abscysynowego (ABA) i etylenu. Zidentyfikowano także geny kodujące białka związane z patogenezą (PR), degradacją chlorofilu, programowaną śmiercią komórki i transportem cukrów. Zróżnicowaną ekspresję genów potwierdzono metodą RT-qPCR dla ponad 30 wytypowanych genów. Nie obserwowano znaczących różnic w liczbie genów ulegających zmienionej ekspresji pomiędzy badanymi liniami 3 dni po inokulacji — u linii Gy14 3143 geny ulegały zmienionej ekspresji zaś u linii B10 2992 geny. Uzyskane wyniki świadczą o dynamicznej transkryptomicznej odpowiedzi linii odpornej we wczesnym stadium rozwoju kanciastej plamistości i dostarczają nowej wiedzy na temat molekularnego podłoża przebiegu tej choroby u ogórka.

**EDYTA PACZOS-GRZĘDA**

**SYLWIA SOWA**

**ANETA KOROLUK**

**EWELINA MAREK**

**JOANNA TOPOROWSKA**

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

e-mail: sylwiasowa@up.lublin.pl

## Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową owsa\*

Rdza koronowa będąca skutkiem porażenia roślin przez *Puccinia coronata* Cda. f. sp. *avenae* P. Syd. & Syd. to jedna z najgroźniejszych chorób grzybowych owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) Obecnie zapobieganie porażeniu przez *P. coronata* opiera się głównie na stosowaniu chemicznych środków ochrony roślin, jednak stanowią one poważne zagrożenie dla środowiska naturalnego. Ponadto wysokie koszty fungicydów w porównaniu z niską ceną ziarna owsa czynią ten zabieg nieopłacalnym. Pożądaną alternatywą i najkorzystniejszym rozwiązaniem jest hodowla odpornościowa. Genetycznie warunkowana odporność sprzyja uzyskaniu wysokiego i stabilnego plonu, a także podnosi wartość ekologiczną rośliny, przez co jest obecnie jednym z ważniejszych celów hodowlanych owsa. Odporność ilościowa, warunkowana wieloma genami, zależna jest od korzystnego układu alleli zmieniającego się wskutek rekombinacji w kolejnych pokoleniach, dlatego w hodowli wykorzystuje się najczęściej pojedyncze geny główne. Odporność monogeniczna jest jednak stosunkowo nietrwała i łatwo przełamana przez stale ewoluujące populacje grzyba. Jednym ze sposobów zwiększenia trwałości i spektrum odporności opartej na genach głównych jest ich piramidyzacja, dlatego podjęto próbę kumulacji efektywnych genów odporności na rdzę koronową owsa (*Pc*).

Przeprowadzono krzyżowania w celu uzyskania mieszańców dwugenowych i trójgenowych pomiędzy formami owsa z pojedynczymi genami odporności. Geny te zostały wytypowane bazując na wynikach wieloletniej oceny efektywności 45 linii referencyjnych z genami odporności *Pc*, w stadium siewki, w warunkach laboratoryjnych, jak również w stadium rośliny dorosłej, w warunkach naturalnej infekcji polowej. Bazę krzyżówek stanowiła odmiana 'Celer' obecna w Krajowym Rejestrze od 2000 roku, która

---

\* Praca zrealizowana w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej finansowanych przez MRiRW „Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów”.



jest bardzo dobrze przystosowana do polskich warunków klimatycznych, charakteryzuje się wysoką plennością i szeregiem korzystnych cech agronomicznych. Ponadto badania własne potwierdziły, że odmiana ta zawiera w swoim genotypie gen *Pc39* zapewniając jej wysoki poziom odporności na rdzę koronową. Odmianę 'Celer' krzyżowano z liniami będącymi donorami genów *Pc60*, *Pc70* oraz *Pc51*.

Kolejnym etapem pracy będzie weryfikacja obecności wprowadzanych genów w powstałych mieszańcach. Ocena przeprowadzana zostanie z wykorzystaniem izolatów *P. coronata* o zdefiniowanych profilach wirulencji w testach fizjologicznych, jak również używając markerów molekularnych dla tych genów, które również opracowywane są w ramach niniejszego projektu.

**ELŻBIETA STARZYCKA-KORBAS**<sup>1</sup>

**MICHAŁ STARZYCKI**<sup>1</sup>

**GRZEGORZ BUDZIANOWSKI**<sup>2</sup>

**MICHAŁ STEFANOWICZ**<sup>2</sup>

**ROMUALD BILIŃSKI**<sup>3</sup>

**MIROŚŁAWA DABERT**<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu, ZGiHRO, Pracownia Metod Hodowli Odpornościowej

<sup>2</sup> Hodowla Roślin Strzelce, Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział Małyszyn

<sup>3</sup> Hodowla Roślin Smolice, Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział Bąków

<sup>4</sup> Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii, Wydziałowa Pracownia Technik Biologii Molekularnej

e-mail: m.starzycki@ihar.edu.pl

## Badania patogeniczności *Sclerotinia sclerotiorum* izolowanych z pojedynczych łodyg rzepaku, z zastosowaniem indykatora pH\*

*Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary jest sprawcą zgnilizny twardzikowej na roślinach rzepaku (*Brassica napus* L.). Patogen ten corocznie przyczynia się do znacznych strat w plonie na plantacjach *B. napus*. Przy dużym nasileniu *S. sclerotiorum* i sprzyjających warunkach meteorologicznych straty mogą sięgać nawet 100% (Purdy, 1979). Każdego roku w Samodzielnej Pracowni Stresów Środowiskowych Roślin Oleistych, Poznańskiego Oddziału IHAR — PIB, prowadzone są badania dotyczące patogeniczności występujących w Polsce izolatów *S. sclerotiorum*.

Celem pracy było przetestowanie zróżnicowania izolatów *S. sclerotiorum* pod względem zdolności do wytwarzania kwasu szczawiowego, uzyskanych ze sklerocjów występujących na tej samej roślinie.

Przed zbiorem rzepaku ozimego z pól doświadczalnych Bąkowa (województwo opolskie), Borowa (województwo wielkopolskie) i Małyszyna (województwo lubuskie) pobierano rośliny z objawami zgnilizny twardzikowej. Z trzech roślin rzepaku ozimego z Małyszyna, a także z dwóch roślin z Borowa i jednej z Bąkowa odczczepiono łącznie 28 izolatów *S. sclerotiorum*. Izolaty patogena pasażowano kilkakrotnie w celu uzyskania czystych kultur, a czystość gatunkową potwierdzono sekwencjonowaniem ITS1.

\* Praca została wykonana w ramach programu PW nr 3.8, Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Program Wieloletni nr 3.8, MRiRW/2017).

Następnie przenoszono fragment pożywki ze strzępkami danego izolatu na pożywkę PDA z dodatkiem indykatora kwasowości — zielenią bromokrezolową. Po 48 godzinach wzrostu grzybni mierzono średnice przebarwień powstałych pod wpływem wytwarzania mykotoksyny — kwasu szczawiowego, będącego wskaźnikiem chorobotwórczości (Hegedus i Rimmer, 2005). Doświadczenie prowadzono w trzech powtórzeniach.

Poziom wytwarzania kwasu szczawiowego nie był silnie zróżnicowany dla izolatów *S. sclerotiorum* pochodzących z tych samych roślin odszczepionych z Małyszyna i Borowa. Natomiast dwa izolaty patogena wyizolowane z rośliny rzepaku znajdującej się w Bąkowie znacznie różniły się od trzech pozostałych izolatów pod względem zdolności do wytwarzania kwasu szczawiowego. Można przypuszczać, że roślina *B. napus* z Bąkowa była porażona przez dwa odrębne izolaty *S. sclerotiorum*, charakteryzujące się różnym poziomem produkcji mykotoksyny.

MICHAŁ STARZYCKI<sup>1</sup>

ELŻBIETA STARZYCKA-KORBAS<sup>1</sup>

PIOTR KAMIŃSKI<sup>2</sup>

WOJCIECH RYBIŃSKI<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, Samodzielna Pracownia Stresów Środowiskowych Roślin Oleistych

<sup>2</sup> Instytut Ogrodnictwa, Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Pracownia Genetyki i Hodowli Roślin Warzywnych w Skierniewicach

<sup>3</sup> Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu  
e-mail: m.starzycki@ihar.edu.pl

## Plonowanie mieszańców międzygatunkowych z plemienia *Brassiceae* DC. i ich odporność na porażenie powodowane przez najgroźniejsze patogeny w 2018 roku \*

Badania nad odpornością na stesy biotyczne (choroby) roślin z plemienia *Brassiceae* otrzymanych z krzyżowań międzygatunkowych *in vitro*, zmierzają w kierunku wytwarzania roślin rzepaku zróżnicowanych genetycznie pod względem wyższego plonowania oraz odporności na ważne gospodarczo patogeny. Niewiele publikacji dotyczy odporności *B. napus* i gatunków pokrewnych na porażenie powodowane przez *Alternaria*. Więcej doniesień związanych jest z odpornością rzepaku na porażenie przez patogeniczne grzyby z rodzaju *Leptosphaeria* sp. Pośrednio wspomniana odporność kojarzona bywa z wyższym poziomem związków polifenolowych, grubszą warstwą epikutikularną oraz większą warstwą wosków na blaszce liściowej. Często ze względu na charakter mieszańcowy otrzymanych roślin z różnych gatunków, poziom ich plonowania jest niższy. Dopiero poprzez krzyżowanie wypierające cechę tę można ulepszyć. Głównym celem pracy było wykazanie wyższego plonowania i podwyższonej odporności na patogeny z rodzaju *Alternaria* sp. oraz *Leptosphaeria* sp. w nowych rodach rzepaku otrzymanych z mieszańców międzygatunkowych z plemienia *Brassiceae*. Do badań wykorzystano gatunki podstawowe: kapustę *B. oleracea* var. *gemmifera* 2n = 18 (CC), kapustę *B. oleracea* var. *acephala* 2n = 18 (CC), jarmuż *B. oleracea* var. *acephala*

\* Praca została wykonana w ramach programu PBwPR nr 49, Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (PBwPR nr 49, MRiRW/2018)

*subvar. lacinista*  $2n = 18$  (CC) oraz rzepak *B. campestris* o liczbie chromosomów  $2n = 20$  (AA). Aby otrzymać rzepak z cytoplazmą kapusty, do krzyżowań wypierających użyto *B. napus*, a także otrzymane w ubiegłych latach wybrane odporne mieszańce międzygatunkowe z cytoplazmą: *B. oleracea* i *B. campestris* oraz mieszańce z cytoplazmą rzepaku *B. napus* (AACC). Badano odporność pod względem chorób (*Leptosphaeria* sp. oraz *Alternaria* sp.) u form donorowych z plemienia *Brassicae*. Prace te wykonano w warunkach polowych. Kontrolowano także poziom plonowania, który był wyższy u form z *B. taurica* (2018). Dla wszystkich badanych obiektów wyliczano indeks porażenia (IP) prowadząc obserwacje 40 roślin w 1 powtórzeniu (najczęściej 4 powtórzenia, 120 roślin). Przyjęto trójstopniową skalę oceny odporności (0 — brak porażenia, 1 — średnie, 2 — silne porażenie). Poza badaniami polowymi, użyto test Williamsa dla stwierdzenia odporności wybranych genotypów w stadium siewki na patogeny z rodzaju *Leptosphaeria* sp. i *Alternaria* sp. Po badaniach, potwierdzono wcześniej obserwowane zależności dotyczące dominujących genów „R” występujących u roślin *B. taurica* oraz *B. oleracea* jarmuż na patogeny: *Leptosphaeria* sp. oraz *Alternaria* sp. Również na wybranych obiektach wykonano analizy GC selekcjonując genotypy o zmniejszonym udziale związków antyżywnieniowych z przeznaczeniem do dalszych prac hodowlanych.

LAURENCJA SZALA<sup>1</sup>  
TERESA CEGIELSKA-TARAS<sup>1</sup>  
ALEKSANDER SIGER<sup>2</sup>  
MAŁGORZATA NOGAŁA-KAŁUCKA<sup>2</sup>  
KATARZYNA SOSNOWSKA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,  
Oddział w Poznaniu, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, Katedra Biochemii i Analizy  
Żywności, Poznań

e-mail: lszala@nico.ihar.poznan.pl

## Nasiona mieszańców testowych *Brassica napus* L. z udziałem rzepaku resyntetyzowanego jako źródło tłuszczu i związków witamino-E aktywnych \*

Tokoferole (-T) i plastochromanol-8 (PC-8), będące formami witaminy E, są naturalnymi fenolowymi antyoksydantami, które odgrywają ważną rolę jako inhibitory utleniania polienowych kwasów tłuszczowych, zarówno w organizmach żywych, jak i żywności. Tokochromanole dezaktywują wolne rodniki i są najważniejszymi inhibitorami nieenzymatycznej łańcuchowej reakcji utleniania lipidów. Oprócz działania przeciwutleniającego homologiczne tokoferole wykazują także szereg funkcji nieantyoksydacyjnych np.: hamowanie aktywności białkowej kinazy C, co pośrednio wpływa hamująco na takie procesy jak: agregacja płytek krwi, produkcja NO przez komórki śródbłonna, produkcja nadtlenków przez neutrofile i makrofagi, a także powoduje osłabienie proliferacji komórek mięśni gładkich. Organizm ludzki nie syntetyzuje tokoferoli i muszą być one dostarczane wraz z dietą. Zalecana dzienna dawka witaminy E dla dorosłych wynosi 10 mg. Produkty najbogatsze w związki witamino-E aktywne to oleje roślinne, orzechy, pełne ziarna i kielki pszenicy. Produkty pochodzenia zwierzęcego charakteryzują się na ogół niewielką zawartością witaminy E.

Materiał do badań stanowiły mieszańce testowe powstałe w wyniku kombinacji krzyżówkowej pomiędzy liniami CMS-ogura i liniami restorerów wytworzonymi

---

\*Badania częściowo finansowane przez MRiRW w ramach Programu Wieloletniego 2015-2020 Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego, zadanie 2.7

z udziałem rzepaku resyntetyzowanego. Doświadczenie polowe przeprowadzono w sezonie 2017/2018. W otrzymanych nasionach analizowano zawartość tłuszczu oraz związków witaminy-E aktywnych (formy homologiczne tokoferoli i plastochromanol-8). Spektrofotometrię w bliskiej podczerwieni (NIR) zastosowano do oznaczenia tłuszczu, natomiast tokochromanole analizowano wykorzystując chromatografię ciekową z detekcją fluorymetryczną w normalnym układzie faz.

Zawartość tłuszczu w nasionach badanych mieszańców wynosiła od 45,2 do 48,9% i była porównywalna do jego zawartości w nasionach odmian kontrolnych: Ilona (47,3%) i Architect (49,4%). Stwierdzono, że skład jakościowy alfa-, beta-, gamma i delta-tokoferoli był typowy dla nasion rzepaku. Dominowały dwa homologi tokoferoli: alfa-T oraz gamma-T, których udział procentowy wynosił 95–99%. Pozostałe dwa homologi beta-T oraz delta-T występowały w ilościach nie przekraczających 2 mg/100g s.m. Sumaryczna zawartość tokoferoli w badanych nasionach mieszańców wahała się od 34,81 do 40,55 mg/100g s.m. Nasiona odmian kontrolnych charakteryzowały się ich niższą zawartością i wynosiły 34,02 mg/100g s.m. oraz 36,37 mg/100g s.m. odpowiednio dla odmian Ilona i Architect. Zawartość PC-8 w nasionach mieszańców zawierała się w przedziale od 3,88 do 4,74 mg/100g s.m. i była podobna jak w nasionach odmian kontrolnych.

Otrzymane wyniki wskazują na możliwość wykorzystania w hodowli mieszańcowej linii restorerów wytworzonych z udziałem rzepaku resyntetyzowanego. Zawartość głównych lipofilnych przeciwutleniaczy w oleju nasion mieszańców F<sub>1</sub> utworzonych z udziałem linii RS była typowa jak dla oleju otrzymywanego z nasion rzepaku naturalnego.

**PIOTR SZULC**<sup>1</sup>**GWIDON TRATWAŁ**<sup>2</sup>**JAN BOCIANOWSKI**<sup>3</sup>**ZBIGNIEW PODKÓWKA**<sup>4</sup>**WERONIKA BALDYS**<sup>5</sup><sup>1</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii<sup>2</sup> Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Słupi Wielkiej, Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Kościelnej Wsi<sup>3</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych<sup>4</sup> Katedra Nauk o Zwierzętach, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy<sup>5</sup> Team-Rol Sp. z.o.o: Pyrzyce

e-mail: sdookoscielnawies@op.pl

## Wpływ terminu siewu kukurydzy na skład chemiczny oraz wartość pokarmową ziarna odmiany Pyroxenia

Wczesny wigor kukurydzy umożliwia szybszy rozwój rośliny, co wiąże się z lepszym wykorzystaniem wiosennych zasobów wody, a z nią składników pokarmowych. Odmiany kukurydzy o bardzo niskim FAO są hodowane do uprawy na ziarno i kiszonkę w krajach Europy Północnej, tj. Wielkiej Brytanii, Belgii, Holandii, Szwecji, Danii, na Białorusi, Litwie czy Estonii. Celem przeprowadzonych badań polowych było określenie wpływu terminu siewu na skład chemiczny oraz wartość pokarmową ziarna kukurydzy odmiany Pyroxenia.

Badania polowe przeprowadzono w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Słupi Wielkiej, Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Kościelnej Wsi. Kukurydzę w roku 2016 zasiano w następujących terminach: 12 IV, 26 IV, 10 V, 24 V, 7 VI i 21 VI. Gleba pola doświadczalnego charakteryzowała się następującymi parametrami: pH oznaczone w KCl 6,1; fosfor 11,3 mg/100g gleby; potas 16,7 mg/100g gleby; magnez 5,7 mg/100g gleby, klasa bonitacyjna IIIb. Nawożenie mineralne stosowano w następującej ilości: 130 kg N/ha, 50 kg P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>/ha, 80 kg K<sub>2</sub>O/ha. Chwasty zwalczano po siewie kukurydzy preparatem Lumax557, 5SE w ilości 4,0 l/ha. W badaniach analizowano trzynaście cech ziarna kukurydzy tzn. zawartość suchej masy, popiołu surowego, białka ogólnego, tłuszczu surowego, włókna surowego, BNW, NDF, ADF, skrobi, cukru, energii metabolicznej dla trzody, energii metabolicznej dla drobiu oraz energii netto laktacji.



Jednoczynnikowa analiza wariancji została przeprowadzona w celu weryfikacji hipotezy o braku wpływu terminu siewu na wartości obserwowanych cech. Termin siewu w istotny sposób determinował następujące cechy: zawartość suchej masy, białka ogólnego oraz energię metaboliczną dla drobiu. Największą średnią suchą masę zaobserwowano w terminie siewu przeprowadzonym w 24 V, a najmniejszą dnia 21 VI. Największą średnią zawartość białka ogólnego w ziarnie otrzymano przy siewie przeprowadzonym 21.VI, a najmniejszą 26 IV. Najmniejszą średnią energię metaboliczną dla drobiu otrzymano przy siewie wykonanym 21 VI, a największą w dniu 7 VI.

**MAGDALENA ŚWIĘCICKA**  
**EWA SIEDLECKA**  
**BEATA BAKERA**  
**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA**

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie  
e-mail: magdalena\_swiecicka@sggw.pl

## Analiza ekspresji żytnich ortologów genów *Lr* w siewkach inokulowanych *Puccinia recondita* f.sp. *secalis*

Rdza brunatna wywoływana przez grzyb *Puccinia recondita* f. sp. *secalis* jest groźną chorobą żyta powodującą straty w ogólnej masie plonu i wartości odżywczej ziarna. Mimo wieloletnich prac nad podłożem genetycznym odporności żyta na rdzę brunatną nie udało się wyizolować genów odporności, a jedynie zmapowano 5 z nich.

Celem niniejszej pracy była identyfikacja żytnich ortologów pszenicznych genów *Lr* związanych z odpornością na rdzę brunatną.

Po przyrównaniu sekwencji nukleotydowych genów *Lr1* (EF439840), *Lr21* (FJ876280) oraz *Lr67* (KR604817) do genomu żyta (GCA\_900079665 z ostatnią aktualizacją datowaną na 2017/02/07), za pomocą programu megablast w bazie NCBI, znaleziono kontigi, które charakteryzowały się wysokim pokryciem (Q) i poziomem identyczności (I) w stosunku do badanych genów. Dalsze analizy sekwencji wybranych kontigów za pomocą programów Clustal Omega oraz FGENESH-2 potwierdziły lokalizację żytnich ortologów genów *Lr* przy Q wynoszącym od 59 do 92%, I od 73 do 99% oraz E-value o wartości 0.0 na poziomie sekwencji aminokwasowej. Wykonano analizę ekspresyjną genów *Lr1*, *Lr21* i *Lr67* u żyta. Jako matrycę w reakcji RT-qPCR zastosowano cDNA żyta linii L318, z czterech punktów czasowych po inokulacji zarodnikami *Puccinia recondita* f. sp. *secalis*: 8 h, 17 h, 24 h, 48 h. Po upływie 8 h od inokulacji, poziom ekspresji genu *Lr1* był niższy w porównaniu do poziomu ekspresji genu aktyny, który użyto jako gen referencyjny. W kolejnych punktach czasowych poziom ekspresji genu *Lr1* był statystycznie wyższy w siewkach roślin porażonych w porównaniu do roślin kontrolnych. Przeprowadzona analiza ekspresyjna wykazała znaczący wzrost poziomu ekspresji w czasie trwania infekcji tylko dla genu *Lr1*, co sugeruje jego znaczenie w odpowiedzi na porażenie rdzą brunatną. Porażenie rdzą brunatną nie wpłynęło na zmianę poziomu ekspresji pozostałych genów.



**BEATA TATAROWSKA**

**BOGDAN FLIS**

**IWONA WASILEWICZ-FLIS**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,  
Oddział w Młochowie, Pracownia Metodyki Hodowli, ul. Platanowa 19; 05-831 Młochów  
e-mail: b.tatarowska@ihar.edu.pl

## Ocena wpływu różnych źródeł zmienności na reakcję odpornościową rodów ziemniaka mających w swym pochodzeniu odporność na PVM pochodzącą z dzikiego gatunku *Solanum megistacrolobum*

Wirus M ziemniaka (*Potato virus M*, PVM) jest szeroko rozpowszechniony na świecie, jednakże największe straty w plonach ziemniaka powoduje w Europie Wschodniej i Południowo Wschodniej. W Polsce występowanie PVM stwierdzono po raz pierwszy w 1959 roku i obecnie notuje się jego systematyczny wzrost. Uprawa odmian ziemniaka o niskiej odporności na te wirusy nastęrcza wiele trudności w produkcji nasiennej (Kostiw i Robak, 2010). Na rynku brakuje form niosących wysoki poziom odporności na PVM. Straty w plonie bulw powodowane przez PVM mogą wynosić od 0 do 30%, a w skrajnych przypadkach nawet 75% (Kostiw, 2011). Infekcyjność tego wirusa jest zależna od wielu czynników, zwłaszcza od temperatury, która wpływa na namnażanie wirusa i jego wykrywalność (Miętkiewska, 1999). Namnażanie wirusa w roślinie i jego przemieszczanie jest także modyfikowane przez wilgotność gleby (Szwichtenberg, 1982). Dużą zmienność obserwuje się również w infekcyjności samych izolatów oraz zdolności do wywoływania różnego rodzaju objawów na zainfekowanych roślinach (Chrzanowska i in., 2011). W Polskiej hodowli odpornościowej wykorzystywany jest gen *Rm* z dzikiego gatunku *Solanum megistacrolobum*, warunkujący odporność związaną z reakcją nadwrażliwości, która ujawnia się jedynie w obecności dotąd niepoznanych dodatkowych czynników genetycznych (Miętkiewska, 1999). Do oceny odporności na PVM stosowana jest metoda sztucznej inokulacji mechanicznej i inokulacji przez szczepienie (Wasilewicz-Flis, 2001). Gen *Rm* z dzikiego gatunku *S. megistacrolobum* warunkujący odporność na PVM został zlokalizowany na chromosomie XI (Marczewski i in., 2006). Nadal jednak wyróżnianie form odpornych na PVM jest

trudne z powodu bardzo zmiennej reakcji roślin, na którą wpływają zarówno czynniki środowiskowe i genetyczne. Reakcja roślin z genem *Rm* na nowe szczepy wirusa M nie jest do końca scharakteryzowana. W efekcie działania i nakładania się czynników środowiskowych i genetycznych frekwencja form odpornych na PVM jest znacznie niższa od spodziewanej w przypadku cechy warunkowanej pojedynczymi genami dominującymi. Obecnie w Krajowym Rejestrze Odmian występują jedynie trzy odmiany ziemniaka odporne na PVM (odporność — 8 *Rm*).

Celem badań była ocena wpływu kilku źródeł zmienności (miedzy innymi genotypu, szczepu wirusa i temperatury inkubacji) na poziom odporności rodów tetraploidalnych na PVM ocenianych w zakażeniu mechanicznym roślin i po szczepieniu. Ocena zawartości wirusa w tkankach roślinnych przeprowadzona została tradycyjną metodą Elisa i metodą PCR w czasie rzeczywistym. Prezentowane wyniki obejmują dane z lat 2017 (ocena porażenia pierwotnego) i 2018 (ocena porażenia wtórnego). Do badań szczegółowych wytypowano grupę 12 rodów tetraploidalnych wyselekcjonowanych z 4 populacji, gdzie źródłem odporności na wirus M ziemniaka było *S. megistacrolobum*. Doświadczenie obejmowało 8 różnych wariantów. Rośliny zakażano dwoma izolatami PVM (M-55a oraz M-U) oraz stosowano dwie temperatury inkubacji roślin po inokulacji wirusem (20°C i 28°C).

Po zakażeniu mechanicznym rodów z populacji z segregującym genem *Rm*, tylko na rodzie M-IV-141 wystąpiły objawy fenotypowe (mozaiki, pofałdowania liści, skarlenia). Na pozostałych ocenianych rodach i odmianach wzorcowych nie obserwowano żadnych objawów fenotypowych. Większą ekspresję objawów obserwowano na rodach poddanych zakażeniu poprzez szczepienie. Objawy w postaci silnych mozaiek, nekroz, zwijania liści, zamierania roślin, drobnych punktowych nekroz były obserwowane na roślinach, u których obecność wirusa została później potwierdzona w testach Elisa oraz metodą PCR w czasie rzeczywistym. Na rodach u których nie stwierdzono obecności wirusa po szczepieniu, we wszystkich wariantach doświadczenia obserwowano drobne punktowe nekrozy i top nekrozy związane z reakcją HR.

Zaobserwowano istotny wpływ warunków środowiskowych na namnażanie się wirusa w roślinie, zarówno po zakażeniu mechanicznym jak i po szczepieniu. W rodach inkubowanych w 20°C uzyskiwano wyższą koncentrację wirusa, niż u roślin z 28°C. Dla rodów podatnych wyższe wartości A405 oraz wyższe zawartości wirusa mierzone metodą Real Time PCR, we wszystkich ośmiu wariantach doświadczenia, uzyskiwano w temp. 20°C. Wielkość różnic pomiędzy wynikami uzyskiwanymi z 20°C i 28°C zależała od genotypu. Rody należące do populacji III zareagowały odmiennie na zastosowane temperatury inkubacji. W temperaturze 20°C wirus był wykrywany, natomiast w 28°C wirus nie był w ogóle namnażany.

W trakcie dwuletnich badań nie obserwowano natomiast wpływu szczepu wirusa na porażenie, zarówno po zakażeniu mechanicznym jak i po szczepieniu. Uzyskane wyniki pokazują, że odporność ta jest odpornością niespecyficzną (nie zależy od szczepu wirusa), co jest zgodne z wcześniejszymi doniesieniami Miętkiewskiej (1999) oraz Kowalskiej (1981). W doświadczeniu nie stwierdzono wpływu temperatury na reakcję nadwrażliwości HR. W obu temperaturach obserwowano na rodach odpornych i odpornej odmianie wzorcowej objawy związane z reakcją nekrotyzacji. Wyjątek stanowił ród M-

VI-114, dla którego w żadnym z wariantów doświadczenia nie obserwowano reakcji HR. Podobne wyniki dotyczące wpływu temperatury na reakcję HR w odmianie Romula zakażanej wirusem PVY<sup>N-Wi</sup> zaobserwowała Szajko i in. (2014).

Po przeprowadzeniu oceny porażenia wtórnego w roku 2018 oceniane rody i odmiany wzorcowe potwierdziły poziom odporności lub podatności na wirusa M ziemniaka z roku poprzedniego. Do grupy wysoko odpornych rodów zaliczono następujące genotypy: M-VI-1, M-V-48, M-VI-114. Odmiany wzorcowe Gustaw i Kuba zareagowały adekwatnie do przypisanego im poziomu odporności w katalogu.

#### LITERATURA

- Chrzanowska M., Michalak K., Zagórska H., Szajko K. 2011. Reakcja na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku. Biul. IHAR 260/261: 309 — 323.
- Kostiw M., Robak B. 2010. Presja wirusów Y, M, S i liściozwoju ziemniaka w latach 2006–2008 w Boninie. Biul. IHAR 256: 141 — 151.
- Kostiw M. 2011. Ocena zagrożenia plantacji nasiennych ziemniaka przez choroby wirusowe. Wieś Jutra 150/151: 27 — 29.
- Kowalska A. 1981. Zmienność wirusów M I S ziemniaka. Rozprawa habilitacyjna. Inst. Ziem. ZGiSMW, Młochów.
- Marczewski W., Strzelczyk-Żyta D., Hennig J., Witek K., Gebhardt C. 2006. Potato chromosomes IX and XI carry genes for resistance to potato virus M. Theor Appl Genet 112: 1232 — 1238.
- Miętkiewska E. 1999. Współdziałanie dwóch typów odporności na wirus M ziemniaka (PVM), pochodzący od *Solanum gourlayi* i *S. megistacrolobum* w ziemniakach tetraploidalnych. Biul. IHAR 209: 125 — 135.
- Szajko K., Strzelczyk-Żyta D., Marczewski W. 2014. *Ny-1* and *Ny-2* genes conferring hypersensitive response to potato virus Y (PVY) in cultivated potatoes: mapping and marker-assisted selection validation for PVY resistance in potato breeding. Molecular Breeding 34 (1): 267 — 271.
- Szwichtenberg Z. 1982. Ocena wpływu różnych poziomów wilgotności podłoża na porażenie ziemniaków wirusem M w doświadczeniach wazonowych. Praca doktorska. Inst. Ziemn. Bonin.
- Wasilewicz-Flis I. 2001. Selekcja rodów hodowlanych odpornych na wirus M ziemniaka (PVM), w których odporność determinowana jest genami *Gm* i *Rm*. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, IHAR Monografie i Rozprawy Naukowe 10/2001: 49 — 51.



ANNA TRATWAL<sup>1</sup>

PAWEŁ DOPIERAŁA<sup>2</sup>

GWIDON TRATWAL<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Ochrony Roślin — Państwowy Instytut Badawczy ul. Wł. Węgorka 20, 60-318 Poznań

<sup>2</sup> KWS Lochow Polska Sp. z o.o., Kondratowice, ul. Słowiańska 5, 57-150 Prusy

<sup>3</sup> Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Słupi Wielkiej, Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Kościelnej Wsi

e-mail: a.tratwal@iorpib.poznan.pl

## Zwiększenie odporności żyta na rdzę źdźbłową przy wykorzystaniu genetycznych i molekularnych narzędzi

Badania realizowane w ramach projektu „Zwiększenie odporności żyta na rdzę źdźbłową przy wykorzystaniu genetycznych i molekularnych narzędzi” finansowanego przez NCBIR, inicjatywa CORNET 191 th.

Żyto ozime (*Secale cereale* L.) odgrywa ważną rolę w programach hodowlanych niemieckich i polskich spółek i przedsiębiorstw hodowlanych. Jedną z najgroźniejszych chorób porażających żyto jest rdza źdźbłowa (*Puccinia graminis* f. sp. *secalis*). Powoduje ona straty w plonie wynoszące w zależności od roku i regionu od 10 do 50%. Ochrona żyta przed rdzą źdźbłową polega przede wszystkim na wykorzystaniu odmian odpornych oraz zastosowaniu zabiegów fungicydowych. Patogen do rozwoju potrzebuje wyższych temperatur (25–30°C w ciągu dnia i 15–20°C w nocy), a objawy porażenia chorobą widoczne są w późniejszych fazach rozwojowych żyta. W związku z tym nie jest możliwe równoczesne zwalczanie chemiczne rdzy brunatnej i źdźbłowej, natomiast wykonanie dodatkowych zabiegów połączone jest ze znacznym wzrostem kosztów produkcji.

Celem badań jest opracowanie molekularnych i genetycznych metod pozwalających na efektywne i szybkie wprowadzenie nowych, trwałych genów odporności na rdzę źdźbłową.

Doświadczenia zlokalizowane były w dwóch miejscowościach (ZDOO Kościelna Wieś i Zakład Hodowli Roślin Danko w Laskach). Do badań wykorzystano zestawy obiektów złożonych z odmian, populacji samoniezgodnych, linii wsobnych i populacji segregujących.





**ANNA TROJAK-GOLUCH**<sup>1</sup>  
**GRAŻYNA KORBECKA-GLINKA**<sup>1</sup>  
**TERESA DOROSZEWSKA**<sup>1</sup>  
**SIMON GOEPFERT**<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa — Państwowy Instytut Badawczy, Puławy

<sup>2</sup>PMI R&D Philip Morris Products S.A., Quai Jeanrenaud 5, Ch-2000 Neuchâtel, Switzerland

e-mail: anngol@iung.pulawy.pl

## Stopień deformacji morfologicznych w liniach hodowlanych tytoniu z introgresją od *N. alata* warunkującą odporność na TSWV

Wirus brązowej plamistości pomidora (TSWV) stanowi poważny problem w uprawie tytoniu w strefie klimatu umiarkowanego. Przeniesienie genu odporności *RTSW-al* z *Nicotiana alata* do genomu *N. tabacum* i uzyskanie odmian typu Virginia jest trudne z powodu sprzężenia czynnika odporności z występowaniem deformacji morfologicznych roślin. Tworzenie form homozygotycznych na drodze androgenyzy oraz selekcja genotypów odpornych poprzez detekcję markerów SCAR związanych z odpornością na TSWV pozwoliły na uzyskanie linii DH3 i DH6 z introgresją czynnika odporności (Trojak-Goluch i in., 2016). Dalszy proces hodowlany obejmujący krzyżowanie linii DH z wysokiej jakości odmianą WAC 121D7 umożliwił uzyskanie mieszańców F<sub>1</sub> (DH3 × WAC 121D7, DH6 WAC121D7), a następnie pokolenia F<sub>2</sub>. Startery PCR specyficzne dla sekwencji *N. alata* i *N. tabacum* (zlokalizowane w regionie chromosomowym, w którym introgresja od *N. alata* może występować w roślinach eksperymentalnych) zastosowano w celu rozróżnienia dwóch typów homozygot: ALA/ALA — z introgresją, TOB/TOB — bez introgresji oraz heterozygot ALA/TOB w populacji F<sub>2</sub>.

Celem badań było porównanie stopnia deformacji morfologicznych w obydwu liniach DH oraz populacjach mieszańcowych F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub>. W przypadku linii rodzicielskiej DH3 oraz mieszańców F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub> uzyskanych z tej linii udział roślin z deformacjami wynosił odpowiednio 53,3; 90,0 oraz 55,0%. Z kolei w przypadku linii DH6 i jej potomstwa F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub> udział roślin z deformacjami osiągnął odpowiednio 43,3; 73,3 i 33,7%. Frekwencja roślin z deformacjami wśród homozygot ALA/ALA z pokolenia F<sub>2</sub> uzyskanego z mieszańców DH6 × WAC121D7 wyniosła 30,0% i była zdecydowanie niższa od obserwowanej (59,8%) wśród homozygot ALA/ALA z F<sub>2</sub> pochodzącego z mieszańców DH3 × WAC121D7. Uzyskane wyniki wskazują, że pokolenie mieszańcowe F<sub>2</sub>

otrzymane z linii matecznej DH6 stanowi lepszy materiał hodowlany niż populacja F<sub>2</sub> uzyskana z linii DH3.

#### LITERATURA

Trojak-Goluch A., Laskowska D., Kurska K. 2016. Morphological and chemical characteristics of doubled haploids of flue-cured tobacco combining resistance to *Thielaviopsis basicola* and TSWV. *Breeding Science* 66: 293 — 299.

**MAGDALENA WALKOWIAK**  
**STANISŁAW SPASIBIONEK**  
**KRYSTYNA KRÓTKA**  
**TERESA PIĘTKA**  
**KRZYSZTOF MICHALSKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu  
e-mail: magda@nico.ihar.poznan.pl

## Analiza genetycznego uwarunkowania cech ilościowych i jakościowych genotypów rzepaku ozimego\*

Dla ulepszenia wartości gospodarczej otrzymanych linii o pożądanych cechach tj. podwyższonej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolowego i linolenowego, obniżonej zawartości glukozyolanów oraz podwyższonej zawartości tłuszczu w nasionach konieczna jest wiedza na temat ekspresji genów cech ilościowych. Aby precyzyjnie określić determinację genetyczną do badań wybrano linie rzepaku ozimego o znacznym zróżnicowaniu tych cech. Krzyżowania przeprowadzono w układzie diallelicznym pełnym w celu połączenia sześciu linii z wysoką zawartością kwasu oleinowego (80,0%) i niską zawartością kwasu linolenowego (2,8%), wysoką zawartością tłuszczu (53,6%) i niską zawartością glukozyolanów alkenowych ( $0,2\mu\text{M}\cdot\text{g}^{-1}$  nasion). Do badań wykorzystano również odmianę Monolit o typowym dla odmian rzepaku ozimego składzie kwasów tłuszczowych. Z wykonanych 108 krzyżowań w układzie 6x6 uzyskano 30 mieszańców  $F_1$ . W 2017 roku przeprowadzono doświadczenie polowe z 30 rekombinantami pokolenia  $F_1$  oraz 6 liniami rodzicielskimi celem dokonania szczegółowej charakterystyki genetycznej. Wykonana według metody Griffinga analiza wariancji diallelicznego układu krzyżowań dla zawartości kwasu oleinowego, linolowego i linolenowego oraz dla zawartości glukozyolanów wykazała istotne zróżnicowanie efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla mieszańców pokolenia  $F_2$  dla wszystkich badanych cech. Istotne zróżnicowanie specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) oraz istotne efekty dla krzyżowań odwrotnych stwierdzono tylko dla zawartości sumy wszystkich glukozyolanów oraz sumy glukozyolanów alkenowych. Linie rodzicielskie (Polka typ HO, 342/6i typ HOLL) o wysokiej dodatniej wartości GCA dla

\* Badania finansowane przez MRiRW w ramach: Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej, Zadanie 53: „Wykorzystanie nowej puli genowej dla uzyskania form rzepaku ozimego o zmienionych cechach jakościowych”

kwasy oleinowego i ujemnej wartości GCA dla kwasu linolowego odpowiednio zwiększały zawartość kwasu oleinowego i obniżały zawartość kwasu linolowego w oleju z nasion mieszańców. Natomiast mutant (M681 typu LL) oraz linia (342/6i typ HOLL) o wysokiej ujemnej wartości GCA dla kwasu linolenowego wpływały na znaczne obniżenie zawartości tego kwasu. Na podkreślenie zasługuje również linia rodzicielska (565 typ NGLS) o wysokiej ujemnej wartości GCA dla zawartości sumy wszystkich glukozynolanów oraz sumy glukozynolanów alkenowych, która decydowała o znacznym obniżeniu tych związków. Tylko nieliczne mieszańce wykazywały istotne efekty SCA. Korzystne ujemne efekty dla cechy niskiej zawartości glukozynolanów (pożądane ze względu na szersze wykorzystanie nasion jak i pozyskiwane z nich po odolejeniu śruty lub wycieków jako wartościowej paszy wysokobiałkowej) odnotowano w czterech kombinacjach krzyżowań. W pozostałych przypadkach wartości SCA były nieistotne statystycznie. Analiza wariancji dla zawartości kwasów: oleinowego, linolowego i linolenowego oraz dla zawartości sumy wszystkich glukozynolanów oraz sumy glukozynolanów alkenowych wykazała, że addytywne działanie genów było istotne dla wszystkich badanych cech. Wykazano również, że istotna dominacja genów wystąpiła tylko dla sumy wszystkich glukozynolanów oraz sumy glukozynolanów alkenowych. Potwierdzono istotność asymetrii w rozkładzie alleli genów determinujących zawartość glukozynolanów.

KATARZYNA WIELGUSZ <sup>1</sup>

MARCIN PRACZYK <sup>1</sup>

MAGDALENA WALKOWIAK <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu  
e-mail: katarzyna.wielgusz@iwnirz.pl

## Badania wstępne nad oceną odporności na fuzariozę wybranych linii lnu oleistego

Len jest rośliną, której uprawy w warunkach klimatycznych Polski bardzo często są porażane przez fuzariozę. Choroba ta, powodowana przez grzyby z rodzaju *Fusarium*, może występować we wszystkich stadiach rozwojowych lnu, przyczyniając się do strat w plonach oraz obniżając ich jakość. Według istniejących badań, odmiany brązowo nasienne są bardziej odporne na tę chorobę w porównaniu z odmianami żółto nasiennymi, na które obecnie jest dużo większe zapotrzebowanie wśród konsumentów.

Przeprowadzone doświadczenia oceny odporności na fuzariozę pozwolą na wybranie linii perspektywicznych do wyhodowania nowych odmian lnu oleistego o wysokiej wartości gospodarczej, charakteryzujących się niską podatnością na choroby grzybowe. W doświadczeniu polowym przeprowadzono ocenę odporności 30 genotypów lnu oleistego, w tym 20 perspektywicznych linii i 10 odmian porównawczych. Ocenę prowadzono w doświadczeniu polowym na stałym polu prowokacyjnym tzw. "wiecznym polu" w Zakładzie Doświadczalnym IWNiRZ w Starym Sielcu, gdzie wysoki stopień porażenia wynika z wprowadzania do ziemi (od 30 lat) 5 gatunków *Fusarium* wyizolowanych z chorych roślin lnu oraz wysiewania rokrocznie lnu, co zapewnia występowanie porażenia roślin. Doświadczenia prowadzono metodą bloków losowanych w czterech powtórzeniach. Odporność każdej odmiany oceniano na podstawie zdrowotności 1000 roślin (4 × 250). Porażenie testowanych odmian oceniano podczas następujących stadiów rozwoju lnu: po wschodach, w stadium "jodełki" (6–12 cm wysokości), przed kwitnieniem oraz w stadium zielonej torebki. Liczono rośliny zdrowe i chore. Przyczynę choroby identyfikowano na podstawie analiz mikologicznych chorych roślin. Kryterium oceny odporności odmian była liczba zdrowych roślin w stadium zielonej torebki, w stosunku do przyjętego wzorca (odmiany kontrolne). Przeprowadzono również ocenę badanych genotypów pod względem wybranych cech ilościowych o istotnym znaczeniu gospodarczym oraz określono zdolność kiełkowania nasion.

**Słowa kluczowe:** len oleisty, fuzarioza lnu, odporność na choroby



**MAGDALENA WIŚNIEWSKA**<sup>1</sup>

**MARLENA GZOWSKA**<sup>1</sup>

**DANUTA BOROS**<sup>1</sup>

**JÓZEF ZYCH**<sup>2</sup>

**EDWARD S. GACEK**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych

<sup>2</sup> Zakład Badania i Oceny Wartości Gospodarczej Odmian, COBORU, Słupia Wielka  
e-mail: m.wisniewska@ihar.edu.pl

## Zawartość składników pokarmowych i substancji bioaktywnych w odmianach pszenicy ozimej uprawianych w siewie czystym i mieszankach trójskładnikowych\*

Uprawa mieszanek odmianowych bardzo dobrze wpisuje się w system rolnictwa zintegrowanego, zwłaszcza w zmiennych warunkach agro-klimatycznych. Mieszanki odmianowe, w odróżnieniu do siewów czystych, charakteryzują się lepszym wykorzystaniem zasobów środowiska, dzięki czemu wierniej plonują. Jednocześnie są mniej podatne na zachwaszczenie i bardziej odporne na choroby i szkodniki, co z kolei uwarunkowane jest większą bioróżnorodnością takich upraw. Dobierając odpowiednie odmiany do wysiewu w postaci mieszanek można w dużym stopniu kształtować zarówno wysokość plonowania, jak również wysoką jakość zdrowotną i użytkową zebranych płodów.

Celem badań była analiza zmian zawartości składników odżywczych i bioaktywnych w ziarnie mieszanek trójskładnikowych pszenicy ozimej w porównaniu do ich komponentów uprawianych w siewie czystym.

Badaniom poddano ziarno 7 odmian pszenicy ozimej z uprawy w siewie czystym oraz ich 35 kombinacji trójskładnikowych. Materiał pochodził z trzech SOO COBORU z roku 2017. W próbkach analitycznych, utworzonych z ziarna każdej odmiany i kombinacji z w/w miejscowości oznaczono zawartość składników odżywczych (SNC) oraz składników bioaktywnych, w postaci związków fenolowych ogółem (TPC), alkilorezorcynoli (AR)

---

\* Badania finansowane przez MRiRW w ramach Programu Wieloletniego IHAR-PIB na lata 2015–2020, zadanie 2.10.



oraz błonnika pokarmowego (TDF), stanowiącego sumę nieskrobiowych polisacharydów i ligniny. Oznaczono również lepkość wodnego ekstraktu ziarna (WEV), głównego wskaźnika właściwości funkcjonalnych ziarna zbóż oraz ich przydatności do żywienia zwierząt.

Stwierdzono małe zróżnicowanie zawartości składników odżywczych i bioaktywnych w ziarnie pszenicy, niezależnie od sposobu jej uprawy. Średnia ilość SNC w ziarnie monokultur wynosiła 79,5% s.m. (w zakresie 75,5–82,3% s.m.), zaś w mieszankach 78,7% s.m., z czego 34% mieszanek cechowało się wyższą zawartością sumy tych związków od średniej uzyskanej dla ziarna z siewu czystego. Udział głównych składników odżywczych, to znaczy białka i skrobi w ziarnie, w odpowiednio, 10 i 16 mieszankach odmianowych był wyższy od ich średnich zawartości uzyskanych w ziarnie z siewu czystego. Ilość TDF została oznaczona w zakresie 11,0–11,7% s.m. oraz 11,3–12,9% s.m., odpowiednio w ziarnie pszenicy uprawianej w siewie czystym i w mieszankach trójskładnikowych. Ziarno 24 mieszanek charakteryzowało się wyższą zawartością błonnika pokarmowego w porównaniu do średniej uzyskanej dla tego składnika w ziarnie monokultur. W przypadku alkilorezorcynoli i związków fenolowych, ich średnia zawartość w ziarnie pochodzącym z uprawy czystej wynosiła, odpowiednio: 610 mg GAE/g i 1,45 mg/kg.; wyższe wartości tych cech uzyskano w ziarnie 16 kombinacji mieszankowych pszenicy. Średnia lepkość wodnego ekstraktu ziarna z siewu czystego oraz mieszankowego była zbliżona i wynosiła, 1,45 mPa.s, przy czym ziarno 14 mieszanek odmianowych pszenicy cechowało się wyższą wartością WEV od otrzymanej średniej. Uzyskane wyniki badań pozwoliły na wyodrębnienie, spośród badanego zestawu odmian pszenicy ozimej, genotypów najbardziej odpowiednich do upraw mieszańcowych o wyróżniającej się wartości odżywczej i bioaktywnej.

**EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA**  
**JADWIGA ŚLIWKA**  
**MARTA BRYLIŃSKA**  
**SYLWESTER SOBKOWIAK**  
**RENATA LEBECKA**  
**KRYSTYNA MICHALAK**  
**ZHIMIN YIN**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,  
Oddział w Młochowie, Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka  
e-mail: e.zimnoch-guzowska@ihar.edu.pl

## Analiza zmian w populacjach ważniejszych patogenów ziemniaka dla potrzeb prowadzenia hodowli odpornościowej oraz produkcji\*

Monitorowanie występowania patogenów i obserwacja zmian patogeniczności populacji grzybów, wirusów i bakterii atakujących uprawy ziemniaka służy skutecznej hodowli odpornościowej ziemniaka. Badania prowadzone są w stosunku do patogenów o gospodarczym znaczeniu dla ziemniaka: *Phytophthora infestans*, wirusów PVY, TRV, PVM oraz bakterii *Pectobacterium* sp. i *Dickeya* sp. Dla części z nich chorobotwórczość izolatów jest oceniana na odmianach i nowych źródłach odporności. W niniejszym opracowaniu podsumowano efekty I i II etapu realizacji Zadania 3.1.1. Programu Wieloletniego IHAR — PIB.

Aktualne badania wskazują, że w polskiej populacji *P. infestans*:

1. występują rasy złożone, wirulentne w stosunku do wielu testerów,
2. typy kojarzeniowe A1 i A2 występują w niemal równych proporcjach, co umożliwia rozmnażanie płciowe patogenu, powstawanie oospor mogących zimować w glebie i generowanie zmienności patogenu przez rekombinację,
3. izolaty niewrażliwe i średnio wrażliwe na metalaksyl stanowią 28,5-40% badanej próby, co wskazuje, że środki ochrony z tą substancją aktywną mogą być nieskuteczne.

Badania populacji wirusa Y ziemniaka (PVY) w Polsce centralnej wskazują na przewagę izolatów serotypu PVY<sup>O</sup> (83%), nad izolatami serotypu PVY<sup>N</sup> (17%).

---

\* Praca została wykonana w ramach Zadania 3.1. celu 1 Programu Wieloletniego IHAR — PIB na lata 2015–2020.

Populacja PVY w Polsce jest zróżnicowana, występują w niej szczepy PVY<sup>O</sup>, PVY<sup>N</sup> (w tym PVY<sup>NTN</sup>, PVY<sup>N-Wi</sup>) i PVY<sup>E</sup>.

Wykryto wirusa kędzierzawki tytoniu (TRV) w 6/11 próbkach gleby spod uprawy ziemniaków z woj. wielkopolskiego i pomorskiego.

Wyróżniono cztery odmiany ziemniaka: Bogatka, Magnolia, Malaga, Bojar odporne na zakażenie PVM oraz odmianę Malaga, odporną na PVY<sup>N-Wi</sup> i PVY<sup>NTN</sup>.

Wyizolowano szczep *P. carotovorum* subsp. *brasiliense* charakteryzujący się wyższą agresywnością od wysokoagresywnego szczepu *Dickeya solani* (IFB0099).

Na podstawie dwuletniej oceny reakcji 37 odmian i rodów na zakażenie bulw przez *Dickeya solani* wyróżniono 4 odm. ulegające słabemu porażeniu: Honorata, Bellarosa, Agnes i Gawin.

**Kolekcja patogenów ziemniaka** Kolekcja *P. infestans* obecnie liczy 1040 izolatów w tym 973 polskich i 67 zagranicznych. 1115 izolatów jest przechowywanych w ciekłym azocie i 484 izolaty na skosach żytnio-agarowo-sacharozowych zabezpieczonych olejem parafinowym (kolekcja stała i robocza). W kolekcji wirusów jest 12 wirusów ziemniaka w postaci 263 obiektów w bulwach, 10 w roślinach *in vitro* i 352 obiektów w liofilizatach. Kolekcja bakterii pektynolitycznych ziemniaka obejmuje 70 izolatów, w tym po raz pierwszy 5 izolatów gatunku *P. carotovorum* subsp. *brasiliense*.

**GRZEGORZ ŻUREK**<sup>1</sup>  
**DANUTA MARTYNIAK**<sup>1</sup>  
**AGNIESZKA KASPRZYCKA**<sup>2</sup>  
**HANNA NOWAK**<sup>3</sup>  
**AGNIESZKA RACHWAŁSKA**<sup>1</sup>  
**KAMIL PROKOPIUK**<sup>1</sup>  
**MARTA POGRZEBA**<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

<sup>2</sup> Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

<sup>3</sup> PIONEER Polska

<sup>4</sup> Instytut Ekologii Terenów Przemysłowych, Katowice

e-mail: g.zurek@ihar.edu.pl

## Pozyskiwanie biogazu z uprawy traw wieloletnich na glebach o niskiej wartości rolniczej\*

Celem realizowanych prac było określenie przydatności biomasy traw wieloletnich uprawianych na gruntach nieprzydatnych do produkcji żywności do pozyskiwania biogazu. Doświadczenie założono na glebach ubogich w materię organiczną (Radzików, Grodkowice), o niskim pH (Niziny) oraz skażonych metalami ciężkimi (Siemianowice Śląskie). W lokalizacjach charakteryzujących się niską zawartością materii organicznej zastosowano przedsięwzięcie dodatek granulatu z pofermentu biogazowego (Radzików, Niziny) lub osad z oczyszczalni ścieków (Grodkowice). W lokalizacji o glebie skażonej metalami ciężkimi zastosowano stabilizator doglebowy w postaci mieszaniny frakcji odpadowej węgla brunatnego z wapnem, którego zadaniem jest ograniczanie pobierania metali ciężkich przez rosnące tam rośliny. W roku 2014 założono doświadczenia, wysiewając w poszczególnych punktach 4 odmiany traw wieloletnich oraz mieszanki traw (Niziny). W roku 2017 pobrano próby roślin na wszystkich stanowiskach badawczych i przeprowadzono analizę biogazodochodowości biomasy traw.

Nie stwierdzono istotnego wpływu nawożenia granulatem z pofermentu biogazowego (Radzików) na zróżnicowanie plonu biogazu badanych odmian traw. Zanotowano natomiast istotne zróżnicowanie pomiędzy badanymi odmianami. Najbardziej efektywną

---

\*Badania finansowane są ze środków MRiRW przeznaczonych na realizację zadania 2.11 w Programie Wieloletnim IHAR — PIB na lata 2015–2020.

odmianą do produkcji biogazu była odmiana Baronka życicy trwałej ( $4\,299\text{ m}^3\text{ CH}_4\cdot\text{ha}^{-1}$ ). Z kolei najmniejsze ilości biogazu uzyskano z biomasy odmiany Bamar perzu wydłużonego ( $3\,441\text{ m}^3\text{ CH}_4\cdot\text{ha}^{-1}$ ).

Stwierdzono, że najwyższa dawka osadu ściekowego (Grodkowice) powodowała istotnie najwyższą zawartość metanu w biogazie (50,1%). Bardzo wyraźny, choć nie zawsze udowodniony statystycznie był wpływ nawożenia na uzysk biogazu dla odmiany Bamar perzu wydłużonego. Plony biogazu i metanu w wariacie nawożonym dawką 10 t/ha osadu sięgały odpowiednio: 212 oraz 214% wartości uzyskiwanych przy uprawie bez nawożenia. Było to konsekwencją zwiększenia plonu suchej masy (o 78%) oraz ilości biogazu w 1 g s.m. (o 6%) w stosunku do wariantu nienawożonego.

Nie stwierdzono natomiast wpływu zastosowania stabilizatorów metali ciężkich (Siemianowice Śląskie) na ilość biogazu, jego plon oraz zawartość i plon metanu. Stwierdzono jedynie niewielki wpływ zastosowania stabilizatora (dawka wyższa) na dynamikę procesu wygazowywania substratu odmiany Barolex kostrzewy trzcinowej.

W doświadczeniu w Nizinach najwyższa produkcja biogazu ( $10\,542\text{ m}^3\cdot\text{ha}^{-1}$ ) oraz metanu ( $5\,271\text{ m}^3\text{ CH}_4\cdot\text{ha}^{-1}$ ) uzyskano z mieszanki odmiany Rahela kostrzewy trzcinowej z lucerną. Dla pozostałych badanych w tej lokalizacji obiektów stwierdzono wartości co najmniej o połowę niższe od podanych powyżej.

**TADEUSZ OLEKSIK**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
e-mail: t.oleksiak@ihar.edu.pl

## Polska hodowla roślin rolniczych na krajowym rynku nasiennym

Możliwość dalszego wzrostu plonów opartego na intensyfikacji agrotechniki są ograniczone, ze względów ekonomicznych i środowiskowych, i w przyszłości prawdopodobnie będą zależały bardziej od czynników biologicznych. Ważnym narzędziem zwiększania plonów będzie stosowanie wysokiej jakości nasion ulepszonych odmian, dobrze dostosowanych do lokalnych warunków. Nasiona muszą być dostępne po konkurencyjnych cenach zapewniających korzyści zarówno dla hodowców i producentów nasion jak również i dla użytkujących je rolników.

Aby tak się stało niezbędne jest prawidłowe funkcjonowanie krajowego rynku nasiennego i krajowej hodowli jako jej znaczącego elementu.

W pracy oceniono wpływ czynnika hodowlanego na wielkość produkcji zbóż. W tym celu zbadano wpływ nasion i efekty wykorzystania oficjalnych zaleceń odmianowych (opracowanych corocznie na podstawie oficjalnych wyników porejestrowych badań odmianowych) oraz przeprowadzono analizę łącznego wpływu tych czynników na plony.

Istotność różnic w plonowaniu w zależności od użytych nasion (kwalifikowanych lub niekwalifikowanych) i odmian (zalecanych lub niezalecanych do uprawy w danym regionie) w celu sprawdzenia przeprowadzono dwukierunkową analizę wariancji. Do oddzielenia grup jednorodnych zastosowano procedurę wielokrotnego porównania Bonferroni. Zbadano także zależność poziomu plonu od wieku użytych odmian (czas od uwolnienia odmiany do roku siewu).

Oceniono również stan i potencjał polskiego rynku nasiennego, czyli czynników rynkowych warunkujących możliwości rozwoju hodowli i nasiennictwa.

Przedstawiono jak zmieniała się wielkość i wartość produkcji nasion roślin rolniczych. Oceniono wartość oraz zmiany strukturalne polskiego rynku nasion w latach 2008-2017. Analizowano zmiany udziału polskich hodowli w krajowym rynku hodowlano nasiennym.

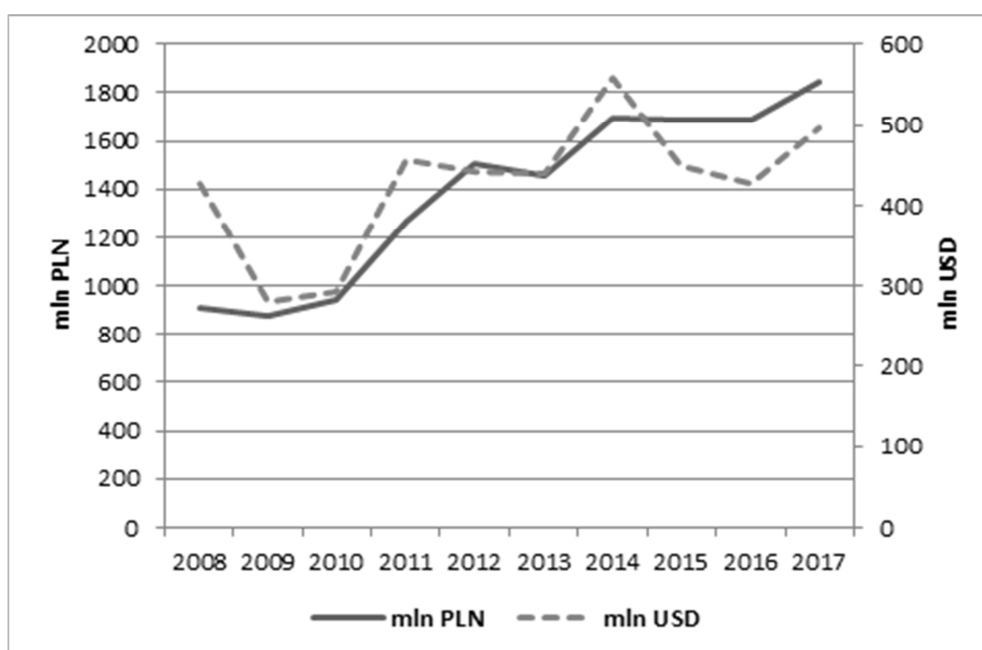
Materiał źródłowy stanowiły dane Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych dotyczące rejestracji i plonowania odmian w doświadczeniach Porejestracyjnego Doświadczalnictwa Odmianowego. Wykorzystano także dane

Państwowej Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa dotyczące wielkości produkcji i obrotu materiałem siewnym w analizowanym okresie. Plonowanie odmian w warunkach produkcyjnych oceniono na podstawie danych ankietowych z gospodarstw.

Badano jak zmieniła się podaż odmian na rynek, źródła pochodzenia odmian i koncentracja produkcji nasiennej.

O konkurencyjności odmian na rynku decyduje szereg czynników składających się na ich wartość gospodarczą: poziom plonowania, odporność odmian na stresy, wartość żywieniowa i technologiczna

Jako główny miernik konkurencyjności krajowej hodowli przyjęto udział kwalifikowanego materiału siewnego odmian w poszczególnych gatunkach.



Rys. 1. Wartość rynku nasion roślin rolniczych w Polsce

SEWERYN FRASIŃSKI<sup>1</sup>  
ELŻBIETA CZEMBOR<sup>1</sup>  
JUSTYNA LALAK-KAŃCZUGOWSKA<sup>2</sup>  
ŁUKASZ STEPIEŃ<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Traw, Roślin Motylkowatych i Energetycznych

Pracownia Traw Pastewnych i Roślin Motylkowatych

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk, Poznań

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

e-mail: s.frasinski@ihar.edu.pl

## Monitoring porażenia odmian kukurydzy pastewnej grzybami z rodzaju *Fusarium* spp. na terenie Polski w latach 2015–2017\*

W Polsce, powierzchnia uprawy w 2000 roku wynosiła 314 tys. ha, natomiast w roku 2017 ponad 1 150 tys. ha. Uprawy kukurydzy są narażone na infekcje wielu różnych patogenów grzybowych, wśród których istotną rolę odgrywają gatunki z rodzaju *Fusarium*. Powodowana przez nie fuzarioza kolb powoduje straty ilościowe i jakościowe sięgające 10–20% plonu. Na stopień porażenia roślin ma wpływ jej morfologia, wczesność oraz warunki pogodowe, klimatyczne i miejsce uprawy.

Dlatego celem realizowanych prac była analiza zmienności populacji grzybów z rodzaju *Fusarium* spp. zasiedlających próby ziarna gromadzone w różnych lokalizacjach Polski z odmian różniących się wczesnością i morfologią ziarna.

Próby ziarna gromadzono w latach 2015–2017. Pobierano je z odmian (6–8 genotypów, w zależności od roku) włączonych do doświadczeń porejestrowych COBORU w 11–13 lokalizacjach. Następnie, ziarniaki 188 prób wykładano na pożywkę PDA, a rosnące kultury grzybów, po wstępnej identyfikacji morfologicznej, odszczepiano na pożywkę SNA.

Stwierdzono, że w 2015 roku zasiedlenie ziarniaków wynosiło 19,8%, w 2016 28,7%, a w 2017 ok. 30%. Identyfikację do gatunku prowadzono metodami molekularnymi przy

---

\* Prace były finansowane w ramach Zadania 3.5 „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji organizmów szkodliwych kukurydzy” Obszar tematyczny 3 „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji organizmów szkodliwych i kwarantannowych roślin uprawnych”, Program Wieloletni IHAR — PIB „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, 2015–2020



pomocy reakcji PCR z wykorzystaniem markerów SCAR i specyficznej gatunkowo sekwencji czynnika *tef-1 $\alpha$* . W latach 2016 i 2017 dominującym gatunkiem był *F. verticillioides*, którego metabolitami wtórnymi są fumonizyny (FB<sub>1</sub>, FB<sub>2</sub>, FB<sub>3</sub>) — stanowił odpowiednio 46,9% oraz 65,8% zidentyfikowanych wyosobnień. W roku 2015 wysoką frekwencję stwierdzono dla *F. proliferatum* (30,4%). W roku 2016 jego udział w populacji stanowił tylko 1,1%. Na uwagę zasługuje zmienność dla frekwencji *F. graminearum*, którego metabolitami wtórnymi są deoksyniwalenol (DON) i zearalenon (ZEA). Wpływ na to miały m.in. warunki pogodowe. Częstotliwość jego występowania: 2015 rok — 5,5%, 2016 — 15,0%. Czwartym ważnym gatunkiem na przestrzeni obu lat był *F. temperatum* (produkujący m.in. beauwerycynę BEA). Jego frekwencja wahała się w zakresie 6,7–4,5%. Analiza wyników wykazała zmienność populacji *Fusarium* pod względem odmian, warunków pogodowych i lokalizacji uprawy.

**A**

Adamczyk Tomasz 249  
 Adamus Adela 163  
 Anioła Magdalena 225; 305;  
 Arseniuk Edward 17; 249; 263

**B**

Bakera Beata 21; 103; 139; 337  
 Baldys Weronika 335  
 Banasiak Wiktoria 159  
 Banaszak Zofia 249  
 Baran Marcin 281  
 Barański Rafał 315  
 Bartkowiak-Broda Iwona 13; 43;  
 143; 155; 157  
 Bartoszewski Grzegorz 85; 325  
 Basińska-Barczak Aneta 81; 93; 129;  
 165  
 Batley Jacqueline 43  
 Bayer Philipp E. 43  
 Bednarczyk Ewa 249  
 Bestrzyńska Wanda 243  
 Bichoński Andrzej 249  
 Biliński Romuald 329  
 Błaszczak Lidia 81; 93; 129; 165; 181  
 Bobrecka-Jamro Dorota 59; 179; 245  
 Bocianowski Jan 43; 143; 157; 241;  
 303; 323; 335  
 Bogacka Maria 249  
 Bogacki Jerzy 249  
 Bogusławska Ada 249  
 Bojarczuk Jarosław 249  
 Bolibok-Brażgoszewska Hanna 35; 41;  
 175  
 Boros Danuta 13; 297; 301; 351  
 Boros Lech 13; 283; 285  
 Borucka Krystyna 283; 285  
 Borzęcka Ewa 35; 41; 175  
 Broniarek-Niemiec Agata 125  
 Bronisz Dagmara 259  
 Brylińska Marta 353  
 Budzianowski Grzegorz 329

**C**

Cegielska-Taras Teresa 333  
 Chachłowska Dorota 163  
 Chojak-Koźniewska Joanna 171  
 Chojnacka Wanda 317  
 Chudy Magdalena 243  
 Ciepilska Jadwiga 255  
 Cieplicka Anna 261  
 Cugier Emilia 155  
 Cyran Małgorzata R. 193; 225; 287  
 Czajka Agnieszka 89  
 Czajowski Grzegorz 83; 101; 291  
 Czaplicki Andrzej 33  
 Czembor Elżbieta 359  
 Czembor Paweł Cz. 83; 101; 267; 289;  
 291  
 Czernicka Małgorzata 163  
 Czubacka Anna 179  
 Czyczyło-Mysza Ilona 147; 169; 177;  
 307

**D**

Dabert Mirosława 329  
 Denisow Bożena 21; 141  
 Dębski Janusz 111  
 Dirks Sebastian 159  
 Dmochowska-Boguta Marta 103; 273;  
 293  
 Dobrzycka Agnieszka 43; 143  
 Dołkin Alicja 21  
 Dominiak Maria 229  
 Dopierała Paweł 253; 301; 323; 343  
 Doroszevska Teresa 121; 123; 179; 345  
 Doroszewski Andrzej 121; 295  
 Dreger Mariola 145  
 Drzazga Tadeusz 191; 249  
 Dwojak Dominika 249  
 Dynkowska Wioletta M. 193; 225  
 Dziemianowicz Wojciech 211  
 Dziurka Kinga 147; 169; 177  
 Dziurka Michał 147; 307

**E**

Edwards David 43

**F**

Faligowska Agnieszka 63; 195; 235

Faryn Anna 317

Flis Bogdan 251; 339

Frański Seweryn 359

Fraś Anna 301

**G**

Gacek Edward S. 23; 51; 233; 351

Gacek Katarzyna 43

Gaładyk Alicja 167

Gasparis Sebastian 95

Gawęcki Krzysztof 197

Gawroński Piotr 41

Goepfert Simon 123; 345

Golińska Barbara 149; 199

Goliński Piotr 149; 199

Gołębiewska Kinga 297

Gołębiewski Damian 297

Góral Tomasz 107; 299

Górska-Paukszta Małgorzata 145

Grelewska-Nowotko Katarzyna 187;  
277

Grynia Joanna 151

Grynia Magdalena 155

Grzebelus Dariusz 37; 45; 115; 265;  
315

Grzebelus Ewa 45

Grzesik Mieczysław 201; 203

Gzowska Marlena 301; 351

**H**

Hallmann Ewelina 85

Hawliczek Anna 35; 41

Hawliczek-Strulak Anna 175

Hosiawa-Barańska Marta 169

**I**

Idziak-Helmcke Dominika 169

**J**

Jachuła Jacek 141

Jagodzińska Sylwia 179

Jajor Ewa 155

Jakubowska Magdalena 281; 303

Janas Regina 201; 203

Janaszek-Mańkowska Monika 225

Janik-Janiec Barbara 171

Jankowicz-Cieślak Joanna 35

Jarecki Waław 59; 179

Jasińska Dorota 225; 305

Jasińska Monika 207

Jaśkiewicz Bogusław 207

Jerzak Michał A. 61

Jóźwicki Tomasz 295

**K**

Kaliska Beata 209

Kała Maciej 95

Kapłoniak Kamila 147; 169; 177; 307

Karcz Waldemar 87; 159

Karłowski Wojciech M. 155

Kasprzycka Agnieszka 269; 355

Katarzyna Panasiewicz 235

Kawka Dorota 155

Każmińska Karolina 85

Kieliszowska Bogumiła 305

Kilian Andrzej 175

Kistowski Michał 111

Klamkowski Krzysztof 125

Klimek-Chodacka Magdalena 315

Koba Lyudmyła 179; 227

Kolasińska Irena 153

Kołosowski Paweł 71

Kopania Ewa 59

Kopeć Piotr M. 155

Korbas Marek 155

Korbecka-Glinka Grażyna 59; 123; 179;  
319; 345

Koroluk Aneta 327

Koroneczok Jerzy 131

Korzeniewska Aleksandra 85

Kosmala Arkadiusz 129

Kostiw Piotr 219

Kotarska Katarzyna 211

- Kotecki Andrzej 49  
 Kowalczyk Mariusz 103  
 Kowalska Jolanta 213  
 Kozak-Stankiewicz Kamila 115; 309  
 Kozera Artur 215; 311  
 Koziara Wiesław 195  
 Koziół Maria 217  
 Krajewski Paweł 21; 139  
 Kral Adam 35  
 Kraśniewska Anna 27  
 Krauklis Daniel 209  
 Krótka Krystyna 157; 347  
 Krupa Katarzyna 159  
 Krzywicki Piotr 269  
 Kud Jerzy 249  
 Kurtyka Renata 313  
 Kwolek Kornelia 37; 265; 315
- L**
- Lalak-Kańczugowska Justyna 359  
 Lebecka Renata 111; 353  
 Leszczyńska Danuta 219  
 Liersch Alina 157  
 Linkiewicz Anna M. 91; 171; 277  
 Ludynia Michał 87; 159  
 Luty Marek 73
- Ł**
- Łagowska Olga 159  
 Łotocka Barbara 21  
 Ługowska Bogusława 249  
 Łukasiewicz Aneta 315  
 Łyskawa Krzysztof 29  
 Łyżnik Leszek 21
- M**
- Machaj Gabriela 45; 115  
 Maciejewska Agnieszka 263  
 Macko-Podgórni Alicja 37; 115; 265; 315  
 Maćkowska Katarzyna 45  
 Madejska Jolanta 221  
 Majchrzak Ewelina 155  
 Majewska Aleksandra 167
- Majka Maciej 299  
 Makowska Bogna 21; 161  
 Makowska Katarzyna 33  
 Malec Aneta 45  
 Malepszy Stefan 21  
 Małuszyńska Elżbieta 223; 259  
 Mańkowska Grażyna 145  
 Mańkowski Dariusz R. 193; 223; 225  
 Marasek-Ciołakowska Agnieszka 125  
 Marciniak Karol 249  
 Marcińska Izabela 147; 169; 177  
 Marczak Łukasz 129; 181  
 Marczewski Waldemar 111  
 Marek Ewelina 327  
 Markiewicz Monika 89  
 Martyniak Danuta 355  
 Matuszczak Marcin 117; 157  
 Matyka Łukasz 229  
 Matysik Przemysław 21; 173; 191; 249  
 Mazur Adam 217  
 Mazur Roża 191; 249; 305  
 Michalak Krystyna 353  
 Michalczuk Lech 89  
 Michalski Krzysztof 91; 117; 157; 347  
 Mikołajczak Katarzyna 93; 165  
 Mikołajczyk Katarzyna 117; 155; 157  
 Mikulski Tomasz 215; 247; 311  
 Mikulski Wojciech 61  
 Mokrzycka Monika 21; 139  
 Monich Ruslan 59; 179; 227  
 Murawska Zofia 111  
 Myśków Beata 307
- N**
- Nadolska-Orczyk Anna 95; 273; 293  
 Nawrot Czesława 241  
 Niemirowicz-Szczytt Katarzyna 85  
 Niewdana Martyna 159  
 Nita Zygmunt 169; 173; 249  
 Noga Angelika 147; 169; 177  
 Nogala-Kałużka Małgorzata 333  
 Nowacki Wojciech 75  
 Nowak Hanna 269; 355

Nowakowska Joanna 155; 157  
 Nowakowski Mirosław 229  
 Noworól Michał 245  
 Nowosad Kamila 231  
 Nowosielski Jarosław 187; 277

**O**

Ochodzki Piotr 317  
 Olczak-Woltman Helena 325  
 Oleksiak Tadeusz 13; 259; 357  
 Oleszak Grzegorz 243  
 Oleszczuk Sylwia 33  
 Orczyk Waclaw 95; 103; 273; 293  
 Osiecka Agnieszka 53; 233  
 Ożarowski Marcin 145

**P**

Paczos-Grzęda Edyta 327  
 Pałka Piotr 163  
 Pałys Beata 179  
 Panasiewicz Katarzyna 63; 195  
 Pankiewicz Katarzyna 241  
 Patelska Justyna 185  
 Pawełkiewicz Magdalena 41; 167  
 Pawlak Dominika 155  
 Pawlak Magdalena 239  
 Pawlak Renata 245  
 Perek Agnieszka 155  
 Perlikowski Dawid 129  
 Piaskowska Dominika 267  
 Piechocka Ewa 243  
 Pietrusińska Aleksandra 321  
 Piętka Teresa 117; 347  
 Piotr Kamiński 331  
 Piszczek Jacek 309  
 Pląder Wojciech 167  
 Plich Jarosław 251  
 Pluta Stanisław 183  
 Podkówka Zbigniew 335  
 Podolska Grażyna 237  
 Podwyszyńska Małgorzata 125  
 Pogrzeba Marta 355  
 Pojmaj Mirosław 249  
 Popławska Wiesława 157

Praczyk Marcin 349  
 Prokopiuk Kamil 269; 355  
 Prusiński Janusz 55  
 Przybecki Zbigniew 167  
 Przyborowski Mateusz 95  
 Przybyś Marcin 121; 319  
 Przydanek Ewa 243  
 Puławska Joanna 125  
 Puślednik Marcin 215; 247; 311

**R**

Rachwalska Agnieszka 355  
 Radecka-Janusik Magdalena 267; 289; 291  
 Rakoczy-Trojanowska Monika 21; 103; 139; 141; 275; 337  
 Ratajczak Karolina 165; 195; 235  
 Rejmaniak Justyna 239  
 Rogacki Janusz 67  
 Roik Kamila 303; 323  
 Rojek Magdalena 169  
 Rokicki Michał 21; 151; 185; 249  
 Romanowska-Duda Zdzisława 201  
 Rudnicka Małgorzata 87; 159  
 Rudzki Bartosz 301  
 Rusaczonek Anna 85  
 Rusinek Robert 241  
 Rybak Krzysztof 243  
 Rybiński Wojciech 241  
 Rybka Krystyna 173

**S**

Salamon Sylwia 93; 165  
 Sawikowska Aneta 129; 181  
 Schwarz Tomasz 301  
 Seliga Łukasz 183  
 Siedlarz Patrycja 173  
 Siedlecka Ewa 167; 337  
 Siemieniuk Agnieszka 87; 159  
 Siger Aleksander 333  
 Sikora Teresa 191; 249  
 Sitarski Adam 115; 309  
 Skarzyńska Agnieszka 167  
 Skomra Urszula 179; 319

- Skórka Magdalena 227; 179  
 Skrzypek Edyta 147; 169; 177  
 Słomnicka Renata 325  
 Słowacki Piotr 83; 101  
 Snochowska Krzysztofa 287  
 Sobczak Mirosław 85  
 Sobkowiak Sylwester 353  
 Sosnowska Katarzyna 333  
 Sowa Sławomir 33; 171; 187; 277  
 Sowa Sylwia 327  
 Spasibionek Stanisław 117; 347  
 Starzycka-Korbas Elżbieta 241; 329; 331  
 Starzycki Michał 329; 331  
 Stawiarz Ernest 141  
 Stefanowicz Michał 329  
 Stefański Piotr 173  
 Stelmach Katarzyna 37; 45; 115; 265  
 Stępień Łukasz 271; 359  
 Stochmal Anna 103  
 Stojałowski Stefan 21; 141  
 Strzałkowska-Abrańka Monika 141  
 Strzelczyk Małgorzata 243  
 Studnicki Marcin 191  
 Sulewska Hanna 165  
 Sutkowska Agnieszka 169  
 Szabała Bartosz 21  
 Szafranśka Anna 133  
 Szajko Katarzyna 111  
 Szalata Milena 145  
 Szała Laurencja 43; 333  
 Szczepaniak Witold 215; 311  
 Szeliga Magdalena 139  
 Szklarczyk Marek 45  
 Szkudelski Jakub 309  
 Szpunar-Krok Ewa 245  
 Szukała Jerzy 63; 195; 235  
 Szulc Piotr 335  
 Szymańczak Tadeusz 317  
 Szymańska Grażyna 63; 195; 235  
 Szymański Tomasz 247
- Ś**  
 Śliwka Jadwiga 353  
 Śmiałowski Tadeusz 193; 225; 249; 287  
 Śmiech Mieczysław 21  
 Świerczyńska Anna 211  
 Świeżewski Szymon 39  
 Święcicka Magdalena 103; 275; 337
- T**  
 Taciak Magdalena 185  
 Taranenko Artem 227  
 Tatarowska Beata 251; 339  
 Till Bradley 35  
 Tofil Katarzyna 35; 41; 175  
 Toporowska Joanna 327  
 Torzyński Karol 303  
 Tratwal Anna 281; 323; 343  
 Tratwal Gwidon 239; 335; 343  
 Trojak-Goluch Anna 123; 345  
 Tyrka Mirosław 21; 139; 191; 321
- U**  
 Uhlig Silvio 271  
 Urbaniak Monika 271
- V**  
 Verrier Jean-Louis 121
- W**  
 Walentyn-Góral Dorota 299  
 Walkowiak Magdalena 117; 347; 349  
 Warchoł Marzena 147; 169; 177  
 Warzecha Roman 69; 97; 317  
 Warzecha Tomasz 169  
 Wasiak-Michalska Natalia 187  
 Wasilewicz-Flis Iwona 339  
 Wawer Anna 283  
 Werecki Przemysław 273; 293  
 Werwińska Krystyna 169  
 Wielgus Karolina 145  
 Wielgus Katarzyna 349  
 Wiesław Koziara 235  
 Wiewióra Barbara 259  
 Wilk Jarosław 253

Wiśniewska Halina 299  
Wiśniewska Magdalena 351  
Wiśniewska-Wrona Maria 179  
Wiśniewski Krzysztof 317  
Witaszak Natalia 129; 181  
Witkowska Krystyna 249  
Witkowski Edward 191; 249  
Wlazło Anna 103; 275  
Włodarczyk Marcin 255  
Wojciech Rybiński 331  
Wojcieszek Michał 167  
Wojtania Agnieszka 125; 183  
Wolko Joanna 43; 143; 157  
Woźna-Pawlak Urszula 249; 305  
Wójcicki Paweł 317  
Wróbel Tomasz 145  
Wróblewska Elżbieta 295

**Y**

Yanushevska Yuliya 293  
Yatusevich Ruslan 39

**Z**

Zajac Marek 249  
Zajączkowska Urszula 21  
Zdziechowska-Dudek Maria 185  
Zhimin Yin 353  
Zimnoch-Guzowska Ewa 353  
Zimny Aleksandra 33  
Zimny Janusz 33; 277  
Złotkowska Ewelina 161  
Zych Józef 351

**Ż**

Żmijewska Barbara 249  
Żmijewska Ewelina 187; 277  
Żurawska-Zajfert Magdalena 187; 277  
Żurek Grzegorz 269; 355  
Żurek Marcin 229  
Żurek Monika 69; 97; 317

## SPIS TREŚCI — CONTENTS

<b>Sesja I Plenarna</b>		11
Iwona Bartkowiak-Broda Lech Boros Tadeusz Oleksiak Danuta Boros	Stan badań dla hodowli roślin białkowych w Polsce w celu poprawy krajowego bilansu białkowego	13
Edward Arseniuk	Nauka i hodowla roślin kreatorem rozwoju rolnictwa i systemów rolniczych	17
Stefan Malepszy Monika Rakoczy-Trojanowska Bartosz Szabała Leszek Łyżnik Mieczysław Śmiech Bogna Makowska Beata Bakera Barbara Łotocka Urszula Zajączkowska Alicja Dołkin Stefan Stojałowski Paweł Krajewski Monika Mokrzycka Michał Rokicki Przemysław Matysik Bożena Denisow Miroslaw Tyrka	Zintegrowana strategia dla reaktywacji polskiej hodowli pszenicy heterozyjnej założenia projektu i wstępne wyniki	21
<b>Sesja II Plenarna</b>		23
Edward S. Gacek	Przyszłość hodowli i biotechnologii roślin w kontekście ochrony prawnej odmian roślin i prawa patentowego	23
Anna Kraśniewska	Zmiana przepisów w zakresie zdrowia roślin i jej wpływ na wytwarzanie i obrót materiału siewnego	27
Krzysztof Łyskawa	„Ubezpieczenia nie są takie złe” — czyli o wykorzystywaniu ubezpieczenia odpowiedzialności cywilnej w funkcjonowaniu firm nasiennych oraz rolniczych	29
<b>Sesja 1</b>	<b>Innowacyjne techniki i metody w hodowli roślin</b>	31
<b>Referaty</b>		
Janusz Zimny Katarzyna Makowska Aleksandra Zimny Andrzej Czapliski Sławomir Sowa Sylwia Oleszczuk	Postęp w indukowaniu androgenezy i regeneracji roślin na przykładzie kultur <i>in vitro</i> mikrospor żyta	33



Anna Hawliczek Bradley Till Joanna Jankowicz-Cieślak Ewa Borzęcka Katarzyna Tofil Adam Kral Hanna Bolibok- Bragoszewska	Wysokoprzepustowe sekwencjonowanie w ocenie zróżnicowania genów oraz w identyfikacji ich funkcjonalnych wariantów	35
Alicja Macko-Podgórn Katarzyna Stelmach Kornelia Kwolek Dariusz Grzebelus	Polimorfizm insercji elementów MITE jako narzędzie dla hodowli	37
Ruslan Yatusевич Szymon Świeżewski	Dormancy and drought — One antisense to rule them all?	39
Ewa Borzęcka Anna Hawliczek Piotr Gawroński Magdalena Pawełkiewicz Katarzyna Tofil Hanna Bolibok-Bragoszewska	Biblioteka BAC i technologia Oxford Nanopore w poszukiwaniu genów warunkujących istotne użytkowo cechy żyta	41
Katarzyna Gacek Joanna Wolko Agnieszka Dobrzycka Laurencja Szała Iwona Bartkowiak-Broda Jan Bocianowski Philipp E. Bayer David Edwards Jacqueline Batley	Poznanie genetycznej regulacji cech wpływających na wartość paszową białka w nasionach rzepaku ozimego przy użyciu mapowania genetycznego	43
Ewa Grzebelus Katarzyna Maćkowska Aneta Malec Katarzyna Stelmach Gabriela Machaj Marek Szklarczyk Dariusz Grzebelus	Wczesna selekcja mieszańców somatycznych marchwi — obiecujące narzędzie dla gatunków o wysokim potencjale regeneracyjnym	45
<b>Sesja 2</b> <b>Referaty</b>	<b>Hodowla i nasiennictwo oraz rynek nasienny roślin uprawnych w Polsce</b> <b>Podsesja 2.1. Rośliny białkowe</b>	47
Andrzej Kotecki	Soja — nowe wyzwania polskiego rolnictwa	49
Edward S. Gacek	Założenia Inicjatywy Białkowej COBORU	51
Agnieszka Osiecka	Możliwości zwiększenia areалу uprawy roślin białkowych w świetle aktualnych wyników urzędowych i porejestrowych doświadczeń odmianowych COBORU	53
Janusz Prusiński	Struktura, pochodzenie i znaczenie odmian roślin bobowatych grubonasiennych w Katalogu Wspólnotowym i w Krajowym Rejestrze Odmian	55

Wacław Jarecki Dorota Bobrecka-Jamro Ruslan Monich Ewa Kopania Grażyna Korbecka-Glinka	Porównanie przebiegu wegetacji roślin oraz wielkość i jakość plonu nasion wybranych odmian soi	59
Michał A. Jerzak Wojciech Mikulski	Efekty finansowe hodowli łubinu na cele paszowe w świetle uzyskiwanych opłat licencyjnych i polityki interwencyjnej państwa	61
Jerzy Szukała Agnieszka Faligowska Katarzyna Panasiewicz Grażyna Szymańska	Produkcyjne i ekonomiczne skutki pasowej uprawy roślin strączkowych	63
<b>Sesja 2</b> <b>Referaty</b>	<b>Hodowla i nasiennictwo oraz rynek nasienny roślin uprawnych w Polsce</b> <b>Podsesja 2.2. Hodowla i nasiennictwo roślin uprawnych</b>	65
Janusz Rogacki	Krajowe nasiennictwo kukurydzy	67
Roman Warzecha Monika Żurek	Linie podwojonych haploidów w hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy	69
Paweł Kołosowski	Porównanie plonowania mieszańców kukurydzy różnych klas wczesności na przykładzie doświadczeń firmy Pioneer	71
Marek Luty	Polska hodowla roślin rolniczych na krajowym rynku nasiennym	73
Wojciech Nowacki	Postęp biologiczny — podstawą perspektywicznego Programu dla Polskiego Ziemiaka	75
<b>Sesja 3</b> <b>Referaty</b>	<b>Młodzi naukowcy dla hodowli roślin</b>	79
Aneta Basińska-Barczak Lidia Błaszczyk	Produkcja związków auksyno-podobnych przez grzyby <i>Trichoderma</i> i ich wpływ na wzrost pszenicy	81
Grzegorz Czajowski Paweł Cz. Czembor Piotr Słowacki	Wirulencja i zmienność genetyczna <i>Puccinia triticina</i> na pszenżycie	83
Karolina Kaźmińska Ewelina Hallmann Anna Rusaczonek Aleksandra Korzeniewska Mirosław Sobczak Katarzyna Niemirowicz-Szczytt Grzegorz Bartoszewski	Identyfikacja QTL związanych z wysoką zawartością karotenoidów w owocach dyni olbrzymiej ( <i>Cucurbita maxima</i> Duchesne)	85
Michał Ludynia Agnieszka Siemieniuk Małgorzata Rudnicka Waldemar Karcz	Reakcje <i>Solanum lycopersicum</i> L. na niesteroidowe leki przeciwwzapalne na przykładzie diklofenaku	87
Monika Markiewicz Lech Michalczyk Agnieszka Czajka	Analiza ekspresji wybranych genów związanych z reakcjami odpornościowymi roślin z rodzaju <i>Brassica</i> infekowanych różnymi patotypami <i>Plasmodiophora brassicae</i>	89
Krzysztof Michalski Anna M. Linkiewicz	Projektowanie, konstrukcja i ocena nukleaz CRISPR/Cas9 w celu edycji genów związanych z porastaniem przedźniwnym pszenżyta	91

Katarzyna Mikołajczak Sylwia Salamon Aneta Basińska-Barczak Lidia Błaszczuk	Grzyby endofityczne zasiedlające pszenicę zwyczajną ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	93
Mateusz Przyborowski Sebastian Gasparis Maciej Kała Wacław Orczyk Anna Nadolska-Orczyk	Wpływ ekspresji genów <i>Pin</i> na twardość ziarna w wybranych odmianach pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	95
Monika Żurek Roman Warzecha	Badania nad męską sterility i przywracaniem płodności pyłku u kukurydzy	97
<b>Sesja 4</b> <b>Referaty</b>	<b>Hodowla jakościowa i odpornościowa roślin z uwzględnieniem zmian klimatu</b>	99
Paweł Cz. Czembor Grzegorz Czajowski Piotr Słowacki	Nowe wyzwania dla hodowli odpornościowej na przykładzie rdzy zbóż	101
Monika Rakoczy-Trojanowska Magdalena Święcicka Beata Bakera Anna Wlazło Marta Dmochowska-Boguta Wacław Orczyk Mariusz Kowalczyk Anna Stochmal	Benzoksazynoidy — skuteczna broń żyta przeciwko stresom biotycznym i abiotycznym	103
Tomasz Góral	Geny oraz <i>loci</i> cech ilościowych (QTL) kontrolujące odporność pszenicy i pszenżyta na fuzariozę kłosów oraz mechanizm ich działania	107
Renata Lebecka Zofia Murawska Katarzyna Szajko Janusz Dębski Michał Kistowski Waldemar Marczewski	Badania ekspresji białek w bulwach odmian ziemniaka o różnicowanej odporności na bakterie <i>Dickeya solani</i>	111
Gabriela Machaj Alicja Macko-Podgórni Katarzyna Stelmach Kamila Kozak-Stankiewicz Adam Sitarski Dariusz Grzebelus	Odporność buraka cukrowego na rizomanię warunkowana genem <i>Rz1</i> : różnicowa ekspresja genów i możliwości prowadzenia selekcji wspomaganej markerami	115
Stanisław Spasibionek Magdalena Walkowiak Teresa Piętka Krzysztof Michalski Katarzyna Mikołajczyk Marcin Matuszczak	Modyfikacje składu kwasów tłuszczowych w olejach nasion rzepaku, gorczycy białej i lnu oleistego	117
Marcin Przybyś Teresa Doroszevska Andrzej Doroszewski Jean-Louis Verrier	Wpływ warunków pogodowych na infekcję tytoniu wirusem Y ziemniaka (PVY)	121

Grażyna Korbecka-Glinka Anna Trojak-Goluch Teresa Doroszevska Simon Goepfert	Wpływ introgresji pochodzącej od <i>Nicotiana alata</i> na deformacje morfologiczne linii hodowlanych tytoniu odpornych na wirus brązowej plamistości pomidora (TSWV)	123
Małgorzata Podwyszyńska Agata Broniarek-Niemiec Agnieszka Wojtania Krzysztof Klamkowski Agnieszka Marasek-Ciołakowska Joanna Puławska	Ocena fenotypowa autotetraploidów jabłoni ze szczególnym uwzględnieniem podatności na porażenie przez <i>Venturia inaequalis</i> i <i>Erwinia amylovora</i>	125
Lidia Błaszczuk Natalia Witaszak Aneta Basińska-Barczak Łukasz Marczak Aneta Sawikowska Dawid Perlikowski Arkadiusz Kosmala	Reakcja roślin pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.) na kolonizację korzeni przez grzyby <i>Trichoderma</i>	129
Jerzy Koronczok	Innowacyjne niskopułapowe teledetekcyjne metody zwiększenia komfortu prowadzenia prac w hodowli i doświadczalnictwie roślin uprawnych	131
Anna Szafrąńska	Zróżnicowanie wartości technologicznej ziarna pszenicy ze zbiorów kolejnych pięciu sezonów wegetacyjnych w różnych rejonach Polski	133
<b>Sesja 1</b>	<b>Innowacyjne techniki i metody w hodowli roślin</b>	137
<b>Plakaty</b>		
Beata Bakera Monika Rakoczy-Trojanowska Paweł Krajewski Monika Mokrzycka Magdalena Szeliga Mirosław Tyrka	Analiza struktury genetycznej populacji składającej się z 510 form pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.) z wykorzystaniem markerów SSR i SNP	139
Bożena Denisow Monika Strzałkowska-Abramek Ernest Stawiarz Jacek Jachuła Monika Rakoczy-Trojanowska Stefan Stojalowski	Charakterystyka kwitnienia i pylenia 12 genotypów pszenicy ( <i>Triticum aestivum</i> L.) w roku 2018	141
Agnieszka Dobrzycka Joanna Wolko Jan Bocianowski Iwona Bartkowiak-Broda	Analiza wielowymiarowa linii DH, mieszańców pojedynczych i trójliniowych rzepaku ozimego ( <i>Brassica napus</i> L.) pod względem wybranych cech	143
Mariola Dreger Tomasz Wróbel Milena Szalata Małgorzata Górską-Paukszta Grażyna Mańkowska Marcin Ożarowski Karolina Wielgus	Zastosowanie mikropropagacji w celu otrzymania i selekcji genotypów konopi włóknistych o potencjale medycznym	145

Kinga Dziurka Michał Dziurka Ilona Czyczyło-Mysza Kamila Kapłoniak Izabela Marcińska Angelika Noga Marzena Warchoł Edyta Skrzypek	Czy kwas 4-chloro-indolilo-3-octowy może być hormonem śmierci w organach generatywnych owsa?	147
Barbara Golińska Piotr Goliński	Ocena wytrzymałości na zerwanie blaszek liściowych materiałów hodowlanych i odmian traw za pomocą nowoczesnego stanowiska pomiarowego	149
Joanna Grynia Michał Rokicki	Identyfikacja genów warunkujących odporność pszenicy ozimej na porażenie przez grzyb <i>Blumeria graminis</i> s.sp. <i>tritici</i> przy użyciu markerów molekularnych	151
Irena Kolańska	Efekty nowego programu hodowli restorerów dla CMS-Pampa u żyta ozimego	153
Piotr M. Kopeć Katarzyna Mikołajczyk Joanna Nowakowska Ewa Jajor Agnieszka Perek Emilia Cugier Magdalena Grynia Dominika Pawlak Ewelina Majchrzak Dorota Kawka Marek Korbas Iwona Bartkowiak-Broda Wojciech M. Karłowski	Analiza genetycznego podłoża odpowiedzi na <i>Plasmodiophora brassicae</i> Wor. u rzepaku ozimego ( <i>Brassica napus</i> L.)	155
Alina Liersch Jan Bocianowski Wiesława Popławska Krzysztof Michalski Krystyna Krótka Katarzyna Mikołajczyk Joanna Nowakowska Marcin Matuszczak Joanna Wolko Iwona Bartkowiak-Broda	Analiza asocjacji markerów mikrosatelitarnych i AFLP z elementami struktury plonu i plonem kolekcji genotypów rzepaku ozimego ( <i>Brassica napus</i> L.)	157
Agnieszka Siemieniuk Michał Ludynia Małgorzata Rudnicka Wiktoria Banasiak Sebastian Dirks Katarzyna Krupa Olga Łagowska Martyna Niewdana Waldemar Karcz	Reakcje wybranych roślin użytkowych jednoliściennych ( <i>Zea mays</i> L.) i dwuliściennych ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.) na niesterydowe leki przeciwzapalne na przykładzie acetaminofenu, diklofenaku i naproksenu	159

Spis treści — Content

<p>Bogna Makowska Ewelina Złotkowska Monika Rakoczy- Trojanowska</p>	<p>Analiza sekwencji wybranych genów kodujących białka PPR u pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.)</p>	<p>161</p>
<p>Piotr Pałka Adela Adamus Małgorzata Czernicka Dorota Chachłowska</p>	<p>Badania nad wpływem metod uwalniania od wirusów na efektywność mikrorozmnażania wybranych odmian czosnku (<i>Allium sativum</i> L.)</p>	<p>163</p>
<p>Sylwia Salamon Katarzyna Mikołajczak Aneta Basińska-Barczak Hanna Sulewska Karolina Ratajczak Lidia Błaszczuk</p>	<p>Grzyby zasiedlające ryzosferę i endosferę korzeni pszenicy orkisz (<i>T. aestivum</i> ssp. <i>spelta</i> L.)</p>	<p>165</p>
<p>Ewa Siedlecka Agnieszka Skarzyńska Aleksandra Majewska Alicja Gaładyk Michał Wojcieszek Magdalena Pawełkiewicz Wojciech Płader Zbigniew Przybecki</p>	<p>Gen <i>CsWIP1</i> o domenie palca cynkowego Cys<sub>2</sub>/His<sub>2</sub> w zmutowanej linii ogórka 2gg o recesywnym <i>locus gygy</i></p>	<p>167</p>
<p>Edyta Skrzypek Marzena Warchoł Ilona Czyczyło-Mysza Kinga Dziurka Izabela Marcińska Angelika Noga Kamila Kapłoniak Tomasz Warzecha Agnieszka Sutkowska Zygmunt Nita Krystyna Werwińska Dominika Idziak-Helmcke Magdalena Rojek Marta Hosiawa-Barańska</p>	<p>Charakterystyka linii owsa otrzymanych poprzez krzyżowanie z kukurydzą</p>	<p>169</p>
<p>Sławomir Sowa Anna M. Linkiewicz Barbara Janik-Janiec Joanna Chojak-Koźniewska</p>	<p>Czy certyfikowane ekologiczne produkty mogą zawierać GMO?</p>	<p>171</p>
<p>Piotr Stefański Przemysław Matysik Zygmunt Nita Patrycja Siedlarz Krystyna Rybka</p>	<p>Skrócenie cyklu hodowlanego vs energooszczędność — oświetlacze LED w hodowli roślin rolniczych</p>	<p>173</p>
<p>Katarzyna Tofil Anna Hawliczek-Strulak Ewa Borzęcka Hanna Bolibok-Brağoszewska Andrzej Kilian</p>	<p>Konstrukcja mapy genetycznej żyta do identyfikacji rejonów genomu poddanych presji selekcyjnej podczas udomowienia i hodowli</p>	<p>175</p>

Marzena Warchoł Ilona Czyczyło-Mysza Kinga Dziurka Izabela Marcińska Angelika Noga Kamila Kapłoniak Edyta Skrzypek	Wpływ rodzaju pożywki indukcyjnej oraz substancji przeciwutleniających na powstawanie struktur zarodkowych w kulturach pylników owsa ( <i>Avena sativa</i> L.)	177
Maria Wiśniewska-Wrona Beata Pałys Sylwia Jagodzińska Grażyna Korbecka-Glinka Anna Czubacka Urszula Skomra Teresa Doroszevska Ruslan Monich Liudmyla Koba Magdalena Skórka Dorota Bobrecka-Jamro Wacław Jarecki	Opracowanie innowacyjnej otoczki nasion soi w celu zwiększenia tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe	179
Natalia Witaszak Łukasz Marczak Aneta Sawikowska Lidia Błaszczyk	Zmiany metabolomiczne zachodzące u pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.) w wyniku interakcji z grzybami <i>Trichoderma</i>	181
Agnieszka Wojtania Stanisław Pluta Łukasz Seliga	Ocena zdolności regeneracyjnych klonów hodowlanych borówki wysokiej ( <i>Vaccinium corymbosum</i> L.) w warunkach <i>in vitro</i>	183
Maria Zdziechowska-Dudek Magdalena Taciak Justyna Patelska Michał Rokicki	Wpływ białek arabinogalaktanowych (AGP) na efektywność androgenyzy w kulturach pylnikowych pszenicy ozimej i jęczmienia ozimego w Laboratorium <i>in vitro</i> Poznańskiej Hodowli Roślin Sp.z o.o.	185
Magdalena Żurawska-Zajfert Natalia Wasiak-Michalska Ewelina Żmijewska Katarzyna Grelewska-Nowotko Jarosław Nowosielski Sławomir Sowa	GMO w produkcji ekologicznej na podstawie monitoringu pasz	187
<b>Sesja 2</b> <b>Plakaty</b>	<b>Hodowla i nasiennictwo oraz rynek nasienny roślin uprawnych w Polsce</b>	189
Tadeusz Drzazga Marcin Studnicki Mirosław Tyrka Przemysław Matysik Roża Mazur Teresa Sikora Edward Witkowski	Zgodność rankingu plonu odmian pszenicy ozimej w dwóch sezonach wegetacyjnych 2016/2017 i 2017/2018	191
Wioletta M. Dynkowska Małgorzata R. Cyran Dariusz R. Mańkowski Tadeusz Śmiałowski	Zróżnicowanie stopnia usieciowania mostkami diferulowymi arabinoksylianów w nowych formach pszenicy polskiej hodowli	193

Agnieszka Faligowska Katarzyna Panasiewicz Grażyna Szymańska Jerzy Szukała Wiesław Koziara Karolina Ratajczak	Wpływ terminu siewu na plonowanie i wartość siewną nasion soi	195
Krzysztof Gawęcki	Problemy agrotechniczne w uprawie soi	197
Piotr Goliński Barbara Golińska	Analiza polskiego i europejskiego rynku nasiennego traw i motylkowatych drobnonasiennych	199
Mieczysław Grzesik Regina Janas Zdzisława Romanowska-Duda	Zastosowanie odpadów po fermentacji metanowej w uprawie sorgo w warunkach ograniczonego nawożenia syntetycznego	201
Regina Janas Mieczysław Grzesik	Zastosowanie fal elektromagnetycznych w uszlachetnianiu nasion wybranych gatunków roślin warzywnych	203
Bogusława Jaśkiewicz Monika Jasińska	Efektywność wykorzystania azotu przez pszenżyto ozime	207
Beata Kalińska Daniel Krauklis	Wpływ suszy na plonowanie gatunków roślin bobowatych grubonasiennych i soi w województwie kujawsko-pomorskim	209
Katarzyna Kotarska Wojciech Dziemianowicz Anna Świerczyńska	Znaczenie przemysłowe kukurydzy uwarunkowane zawartością skrobi w ziarnie	211
Jolanta Kowalska	Zróżnicowane nawożenie krzemem pszenicy jarej w systemie ekologicznym	213
Artur Kozera Witold Szczepaniak Tomasz Mikulski Marcin Puślednik	Wpływ terminu siewu i poziomu nawożenia azotem na plonowanie i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego	215
Maria Kozioł Adam Mazur	Zmienność plonowania i cech użytkowych odmian soi w latach 2014–2018 oraz rekomendacja odmian dla województwa podkarpackiego	217
Danuta Leszczyńska Piotr Kostiw	Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na plonowanie jęczmienia ozimego mieszańcowego	219
Jolanta Madejska	Doświadczenia ekologiczne realizowane z roślinami rolniczymi w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Węgrzcach	221
Elżbieta Małuszyńska Dariusz R. Mańkowski	Wartość siewna kwalifikowanego materiału siewnego pszenicy ozimej przechowywanego w magazynie nasiennym	223
Dariusz R. Mańkowski Dorota Jasińska Magdalena Anioła Tadeusz Śmiałowski Monika Janaszek-Mańkowska Małgorzata R. Cyran Wioletta M. Dynkowska	Jedno- i wielozmienna charakterystyka rodów jęczmienia jarego ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) wyhodowanych w Stacji Hodowli Roślin Nagradowice Poznańskiej Hodowli Roślin, badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych w latach 2017–2018	225



Ruslan Monich Lyudmyla Koba Artem Taranenko Magdalena Skórka	Innowacyjne otoczkowanie nasion szansą na ochronę nasion soi i zwiększenie poziomu plonowania	227
Mirosław Nowakowski Marcin Żurek Łukasz Matyka Maria Dominiak Kamila Nowosad	Zdrowotność i plony wybranych odmian buraka cukrowego na stanowisku zasiedlonym przez <i>Rhizoctonia solani</i> i <i>Aphanomyces cochliformis</i>	229
Edward S. Gacek Agnieszka Osiecka	Ocena porażenia mączniakiem prawdziwym materiałów hodowlanych żyta	231
Katarzyna Panasiewicz Agnieszka Faligowska Grażyna Szymańska Jerzy Szukała Wiesław Koziara Karolina Ratajczak Grażyna Podolska	Inicjatywa Białkowa COBORU w latach 2017 i 2018 — wdrożenie i upowszechnienie oraz promocja gatunków bobowatych grubonasiennych	233
Justyna Rejmianiak Magdalena Pawlak Gwidon Tratwał	Efekty stosowania hydrożelu w uprawie grochu siewnego ( <i>Pisum sativum</i> L.)	235
Wojciech Rybiński Jan Bocianowski Robert Rusinek Katarzyna Pankiewicz Elżbieta Starzycka-Korbas Czesława Nawrot	Wykorzystanie azotu przez odmiany pszenicy ozimej w zależności od czynników agrotechnicznych	237
Małgorzata Strzelczyk Magdalena Chudy Ewa Przydanek Ewa Piechocka Wanda Bestrzynska Grzegorz Oleszak Krzysztof Rybak	Plonowanie łubinu wąskolistnego i łubinu żółtego w doświadczeniach ekologicznych w porównaniu z tradycyjną uprawą w doświadczeniach PDO	239
Ewa Szpunar-Krok Michał Noworól Dorota Bobrecka-Jamro Renata Pawlak	Zmienność parametrów plonowania, geometrii nasion i ich odporności na obciążenia mechaniczne u wybranych form kolekcyjnych lędźwianu siewnego ( <i>Lathyrus sativus</i> L.)	241
Tomasz Szymański Marcin Puślednik Tomasz Mikulski	Nasiennictwo odmian roślin włóknistych i zielarskich wyhodowanych w IWNiRZ Poznań	243
	Reakcja odmian pszenicy ozimej na wzrost intensywności technologii produkcji	245
	Porównanie plonu oraz ważniejszych cech rolniczo-użytkowych form jarych i ozimych grochu siewnego ( <i>Pisum sativum</i> L.) w latach 2015–2017	247

Tadeusz Śmiałowski Ewa Bednarczyk Edward Arseniuk Edward Witkowski Krystyna Witkowska Ada Bogusławska Dominika Dwojak Jarosław Bojarczuk Urszula Woźna-Pawlak Róża Mazur Michał Rokicki Marek Zając Przemysław Matysik Zygmunt Nita Barbara Żmijewska Karol Marciniak Bogusława Ługowska Zofia Banaszak Teresa Sikora Maria Bogacka Jerzy Bogacki Miroslaw Pojmaj Tomasz Adamczyk Andrzej Bichoński Tadeusz Drzazga Jerzy Kud	Zmienność i genetyczne uwarunkowanie ważnych cech rolniczych oraz korelacje fenotypowo-genotypowe pomiędzy nimi u odmian i rodów pszenicy ozimej badanych na 2 poziomach agrotechniki w latach 2015–2018	249
Beata Tatarowska Jarosław Plich Bogdan Flis	Zwiększenie wydajności i konkurencyjności ekologicznej hodowli roślin (ECOBREED)	251
Jarosław Wilk Paweł Dopierała	Skuteczność działania regulatorów wzrostu i ich wpływ na plonowanie żyta ozimego	253
Marcin Włodarczyk Jadwiga Ciepilska	Ocena stabilności plonowania odmian gatunków bobowatych grubonasiennych testowanych w doświadczeniach PDO na terenie województwa dolnośląskiego	255
<b>Sesja 3</b>	<b>Młodzi naukowcy dla hodowli roślin</b>	257
<b>Plakaty</b>		
Dagmara Bronisz Tadeusz Oleksiak Barbara Wiewióra Elżbieta Małuszyńska	Jakość materiału siewnego zbóż ozimych stosowanego przez rolników w 2018 roku	259
Anna Cieplicka	Wpływ warunków pogodowych w Hodowli Roślin Smolice na plonowanie odmian jęczmienia jarego	261
Agnieszka Maciejewska Edward Arseniuk	Ocena patogeniczności polskich izolatów bakterii <i>Clavibacter michiganensis</i> subsp. <i>sepedonicus</i> na przełomie lat 2005–2017	263
Alicja Macko-Podgórnica Katarzyna Stelmach Kornelia Kwolek Dariusz Grzebelus	Analiza ekspresji genu kandydującego <i>DCAF1</i> , związanego z kształtem korzenia marchwi	265

Dominika Piaskowska Paweł Cz. Czembor Magdalena Radecka-Janusik	Selekcja molekularna genu <i>Fhb1</i> odporności na fuzariozę kłosa w trzech populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej	267
Kamil Prokopiuk Grzegorz Żurek Piotr Krzywicki. Agnieszka Kasprzycka Hanna Nowak	Biomasa odpadowa z trawników miejskich, jako substrat do produkcji biogazu	269
Monika Urbaniak Silvio Uhlig Łukasz Stępień	Spektrofotometryczna charakterystyka naturalnie występujących bowerycyn i boweniatyn produkowanych przez grzyby z rodzaju <i>Fusarium</i>	271
Przemysław Werecki Marta Dmochowska-Boguta Anna Nadolska-Orczyk Wacław Orczyk	Znaczniki typów odporności pszenicy warunkowanej przez wybrane geny odporności	273
Anna Wlazło Magdalena Świącicka Monika Rakoczy-Trojanowska	Geny <i>ScBx1</i> i <i>ScIgl</i> — współpracownicy czy współzawodnicy?	275
Ewelina Żmijewska Anna M. Linkiewicz Sławomir Sowa Jarosław Nowosielski Magdalena Żurawska-Zajfert Katarzyna Grelewska-Nowotko Janusz Zimny	Zastosowanie modelu shift log do oceny tempa rozpadu białka Cry1Ab w glebie	277
<b>Sesja 4</b> <b>Plakaty</b>	<b>Hodowla jakościowa i odpornościowa roślin z uwzględnieniem zmian klimatu</b>	279
Marcin Baran Magdalena Jakubowska Anna Tratwal	Platforma Sygnalizacji Agrofagów — narzędzie wspomagające naukę i praktykę rolniczą	281
Lech Boros Anna Wawer Krystyna Borucka	Poziom i stabilność plonowania odmian soi o różnej wczesności w zróżnicowanych warunkach agro-klimatycznych	283
Krystyna Borucka Lech Boros	Zmienność populacji grzyba <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> (Sacc. et Magn.) Brioso et Cav. w Polsce w latach 2007–2017	285
Małgorzata Cyran Krzysztofa Snochowska Tadeusz Śmiałowski	Wysokocząsteczkowe arabinosylany ziarna pszenicy: zawartość, masa cząsteczkowa oraz związek z poziomem lepkości ekstraktu	287
Paweł Cz. Czembor Magdalena Radecka-Janusik	Pokrewieństwo genetyczne europejskich odmian pszenicy ozimej	289
Paweł Cz. Czembor Magdalena Radecka-Janusik Grzegorz Czajowski	Postulowanie genów odporności na rdzę liściową ( <i>Puccinia triticina</i> ) wśród europejskich odmian pszenicy ozimej	291

Marta Dmochowska-Boguta Przemysław Werecki Yuliya Yanushevskaya Anna Nadolska-Orczyk Wacław Orczyk	Odporność roślin dorosłych pszenicy na rdzę brunatną ( <i>Puccinia triticina</i> )	293
Andrzej Doroszewski Tomasz Józwicki Elżbieta Wróblewska	Częstość występowania suszy rolniczej w Polsce w uprawie ziemniaka	295
Kinga Gołębiowska Damian Gołębiowski Danuta Boros	Wpływ odmiany na zróżnicowanie zawartości składników włókna pokarmowego w śrucie rzepakowej	297
Tomasz Góral Halina Wiśniewska Dorota Walentyn-Góral Maciej Majka	Ocena podatności rodów hodowlanych pszenicy ozimej na fuzariozę kłosów w doświadczeniach infekcyjnych prowadzonych latach 2014–2018	299
Marlena Gzowska Anna Fraś Bartosz Rudzki Paweł Dopierała Tomasz Schwarz Danuta Boros	Żyto mieszańcowe jako komponent mieszanek paszowych dla zwierząt gospodarskich	301
Magdalena Jakubowska Karol Torzyński Kamila Roik Jan Bocianowski	Podatność odmian buraka cukrowego na występowanie mszyc i przędziorków w latach 2015–2018	303
Dorota Jasińska Urszula Woźna-Pawlak Róża Mazur Magdalena Anioła Bogumiła Kieliszkowska	Ocena odporności odmian pszenicy ozimej ( <i>Triticum aestivum</i> L.) na porastanie	305
Kamila Kapłoniak Beata Myśków Michał Dziurka Ilona Czyczyło-Mysza	Charakterystyka wpływu mutacji zaburzających tworzenie nalotu woskowego u żyta na cechy morfologiczne, biochemiczne i fizjologiczne w warunkach optymalnego nawodnienia oraz stresu suszy glebowej	307
Kamila Kozak-Stankiewicz Jakub Szkudelski Jacek Piszczek Adam Sitarski	Sugar beet breeding — rapid screening technique for nematode resistance	309
Artur Kozera Witold Szczepaniak Tomasz Mikulski Marcin Puślednik	Wpływ terminu siewu i poziomu nawożenia azotem na plonowanie i jakość technologiczną czterech odmian rzepaku ozimego	311
Renata Kurtyka	Rola jonów wapnia we wzroście elongacyjnym koleoptyli <i>Zea mays</i> L. poddanych działaniu chlorku kadmu	313

Alicja Macko-Podgórn Aneta Łukasiewicz Kornelia Kwolek Magdalena Klimek- Chodacka Dariusz Grzebelus Rafał Barański	Zmiany transkryptomu marchwi w odpowiedzi na stres zasolenia	315
Piotr Ochodzki Roman Warzecha Monika Żurek Tadeusz Szymańczak Wanda Chojnacka Anna Faryn Paweł Wójcicki Krzysztof Wiśniewski	Wpływ chemicznego i biologicznego zwalczania omacnicy prosowianki na zawartość mikotoksyn w ziarnie kukurydzy	317
Marcin Przybyś Grażyna Korbecka-Glinka Urszula Skomra	Wiroidy HSVd, CBCVd, AFCVd — nowe zagrożenia dla uprawy chmielu w Polsce	319
Aleksandra Pietrusińska Mirosław Tyrka	Mapowanie genu odporności na rdzę brunatną <i>Lr55</i> w pszenicy zwyczajnej ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	321
Kamila Roik Anna Tratwał Paweł Dopierała Jan Bocianowski	Stworzenie ujednoliconej metody testowania odporności żyta na sporysz ( <i>Claviceps purpurea</i> ) i zminimalizowanie zanieczyszczenia ziarna żyta alkaloidami	323
Renata Słomnicka Helena Olczak-Woltman Grzegorz Bartoszewski	Porównanie profili transkrypcyjnych dwóch linii ogórka ( <i>Cucumis sativus</i> L.) różniących się podatnością na bakteryjną kanciastą plamistość we wczesnych stadiach tej choroby	325
Edyta Paczos-Grzęda Sylwia Sowa Aneta Koroluk Ewelina Marek Joanna Toporowska	Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową owsa	327
Elżbieta Starzycka-Korbas Michał Starzycki Grzegorz Budzianowski Michał Stefanowicz Romuald Biliński Mirosława Dabert	Badania patogeniczności <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> izolowanych z pojedynczych łodyg rzepaku, z zastosowaniem indykatora pH	329
Michał Starzycki Elżbieta Starzycka-Korbas Piotr Kamiński Wojciech Rybiński	Plonowanie mieszańców międzygatunkowych z płemienia <i>Brassicaceae</i> DC. i ich odporność na porażenie powodowane przez najgroźniejsze patogeny w 2018 roku	331
Laurencja Szała Teresa Cegielska-Taras Aleksander Siger Małgorzata Nogala-Kałucka Katarzyna Sosnowska	Nasiona mieszańców testowych <i>Brassica napus</i> L. z udziałem rzepaku resyntetyzowanego jako źródło tłuszczu i związków witamino-E aktywnych	333

Piotr Szulc Gwidon Tratwał Jan Bocianowski Zbigniew Podkówka Weronika Baldys	Wpływ terminu siewu kukurydzy na skład chemiczny oraz wartość pokarmową ziarna odmiany Pyroxenia	335
Magdalena Święcicka Ewa Siedlecka Beata Bakera Monika Rakoczy-Trojanowska	Analiza ekspresji żytnich ortologów genów <i>Lr</i> w siewkach inokulowanych <i>Puccinia recondita</i> f.sp. <i>secalis</i>	337
Beata Tatarowska Bogdan Flis Iwona Wasilewicz-Flis	Ocena wpływu różnych źródeł zmienności na reakcję odpornościową rodów ziemniaka mających w swym pochodzeniu odporność na PVM pochodzącą z dzikiego gatunku <i>Solanum megistacrolobum</i>	339
Anna Tratwał Paweł Dopierała Gwidon Tratwał	Zwiększenie odporności żyta na rdzę żdźbłową przy wykorzystaniu genetycznych i molekularnych narzędzi	343
Anna Trojak-Goluch Grażyna Korbecka-Glinka Teresa Doroszevska Simon Goepfert	Stopień deformacji morfologicznych w liniach hodowlanych tytoniu z introgresją od <i>N. alata</i> warunkującą odporność na TSWV	345
Magdalena Walkowiak Stanisław Spasibonek Krystyna Krótka Teresa Piętka Krzysztof Michalski	Analiza genetycznego uwarunkowania cech ilościowych i jakościowych genotypów rzepaku ozimego	347
Katarzyna Wielgusz Marcin Praczyk Magdalena Walkowiak	Badania wstępne nad oceną odporności na fuzariozę wybranych linii Inu oleistego	349
Magdalena Wiśniewska Marlena Gzowska Danuta Boros Józef Zych Edward Gacek	Zawartość składników pokarmowych i substancji bioaktywnych w odmianach pszenicy ozimej uprawianych w siewie czystym i mieszankach trójskładnikowych	351
Ewa Zimnoch-Guzowska Jadwiga Śliwka Marta Brylińska Sylwester Sobkowiak Renata Lebecka Krystyna Michalak Zhimin Yin	Analiza zmian w populacjach ważniejszych patogenów ziemniaka dla potrzeb prowadzenia hodowli odpornościowej oraz produkcji	353
Grzegorz Żurek Danuta Martyniak Agnieszka Kasprzycka Hanna Nowak Agnieszka Rachwalska Kamil Prokopiuk Marta Pogrzeba Tadeusz Oleksiak	Pozyskiwanie biogazu z uprawy traw wieloletnich na glebach o niskiej wartości rolniczej	355
	Polska hodowla roślin rolniczych na krajowym rynku nasiennym	357

Spis treści — Content

---

Seweryn Frasiński Elżbieta Czembor Justyna Lalak- Kańczugowska Łukasz Stępień Indeks Autorów	Monitoring porażenia odmian kukurydzy pastewnej grzybami z rodzaju <i>Fusarium</i> spp. na terenie Polski w latach 2015–2017	359
		361

# Jęczmień ozimy Hyvido™ Więcej paszy i białka z 1 ha



HYVIDO™ to ważna inicjatywa w naszym planie zrównoważonego rozwoju – **The Good Growth Plan**. Nasze zobowiązanie zwiększenia wydajności upraw ma na celu podniesienie średniej produktywności głównych upraw na świecie bez wykorzystania większych powierzchni gruntów rolnych, zasobów wody i innych surowców. [www.syngenta.pl/ggp](http://www.syngenta.pl/ggp)



syngenta.

Wszystkich zainteresowanych uprawą odmian mieszańcowych jęczmienia ozimego Hyvido™ oraz ich wartością paszową zapraszamy na stronę: [www.akademiajeczmienia.pl](http://www.akademiajeczmienia.pl)



# Alibaba

sprytniejszy  
od kiły kapusty

- odmiana mieszańcowa rzepaku ozimego
- odporna na kiłę kapusty
- wysoki plon zarówno w warunkach porażenia kiłą kapusty jak i bez porażenia

**NOWOŚĆ**  
Rejestracja w PL - 2018

 **SY Alibaba F1**

syngenta.

[www.syngenta.pl](http://www.syngenta.pl)

Odmiana kukurydzy

# SY Talisman

FAO 220-230



- Plony ziarna duże i stabilne **12,6 t/ha** (COBORU 2016-2018)
- Dobrze znosi stanowiska wolniej nagrzewające się wiosną
- Bardzo silny wczesny wigor

 **SY Talisman**<sup>®</sup>

 **syngenta**<sup>®</sup>

Odmiana polecana na:



ZIARNO    GRYS    KISZONKA


[www.syngenta.pl](http://www.syngenta.pl)



**URZĄDZENIA DO BADANIA JAKOŚCI  
W PRODUKTACH ROLNO - SPOŻYWCZYCH**

- > Pobieranie prób
- > Pomiary: wilgotności, gęstości i temperatury
- > Pomiary: białka, tłuszczu, glutenu i innych
- > Badanie mikotoksyn i GMO
- > Badanie tekstury
- > Pomiary ścieralności pasz i granulatów

Cereus Wena A. i G. Witkowsky S.J.  
ul. Biała 19  
87-100 Toruń  
56 652 06 05  
cereus@cereus.com.pl



[www.cereus.com.pl](http://www.cereus.com.pl)





Zürn Harvesting GmbH & Co. KG  
Kapellenstraße 1  
D - 74214 Schöntal-Westernhausen  
www.zuern.de

Piotr Ratajczak  
Mobil: +49 151 55 05 30 67  
piotr.ratajczak@zuern.de



### O firmie

Działająca od ponad 130 lat niemiecka firma Zürn specjalizuje się w produkcji przystawek do rzepaku, kompletnych zespołów żniwnych i wózków transportowych do hederów, dostępnych w sieci dilerkiej JOHN DEERE, pasujących też do maszyn innych marek. Ścisłe związki z firmą JOHN DEERE, której Zürn jest również regionalnym dilerem w Badenii-Wirtembergii, są szczególnie widoczne w wypadku hedera Premium Flow, produkowanego przez spółkę-córkę Zürn Harvesting wyłącznie dla amerykańskiego koncernu.

Od 2005 roku firma Zürn rozszerzyła swoją produkcję o dział dla hodowli roślin produkujący kombajny do zbioru poletek hodowlanych oraz siewniki, nośniki narzędzi na wysokich kołach oraz precyzyjne siewniki pneumatyczne nawozowe. Do konstrukcji i produkcji zatrudnieni zostali pracownicy dawnej firmy HEGE posiadający wieloletnie doświadczenie w produkcji maszyn poletkowych.

### Kombajny poletkowe Zürn

Dzięki zastosowaniu myśli technicznej i podzespołów z seryjnych maszyn JOHN DEERE budowane są kombajny poletkowe o podwyższonej wydajności i precyzji.

Współpraca z siecią serwisowo — handlową JOHN DEERE gwarantuje wsparcie techniczne na całym świecie. Zespół pracowników jest otwarty na propozycje i sugestie klienta dzięki którym można jeszcze udoskonalać produkty.

Kombajny poletkowe Zürn pozwalają na zbiór nasion wszystkich roślin uprawnych spełniając najwyższe wymagania hodowców dotyczące dokładności, czystości i braku zamieszek w zbieranych materiałach hodowlanych. Kombajny można wyposażyć w automatyczne systemy wagowe z pomiarem wilgotności próby lub analizę NIRS.



### **Siewniki poletkowe**

W ofercie firmy Zürn znajdują się zestawy samobieżne siewników do poletek doświadczalnych z ciągnikami JOHN DEERE. Siewniki Z-82 wyposażone w programator elektroniczny pozwalają na automatyczny, dokładny wysiew bez konieczności obsługi lejka zasypowego przez operatora. Długość poletka oraz ścieżki ustawiana jest przy pomocy terminalu. Z-62 to siewnik poletek doświadczalnych z możliwością wysiewu manualnego tradycyjną metodą spustu nasion. Długość poletka ustawiana jest przy pomocy przekładni. W ofercie znajdują się także siewniki jednorzędowe i punktowe. Nowością są precyzyjne siewniki nawozowe oraz nośniki narzędzi.



## Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR



**Władysław Poślednik**  
Prezes Zarządu

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR gospodaruje na powierzchni ok. 4800 ha, zatrudniając 265 pracowników. Firma składa się z zakładu głównego w Smolicach oraz trzech oddziałów zamiejscowych: w Bąkowie, Przebędowie i Ożarisku.

Główna działalność firmy to hodowla twórcza i zachowywanie odmian roślin rolniczych oraz reprodukcja i sprzedaż materiału siewnego. Dzięki znakomitej kadrze hodowców, ogromnej ilości i różnorodności materiału genetycznego oraz nowoczesnym metodom hodowli, jesteśmy znaczącą firmą hodowlaną, a za sprawą nowoczesnych maszyn i urządzeń do uprawy roli, siewu, zbioru oraz czyszczenia i zaprawiania – także znaczącą firmą nasienną.

Jesteśmy właścicielami ponad 100 odmian roślin uprawnych, znajdujących się w produkcji nasiennej, które określić można hasłem: dobre, bo polskie.



Smolice 146, PL 63-740 Kobylin  
tel. +48 65 548 24 20 • [www.hrsmolice.pl](http://www.hrsmolice.pl)



Worldwide No.1  
**WINTERSTEIGER**  
in field research equipment.

Od siewu do zbioru – twój partner w technice poletkowej!

Siew

Nawożenie i ochrona roślin

Zarządzanie danymi

Zbiór

Sprzęt laboratoryjny

**Zakres oferowanego sprzętu:**

- Kombajny poletkowe i kombajny do rozmnożeń
  - Młocarnie stacjonarne
  - Ścinacze zielonek
  - Siewniki poletkowe
- Zarządzanie danymi i nawigacja satelitarna
  - Nawożenie i ochrona roślin
  - Sprzęt laboratoryjny

**Roltech E. Majka Sp.j.**, ul. Kostrzyńska 12, 61-042 Poznań  
Tel: +48 61 879 47 36, [biuro@roltech.poznan.pl](mailto:biuro@roltech.poznan.pl), [www.roltech.poznan.pl](http://www.roltech.poznan.pl)

# OCENA POLETEK Z DRONA

SZYBKA, OBIEKTYWNA I POWTARZALNA  
METODA WSPOMAGANIA FENOTYPOWANIA



**ZBIERANIE DANYCH**  
Przelot > monitoring



**TWORZENIE MAP**  
Łączenie zdjęć  
i obliczanie wskaźników  
wegetacyjnych



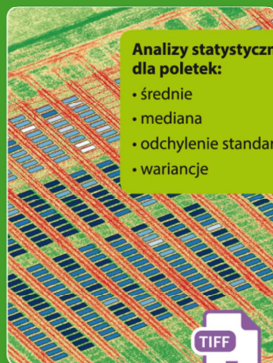
**OCENA MAP**  
- Analizy GIS



**RAPORTOWANIE**  
Dokumentowanie  
i integrowanie danych

## Dane do dokumentacji i analizy

- zdjęcia lotnicze
- wskaźniki wegetacyjne (WW, np. NDVI), mapa
- model 3D



**Analizy statystyczne WW dla poletek:**

- średnie
- mediana
- odchylenie standardowe
- wariancje

- Ubytki, stopień pokrycia
- Zliczanie roślin
- Wysokość roślin (lanu)
- Termin kwitnienia
- Inne



Geotiff



raporty



XLS

tabele excel

**AG DRONES**  
by AGRI-GROW Sp. z o.o.  
Osówiec, Cicha 16  
86-014 Sicienko

tel. **601 650 615**  
pawel@agdrones.net

[www.agdrones.net](http://www.agdrones.net)

 **AG DRONES**  
Agricultural Services

Jesteśmy brokerem  
ubezpieceniowym  
działającym  
na rynku polskim  
od 1994 roku



Działalność rolnicza związana jest z procesami gospodarczymi, a w ślad za tym wieloma ryzykami. Obok „zwykłych” zdarzeń, które występują w różnych rodzajach działalności gospodarczej, w rolnictwie występują często szkody masowe, obejmujące duże obszary i mające na ogół charakter klęsk żywiołowych (np. huragany, powodzie, gradobicia oraz pożary). A to oznacza odmowę ubezpieczenia ze strony zakładów ubezpieczeń lub bardzo wysokie składki.



Te warunki powodują, iż do zagrożeń w gospodarstwach rolnych należy podchodzić w sposób zindywidualizowany, ale jednocześnie odnosząc to do warunków obowiązujących na całym rynku ubezpieczeniowym: dostępnych produktów ubezpieczeniowych (np. wykorzystanie ubezpieczeń z dopłatami do kształtowania indywidualnych programów), stawek stosowanych przez zakłady ubezpieczeń.

Opracowując program ubezpieczeniowy dla branży rolnej istotne jest, aby kierować się konkretnymi przesłankami, wynikającymi z analizy ryzyk, ze specyfiki działalności oraz indywidualnych potrzeb każdego gospodarstwa, przedsiębiorstwa.

- Na podstawie analizy zagrożeń określamy rodzaje i zakresy ubezpieczeń, niezbędnych do ochrony wcześniej rozpoznanych ryzyk.
- Istotnym elementem opracowywanych przez nas programów ubezpieczeniowych jest wprowadzanie szeregu klauzul zmieniających treść ogólnych warunków ubezpieczenia. Nasze rozwiązania mają na celu wyeliminowanie zapisów niekorzystnych z punktu widzenia zakresu odpowiedzialności zakładu ubezpieczeń, przyszłej likwidacji szkód, usprawnienia obsługi ubezpieczeniowej oraz szybkiej wypłaty odszkodowań.
- Dążymy do maksymalnego zmniejszenia lub likwidacji ograniczeń odpowiedzialności towarzystw ubezpieczeniowych (wyłączeń), wysokości fransyz i udziałów własnych w szkodach, tak by szczególnie w przypadku dużych zdarzeń, stosowanie ich było mniej dotkliwe.
- Jeśli wymaga tego sytuacja, proponujemy zmiany i modyfikacje obowiązujących zapisów ubezpieczeniowych, np. objęcie ochroną nowych ryzyk (nowe, bardziej adekwatne do sytuacji definicje), zwiększenie limitu odpowiedzialności na zdarzenie.

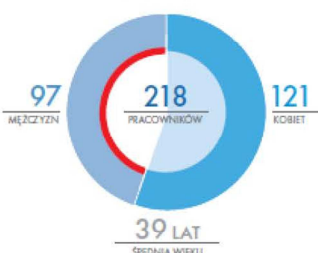
Nasze działania są wysoko cenione przez spółki należące do Krajowego Ośrodka Wsparcia Rolnictwa (między innymi w naszej obsłudze jest Kombinat Rolny Kietrz Sp. z o.o., Przedsiębiorstwo Rolne Długie Stare Sp. z o.o., OHZ w Osieku, OHZ Głogówek Sp. z o.o., HZZ Osowa Sień Sp. z o.o.). Współpracujemy w zakresie opieki nad ubezpieczeniami i procesem zarządzania ryzykiem z ponad 90 różnej wielkości gospodarstwami rolnymi, realizując m.in. autorskie rozwiązania w zakresie ubezpieczenia maszyn rolniczych od awarii, utraty dochodów w produkcji zwierzęcej (np. w wyniku choroby zakaźnej), czy indeksowego ubezpieczenia suszy w uprawach (np. ziemniaka).



### ZESPÓŁ

Pracownicy MENTOR S.A. to dynamiczny, ponad dwuosobowy zespół posiadający duże doświadczenie zawodowe. Obecnie 123 pracowników spółki posiada licencje brokerskie. Ich działania wspierają ekonomiści, prawnicy, specjaliści z zakresu IT, oceny ryzyk i likwidacji szkód ubezpieczeniowych.

ZATRUDNIENIE W MENTOR S.A.



### ZAPEWNIAMY

- Kompleksowe czynności brokerskie na najwyższym poziomie, potwierdzone certyfikatem jakości ISO 9001-2009.
- Absolutną poufność powierzonych nam informacji potwierdzoną przez: System Zarządzania Bezpieczeństwem Informacji (certyfikat ISO 27001).
- Całkowite bezpieczeństwo Państwa biznesu poparte polisą odpowiedzialności cywilnej brokera na kwotę gwarancyjną 50 000 000 euro.
- Oferty reasekuracyjne pozyskiwane przez naszą spółkę córkę MENTOR RE Sp. z o.o.
- Wsparcie merytoryczne i operacyjne w zakresie kreowania długofalowej polityki ubezpieczeniowej.
- Współpracę z najlepszymi brokerami, z których blisko 60% posiada wykształcenie prawnicze i wyspecjalizowanymi biurami do Państwa dyspozycji, zatrudniającymi ponad 170 pracowników.
- Likwidację szkód ubezpieczeniowych. Rokrocznie uczestniczymy w likwidacji kilku tysięcy szkód, praktycznie ze wszystkich rodzajów ryzyk ubezpieczeniowych występujących na naszym rynku. Ich wartość wynosi od kilkudziesięciu do kilkuset milionów złotych rocznie.

### DZIAŁAMY SKUTECZNIE

Naszym najważniejszym zadaniem jest reprezentowanie Klientów przed zakładami ubezpieczeń oraz udzielanie pomocy w zakresie likwidacji szkód i windykacji roszczeń. Nawet najlepszy program ubezpieczeniowy nie jest tak dobry, jak serwis likwidacji szkód, współmierny do wysokości wypłaconych odszkodowań. Każdego roku likwidujemy kilka tysięcy szkód praktycznie ze wszystkich rodzajów ryzyk ubezpieczeniowych występujących na naszym rynku. Ich wartość wynosi od kilkudziesięciu do kilkuset milionów złotych rocznie. Naszym Klientom umożliwiamy dostęp do bazy online przez Panel Klienta, dzięki któremu mają możliwość zestawienia tych informacji z wysokością zapłaconych składek ubezpieczeniowych.

Hodowla Roślin Bartązek Sp. z o.o.



## HODOWLA ROŚLIN BARTĄZEK SP. Z O.O. GRUPA IHAR

Od 5 października 2018 r. zmiana nazwy Spółki

## HODOWLA ROŚLIN GRUNWALD SP. Z O.O. GRUPA IHAR

Historia prac hodowlanych w Bartązku sięga 1957 roku. W 2005 roku powstała Spółka z o.o. Hodowla Roślin Bartązek Grupa IHAR. Spółka zajmuje się hodowlą twórczą i zachowawczą odmian wiechlinowatych i bobowatych drobnonasiennych. Zmiana nazwy w 2018 roku nastąpiła w związku z planowanym przeniesieniem działalności Spółki na teren gminy Grunwald w powiecie ostródzkim.

### Hodowla twórcza

W Spółce prowadzona jest hodowla twórcza w następujących gatunkach:

**trawy pastewne:** życica wielokwiatowa, życica trwała 2x,  
*xFestulolium* ssp., kupkówka pospolita



**trawy gazonowe:** kostrzewa trzcinowa, kostrzewa  
czerwona półrozłogowa, kostrzewa czerwona rozłogowa



**bobowate drobnonasienne:** lucerna siewna, koniczyna z  
krótką rurką



[www.bartazek.pl](http://www.bartazek.pl), e-mail: [biuro@bartazek.pl](mailto:biuro@bartazek.pl)

### Hodowla zachowawcza

Prace nad zachowaniem dotyczą 29 odmian traw oraz bobowatych drobnonasiennych w następujących gatunkach:

- życica trwała
- życica mieszańcowa
- życica westerwoldzka
- życica wielokwiatowa

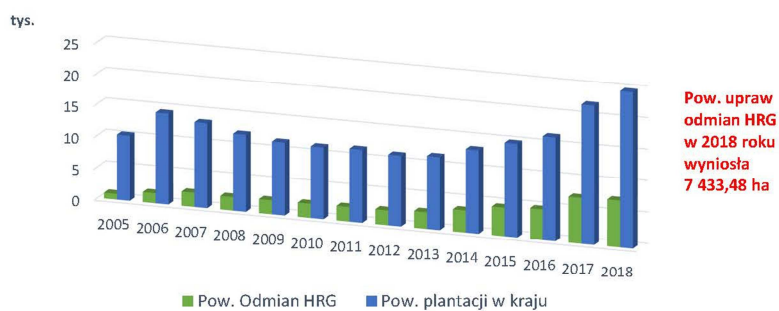
- tymotka łąkowa
- kupkówka pospolita
- wiechlina łąkowa

- kostrzewa czerwona
- kostrzewa łąkowa
- kostrzewa trzeźnowa

- koniczyna łąkowa
- lucerna mieszańcowa



Powierzchnia odmian traw HRG w ogólnej powierzchni plantacji nasiennych zakwalifikowanych polowo w latach 2005-2018



Udziałowcy Spółki:



www.bartazek.pl, e-mail: biuro@bartazek.pl

Przedsiębiorstwo **T&B Masters s.c.** specjalizuje się w kompleksowym wykonawstwie komór fitotronowych i jarowizacyjnych, pokoi wzrostowych, komór do badań nad mrozoodpornością oraz badawczych obiektów szklarniowych.



Przykładowe realizacje

**Nasza oferta obejmuje:** prace projektowe, prace budowlane, prace modernizacyjno-adaptacyjne, dobór, dostawę i montaż wyposażenia technologicznego w zakresie:

- automatycznych systemów magazynowania i dystrybucji wody,
- automatycznych systemów nawadniania i nawożenia,
- automatycznych systemów ramion opryskowych,
- pompowi z systemem dystrybucji wody,
- stacji filtracji i uzdatniania wody oraz systemów odwróconej osmozy,

- systemów recyrkulacji i dezynfekcji pożywek,
- układów zamgławiania wysokociśnieniowego oraz systemów nawilżania ultradźwiękowego,
- stołów zalewowe
- regałów stacjonarnych i mobilnych wykonywane w technologii INOX
- automatycznych systemów doświetlania w technologii HPS oraz LED,
- komputerów klimatycznych
- paneli sterowania i zabezpieczeń urządzeń technicznych,
- systemów pomiarowych i rejestracyjnych warunków hodowli roślin,
- systemów zasilania awaryjnego wraz z agregatami prądotwórczymi,
- systemów chłodniczych, klimatyzacyjnych i central wentylacyjnych.

Jesteśmy przekonani, że dzięki naszej wiedzy, profesjonalizmowi oraz znajomości najnowszych, dostępnych na rynku rozwiązań, sprostamy każdemu zadaniu. Zapraszamy do kontaktu i współpracy.

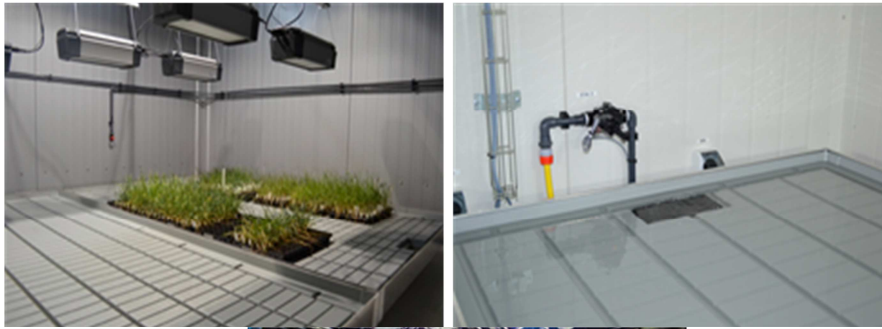


**Regały stacjonarne i mobilne**



**Systemy filtracji i uzdatniania wody**





**Stoly zalewowe**



**Systemy chłodnicze i wentylacyjne, centrale wentylacyjne**



Automatyczne systemy nawodnienia, nawożenia, dystrybucji wody i systemy grzewcze



Systemy magazynowania i dystrybucji wody



Oprogramowanie sterujące i archiwizujące / panele sterowania

Kontakt:

**T&B** Masters s.c.

T&B Masters s.c. Tomasz Łaskowski Bartosz Rodewald

ul. Grunwaldzka 131; 64-100 Leszno

Tomasz Łaskowski e-mail: [tomasz.laskowski@tbmasters.pl](mailto:tomasz.laskowski@tbmasters.pl), tel:+48 601 767887

Bartosz Rodewald e-mail: [bartosz.rodewald@tbmasters.pl](mailto:bartosz.rodewald@tbmasters.pl), tel: + 48 601 793555

[www.tbmasters.pl](http://www.tbmasters.pl)