



Pole doświadczalne w Radzikowie. Fot. Gabriela Wodzyńska-Lapińska

**BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
NR 287/2019**



**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

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

WDROŻENIA

Redaktor Tematyczny: Wojciech Nowacki

Józef Adamczyk, 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 Tematyczny: Magdalena Szechyńska-Hebda

Katarzyna Gacek, Karolina Mitura, Wiesław Podyma

Sekretarz Redakcji: Gabriela Wodzyńska-Łapińska

Czasopismo ukazuje się od 1951 roku

Redaktor techniczny i skład komputerowy: Gabriela Wodzyńska-Łapińska

Druk: ATEMI Andrzej Jaczewski

DMN²⁰¹⁸

Dzień Młodego Naukowca

Dzień Młodego Naukowca w 2018 roku w IHAR — PIB w Radzikowie

W dniu 8 listopada 2018 roku w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowym Instytucie Badawczym w Radzikowie odbył się Dzień Młodego Naukowca 2018. W konferencji uczestniczyło 140 młodych pracowników z IHAR-PIB, Zakładów Doświadczalnych IHAR-PIB oraz polskich Firm Hodowlanych i Uczelni wyższych.

Spotkanie odbyło się pod Patronatem Honorowym Burmistrza Gminy Błonie. Z ramienia Urzędu Miejskiego w Błoniu honorowymi gośćmi konferencji byli Zastępca Burmistrza Błonia Pan Marek Książek oraz Naczelnik Wydziału Rolnictwa, Gospodarki Nieruchomościami i Ochrony Środowiska, Pan Alfred Sobczak.

Celem spotkania młodych pracowników naukowych było wzajemne poznanie się, przedstawienie realizowanych badań, prezentacja swoich osiągnięć, wymiana doświadczeń oraz nawiązywanie wzajemnej współpracy pomiędzy poszczególnymi osobami, zespołami oraz pomiędzy Instytutem i Firmami Hodowlanymi.

Podczas pierwszej części spotkania uczestnicy mieli możliwość zaprezentowania swoich zespołów, Jednostek oraz przedstawienie zakresu prowadzonych prac i możliwości współpracy.


Część konferencyjna rozpoczęła się wykładem zaproszonego gościa, Pani dr hab. inż. Urszuli Zajączkowskiej z Samodzielnego Zakładu Botaniki Leśnej, Wydziału Leśnego SGGW w Warszawie, pt.: „Czasoprzestrzenie roślin”.

W dalszej części konferencji przedstawiono 10 wykładów i zaprezentowano 44 postery.

Konferencja była współfinansowana przez: Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Burmistrz Gminy Błonie, A.G.A. Analytical Sp. z o.o. Sp. K., BASF Polska Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Donserv[®], Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o., Kötterman Sp. z o.o., Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego Sp. z o.o., Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., IHAR-PIB.

Ważnym elementem sesji zapoznawczej była prezentacja zakresu prowadzonych badań, możliwości współpracy oraz potrzeb poszczególnych zespołów badawczych, których reprezentanci uczestniczyli w konferencji. Informacje prezentowane przez uczestników przedstawiono w tabelach 1 i 2.

Tabela 1

Jednostki naukowe	
Prowadzona działalność badawcza	Możliwości współpracy
	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy Radzików, 05-870 Błonie Dyrektor: prof. dr hab. Henryk Bujak Z-ca Dyrektora ds. Naukowych: dr hab. Magdalena Szechyńska-Hebda
	Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych Kierownik: dr Wiesław Podyma
— Koordynacja działań związanych z ochroną i udostępnianiem zasobów genetycznych roślin użytkowych.	— Udostępnianie prób nasion do celów hodowlanych, badań naukowych i dydaktycznych (ponad 80 tysięcy obiektów w przechowalni długoterminowej).
— Gromadzenie i zachowanie w kolekcjach polowych, <i>in vitro</i> i kriokonserwacja, charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genetycznych i informacji w zakresie roślin rolniczych oraz innych roślin użytkowych, spokrewnionych dzikich gatunków i roślin towarzyszących.	— Genotypowanie z wykorzystaniem technologii NGS.
— Prowadzenie centralnej długoterminowej przechowalni nasion zasobów genetycznych roślin użytkowych, prowadzenie herbarium.	— Genotypowanie przy użyciu klasycznych markerów molekularnych (rozdział w sekwenatorze kapilarnym).
— Prowadzenie centralnej bazy danych i udostępnianie informacji o zasobach genetycznych roślin użytkowych.	— Selekcja wspomagana markerami molekularnymi (MAS) – analiza tła genetycznego, selekcja oraz mapowanie genów odporności.
— Poszerzanie różnorodności gatunków i odmian roślin rolniczych i zielarskich na obszarach wiejskich oraz podnoszenie świadomości społeczeństwa w zakresie znaczenia roślinnych zasobów genowych.	— Oznaczanie poziomu ploidalności, Analizy miRNA.
	— Analiza danych - zmienność genetyczna, genetyka populacji, filogenetyka.
	— Wytwarzanie materiałów wyjściowych dla spółek hodowlanych.
	— Udział w ekspedycjach terenowych.

- Efektywność piramidowania genów odporności na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*) i rdzę brunatną (*Puccinia triticina*) w pszenicy ozimej.
- Współdziałanie odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) warunkowanej genem *mlo* z wartością cech gospodarczych jęczmienia ozimego.

Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych

Kierownik: prof. dr hab. Danuta Boros

- | | |
|---|---|
| <ul style="list-style-type: none"> — Analiza ziarna i nasion mieszanek wewnątrz i międzygatunkowych zbóż i zbożowo-strączkowych jako surowca roślinnego do przetwórstwa rolno-spożywczego, w tym produkcji paszy o wysokiej wartości żywieniowej i prozdrowotnej. — Poszukiwanie czynników wpływających na wartość technologiczną żyta i pszenicy. — Analiza zawartości endogennych substancji antyodżywczych w ziarnach zbóż różnych gatunków i odmian oraz mieszanek paszowych przewidzianych do zastosowania w doświadczeniach na zwierzętach. — Zwiększenie stopnia wykorzystania śruty rzepakowej w mieszanek paszowych dla drobiu, poprzez analizę zmienności cech fizyko-chemicznych nasion rzepaku i zawartości w nich składników antyżywnościowych. — Badanie czynników determinujących niską strawność białka śruty uzyskanej z nasion rzepaku ozimego. — Badanie składników determinujących wartość odżywczą i funkcjonalną owsa oraz ich relacji w ziarnie obłuszczonej i oplewionym. | <ul style="list-style-type: none"> — Analiza zawartości składników odżywczych (białko, lipidy, składniki mineralne, skrobia) i bioaktywnych (m.in.: błonnik pokarmowy, lepkość, związki fenolowe, alkilorezorcynole) w ziarnach zbóż różnych gatunków i odmian, roślinach strączkowych, rzepaku i mieszanek paszowych. — Ocena wartości biologicznej białka w doświadczeniach na zwierzętach. — Skład aminokwasowy białka. — Ocena wartości browarnej jęczmienia i pszenicy. — Ocena wartości technologicznej ziarna zbóż. |
|---|---|

Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin

Kierownik: prof. dr hab. Piotr Bednarek

- | | |
|--|--|
| <ul style="list-style-type: none"> — Badanie fizjologicznych mechanizmów reakcji roślin zbożowych na stresy środowiskowe: suszę, niską temperaturę, niski odczyn gleby i jej małą zasobność w mineralne składniki pokarmowe oraz wykorzystanie markerów molekularnych w celu identyfikacji w/w cech oraz określania genetycznej różnorodności materiałów hodowlanych. — Identyfikacja znaczników molekularnych sprzężonych z genami przywracania płodności pyłku u żyta oraz utrzymania sterility u pszenżyta. — Analiza molekularna zmienności somaklonalnej u jęczmienia, pszenicy i pszenżyta. — Badanie wpływu oświetlenia monochromatycznego oraz składu pożywki w kulturach <i>in vitro</i> oraz ocena ogólnego poziomu metylacji genomu jądrowego na przykładzie jęczmienia. — Analiza składników bioaktywnych żyta, pszenicy i owsa w celach selekcji materiałów hodowlanych. — W wyniku prowadzonych badań opracowywane są metody atestacji materiałów hodowlanych pod względem badanych cech fizjologicznych. Metody te służą do tworzenia odpowiednich materiałów wyjściowych do hodowli. | <ul style="list-style-type: none"> — Ocena fizyko- i biochemiczna oraz molekularna materiałów hodowlanych pod względem odporności na stresy środowiskowe a także przydatności żywieniowej. — Poprawienie efektywności androgenyzy przy pomocy światła monochromatycznego oraz kompozycji pożywek. — Ocena wpływu mechanizmów epigenetycznych na ekspresję genów związanych ze stresami abiotycznymi (metAFLP, MSAP). — Konstruowanie map genetycznych z wykorzystaniem programów JoinMap oraz MultiPoint. — Identyfikacja QTL oraz markerów związanych z ekspresją wybranych genów. |
|--|--|

Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin

Kierownik: prof. dr hab. Janusz Zimny

- | | |
|--|---|
| <ul style="list-style-type: none"> — Embriologia eksperymentalna i somatyczna embriogeneza — regeneracja roślin z zarodków somatycznych indukowanych z różnych eksplantatów, wpływ właściwości spektralnych światła na proces somatycznej embriogenezy. — Androgenyza — regeneracja roślin DH i linii homozygotycznych metodą izolowanych mikrospor i kultur pylnikowych (pszenicy, żyta, pszenżyta i jęczmienia) dla hodowli roślin. — Rośliny transgeniczne, transformacja tkanek roślinnych dla celów badawczych i aplikacyjnych. — Identyfikacja i ocena zawartości GMO w materiale pochodzenia roślinnego metodą jakościowego PCR i ilościowego RealTime PCR, pozwalające m. in. na prawidłowe znakowanie produktów. — Organizowanie szkoleń w zakresie analizy GMO, ekspresji genów, RealTime PCR. — Gromadzenie informacji w celu lepszego zrozumienia zagadnień związanych z GMO w żywności, paszach i środowisku. — Laboratorium posiada system zarządzania jakością i uznawaną międzynarodową akredytację Polskiego Centrum Akredytacji nr AB 748, potwierdzającą zgodność z normą PN-EN ISO/IEC 17025. | <ul style="list-style-type: none"> — Regeneracja roślin DH i linii homozygotycznych (pszenicy, żyta, pszenżyta i jęczmienia) dla hodowli roślin. — Pomoc naukowa i techniczna dla oficjalnych laboratoriów kontroli. — Współpraca z instytucjami zaangażowanymi w pobieranie próbek, detekcję, identyfikację i oznaczenie ilościowe GMO (w środowisku, żywności, paszach i nasionach). — Analizy komercyjne GMO – jakościowe i ilościowe. |
|--|---|

Zakład Fitopatologii

Kierownik: prof. dr hab. Edward Arseniuk

- Porejestrowe Doświadczenia Odmianowe w ramach współpracy z COBORU.
- Doświadczenie Wstępne w ramach współpracy ze Spółkami Hodowli Roślin.
- Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji patogenów z kompleksu *Stagonospora* spp./*S. tritici* – sprawców plamistości liści i plew pszenicy i pszenżyta.
- Usprawnienie diagnozowania organizmów kwarantannowych ziemniaka oraz metod oceny odporności na te organizmy.
- Toksyny białkowe *Stagonospora nodorum* i ich związek z patogenicznością oraz odpornością pszenżyta i pszenicy na septoriozę liści i plew.
- Opracowanie i wykorzystanie metod biotechnologicznych skracających cykl hodowlany i zwiększających efektywność selekcji genotypów ozimej pszenicy i ozimego pszenżyta o podwyższonej odporności i tolerancji na septoriozę liści i plew [(czynnik sprawczy: *Stagonospora nodorum* (Berk.) E. Castell. & Germano)].
- Ocena materiałów hodowlanych i poszukiwanie źródeł odporności zbóż na septoriozę, mączniak, rdzę żółtą i brunatną oraz fuzariozę.
- Analiza odporności materiałów hodowlanych na białkowe toksyny wytwarzane przez *P. nodorum*: Tox1 Tox3, Tox5 i ToxA.
- Pomiar metabolitów wtórnych i toksyn w ziarnie zbóż i kukurydzy.
- Modyfikacje genetyczne dla patogenów.
- Przygotowanie inokulum *P. nodorum* i *F. culmorum* celem wykonania sztucznej inokulacji.

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

Kierownik: dr hab. Paweł Czembor prof. IHAR-PIB

- Identyfikacja genów odporności na mączniaka i rdzę karłową jęczmienia oraz septoriozę, rdzę brunatną i rdzę żółtą w pszenicy.
- Monitorowanie, gromadzenie i charakterystyka patogeniczności populacji najważniejszych patogenów jęczmienia i pszenicy.
- Badanie nad przydatnością odmian pszenżyta oraz kukurydzy na ziarno i kiszonkę w warunkach rolnictwa konwencjonalnego oraz ekologicznego.
- Badania nad cytoplazmatyczną męską sterylnością w kukurydzy i odmianach mieszańcowych pszenżyta.
- Badania nad reintrodukcją dawnych odmian populacyjnych kukurydzy.
- Hodowla odmian mieszańcowych żyta z wykorzystaniem cytoplazmatycznej męskiej sterylności.
- Sprawdzanie materiałów pod kątem odporności na patogeny oraz posiadane geny odporności przy użyciu markerów molekularnych oraz doświadczeń fitopatologicznych.
- Doświadczenia odmianowe oraz DH kukurydzy.

Zakład Genomiki Funkcjonalnej

Kierownik: prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk

- Rola genów CKX w rozwoju jęczmienia i pszenicy (badania z zastosowaniem technologii RNAi i CRISPR/Cas9).
- Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy korelującej z potencjałem plonotwórczym i wybranymi cechami systemu korzeniowego.
- Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy związanej z twardością ziarna i właściwościami technologicznymi mąki
 - analiza genów *Pina* i *Pinb* i ich roli w kształtowaniu cechy twardości ziarna,
 - badania zmienności allelicznej genów *Pin* w polskich odmianach i materiałach hodowlanych pszenicy zwyczajnej.
- Identyfikacja podjednostek HMW białek gluteninowych pszenicy skorelowanych z korzystnymi właściwościami technologicznymi mąki
 - opracowanie systemu uczenia maszynowego do identyfikacji podjednostek gluteninowych pszenicy.
- Opracowanie i optymalizacja metod transformacji genetycznej zbóż za pomocą *Agrobacterium tumefaciens*.
- Analiza genetyczna materiałów hodowlanych zbóż pod kątem korzystnych cech agronomicznych związanych z produktywnością i właściwościami technologicznymi ziarna.
- Zastosowanie technologii RNAi w zbożach.
- Zastosowanie technologii CRISPR/Cas9 w edytowaniu genomu zbóż.
- Transformacja genetyczna zbóż (jęczmień, pszenica, pszenżyto, owies).

Zakład Inżynierii Genetycznej

Kierownik: prof. dr hab. Wacław Orczyk

- Identyfikacja genów pszenicy związanych z zaburzeniami mikrosporogenezy i zamieraniem mikrospor w reakcji roślin na stres abiotyczny.
- Identyfikacja genu pszenicy kodującego kinazę związaną ze ścianą komórkową (TaWAK) i badanie funkcji tego genu. — Udział tego genu w odporności pszenicy na rdzę brunatną.
- Identyfikacja rodziny genów GSK w jęczmieniu i badanie ich funkcji biologicznej. Funkcja molekularna białek kodowanych przez GSK to fosforylacja czynników transkrypcyjnych i negatywna regulacja sygnału brassinosteroidów.
- Charakterystyka odporności przedłużonej pszenicy na rdzę brunatną oraz wykorzystanie wskaźników tej odporności do selekcji roślin.
- Hodowcy pszenicy w zakresie selekcji roślin o odporności przedłużonej.
- Hodowcy pszenicy w zakresie selekcji roślin tolerujących suszę wiosenną.
- Hodowcy jęczmienia w zakresie selekcji roślin tolerujących stres abiotyczny (GSK).
- Hodowcy jęczmienia w zakresie selekcji roślin o podwyższonej produktywności (GSK).

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa <i>Kierownik: dr hab. Barbara Wiewióra prof. IHAR-PIB</i>	
— Monitoring krajowego rynku nasiennego oraz przygotowywanie analiz i raportów dotyczących sektora hodowlano-nasiennego.	— Ocena wartości siewnej materiału siewnego roślin rolniczych oraz upowszechniania wiedzy z zakresu planowania i zarządzania eksperymentami hodowlano-nasienymi oraz metod analizy danych doświadczalnych.
— Planowanie i zarządzanie eksperymentami hodowlano-nasienymi oraz opracowywanie metod analizy danych doświadczalnych.	— Wytwarzanie materiałów wyjściowych do prac hodowlanych grochu, soi i fasoli
— Identyfikacja czynników chorobotwórczych przenoszonych przez nasiona roślin uprawnych, głównie zbóż i traw.	— Prowadzenie szkoleń dotyczących wdrażania Międzynarodowych Przepisów Oceny Nasion ISTA.
— Wytwarzanie materiałów wyjściowych do prac hodowlanych grochu, soi i fasoli.	— Badania nad grzybami endofitycznymi zasiedlającymi trawy.
— Weryfikacja tożsamości gatunkowej i odmianowej oraz ocena czystości genetycznej prób nasion zbóż i traw.	— Badania nad odpornością roślin strączkowych na główne patogeny grzybowe.
— Nasionoznawstwo roślin uprawnych, chwastów oraz badanie wartości siewnej i przechowalniczej nasion.	
Zakład Traw, Roślin Motylkowatych i Energetycznych <i>Kierownik: dr hab. Grzegorz Żurek prof. IHAR-PIB</i>	
— Opracowanie zasad produkcji nasiennej traw, roślin motylkowatych i energetycznych.	— Wsparcie hodowli odmian traw, roślin motylkowatych i energetycznych.
— Ocena reakcji traw na stropy abiotyczne jak np. susza, cień, skażenie gleby metalami ciężkimi.	— Prowadzenie badań nad odmianami roślin w różnych warunkach siedliskowych.
— Badania nad epidemiologią chorób traw, roślin motylkowatych, energetycznych i kukurydzy.	— Wsparcie merytoryczno-marketingowe w procesach wprowadzania nowych odmian czy mniej znanych gatunków roślin na rynek.
— Poszukiwanie nowych rozwiązań technologicznych dla wykorzystania traw i roślin na cele pozapaszowe w produkcji energii, celulozy oraz materiałów budowlanych.	
— Ocena odmian traw gazonowych dla określenia jakości użytkowej w polskich warunkach klimatycznych.	
— Badania związane z eksploatacją nawierzchni sportowych w warunkach przedłużania wegetacji.	
IHAR-PIB Oddział Bonin Zakład Nasiennictwa i Ochrony Ziemiaka <i>Kierownik: dr inż. Agnieszka Przewodowska</i>	
— Opracowywanie nowych testów diagnostycznych oraz udoskonalanie istniejących metod wykrywania wirusowych (PVY, PVM, PLRV, PVX, PVS) i bakteryjnych (Cms) patogenów ziemniaka oraz prace nad metodami szybkiej identyfikacji odmian ziemniaka.	— Opracowywanie szybkich testów diagnostycznych na patogeny różnych roślin uprawnych.
— Gromadzenie i utrzymywanie w stanie żywym (w formie roślin <i>in vitro</i> i mikrobiulw) krajowych odmian ziemniaka w Banku Genów, w tym również starych, nieuprawianych już odmian.	— Identyfikacja odmian ziemniaka metodami biochemicznymi.
— Monitorowanie dynamiki liczebności i składu gatunkowego mszyc, zagrożenia szkodnikami glebowymi oraz chorobami grzybowymi ziemniaka na terenie Polski.	— Badanie zdrowotności materiału roślinnego metodami immunologicznymi i molekularnymi.
— Ocena porażenia sadzeniaków ziemniaka wirusami: PVY, PVM, PVS, PVA, PVX, PLRV, TRV testem DAS ELISA oraz ocena odmian pod kątem trudności przerywania spoczynku bulw zaraz po zbiorze oraz trudności w produkcji nasiennej.	— Odnawianie genotypów niechronionych odmian ziemniaka przechowywanych w Banku Genów.
— Testowanie nowych środków ochrony roślin (insektycydy, fungicydy, herbicydy, desykanty) na potrzeby badań rejestracyjnych.	— Badania nawozów i środków ochrony roślin w warunkach polowych.
— Badania polowe i laboratoryjne związane z plonowaniem i zdrowotnością bulw ziemniaka (nawożenie doglebowe, dolistne, zabiegi agrotechniczne itp.).	— Doradztwo w zakresie uprawy, diagnostyki itd.
	— Szkolenia.
IHAR-PIB Oddział Bydgoszcz Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych <i>Kierownik: vacat</i> Zakład Technologii Produkcji Roślin Okopowych <i>Kierownik: dr hab. Mirosław Nowakowski prof. IHAR-PIB</i>	
— Poszukiwanie i ocena genotypów tolerancyjnych na stres suszy w materiałach hodowlanych buraka cukrowego (<i>Beta vulgaris</i> L.).	— Identyfikacja genetyczna (fingerprinting) odmian i gatunków roślin korzeniowych oraz wieloletnich traw energetycznych za pomocą markerów molekularnych (RAPD, ISSR, SSR).
— Doskonalenie procesu gynogenezy buraka cukrowego.	— Analiza cytogenetyczna roślin (stopień ploidalności, liczba chromosomów).
— Biologiczna i molekularna ocena haploidów, podwojonych haploidów oraz materiałów mącznych buraka cukrowego.	— Rozmnażanie cennych genotypów roślin w kulturach <i>in vitro</i> .
— Gromadzenie i ocena form uprawnych i gatunków dzikich rodzaju <i>Beta</i> .	— Pozyskiwanie linii haploidalnych oraz podwojonych haploidów (DH) metodą kultur niezaplodnionych zalążków buraka cukrowego (<i>Beta vulgaris</i> L.).
— Mikrorozmnażanie traw energetycznych z rodzaju <i>Miscanthus</i> , molekularna i cytogenetyczna identyfikacja odmian i gatunków wieloletnich traw energetycznych z rodzaju <i>Miscanthus</i> .	— Testy <i>in vitro</i> wykorzystywane do selekcji genotypów w kierunku odporności na <i>Cercospora beticola</i> Sacc.
— Ocena zróżnicowania i dystansu genetycznego w wybranych grupach obiektów na podstawie markerów genomowych oraz cytoplazmatycznych.	— Badanie Laboratoryjnej Zdolności Kielkowania oraz Polowej Zdolności Wschodów buraka cukrowego i innych gatunków.
— Weryfikacja skuteczności arbitralnych oraz tandemowo-powtarzalnych systemów markerów molekularnych	— Analiza zagęszczenia populacji <i>Heterodera schachtii</i> w glebie i obecności innych agrofagów na plantacji buraka cukrowego.

-
- w identyfikacji badanych materiałów.
 - Doskonalenie metod oceny fenotypowej i genotypowej obiektów buraka, m.in. z zastosowaniem metod bazujących na PCR oraz real-time PCR, identyfikacja oraz walidacja markerów, w tym SNPs (z zastosowaniem m.in. HRM, RFLP), badanie ekspresji wybranych genów.
 - Identyfikacja źródeł zmienności genetycznej oraz odporności na wybrane patogeny wśród form uprawnych buraka oraz obiektów dzikich z rodzaju *Beta* i *Patellifolia*, selekcja materiałów buraka posiadających cechy odporności/tolerancji w odniesieniu do wybranych czynników biotycznych i abiotycznych.
 - Ocena bioaktywnego oddziaływania substancji pochodzenia roślinnego na poziomie komórki — badania na liniach modelowych oraz wpływ na ograniczanie populacji grzybobodobnego pierwotniaka *Polymyxa betae*, wektora BNYVV - uzyskiwanie oraz udokumentowanie działania wybranych pochodnych roślinnych/substancji wzorcowych.
 - Optymalizacja nawożenia ukierunkowana na uzyskanie dużego plonu cukru w warunkach bezobornikowej uprawy buraka cukrowego.
 - Wpływ technologii uprawy i zbioru buraka cukrowego na plon i jakość technologiczną korzeni.
 - Wpływ uprawy tolerancyjnych na nicianie odmian buraka cukrowego na populację mątwika burakowego (*Heterodera schachtii*).
 - Wykorzystanie nowych odmian gorczycy białej jako czynnika sanitarnego i nawozowego w integrowanej uprawie buraka cukrowego i ziemniaka.
 - Monitoring występowania i patogeniczności grzybów powodujących zgnilizny korzeni i zgorzel siewek oraz choroby liści buraka cukrowego.
 - Ocena laboratoryjnej i polowej zdolności wschodów roślin korzeniowych.
 - Tematyka dotycząca biologii *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* (*Cms*) oraz epidemiologii bakteriozy pierścieniowej ziemniaka.
 - Ocena genotypów ziemniaka pod kątem podatności na porażenie przez *Cms*.
 - Analiza patogeniczności populacji bakterii *Cms* wyizolowanej na terenie Polski.
 - Badania oceny metod chemicznej i biologicznej inaktywacji *Cms* i innych patogenów i szkodników ziemniaka.
 - Ocena oddziaływania roślin kapustowatych i innych czynników biologicznych na zachowanie się larw mątwika ziemniaczanego w glebie i w warunkach laboratoryjnych.
 - Utrzymanie populacji niszczyka ziemniaczaka (*Ditylenchus destructor*), w warunkach kontrolowanych oraz badania dotyczące opracowania metody jego zwalczania.
 - Identyfikacja mikrobiologiczna patogenów wywołujących zgorzel siewek i zgniliznę korzeni buraka cukrowego.
 - Analizy zawartości podstawowych makroskładników w próbach gleby oraz materiału roślinnego.
 - Analiza jakości technologicznej korzeni buraka cukrowego (linia Venema).
 - Badanie ekspresji i obecności wybranych genów, diagnostyka wybranych chorób i molekularna charakterystyka patogenów.
 - Doskonalenie metod oceny fenotypowej i genotypowej obiektów buraka, m.in. z zastosowaniem metod bazujących na PCR oraz real-time PCR, identyfikacja oraz walidacja markerów, w tym SNPs (z zastosowaniem m.in. HRM, RFLP).
 - Identyfikacja źródeł zmienności genetycznej oraz odporności na wybrane patogeny wśród form uprawnych buraka oraz obiektów dzikich z rodzaju *Beta* i *Patellifolia*, selekcja materiałów buraka posiadających cechy odporności/tolerancji w odniesieniu do wybranych czynników biotycznych i abiotycznych.
 - Ocena bioaktywnego oddziaływania substancji pochodzenia roślinnego na poziomie komórki - badania na liniach modelowych oraz wpływ na ograniczanie populacji grzybobodobnego pierwotniaka *Polymyxa betae*, wektora BNYVV - uzyskiwanie oraz udokumentowanie działania wybranych pochodnych roślinnych/substancji wzorcowych w w/w zakresach.
 - Badanie kompensacji różnych czynników chorobowych na plonowanie i zdrowotność uprawy ziemniaka.
 - Badanie prób ziemi na obecność cyst mątwika ziemniaczanego.
 - Badanie wpływu różnych roślin uprawnych na zmiany w populacji *G. rostochiensis* w warunkach polowych.
 - Wykrywanie obecności bakterii *Cms* i *R. sol.* w próbach roślinnych.
 - Ocena bakteriobójcza środków dezynfekujących.
 - Badania skuteczności działania nematocydów i innych pestycydów w warunkach polowych i laboratoryjnych.
-

IHAR-PIB Oddział Jadwisin

Zakład Agronomii Ziemniaka

Kierownik: dr Wojciech Nowacki

-
- Agrotechniczna i użytkowa charakterystyka odmian ziemniaka.
 - Badania nad doskonaleniem uprawy ziemniaka w systemach: ekologicznym, integrowanym i specjalistycznym.
 - Badania tolerancji odmian ziemniaka na stresy abiotyczne.
 - Ocena jakości plonu bulw.
 - Badania z zakresu epidemiologii bakteriozy pierścieniowej ziemniaka.
 - Monitorowanie polskiego sektora ziemniaczanego w zakresie funkcjonowania produkcji i rynku.
 - Ocena wartości agrotechnicznej i użytkowej odmian ziemniaka.
 - Doskonalenie technologii sadzenia, metod nawożenia, ochrony, nawadniania, pielęgnacji i zbioru na plantacjach, w różnych systemach i kierunkach produkcji ziemniaka.
 - Badania rejestrowe środków ochrony roślin lub określające rolniczą przydatność nawozów organicznych i mineralnych.
 - Reakcja odmian ziemniaka na stresy abiotyczne (susza i wysoka temperatura) oraz ocena wskaźników morfologiczno-fizjologiczno-biochemicznych roślin.
 - Ocena składu chemicznego bulw ziemniaka (zawartość substancji żywieniowych i anty-odżywczych).
 - Monitorowanie plonowania, jakości zbiorów i stosowanych technologii produkcji ziemniaka w Polsce.
-

IHAR-PIB Oddział Młochów

Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka

Kierownik: prof. dr hab. Waldemar Marczewski

-
- Genetyczne uwarunkowania gromadzenia się skrobi i cukrów redukujących w bulwach ziemniaka
 - Mapowanie genów warunkujących odporność ziemniaka na wirusy oraz analiza porównawcza proteomu roślin z genem Ny-1, zainfekowanych wirusem PVY.
 - Prace związane z charakterystyką źródeł odporności i monitoringiem populacji *Phytophthora infestans* w Polsce,
 - Analiza zawartości metabolitów wtórnych ziemniaka – współpraca z Polskim Ośrodkiem Rozwoju Technologii oraz Instytutem Immunologii Terapii Doświadczalnej PAN (Laboratorium Chemii Biomedycznej).
 - Analiza parametrów fotosyntezy w odmianach ziemniaka poddanych stresowi suszy – IHAR-PIB Oddział Jadwisin.
 - Udział w badaniach nad populacjami patogenów ziemniaka -

- badaniem związku między odpornością ziemniaka na *P. infestans* a długością okresu wegetacji oraz łączeniem wysokiego poziomu odporności na *P. infestans* z ważnymi — cechami użytkowymi ziemniaka.
- Ocena i charakterystyka odporności na wirusy PVY, PVM, PVS — i PVX odmian i rodów hodowlanych.
- Ocena odporności na bakterie pektynolityczne materiałów hodowlanych ziemniaka oraz genetyczne podstawy odporności ziemniaka na bakterie *Dickeya solani*.
- Prace nad ziemniakiem o zwiększonej zawartości związków ważnych w żywieniu - analiza wpływu genotypu i warunków uprawy na zawartość karotenoidów w bulwach ziemniaka.
- genetycznych podstaw odporności ziemniaka na różne patotypy *Synchytrium endobioticum* sprawcy raka ziemniaka.
- zbieranie prób z objawami chorób (Hodowcy i inne jednostki IHAR).
- Współpraca z Hodowcami przy wspomaganie markerami selekcji genotypów ziemniaka odpornych na patogeny.
- Staże w laboratorium Pracowni Patogenów Ziemniaka.

IHAR-PIB Oddział Poznań
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych
Kierownik: *prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda*

- Heterozja u rzepaku — dystans genetyczny, wytwarzanie linii — Jesteśmy otwarci na współpracę w każdym z wymienionych wyjściowych w hodowli mieszańcowej (CMS ogura i Rfo). obszarów badań.
- Hodowla wspomagana markerami (MAS): mapowanie genetyczne QTL, GWAS, sekwencjonowanie NGS, markery SSR, SNP, AFLP; selekcja form CMS, Rfo, oraz linii o zróżnicowanej zawartości kwasów C18:2 i C18:3 (multipleks PCR, PCR, SNaPshot).
- Wytwarzanie linii podwojonych haploidów (DH) rzepaku uzyskiwanych metodą kultury izolowanych mikrospor; resynteza *Brassica napus* poprzez krzyżowanie międzygatunkowe.
- Poszukiwanie źródeł odporności u rzepaku na suchą zgniliznę kapustnych, zgniliznę twardzikową i kiłę.
- Hodowla jakościowa (krzyżowanie, mutageneza) rzepaku, lnu, gorczycy o zmienionym składzie glukozydów i kwasów tłuszczowych.
- Analizy biochemiczne do oceny jakości nasion roślin oleistych (NIRs, NMR, HPLC, GC).

Zakład Doświadczalny IHAR-PIB
Grodkowice
Dyrektor: *mgr Agnieszka Rachwalska*

- Doświadczenia PDO (pszenica ozima, pszenżyto ozime, żyto — Odmiany dawne i regionalne. ozime, jęczmień ozimy, pszenica jara, soja).
- Atestacje – HR Smolice, HR Strzelce. — Doświadczenie w warunkach ekologicznych.
- Kolekcja jęczmienia jarego i ozimego. — Atestacje polowe.
- Wytypowanie i wprowadzenie do uprawy na terenie kraju dawnych i miejscowych odmian roślin rolniczych.
- Plonowanie nasienne wybranych form wiechliny łąkowej i życicy trwałej.
- Doświadczenia z owsem ozimym.
- Odmiany regionalne.

Zakład Doświadczalny IHAR-PIB
Radzików
Dyrektor: *mgr Marek Wawer*

- Hodowla nowych odmian jęczmienia jarego browarnego. — Przepuszczenie przez szklarnie 2 razy ramszu w ciągu jednego sezonu pokolenia F2.
- Hodowla nowych odmian jęczmienia jarego pastewnego. — Skrócenie cyklu hodowli poprzez wprowadzenie podwojonych haploidów.
- Atestacja materiałów jęczmienia jarego browarnego. — Skrócenie cyklu hodowli poprzez wprowadzenie markierów molekularnych.
- Atestacja materiałów jęczmienia jarego pastewnego.
- Ocena kolekcji jęczmienia jarego browarnego.
- Ocena kolekcji jęczmienia jarego pastewnego.
- Reprodukacja i sprzedaż kwalifikowanego materiału siewnego odmian wyhodowanych w spółkach IHAR.







Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań
tel.: 61 846 6400

Wydział Rolnictwa i Bioinżynierii
Katedra Agronomii — Zakład Roślin Rolniczych

- Optymalizacja technologii upraw i ochrony roślin, w tym — Badania nad skutecznością i selektywnością działania herbicydów. badania nad wpływem poszczególnych czynników agrotechnicznych i środowiskowych na plon ze szczególnym — Badania nad oceną różnic występujących między odmianami. uwzględnieniem rozwoju technik przyjaznych człowiekowi — Badania nad wykorzystaniem naturalnego potencjału allelopatycznego roślin uprawnych. i środowisku.
- Ocena wpływu stosowanych technologii z zakresu nawożenia, uprawy roli, deszczowania i następstwa roślin na środowisko w oparciu o doświadczenia wieloletnie prowadzone w ZDD Brody (od 1957 roku) i ZDD Złotniki (od 1972 roku).

- Bilans składników NPK w gminach objętych OSN (obszarami szczególnie narażonymi na zanieczyszczenia wód przez azotany pochodzenia rolniczego).
- Badania nad środowiskowymi skutkami różnych systemów uprawy roślin: konwencjonalnego, zrównoważonego i ekologicznego.

Tabela 2

Firmy Hodowlane	
Prowadzona działalność	Potrzeby względem nauki
	Danko Hodowla Roślin Sp. z o. o. z/s w Choryni Choryń 27, 64-000 Kościan tel: + 48 65 513 48 88; fax: + 48 65 513 48 06 e-mail: zhrchoryn@danko.pl www.danko.pl
<ul style="list-style-type: none"> — Hodowla twórcza i zachowawcza roślin rolniczych — Udział w projektach badawczych 	<ul style="list-style-type: none"> — Nowoczesne techniki hodowlane — Optymalizacja procesu <i>in vitro</i> — Markery molekularne — Nowe źródła genów odporności na choroby — Przywracanie płodności u żyta mieszańcowego
	Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR Smolice 146, 63-740 Kobylin tel.: +48 65 548 2420 smolice@hrsmolice.pl
<ul style="list-style-type: none"> — Badania, hodowla i doświadczalnictwo z odmianami pszenicy ozimej i jarej, pszenicy twardej, orkisz, żyta populacyjnego ozimego, żyta mieszańcowego jarego oraz żyta jarego — Hodowla, doświadczalnictwo i nasiennictwo odmian mieszańcowych kukurydzy — Hodowla odmian wielorzędowych pastewnych oraz dwurzędowych pastewnych jęczmienia ozimego — Hodowla odmian pastewnych oraz odmian browarnych jęczmienia jarego — Hodowla odmian populacyjnych rzepaku — Hodowla łubinu (zwiększenie odporności na pęknięcie strąków i wylęganie roślin w łubinie wąskolistnym, poprawienie równomierności dojrzewania, zwiększenie odporności na choroby) — Hodowla grochu (poprawienie szywności łodygi, zwiększenie odporności na askochytozę i fuzariozę zwiększenie zawartości białka, oraz zmniejszenie zawartości oligosacharydów i tanin, wyprowadzenie form zimujących) 	<ul style="list-style-type: none"> — Badania nad najważniejszymi chorobami zbóż oraz nad nowoczesnymi metodami hodowli — Badania nad poprawieniem cech jakościowych nasion łubinów i grochów oraz nad poprawą odporności na choroby — Badania nad poprawieniem odporności kukurydzy na grzyby z rodzaju <i>Fusarium</i> spp.
	Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR ZG Strzelce ul. Główna 20, 99-307 Strzelce +48 24 356 69 00
<ul style="list-style-type: none"> — Prace hodowlane ukierunkowane na <ul style="list-style-type: none"> — Osiągnięcie jak najwyższego poziomu ΔG dla plonu, stabilność. — Otrzymanie form o właściwościach jakościowych, zgodnych z oczekiwaniami konsumentów oraz przemysłu. — Odmiany tolerancyjne na choroby grzybowe, wirusy czy szkodniki, poprawione zdolności regeneracyjne — Formy prezentujące możliwie dużą odporność na stresy abiotyczne (stres suszy, temperatury, zasolenia, nadmiaru wody, niedoboru lub nadmiaru składników mineralnych). — Zwiększenie efektywności wykorzystania składników pokarmowych (NPK) — Odporność na wylęganie, osypywanie itd. 	<ul style="list-style-type: none"> — Tworzenie zmienności — krzyżowania oparte na MAS, rekombinacja indukowana, MASBC, NBT — Wykorzystanie zmodyfikowanych metod hodowli (GS, NBT, heterozja oparta na MAS, wykorzystanie F1 dla nowych gatunków) — SSD (speed breeding), DH — pylnikowe, mikrospory — Selekcja genotypowa (GS, SNP), HTTP wspierająca ocenę fenotypową w polu — Doświadczalnictwo, GS, zarządzanie i decyzje wsparte rozwiązaniami IT
	Hodowla Ziemiaka Zamarte Sp. z o. o. – Grupa IHAR Zamarte, ul. Parkowa 1, 89-430 Kamień Krajeński tel. +48 52 388 15 76
<ul style="list-style-type: none"> — Hodowla twórcza prowadzona w kierunku różnych typów użytkowych ziemniaka, zróżnicowanej wczesności i odporności na choroby z wykorzystaniem selekcji oraz technik molekularnych. — Diagnostyka tworzonych odmian pod względem: <ul style="list-style-type: none"> — chorób bakteryjnych (<i>Cms</i>) z wykorzystaniem metod fluorescencji pośredniej, 	<ul style="list-style-type: none"> — Detekcja chorób wirusowych i bakteryjnych ziemniaka w warunkach polowych — Eliminacja zanieczyszczeń grzybowych i bakteryjnych w kulturach <i>in vitro</i> — Detekcja <i>Cms</i> przy wykorzystaniu techniki LAMP — Wykorzystanie technik molekularnych w tworzeniu nowych odmian ziemniaka

- chorób wirusowych metodą testu ELISA i technik molekularnych (PCR, LAMP).
- Namnażanie materiału hodowlanego metodą kultur *in vitro* i pozyskiwanie minibułw.
- Kontrola zdrowotności rodów hodowlanych i nowych odmian oraz ich uzdrawianie poprzez wykorzystanie termoterapii i kultur merystemów.
- Tworzenie materiałów wyjściowych do ukierunkowanej hodowli ziemniaka



Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego Sp. z o.o.
 Straszków 12, 62-650 Kłodawa
 e-mail: straszkow@khbc.pl

- Jedyne polskie firmy, które kontynuują 130-letnią tradycję polskiej hodowli i nasiennictwa buraka cukrowego
- Hodowla twórcza i zachowawcza buraka cukrowego
- Wykorzystanie nowoczesnych metod badawczych pozwalających na przyspieszenie cyklu hodowlanego (tworzenie nowych odmian)
- Analizy jakościowe buraka cukrowego (linia Venema)
- Analizy ploidalności różnych gatunków roślin
- Nowoczesne linie technologiczne przygotowujące nasiona buraka cukrowego oraz innych gatunków roślin: otoczkowanie, inkrustowanie
- Sprzedaż nasion naszych odmian buraka cukrowego oraz oferta handlowa odmian: Soi, Prosa i Sorgo
- Poprawa efektywności tworzenia linii DH w buraku cukrowym
- Opracowanie efektywnej metodyki fuzji protoplastów
- Poszukiwanie markerów DNA sprzężonych z cechą odporności na wydawanie pośpiechów
- Opracowanie markerów DNA umożliwiających odróżnienie homo- od heterozygotycznych form buraka cukrowego
- Opracowanie markerów molekularnych do poszukiwania loci i regionów genomu warunkujących wysoki i dobry jakościowo plon buraka cukrowego
- Poszukiwanie markerów molekularnych do identyfikacji genów odporności na *Aphanomyces cochlioides* oraz *Rizoctonia* u buraka cukrowego



Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o. o.
 ul. Zbożowa 4, 30-002 Kraków
 tel. 48/ 12 633 68 22, 23

- Prace hodowlane:
 - Pszenica jara i ozima
 - Jęczmień jary
 - Owies zwyczajny jary i nagi
 - Trawy pastewne i gazonowe
 - Kukurydza
 - Burak pastewny
 - Gorczyca
 - Gryka
- Współpraca przy projektach badawczych:
 - IHAR-PIB
 - Instytut Fizjologii Roślin
 - Uniwersytet Wrocławski
 - Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
 - Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy
- Możliwości współpracy:
 - 24 gatunki roślin uprawianych w firmie
 - Laboratorium kultur *in vitro*
 - Pola doświadczalne na różnych stanowiskach
 - Laboratorium oceny technologicznej zbóż i buraka pastewnego



Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o. o.
 ul. Kasztanowa 5, 63-004 Tulec
 tel. + 48 61 872 79 50
 e-mail: tulce_zarzad@phr.pl; www.phr.pl

- Laboratorium *in vitro*
 - uzyskiwanie podwojonych haploidów (linii DH) pszenicy ozimej metodą krzyżowań oddalonych z kukurydzą oraz metodą kultur pylnikowych
 - uzyskiwanie podwojonych haploidów (linii DH) jęczmienia ozimego metodą kultur pylnikowych
 - uzyskiwanie form homozygotycznych techniką pojedynczego ziarna (linii SSD) pszenicy ozimej
- Pszenica ozima
 - Hodowla twórcza pszenicy ozimej
 - Hodowla zachowawcza pszenicy ozimej
 - Testowanie mrozoodporności rodów pszenicy ozimej
- Jęczmień jary
 - Hodowla twórcza jęczmienia jarego
 - Hodowla zachowawcza jęczmienia jarego
 - Kultury *in vitro* niedojrzałych zarodków
- Jęczmień ozimy
 - Dwa schematy hodowli : klasyczny rodowodowy i dla linii DH
 - Linie DH uzyskujemy we własnym laboratorium lub zlecając innym podmiotom
 - Prowadzimy badania mrozoodporności jęczmienia ozimego w warunkach sztucznych — mroźnia według własnej metodyki
- Żyto mieszańcowe
- Laboratorium *in vitro*
 - opracowanie efektywnej metody produkcji podwojonych haploidów u pszenicy ozimej i jęczmienia ozimego
 - optymalizacja warunków indukcji haploidalnych zarodków pszenicy ozimej i jęczmienia ozimego w androgenizie
- Pszenica ozima
 - Poszukiwanie markerów mrozoodporności, czynników warunkujących hartowanie i rozhartowanie roślin w czasie jaryzacji
 - Wykorzystanie markerów funkcjonalnych do efektywnej selekcji genotypów wysoko plonujących na wczesnych etapach hodowli
 - Poszukiwanie nowych źródeł CMS, poszukiwanie źródeł przywracania płodności pyłku
 - Zastosowanie w hodowli twórczej pszenicy ozimej technologii opartych na masowej selekcji – zbudowanie platformy do fenotypowania materiałów hodowlanych.
- Jęczmień jary
 - Analiza zróżnicowania genetycznego materiałów wyjściowych do krzyżowań
 - Dobór odpowiednich punktów doświadczalnych do wytypowania odmian stabilnie plonujących w warunkach Polski zgłaszanych do badań COBORU
 - Wykorzystanie markerów funkcjonalnych do efektywnej

-
- Hodowla prowadzona jest kompleksowo w obrębie: linii męsko niepłodnych i dopełniających oraz linii przywracających płodność, we współpracy z HR Danko, — HR Smolice, IHAR Radzików
 - Program krzyżowań realizowany jest głównie w szklarni i laboratorium, co pozwala na uzyskanie dwóch pokoleń w ciągu jednego sezonu wegetacyjnego
 - Prowadzimy hodowlę odpornościową z wykorzystaniem linii wsobnych wyprowadzonych z ekotypów głównie andyjskich żyta
 - Rośliny strączkowe
 - Hodowla twórcza i zachowawcza grochu siewnego (*Pisum sativum*) – jadalny ogólnoużytkowy i pastewny
 - Hodowla twórcza i zachowawcza łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius*) – nasienny pastewny
 - Hodowla twórcza i zachowawcza łubinu żółtego (*Lupinus luteus*) – nasienny pastewny
 - Krajowa kolekcja grochu, łubinów i seradeli – zabezpieczanie i waloryzacja zasobów genowych
 - selekcji genotypów wysoko plonujących na wczesnych etapach hodowli
 - Jęczmień ozimy
 - Opracowanie efektywnej metody produkcji podwojonych haploidów jęczmienia ozimego
 - Optymalizacja warunków indukcji haploidalnych zarodków jęczmienia ozimego w androgenezie
 - Wypracowanie skutecznych metod atestacji materiałów na stresy biotyczne i abiotyczne w warunkach sztucznych
 - Żyto mieszańcowe
 - Opracowanie efektywnej metody uzyskiwania podwojonych haploidów u żyta
 - Stworzenie skutecznych metod atestacji na mączniaka prawdziwego i rdzę brunatną żyta
 - Rośliny strączkowe
 - W zakresie prac nad postępowaniem hodowlanym w grochu i łubinie
 - Wymiana informacji i materiałów kolekcyjnych
-

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Zastosowanie tradycyjnych i nowoczesnych metod w doskonaleniu materiałów hodowlanych buraka cukrowego (*Beta vulgaris* L.)

Use of traditional and modern methods in the improvement of breeding material of sugar beet (*Beta vulgaris* L.)

Sandra Cichorz✉, Małgorzata Malicka, Kamilla Kuźdowicz, Barbara Skibowska, Maria Gośka

Pracownia Cytogenetyki i Metodyki Hodowli, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Bydgoszczy

✉ e-mail: sandra.cichorz@interia.pl; s.cichorz@ihar.bydgoszcz.pl

W niniejszym doniesieniu zostały zaprezentowane najważniejsze osiągnięcia w zakresie zagadnień badawczych realizowanych w Pracowni Cytogenetyki i Metodyki Hodowli, Zakładu Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych Oddziału IHAR-PIB w Bydgoszczy. Obejmują one: produkcję podwojonych haploidów, ochronę zasobów genowych, ocenę i selekcję genotypów odpornych na grzyb *Cercospora beticola* Sacc. oraz identyfikację genotypów w kierunku tolerancji na stres suszy w materiałach hodowlanych buraka cukrowego (*Beta vulgaris* L.).

Słowa kluczowe: gatunki dzikie, gynogeneza, kolekcje roślin, podwojone haploidy, susza

This communication presents the most important achievements in the field of research issues carried out in the Laboratory of Cytogenetics and Methodology of Breeding, Department of Genetics and Plant Breeding of the Branch of the IHAR-PIB in Bydgoszcz. They include: production of doubled haploids, protection of gene resources, evaluation and selection of fungal resistant genotypes of *Cercospora beticola* Sacc. and identification of genotypes towards tolerance to drought stress in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) breeding material.

Key words: wild species, gynogenesis, plant collections, doubled haploids, drought

Burak cukrowy należy do roślin korzeniowych o szczególnym znaczeniu gospodarczym dla Polski. W strefie klimatu umiarkowanego stanowi najważniejszy surowiec do produkcji cukru. Zgodnie z danymi Eurostatu powierzchnia uprawy buraka na terenie naszego kraju w 2017 r. wyniosła ok. 223 tys. ha, co umiejscawia Polskę obok Francji, Niemiec i Turcji w czołówce uprawiających go państw Unii Europejskiej. Hodowla twórcza tego gatunku wymaga nieustannego postępu w zakresie wysokości i jakości plonowania, szczególnie w warunkach, gdy roślina poddana jest działaniu stresu abiotycznego i biotycznego. Jest to możliwe do uzyskania dzięki wykorzystaniu tradycyjnych metod hodowlanych wspartych nowoczesnymi osiągnięciami biotechnologii i biologii molekularnej.

Obecnie trudno jest wyobrazić sobie tworzenie materiałów wyjściowych do hodowli odmian buraka bez wykorzystania szerokiego spektrum metod *in vitro*. Techniki te mają istotne znaczenie, szczególnie w produkcji haploidów i podwojonych haploidów, efektywnym rozmnażaniu cennych genotypów oraz ochronie zasobów genowych o szerokim zakresie zmienności genetycznej. Opracowanie i wdrożenie

do praktyki rolniczej metod mikrorozmnażania z merystemów wierzchołkowych oraz pachwinowych, a także otrzymywania haploidów i podwojonych haploidów w kulturach *in vitro* z niezapłodnionych zalążków jednonasiennych i wielonasiennych linii buraka cukrowego stało się możliwe dzięki pionierskim pracom wykonanym przez dr hab. Marię Gośka, prof. nadzw. IHAR — PIB w Bydgoszczy (Gośka, 1997). Opracowaną metodykę udostępniono Kutnowskiej Hodowli Buraka Cukrowego Sp. z o.o., Stacji Hodowli Roślin w Straszku, gdzie wartościowe linie homozygotyczne wykorzystywane są w hodowli odmian heterozygotycznych oraz w hodowli odpornościowej. Stabilne i relatywnie proste metody produkcji podwojonych haploidów na dużą skalę pozwalają na znaczne przyspieszenie tempa i obniżenie kosztów hodowli odmian buraka cukrowego. Ponadto, coraz częściej szanse na zwiększenie konkurencyjności polskiej hodowli buraka upatruje się w diagnostyce molekularnej, pozwalającej na identyfikację odporności na poszczególne patogeny, dobór komponentów o największym dystansie genetycznym lub ocenę stabilności genetycznej linii hodowlanych.

Powszechnie przyjęta na świecie metodyka hodowli jednonasiennych odmian mieszańcowych syntetyzowanych z wykorzystaniem linii męskosterylnych spowodowała szybkie wycofywanie z uprawy genotypów o dużym zakresie zmienności i cennych cechach użytkowych. Z czasem konieczne stało się zgromadzenie i zabezpieczenie przed wyginieciem zróżnicowanych populacji buraka cukrowego i pastewnego, a także gatunków dzikich, którym w niedalekiej przyszłości grozi wymarcie na skutek postępu cywilizacyjnego. Taką rolę pełni powstała w 1981 roku polska kolekcja buraka, której celem jest zachowanie cennych zasobów genowych buraka *ex situ*. Kolekcja polowa wieloletnich gatunków dzikich buraka sekcji *Corollinae* mieszcząca się na poletkach doświadczalnych Oddziału IHAR — PIB w Bydgoszczy powstała na bazie materiałów pochodzących z naturalnych stanowisk. Gatunki zgromadzone w tej kolekcji i ich mieszańce międzygatunkowe stanowią bardzo cenne źródło genów warunkujących odporność na suszę i wahania temperatury oraz na powszechne choroby grzybowe i wirusowe buraka. Obecnie w kolekcji przechowywane są i rozmnażane *in vitro* dzikie gatunki, które naturalnie zasiedlają rejony basenu Morza Śródziemnego oraz wybrzeża zachodniej i północnej Europy — m.in. *B. maritima* Arcang. Najczęściej stosowaną metodą ochrony zasobów genowych buraka jest długoterminowe przechowywanie prób nasion w niskiej temperaturze pozwalającej na zachowanie ich wysokiej żywotności. Obecnie w banku genów Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie zgromadzonych jest ponad 500 bardzo zróżnicowanych obiektów tego gatunku.

Ponadto, niezwykle istotną kwestią dla hodowli jest selekcja i tworzenie materiałów odpornych na stropy biotyczne i abiotyczne wywołujące duże straty plonu takie jak: chwościk buraka (*Cercospora beticola* Sacc.) czy niekorzystne warunki atmosferyczne (susza).

Zmieniające się sukcesywnie środowisko wymusza na hodowcach prowadzenie prac w kierunku tworzenia nowych form buraka cukrowego odpornych na grzyb *C. beticola* oraz o podwyższonej tolerancji na stres suszy. Podstawową metodą hodowli jest intensywna selekcja pod kątem badanej cechy prowadzona w warunkach prowokacyjnych. Prace badawcze prowadzone są na zróżnicowanym genetycznie materiale hodowlanym buraka cukrowego. Do badań w kierunku odporności na porażenie przez grzyb *C. beticola* wykorzystano zmodyfikowaną metodę laboratoryjną opracowaną przez Stähle-Csech i Gisi (1991), która pozwala na szybką, niezależną od warunków pogodowych ocenę populacji w teście *in vitro*. Przebadano 70 linii buraka cukrowego (11 000 roślin) w typie 2xZN generacji S1 i S2. W toku prowadzonych prac wyprodukowano przy udziale wyselekcjonowanych genotypów 20 mieszańców, z których jedenaście (generacji S2) przekazało wyselekcjonowaną cechę potomstwu, co zostało potwierdzone statycznie. Prace badawcze w kierunku tolerancji na suszę prowadzone są w warunkach kontrolowanych w pojemnikach wypełnionych glebą oraz w warunkach polowych, w których wykorzystywane są te same linie ojcowskie. W okresie wegetacji prowadzona jest ocena cech morfologicznych roślin oraz przyrostów liści i korzeni w zależności od wilgotności gleby w dwóch terminach. Przyjęto dwa poziomy wilgotności gleby. Łącznie przebadano 23 linie ojcowskie i na podstawie wstępnych badań do dalszych prac wytypowano 2 genotypy buraka cukrowego.

Literatura

- Gośka M. 1997. Haploidy i podwojone haploidy buraka cukrowego (*Beta vulgaris* L.) oraz możliwości ich wykorzystania w hodowli. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR Nr 2.
- Stähle-Csech U., Gisi U. 1991. Determination of the sensitivity to DMI fungicides of *Cercospora beticola* on sugar beet. EPPO Bulletin 21: 321.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Metody badawcze stosowane w pracach dotyczących ograniczania występowania populacji *Globodera rostochiensis* w glebie

Research methods used in experimental works of reducing *Globodera rostochiensis* occurrence in the soil

Katarzyna Franke✉, Grzegorz Gryń, Lidia Michałowska, Mateusz Nowakowski

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy

Oddział w Bydgoszczy, Al. Powstańców Wlkp. 10, 85-090 Bydgoszcz

✉ e-mail: k.franke@ihar.bydgoszcz.pl

Mątwik ziemniaczany i mątwik agresywny to dwa nicienie tworzące cysty na korzeniach ziemniaka. Zarówno w Polsce jak i w wielu innych państwach posiadają status organizmów kwarantannowych. Obecność mątwika ziemniaczanego może powodować straty w plonie bulw sięgające 50–80%. Metody zwalczania mątwika można podzielić na trzy grupy: agrotechniczną, biologiczną i chemiczną. Pozyskane wyniki będą stanowiły podstawę opracowania zaleceń dla rolników, które usprawnią eliminację szkodnika.

Słowa kluczowe: *Globodera rostochiensis*, mątwik ziemniaczany, organizm kwarantannowy, zwalczanie, metodyka

Potato cyst and aggressive cyst are two nematodes forming cysts on the roots of the potato. In Poland and in many other countries they have the status of quarantine organisms. The presence of potato cyst nematodes may cause losses in the tuber yield reaching 50–80%. Methods of fighting cyst nematode can be divided into three groups: agrotechnical, biological and chemical. The obtained results will be the basis for the development of recommendations for farmers, which will improve the elimination of the pest.

Key words: *Globodera rostochiensis*, potato cyst nematode, quarantine pest, disease control, methodology

Mątwik ziemniaczany *Globodera rostochiensis* i mątwik agresywny *Globodera pallida* (Stone, 1973) to dwa nicienie tworzące cysty na korzeniach ziemniaka. Należą do rodziny mątwikowatych (*Heteroderidae*). Zarówno w Polsce jak i w wielu innych państwach posiadają status organizmów kwarantannowych — podlegają szczególnemu nadzorowi fitosanitarnemu i obowiązkowi zwalczania z urzędu (Dz.U. Poz 1288 z 2016 r., Dz. U. z 2017 r., poz. 2138, z późn. zm.). Regulacje prawne dotyczą sposobów postępowania w przypadku wykrycia oraz metod zapobiegania rozprzestrzenianiu się nicieni.

Obecność mątwika ziemniaczanego może powodować straty w plonie bulw sięgające 50% (Seenivasan, 2017), a zdaniem niektórych badaczy nawet do 80% (Zawiślak i in., 1989; Turner, 1996). Wykrycie nicienia skutkuje wprowadzeniem zaleceń kwarantanny w miejscach produkcji ziemniaków. Prowadzi to do wstrzymania produkcji nasiennej, utrudnia obrót sadziankami i eksport bulw. Mątwik należy do endopasożytów osiadłych. Na polu występuje miejscowo, co utrudnia wykrycie szkodnika podczas rutynowych kontroli prowadzonych przez PIORiN. Larwy i jaja nicienia przed czyn-

nikami środowiskowymi, chemicznymi i uszkodzeniem mechanicznym chroni otoczka chitynowa (cysta). Cysty mogą przetrwać w glebie przez kilka lat, zapewniając inwazyjność larwom. Potencjalne źródło porażenia dla nowych miejsc stanowią cysty zawleczone z glebą z porażonego pola osiadłą na bulwach, narzędziach i sprzęcie rolniczym. Zwalczanie wykrytego na polu nicienia to poważny problem, który wymaga kompleksowego podejścia i racjonalnego połączenia wszystkich dostępnych metod.

W Polsce powszechnie występuje *Globodera rostochiensis* patotyp Ro₁ i sporadycznie Ro₅ (Przetakiewicz, 2013). W przypadku wykrycia go w miejscu produkcji ziemniaka wymagane jest stosowanie kwarantanny w wyznaczonej strefie porażenia i strefie bezpieczeństwa. Obostrzenia dotyczą między innymi zakazu uprawy wybranych gatunków roślin, gospodarki odpadami, transportu oraz agrotechniki. Oceny obecności cyst można dokonać przez analizę prób gleby, jak również przez obserwację systemu korzeniowego ziemniaka w okresie kwitnienia.

Podstawową czynnością zapobiegającą rozprzestrzenianiu się szkodnika jest sadzenie

ziemniaka na wolnym od nicieni polu. Aby uniemożliwić wprowadzenie mątwika ziemniaczanego na pole należy stosować wyłącznie zdrowy materiał sadzeniakowy; ważne jest także dokładne czyszczenie narzędzi i sprzętu rolniczego, na którym mogą wraz z resztkami ziemi znajdować się cysty. Wśród skutecznych metod ograniczania wielkości populacji nicienia, zaleca się również stosowanie podkiełkowanych sadzeniaków (do 90% skuteczności) oraz roślin pułapkowych (Kornobis, 1982; Malec, 1985; Dandurand i Knudsen, 2016). Dopuszcza się również uprawę odmian odpornych ziemniaka. W polskim Krajowym Rejestrze na koniec 2018 r. znajdowało się zaledwie 6% odmian ziemniaka podatnych na porażenie przez *Globodera rostochiensis* patotyp Ro₁. Należy mieć jednak na uwadze, że jedynie 25% odmian przebadano na wszystkich patotypach *Globodera rostochiensis* (www.coboru.pl).

Jako element integrowanej ochrony ziemniaka przed mątwikiem na uwagę zasługuje uprawa w płodozmianie roślin nieżywielielskich dla szkodnika. Pozwala ona na ograniczenie wielkości populacji nicienia do 50%. Duże znaczenie mogą mieć uprawy międzyplonów ścierniskowych (Pastuszewska i in., 2013; Nowakowski i Franke, 2013) oraz wprowadzenie do płodozmienu upraw innych gatunków roślin (w tym z rodziny kapustowatych), które przyczynią się do redukcji populacji szkodnika w glebie (Ngała i in., 2014, Zambouri i Fatemy 2014; Fatemy i Sepideh, 2016).

Metody zwalczania mątwika można podzielić na trzy grupy: agrotechniczną, biologiczną i chemiczną. Dla poprawnej agrotechniki istotny jest przemyślany dobór gatunków roślin uprawnych włączonych do płodozmienu. Mątwiki żerują jedynie na roślinach z rodziny psiankowatych, dlatego wyeliminowanie ich z płodozmienu powoduje naturalne ograniczenie wielkości populacji nicienia w glebie. Inne ważne zalecenie to maksymalnie wydłużony cykl zmianowania i stosowanie bardzo wczesnych odmian ziemniaka, o krótkim okresie wegetacji. Kontrolowanie cyklu rozwojowego nicienia pozwala na usunięcie z pola roślin ziemniaka zanim na korzeniach wykształcą się dojrzałe cysty.

Metoda chemiczna wykorzystuje dostępne na rynku środki ochrony roślin. Wyróżnia się wśród nich nematocydy selektywne (Vydate 10 G) oraz nieselektywne w postaci fumigantów glebowych, których aktualna lista dostępna jest na stronie Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, w zakładce Rejestr Środków Ochrony Roślin.

Metoda biologiczna bazuje na antagoniściecznych oddziaływaniach grzybów i bakterii występujących w glebie na larwy nicienia. W literaturze dostępne są wyniki badań nad nicieniobójczym działaniem grzybów z rodzaju *Pochomia* (Tobin i in., 2008) i *Trichoderma* (Contina i in., 2017).

Badania laboratoryjne i polowe dotyczące oceny wpływu różnych roślin na wyląg larw inwazyjnych mątwika ziemniaczanego (*Globodera rostochiensis*) patotyp Ro₁ prowadzono w bydgoskim Oddziale IHAR — PIB w Pracowni Chorób i Szkodników Kwarantannowych Ziemniaka.

W płytkach titracyjnych oceniano wpływ przesączy glebowych zawierających wydzieliny korzeniowe badanych roślin na larwy w cystach mątwika ziemniaczanego wybranego patotypu (Twomey i in., 1995). Ekstrakty roślinne ze względu na mniejszą trwałość testowano w komorach hodowlanych umożliwiających okresową wymianę ekstraktu na świeży. Cysty wykorzystywane do badań rozmnażano na podatnej odmianie ziemniaka w warunkach kontrolowanych.

Badania przesączy glebowych prowadzono na reprezentatywnej grupie cyst dla danej populacji i patotypu nicienia. W 96-dołkowych płytkach titracyjnych umieszczano badany odciek i po jednej cyście w każdym dołku (wcześniej moczonej przez 24 h w wodzie). Oceny wylęgu larw dokonuje się kilkakrotnie w odstępach czasowych (co 7 dni). Następnie badany odciek wymieniano na kontrolny, pozyskany z uprawy pomidora (odmiana MoneyMaker), w celu zweryfikowania liczby żywych larw pozostałych w badanych cystach. Ocena dokonywano w przyjętej na potrzeby badań 5-stopniowej skali, która określa liczbowo nasilenie wylęgu larw z cyst.

Ekstrakty pozyskiwano z suszonych oraz świeżych części roślin: części nadziemnej, korzeni, nasion, siewek, a także odpadów poprodukcyjnych. Z materiału przeznaczonego do badania przygotowywano wodne ekstrakty (Aires, 2009). Cysty w woreczkach nylonowych, umieszczano w komorach hodowlanych z dodatkiem odpowiednio rozcieńczonego ekstraktu. Co kilka dni określano liczbę larw, które wydostały się z cysty przy pomocy mikroskopu odwróconego, a woreczki z cystami przekładano do nowych komór hodowlanych zawierających świeże ekstrakty. Po okresie, w którym następuje największy, masowy wyląg larw, cysty z woreczków są wyjmowane, umieszczane pojedynczo

w „dołkach” płytki titracyjnej i zalewane odciekami z pomidora w celu oszacowania liczby żywych osobników pozostałych w cystach.

Doświadczenia wazonowe prowadzono w okresie: czerwiec — wrzesień na polu doświadczalnym. Pozwalają one na bardzo precyzyjną ocenę zmiany wielkości populacji nicieni, jaka zachodzi podczas uprawy testowanych roślin. Przyjęta liczba cyst z oszacowaną wielkością populacji larw w specjalnych nośnikach w postaci woreczków nylonowych umieszczano w kilku miejscach w wazonach z podłożem glebowym. Badane rośliny wysiewano w kombinacjach bez dodatku i z dodatkiem czynnika stymulującego wyląg larw (rozdrobione korzenie ziemniaka odmiana Miłek). Obiekty kontrolne stanowią wazony bez obsiewu oraz z roślinami ziemniaka odmiany podatnej i odpornej. Ocenie poddano końcową wielkość populacji nicienia w cystach umieszczonych w woreczkach nylonowych. Sprawdzona została również potencjalna obecność nowo wytworzonych cyst w próbach gleby.

Do doświadczeń polowych wyznaczono poletko doświadczalne, spełniające warunki wymagane do badań z organizmami kwarantannowymi, sztucznie zasiedlane populacją nicieni i podtrzymywaną przez wysadzenie odmian ziemniaków podatnych na porażenie przez mątwika ziemniaczanego. Badania dotyczyły oceny wpływu uprawy różnych roślin nieżywielskich na wyląg larw z cyst. Doświadczenia trzyletnie, założono metodą losowanych bloków, w czterech powtórzeniach. Ocenę liczebności populacji mątwika dokonywano dwukrotnie: w dniu wysiewu oraz po zbiorze roślin. Próby gleby pobierano z głębokości 0–20 cm łaską Egnera i starannie mieszano. Wielkość populacji oceniano w 100 ml wysuszonej powietrznie gleby. Próby przesiewano przez zestaw sit, w celu odrzucenia części organicznej i zanieczyszczeń. Cysty wyplukano z prób gleby przy pomocy uproszczonej metody butelkowej poddano pojedynczo ocenie zawartości żywych larw przy użyciu mikroskopu stereoskopowego.

Dodatkowym czynnikiem badanym w doświadczeniach polowych była ocena biomasy uprawianych roślin. W każdym roku badań w okresie wegetacji prowadzono pomiary dynamiki wzrostu roślin i intensywności kwitnienia. Po zbiorze określano wielkość plonów części nadziemnej i korzeni. Pobierano próby materiału roślinnego do oceny zawartości suchej masy i

wartości nawozowych. Wszystkie uzyskane wyniki poddano analizie statystycznej. Prace laboratoryjne służą jako narzędzie badawcze, niezbędne do opracowania skutecznych metod zwalczania mątwika ziemniaczanego. Pełnią funkcję poznawczą i pozwalają na wstępną, szybką laboratoryjną ocenę wpływu różnych czynników biologicznych na śmiertelność nicieni. Badania polowe umożliwiają weryfikację wyników badań uzyskanych w warunkach laboratoryjnych. Pozyskane wyniki będą stanowiły podstawę opracowania zaleceń dla rolników, które usprawnią eliminację szkodnika w momencie wykrycia go przez PIORiN.

Literatura

- Aires A., Carvalho R., Da Conceição Barbosa M., Rosa E. 2009. Suppressing Potato Cyst Nematode, *Globodera rostochiensis*, with Extracts of Brassicacea. *Plants. Am. J. Pot Res.*, 86: 327 — 333.
- Contina J. B., Dandurand L. M., Knudsen G. R. 2017. Use of GFP-tagged *Trichoderma harzianum* as a tool to study the biological control of the potato cyst nematode *Globodera pallida*. *Applied Soil Ecology* 115: 31 — 37.
- Dandurand L. M., Knudsen G. R. 2016. Effect of the trap crop *Solanum sisymbriifolium* and two biocontrol fungi on reproduction of the potato cyst nematode, *Globodera pallida*. *Annals of Applied Biology* 169: 180 — 189.
- Fatemy S., Sepideh A. 2016. Adverse effects of brassica green manures on encysted eggs, infective second-stage juveniles and the reproduction of *Globodera rostochiensis*. *J Plant Dis Prot.*, 123: 225 — 233.
- Kornobis S. 1982. Problemy i metody zwalczania mątwika ziemniaczanego — Mater. XXII i XXIII Sesji Nauk. IOR., IOR Poznań: 69 — 76.
- Malec K. 1985. Mątwik Ziemniaczany (*Globodera rostochiensis* Woll.) i Mątwik Agresywny (*Globodera pallida* Stone). Wyd. IZ Bonin: 32 ss.
- Ngala M. B., Haydock P. P. J., Woods S., Back M. A. 2014. Biofumigation with *Brassica juncea*, *Raphanus sativus* and *Eruca sativa* for the management of field populations of the potato cyst nematode *Globodera pallida*. *Pest Manag. Sci.* 2015; 71: 759 — 769.
- Nowakowski M., Franke K. 2013. Struktura plonu i oddziaływanie na populację mątwika ziemniaczanego (*Globodera rostochiensis*) wybranych odmian gorzycy białej uprawianej w plonie głównym II. Plony biomasy nadziemnej i korzeni oraz zagęszczenie mątwika ziemniaczanego w glebie. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*: 34 (1): 85 — 94.
- Pastuszevska T., Franke K., Nowakowski M. 2013. Badanie wpływu uprawy gorzycy białej na zagęszczenie populacji mątwika ziemniaczanego (*Globodera rostochiensis*) w glebie. *Biul. IHAR* 269: 141 — 148.
- Przetakiewicz A. 2013. The first report of *Globodera rostochiensis* pathotypes Ro5 occurrence in Poland. *Disease Notes*, 97/8: 1125.
- Seenivasan N. 2017. Status of potato cyst nematodes, *Globodera* spp. infection on potato at Kadaikanal hills

- of Tamil Nadu, India and yield loss estimation. Journal of Entomology and Zoology Studies: 5 (5): 268 — 272.
- Tobin J. D., Haydock P. P. J., Hare M. C., Woods S. R., Crump D. H. 2008. Effect of the fungus *Pochonia chlamydosporia* and fosthiazate on the multiplication rate of potato cyst nematodes (*Globodera pallida* and *G. rostochiensis*) in potato crops grown under UK field conditions. Biological Control 46: 194 — 201.
- Turner S. (1996). Population decline of potato cyst nematodes (*Globodera rostochiensis*, *G. pallida*) in field soils in Northern Ireland. Ann. Appl. Biol. 129: 315 — 322.
- Twomey U., Raftery T., Devine K., Jones P. W. 1995. An improved procedure for assaying hatching activity of potato root diffusate towards *Globodera rostochiensis*. Nematologica 41: 258 — 260.
- Zanbouri B. P., Fatemy S. 2014. Two methods of evaluating bionematicide effects of *Mentha pulegium* and *Lepidium sativum* on hatching of *Globodera rostochiensis*. Aspects of Applied Biology: 133 — 137.
- Zawiślak K., Tyburski J., Rychcik B. 1989. Significance of crop rotation and cultivars resistant to potato cyst nematode on potato production. Effects of crop rotations on potato production in the temperate zones: 111 — 119.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Charakterystyka zmienności fenotypowej linii DH oraz mieszańców rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) pod względem cech struktury plonu

The characteristics of phenotypic variation in DH lines and hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) including yield related traits

Agnieszka Dobrzycka^{✉1}, Joanna Wolko¹, Jan Bocianowski², Kamila Nowosad³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

✉ e-mail: a.m.dobrzycka@gmail.com

Podczas hodowli jakościowej rzepaku (*Brassica napus* L.), najważniejszym etapem otrzymywania mieszańców heterozyjnych, charakteryzujących się wysokim plonem oraz dobrymi cechami jakościowymi, jest dobór zróżnicowanych linii rodzicielskich o dużym dystansie genetycznym. Celem niniejszych badań była ocena zmienności wybranych cech plonotwórczych w populacji linii podwojonych haploidów (DH) oraz dwóch populacjach mieszańców, wytworzonych przy użyciu linii CMS *ogura*. Obserwacje fenotypowe obejmowały analizę: długości kwitnienia, wysokości roślin, liczby rozgałęzień na roślinie, liczby łuszczyń na roślinie, długości łuszczyń, liczby nasion w łuszczyńce, masy tysiąca nasion i zawartości tłuszczu w nasionach. Dla ocenionych wartości powyższych parametrów przeprowadzono analizę wariancji oraz analizę korelacji, z uwzględnieniem podziału na grupy obiektów.

Słowa kluczowe: podwojone haploidy, zmienność fenotypowa, hodowla mieszańcowa, rzepak ozimy

During the qualitative breeding of rapeseed (*Brassica napus* L.), the most important stage of obtaining heterotic hybrids, characterized by high yield and good qualitative features, is the selection of diversified parental lines with a large genetic distance. The aim of this study was to assess the variability of selected yielding traits in the population of doubled haploid lines (DH) and two populations of hybrids, produced using the CMS *ogura* line. Phenotypic observations included analysis of: flowering duration, plant height, number of branches per plant, number of siliques per plant, silique length, number of seeds per silique, thousand seed weight, and oil content in seeds. For the above parameters, the analysis of variance and correlation analysis were performed, considering the groups of genotypes.

Key words: doubled haploids, phenotypic variation, hybrid breeding, winter oilseed rape

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) w ciągu ostatnich 30 lat stał się bardzo ważną rośliną uprawną. Rosnące znaczenie tej rośliny wiąże się z coraz szerszym wykorzystaniem nasion rzepaku na cele spożywcze, paszowe oraz do produkcji biopaliw. Programy hodowlane koncentrują się głównie na otrzymywaniu odmian o wysokim plonie nasion oraz dobrych cechach jakościowych. Wzrost plenności uzyskuje się między innymi poprzez hodowlę odmian mieszańcowych pokolenia F₁, w którym występuje zjawisko heterozji. Dobór zróżnicowanych linii rodzicielskich o dużym dystansie genetycznym jest najważniejszym etapem otrzymywania mieszańców heterozyjnych. W Polsce hodowla odmian mieszańcowych opiera się głównie na systemie męskiej sterility CMS *ogura*, którego główną zaletą jest jej stabilność.

Celem niniejszych badań była ocena zmienności wybranych cech plonotwórczych w populacji linii podwojonych haploidów (DH) oraz

dwóch populacjach mieszańców, wytworzonych przy użyciu linii CMS *ogura*.

Materiał roślinny wykorzystany w badaniach obejmował 182 obiekty: 60 linii DH, 60 mieszańców pojedynczych (CMS×DH), 60 mieszańców trójliniowych (CMS/DH×*Rfo*) oraz linię rodzicielską CMS *ogura* i linię restorującą *Rfo*, dobrane pod kątem dużego dystansu genetycznego względem linii DH. Linie DH wyprowadzono z mieszańca F₁ pomiędzy linią o wysokiej zawartości tłuszczu a linią o wysokim plonie nasion. Mieszańce pojedyncze powstały z krzyżowania linii CMS *ogura* z liniami DH, a mieszańce trójliniowe z krzyżowania otrzymanych męskosterylnych mieszańców pojedynczych z linią restorującą *Rfo*. Doświadczenie polowe prowadzono przez dwa sezony wegetacyjne (2014/15 i 2015/16) w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Obserwowane cechy fenotypowe to: długość kwitnienia, wysokość roślin, liczba rozgałęzień na roślinie,

liczba łuszczyń na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce, masa tysiąca nasion i zawartość tłuszczu w nasionach. Dla ocenianych cech fenotypowych przeprowadzono analizę wariancji oraz analizę korelacji. W celu określenia różnic w zmienności cech pomiędzy poszczególnymi grupami, analizy te przeprowadzono z uwzględnieniem podziału na grupy obiektów.

Dla poszczególnych grup obiektów wykonano analizę zmienności. Stwierdzono dużą zmienność obserwowanych cech (współczynniki zmienności od 5,12% do 49,80%), a analiza wariancji wykazała, że wydzielone grupy obiektów są pod względem tych cech istotnie zróżnicowane. Czas kwitnienia był najdłuższy w grupie mieszańców CMS×DH, a najkrótszy u roślin *Rfo*. Największą wysokością charakteryzowały się rośliny CMS/DH×*Rfo*, a najmniejszą linia restorująca *Rfo*, która jednocześnie posiadała największą liczbę rozgałęzień oraz łuszczyń na roślinie.

Linia ta osiągała jednak najniższe wartości dla cech takich jak długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce oraz masa tysiąca nasion. Największą masę tysiąca nasion obserwowano w grupie mieszańców CMS×DH oraz u linii CMS *ogura*. Najniższą zawartością tłuszczu w nasionach charakteryzowała się grupa linii DH, a najwyższą — mieszańce CMS/DH×*Rfo* oraz linia CMS *ogura*.

Istotne statystycznie dodatnie korelacje zaobserwowano pomiędzy wysokością roślin a liczbą nasion w łuszczyńce i zawartością tłuszczu, jak również pomiędzy liczbą rozgałęzień a liczbą łuszczyń na roślinie, pomiędzy zawartością tłuszczu a liczbą łuszczyń na roślinie i liczbą nasion w łuszczyńce oraz pomiędzy długością łuszczyń a liczbą nasion w łuszczyńce. Korelacje ujemne stwierdzono pomiędzy masą tysiąca nasion a wysokością roślin i liczbą nasion w łuszczyńce. Siła korelacji w obrębie obserwowanych cech była zróżnicowana między poszczególnymi grupami obiektów.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Ocena efektu heterozji cech struktury plonu mieszańców pojedynczych i mieszańców trójliniowych rzepaku (*Brassica napus* L.)

Estimation of the seed yield traits heterosis for single cross and three-way cross hybrids of oilseed rape (*Brassica napus* L.)

Joanna Wolko^{✉1}, Agnieszka Dobrzycka¹, Jan Bocianowski²

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

✉ e-mail: jwolko@nico.ihar.poznan.pl

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) jest jedną z najważniejszych roślin oleistych w Polsce i na świecie. Wykorzystanie efektu heterozji poprzez hodowlę odmian mieszańcowych pozwala na zwiększenie plenności rzepaku. Celem niniejszej pracy była ocena efektu heterozji w dwóch populacjach mieszańców rzepaku ozimego. Na posterze zaprezentowano efekt heterozji występujący u mieszańców dla wysokości roślin, długości łuszczyń, liczby nasion w łuszczyńce i masy tysiąca nasion. Efekt heterozji mieszańców pojedynczych obliczono względem średniej rodziców (linia DH i linia CMS), a mieszańców trójliniowych — względem średniej dwóch rodziców „bezpośrednich” (mieszaniec CMS/DH i linia *Rfo*) oraz względem średniej trzech rodziców „pośrednich” (linia DH, linia CMS i linia *Rfo*). Badane mieszańce wykazywały zarówno dodatni, jak i ujemny wysoce istotny efekt heterozji pod względem badanych cech.

Słowa kluczowe: heterozja, cechy struktury plonu, hodowla mieszańcowa, rzepak ozimy

The winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) is one of the most important oil plants in Poland and world wide. Utilization of heterosis has greatly increased rapeseed fertility of hybrid varieties. The aim of this work was to estimate the heterosis in two populations of winter oilseed rape. The poster presents the heterosis response occurred in plant height, silique length, number of seeds per silique and the thousand seed weight. In single cross hybrids the heterosis response was calculated over the average parents (DH and CMS line), while in three-way cross hybrids - over the average of two “direct” parents (CMS/DH hybrid and *Rfo* line) or over the average of three “indirect” parents (DH, CMS and *Rfo* line). The tested hybrids showed both highly significant positive and negative heterosis in the studied traits.

Key words: heterosis, yield-related traits, hybrid breeding, winter oilseed rape

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) jest jedną z najważniejszych roślin oleistych w Polsce i na świecie. Ze względu na wzrost zużycia olejów roślinnych, a także wykorzystanie rzepaku na cele paszowe i przemysłowe, zapotrzebowanie na jego nasiona ciągle wzrasta. Plon jest jedną z najważniejszych i zarazem najbardziej skomplikowanych cech roślin uprawnych i kontrolowany jest przez wiele czynników genetycznych i środowiskowych. Jednym ze sposobów na zwiększenie plenności rzepaku jest wykorzystanie efektu heterozji poprzez hodowlę odmian mieszańcowych. Heterozja jest zjawiskiem, w którym potomstwo (F1) zróżnicowanych genetycznie osobników cechuje się zwiększoną biomasa, większym plonem nasion, szybszym rozwojem, lepszą tolerancją na warunki stresowe oraz większą odpornością na choroby. Otrzymywanie mieszańców heterozyjnych ułatwiają systemy męskiej sterility, z których najbardziej popularny w naszym kraju jest system CMS ogura.

Celem niniejszej pracy była ocena efektu heterozji w dwóch populacjach mieszańców rzepaku ozimego. Badania przeprowadzono na materiale roślinnym składającym się z 182 obiektów: 60 linii podwojonych haploidów (DH) (populacja rodzicielska), 60 mieszańców trójliniowych (CMS/bhghDH×*Rfo*) oraz linii rodzicielskiej CMS ogura i linii resorującej z genem *Rfo*, dobranych pod kątem dużego dystansu genetycznego względem linii DH. Mieszańce pojedyncze powstały z krzyżowania linii CMS ogura z wyjściowymi liniami DH, a mieszańce trójliniowe — z krzyżowania otrzymanych męskosterylnych mieszańców pojedynczych z linią resorującą *Rfo*. Doświadczenia polowe w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach obejmowały dwa sezony wegetacyjne: 2014/15 i 2015/16. W warunkach polowych oceniano cechy fenotypowe związane z długością kwitnienia, morfologią roślin oraz cechami plonotwórczymi. Na posterze zaprezentowano efekt heterozji występujący u mieszańców dla wysokości roślin, długości

łuszczyn, liczby nasion w łuszczynie i masy tysiąca nasion. Efekt heterozji mieszańców pojedynczych obliczono względem średniej rodziców (linia DH i linia CMS), a mieszańców trójliniowych — względem średniej dwóch rodziców „bezpośrednich” (mieszaniec CMS/DH i linia Rfo) oraz względem średniej trzech rodziców „pośrednich” (linia DH, linia CMS i linia Rfo).

Badane mieszańce wykazywały zarówno dodatni, jak i ujemny wysoce istotny efekt heterozji pod względem badanych cech. Najwięcej mieszańców przejawiało dodatni efekt heterozji pod względem wysokości roślin, co świadczy o ich zwiększonym wigorze.

Dodatni efekt heterozji obserwowano u większej liczby mieszańców trójliniowych niż pojedynczych (dotyczy to wysokości roślin, długości łuszczyn i liczby nasion w łuszczynie). Znajduje to odbicie również w wielkości tego efektu dla wyżej wymienionych cech. Był on większy u mieszańców trójliniowych niż u pojedynczych. Odwrotna sytuacja miała miejsce w przypadku masy tysiąca nasion (MTN), gdzie większość mieszańców trójliniowych przejawiała ujemny efekt heterozji pod względem tej cechy. Dodatkowo, dla MTN ujemny efekt był większy u mieszańców pojedynczych, a mniejszy u trójliniowych. Może to być następstwem występującej zazwyczaj negatywnej korelacji pomiędzy liczbą nasion w łuszczynie a masą tysiąca nasion.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Identyfikacja genetycznych podstaw procesu kiełkowania w nasionach rzepaku (*Brassica napus* L.) z wykorzystaniem mapowania genetycznego

Identification of the genetic basis of germination in rape seed (*Brassica napus* L.) using genetic mapping

Katarzyna Gacek¹✉, Iwona Bartkowiak-Broda¹, Laurencja Szala¹, Teresa Cegielska-Taras¹, Philipp E. Bayer², David Edwards², Jacqueline Batley², Steven Penfield³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu

² School of Plant Biology, University of Western Australia, Perth, Crawley, Australia

³ John Innes Centre, Norwich, UK

✉ e-mail: kgacek@nico.ihar.poznan.pl

Badano populację mapującą rzepaku ozimego złożoną z 78 linii podwojonych haploidów uzyskanych z mieszańców pochodzących ze skrzyżowania linii różniących się siłą kiełkowania. Siła kiełkowania nasion była automatycznie rejestrowana co 30 min przy pomocy aparatu fotograficznego umieszczonego w minikomputerze Raspberry Pi. Zdjęcia przeanalizowano przy pomocy oprogramowania stworzonego w John Innes Centre. W kolejnym etapie wykorzystując metodę sekwencjonowania całego genomu (Illumina® HiSeq) wszystkich linii populacji mapującej zidentyfikowano polimorfizmy pojedynczego nukleotydu (SNPs) w tych liniach. Dane te posłużą do mapowania genetycznego i identyfikacji genów regulujących proces kiełkowania.

Słowa kluczowe: rzepak mapowanie genetyczne, kiełkowanie

The mapping population of winter oilseed rape composed of 78 doubled haploid lines obtained from hybrids originating from the intersection of lines differing in germination power was examined. Seed germination power was automatically recorded every 30 minutes using a camera placed in the Raspberry Pi mini computer. The photos were analyzed using software created at the John Innes Center. In the next step, using the whole genome sequencing method (Illumina® HiSeq) of all mapping population lines, single nucleotide polymorphisms (SNPs) were identified in these lines. This data will be used for genetic mapping and identification of genes regulating the germination process.

Key words: rape seed, genetic mapping, germination

Nasiona roślin uprawnych pełnią kluczową rolę w plonowaniu, a więc zapewnieniu bezpieczeństwa żywnościowego człowieka. O jakości i wielkości plonu w dużej mierze decyduje wigor nasion, który warunkuje szybkie kiełkowanie oraz wyrównany rozwój siewek w odpowiednich warunkach środowiskowych. Ulepszenie wigoru nasion rzepaku ma istotne znaczenie w hodowli plennych odmian tego gatunku i aby go uzyskać, należy poznać genetyczne podstawy m.in. kiełkowania. W tym celu przebadano populację mapującą rzepaku ozimego złożoną z 78 linii podwojonych haploidów (DH) uzyskanych z mieszańców pochodzących ze skrzyżowania linii różniących się siłą kiełkowania: czarnonasiennej (M305) oraz żółtonasiennej (Z114). Analizę kiełkowania populacji mapującej Z114xM305 przeprowadzono wykorzystując wysokoprzepustową, zautomatyzowaną metodę analizy zdolności i energii kiełkowania, a nasiona badanych linii

uzyskano w doświadczeniu przeprowadzonym w sezonie 2015/2016 w IHAR — PIB Poznań. Doświadczenie prowadzone było w trzech powtórzeniach w układzie bloków losowych w komorach kiełkowania umieszczonych na półkach w fitotronie w 10°C i stałym oświetleniu 58W Philips 840 (John Innes Centre, Norwich, UK). Analiza prowadzona była jednocześnie w 12 komorach, a w każdej komorze analizowano 5 linii DH wraz z linią kontrolną. W komorze kiełkowania znajdował się panel wyścielony bibułą nasiąkniętą wodą destylowaną, na której wyłożono po 50 nasion dla każdej analizowanej linii DH. Siła kiełkowania nasion była automatycznie rejestrowana co 30 min przy pomocy aparatu fotograficznego umieszczonego w minikomputerze Raspberry Pi przymocowanego w górnej pokrywie komory. Każde powtórzenie analizowane było przez 14 dni, a podczas każdego 14-dniowego cyklu w 12 komorach analizowano 60 linii DH i 12 kontroli.

Podczas każdego 14-dniowego cyklu w jednej komorze wygenerowano 672 zdjęcia kiełkujących nasion. Zdjęcia przeanalizowano przy pomocy oprogramowania stworzonego przez zespół bioinformatyków w John Innes Centre, określając długość czasu, w którym wykiełkowało 10, 50 i 90% nasion (T10, T50, T90, Gmax). Analiza ta wykazała, że badane linie DH posiadają zróżnicowaną zdolność kiełkowania względem linii rodzicielskich, co wraz z zaobserwowanym zróżnicowaniem w zabarwieniu nasion tych linii wskazuje na transgresję alleli w tej populacji.

W kolejnym etapie badań wykorzystano metodę sekwencjonowania całego genomu (Illumina® HiSeq) wszystkich linii populacji mapującej, oraz zidentyfikowano 187 794 polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNPs) w tych liniach. Pozwoli to wraz z uzyskanymi wynikami testu kiełkowania przeprowadzić mapowanie genetyczne, które umożliwi identyfikację genów regulujących kiełkowaniem nasion. To z kolei umożliwi opracowanie markerów selekcyjnych, które mogą być wykorzystane w programach hodowlanych plennych odmian rzepaku ozimego.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Poszukiwanie źródeł odporności na stresy biotyczne w dawnych odmianach i populacjach miejscowych pszenic i pszenżyta

The search for sources of biotic stress resistance in old varieties and landraces of wheat and triticale

Aleksandra Pietrusińska^{1✉}, Monika Żurek^{2✉}, Dariusz Mańkowski³

¹ Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych Pracownia Gromadzenia i Oceny Roślin, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, Polska

² Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Pracownia Kukurydzy i Pszenżyta Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, Polska

³ Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa, Pracownia Ekonomiki Nasiennictwa i Hodowli Roślin, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, Polska

✉ e-mail: a.pietrusinska@ihar.edu.pl, m.zurek@ihar.edu.pl

Sprostanie wzrastającemu popytowi na zboża wymaga wyhodowania odmian wysoko plonujących, odpornych na wzrastającą presję ze strony czynników stresowych. Zubożenie puli genowej nowoczesnych odmian zbóż spowodowało zwrócenie zainteresowania naukowców i hodowców na inne potencjalne źródła genów odporności. Dawne odmiany oraz populacje miejscowe zbóż są jednym z perspektywicznych źródeł pozyskiwania genów odporności. Charakteryzują się one dużą różnorodnością morfologiczną, użytkową i genetyczną. Celem przedstawionych prac była charakterystyka pod kątem możliwości pozyskania z dawnych odmianach i populacji miejscowych, efektywnych i trwałych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego zbóż i traw. Przy wykorzystaniu selekcji fenotypowej wytypowano obiekty charakteryzujące się reakcją wrażliwości lub odporności na zastosowane izolaty różnicujące z różnych regionów kraju. W celu opisanego zróżnicowania pomiędzy badanymi liniami / odmianami oraz izolatami mączniaka prawdziwego przeprowadzono analizy statystyczne.

Słowa kluczowe: dawne odmiany, geny odporności, hodowla odpornościowa, odmiany miejscowe, różnorodność genetyczna, źródła odporności

Meeting growing demand for grain requires growing high-yielding varieties that are resistant to increasing pressure from stress factors. The depletion of the gene pool of modern cereal varieties resulted in the scientists and breeders being attracted to other potential sources of resistance genes. Old varieties and local populations of cereals are one of the prospective sources of acquiring resistance genes. They are characterized by a large morphological, utilitarian and genetic diversity. The purpose of the presented works was to characterize the possibility of obtaining from local varieties and populations of local, effective and lasting sources of resistance to powdery mildew of real cereals and grasses. Using the phenotypic selection, objects characterized by a sensitivity or resistance reaction to the applied isolating isolates from different regions of the country were selected. In order to describe the differences between the examined lines / strains and the isolates of powdery mildew, statistical analyzes were carried out.

Key words: old varieties, resistance genes, resistance breeding, landraces, genetic diversity, sources of resistance

Wstęp

Postępujące zmiany klimatyczne wpływają na wzrost presji ze strony czynników biotycznych i abiotycznych, na rośliny uprawne. W Polsce obserwuje się tendencję wzrostową w udziale zbóż w ogólnym areale zasiewów. Według danych GUS w 2018 roku areal zasiewów zbóż wyniósł 74% wszystkich upraw. Systematycznie wzrasta również zapotrzebowanie na ziarno zbóż. Według danych szacunkowych wzrośnie ono o 70% do 2050 roku. Osiągnięcie tego poziomu wymaga podwojenia plonów. Sprostanie wzrastającemu popytowi na zboża wymaga wyhodowania odmian wysoko plonujących, odpornych na wzrastającą presję ze strony czynników

stresowych. Zubożenie puli genowej nowoczesnych odmian zbóż spowodowało zwrócenie zainteresowania naukowców i hodowców na inne potencjalne źródła genów odporności (Feuillet i in., 2007; Hajjar i in., 2007). Taką pulę zasobów stanowią odmiany dawne oraz populacje miejscowe. Z uwagi na strategiczne, z punktu widzenia bezpieczeństwa żywnościowego, znaczenie roślin zbożowych, intensywnie poszukiwane są efektywne źródła wnoszące cechę odporności na ważne gospodarczo choroby zbóż. Najważniejsze z nich to rdza brunatna oraz mączniak prawdziwy zbóż i traw (Jańczak i Pawlak, 2006). Choroby te występują na terenie całego kraju każdego roku, w zmiennym nasileniu, zależnym od

warunków pogodowych (Kryczyński i Weber, 2011). Odmiany pszenicy, pszenżyta oraz jęczmienia dopuszczone do uprawy w Polsce oraz nowe, będące w badaniach rejestrowych, pod względem odporności na porażanie przez grzyby *Blumeria graminis* i *Puccinia recondita*, oceniane są jako średnio podatne i podatne w stadium siewek, a w warunkach polowych, wrażliwe lub bardzo wrażliwe. Porażenie przez te patogeny prowadzi do znacznego spadku wielkości i jakości plonów.

Dawne odmiany oraz populacje miejscowe zbóż są jednym z perspektywicznych źródeł pozyskiwania genów odporności. Charakteryzują się one dużą różnorodnością morfologiczną, użytkową i genetyczną (Hausmann i in., 2004). Są to heterogeniczne, dynamiczne populacje, wykształcone w wyniku naturalnej presji selekcyjnej. Ponadto, ich długotrwała koevolucja z patogenami o różnej wirulencji spowodowała nagromadzenia alleli odporności, które mogą być cennym źródłem odporności na choroby grzybowe przy jednoczesnych małych wymaganiach glebowych.

Celem przedstawionych prac była charakterystyka pod kątem możliwości pozyskania z dawnych odmianach i populacji miejscowych, efektywnych i trwałych źródeł odporności na mączniaka prawdziwego zbóż i traw. Przy wykorzystaniu selekcji fenotypowej wytypowano obiekty charakteryzujące się reakcją wrażliwości lub odporności na zastosowane izolaty różnicujące z różnych regionów kraju. W celu opisania zróżnicowania pomiędzy badanymi liniami / odmianami oraz izolatami mączniaka prawdziwego przeprowadzono analizy statystyczne.

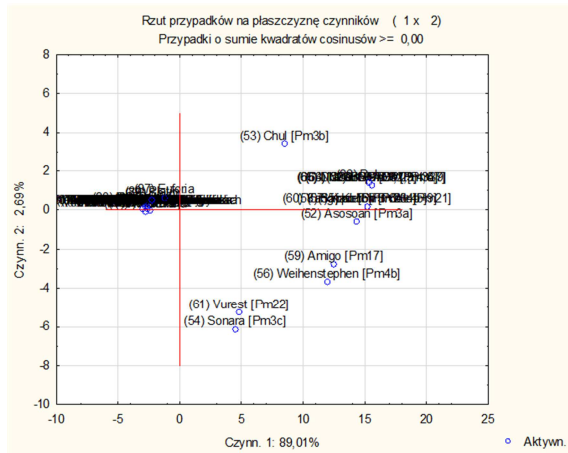
Material i metody

W badaniach dotyczących pszenicy wykorzystano łącznie 89 odmian oraz linii pszenicy ozimej oraz jarej, w tym: 50 dawnych odmian o nieznanym profilu odpornościowym, 15 linii/odmian testowych o znanych genach odporności na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (geny *Pm*), 1 wzorzec podatności — odmiana Nimbus, 23 odmian pszenicy aktualnie uprawiane. Do oceny odporności wykorzystano łącznie 23 izolaty różnicujące pochodzące z różnych części kraju. W badaniach nad pszenżytem wykorzystano łącznie 154 odmian oraz linii pszenżyta ozimego oraz jarego, w tym: 138 odmian o nieznanym profilu odpornościowym, 15 linii/odmian testowych o znanych genach odporności na mączniaka

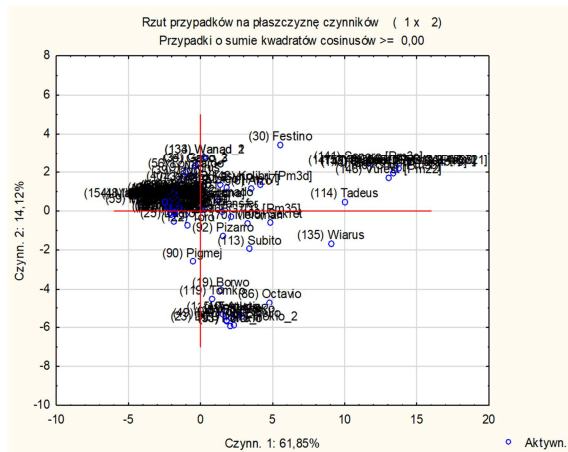
prawdziwego zbóż i traw (geny *Pm*), 1 wzorzec podatności — odmiana Marko. Do oceny odporności użyto 14 izolatów różnicujących. Doświadczenia przeprowadzono w dwóch powtórzeniach. Doświadczenie fitopatologiczne prowadzono w komorze fitotronowej (16 godz. światła / 8 godz. ciemności, temp. 16–22°C). Przeprowadzono inokulację roślin izolatami *B. graminis*. Izolat różnicujący namnożono na roślinach podatnych odmian Nimbus/Marko (odmiany kontrolne), a następnie zakażono materiał roślinny poprzez równomierne strząsanie zarodników konidialnych z odmian wzorcowych. Po upływie 810 dni oceniono reakcję roślin wykorzystując pięciostopniową skalę wg Mainsa i Daetza (1930) dla mączniaka prawdziwego, w której: 0 = brak widocznych objawów porażenia; 1 = niewielkie nekrozy; 2 = powiększające się nekrozy wraz ze skąpym zarodnikowaniem; 3 = chlorozy, grzybnia rozwinięta, lecz słabo zarodnikująca; 4 = dobrze rozwinięta grzybnia i zarodnikująca grzybnia. Odmiany — linie o reakcji 0–2, tworzyły grupę roślin odpornych, natomiast o reakcji 3–4 grupę roślin podatnych.

Wyniki i wnioski

1. Wyodrębniono 3 grupy odmian / linii pszenicy oraz pszenżyta charakteryzujące się: całkowitą wrażliwością oraz odpornością i częściową odpornością na zastosowane izolaty różnicujące *Blumeria graminis* (Rys. 1; pszenica, Rys. 2 pszenżyto).
2. Wszystkie dawne odmiany / linie pszenicy porażone były przez izolaty *B. graminis*.
3. Wyodrębniono różne rasy fizjologiczne (patotypy) patogena, występujące w tych samych lokalizacjach na przełomie kilku lat zarówno dla pszenicy jaki i pszenżyta (Tab. 1 do Tab. 6).
4. Na podstawie uzyskanych wyników można wyselekcjonować odmiany pszenicy oraz pszenżyta, które można będzie wprowadzić do uprawy w rejonie którym nie istnieje obecnie rasa patogena, która mogłaby ją porazić.
5. Odmiany pszenżyta: Strzelce (STH) — Alekto, LAD794 Fidelio, Meloman, Festino, Octavio, Orinoko; Bąków (BAH): Atletico, Wiarus, Tomko.
6. Odmiana pszenicy: Nagradowice (NAH) — Sonara, Chul (*Pm3b*).



Rys. 1. Analiza głównych składowych dla 89 odmian oraz linii pszenicy
Fig.1. Principal component analysis for 89 wheat lines and cultivars



Rys. 2. Analiza głównych składowych dla 154 odmian oraz linii pszenżyta
Fig. 2. Principal component analysis for 154 triticale lines and cultivars

Tabela 1

Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenicy z HR Strzelce
Summary of the variance analysis for the wheat lines from Strzelce HR

Grupa Group	HR Strzelce					
	izolat isolate	średnia average	1	2	3	4
5	41STH	3,303371		D		
1	6STH	3,325843			C	
6	58STH	3,370787	B			
4	21STH	3,370787	B			
3	8STH	3,382022	B			
2	7STH	3,415730				A

Tabela 2

Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenicy z PHR, stacja Nagradowice
Summary of the variance analysis for the wheat lines from station Nagradowice of PHR

Grupa Group	PHR, Stacja Nagradowice Station Nagradowice of PHR			
	izolat isolate	średnia average	1	2
6	30NAH	3,235955	B	
5	29NAH	3,325843	B	A
4	24NAH	3,325843	B	A
1	3NAH	3,325843	B	A
3	7NAH	3,337079	B	A
2	5NAH	3,415730		A

Tabela 3

Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenicy z HR Smolice
Summary of the variance analysis for the wheat lines from HR Smolice

Grupa Group	HR Smolice				
	izolat isolate	średnia average	1	2	3
6	28SMH	3,292135	C		
1	2SMH	3,303371	C		
3	13SMH	3,325843	C		
2	7SMH	3,370787		B	
4	18SMH	3,393258		B	
5	25SMH	3,505618			A

Tabela 4

Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenicy z MHR stacja Polanowice
Summary of the variance analysis for the wheat lines from Station Polanowice of MHR

Grupa Group	MHR stacja Polanowice Station Polanowice of MHR				
	izolat isolate	średnia average	1	2	3
4	18POH	3,243446		C	
5	19POH	3,325843	B	C	
1	1POH	3,393258	B		
3	10POH	3,460674	B		A
2	3POH	3,528090			A

Tabela 5

Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenżyta z HR Strzelce
Summary of the variance analysis for the triticale lines from HR Strzelce

Grupa Group	HR Strzelce					
	Izolat Isolate	Średnia Average	1	2	3	4
6	4STH	3,163934			D	
4	2STH	3,184211			D	C
5	3STH	3,289902			D	C
7	5STH	3,297030				C
8	6STH	3,435065	B			
1	10STH	3,480132	B	A		
10	9STH	3,528239	B	A		
2	11STH	3,536913	B	A		
3	1STH	3,561056	B	A		
9	7STH	3,600000		A		

Tabela 6
Podsumowanie analizy wariancji dla linii pszenżyta
z HR Smolice stacja Bąków
Summary of the variance analysis for the triticale lines
from Station Bąków of HR Smolice

Grupa Group	HR Smolice stacja Bąków Station Bąków of HR Smolice				
	izolat isolate	średnia average	1	2	3
1	15BAH	3,032468	C		
2	4BAH	3,261438		B	
3	7BAH	3,527869			A

Literatura

Feuillet C., Langridge P., Waugh R. 2007. Cereal breeding takes a walk on the wild side. *Trends Genet.* 24: 24 — 32.

Hajjar R., Hodgkin T. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* 156: 1 — 13.

Hausmann B. I. G., Parzies H. K., Presterl T., Miedaner T. 2004. Plant genetic resources in crop improvement. *Plant Genet. Resour.-C.* 2 (1): 3 — 21.

Jańczak C., Pawlak A., 2006. Występowanie i szkodliwość mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis*) w pszenicy ozimej w latach 2003–2005. *Postępy w Ochronie Roślin* 46 (2): 582 — 542.

Kryczyński S., Weber Z. 2011. *Fitopatologia. Tom 2. Choroby roślin uprawnych.* Poznań: PWRiL, 2011, str. 350-352. ISBN 978-83-09-01077-7.

Mains E. B., Dietz S. M. 1930. Physiologic forms of barley mildew, *Erysiphe graminis hordei* Marchal. *Phytopathol.* 20: 229 — 239.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Zastosowanie metody Taguchiego do poprawy efektywności androgenezy w zbożowych kulturach *in vitro*

Application of the Taguchi method in the androgenesis efficiency enhancement in cereal tissue cultures

Renata Orłowska¹✉, Katarzyna Anna Pachota¹, Joanna Machczyńska¹, Agnieszka Niedziela¹, Janusz Zimny², Piotr Tomasz Bednarek¹

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin, Radzików, 05-870 Błonie

² Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin

✉ e-mail: r.orlowska@ihar.edu.pl

W zbożowych kulturach *in vitro* jednym z najtrudniejszych problemów do przezwyciężenia w trakcie produkcji podwojonych haploidów (DH) jest albinizm. Wydaje się, że dość skutecznym sposobem redukcji albinizmu jest dobór odpowiedniego czynnika stresowego w połączeniu ze zbalansowanym składem pożywek. W prezentowanej pracy zastosowano suplementację pożywek jonami miedzi i srebra (CuSO_4 , AgNO_3) oraz modulowano czas kultur na pożywkach indukujących dla trzech gatunków zbóż: jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.), pszenicy (*Triticum aestivum* L.) oraz pszenżyta (x *Triticosecale* spp. Wittmack ex A. Camus 1927). Zastosowanie metody Taguchiego pozwoliło na ograniczenie liczby eksperymentów oraz umożliwiło zoptymalizowanie warunków prowadzenia kultur *in vitro*, co ostatecznie wpłynęło na poprawę ilości zielonych regenerantów u wszystkich zastosowanych gatunków.

Słowa kluczowe: Metoda Taguchiego, optymalizacja, zbożowe kultury *in vitro*, androgeniza, CuSO_4 , AgNO_3 , czas indukcji

In cereal tissue cultures, one of the most difficult problems to overcome during the production of doubled haploids (DH) is the albinism. It seems that a quite effective way to reduce albinism is to choose the right stress factor in combination with a balanced composition of medium. In the presented work supplementation of nutrients with copper and silver ions (CuSO_4 , AgNO_3) and modulation of cultures time on induction medium for three cereal species: barley (*Hordeum vulgare* L.), wheat (*Triticum aestivum* L.) and triticale (x *Triticosecale* spp. Wittmack ex A. Camus 1927) were used. Application of the Taguchi method enabled to limit the number of experiments and to optimize the conditions for tissue cultures, which enhanced of the amount of green regenerants in all analyzed species.

Key words: Taguchi method, optimization, cereal tissue cultures, androgenesis, CuSO_4 , AgNO_3 , induction length

Techniki pozyskiwania podwojonych haploidów (DH) od momentu ich wynalezienia do dziś pozwalają na pozyskiwanie cennych materiałów, które w znaczący sposób przyspieszają wprowadzanie nowych odmian hodowlanych na rynek. Jednakże masowa produkcja DH nie jest procesem łatwym i natrafia na pewne trudności, takie jak przygotowanie odpowiedniego materiału wyjściowego czy też przełamanie naturalnych barier roślin do podwajania garnituru chromosomowego w warunkach *in vitro*. W zbożowych kulturach *in vitro* jednym z najtrudniejszych problemów do przezwyciężenia w trakcie produkcji roślin DH jest albinizm. Wynika to z faktu pozyskiwania roślin DH na drodze androgenezy w kulturach pylnikowych lub izolowanych mikrospor. Dotychczas, w celu poprawy wydajności procesu androgenezy, koncentrowano się na doborze odpowiedniego materiału wyjściowego do kultur, wytypowaniu odpowiedniej fazy rozwojowej mikrospor, na

modyfikacji czynników stresowych indukujących androgenzę lub na optymalizacji składu pożywek do hodowli. Wydaje się, że dość skutecznym sposobem redukcji albinizmu jest dobór odpowiedniego czynnika stresowego w połączeniu ze zbalansowanym składem pożywek. W prezentowanej pracy zastosowano suplementację pożywek jonami miedzi i srebra (CuSO_4 , AgNO_3) oraz modulowano czas kultur na pożywkach indukujących dla trzech gatunków zbóż: jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.), pszenicy (*Triticum aestivum* L.) oraz pszenżyta (x *Triticosecale* spp. Wittmack ex A. Camus 1927). Dobór czynników został podyktowany ich pozytywnym wpływem na proces androgenezy. Jony miedzi obecne w pożywkach hodowlanych mogą stymulować regenerację oraz powstawanie zielonych regenerantów. Także jony srebra pozytywnie wpływają na produkcję i wzrost embrionicznego kalusa podczas otrzymywania regenerantów. Zastosowanie metody Taguchiego

pozwoili na ograniczenie liczby eksperymentów oraz umożliwiło zoptymalizowanie warunków prowadzenia kultur *in vitro*. W pośrednim etapie doświadczenia obserwowano wzrost liczby zielonych regenerantów oraz redukcję roślin albino-tycznych u wszystkich testowanych gatunków.

Ostatecznie zastosowanie metody Taguchiego pozwoliło na poprawę ilości zielonych regenerantów u wszystkich zastosowanych gatunków, jednakże u pszenżyta cały proces optymalizacyjny został potwierdzony statystycznie.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Substancje bioaktywne form wyjściowych pszenicy do hodowli nowych odmian w aspekcie produkcji żywności funkcjonalnej — wpływ warunków suszy w sezonie wegetacyjnym 2015 roku

Bioactive substances of wheat input forms for new breeding cultivation in the aspect of functional food production

Wioletta M. Dynkowska[✉], Małgorzata R. Cyran

Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin— Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

[✉] e-mail: w.dynkowska@ihar.edu.pl

Substancje bioaktywne, posiadające zdolność modyfikowania funkcji fizjologicznych i metabolicznych organizmu, stanowią obszar coraz większego zainteresowania w kontekście ochrony zdrowia. Oceniono 45 linii pszenicy ozimej ze zbioru 2015 roku, których wegetacja przebiegała w warunkach suszy w sześciu różnych lokalizacjach stacji hodowli roślin. Stwierdzono występowanie korelacji pomiędzy zawartością arabinoksylianów rozpuszczalnych oraz ich indeksem masy cząsteczkowej a lepkością wodnego ekstraktu. Stres suszy powodował wzrost długości łańcuchów arabinoksylianów rozpuszczalnych.

Słowa kluczowe: pszenica ozima, substancje bioaktywne, związki fenolowe, susza

Bioactive substances, which have the ability to modify the physiological and metabolic functions of the body, constitute an area of growing interest in the context of health protection. 45 lines of winter wheat from the 2015 harvest were assessed, the vegetation of which took place in drought conditions in six different locations of plant breeding stations. There was a correlation between the content of soluble arabinoxylans and their molecular weight index and the viscosity of the aqueous extract. The drought stress caused an increase in the length of the soluble arabinoxylan chains.

Key words: winter wheat, bioactive substances, phenolic compounds, drought

Substancje bioaktywne, posiadające zdolność modyfikowania funkcji fizjologicznych i metabolicznych organizmu, stanowią obszar coraz większego zainteresowania w kontekście ochrony zdrowia. Zawartość polisacharydów rozpuszczalnego błonnika pokarmowego przyczynia się do podniesienia lepkości treści pokarmowej jelita cienkiego tym samym ograniczając strawność pokarmów wysokoskrobiowych i spowalniając wchłanianie glukozy. Charakterystyka materiałów hodowlanych pszenicy w zakresie potencjału lepkiego ziarna, zawartości i składu polisacharydów błonnika pokarmowego oraz określenia zawartości związków fenolowych, jako podstawy do wskazania linii pszenic odpowiednich do hodowli nowych odmian o podwyższonej koncentracji związków bioaktywnych stanowiło cel niniejszych badań.

Oceniono 45 linii pszenicy ozimej ze zbioru 2015 roku, których wegetacja przebiegała w warunkach suszy w sześciu różnych lokalizacjach stacji hodowli roślin. Analizę lepkości wodnego ekstraktu ziarna (1:3; w/v) przeprowadzono na reometrze Brookfield LVDV-III Ultra CP w temperaturze 30°C (Cyran, Ceglińska, 2011).

Całkowitą ilość związków fenolowych w ekstrakcie metanolowym analizowano kolorymetrycznie, wykorzystując odczynnik Folina i Ciocalteu'a (Horszwald i in., 2010). Oznaczenie polisacharydów nieskrobiowych wykonano za pomocą chromatografii gazowej po wcześniejszym wytrawieniu enzymatycznym skrobi i białka, hydrolizie oczyszczonych frakcji polisacharydowych i upochodnieniu uwolnionych cukrów prostych do lotnych pochodnych (Englyst, Cummings, 1984).

Średnia wartość poziomu lepkości ekstraktu ziarna badanych linii pszenicy (2,93 mPa·s) była aż o 70% wyższa w stosunku do średniej lepkości ekstraktu ziarna (1,73 mPa·s) uzyskanej dla linii pszenicy pochodzących ze zbioru w 2013 roku w tych samych lokalizacjach, uprawianych w typowych warunkach klimatycznych. Zakres zmienności tego parametru wahał się od 1,71 do 5,26 mPa·s i był prawie dwukrotnie szerszy niż ten obserwowany w materiałach z 2013 roku (1,40–2,30 mPa·s).

Średnia zawartość arabinoksylianów rozpuszczalnych (1,04% s.m.) w ziarnie pszenicy ze zbioru w 2015 roku i ich zakres zmienności

(0,75–1,39% s.m.) nie różniły się istotnie od wartości tych parametrów uzyskanych dla populacji z roku 2013 (0,96% s.m. i 0,66–1,28% s.m.). Natomiast indeks masy cząsteczkowej arabinoksylianów rozpuszczalnych w formach pszenicy z 2015 roku, wyrażony lepkością ekstraktu ziarna przypadającej na jednostkę masy arabinoksylianów (wartość średnia, 2,82) był o 55% wyższy w stosunku do jego wartości obserwowanej w liniach z 2013 roku (1,82); przesunął się również zakres zmienności tego parametru (2,22–3,79, dla populacji z 2015; 1,38–2,34, dla form z 2013 roku).

Stwierdzono występowanie korelacji pomiędzy zawartością arabinoksylianów rozpuszczalnych oraz ich indeksem masy cząsteczkowej a lepkością wodnego ekstraktu, jednakże drugiej zależności nie odnotowano w formach wyhodowanych w 2015 roku. Ekstrahowalność arabinoksylianów, zawartość nierozpuszczalnych polisacharydów błonnika pokarmowego oraz zawartość związków fenolowych ogółem nie różniły się znacząco od ich wartości otrzymanych dla populacji uprawianych w typowych warunkach klimatycznych.

Stres suszy powodował wzrost długości łańcuchów arabinoksylianów rozpuszczalnych, tym samym wzrastał potencjał lepki ziarna pszenicy, czego konsekwencją było polepszenie jego wartości prozdrowotnej.

Literatura

- Englyst H., Cummings J. H. Simplified method for the measurement of total non-starch polysaccharides by gas-liquid chromatography of constituent sugars as alditol acetates. *Analyst*, 1984, 109: 937 — 942.
- Cyran M. R., Ceglińska A. Genetic variation in the extract viscosity of rye (*Secale cereale* L.) bread made from endosperm and wholemeal flour: impact of high-molecular-weight arabinoxylan, starch and protein. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2011, 91: 469 — 479.
- Horszwald A., Morales F. J., del Castillo M. D., Zieliński H. Evaluation of antioxidant capacity and formation of processing contaminants during rye bread making. *Journal of Food and Nutrition Research*, 2010, 49 (3): 149 — 159.

Podziękowanie

Autorki składają serdeczne podziękowania hodowcom ze stacji Hodowli Roślin w Modzurowie, Smolicach, Antoninach, Choryni, Strzelcach i Polanowicach za udostępnienie ziarna materiałów hodowlanych pszenicy do analiz fizyko-chemicznych.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Optimalizacja metod detekcji mutacji w genie *Nud* indukowanej przez technologię CRISPR/Cas9 w jęczmieniu zwyczajnym (*Hordeum vulgare* L.)

Optimization of mutation detection methods in the *NUD* gene induced by CRISPR / CAS9 technology in barley (*Hordeum vulgare* L.)

Mateusz Przyborowski¹✉, Sebastian Gasparis¹, Wacław Orczyk²,
Anna Nadolska-Orczyk¹

¹Zakład Genomiki Funkcjonalnej, ²Zakład inżynierii Genetycznej
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

✉ e-mail: m.przyborowski@ihar.edu.pl

Celem pracy był wybór optymalnej metody detekcji mutacji w genie *Nud* indukowanej z wykorzystaniem technologii CRISPR/Cas9 w jęczmieniu zwyczajnym. Testowano cztery powszechnie wykorzystywane techniki genotypowania: polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych (RFLP), trawienie enzymatyczne przy użyciu endonukleazy I z bakteriofaga T7, wysokorozdzielczą krzywą topnienia produktu reakcji łańcuchowej polimerazy (HRM-PCR) oraz sondy molekularne. W toku prowadzonych prac stwierdzono, że najkorzystniejszym sposobem wykrywania mutacji indukowanej techniką CRISPR/Cas9 jest metoda oparta o sondy molekularne. Daje ona jednoznaczne i powtarzalne wyniki ale jednocześnie wymaga użycia zaawansowanej aparatury.

Słowa kluczowe: CRISPR / Cas9, edytowanie genomu, gen *Nud*, jęczmień zwyczajny, sondy molekularne

The aim of the study was to select the optimal method for mutation detection in the *Nud* gene induced by using the CRISPR / Cas9 technology in barley. Four commonly used genotyping techniques were tested: restriction fragment length polymorphism (RFLP), enzymatic digestion using endonuclease I from T7 bacteriophage, high resolution melting curve of polymerase chain reaction product (HRM-PCR) and molecular probes. Findings in the current study suggest that the most favorable way for detecting mutations induced by the CRISPR / Cas9 technique is a method based on molecular probes. It enables to receive clear and repeatable results but at the same time requires the use of advanced equipment.

Key words: CRISPR / Cas9, genome editing, *Nud* gene, barley, molecular probes

CRISPR/Cas9 jest jedną z biotechnologicznych technik edytowania genomu wykorzystywaną w strategii polegającej na inaktywacji genu poprzez indukcję mutacji, a w efekcie końcowym na zahamowaniu powstawania funkcjonalnego białka kodowanego przez badany gen.

W celu wyboru optymalnej metody detekcji mutacji w genie *Nud* indukowanej z wykorzystaniem technologii CRISPR/Cas9 w jęczmieniu zwyczajnym testowano cztery powszechnie wykorzystywane techniki genotypowania: polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych (RFLP), trawienie enzymatyczne przy użyciu endonukleazy I z bakteriofaga T7, wysokorozdzielczą krzywą topnienia produktu reakcji łańcuchowej polimerazy (HRM-PCR) oraz sondy molekularne.

W celu ostatecznego potwierdzenia oraz określenia rodzaju mutacji wykonano sekwencjono-

wanie metodą Sanger. Z każdej rośliny T₀ sekwencjonowano co najmniej 5 klonów bakterijskich zawierających amplikon genu *Nud*.

Najkorzystniejszą techniką wykrywania mutacji indukowanej technologią CRISPR/Cas9 jest metoda oparta o sondy molekularne. Daje ona jednoznaczne i powtarzalne wyniki ale jednocześnie wymaga użycia zaawansowanej aparatury. Do metod o wysokiej przepustowości oraz wymagających tylko podstawowej aparatury laboratoryjnej należą techniki wykorzystujące enzymy restrykcyjne (technika RFLP) oraz endonukleazę I z bakteriofaga T7. Najtrudniejszą technicznie, a zarazem najbardziej problematyczną w interpretacji wyników okazała się wysokorozdzielcza krzywa topnienia produktu reakcji łańcuchowej polimerazy (HRM-PCR).

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Wirulencja populacji *Puccinia triticina* sprawcy rdzy brunatnej na pszenicy i pszenżytku w Polsce w latach 2016–2017

Virulence of *Puccinia triticina* the causal agents of wheat and triticale leaf rust in Poland in years 2016–2017

Grzegorz Czajowski✉, Paweł Czembor

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - PIB w Radzikowie

✉ e-mail: g.czajowski@ihar.edu.pl

Badaniami objęto grupę 97 jednozarodnikowych izolatów patogenu, zebranych z różnych odmian pszenicy i pszenżyta na terenie Polski. Analizę wirulencji wykonano w oparciu o zestaw blisko-izogenicznych linii pszenicy, które zawierają pojedyncze, znane geny odporności *Lr*. Zaobserwowano, że większość izolatów pochodzących z pszenżyta posiadało wirulencję wobec trzech genów *Lr*. Natomiast wśród izolatów pochodzących z pszenicy przeważały izolaty wirulentne wobec innych trzech genów *Lr*.

Słowa kluczowe: pszenica, pszenżyto, rdza brunatna, struktura populacji

The study involved a group of 97 mononuclear pathogen isolates collected from various wheat and triticale cultivars in Poland. The virulence analysis was based on a set of near-isogenic wheat lines that contain single, known *Lr* resistance genes. It was observed that most isolates from triticale had a virulence against three *Lr* genes. On the other hand, isolates derived from wheat predominated virulent isolates against other three *Lr* genes.

Key words: wheat, triticale, leaf rust, population structure

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. Hodowla i wprowadzanie do uprawy odpornych odmian mogą ograniczyć skutki występowania patogenu. Jednak, aby hodowla odpornościowa była skuteczna, konieczne jest prowadzenie systematycznych badań nad zmianami zachodzącymi w populacji *P. triticina*.

Celem przeprowadzonych badań było określenie struktury populacji *P. triticina*, zachodzących w niej zmian, a także poznanie efektywnych genów odporności.

Badaniami objęto grupę 97 jednozarodnikowych izolatów patogenu, zebranych z różnych odmian pszenicy (48 izolatów) i pszenżyta (49 izolatów) na terenie Polski. Analizę wirulencji wykonano w oparciu o zestaw 37 blisko-izogenicznych linii pszenicy, które zawierają pojedyncze, znane geny odporności *Lr*. Jako kontrolę zastosowano wrażliwą odmianę Thatcher.

W populacji pochodzącej z pszenicy wysoką frekwencję wirulencji (60–100%) notowano wobec genów: *Lr1*, *Lr10*, *Lr11*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr15*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr18*, *Lr21*, *Lr26*, *Lr30*, *Lr33*, *Lr36*, *Lr38*, *Lr44*, *LrB* (RL 6051) i *LrB* (RL

6061), natomiast niską (0–30%) w stosunku do genów: *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr28*, *Lr32*, *Lr52* i *Lr63*. Odnotowano znaczny spadek wirulencji wobec genów: *Lr24*, *Lr29* i *Lr32* w porównaniu do lat ubiegłych. W populacji pochodzącej z pszenżyta wysoką frekwencję wirulencji obserwowano wobec genów: *Lr10*, *Lr11*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr18*, *Lr21*, *Lr30*, *Lr33*, *Lr38*, *Lr44* *LrB* (RL 6051) i *Lr64*, podczas gdy niską w przypadku: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr3bg*, *Lr20*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr28* i *LrB* (RL 6061). Odnotowano wzrost częstotliwości wirulencji wobec genów: *Lr3*, *Lr17*, *Lr25*, *Lr26* i obniżenie w przypadku genu *Lr24* i *Lr29*. Geny *Lr9*, *Lr19*, *Lr29* i *Lr52* były wysoce efektywne na badane izolaty *P. triticina*.

Dla obydwu populacji obliczono złożoność wirulencji. Zaobserwowano, że większość izolatów pochodzących z pszenżyta posiadało wirulencję wobec 11, 14 i 16 genów *Lr*. Natomiast wśród izolatów pochodzących z pszenicy przeważały izolaty wirulentne wobec 17, 21 i 23 genów *Lr*.

Bazując na zestawie 20 linii Thatcher z genami: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr11*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr18*, *Lr20*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr30*, *LrB* (RL 6061) oznaczono 35 patotypów spośród izolatów pochodzących z pszenicy, dominowały patotypy:

MHTTQ i MHTTS. Obydwa notowano również w populacji z pszenżyta. Pojawiły się one także w poprzednich latach badań zarówno wśród patotypów zebranych z pszenicy jak i z pszenżyta.

W populacji patogenu pochodzącej z pszenżyta zidentyfikowano 35 patotypów. Z największą częstotliwością występował patotyp DBHKG, który pojawił się również w poprzednich latach, w populacji pochodzącej z pszenżyta.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Wykorzystanie właściwości allelopatycznych sorga (*Sorghum bicolor*) w ograniczaniu zachwaszczenia zbóż

The use of allelopathic properties of sorghum (*Sorghum bicolor*) in reducing weed infestation of cereals

Monika Żurek¹✉, Piotr Ochodzki², Roman Warzecha¹

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

¹Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Pracownia Kukurydzy i Pszenżyta

²Zakład Fitopatologii, Pracownia Chorób Zbóż

✉ e-mail: m.zurek@ihar.edu.pl

Ograniczanie konkurencyjności chwastów metodami mechanicznymi (pielniki, pielenie ręczne) jest procesem czasochłonnym. Allelopatia odnosi się głównie do substancji chemicznych wydzielanych do podłoża, które wpływają na wzrost innych organizmów w bezpośrednim otoczeniu. Jedną z roślin o najsilniejszym potencjale allelopatycznym jest, należące do rodziny wiechlinowatych, sorgo. Celem przeprowadzonych badań było określenie potencjału allelopatycznego wybranych form (odmian) sorga oraz przydatności wyciągu wodnego z sorga (*Sorghum bicolor*) jako bioherbicydu w ograniczeniu zachwaszczenia w uprawie ekologicznej zbóż (kukurydzy, pszenicy, pszenżyta), w naszych warunkach klimatycznych.

Słowa kluczowe: allelopatia, sorgo, sorgoleon, sorgaab, rolnictwo ekologiczne

Limiting the competitiveness of weeds by mechanical methods (weavers, hand weeding) is a time-consuming and cost-intensive process. Allelopathy mainly refers to chemicals released into the medium that affect the growth of other organisms in the immediate environment. One of the plants with the strongest allelopathic potential is sorghum, belonging to the family of paniculate. The aim of the research was to determine the allelopathic potential of selected sorghum forms (varieties) and the usefulness of sorghum extract as a bioherbicide in reducing weed infestation in organic cereals (maize, wheat, triticale) in our climatic conditions.

Key words: allelopathy, sorghum, sorgoleon, sorgaab, organic farming

Jednym z głównych czynników limitujących plony w rolnictwie ekologicznym jest problem konkurencji chwastów z roślinami uprawnymi. Ograniczanie konkurencyjności chwastów metodami mechanicznymi (pielniki, pielenie ręczne) jest procesem czasochłonnym. W doniesieniach naukowych z ostatnich lat, coraz większy nacisk kładzie się na wykorzystanie naturalnych, występujących w przyrodzie zależności pomiędzy roślinami uprawnymi a chwastami w celu ograniczenia tych ostatnich. Jednym z takich zjawisk jest allelopatia. Allelopatia odnosi się głównie do substancji chemicznych wydzielanych do podłoża, które wpływają na wzrost innych organizmów w bezpośrednim otoczeniu. Substancje te mogą pobudzać lub hamować kiełkowanie, a także wzrost i rozwój innych gatunków roślin żyjących w bliskim sąsiedztwie lub roślin następczych. Wiele gatunków roślin posiada udokumentowane właściwości allelopatyczne, m.in.: słonecznik, gryka, orzech włoski czy żyto ozime. Jedną z roślin o najsilniejszym potencjale allelopatycznym jest, należące do rodziny wiechlinowatych (*Poaceae*), sorgo (*Sorghum* sp.). W Polsce powierzchnia uprawy sorga wynosi 20 tys. ha. W warunkach klima-

tycznych Polski roślina ta jest w stanie wyprodukować wysoki plon zielonej masy, nawet do 100 t/ha. Sorgo w naszym kraju jest uprawiane głównie na cele paszowe w mieszance z kukurydzą. Największe znaczenie w uprawie odgrywa sorgo cukrowe (*Sorghum bicolor*). Roślina ta, ze względu na niskie wymagania glebowe, a także odporność na suszę i zasolenie, może być uprawiana na słabszych glebach (Pražak, 2015). Potencjał allelopatyczny posiada zarówno nadziemna część sorga, jak również jego korzenie. Obie części zawierają jednak zupełnie inne związki które wykazują działanie allelopatyczne. Nadziemne części sorga zawierają kwasy fenolowe oraz ich pochodne aldehydowe, natomiast w korzeniach stwierdzono obecność sorgoleonu oraz jego analogów. Z danych literaturowych wynika iż sorgoleon hamuje lub ogranicza wzrost zarówno jednoliściennych, jak też dwuliściennych chwastów takich jak: psianka czarna (*Solanum nigrum* L.), szarłat szorstki (*Amaranthus retroflexus* L.), chwastnica jednostronna (*Echinochloa crus-galli* L.) oraz miłka wonna (*Eragrostis* tef). Działanie fitotoksyczne sorgoleonu opiera się głównie na zahamowaniu fotosyntezy oraz syntezy karotenoidów (Dayan i in., 2010). W badaniach nad

fitotoksycznością sorga istnieje wiele doniesień o wykorzystaniu wodnego ekstraktu z nadziemnej części tej rośliny (tzw. sorgaab), zawierającego mieszaninę kwasów fenolowych, jako środka ograniczającego zachwaszczenie. Niektóre z doniesień sugerują nawet pozytywny wpływ „sorgaabu“ na plon rośliny uprawnej w uprawie której zastosowany był oprysk tym preparatem (Alsaadawi, Dayan 2009). Celem przeprowadzonych badań było określenie potencjału allelopatycznego wybranych form (odmian) sorga oraz przydatności wyciągu wodnego z sorga (*Sorghum bicolor*) jako bioherbicydu w ograniczeniu zachwaszczenia w uprawie ekologicznej zbóż (kukurydzy, pszenicy, pszenżyta), w naszych warunkach klimatycznych. W badaniach wykorzystano 5 odmian sorga (*Sorghum bicolor*) — węgierską odmianę Rona, dystrybuowaną w Polsce przez Kutnowską Hodowlę Buraka Cukrowego oraz 4 odmiany otrzymane z firmy KWS: KWS Lemnos, KWS Santos, KWS Merlin oraz KWS Titus. Do przeprowadzenia oceny wpływu wyciągów z sorga na zboża i kukurydzę wykorzystano następujące odmiany: IS Questor (pszenica), Dublet (pszenżyto) oraz Skarb (kukurydza). W ocenie wpływu wyciągów z sorga na chwasty wykorzystano nasiona następujących gatunków: owies głuchy (*Avena fatua* L.), szarłat (*Amaranthus*), kąkol polny (*Agrostemma githango* L.) oraz komosa biała (*Chenopodium album* L.). Ekstrakt wodny z roślin otrzymywano według standardowej procedury (Cheema i in., 2000), w następujący sposób: rośliny sorga po ścięciu podsuszano na słońcu przez 3–4 dni, następnie rozdrabniano mechanicznie. Tak przygotowaną sieczkę umieszczano w plastikowych beczkach, a następnie zalewano wodą w stosunku 1:10 (w/v). Beczki z maceratem trzymano w temperaturze pokojowej przez 24 godziny. Po upływie tego czasu zlewano otrzymany wyciąg (sorgaab), przepuszczając go przez sito oraz tetrę. W ekstraktach z roślin badanych odmian sorga została określona zawartość związków fenolowych. Ponadto w ekstraktach z korzeni określona została zawartość sorgoleonu oraz jego lipidowego analogu rezorcynolu. Zbadana została również dynamika syntezy sorgoleonu i rezorcynolu w korzeniach. Zawartość tych związków została określona przy wykorzystaniu chromatografii gazowej z detekcją płomieniowo-jonizacyjną (GC-FID). Standard zewnętrzny sorgoleonu otrzymano od prof. Franka E. Dayana z Colorado State University. W celu określenia

wpływu sorgaabu na kiełkowanie wybranych gatunków chwastów i zbóż, wysiano ich nasiona na szalkach Petriego wyłożonych bibułą. Na szalki aplikowano po 3 ml wyciągu z sorga co drugi dzień. Kontrolę stanowiły szalki podlewane wodą. Szalki inkubowano w temperaturze pokojowej. W celu oceny wpływu wydzielin korzeniowych sorga na kiełkowanie, nasiona badanych gatunków wyłożono na szalki Petriego z 5.-dniowymi siewkami sorga. Według danych literaturowych (Uddin i in., 2010) maksimum wydzielania sorgoleonu siewki sorga osiągają między 5 a 10 dniem od wysiewu. Z uwagi na ten fakt ocenę kiełkowania przeprowadzono po 5. dniach od wysiewu nasion chwastów.

Wyniki i wnioski

1. Badane odmiany sorga cukrowego (*Sorghum bicolor*), w ekologicznych warunkach uprawy, bardzo dobrze poradziły sobie z konkurencją ze strony chwastów oraz osiągnęły plony zielonej masy na zadowalającym poziomie (średnio 65 t/ha).
2. Poziom wydzielania sorgoleonu przez włósniki różnił się pomiędzy badanymi odmianami. Najwyższe jednostkowe stężenie tego związku na poziomie 36 mg/g s.m stwierdzono w przypadku odmiany KWS Lemnos. Produkcja sorgoleonu uzależniona była również od wieku siewek. Najwyższy poziom biosyntezy tego związku, we wszystkich odmianach sorga, występował u 5. dniowych siewek.
3. Uzyskane wyniki dotyczące wpływu sorgaabu na kiełkowanie i wzrost pszenicy, pszenżyta oraz kukurydzy, wskazują na potrzebę zachowania ostrożności w stosowaniu tego preparatu przedwzrostowo, gdyż może on ograniczyć kiełkowanie oraz wzrost rośliny uprawnej. We wszystkich zastosowanych wariantach zaobserwowano, istotnie statystycznie, ograniczenie wzrostu siewek.
4. W porównaniu do sorgaabu, wydzieliny korzeniowe siewek sorga w niższym stopniu wpływały na kiełkowanie oraz wzrost siewek zbóż i chwastów. Najwrażliwszym na działanie sorgoleonu, gatunkiem było pszenżyto.
5. Wszystkie badane odmiany sorga posiadają właściwości allelopatyczne, pozwalające na wykorzystanie ich do ograniczania liczebności chwastów.

Literatura

- Alsaadawi I. S., Dayan F. E 2009. Potentials and prospects of sorghum allelopathy in agroecosystems. *Allelopathy Journal* 24 (2): 255 — 270.
- Cheema Z. A., Sadiq H. M. I, Khaliq A. 2000. Efficacy of Sorgaab (Sorghum water extracts) as a natural weed inhibitor in wheat. *International Journal of Agriculture and Biology* 1560-8530/2000/02-1-2-144-146.
- Dayan F. E., Rimando A. M., Pan Z., Baerson S. R., Gimsing A. L., Duke S. O. 2010. Sorgoleone. *Phytochemistry* 71: 1032 — 1039.
- Prażak R. 2015. Uprawa sorga cukrowego w Polsce. *Więś Jutra*, 2: 46 — 47.
- Uddin M. R., Park K. W., Kim Y. K., Park S. U., Pyon J. Y. 2010. Enhancing sorgoleone levels in grain sorghum root exudates. *J. Chem. Ecol.* 36: 914 — 922.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia

Broadening of barley gene pool

Urszula Piechota✉, Paweł Czembor, Jerzy H. Czembor

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie

✉ e-mail: u.piechota@ihar.edu.pl

Przedstawiono badania nad określenie uwarunkowania genetycznego odporności na mączniaka prawdziwego czterech linii jęczmienia jarego. Badane linie wykazały odmienny profil reakcji na zastosowane izolaty, co wskazuje na obecność nowych nieznanych genów odporności. Wykazano że lokalne odmiany jęczmienia są potencjalnym źródłem efektywnej odporności.

Słowa kluczowe: jęczmień, pula genowa, mączniak prawdziwy

Research to determine the genetic determinant of mildew resistance to four spring barley lines has been presented. The examined lines showed a different reaction profile for the isolates used, which indicates the presence of new unknown resistance genes. It has been shown that local varieties of barley are a potential source of effective immunity.

Key words: barley, gene pool, powdery mildew

Choroby zbóż powodowane przez patogeny grzybowe są ważnym problemem ekonomicznym. Mączniak prawdziwy jęczmienia, wywołany przez obligatoryjnego biotroficznego patogena grzybowego *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, powoduje straty w plonie oraz obniżenie jakości browarnej ziarna. Pojawianie się i rozprzestrzenianie nowych patotypów prowadzi do znacznego porażenia i epifitoz. Problemem jest wąska pula genetyczna współczesnych elitarnych odmian jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) uprawianych w Europie. Znanych i zmapowanych na genomie jęczmienia jest 11 genów odporności na mączniaka (Jørgensen i Wolfe, 1994; Schönfeld i in., 1996). Niemal wszystkie, z wyjątkiem recesywnego allelu mlo, niosą odporność rasowo specyficzną. Taki typ odporności jest nietrwały i przełamany wraz z pojawieniem się wirulentnych patotypów grzyba. Wczesniejsze doniesienia wykazały, że odmiany miejscowe jęczmienia mogą być źródłem efektywnej odporności na mączniaka prawdziwego (Czembor 2000, 2002; Comadran i in., 2009). Odmiany lokalne wywodzą się z upraw opartych na dynamicznych populacjach, koewoluowały z patogenem i ulegały naturalnej selekcji. Dzięki tym procesom stanowią bogate źródło pożądanej zmienności.

Celem badań jest określenie uwarunkowania genetycznego odporności na mączniaka prawdziwego czterech linii jęczmienia jarego, Bgh255-3-3, Bgh569-3-3, Bgh5317-1-1 i Bgh39408-3-5, wyselekcjonowanych z ponad tysiąca populacji miejscowych pochodzących z rejonów basenu Morza Śródziemnego o tradycyjnej kulturze rolnej. Badania prowa-

dzone są z wykorzystaniem metod genetyki klasycznej, technik biologii molekularnej oraz testów fitopatologicznych.

Na potrzeby doświadczeń wytworzono populację mapującą krzyżując badane linie odporne z odmianą podatną Manchuria. Analiza dziedziczenia cechy odporności w populacjach mieszańcowych F2 i rodzinach F3 wykazała, że odporność wszystkich czterech linii jest warunkowana pojedynczym genem dominującym. Badane linie były inokulowane zestawem patotypów różnicujących grzyba. Porównano profile reakcji badanych linii z odpowiedzią 25 blisko izogenicznych linii Pallas, niosących znane geny odporności na mączniaka prawdziwego (Kølster i in., 1986). Badane linie wykazały odmienny profil reakcji na zastosowane izolaty, co wskazuje na obecność nowych nieznanych genów odporności. Analiza molekularna populacji F2 Bgh255-3-3 × Manchuria została przeprowadzona z użyciem markerów molekularnych SSR oraz SNP (DarTSeq, CAPS, ASPCR). Analiza wariantów markerów wykazała sprzężenie locus odporności linii Bgh255-3-3 z markerami zlokalizowanymi na chromosomie 2HS. Wyniki zostały użyte do konstrukcji mapy genetycznej zawierającej gen odporności.

Otrzymane wyniki potwierdzają, że lokalne odmiany jęczmienia są potencjalnym źródłem efektywnej odporności. Badane linie jęczmienia Bgh255-3-3, Bgh569-3-3, Bgh5317-1-1 i Bgh39408-3-5 wykazały szerokie spektrum odporności, reakcję niekompatybilną w układach ze wszystkimi zastosowanymi izolatami *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*.

Zaprezentowane wyniki stanowią podsumowanie prac wykonanych w pierwszym etapie (2015–2017) Programu Wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, Zadanie 2.2 (3-2-00-0-02) „Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia”.

Literatura

- Comadran J., Thomas W. T. B., van Eeuwijk F. Á., Ceccarelli S., Grando S., Stanca A. M., Pecchioni N., Akar T., Al-Yassin A., Benbelkacem A., Ouabbou H., Bort J., Romagosa I., Hackett C. A., Russel J. R. 2009. Patterns of genetic diversity and linkage-disequilibrium in a high structured *Hordeum vulgare* association-mapping population for the Mediterranean basin. *Theor. Appl. Genet.* 119: 175 — 187.
- Czembor J. H. 2000. Resistance to powdery mildew in barley landraces from Morocco. *Journal of Plant Pathology* 82 (3): 187 — 200.
- Czembor J. H. 2002. Resistance to powdery mildew in selections from Moroccan barley landraces. *Euphytica* 125: 397 — 409.
- Jørgensen J. H., Wolfe M. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. *Critical Reviews in Plant Science* 13 (1): 97 — 119.
- Kølster P., Munk L., Stølen O., Løhde J. 1986. Near-isogenic barley lines with genes for resistance to powdery mildew. *Crop Sci.* 26: 903 — 907.
- Schönfeld M., Ragni A., Fishbeck G., Jahoor A. 1996. RFLP mapping of three new loci for resistance genes to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) in barley. *Theor. Appl. Genet.* 93: 48 — 56.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Znaczniki typów odporności pszenicy na *Puccinia triticina*

Markers of wheat resistance types on *Puccinia triticina*

Przemysław Werecki^{✉1}, Marta Dmochowska-Boguta¹ Anna Nadolska-Orczyk² Waław Orczyk¹

¹ Zakład Inżynierii Genetycznej, ² Zakład Genomiki Funkcjonalnej, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

✉ e-mail: p.werecki@ihar.edu.pl

Celem pracy było wskazanie różnic pomiędzy odpornością rasowo-specyficzną i rasowo-niespecyficzną, by ocena odporności polowej badanej linii hodowlanej mogła być uzupełniona o dane wskazujące na typ odporności. Materiałem do badań była pszenica podatna odmiany Thatcher (Tc) oraz 5 linii izogenicznych z genami warunkującymi określony, znany typ odporności. Oceniano typy infekcji w siewkach i roślinach dorosłych. Na podstawie obserwowanych różnic można dokonać wstępnej selekcji roślin z odpornością rasowo-niespecyficzną typu APR.

Słowa kluczowe: odporność roślin, *Puccinia triticina*, APR

The aim of the work was to show the differences between racial-specific and racist-non-specific resistance, in order to assess the field resistance of the tested breeding line to be supplemented with data indicating the type of immunity. The material for testing was wheat susceptible of the Thatcher variety (Tc) and 5 isogenic lines with genes conditioning a specific, known type of immunity. Infection types in seedlings and adult plants were assessed. Based on the observed differences, the initial selection of plants with APR-type racially-nonspecific immunity can be made.

Key words: plant resistance, *Puccinia triticina*, APR

Celem pracy było wskazanie różnic pomiędzy odpornością rasowo-specyficzną i rasowo niespecyficzną (odpornością roślin dorosłych APR) po to, aby ocena odporności polowej badanej linii hodowlanej mogła być uzupełniona o dane wskazujące na typ odporności. Materiałem do badań była pszenica podatna odmiany Thatcher (Tc) oraz 5 linii izogenicznych z genami warunkującymi określony, znany typ odporności. Linie TcLr9 i TcLr24 reprezentowały odporność rasowo specyficzną, odpowiednio silną i średnią w stosunku do wybranego izolatu *P. triticina*, linie TcLr12, TcLr22 i TcLr34 reprezentowały odporność rasowo-niespecyficzną typu APR. 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 (obserwowanych w 1,2,4,8 dni po inokulacji (dpi)) (Orczyk i in., 2010) oraz stopniem kolonizacji rośliny przez patogena (czas latencji, wielkość uredyniów) (Das i in., 1993). Oceniano typy infekcji w siewkach i roślinach dorosłych. Zaobserwowano różnice typów infekcji pomiędzy siewkami a roślinami dorosłymi w liniach TcLr24 (typy infekcji siewek i roślin dorosłych odpowiednio 2, 0);

oraz dla roślin z odpornością typu APR TcLr12, TcLr22 i TcLr34 (odpowiednio 4 i 2; 4 i 2; 3 i 2). Typy infekcji podatnej odmiany Thatcher wyniosły 4 i 4). Interakcję roślina — patogen opisywano poprzez wskazanie obecności struktur patogena — komórek macierzystych haustorium (KMH) i uredyniów, natomiast reakcję rośliny stanowiła reakcja mikronekrotyczna oraz akumulacja nadtlenu wodoru w miejscu infekcji. W siewkach i roślinach dorosłych linii silnie odpornej TcLr9 obserwowano niewielką liczbę KMH, które od 4dpi przestawały być widoczne, nie obserwowano uredyniów. Reakcja mikronekrotyczna i akumulacja H₂O₂ występowały od 2dpi. W linii średnio odpornej TcLr24 w siewkach obserwowano dużą liczbę KMH oraz średnie uredinia, reakcja mikronekrotyczna i akumulacja H₂O₂ były późniejsze o jeden dzień w porównaniu do TcLr9. W roślinach dorosłych nie obserwowano uredyniów, natomiast reakcja mikronekrotyczna była obserwowana 2 dni wcześniej niż w siewkach. W siewkach podatnej Thatcher oraz liniach z odpornością APR obserwowano dużą liczbę KMH oraz duże uredinia, reakcja mikronekrotyczna nie była obserwowana, natomiast akumulację H₂O₂ zaobserwowano sporadycznie tylko w aparatach szparkowych. W roślinach dorosłych linii z APR w porównaniu z Thatcher obserwowano zmniejsz-

szą liczbę KMH, mniejsze uredinia. Reakcja mikronekrotyczna była obecna od 2dpi w większości miejsc infekcyjnych, a akumulacja H_2O_2 występowała od 1 do 2dpi w aparatach szparkowych i mezofilu. W liniach, u których wytwarzane były uredinia oceniano czas latencji i mierzono wielkość urediniów. W siewkach czas latencji był podobny w liniach TcLr12, TcLr22TcLr24, TcLr34 oraz kontroli Thatcher. Czas latencji w roślinach dorosłych był dłuższy jak w siewkach (o 4 dni) a dla TcLr34 był dłuższy o 6 dni. Względna wielkość urediniów w siewkach linii TcLr12, TcLr22, TcLr24, TcLr34 w stosunku do linii podatnej Thatcher wyniosła 0,8; 1,1; 0,3 i 0,8. Względna wielkość urediniów w roślinach dorosłych linii TcLr12, TcLr22, TcLr34 wynosiła 0,2; 0,7 i 0,7.

Przedstawione wyniki wskazują, że istnieje wzór interakcji roślina-patogen charakterystyczny dla określonych typów odporności. Na podstawie obserwowanych różnic można dokonać wstępnej selekcji roślin z odpornością rasowo niespecyficzną typu APR.

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.
- 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.
- Roelfs A. P., Martens J. W. 1988. An international system of nomenclature for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Phytopathology* 78: 526 — 533.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Skuteczność wybranych herbicydów w uprawie sorga

Efficiency of some herbicides for weed control in sorghum

Sylwiana Nowicka✉, Hubert Waligóra, Witold Skrzypczak

Katedra Agronomii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

✉ e-mail: sylwiana01@wp.pl

Sorgo po pszenicy, kukurydzy, ryżu oraz jęczmieniu zajmuje piątą pozycję pod względem powierzchni upraw zbóż na świecie. Sorgo w początkowej fazie cechuje się powolnym wzrostem, co powoduje, że przez pewien czas międzyrzędzia pozostają niezakryte i w konsekwencji stwarza odpowiednie warunki do szybkiego wzrostu i rozwoju chwastów. Celem prowadzonych badań była ocena skuteczności i selektywności wybranych herbicydów stosowanych w uprawie sorgo na terenie Wielkopolski.

Słowa kluczowe: sorgo, herbicyd, zachwaszczenie, skuteczność, selektywność

Sorghum after wheat, corn, rice and barley ranks fifth in terms of cereal area in the world. Sorghum in the initial phase is characterized by slow growth, which means that for some time the inter-glands remain uncovered and, as a consequence, creates appropriate conditions for rapid growth and development of weeds. The aim of the research was to evaluate the effectiveness and selectivity of selected herbicides used in sorghum cultivation in Wielkopolska.

Key words: sorghum, herbicide, weeds, efficiency, selectivity

Sorgo po pszenicy, kukurydzy, ryżu oraz jęczmieniu zajmuje piątą pozycję pod względem powierzchni upraw zbóż na świecie. Szczególnie dużą popularność osiągnęło w USA, Chinach, Nigerii, Sudanie, Australii oraz Meksyku (Popescu, Condei, 2014). W Europie i USA uprawiane jest przede wszystkim na cele paszowe, jednak części nadziemne mogą również być wykorzystane jako materiał budowlany, do produkcji paliw oraz biomasy (Sałagan i in., 2013). Natomiast w Afryce ziarno stanowi podstawowy produkt diety (Frankowski, 2017). Jest uważana za jedną z najstarszych roślin (Kaczmarek i in., 2012), której początki uprawy sięgają 4000 r. p.n.e. w Etiopii (Sołtys, 2010). Ze względu na swoje pochodzenie charakteryzuje się niewielkimi wymaganiami glebowymi oraz dużą odpornością na deficyt wody (Kaczmarek i in., 2009), co przyczynia się do wzrostu zainteresowania sorgiem w Polsce w ostatnich latach (Witkowski i in., 2017).

Sorgo w początkowej fazie cechuje się powolnym wzrostem, co powoduje, że przez pewien czas międzyrzędzia pozostają niezakryte i w konsekwencji stwarza odpowiednie warunki do szybkiego wzrostu i rozwoju chwastów (Skrzypczak, 2008). Chwasty pojawiające się wraz z rośliną uprawną lub krótko po jej wschodach mogą zmniejszyć produktywność sorga, a przy silnym zachwaszczeniu gatunkami chwastów jednoliściennych może powodować obniżenie plonu nawet o 20%. Natomiast zachwaszczenie w późniejszym etapie wzrostu ma mniejszy wpływ na wielkość plonu, ale może utrudniać zbiór (Kaczmarek, 2009). Poprawnie

wykonane zabiegi przed siewem wpływają na ograniczenie występowania chwastów, jednak nie gwarantują uzyskania satysfakcjonujących plonów, dlatego konieczne jest zastosowanie herbicydów. Sorgo w Polsce zaliczane jest do roślin małoobszarowych, dlatego brak jest zaleceń dotyczących regulacji zachwaszczenia. Powszechnie stosowane środki chemiczne chwastobójcze w tym gatunku rośliny uprawnej, mogą niekorzystnie wpływać na jej wzrost i rozwój (Kaczmarek, 2012).

Celem prowadzonych badań była ocena skuteczności i selektywności wybranych herbicydów stosowanych w uprawie sorgo na terenie Wielkopolski.

Materiały i metody

Doświadczenie zostało przeprowadzone na polach Zakładu Doświadczalno-Dydaktycznego w Swadzimiu, koło Poznania, w latach 2013–2014. Założone metodą bloków losowych, w 4 powtórzeniach. Zastosowane herbicydy przedstawiono w tabeli 1. Herbicyd Afalon Dyspresyjny 450 SC + Dual Gold 960 EC zastosowano bezpośrednio po siewie, a oprysk herbicydem Lumax 537,5 SE wykonano bezpośrednio po siewie oraz w fazie 3 liścia rośliny uprawnej. Zabiegi uprawowe i pielęgnacyjne były przeprowadzone zgodnie z przyjętymi zasadami dla uprawy sorgo. Stan zachwaszczenia oceniono 4 tygodnie po wykonanych zabiegach.

Podczas prowadzonych dwuletnich badań warunki pogodowe były sprzyjające wzrostowi sorgo. Średnie temperatury powietrza dla poszczególnych miesięcy były bardzo zbliżone i nie

różniły się znacząco od średniej z wielolecia. Suma opadów w 2013 znacząco przewyższała średnią sumę z wielolecia, szczególnie w miesiącach: maj, czerwiec i wrzesień. Natomiast w 2014 roku suma opadów była zbliżona do średniej z wielolecia, jedynie w maju znacznie przewyższała średnią.

Tabela 1
Table 1

Charakterystyka badanych herbicydów Characteristics of applied herbicides			
Herbicyd Herbicide	Substancja aktywna Activ substance	Dawka Dose of herbicide	Termin zabiegu Time of application
Afalon Dyspresyjny 450 SC + Dual Gold 960 EC	linuron+ s-metolachlor	2l/ha+ 1,5 l/ha	Bezpośrednio po siewie Directly after sowing
Lumax 537,5 SE	terbutylazyna+ mezotriion+ s-metolachlor	3,5 l/ha	Bezpośrednio po siewie Directly after sowing
Lumax 537,5 SE	terbutylazyna+ mezotriion+ s-metolachlor	3,5 l/ha	3. liść 3. leaf

Wyniki i wnioski

1. Dominującymi gatunkami chwastów w uprawie sorga były: komosa biała, chwastnica jednostronna, fiołek polny, rdest powojowy, tasznik pospolity.
2. Najwyższą skuteczność chwastobójczą zaobserwowano na obiektach po użyciu posiewnych herbicydów Afalon Dyspresyjny 450 SC + Dual Gold 960 EC oraz Lumax 537,5 SE. W obu latach wykazały 100% skuteczność. Natomiast Lumax 537,5 SE stosowany w późniejszym okresie wzrostu rośliny uprawnej, w fazie 3 liści, w mniejszej ilości ograniczał zachwaszczenie.

3. W efekcie zastosowania każdego z herbicydów zaobserwowano wyraźny wzrost plonu świeżej masy sorga w porównaniu do obiektu kontrolnego. Najwyższy plon w obu latach uzyskano po zastosowaniu herbicydu Lumax 537,5 SE bezpośrednio po siewie. Na tych obiektach wielkość plonu wyniosła 65,4 ton/ha w 2013, a w 2014 roku 72,8 t/ha.

Literatura

- Frankowski J. 2017. Właściwości odżywcze i lecznicze sorgo. *Post Fitoter* 18 (3): 209 — 214.
- Kaczmarek S., Matysiak K., Krawczyk R. 2009. Badania nad chemicznym odchwaszczaniem sorga zwyczajnego (*Sorghum vulgare* Perz.). *Acta Sci. Pol., Agricultura* 8 (1) 2009: 27 — 35.
- Kaczmarek S., Matysiak K., Kierzek R. 2012. Ocena wrażliwości *Sorghum vulgare* L. na wybrane substancje aktywne herbicydów. *Nauka Przyroda Technologie*. Tom 6, Zesz. 2: 27.
- Popescu A., Condei R. 2014. Some considerations on the prospects of sorghum crop. *Scientific Papers Series Management*. Vol. 14, issue 3: 295 — 304.
- Salagan P., Dobek T., Kołosowski P. 2013. Potencjał uzysku biogazu z sorga cukrowego (*Sorghum bicolor*) odmiany ród J 1052. *Inżynieria Rolnicza Z.* 4 (147) t. 1: 291 — 299.
- Skrzypczak W., Waligóra H., Szulc P. 2008. Możliwości mechanicznego ograniczania zachwaszczenia w uprawie kukurydzy i sorga w rolnictwie ekologicznym. *Journal of Research and Applications in Agricultural Engineering*. Vol. 53 (4): 67 — 70.
- Sołtys D., Gniazdowska A., Bogatek R. 2010. Sorgoleon-główny związek warunkujący potencjał alleopatyczny sorga (*Sorghum* spp.). *Kosmos*. Tom 59, numer 3-4 (288-289): 567 — 579.
- Witkowski T., Foszczyńska B., Chmielewska J., Sowiński J., 2017. Sorgo jako komponent piw specjalnych. *Acta Sci. Pol. Biotechnologia* 16 (1-4), 107 — 114.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Wybrane metody hodowlane wykorzystywane przez DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. oraz oczekiwania spółki wobec polskich naukowców

Selected breeding methods used by DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. and the company's expectations towards Polish scientists

Jarosław Haremza✉

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.

ZHR Oddział Choryń

✉ e-mai: jaroslaw.haremza@danko.pl

W pracy syntetycznie przedstawiono działalność hodowlaną spółki DANKO Hodowla Roślin Sp. z o. o. Wskazano zakres prowadzonych prac jak i możliwości nawiązania współpracy z nauką, przedstawiono metody i techniki stosowane przez spółkę w pracach hodowlanych.

Słowa kluczowe: DANKO HR, hodowla, zboża

The work presents the breeding activity of DANKO Hodowla Roślin Sp. z o. o. The scope of work was indicated as well as opportunities to establish cooperation with science. Methods and techniques used by the company in breeding are presented.

Key words: DANKO HR, breeding, cereals

DANKO Hodowla Roślin to spółka z ograniczoną odpowiedzialnością, której właścicielem jest zgromadzenie wspólników, czyli Krajowy Ośrodek Wsparcia Rolnictwa (KOWR). Oprócz hodowli roślin, firma zajmuje się, także nasiennictwem oraz hodowlą bydła mlecznego, a od niedawna hodowlą buhajów. DANKO posiada 5 Zakładów Hodowli Roślin oraz filie Sobiejuchy podlegającą pod Zakład Hodowli Roślin oddział Choryń. Spółka gospodaruje na prawie 6300 hektarów, z czego corocznie na hodowlę przeznaczonych jest prawie 200 hektarów, co daje około 330 tysięcy poletek hodowlanych.

W spółce DANKO prowadzona jest hodowla twórcza 12 gatunków roślin uprawnych (w tym 9 gatunków zbóż) oraz hodowla zachowawcza 3 gatunków roślin bobowatych i 6 gatunków traw.

Program pszenicy ozimej jest jednym z największych i najważniejszych programów w firmie DANKO, dlatego hodowla tego gatunku prowadzona jest aż w czterech oddziałach firmy: w Choryni, w Laskach, w Dębinie i w Modzurowie. Aktualnie DANKO posiada w sprzedaży 18 odmian pszenicy ozimej: 9 autorskich i 9 odmian zagranicznych, których jest reprezentantem na rynek polski. Dodatkowo w Choryni prowadzony jest program hodowli pszenicy jarej. Firma bierze udział w 14 projektach obejmujących badania podstawowe na rzecz Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej finansowanych przez Ministerstwo

Rolnictwa i Rozwoju Wsi, dotyczących pszenicy. Najmłodszym programem w firmie jest program pszenicy mieszańcowej. DANKO Hodowla Roślin wraz z innymi europejskimi firmami hodowlanymi uczestniczy w międzynarodowym przedsięwzięciu pod nazwą Hyballiance, którego celem jest wyhodowanie odmiany mieszańcowej pszenicy ozimej. W programie wykorzystywane są min. nowoczesne metody hodowlane, takie jak prowadzenie selekcji wspomaganą markerami molekularnymi.

Drugim największym programem hodowlanym w spółce jest program hodowli pszenżyta ozimego, który również prowadzony jest w 4 oddziałach (Choryń, Laski, Dębina, Szelejewo). W ofercie sprzedażowej firma posiada 20 odmian autorskich. W oddziale Laski, oprócz klasycznej hodowli, prowadzona jest także hodowla mieszańcowa pszenżyta ozimego, a w Choryni prowadzony jest program hodowli pszenżyta jarego. Firma posiada w ofercie sprzedażowej 6 odmian pszenżyta jarego. DANKO bierze udział w 10 tematach badawczych w ramach Postępu Biologicznego, związanych z pszenżytem.

W firmie DANKO prowadzone są 2 programy hodowlane żyta ozimego: populacyjnego (Choryń i Laski) oraz mieszańcowego (Choryń, Sobiejuchy i Laski). W sprzedaży DANKO posiada 8 odmian populacyjnych i 2 odmiany mieszańcowe. Firma

uczestniczy w 8 tematach z Postępu Biologicznego.

Hodowla jęczmienia ozimego prowadzona jest w Szelejewie. Aktualnie firma nie posiada autorskich odmian, jednak jest liderem na rynku nasiennym, ponieważ reprezentuje 6 odmian firm zagranicznych.

Poza jęczmieniem ozimym DANKO prowadzi również hodowlę jęczmienia jarego. Jest to stosunkowo młody program prowadzony w Kopaszewie (oddział Choryń) oraz w Modzurówie. Firma posiada w ofercie 19 odmian, z czego jedną odmianę autorską. DANKO bierze udział w 3 tematach badawczych z Postępu Biologicznego obejmujących tematykę jęczmienia ozimego i w 4 tematach badawczych z zakresu jęczmienia jarego.

W Kopaszewie prowadzony jest równoległy program owsa jarego. Obecnie firma posiada 10 odmian w sprzedaży. Bierze także udział w 6 projektach z Postępu Biologicznego.

Oprócz zbóż, w DANKO (oddział Szelejewo) prowadzona jest hodowla roślin bobowatych i traw. Firma posiada program hodowli twórczej grochu siewnego, a od niedawna uruchomiony został program hodowlany soi. DANKO ma już pierwsze sukcesy w tym gatunku w postaci autorskiej odmiany o nazwie Erica, która została zarejestrowana w 2017 roku. Spółka w ofercie posiada także 5 odmian grochu. Prowadzona jest hodowla zachowawcza bobiku, wyki i lucerny, a w sprzedaży znajduje się łącznie 9 odmian tych gatunków. Firma bierze udział w dwóch tematach badawczych z Postępu Biologicznego dotyczących soi oraz w Programie Białkowym finansowanym również przez MRiRW.

W przypadku traw hodowla twórcza prowadzona jest tylko dla życicy wielokwiatowej, natomiast w pozostałych gatunkach (życica trwała, *Festulolium*, tymotka łąkowa, mietlica biaława, kostrzewa trzciniowa, kostrzewa murawowa) hodowla twórcza jest stopniowo wygaszana. Równocześnie prowadzona jest hodowla zachowawcza tych gatunków. Firma posiada w sprzedaży 5 odmian życicy wielokwiatowej oraz łącznie 17 odmian pozostałych gatunków traw. DANKO bierze udział w 3 projektach z Postępu Biologicznego dotyczących traw.

Ponieważ na rynku firm hodowlanych jest coraz większa konkurencja, DANKO Hodowla Roślin do programów hodowlanych prowadzonych w sposób klasyczny, wprowadza innowacyjne i nowoczesne techniki. Jedną z nich jest

metoda kultur *in vitro*, a dokładnie otrzymywanie roślin podwojonych haploidów. Metoda pozwala skrócić cykl hodowli o 2–3 lata, ponieważ na jej drodze otrzymuje się rośliny homozygotyczne w czasie krótszym niż jest to możliwe metodami tradycyjnymi. Prace nad otrzymaniem roślin DH prowadzone są w Centrum Biotechnologii DanLab, które zlokalizowane jest w Kopaszewie oraz w laboratorium kultur *in vitro* w Szelejewie. Metodami stosowanymi przy otrzymywaniu roślin DH są: androgeniza, metoda izolowanych mikrospor oraz krzyżowania oddalone z kukurydzą. Oprócz tego do przyspieszenia cyklu hodowli pszenicy i jęczmienia stosuje się metodę niedojrzałych zarodków oraz metodę SSD (pojedynczych nasion). Gwarantuje to szybsze uzyskanie roślin homozygotycznych w porównaniu do tradycyjnej metody rodowodowej.

Jedną z najnowocześniejszych metod jest hodowla molekularna polegająca na prowadzeniu selekcji na podstawie polimorfizmu markera molekularnego silnie sprzężonego z *loc us* cechy użytkowej — MAS (z ang. marker assisted selection). W związku z czym selekcja prowadzona jest, nie jak w przypadku tradycyjnej hodowli na podstawie fenotypu, tylko na podstawie genotypu roślin. Fenotyp zależny jest od genotypu oraz podlega modyfikacjom środowiskowym, które mogą maskować zróżnicowanie genetyczne osobników. Stąd też wyłania się potrzeba wdrażania do hodowli roślin metod, które w bardziej bezpośredni sposób pozwolą na określenie genotypu ocenianych pojedynków. Obecnie coraz częściej selekcja fenotypowa wspierana jest różnymi analizami molekularnymi, jak również same techniki molekularne są bardziej zaawansowane. Dąży się do tego, żeby w trakcie jednej analizy ocenić u jak największej liczby osobników wiele cech równocześnie, przy użyciu całej dostępnej puli markerów molekularnych. Analizy tego typu obejmują selekcję genomową, która dotyczy zarówno cech jakościowych jak i ilościowych. Wdrożenie selekcji genomowej daje szansę na bardzo trafny wybór pojedynków już w fazie siewki pod kątem wielu cech jednocześnie. Do tej pory firma DANKO zlecała analizy molekularne firmą zewnętrzną, ale w najbliższym czasie planuje utworzenie własnego laboratorium analiz molekularnych.

Od 2016 roku spółka bierze udział w projekcie POIR obejmującym działania z zakresu hodowli twórczej nowoczesnych

odmian. Poza projektami krajowymi firma uczestniczy również w projektach europejskich.

Pomimo prowadzenia własnych prac badawczych, DANKO Hodowla Roślin jest otwarta na współpracę z polskimi jednostkami naukowymi. Wspólnie chcielibyśmy rozwiązać takie problemy, jak: optymalizacja procesów otrzymywania roślin DH; nowe źródła genów

odporności na choroby, suszę oraz wymarżanie; selekcja wspomagana markerami; identyfikacja markeru do genu przywracania płodności w systemie cms Pampa (Rfp1); wzbogacanie puli genetycznej poprzez krzyżowania oddalone; nowoczesne metody biotechnologiczne wykorzystywane w hodowli roślin.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Wieloletnie trawy z rodzaju *Miscanthus* Anderss. — przykłady prac własnych

Perennial Grasses of the genus *Miscanthus* Anderss. — examples of own work

Sandra Cichorz[✉], Maria Gośka

Pracownia Cytogenetyki i Metodyki Hodowli, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Bydgoszczy

[✉] e-mail: s.cichorz@ihar.bydgoszcz.pl

Podsumowano najważniejsze osiągnięcia dotyczące cytogenetycznej i molekularnej charakterystyki wybranej puli genotypów miskanta chińskiego, cukrowego oraz olbrzymiego uzyskanych w Pracowni Cytogenetyki i Metodyki Hodowli, Zakładu Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Oddziału IHAR — PIB w Bydgoszczy.

Słowa kluczowe: identyfikacja gatunkowa, mikrorozmnażanie, miskant, wielkość genomu, zróżnicowanie genetyczne

Summaries of the most important achievements concerning the cytogenetic and molecular characteristics of the selected pool of Chinese, sugar and giant *Miscanthus* genotypes obtained in the Laboratory of Cytogenetics and Methods of Breeding, Plant Genetics and Plant Breeding, Division IHAR-PIB in Bydgoszcz.

Key words: species identification, micropropagation, miscanthus, genome size, genetic diversity

W Europie do końca XX wieku wieloletnie trawy z rodzaju *Miscanthus* Anderss. postrzegano głównie jako rośliny ozdobne. Jak podają dane literaturowe, najprawdopodobniej pierwsza plantacja o powierzchni zaledwie jednego hektara została założona w 1982 roku w Möser (okolice Magdeburga, Niemcy) (Jeżowski, 1999; Chung i Kim, 2012). Dało to początek intensywnym badaniom i obserwacjom polowym dotyczącym potencjału plonotwórczego wybranych gatunków miskanta oraz wpłynęło na rozpowszechnienie tej rośliny w innych częściach Europy, a także w Ameryce Północnej. Obecnie, gatunki *M. sinensis*, *M. sacchariflorus*, a w szczególności *M. × giganteus* stały się jednym z najbardziej obiecujących surowców do produkcji biomasy z przeznaczeniem na cele energetyczne, a także do wykorzystania w przemyśle celulozowym, budowlanym czy meblarskim. Niewielkie zapotrzebowanie na składniki odżywcze sprawia, że wybrane genotypy mogą być uprawiane na gruntach marginalnych lub przemysłowych terenach wyrobisk (Sacks i in., 2013).

Z uwagi na całkowitą lub częściową bezpłodność miskant olbrzymi, jako triploidalny mieszaniec międzygatunkowy, w warunkach klimatu umiarkowanego nie

wytwarza nasion i rozmnażany jest wyłącznie wegetatywnie. Wpływa to na znaczne zawężenie puli genetycznej tego gatunku (Lafferty i Lelley, 1994; Clifton-Brown i in., 2008). Dodatkowe niejasności i dezorientację może wprowadzać niejednoznaczna nomenklatura używana do określenia poszczególnych klonów miskanta olbrzymiego, jak również gatunków w obrębie rodzaju *Miscanthus* (Hodkinson i in., 2015). Jedne z pierwszych wyników badań zróżnicowania w obrębie *M. × giganteus* sugerują, że w Europie dostępne są zaledwie dwa lub maksymalnie trzy różniące się od siebie genotypy miskanta olbrzymiego (Greef i in., 1997; Hodkinson i in., 2002). Nie da się jednakże wykluczyć, iż europejskie uprawy miskanta olbrzymiego bazują wyłącznie na jednym i tym samym genotypie, który pierwotnie przywieziono z Dalekiego Wschodu (Deuter i Jeżowski 1998). Wykorzystanie wyłącznie jednego klonu podczas zakładania plantacji jest ryzykowne ze względu na specyficzne wymagania co do cech jakości związanych z przeznaczeniem surowca oraz duże ryzyko zniszczenia całej plantacji w przypadku pojawienia się patogenów (Clark i in., 2014). Stąd istotnego znaczenia nabiera właściwy dobór materiału do prowadzenia uprawy. Wymaga to jednak odpowiedniej identyfikacji

poszczególnych genotypów, co w powyższym przypadku nie jest możliwe do wykonania jedynie na podstawie oceny morfologicznej.

Charakterystyka zróżnicowania genetycznego wybranych gatunków z rodzaju *Miscanthus*

Ze względu na brak weryfikacji przynależności gatunkowej oraz charakterystyki zróżnicowania genetycznego sadzonek gatunków z rodzaju *Miscanthus* dostępnych na polskim rynku, wykonano cytogenetyczną i molekularną charakterystykę wybranej puli genotypów miskanta chińskiego, cukrowego oraz olbrzymiego.

Celem badań było opracowanie wiarygodnych i powtarzalnych profili DNA pozwalających na identyfikację osobniczą i gatunkową miskanta. Ponadto przeprowadzono ocenę zróżnicowania klonów, ekotypów oraz odmian trzech gatunków rodzaju *Miscanthus*: *M. × giganteus* (4 klony), *M. sinensis* (12 odmian) oraz *M. sacchariflorus* (2 ekotypy) z zastosowaniem markerów molekularnych ISSR i RAPD. Materiał i metody szerzej opisano w pracy Cichorz i in. (2014).

Obydwa systemy markerów molekularnych pozwoliły na identyfikację osobniczą miskanta. Do tego celu wystarczyło użycie jednego startera ISSR (ISSR1) lub trzech starterów RAPD (RAPD1, RAPD2, RAPD4). Ponadto zastosowanie powyższych metod zweryfikowało klasyfikację genotypu błędnie oznaczonego jako *M. floridulus*, który prawidłowo przyporządkowano do gatunku *M. × giganteus*. Dla każdego z osobników miskanta olbrzymiego wytypowano unikalne produkty: jeden dla klonu niemieckiego, dwa dla klonu kanadyjskiego i angielskiego oraz pięć dla klonu kwiecistego.

W wyniku przeprowadzonych reakcji wytypowano produkty umożliwiające identyfikację gatunkową. Łącznie uzyskano 7 prążków (4 ISSR oraz 3 RAPD) występujących wyłącznie u miskanta olbrzymiego, zaś nieobecnych u pozostałych genotypów, 1 produkt (ISSR) charakterystyczny dla miskanta chińskiego oraz 8 (5 ISSR i 3 RAPD) typowych dla miskanta cukrowego.

Wartość współczynnika podobieństwa genetycznego wyznaczona na podstawie obydwu systemów markerów łącznie w przypadku *M. × giganteus* wyniosła 0,94. Nieco niższą wartość wykazały genotypy *M. sacchariflorus* — 0,82, zaś najniższą oszacowano dla odmian *M. sinensis* — 0,61. Wartość współczynnika

podobieństwa genetycznego błędnie oznaczonego genotypu *M. floridulus* była najwyższa w odniesieniu do gatunku *M. × giganteus* i wyniosła 0,74. Powyższe wyniki miały swoje potwierdzenie w dendrogramach oraz na wykresie analizy PCoA, na podstawie których można stwierdzić, że wszystkie badane osobniki zostały pogrupowane w trzy główne skupienia, zgodnie z przynależnością gatunkową, z wyjątkiem *M. floridulus*, który występował w tym samym skupieniu co *M. × giganteus*. W obrębie gatunku miskanta olbrzymiego najbardziej zbliżone genetycznie były klony niemiecki i kanadyjski. Klon angielski różnił się znikomą, zaś najbardziej oddalony okazał się klon kwiecisty. Ponadto analiza skupień wykazała, że gatunek miskanta olbrzymiego był bardziej zbliżony do gatunku miskanta cukrowego niż chińskiego.

Podsumowując, opracowane warunki prowadzenia reakcji z markerami ISSR oraz RAPD pozwoliły na identyfikację wybranych klonów, ekotypów, odmian i gatunków *M. × giganteus*, *M. sinensis* oraz *M. sacchariflorus*. Markery molekularne ISSR wykazały wyższy poziom polimorfizmu oraz szerszy zakres wielkości produktów, a tym samym okazały się bardziej efektywne do identyfikacji osobniczej i gatunkowej miskanta niż markery molekularne RAPD. Użycie 1 startera ISSR oraz 3 starterów RAPD było wystarczające do identyfikacji osobników miskanta należących do kolekcji polowej IHAR — PIB. W obrębie analizowanej puli genetycznej miskanta olbrzymiego zaobserwowano bardzo niskie zróżnicowanie genetyczne, co najprawdopodobniej wskazuje na wspólne źródło pochodzenia trzech spośród czterech klonów. Ekotypy miskanta cukrowego wykazały relatywnie niskie zróżnicowanie, natomiast między odmianami miskanta chińskiego odnotowano duże zróżnicowanie genetyczne.

Międzygatunkowe i wewnątrzgatunkowe zróżnicowanie wielkości genomu wybranych gatunków z rodzaju *Miscanthus*

Głównym celem pracy była ocena międzygatunkowego i wewnątrzgatunkowego zróżnicowania zawartości jądrowego DNA u trzech gatunków miskanta: *M. × giganteus* (4 klony), *M. sinensis* (12 odmian) oraz *M. sacchariflorus* (2 ekotypy) z wykorzystaniem cytometrii przepływowej. Zweryfikowano wykorzystanie powyższego parametru do identyfikacji gatunkowej poszczególnych osobników. Na podstawie

oszacowanej wielkości genomu monoploidalnego (1Cx) analizowanych genotypów określono możliwość wytypowania potencjalnych komponentów rodzicielskich z rodzaju *Miscanthus* używanych do krzyżowań. Oceniono przydatność pomiaru długości aparatów szparkowych do precyzyjnego wyznaczenia stopnia ploidalności roślin miskanta, która została potwierdzona oznaczeniem liczby chromosomów (Cichorz i in., 2015).

Dla wszystkich analizowanych osobników zawartość 2C DNA zawierała się w przedziale od 4,58 pg do 8,34 pg i umożliwiła weryfikację ich przynależności gatunkowej. Najwyższa wielkość genomu była obserwowana u triploidalnego miskanta chińskiego odmiany 'Goliath' (8,34 pg; $2n = 3x = 57$), który przypuszczalnie powstał w wyniku skrzyżowania diploidalnego i tetraploidalnego miskanta chińskiego. W przypadku triploidalnych genotypów miskanta olbrzymiego ($2n = 3x = 57$) (najprawdopodobniej krzyżówka diploidalnego miskanta chińskiego z tetraploidalnym miskantem cukrowym) średnia zawartość jądrowego DNA wyniosła 7,43 pg i istotnie różniła się od odmiany 'Goliath', co dodatkowo potwierdziło przypuszczenie o odmiennej kompozycji rodzicielskiej tych mieszańców. Pośrednie wartości uzyskano dla diploidalnych miskantów chińskich (5,52-5,72 pg; $2n = 2x = 38$), zaś istotnie niższe wartości obserwowano u diploidalnych ekotypów miskanta cukrowego (4,58 i 4,59 pg; $2n = 2x = 38$). Przeprowadzone analizy potwierdziły, że różnice w zawartości 2C DNA, a także wielkości genomu monoploidalnego (1Cx) między trzema gatunkami miskanta są istotne statystycznie ($P < 0,01$). Natomiast istotne zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe zaobserwowano wyłącznie w obrębie miskanta chińskiego. Odmiany o największym genomie: 'Sirene', 'Graziella' oraz 'Variegatus' ($5,72 \pm 0,04$ pg) miały o około 4% wyższą zawartość 2C DNA niż odmiana o najmniejszym genomie ('Malepartus' — $5,52 \pm 0,01$ pg).

Analiza wariancji długości aparatów szparkowych wykazała istotne różnice pomiędzy poszczególnymi osobnikami, zaś średnie wartości w obrębie gatunku miskanta olbrzymiego, chińskiego oraz cukrowego wyniosły odpowiednio: 30,88 μm , 27,10 μm , 25,05 μm . Najdłuższe aparaty szparkowe zaobserwowano u miskanta chińskiego 'Goliath' (33,62 μm), a najkrótsze u 'Gracillimus' (23,57 μm). Korelacja pomiędzy długością aparatów szparkowych, stopniem ploidalności oraz zawartością

2C DNA okazała się silna, zaś korelacja dla zawartości 2C DNA, stopnia ploidalności oraz liczby chromosomów okazała się bardzo silna. Biorąc pod uwagę brak istotnych różnic pomiędzy długością aparatów szparkowych triploidalnych genotypów miskanta olbrzymiego: 'Great Britain' (średnio 30,70 μm) oraz 'Canada' (średnio 29,67 μm), a diploidalnym miskantem chińskim 'Graziella' (średnio 29,96 μm) oznaczenie stopnia ploidalności na podstawie długości aparatów szparkowych bywa nieprecyzyjne i może prowadzić do błędnych wniosków.

Reasumując, analizy cytometryczne potwierdziły istotne zróżnicowanie wielkości genomu miskanta na poziomie międzygatunkowym, a także w obrębie odmian miskanta chińskiego. Stwierdzono istotne różnice w zawartości 2C DNA oraz wielkości genomu monoploidalnego (1Cx) między trzema gatunkami miskanta. Wśród odmian miskanta chińskiego występowała istotna statystycznie wewnątrzgatunkowa zmienność w wielkości genomu na poziomie około 4%. Różnice w wielkości genomu trzech gatunków miskanta umożliwiły identyfikację mieszańców i potwierdzenie odmiennych komponentów rodzicielskich w przypadku triploidalnych klonów miskanta olbrzymiego oraz miskanta chińskiego odmiany 'Goliath'.

Literatura

- Chung J. H., Kim D. S. 2012. *Miscanthus* as a Potential Bioenergy Crop in East Asia. *J Crop Sci. Biotech* 15: 65 — 77.
- Cichorz S., Gośka M., Litwiniec A. 2014. *Miscanthus*: genetic diversity and genotype identification using ISSR and RAPD markers. *Mol Biotechnol* 56: 911 — 924.
- Cichorz S., Gośka M., Rewers M. 2015. *Miscanthus*: inter- and intraspecific genome size variation among *M. × giganteus*, *M. sinensis*, *M. sacchariflorus* accessions. *Acta Biol Cracov Bot* 57: 104 — 113.
- Clark L. V., Brummer J. E., Głowacka K., Hall M. C., Heo K., Peng J., Yamada T., Yoo J. H., Yu C. Y., Zhao H., Long S. P., Sacks E. J. 2014. A footprint of past climate change on the diversity and population structure of *Miscanthus sinensis*. *Ann Bot-London* 114: 97 — 107.
- Clifton-Brown J. C., Chiang Y. Ch., Hodkinson T.R. 2008. *Miscanthus*: Genetic Resources and Breeding Potential to Enhance Bioenergy Production. W: *Genetic Improvement of Bioenergy Crops*. Red. W. Vermerris. Springer, Gainesville: 273 — 293.
- Deuter M., Jeżowski S. 1998. Szanse i problemy hodowli traw z rodzaju *Miscanthus* jako roślin alternatywnych. *Hod. Rośl. Nasien.* 2: 45 — 48.
- Greef J. M., Deuter M., Jung C., Schondelmaier J. 1997. Genetic diversity of European *Miscanthus* species revealed by AFLP fingerprinting. *Genet Resour Crop Ev.* 44: 185 — 195.

- Hodkinson T. R., Chase M. W., Renvoize S. A. 2002. Characterization of a genetic resource collection for *Miscanthus* (Saccharinae, Andropogoneae, Poaceae) using AFLP and ISSR PCR. *Ann Bot-London* 89: 627 — 636.
- Hodkinson T. R., Klaas M., Jones M. B., Prickett R., Barth S. 2015. *Miscanthus*: a case study for the utilization of natural genetic variation. *Plant Genet Resour-C* 13: 219 — 237.
- Jeżowski S. 1999. Miskant chiński (*Miscanthus sinensis* (Thunb.) Andersson) — źródło odnawialnych i ekologicznych surowców dla Polski. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* 468: 159 — 166.
- Lafferty J., Lelley T. 1994. Cytogenetic studies of different *Miscanthus* species with potential for agricultural use. *Plant Breeding* 113: 246 — 249.
- Sacks E. J., Juvik J. A., Lin Q., Stewart J. R., Yamada T. 2013. The gene pool of *Miscanthus* species and its improvement. In: *Genomics of the Saccharinae, Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*. Ed. A. H. Paterson, Springer Science + Business Media, New York, str. 73 — 100.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Badania nad bezpieczeństwem GMO

Study on safety of GMO

Ewelina Żmijewska ✉

Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów,
Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików
✉ e-mail: e.zmijewska@ihar.edu.pl

Zgodnie z prawodawstwem Unii Europejskiej rośliny zmodyfikowane genetycznie, przed wprowadzeniem na rynek muszą zostać ocenione pod względem bezpieczeństwa dla zdrowia ludzi, zdrowia zwierząt i środowiska. Jedyną rośliną GM, autoryzowaną do uprawy w Unii Europejskiej jest kukurydza MON810. Zawiera ona gen *cry1Ab* z bakterii glebowej *Bacillus thuringensis*, warunkujący ekspresję białka Cry1Ab. Kukurydza jest często uprawiana w monokulturze, istnieje więc ryzyko akumulacji białka Cry1Ab w glebie w wyniku wieloletniej uprawy.

Słowa kluczowe: GMO, *Cry1Ab*, Kukurydza

In accordance with European Union legislation, genetically modified plants must be evaluated for safety in terms of human health, animal health and the environment before being placed on the market. The only GM plant authorized for cultivation in the European Union is MON810 maize. It contains the *cry1Ab* gene from soil bacteria *Bacillus thuringensis*, which determines the expression of the Cry1Ab protein. Corn is often grown in monoculture, so there is a risk of accumulation of Cry1Ab protein in the soil as a result of many years of cultivation.

Key words: GMO, *Cry1Ab*, maize

Zgodnie z prawodawstwem Unii Europejskiej rośliny zmodyfikowane genetycznie, na podstawie Rozporządzenia 1829/2003/WE i Dyrektywy 2001/18/WE przed wprowadzeniem na rynek muszą zostać ocenione pod względem bezpieczeństwa dla zdrowia ludzi, zdrowia zwierząt i środowiska.

Ocena ryzyka roślin GM w środowisku (ERA ang. Environmental Risk Assessment) jest przeprowadzana etapowo i obejmuje identyfikację elementów, które mogą spowodować niekorzystny wpływ, ocenę skutków potencjalnego niekorzystnego wpływu i prawdopodobieństwo ich wystąpienia, a także szacowanie ryzyka i stosowanie strategii zarządzania nim. Jeśli po jej przeprowadzeniu zostanie sprecyzowane prawdopodobne zagrożenie, wówczas po wprowadzeniu do obrotu prowadzone jest monitorowanie konkretnego przypadku (CSM ang. Case Specific Monitoring), określane także jako indywidualne i szczegółowe monitorowanie (Dyrektywa 2001/18/WE). Jeśli nie zostaną scharakteryzowane niekorzystne następstwa uprawy roślin genetycznie zmodyfikowanych w ERA, obligatoryjne jest prowadzenie ogólnego nadzoru środowiska (GS ang. General Surveillance), celem wykrycia nieoczekiwanych, przypuszczalnie negatywnych zmian w środowisku. Określony system monitorowania musi być zbieżny z celami ochrony środowiska, wliczając wybór adekwatnych metod, interakcję z innymi

elementami monitorowania, wystandaryzowane dane i ich porównanie. Wedle wytycznych Europejskiego Urzędu ds. Bezpieczeństwa Żywności EFSA (ang. The European Food Safety Authority) istotne jest poznanie oraz ocena skutków uprawy roślin GM w różnych środowiskach i w uprawie wieloletniej.

Jedyną rośliną GM, autoryzowaną do uprawy w Unii Europejskiej jest kukurydza MON810. Zawiera ona gen *cry1Ab* z bakterii glebowej *Bacillus thuringensis*, warunkujący ekspresję białka Cry1Ab. Gen *cry1Ab* wprowadzono pod kontrolą konstytutywnego promotora *CaMV 35S*, co skutkuje tym, że białko Cry1Ab jest syntetyzowane w kukurydzy MON810 w sposób ciągły, przez cały sezon wegetacyjny. Organizmy, których cykl życiowy jest związany z kukurydzą, są przez cały okres wzrostu i rozwoju roślin narażone na działanie białka Cry1Ab. Jako, że stężenie Cry1Ab w kukurydzy zmienia się w kolejnych fazach rozwojowych, zbadanie jego poziomu jest niezbędne do określenia stopnia ekspozycji poszczególnych organizmów w trakcie uprawy MON810.

W trakcie uprawy roślin i wraz z resztkami poźniwnymi transgeniczne białko może przedostawać się do gleby, wiążąc się z kwasami humusowymi i minerałami ilastymi, stając się niedostępnym dla działania mikroorganizmów rozkładających materię organiczną, zachowując przy tym działanie insektycydowe. Kukurydza jest często uprawiana w monokulturze, istnieje

więc ryzyko akumulacji białka Cry1Ab w glebie w wyniku wieloletniej uprawy.

Zbadano stężenie białka Cry1Ab w różnych stadiach rozwojowych kukurydzy MON810, uprawianej na terenie Polski, w dwóch kolejnych latach badań. Wykorzystując uprawy kukurydzy zmodyfikowanej genetycznie, prowadzone w ramach projektu badawczego PBZ- MNiSW-06/1/2007, określono stężenie białka Cry1Ab w glebie, w której uprawiano kukurydzę MON810.

Wykazano, że stężenie białka Cry1Ab w kukurydzy MON810 zależy od warunków meteorologicznych w poszczególnych latach uprawy i jest skorelowane pozytywnie z zawartością azotu ogólnego w roślinie. Nie stwierdzono obecności białka Cry1Ab w glebie, w której uprawiano kukurydzę MON810 przez 3 i 4 lata, co dowodzi braku akumulacji białka Cry1Ab w glebie w warunkach uprawy w Polsce.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Potencjał odżywczy i bioaktywny odmian owsa zwyczajnego

Nutritive and bioactive potential of oat cultivars

Damian Gołębiewski ✉, Danuta Boros, Kinga Gołębiewska, Anna Fraś

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

✉ e-mail: d.golebiewski@ihar.edu.pl

Badania miały na celu charakterystykę składu chemicznego ziarna oplewionego i obłuszczonego, a także ocenę wpływu warunków uprawy na cechy fizykochemiczne odmian owsa zwyczajnego. Materiałem badawczym było ziarno oplewione i obłuszczone 22 odmian owsa, a także 3 odmian form nagich, z kolekcji HR Strzelce. W materiale oznaczono udział plewki, składniki mineralne, białko, lipidy ogółem, oligocukry, kaloryczność, skrobię strawną, nieskrobiowe polisacharydy z podziałem na frakcję rozpuszczalną i nierozpuszczalną, β -glukan oraz ligninę Klasona.

Słowa kluczowe: owies, składniki odżywcze, składniki bioaktywne

The research was aimed at characterizing the chemical composition of husked and decorticated grains, as well as assessing the impact of growing conditions on the physicochemical characteristics of oat varieties. The research material was husked and hulled grain of 22 oat varieties, as well as 3 varieties of naked forms, from the HR Strzelce collection. In the material, the share of hulls, minerals, protein, total lipids, oligosugars, calorific value, digestible starch, non-starch polysaccharides divided into soluble and insoluble fraction, β -glucan and Klason lignin were determined.

Key words: oat, nutrients, bioactives

Wstęp

Rozwój cywilizacji w ostatnich latach przyniósł ze sobą rozpowszechnienie nieprawidłowego stylu życia. Mała aktywność fizyczna, używki, nadmiar stresu, ale przede wszystkim złe odżywianie to główne jego elementy. Wszystkie wyżej wymienione czynniki są przyczyną rosnącej liczby chorób cywilizacyjnych. Jednym ze sposobów poprawy stanu zdrowia społeczeństwa jest konieczność zmiany sposobu odżywiania. W codziennej diecie powinny się znaleźć produkty, które korzystnie wpływają na nasze zdrowie. Przykładem może być owies, który jest unikalnym zbożem o odmiennym od innych zbóż składzie chemicznym. Zawiera składniki odżywcze i bioaktywne, które decydują zarówno o jego przydatności w żywieniu zwierząt oraz człowieka. Ma mniejszą ilość skrobi, a wysoką nieskrobiowych polisacharydów rozpuszczalnych w wodzie, w szczególności β -glukanu, stanowiących podstawowe składniki błonnika pokarmowego ziarna owsa. Wykazano jego zdolność do obniżania poziomu cholesterolu i glukozy we krwi poprzez wpływ na zwiększenie lepkości treści jelitowej (Tiwari, 2011). Taki skład ziarna owsa nadaje produktom z niego wytworzonym wyjątkową wartość żywieniową, a także prozdrowotną.

Niniejsze badania miały na celu charakterystykę składu chemicznego ziarna oplewionego

i obłuszczonego, a także ocenę wpływu warunków uprawy na cechy fizykochemiczne odmian owsa zwyczajnego. Uzyskane wyniki umożliwiły wyodrębnienie genotypów owsa najbardziej przydatnych do produkcji żywności funkcjonalnej.

Metodyka

Materiałem badawczym było ziarno oplewione i obłuszczone 22 odmian owsa, a także 3 odmian form nagich, z kolekcji HR Strzelce z doświadczeń polowych w Polanowicach i Choryni w 2016 roku. W materiale oznaczono następujące parametry fizykochemiczne: plewka, składniki mineralne (AACC 08-01), białko (AACC 46-30, 2003), lipidy ogółem (Marchello i in., 1971), oligocukry (Knudsen i Li, 1991), kaloryczność, skrobia strawną (AACC 76-13, 2003), nieskrobiowe polisacharydy (NSP) z podziałem na frakcję rozpuszczalną (S-NSP) i nierozpuszczalną (I-NSP) (Englyst i Cummings, 1984), β -glukan (AACC 32-23, 2003) oraz lignina Klasona (Theander i in., 1995). Wyniki przedstawiono w przeliczeniu na % suchej masy (AACC 44–15A, 2003).

Wyniki

Zawartość lipidów była cechą najbardziej różnicującą ziarno oplewione badanych odmian owsa pod względem składników odżywczych w przypadku materiału z Choryni (CV=12,4%), zaś

w przypadku Polanowic, białko (CV=14,5%). W odniesieniu do pozostałych składników odżywczych zmienność ich zawartości mieściła się w zakresie 5,3–10,3% i 4,3–12,1% odpowiednio w przypadku materiału z Choryni i Polanowic. Ziarno oplewione zawierało średnio 11,4% białka, lipidów 5,4%, skrobi 41,7%. Lokalizacja uprawy istotnie wpływała na zawartość białka, skrobi i sumę składników odżywczych w ziarnie oplewionym. Pozbawienie ziarna plewki kwiatowej wpłynęło na względny wzrost zawartości większości składników odżywczych ziarna owsa. Ziarno obłuszczone przewyższało ziarno oplewione pod względem zawartości białka, lipidów, a także skrobi, odpowiednio o 29%, 28%, 37%. W konsekwencji ziarno obłuszczone genotypów z Choryni i Polanowic przewyższało o 32% sumę składników odżywczych (SSO) ziarna oplewionego.

Zawartość składników bioaktywnych charakteryzowała się zróżnicowaniem w zakresie 9,0–14,1% (Choryń) oraz 7,3–15,7% (Polanowice). Zawartość frakcji nierozpuszczalnej nieskrobiowych polisacharydów (I-NSP) wyniosła średnio 17,8%, a frakcji rozpuszczalnej NSP 3,2%. Średnia zawartość ligniny w ziarnie owsa oplewionego wynosiła 10,8%, a całkowitego włókna pokarmowego (TDF) 31,8%. Wykazano istotne różnice między lokalizacjami w stosunku do zawartości NSP, ligniny Klasona, β -glukanu i TDF. Usunięcie plewki składającej się głównie z ligniny i nierozpuszczalnych w wodzie hemiceluloz, wpłynęło w sposób znaczący na zawartość składników błonnika pokarmowego w ziarnie obłuszczone. Zwiększeniu uległa zawartość β -glukanu, o 30%, oraz w konsekwencji frakcji rozpuszczalnej NSP, 45%, a zmniejszyła się zawartość nierozpuszczalnej frakcji NSP, o 77%, i ligniny, 58%. Tym samym zawartość TDF zmniejszyła się o 58%.

Wnioski

1. Lokalizacja uprawy ma istotny wpływ na zawartość białka, skrobi i SSO w ziarnie oplewionym, natomiast po obłuszczeniu ziarna wykazano jej istotny wpływ również w przypadku zawartości lipidów.
2. W odniesieniu do składników nieodżywczych wykazano istotność wpływu lokalizacji uprawy na zawartość S-NSP i T-NSP, ligniny Klasona, β -glukanu i TDF ziarna oplewionego. Podobne zależności zaobserwowano w przypadku ziarna obłuszczonego.
3. Pod względem zawartości składników odżywczych wyróżniały się odmiany Wendela, Husky i Elegant, zaś pod względem zawartości składników bioaktywnych, Kasztan i Hurdal.

Literatura

- AACC International. Approved Methods of Analysis, 2003.
- Englyst, H. N., Cummings, J. H. 1984. Simplified method for the measurement of total non-starch polysaccharides by gas-liquid chromatography of constituent sugars as alditol acetates. *Analyst*, 109 (7): 937 — 942.
- Knudsen, K. E. B., Li, B. W. 1991. Determination of oligosaccharides in protein-rich feedstuffs by gas-liquid chromatography and high-performance liquid chromatography. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 39 (4): 689 — 694.
- Marchello, J. A., Dryden, F. D., Hale, W. H. 1971. Bovine Serum Lipids. I. The Influence of Added Animal Fat to the Ration I. *Journal of Animal Science*, 32 (5): 1008 — 1015.
- Theander, O., Aman, P., Westerlund, E., Andersson, R., Pettersson, D. 1995. Total dietary fiber determined as neutral sugar residues, uronic acid residues, and Klason lignin (the Uppsala method): collaborative study. *Journal of AOAC International*, 78 (4): 1030 — 1044.
- Tiwari, U., Cummins, E. 2011. Meta-analysis of the effect of β -glucan intake on blood cholesterol and glucose levels. *Nutrition*, 27(10): 1008 — 1016.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018



Reakcja odmian pszenicy jarej na zróżnicowany poziom intensywności technologii produkcji

Response of spring wheat to varied intensity of crop production technology

Aneta Jarecka, Dorota Bobrecka-Jamro, Jan Buczek✉, Waclaw Jarecki

Wydział Biologiczno-Rolniczy, Uniwersytet Rzeszowski

✉ e-mail: j buczek@ur.edu.pl

W badaniach oceniono reakcję odmian pszenicy jarej na dwa zróżnicowane poziomy intensywności technologii uprawy. Doświadczenie przeprowadzono w latach 2013–2015 na polach Zakładu Doświadczalnego Oceny Odmian w Skołoszowie. Uzyskane wyniki badań wykazały, że intensywny poziom technologii produkcji powodował wzrost plonu ziarna pszenicy o $1,6 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$, w porównaniu do plonu uzyskanego w technologii średnio intensywnej. Wzrost plonu ziarna pszenicy uprawianej według technologii intensywnej w odniesieniu do technologii średnio intensywnej wynikał z większej liczby kłosów na jednostce powierzchni. Odmiany pszenicy jarej różniły się poziomem plonowania oraz wartością elementów składowych plonu. Największy plon ziarna uzyskała odmiana KWS Torridon, a najmniejszy Izera. Odmiana Izera, KWS Torridon i Tybalt uzyskały największą obsadę kłosów na jednostce powierzchni, z kolei odmiana Parabola uzyskała największą masę 1000 ziaren, a największą liczbę ziaren z kłosa uzyskała odmiana KWS Torridon.

Słowa kluczowe: komponenty plonu, plon ziarna, skład chemiczny ziarna

The study assessed response of spring wheat to two different intensity levels in crop production technology. The experiment was conducted from 2013 to 2015 in the fields of the Research Facility for Cultivar Assessment in Skołoszów. The obtained test results showed that the intense level of production technology resulted in an increase in wheat grain yield by $1,6 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$, compared to the yield obtained in medium-intensity technology. The increase in grain yield of wheat cultivated according to the intensive technology in relation to medium-intensity technology resulted from a larger number of ears per surface unit. Varieties of spring wheat differed in the level of yield and the value of the components of the crop. The highest grain yield was given to KWS Torridon and the smallest to Izera. The Izera, KWS Torridon and Tybalt variety obtained the largest spike casting on the surface unit, while the Parabola variety obtained the largest mass of 1000 grains, and the largest number of grains per ear was KWS Torridon.

Key words: grain yield, yield components, chemical composition of grain

Wstęp

W uprawie pszenicy jarej ważny jest wybór odpowiedniej odmiany oraz zastosowanie właściwej agrotechniki. Głównym wyznacznikiem danej technologii uprawy jest poziom zużycia środków produkcji takich jak nawozy mineralne czy środki ochrony roślin. Efektem zwiększonej intensyfikacji produkcji jest najczęściej przyrost plonów a często i poprawa cech jakościowych ziarna (Kołodziejczyk i Szmigiel, 2014). Z dotychczasowych badań wynika, że głównym elementem agrotechniki wpływającym na wielkość i jakość plonu ziarna jest nawożenie mineralne azotem. Wpływ ten uzależniony jest jednak od wielu czynników, takich jak: formy nawozu, terminu zastosowania, dawki oraz sposobu aplikacji (Ali i in., 2012). Zalecana dawka azotu pod pszenicę jarą waha się w szerokich granicach $60\text{--}160 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ (Velasco i in., 2012), przy czym stosowanie dużych dawek nawozów azotowych sprzyja wyleganiu roślin oraz silniejszemu porażeniu przez choroby. Następstwem tego może być istotny spadek plonu oraz pogorszenie jakości zbieranego ziarna

(Korbas i Mrówczyński, 2014). Ważnym elementem agrotechniki pszenicy jest ochrona chemiczna roślin. Straty powodowane przez agrofagi mogą wynosić od 10% do 50%, a w latach dużego ich nasilenia jeszcze więcej (Horoszkiewicz-Janka i in., 2013). Należy zaznaczyć, że optymalizacja poziomu nawożenia azotem oraz ochrony roślin uzależniona jest od reakcji poszczególnych odmian pszenicy oraz interakcyjnego wpływu czynników siedliskowych i agrotechnicznych (Szempliński, 2012). We współczesnym rolnictwie europejskim zaleca się praktykowanie takiego poziomu uprawy, który pozwoli uzyskać zadowalający plon ziarna a zarazem zmniejszyć niekorzystny wpływ przemysłowych środków produkcji na środowisko naturalne. Redukcja dawek nawozów azotowych czy środków ochrony roślin pozwala na urzeczywistnienie idei zrównoważonego rolnictwa (Korbas i Mrówczyński, 2009). Intensywne technologie produkcji przy długotrwałym stosowaniu mogą niekorzystnie wpływać na środowisko naturalne. Obecnie propagowany jest integrowany system produkcji, w którym konieczne jest umiejętne powiązanie całokształtu

agrotechniki z ograniczonym zużyciem przemysłowych środków produkcji. W rezultacie zwiększa się efektywności ponoszonych nakładów i minimalizuje ujemne oddziaływania rolnictwa na środowisko przyrodnicze (Kołodziejczyk i Szmigiel, 2014). Boczar (2015) twierdzi, że kosztowną ochronę roślin warto zastąpić innymi elementami agrotechniki jak: płodozmian, sposób uprawy, zbilansowane nawożenie czy dobór odmian a dopiero na końcu sięgać po środki ochrony roślin.

Celem badań była ocena reakcji odmian pszenicy jarej na zróżnicowany poziom technologii produkcji (średnio intensywny i intensywny).

Material i metody badań

Ścisłe doświadczenie polowe przeprowadzono w latach 2013–2015. Zlokalizowane zostało na polach Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Skołoszowie. Doświadczenie założone zostało w układzie split-plot w czterech powtórzeniach. Pierwszym czynnikiem doświadczenia był poziom technologii produkcji: średnio intensywny A1 i intensywny A2. Drugim badanym czynnikiem było 12 odmian pszenicy jarej: Izera, Ostka Smolicka, Parabola, Struna, KWS Torridon, Tybalt, Arabella, Bombona, Kandela, Katoda, Łagwa i Monsun. Badane technologie różniły się między innymi poziomem nawożenia mineralnego oraz ochroną przed chorobami grzybowymi i wyleganiem (tab. 1).

Tabela 1
Table 1

Charakterystyka technologii stosowanych w uprawie pszenicy jarej
Diversification of agrotechnical treatments on two levels of cultivation

Rodzaj nawozu — preparatu fertilizer — preparation	Nawóz, preparat Fertilizer, preparation	BBCH	Technologia — Technology	
			A1	A2
Zaprawa nasienna Seed dressing	Funaben T	00	200 g/100 kg ziarna — seeds	200 g/100 kg ziarna — seeds
Nawóz azotowy Nitrogen fertilizer	Saletra amonowa 34%	—	80 kg·ha ⁻¹	140 kg·ha ⁻¹
Insektycyd Insecticide	Cyperkill Max 500 EC (cypermetryna)	59-65	0,05 dm ⁻³ ·ha ⁻¹	0,05 dm ⁻³ ·ha ⁻¹
Herbicyd Herbicide	Sekator 125 OD (amidosulfuron, jodosulfuron metylosodowy)	13-29	0,15 dm ⁻³ ·ha ⁻¹	0,15 dm ⁻³ ·ha ⁻¹
Fungicyd Fungicide	Falcon 460 EC (spiroksamina, tebukonazol, triadimenol)	33	—	0,6 dm ⁻³ ·ha ⁻¹
	Artea 330 EC (propikonazol, cyprokonazol)	59	—	0,5 dm ⁻³ ·ha ⁻¹
Nawóz dolistny Foliar fertilizer	Insol 3	39	—	1,5 dm ⁻³ ·ha ⁻¹
Regulator wzrostu Growth regulator	Antywylegacz 675 SL (chlerek chlormekwatu) + Modus 250 EC (trineksapak etylu)	31-32	—	1,0 dm ⁻³ ·ha ⁻¹ 0,3 dm ⁻³ ·ha ⁻¹

Doświadczenie założono na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego, klasy bonitacyjnej II. Była to gleba zaliczana do czarnoziem zdegradowanego wytworzonego z lessu, o składzie granulometrycznym pyłu zwykłego, według Systematyki gleb Polski opracowanej przez Polskie Towarzystwo Gleboznawcze w 2011 roku. Z punktu widzenia kategorii agronomicznej była to gleba średnia. Charakteryzowała się odczynem lekko kwaśnym. Zawartość próchnicy w glebie była średnia. Zawartość N_{min} w glebie była niska w każdym badanym roku. Zawartość przyswajalnego fosforu w glebie wahała się od średniej (13,4 mg na 100 g gleby) w 2015 r. do bardzo wysokiej (23,7 mg na 100 g gleby) w 2014 r. Gleba pod doświadczeniami odznaczyła się średnią lub bardzo wysoką zawartością potasu przyswajalnego i bardzo wysoką zawar-

tością magnezu przyswajalnego (tab. 2). Powierzchnia pojedynczego poletka wyniosła 15,0 m². Głębokość siewu wyniosła 3 cm, a szerokość międzyrzędzi 12,5 cm.

Tabela 2
Table 2

Wyniki analizy gleby
Results of soil analysis

Parametr	Jednostka	2013	2014	2015
pH w KCL	-	5,65	6,06	5,90
Próchnica	%	1,89	1,95	2,01
Humus				
N _{min}	kg·ha ⁻¹	67,2	58,3	52,8
P ₂ O ₅	mg / 100g	15,5	23,7	13,4
K ₂ O	mg / 100g	20,0	27,5	12,7
Mg	gleby/soil	13,6	13,3	12,3

W fazie dojrzałości pełnej określono plon ziarna oraz jego składowe (liczbę kłosów na 1 m², masę 1000 ziaren i liczbę ziaren z kłosa).

Porażenie przez choroby oceniono w skali 9-stopniowej, przy czym 9° oznacza stan rolniczo najlepszy, a 1° stan najgorszy.

Ocena jakościowa ziarna obejmowała oznaczenie zawartości białka ogólnego, skrobi, popiołu i włókna surowego. Oznaczenia wykonano metodą NIRS w bliskiej podczerwieni na aparacie Spektrometr FT-NIR MPA firmy Bruker (Niemcy).

Istotność różnic pomiędzy wartościami cech stwierdzono na podstawie półprzedziałów ufności Tukeya, przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Obliczenia wykonano programem statystycznym FR-ANALWAR-5FR.

Wyniki i dyskusja

Warunki pogodowe oceniano na podstawie miesięcznej sumy opadów oraz średniej miesięcznej temperatury powietrza. Dane uzyskano z polowej automatycznej stacji meteorologicznej umieszczonej na terenie pól doświadczalnych. Warunki pogodowe były zróżnicowane w latach badań (tab. 3). W marcu 2013 r. suma opadów była wysoka (107,2 mm) w porównaniu do średniej z wielolecia (35,6 mm), przy ujemnych temperaturach powietrza. Wpłynęło to na opóźnienie wiosennych zasiewów pszenicy jarej. W kwietniu każdego roku opady deszczu kształtowały się poniżej średnich opadów

z wielolecia. W latach 2013 i 2014 w omawianym miesiącu temperatury były wyższe od notowań z wielolecia. Korzystne warunki pogodowe odnotowano w maju każdego roku. Dużą sumą opadów charakteryzował się czerwiec 2013 r., zaś niską czerwiec 2015 r. W lipcu i sierpniu temperatury powietrza były wyższe od średnich z wielolecia. Najcieplejszymi miesiącami były lipiec (21,2°C) i sierpień (21,9°C) w 2015 roku oraz lipiec (21,0°C) w 2014 roku. W lipcu najniższe opady odnotowano w 2013 r. Z kolei w sierpniu opady poniżej średniej z wielolecia wystąpiły w latach 2013 i 2015. Dmowski i Dzieżyc (2009) podają, że pszenica jara wymaga rocznej sumy opadów mieszczącej się w granicach od 450 do 530 mm i średniej temperatury powietrza w zakresie od 12,5 do 15,5°C. Staniszewski i Woźniak (2007) konkludują, że warunki hydrotermiczne istotnie wpływają na uzyskiwany plon oraz jakość ziarna pszenicy zwyczajnej jarej.

W prezentowanych badaniach wykazano istotny wpływ intensywności technologii produkcji na plonowanie pszenicy jarej. Wzrost intensywności technologii produkcji powodował zwiększenie plonu ziarna pszenicy o 1,6 t·ha⁻¹, tj. 29% w porównaniu do plonu uzyskanego w technologii średnio intensywnej. Najwyższy plon ziarna uzyskała odmiana KWS Torridon, a istotnie mniejszy Izera. Średni ogólny plon ziarna wyniósł 6,3 t·ha⁻¹ (tab. 4).

Tabela 3
Table 3

Miesiące Months	Suma opadów (mm) Total precipitation (mm)				Średnie temperatury powietrza (°C) Mean air temperature (°C)			
	2013	2014	2015	Multi-year	2013	2014	2015	Multi-year
III	107,2	58,2	32,7	35,6	-1,7	6,9	5,4	2,7
IV	33,8	29,5	24,4	45,7	9,3	10,1	8,7	8,9
V	71,0	88,6	64,3	69,4	15,8	15,1	13,6	14,1
VI	107,6	70,6	20,4	77,5	18,6	16,1	17,9	16,6
VII	39,7	106,1	114,4	91,9	20,0	21,0	21,2	18,8
VIII	25,8	65,3	14,3	63,7	19,7	19,2	21,9	18,1

Tabela 4

Table 4

Wpływ technologii produkcji na plon ziarna i komponenty plonu pszenicy jarej
The impact of cultivation technology on yield components and grain yield

Czynnik Factor	Liczba kłosów na m ² The number of ears per m ²	Liczba ziaren w kłosie Number of grains in the ear	MTN (g) TSW (g)	Plon (t·ha ⁻¹) Yield (t·ha ⁻¹)
Poziom intensywności technologii uprawy — The level of intensity of cultivation technology				
A1	498,9	31,8	39,5	5,5
A2	504,0	33,2	40,7	7,1
NIR_{0,05} A	4,59	r.n.	r.n.	1,46
Odmiana — Cultivar				
Izera	509,6	28,9	39,0	5,4
Ostka Smolicka	479,2	31,6	39,7	5,8
Parabola	501,8	30,9	45,3	6,8
Struna	506,9	30,6	39,2	5,9
KWS Torridon	509,2	37,9	38,8	7,2
Tybalt	509,1	33,8	39,4	6,6
Arabella	496,6	32,7	36,9	5,8
Bombona	498,3	32,9	36,6	5,8
Kandela	502,3	35,9	38,4	6,6
Katoda	494,7	31,7	42,0	6,3
Łągwa	503,3	29,8	42,9	6,2
Monsun	507,5	32,9	42,6	6,9
NIR_{0,05} B	24,09	6,31	8,26	1,75
Średnia ogólna Mean total	501,5	32,5	40,1	6,3

r.n. — różnica nieistotna — non-significant difference

O efektach uprawy pszenicy jarej decyduje dobór odpowiedniej odmiany, na co wskazują liczne badania (Kołodziejczyk i in., 2007; Oleksy i in., 2008; Kołodziejczyk i Szmigiel, 2014). W badaniach Kołodziejczyka i Szmigła (2014) średni plon ziarna pszenicy jarej uprawianej według technologii intensywnej był większy o 26,5% od plonu uzyskanego w uprawie średnio intensywnej. Zastosowanie wyższego poziomu intensywności technologii uprawy (A2) w porównaniu do niższego (A1) skutkowało zwiększeniem obsady kłosów na 1 m². Nie zmodyfikowało jednak liczby ziaren w kłosie czy MTZ. Komponenty składowe plonu były istotnie zróżnicowane pomiędzy odmianami. Sułek i Cacak-Pietrzak (2008) uzyskały większą masę 1000 ziaren pszenicy pod wpływem wzrastającej dogłębowej dawki azotu, przy czym reakcja poszczególnych odmian była niejednakowa. Biskupski i in. (2007) nie wykazali natomiast istotnego zróżnicowania MTZ w wyniku zwiększenia dogłębowej dawki azotu. Mrówczyński (2013) podaje, że niedobór azotu ogranicza wzrost i rozwój rośliny, a w efekcie potencjał plonotwórczy, zaś jego nadmiar zwiększa wyleganie oraz porażenie przez niektóre choroby.

W latach badań na obiekcie z intensywnym poziomem technologii uprawy odnotowano mniejsze porażenie roślin przez choroby w odniesieniu do obiektu ze średnio intensywnym poziomem technologii uprawy. Odmiany

pszenicy jarej różniły się stopniem porażenia przez choroby (tab. 5).

W przeprowadzonym doświadczeniu pszenica jara była porażona przede wszystkim przez septoriozę liści (średnio 7,92°) i septoriozę plew (średnio 7,97°). Góral i in. (2012) wykazali, że wybór odpornej odmiany oraz właściwa agrotechnika w tym ochrona chemiczna znacząco zmniejszają porażenie chorobami roślin pszenicy jarej w sytuacji znacznego ich nasilenia. Łozowicka i in. (2007) dodają, że jeśli środki ochrony roślin stosowane są zgodnie z zasadami dobrej praktyki rolniczej, to ilość niebezpiecznych substancji w plonach nie przekracza dopuszczalnych wartości. Ciekawe badania z tego zakresu przeprowadzili Rachoń i in. (2017) wykazując zróżnicowanie porażenia przez choroby pomiędzy gatunkami i odmianami pszenic oraz w zależności od intensyfikacji technologii uprawy.

Poziom intensywności technologii produkcji zmodyfikował tylko zawartość białka ogólnego w ziarnie (tab. 6).

Uzyskana różnica pomiędzy poziomem intensywnym a średnio intensywnym wyniosła 8 g·kg⁻¹ s.m. Średnio ziarno pszenicy jarej zawierało w g·kg⁻¹ s.m.: białka ogólnego 139, skrobi 621, popiołu 18,4 i włókna 20,9. Zawartość wymienionych składników była zmienna w ziarnie badanych odmian. Wysoką zawartością białka ogólnego odznaczyła się odmiana Izera, Łągwa i Bombona. Natomiast

dużo skrobi zawierało ziarno odmiany Struna, popiołu Bombona, a włókna KWS Torridon. Spośród wielu czynników, najsilniej na wielkość i jakość plonu ziarna pszenicy oddziałuje azot, który stymuluje pobieranie innych składników i w największym stopniu wpływa na wzrost zawartości białka (Nowak i Zbroszczyk, 2003). Poza tym nawożenie azotem pszenicy zwiększa

wydajność glutenu oraz poprawia inne wyróżniki jakościowe ziarna (Buczek i in., 2011; Rachoń i in., 2013). Woźniak i Gontarz (2003) podają, że chemiczne środki ochrony roślin istotnie zwiększały zawartość białka ogółem w ziarnie pszenicy jarej o 0,3% i glutenu mokrego o 3,7%, w stosunku do obiektów pielęgnowanych tylko mechanicznie.

Tabela 5
Table 5

Porażenie roślin przez choroby
Degree of plant diseases

Czynnik Factor	Mączniak prawdziwy — liście (49 BBCH)	Brunatna plamistość liści (55 BBCH)	Rdza brunatna (59 BBCH)	Septorioza liści (55 BBCH)	Septorioza plew (73 BBCH)	Fuzarioza kłosów (73 BBCH)
Poziom intensywności technologii uprawy — The level of intensity of cultivation technology						
A1	7,63	7,74	8,26	7,64	7,64	7,79
A2	8,40	8,26	8,81	8,21	8,29	8,22
Odmiana — Cultivar						
Izera	7,83	7,92	8,50	7,92	8,33	8,00
Ostka Smolicka	7,67	8,25	8,08	7,83	8,25	8,25
Parabola	8,25	8,42	8,33	7,75	7,50	7,50
Struna	8,17	8,33	8,67	8,33	8,08	7,92
KWS Torridon	8,08	8,00	8,83	8,08	7,58	7,83
Tybalt	8,33	7,67	8,83	8,08	7,92	8,33
Arabella	8,58	7,58	8,50	7,75	7,83	7,92
Bombona	7,58	7,92	8,25	8,00	8,33	8,25
Kandela	8,50	8,08	8,75	8,25	8,17	8,17
Katoda	7,75	7,83	8,67	7,42	7,75	7,92
Łągwa	7,83	7,83	8,50	7,75	8,00	8,00
Monsun	7,50	8,17	8,50	7,92	7,83	8,00
Średnia ogólna Mean total	8,01	8,00	8,53	7,92	7,97	8,01

Tabela 6
Table 6

Skład chemiczny ziarna odmian pszenicy jarej w g/kg s.m.
Chemical composition of grain in g DM

Czynnik Factor	Białko ogólne Total protein	Skrobia Starch	Włókno surowe Fiber	Popiół Ash
Poziom intensywności technologii uprawy The level of intensity of cultivation technology				
A1	137	632	20,6	18,4
A2	145	610	21,1	18,5
NIR_{0,05} A	6,35	r.n.	r.n.	r.n.
Odmiana — Cultivar				
Izera	146	618	19,5	18,2
Ostka Smolicka	133	627	20,7	18,7
Parabola	143	616	18,8	18,7
Struna	131	643	18,6	17,2
KWS Torridon	132	610	24,1	18,6
Tybalt	143	614	23,4	19,4
Arabella	135	622	21,3	18,3
Bombona	144	611	20,7	19,9
Kandela	142	630	19,0	18,5
Katoda	132	626	21,5	17,8
Łągwa	144	598	22,6	18,7
Monsun	136	633	20,2	17,3
NIR_{0,05} B	5,6	42,3	2,2	0,8
Średnia ogólna Mean total	139	621	20,9	18,4

r.n. — różnica nieistotna, non-significant difference

Wnioski

1. Wzrost intensywności technologii produkcji powodował zwiększenie plonu ziarna pszenicy o $1,6 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$, w porównaniu do plonu uzyskanego w technologii średnio intensywniej.
2. Wzrost plonu ziarna pszenicy uprawianej według technologii intensywniej w odniesieniu do technologii średnio intensywniej wynikał z większej liczby kłosów na jednostce powierzchni.
3. Odmiany pszenicy jarej różniły się poziomem plonowania oraz wartością elementów składowych plonu. Największy plon uzyskała odmiana KWS Toridon, a najmniejszy Izera. Odmiana Izera, Kws Toridon i Tybałt uzyskały największą obsadę kłosów na jednostce powierzchni, z kolei odmiana Parabola uzyskała największą masę 1000 ziaren, a największą liczbę ziaren z kłosa uzyskała odmiana KWS Toridon.
4. Wzrost intensywności technologii produkcji powodował istotny wzrost zawartości białka ogólnego w ziarnie pszenicy jarej. Natomiast nie zaznaczył się wpływ technologii produkcji na zawartość skrobi, włókna i popiołu w ziarnie pszenicy. Uprawa pszenicy w technologii intensywniej ograniczyła porażenie roślin przez choroby grzybowe w porównaniu do technologii średnio intensywniej. Z ocenianych chorób w największym nasileniu występowała septorioza liści i plew.

Literatura

- Ali A., Khaliq T., Ahmad A., Ahmad S., Malik A. U., Rasul F. 2012. How wheat responses to nitrogen in the field? A review. *Crop and Environment* 3 (1–2): 71 — 76.
- Biskupski A., Kaus A., Włodek S., Pabin J. 2007. Zróżnicowanie nawożenia azotem a plonowanie i wybrane wskaźniki architektury łanu kilku odmian pszenicy jarej. *Inżynieria Rolnicza*. 3 (91): 29 — 36.
- Boczar P. 2015. Konkurencyjność w produkcji pszenicy na świecie — wybrane elementy. *Zagadnienia Doradztwa Rolniczego* 4: 68 — 84.
- Buczek J., Bobrecka-Jamro D., Jarecki W. 2011. Plon i jakość ziarna wybranych odmian pszenicy jarej w zależności od dawki i terminu stosowania azotu. *Fragmenta Agronomica* 28 (4): 7 — 15.
- Dmowski Z., Dzieżyc H. 2009. Potrzeby opadowe pszenicy jarej na glebach kompleksów pszenno dobrego i żytniego bardzo dobrego w północno-wschodniej Polsce. *Acta Agrophysica*. 13 (1): 39 — 48.
- Góral T., Ochodźki P., Walentyl-Góral D., Nielsen L., Justesen A., Jorgensen L. 2012. Wpływ przedplonu oraz warunków pogodowych na porażenie kłosów pszenicy jarej przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz zawartość mikotoksyn w ziarnie. *Biul. IHAR* 265: 11 — 21.
- Horoszkiewicz-Janka J., Korbas M., Mrówczyński M. (pod red.). 2013. *Metodyka integrowanej ochrony pszenicy ozimej i jarej dla producentów*. IOR — PIB Poznań. 74.
- Kołodziejczyk M., Szmigiel A. 2014. Wpływ intensywności technologii uprawy na plonowanie wybranych odmian pszenicy jarej. *Fragmenta Agronomica* 31 (3): 75 — 84.
- Kołodziejczyk M., Szmigiel A., Oleksy A. 2007. Wpływ intensywności uprawy na plonowanie wybranych odmian pszenicy jarej. *Acta Scientiarum Polonorum, Agricultura* 6 (4): 5 — 14.
- Korbas M., Mrówczyński M. (pod red.) 2009. *Integrowana produkcja pszenicy ozimej i jarej*. IOR — PIB Poznań. ss. 168.
- Korbas M., Mrówczyński M. (red.) 2014. *Metodyka integrowanej produkcji pszenicy ozimej i jarej*. IOR — PIB Poznań: 90 ss.
- Łozowicka B., Kaczyński P., Rutkowska E. 2007. Pozostałości środków ochrony roślin w ziarnach zbóż. *Postępy w Ochronie Roślin*. 47 (4): 70 — 74.
- Mrówczyński M. (red.) 2013. *Integrowana ochrona upraw rolniczych. Tom II. Zastosowanie integrowanej ochrony*. PWRiL, Poznań: 286 ss.
- Nowak W., Zbroszczyk T. 2003. Wpływ poziomu intensywności uprawy na zawartość składników mineralnych w ziarnie pszenicy. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych*. 493: 439 — 445.
- Oleksy A., Szmigiel A., Kołodziejczyk M. 2008. Wpływ intensywności uprawy na zawartość i plon białka odmian pszenicy ozimej. *Acta Scientiarum Polonorum, Agricultura*. 7 (1): 47 — 56.
- Rachoń L., Szumiło G., Kurzydłowska I. 2013. Wpływ intensywności technologii produkcji na jakość ziarna pszenicy zwyczajnej, twardej, orkiszu i jednoziarnistej. *Annales UMCS, Sec. E, Agricultura*. 68 (2): 60 — 68.
- Rachoń L., Szumiło G., Bobryk-Mamczarz A. 2017. Ocena porażenia przez choroby grzybowe wybranych gatunków pszenicy jarej w zależności od intensyfikacji technologii uprawy. *Fragmenta Agronomica* 34 (2): 75 — 83.
- Staniszewski N., Woźniak A. 2007. Wpływ warunków pogodowych na jakość technologiczną ziarna pszenicy jarej i pszenicy ozimej. *Acta Agrophysica* 9 (2): 525 — 540.
- Sulek A., Cacak-Pietrzak G. 2008. Kształtowanie się cech jakościowych ziarna odmian pszenicy jarej w zależności od nawożenia azotem. *Fragmenta Agronomica* 25 (1): 400 — 409.
- Szempliński W. (red.). 2012. *Rośliny rolnicze*. Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie: 407 ss.
- Velasco J.L., Rozas H.S., Echeverría H.E., Barbieri P.A. 2012. Optimizing fertilizer nitrogen use efficiency by intensively managed spring wheat in humid regions: Effect of split application. *Canadian Journal of Plant Science*. 92: 847 — 856.
- Woźniak A., Gontarz D. 2003. Wpływ przedplonów i sposobów zróżnicowanego pielęgnowania na jakość ziarna pszenicy jarej. *Biul. IHAR*. 228: 33 — 39.

Podziękowanie

Serdeczne podziękowania dla Pana mgr inż. Krzysztofa Ochmańskiego — Kierownika Zakładu Doświadczalnego Oceny Odmian w Skołoszowie oraz Współpracowników za okazaną pomoc podczas realizacji trzyletniego doświadczenia polowego.

Współczynnik plonowania odmian ziemniaka uprawianych w dwóch systemach produkcji

Harvest index of potato cultivars growing under two crop production systems

Krystyna Zarzyńska✉, Dominika Boguszevska-Mańkowska, Piotr Barbaś

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Zakład Agromomii Ziemniaka, Jadwisin

✉ e-mail: k.zarzyńska@ihar.edu.pl

Badania przeprowadzono w latach 2014–2016 w dwóch miejscowościach w Polsce: Stacja Doświadczalna IUNG w Osinach na glebie kompleksu żytniego bardzo dobrego i w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Jadwisinie na glebie kompleksu żytniego słabego. Ziemniaki uprawiano w obu miejscowościach w dwóch systemach produkcji — ekologicznym i integrowanym. W badaniach oceniano 6 odmian ziemniaka należących do dwóch grup wczesności — wczesnych i średnio wczesnych. W pełni rozwoju roślin określano ich masę nadziemną, a w czasie zbioru wielkość plonu. Współczynnik plonowania określano jako udział masy bulw w całej masie nadziemnej i podziemnej. Stwierdzono, że na współczynnik plonowania roślin ziemniaka największy wpływ miał czynnik odmianowy. System produkcji i warunki glebowo-klimatyczne nie wpłynęły na wielkość tego wskaźnika. Zakres współczynnika plonowania był szeroki i wynosił w zależności od odmiany, warunków środowiska i systemu produkcji od 50 do 83%, co oznacza, że w sprzyjających warunkach aż 83% asymilatów może być ulokowane w bulwach

Słowa kluczowe: ziemniak, odmiana, system produkcji, współczynnik plonowania

The research was carried out in 2014–2016 in two sites in Poland: Experimental Station IUNG in Osiny on the heavier soil and in the Plant Breeding and Acclimatization Institute in Jadwisin on the lighter soil. Potatoes were grown in both locations in two production systems, i.e. organic and integrated. The studies evaluated 6 potato cultivars belonging to two groups of earliness: early and mid early. The aboveground mass was determined in the fullness of plant development, and the crop yield during the harvest. The harvest index — HI was defined as the share of tuber mass in the total above and underground mass. It was found that the harvest index yield factor of potato plants was the most influenced by the varietal factor. The production system and soil and climatic conditions did not affect the size of this indicator. The range of this indicator was wide and ranged from 50 to 83%, which means that under favorable conditions up to 83% of assimilates can be located in tubers.

Key words: potato, cultivar, harvest index, crop production system

Wstęp

Rośliny rosnące w sprzyjających środowiskach, wolne od szkodników i chorób, z wystarczającą ilością wody i składników odżywczych wytwarzają większą masę nadziemną i uzyskują większe plony niż rośliny uprawiane pod wpływem jakiegokolwiek stresu. Zarządzanie wzrostem roślin w celu maksymalizacji wydajności, przy jednoczesnej minimalizacji wody, nawozów, pestycydów i innych środków produkcji jest głównym celem w komercyjnej produkcji roślinnej. Ważną sprawą jest prawidłowy rozdział asymilatów między częścią nadziemną rośliny, a w przypadku ziemniaka — bulwami, ponieważ nadmierny ich przepływ do jednej lub drugiej części może prowadzić do zmniejszenia wydajności i/lub jakości bulw. Dlatego istotne jest, aby związek między wzrostem listowia i bulw był utrzymywany w sposób, który maksymalizuje wydajność i jakość bulw (Navarre i Pavek, 2014).

Termin index plonowania (z ang. harvest index — HI) wprowadził Donald (1962), aby

opisać relację dotyczącą przepływu asymilatów u pszenicy jako stosunek wskazujący procent całkowitej masy rośliny pochodzący z plonu ziarna w stosunku do plonu słomy. Uważał, że odmiany pszenicy, które wytworzyły stosunkowo wysoki plon ziarna w porównaniu do plonu słomy, były bardziej fotosyntetycznie wydajne niż te, w których plon słomy był dominujący. Współczynnik plonowania można wykorzystać jako narzędzie dla każdej rośliny do opisanie tych zależności.

W przypadku ziemniaków harvest index oznacza udział bulw jako procent całkowitej biomasy roślinnej (bulwy plus masa nadziemna rośliny), stąd np. $HI = 0,50$ wskazuje, że 50% całkowitej świeżej masy rośliny to bulwy. HI ziemniaka wzrasta w ciągu całego sezonu wegetacyjnego, osiągając w pełni dojrzałości wartość 1.

Wskaźnik ten zależy od wielu czynników, z których główne to: cechy odmianowe, warunki wegetacji, takie jak: fotoperiod, temperatura powietrza, woda, nawożenie azotem (Belanger i in., 2001; Cutter, 1992; Dwelle, 1985; Firman

i Allen, 1988; Gawrońska i in., 1990; Mazurczyk i Lis, 2000). Ziemiak charakteryzuje się jednym z największych wskaźników plonowania. Nowoczesne odmiany ziemniaka uprawiane w klimacie umiarkowanym przy sprzyjających warunkach agrometeorologicznych mogą osiągnąć wskaźnik w zakresie od 0,70 do 0,85 (Belanger i in., 2001; Beukema i Zaag van der 1990; Firman i Allen, 1989; Mazurczyk W., Lis 2000). W literaturze można znaleźć nawet wartość 0,90 (Belanger i in., 2001; Mazurczyk, Lis, 2000), co oznacza, że 90% biomasy gromadzi się w bulwach. Dla porównania HI zbóż waha się od 0,4 do 0,6 (Hay, 2008).

Jednym z czynników różnicujących wielkość tego współczynnika może być system produkcji, w jakim uprawiane są rośliny, dlatego też celem pracy była ocena wielkości współczynnika plonowania sześciu odmian ziemniaka uprawianych w dwóch systemach produkcji-ekologicznym i integrowanym, w zróżnicowanych warunkach klimatyczno-glebowych (dwie miejscowości) w Polsce.

Material i Metody

Badania prowadzone były w latach 2014–2016 w dwóch miejscowościach w Polsce: Stacja Doświadczalna IUNG w Osinach (51,4667°N, 22.0667°E) na glebie wytworzonej z piasków gliniastych mocnych (kompleks glebowy żytni bardzo dobry) i w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Jadwisinie

52°4500"N 21633°E) na glebie wytworzonej z piasków gliniastych lekkich (kompleks glebowy żytni słaby).

W obu miejscowościach ziemniaki uprawiane były w 2 systemach produkcji, tj. ekologicznym i integrowanym. W każdym systemie stosowano różne technologie i płodozmian dostosowany do warunków glebowych.

— Płodozmian stosowany w systemie ekologicznym na glebie mocniejszej: ziemniak — jęczmień z wsiewka koniczyny czerwonej — koniczyna czerwona z trawami — koniczyna czerwona z trawami + międzyplon pszenica ozima.

— Płodozmian stosowany w systemie integrowanym na glebie mocniejszej: ziemniak — jęczmień — peluszka na nasiona — pszenica ozima + międzyplon.

— Płodozmian stosowany w systemie ekologicznym na glebie lżejszej: ziemniak — jęczmień jary — mieszanka peluszki z grochem pastewnym i żytem jarym — mieszanka łubinu żółtego i owsa — żyto z wsiewką seradeli.

— Płodozmian stosowany w systemie integrowanym na glebie lżejszej: ziemniaki — pszenica jara — pszenica ozima — łubin.

Oba systemy produkcji różniły się nawożeniem, sposobem zwalczania chwastów oraz metodami ochrony przed chorobami i szkodnikami (tab. 1).

Tabela 1
Table 1

Agrotechnika stosowana w systemie ekologicznym i integrowanym w 2 miejscowościach
Agronomic inputs in organic and integrated systems in 2 sites

Zabiegi agrotechniczne Agronomic inputs	Jadwisin		Osiny	
	system ekologiczny organic system	system integrowany integrated system	system ekologiczny organic system	system integrowany integrated system
Nawożenie Fertilization	obornik + gorczyca międzyplon manure – 28 t·ha ⁻¹ + mustard as a catch crop	obornik /manure –25 t ha ⁻¹ N: 80 kg·ha ⁻¹ P: 55 kg ha ⁻¹ K: 130 kg ha ⁻¹	kompost compost – 30 t·ha ⁻¹ + catch crop	obornik /manure – 25 t ha ⁻¹ N: 75 kg ha ⁻¹ P:60 kg ha ⁻¹ K:105 kg ha ⁻¹
Zwalczanie chwastów Weed control	tylko mechaniczne only mechanical tillage	mechaniczne + herbicydy mechanical tillage + herbicides	tylko mechaniczne only mechanical tillage	mechaniczne + herbicydy mechanical tillage + herbicides
Zwalczanie stonki ziemniaczanej Colorado potato beetle control	insektycyd biologiczny biological insecticide (<i>Bacillus thuringiensis</i>)	insektycydy chemiczne chemical insecticides	insektycyd biologiczny biological insecticide (<i>Bacillus thuringiensis</i>)	insektycydy chemiczne chemical insecticides:
Zwalczanie zarazy ziemniaka Late blight control	fungicydy miedziowe copper fungicides	fungicydy chemiczne chemical fungicides	fungicydy miedziowe copper fungicides	fungicydy chemiczne chemical fungicides

Uprawiano 6 odmian ziemniaka z dwóch grup wczesności o różnej odporności na *Phytophthora infestans*. Charakterystykę badanych odmian podano w tabeli 2.

Tabela 2
Table 2

Charakterystyka 6 odmian ziemniaka uprawianych w systemie ekologicznym i integrowanym w 2 miejscowościach w latach 2014–2016
Characteristics of 6 potato cultivars growing under organic and integrated system in 2 sites in years 2014–2016

Odmiana Cultivar	Grupa wczesności Maturity group	Odporność na <i>Phytophthora infestans</i> Resistance to <i>Phytophthora infestans</i> *
Cyprian	wczesna — early	5
Ignacy	wczesna — early	3
Michalina	wczesna — arly	3
Jurata	średnio wczesna — mid early	4
Malaga	średnio wczesna — mid early	3,5
Oberon	średnio wczesna — mid early	3,5

*skala odporności na *Phytophthora infestans*, 1 — brak odporności, 9 — odporność całkowita

*scale of resistance to *Phytophthora infestans*: 1 — no resistance, 9 — full resistance

Wszystkie odmiany były sadzone w tym samym czasie około 20 kwietnia w rozstawie 75 × 33 cm. W pełni rozwoju roślin w końcu czerwca dla odmian wczesnych i 2 tygodnie później dla odmian średnio wczesnych dokonano pomiarów masy nadziemnej roślin. Rośliny były wykopane, policzone zostały łodygi i zważona została cała masa nadziemna. Pomiary wykonano na 4 roślinach z każdego z 3 powtórzeń, tj. na 12 roślinach z każdej odmiany.

Podczas zbioru ok 10 września oceniono wielkość plonu ze wszystkich poletek z 3 powtórzeń. Index plonowania (HI) obliczano wg wzoru (Navarre i Pavek, 2014):

$HI = \frac{\text{świeża masa bulw}}{\text{masa nadziemna rośliny} + \text{świeża masa bulw}}$.

W obliczeniach statystycznych zastosowano analizę wariancji, używając programu ANOVA. Istotność zróżnicowania oceniano testem t-Studenta. Charakterystykę warunków pogodowych panujących w obu miejscowościach w trzech latach badań podano w tabeli 3.

Tabela 3
Table 3

Suma miesięcznych opadów (O) i średnia temperatura miesiąca (T) podczas okresu wegetacji w latach 2014–2016 dla Jadwisina i Osiny
Total monthly rainfall (R) and mean monthly temperatures (T) during the vegetative growth period in the years 2014–2016 for Jadwisin and Osiny

Rok Year	Miejscowość Place	IV		V		VI		VII		VIII		IX	
		O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)
2014	Jadwisin	61,1	10,3	41,3	14,1	69,8	15,8	23,5	21,5	79,2	18,2	11,9	14,8
	Osiny	67,5	10,2	170,5	13,4	99,4	15,7	56,2	20,6	105,5	18,4	17,8	14,5
2015	Jadwisin	27,8	8,3	39,5	12,9	15,4	17,5	62,3	19,6	8,6	22,5	36,6	15,1
	Osiny	29,4	8,2	108,7	12,6	29,2	16,8	52,1	19,8	4,3	22,4	40,1	15,5
2016	Jadwisin	92,2	15,3	85,4	18,7	103,6	19,6	61,4	18,4	9,5	15,7	92,2	15,3
	Osiny	87,5	15,0	75,6	18,2	95,7	19,9	60,5	18,5	10,9	15,8	87,5	15,0

Wyniki i Dyskusja

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotność zróżnicowania tylko jednego czynnika — odmiany. Pozostałe czynniki: system produkcji, miejsce uprawy i lata badań nie wpłynęły w sposób istotny na wartość współczynnika plonowania. Udowodniono istotność interakcji tylko miejsca uprawy i lat badań (tab. 4).

Tabela 4
Table 4

Istotność badanych parametrów
Significance of differences in parameter means

Badany parametr Tested parameter	P
Odmiana — Cultivar	0,012
System produkcji — Crop production system	n.s
Miejscowość — Place	n.s
Lata — Years	n.s
Miejscowość × lata — Place × years	0,002

ns. — nieistotne statystycznie
n.s — no statistical differences

W tabeli 5 podano dane dotyczące wielkości masy nadziemnej roślin i plonu bulw z 1 rośliny dla poszczególnych odmian, miejsca uprawy i systemu produkcji. Jak wynika z przedstawionych danych dla większości przypadków w systemie ekologicznym wartości badanych parametrów były niższe niż w systemie integrowanym, chociaż zdarzały się sytuacje (szczególnie w Osinach), gdzie zarówno masa nadziemna, jak plon bulw były wyższe w systemie ekologicznym (tab. 5).

Badane odmiany różniły się istotnie wielkością współczynnika plonowania. Zakres wartości tego wskaźnika wahał się w granicach 0,62 do 0,73. Najniższy wskaźnik uzyskano dla średnio wczesnej odmiany Oberon, najwyższy dla wczesnej odmiany Ignacy (tab. 6).

Tabela 5
Table 5

**Masa nadziemna i plon bulw z 1 rośliny w zależności od odmiany, systemu produkcji i miejscowości
(średnio z 3 lat badań)**
**Aboveground mass and yield from 1 plant in relation to cultivar, crop production system and site of growing
(mean of 3 years)**

Odmiana Cltivar	Miejscowość Place	System produkcji Production system	Masa nadziemna Aboveground mass (g)	Plon bulw z 1 rośliny Yield (g)
Cyprian	Jadwisin	ekologiczny	297,2	598,0
		integrowany	501,7	1003,3
	Osiny	ekologiczny	258,1	500,0
		integrowany	204,7	684,0
Ignacy	Jadwisin	ekologiczny	292,5	738,0
		integrowany	509,4	1120,0
	Osiny	ekologiczny	285,6	779,0
		integrowany	206,1	808,3
Michalina	Jadwisin	ekologiczny	411,1	736,3
		integrowany	761,7	1232,0
	Osiny	ekologiczny	369,2	671,7
		integrowany	369,2	671,7
Jurata	Jadwisin	ekologiczny	374,4	851,3
		integrowany	872,8	1039,6
	Osiny	ekologiczny	271,1	604,0
		integrowany	386,4	711,3
Malaga	Jadwisin	ekologiczny	279,2	713,4
		integrowany	726,7	1104,0
	Osiny	ekologiczny	214,5	550,7
		integrowany	273,6	705,7
Oberon	Jadwisin	ekologiczny	376,7	726,3
		integrowany	652,8	1023,6
	Osiny	ekologiczny	280,9	377,0
		integrowany	342,0	486

Tabela 6
Table 6

**Wpływ odmiany na wielkość współczynnika plonowania
HI (średnio dla miejsca uprawy, systemu produkcji
i lat badań)**
**Influence of cultivar on HI (mean for site, production
system and years)**

Odmiana — Cultivar	HI
Oberon	0,62 a
Michalina	0,65 a b
Jurata	0,66 a b
Malaga	0,67 a b
Cyprian	0,70 a b
Ignacy	0,73 b

a, b — wyniki oznaczone różnymi literami są statystycznie istotne
a, b — statistically different groups

Średnio dla wszystkich odmian wskaźnik plonowania wyniósł 0,67, co oznacza, że 67% asymilatów zostało ulokowane w bulwach. Spośród 6 badanych odmian, 3 zaliczono do grupy odmian wczesnych i trzy do średnio wczesnych. Z obserwacji i wcześniejszych badań wiadomo, że model rozwoju wczesnych i późniejszych odmian ziemniaka jest nieco inny (Cutter, 1992; Szutkowska, 2009; Zarzyńska i Golszewski, 2005). Wczesne odmiany na ogół charakteryzują się niższą masą nadziemną niż późniejsze, ale także dają niższy plon bulw, stąd udział bulw w całkowitej biomacie często pozostaje na podobnym poziomie, jednak u wysokoplennych odmian wcześniejszych współ-

czynnik ten jest na ogół wyższy. W prezentowanych badaniach dwa najwyższe współczynniki uzyskano dla odmian wczesnych. Podobne zależności uzyskała Zarzyńska i in. (2016) oceniając udział masy użytkowej i nieużytkowej w całej biomacie rośliny.

System produkcji nie wpłynął na wielkość współczynnika plonowania. Zarówno w systemie ekologicznym, jak i integrowanym wielkość tego wskaźnika wynosiła 0,67 (tab. 7). W literaturze niewiele jest doniesień dotyczących wpływu systemu produkcji na wielkość współczynnika plonowania. W badaniach Zarzyńskiej i in. (2016) stwierdzono, że największy wpływ na udział bulw w całej biomacie rośliny miał czynnik odmianowy i miejsce uprawy. Sam system produkcji nie różnicował w sposób istotny tego wskaźnika. Większość badaczy najczęściej oceniało wielkość HI w odniesieniu do plantacji konwencjonalnych, z różnymi poziomami nawożenia (Belanger i in., 2001; Firman i Allen 1988; Mazurczyk i in., 2009; Rosen i Bierman, 2012; Vos, 1997). Według tych doniesień wskaźnik ten maleje wraz ze wzrostem nawożenia dawkami azotu (Belanger i in., 2001; Mazurczyk i in., 2009; Rosen i Bierman, 2012; Vos, 1997). W badaniach własnych nie zaobserwowano takiego związku. Również Mazurczyk i in.

(2000) nie potwierdzili takiej zależności. W niniejszej pracy nie porównywano wprawdzie różnych dawek azotu, lecz różne systemy produkcji, ale wiadomo że w systemie ekologicznym stosowano tylko nawozy naturalne, podczas gdy w systemie integrowanym dodatkowo też nawożenie mineralne.

Lokalizacje uprawy (Osiny, Jadwisin) nie różnicowały w sposób istotny wielkości wskaźnika HI. Brak istotnego wpływu, głównie jakości gleby na wielkość HI może być zaskakujący. Wiadomo jest, że na glebie cięższej uzyskiwane plony są wyższe niż na glebie lżejszej. Wy tłumaczeniem może być fakt, że rozwój części nadziemnej roślin jest również większy, co ostatecznie nie zmienia w znaczący sposób wielkości wskaźnika plonowania.

Analiza wariancji wykazała istotność współdziałania miejsca uprawy z latami badań. W roku 2014 istotnie wyższy współczynnik plonowania uzyskano w Osinach, a roku 2015 w Jadwisinie (tab. 7).

Tabela 7
Table 7

Wpływ miejsca uprawy i lat badań na wielkość współczynnika plonowania HI (średnio dla systemów produkcji i odmiany)

Influence of place of growing and years on HI (mean for crop production system and cultivar)		
Miejsce uprawy Place of growing	Lata Years	HI
Jadwisin	2014	0,62
	2015	0,71
	2016	0,70
Średnio — Mean		0,67 a
Osiny	2014	0,71
	2015	0,62
	2016	0,70
Średnio — Mean		0,67 a
Średnio dla lat mean of years	2014	0,67 a
	2015	0,66 a
	2016	0,68 a
Średnio dla systemu produkcji Mean of crop production system	ekologiczny organic	0,67 a
	integrowany integrated	0,67 a

Lata badań (warunki pogodowe w okresie wegetacji) nie wpłynęły w sposób istotny na wielkość współczynnika plonowania. Nieco wyższy wskaźnik uzyskano w 2016 roku o najlepszym rozkładzie opadów w okresie wegetacji, najniższy zaś w roku 2015 o najniższym poziomie i najgorszym rozkładzie opadów (tab. 7).

Według danych literaturowych i badań własnych plonowanie ziemniaków w systemie ekologicznym jest od 10 do nawet 70 % niższe niż systemie konwencjonalnym i o 20–30% niższe niż w integrowanym (Kuś i Stalenga

1998, Zarzyńska i Goliszewski 2005, Zarzyńska 2013). Uzależnione jest to głównie od warunków atmosferycznych panujących w okresie wegetacji. Zarzyńska i Pietraszko (2015) wykazały, że w bardzo niekorzystnym pod względem rozkładu opadów roku 2013 plony ziemniaków w systemie ekologicznym były aż o 70% niższe niż w konwencjonalnym. Warunki klimatyczne, a głównie ilość i rozkład opadów są szczególnie istotne w przypadku uprawy ziemniaka. Można przypuszczać, że zróżnicowane warunki atmosferyczne powinny wpływać również na rozdział asymilatów w roślinie, tj. różnicować współczynnik plonowania. W naszych badaniach takie zjawisko nie miało miejsca.

Zakres wielkości współczynnika plonowania uzyskany w okresie trzech lat dla sześciu odmian ziemniaka, dwóch systemów produkcji i dwóch miejscowości wynosił od 0,50 do 0,83, co oznacza że w pierwszym przypadku tylko 50% asymilatów skumulowało się w bulwach i aż 83% w drugim przypadku. Najniższy wynik uzyskano dla odmiany Oberon uprawianej w systemie ekologicznym w Osinach w 2016 roku, najwyższy zaś dla odmiany Ignacy uprawianej w systemie integrowanym również w Osinach w 2014 roku.

Średnia wielkość współczynnika plonowania uzyskana dla wszystkich kombinacji wyniosła 0,67, co daje porównywalny wynik dla roślin ziemniaka podawany przez Belangera i in. 2001.

Wnioski

1. Na współczynnik plonowania roślin ziemniaka największy wpływ miał czynnik odmianowy. System produkcji i warunki glebowo-klimatyczne nie wpłynęły na wielkość tego wskaźnika.
2. Stwierdzono, że zakres współczynnika plonowania był szeroki i wynosił w zależności od odmiany, systemu produkcji i warunków środowiska od 50 do 83%, co oznacza, że w sprzyjających warunkach aż 83% asymilatów może być ulokowane w bulwach.

Literatura

- Belanger G., Walsh J. R., Richards J. E., Milburn P. H., Ziadi N. 2001. Tuber growth and biomass partitioning of two potato cultivars grown under different N fertilization rates with and without irrigation. *Am. J. Pot. Res.* 78: 109 — 117.
- Carrie H., Wohleb N., Knowles R., Pavek M., 2014. Plant growth and development. In: *The Potato. Botany, Production and Uses*. Nawarre R., Pavek M. (ed.), 64 — 83.

- Cutter E. G. 1992. Structure and development of the potato plant. In: Harris P. M. (ed.). The potato crop. Chapman and Hall, London: 65 — 161.
- Donald C. M. 1962. In search of yield. Journal of the Australian Institute of Agricultural Science 28: 171–178.
- Dwelle R. B. 1985. Photosynthesis and assimilate partitioning. In: Li, P. H. (ed.) Potato Physiology. Academic Press, Orlando, Florida: 35 — 58.
- Firman D. M., Allen E. J. 1989. Relationship between light interception, ground cover and leaf area index in potatoes. J. Agric. Sci. 113: 355 — 359.
- Firman D. M., Allen E. J. 1988. Field measurements of photosynthetic rate of potatoes grown under different amounts of nitrogen fertilizer. J. Agric. Sci. 11: 151 — 163.
- Gawrońska H., Dwelle R. B., Pavek J. J. 1990. Partitioning of photoassimilates by potato plants (*Solanum tuberosum* L.) as influence by irradiance. Am. Potato J. 67: 163 — 176.
- Hay R. K. M. 2008. Harvest index: A review of its use in plant breeding and crop physiology. Annales of Applied Biology 126, 10: 197 — 216.
- Jefferis R. A., MacKerron D. K. L. 1989. Radiation interception and growth of irrigated and droughted potato (*Solanum tuberosum*). Field Crop Res. 22: 101 — 102.
- Kuś J., Stalenga J. 1998. Plonowanie kilku odmian ziemniaka uprawianych w systemach integrowanym i ekologicznym. Rocz. AR Poznań, 307, Rol. 52, 1: 169 — 174.
- Mazurczyk W., Lis B. 2000. Wpływ deficytu i nadmiaru azotu w roślinie ziemniaka na gromadzenie i dystrybucję biomasy. Acta Agrobot. 53, 47 — 56.
- Mazurczyk W., Wierzbicka A., Trawczyński C. 2009. Harvest index of potato crop grown under different nitrogen and water supply. Acta Sci. Pol., Agricultura 8 (4): 15 — 21.
- Navarre R., Pavek M. 2014. Potato. Botany, Production and Uses.: 370 pp.
- Rosen C. J., Bierman P. M. 2012. Potato yield and tuber set as affected by phosphorus fertilization. Am. Potato J. 85: 110 — 120.
- Szutkowska M. 2009. Rozwój roślin, a plonowanie bardzo wczesnych odmian ziemniaka. Ziemniak Polski 1: 19 — 23.
- Victorio R. G., Moreno U., Bleck Jr. C. C. 1986. Growth, partitioning and harvest index of tuber-bearing solanum genotypes grown in two contrasting Peruvian environments. Plant Physiol. 82: 103 — 108.
- Vos J. 1997. The nitrogen response of potato (*Solanum tuberosum* L.) in the field: nitrogen uptake and yield, harvest index and nitrogen concentration. Potato Res. 40: 237 — 248.
- Zarzyńska K. 2013. Plonowanie ekologicznych plantacji ziemniaka W: Ekologiczna produkcja ziemniaka. Nowacki W. (red.) Wyd. MRiRW: 155 — 174.
- Zarzyńska K., Goliszewski W. 2005. Różnice w rozwoju roślin ziemniaka uprawianych w dwóch systemach produkcji: ekologicznym i integrowanym na różnych typach gleb. Biul. IHAR 237/238: 133 — 141.
- Zarzyńska K., Goliszewski W., Boguszewska D. 2016. Usable and non-usable biomass of potatoes grown under two crop production systems and different environmental conditions. EJPAU 19(1), #08.
- Zarzyńska K., Pietraszko M. 2015. Influence of different vegetation conditions on development and yield of potato plants growing under organic and conventional systems in Poland. Am. Potato J. 92: 511 — 517.

Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin publikuje prace oryginalne, ujęte syntetycznie, prezentujące zakończone cykle badawcze i wyraźnie sprecyzowane etapy, a także krótkie komunikaty zawierające informacje o rozpoczętych pracach, sprawozdania z konferencji, zwięzłe prace kompilacyjne oparte na wynikach najnowszych badań krajowych i zagranicznych oraz recenzje książek. Prace przysyłane do redakcji nie mogą być nigdzie publikowane, ani przesyłane do druku w innym wydawnictwie. **Autor(zy) zobowiązani są przedstawić pisemne oświadczenie o niepublikowaniu pracy w innym czasopiśmie i ich osobistym wkładzie w powstanie publikacji.**

Preferowane są prace krótkie (do 0,5 arkusza). Warunkiem przyjęcia przez redakcję pracy jest wpłacenie opłaty 100,00 PLN na konto Instytutu PEKAO S.A. I O/ Błonie nr 54 1240 2164 1111 0000 3561 7204. Kwota nie podlega zwrotowi. Powyższa opłata nie dotyczy pracowników IHAR.

Pracę należy składać do redakcji w wersji elektronicznej wraz z potwierdzeniem wpłaty na konto Instytutu oraz pismem kierującym podpisanym przez przełożonego.

Praca powinna być w formacie Word for Windows (format strony A4, włączona numeracja wierszy). Tekst powinien być pisany z zachowaniem odstępu 1,5 wiersza. Na pierwszej stronie podaje się nazwiska autorów oraz nazwy zakładów pracy, należy podać tytuły naukowe autorów, adresy korespondencyjne i adresy e-mail, adresy miejsca pracy i numery telefonów. Tekst pracy zamieszcza się od drugiej strony. Prosimy o używanie standardowych czcionek Windows. Prosimy nie używać spacji do wyrównywania i rozmieszczania tekstu, natomiast należy wykorzystywać polecenia: wyśrodkuj, wyrównaj, wyrównaj lub tabulatora. Należy unikać dzielenia wyrazów.

Tytuł powinien być krótki, ale precyzyjnie informujący o treści pracy (w językach polskim i angielskim). Po tytule w każdej pracy (z wyjątkiem recenzji książek) powinny znajdować się streszczenia (w językach polskim i angielskim) i słowa kluczowe w porządku alfabetycznym (do 7 słów). Streszczenie, nieprzekraczające 250 wyrazów (ok. 20 wierszy) powinno informować o metodzie i ważniejszych wynikach pracy.

Tekst główny zaleca się podzielić na: wstęp wyjaśniający cel i założenia pracy, materiał i metody stosowane w pracy, wyniki, dyskusję oraz wnioski. Podtytuły należy wyróżnić większymi odstępami między wierszami. Kursywą piszemy nazwy łacińskie rodzajów i gatunków, genów oraz oznaczenia alleli. Jeżeli zamieszcza się podziękowania bądź informację, że praca została wykonana w ramach grantu, wówczas należy napisać je na końcu pracy.

Literaturę cytuje się w tekście pracy podając: nazwisko autora i rok wydania publikacji. Należy cytować najistotniejsze prace dotyczące danej tematyki w ilości maksymalnie do ok. 40. pozycji, z wyjątkiem prac przeglądowych. W przypadku kilku pozycji zamieszcza się je chronologicznie. Spis literatury, pod nagłówkiem „Literatura” powinien być uporządkowany alfabetycznie według pierwszego autora i chronologicznie.

W wykazie podajemy kolejno: nazwiska i pierwsze litery imion autorów, rok wydania pracy, pełny tytuł pracy, skrót nazwy czasopisma, numer tomu i zeszytu oraz początkową i końcową stronę artykułu. Literaturę należy cytować ze źródeł oryginalnych. Wymagane jest cytowanie również artykułów z czasopism polskich, w tym Biul. IHAR. W przypadku książek — nazwisko autora, (w pracach zbiorowych — redaktora), rok wydania, tytuł, wydawcę i miejsce wydania. Przy cytowaniu prac pisanych cyrylicą stosujemy transliterację wg Polskiej Normy PN-83/N-01201.

Tabele powinny być zamieszczone na końcu pracy i oznaczone kolejno cyframi arabskimi. Po numerze tabeli piszemy jej tytuł (w językach polskim i angielskim). Tabele cytujemy w tekście, np. (tab. 1), a na marginesie sugerujemy ich położenie. Pierwsze litery objaśnień nagłówka i pierwszej kolumny tabel piszemy wielką literą. Objasnienia w tabelach podajemy w językach polskim i angielskim. Do konstruowania tabel prosimy używać edytora tabel.

Rysunki, schematy, wykresy, fotografie oznaczamy jako „rys.” i numerujemy kolejno cyframi arabskimi. Tytuły rysunków i legendy należy napisać na oddzielnej stronie (w językach polskim i angielskim). Rysunki (fotografie) prosimy zapisywać w formacie jpg lub Ti (w rozdzielczości nie mniejszej niż 300 dpi). Do wykresów prosimy dołączyć dane źródłowe w formacie Ms Excel.

Autorów obowiązuje korekta autorska pracy. W toku korekty, w zasadzie nie powinny być wprowadzane żadne zmiany merytoryczne. Autorzy otrzymują bezpłatne odbitki (30 szt. każdej pracy) oraz 1 egzemplarz czasopisma.

Adres redakcji: Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie tel.(022) 733-45-95/96, fax: (022) 725-47-14, e-mail: g.lapinska@ihar.edu.pl

Spis treści

Dzień Młodego Naukowca w 2018 roku w IHAR — PIB w Radzikowie	3
Sandra Cichorz, Małgorzata Malicka, Kamilla Kuźdowicz, Barbara Skibowska, Maria Gośka	13
Zastosowanie tradycyjnych i nowoczesnych metod w doskonaleniu materiałów hodowlanych buraka cukrowego (<i>Beta vulgaris</i> L.)	
Use of traditional and modern methods in the improvement of breeding material of sugar beet (<i>Beta vulgaris</i> L.)	
Katarzyna Franke, Grzegorz Gryń, Lidia Michałowska, Mateusz Nowakowski	15
Metody badawcze stosowane w pracach dotyczących ograniczania występowania populacji <i>Globodera rostochiensis</i> w glebie	
Research methods used in experimental works of reducing <i>Globodera rostochiensis</i> occurrence in the soil	
Agnieszka Dobrzycka, Joanna Wolko, Jan Bocianowski, Kamila Nowosad	19
Charakterystyka zmienności fenotypowej linii DH oraz mieszańców rzepaku ozimego (<i>Brassica napus</i> L.) pod względem cech struktury plonu	
The characteristics of phenotypic variation in DH lines and hybrids of winter oilseed rape (<i>Brassica napus</i> L.) including yield related traits	
Joanna Wolko, Agnieszka Dobrzycka, Jan Bocianowski	21
Ocena efektu heterozji cech struktury plonu mieszańców pojedynczych i mieszańców trójliniowych rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.)	
Estimation of the seed yield traits heterosis for single cross and three-way cross hybrids of oilseed rape (<i>Brassica napus</i> L.)	
Katarzyna Gacek, Iwona Bartkowiak-Broda, Laurencja Szala, Teresa Cegielska-Taras,	23
Philipp E. Bayer, David Edwards, Jacqueline Batley, Steven Penfield	
Identyfikacja genetycznych podstaw procesu kiełkowania w nasionach rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.) z wykorzystaniem mapowania genetycznego	
Identification of the genetic basis of germination in rape seed (<i>Brassica napus</i> L.) using genetic mapping	
Aleksandra Pietrusińska, Monika Żurek, Dariusz Mańkowski	25
Poszukiwanie źródeł odporności na stropy biotyczne w dawnych odmianach i populacjach miejscowych pszenic i pszenżyta	
The search for sources of biotic stress resistance in old varieties and landraces of wheat and triticale	
Renata Orłowska, Katarzyna Anna Pachota, Joanna Machczyńska, Agnieszka Niedziela,	29
Janusz Zimny, Piotr Tomasz Bednarek	
Zastosowanie metody Taguchi do poprawy efektywności androgenyzy w zbożowych kulturach <i>in vitro</i>	
Application of the Taguchi method in the androgenesis efficiency enhancement in cereal tissue cultures	
Wioletta M. Dynkowska, Małgorzata R. Cyran	31
Substancje bioaktywne form wyjściowych pszenicy do hodowli nowych odmian w aspekcie produkcji żywności funkcjonalnej — wpływ warunków suszy w sezonie wegetacyjnym 2015 roku	
Bioactive substances of wheat input forms for new breeding cultivation in the aspect of functional food production	
Mateusz Przyborowski, Sebastian Gasparis, Wacław Orczyk, Anna Nadolska-Orczyk	33
Optymalizacja metod detekcji mutacji w genie Nud indukowanej przez technologię CRISPR/Cas9 w jęczmieniu zwyczajnym (<i>Hordeum vulgare</i> L.)	
Optimization of mutation detection methods in the NUD gene induced by CRISPR / CAS9 technology in barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.)	
Grzegorz Czajowski, Paweł Czembor	35
Wirulencja populacji <i>Puccinia triticina</i> sprawcy rdzy brunatnej na pszenicy i pszenżycie w Polsce w latach 2016–2017	
Virulence of <i>Puccinia triticina</i> the causal agents of wheat and triticale leaf rust in Poland in years 2016–2017	
Monika Żurek, Piotr Ochodzki, Roman Warzecha	37
Wykorzystanie właściwości allelopatycznych sorga (<i>Sorghum bicolor</i>) w ograniczaniu zachwaszczenia zbóż	
The use of allelopathic properties of sorghum (<i>Sorghum bicolor</i>) in reducing weed infestation of cereals	
Urszula Piechota, Paweł Czembor, Jerzy H. Czembor	41
Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia	
Broadening of barley gene pool	
Przemysław Werekci, Marta Dmochowska-Boguta, Anna Nadolska-Orczyk, Wacław Orczyk	43
Znaki typów odporności pszenicy na <i>Puccinia triticina</i>	
Markers of wheat resistance types on <i>Puccinia triticina</i>	
Sylwiana Nowicka, Hubert Waligóra, Witold Skrzypczak	45
Skuteczność wybranych herbicydów w uprawie sorga	
Efficiency of some herbicides for weed control in sorghum	

Jarosław Haremza	47
Wybrane metody hodowlane wykorzystywane przez DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. oraz oczekiwania spółki wobec polskich naukowców	
Selected breeding methods used by DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. and the company's expectations towards Polish scientists	
Sandra Cichorz, Maria Gośka	51
Wieloletnie trawy z rodzaju <i>Miscanthus</i> Anderss. — przykłady prac własnych	
Perennial Grasses of the genus <i>Miscanthus</i> Anderss. — examples of own work	
Ewelina Żmijewska	55
Badania nad bezpieczeństwem GMO	
Study on safety of GMO	
Damian Gołębiowski, Danuta Boros, Kinga Gołębiowska, Anna Fraś	57
Potencjał odżywczy i bioaktywny odmian owsa zwyczajnego	
Nutritive and bioactive potential of oat cultivar	
Aneta Jarecka, Dorota Bobrecka-Jamro, Jan Buczek, Waław Jarecki	65
Reakcja odmian pszenicy jarej na zróżnicowany poziom intensywności technologii produkcji	
Response of spring wheat to varied intensity of crop production technology	
Krystyna Zarzyńska, Dominika Boguszevska-Mańkowska, Piotr Barbaś	67
Współczynnik plonowania odmian ziemniaka uprawianych w dwóch systemach produkcji	
Harvest index of potato cultivars growing under two crop production systems	