

BADANIA PODSTAWOWE NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ.

*Wyniki badań uzyskane w 2008 roku w tematach szczegółowych wg
Załącznika nr 14 Rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia
13 kwietnia 2007r. (Dz.U.Nr 67, poz. 446 oraz z 2008r. Nr 102 poz. 654 i Nr 146
poz. 930)*

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 3.

Tytuł projektu: *Badania nad zwiększeniem odporności pszenicy i obniżeniem skażenia ziarna mikotoksynami fuzaryjnymi poprzez identyfikację i wykorzystanie genetycznych źródeł odporności na fuzariozę kłosów.*

Kierownik projektu: *Dr T. Góral*

Badano odporność na fuzariozę kłosów 110 genotypów pszenicy ozimej o zróżnicowanym podłożu genetycznym. Obiekty wysiane zostały w doświadczeniu polowym w Radzikowie. Materiałem infekcyjnym była mieszanina 3 izolatów *Fusarium culmorum*, wytwarzających deoksynivalenol (DON) i niwalenol (NIV). Kłosa pszenicy inokulowane były w stadium kwitnienia przez oprysk zawiesiną zarodników. Przeprowadzono ocenę porażenia kłosa oraz wykonano pomiary wysokości roślin. Po zbiorze kłosów oznaczono redukcję składników struktury plonu (MTZ, HCTL = masa hektolitra, LZK, MZK = liczba i masa ziarniaków w kłosie) w porównaniu z kombinacją kontrolną oraz stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*. W ziarnie 32 genotypów pszenicy ozimej badano zawartość mikotoksyn DON i NIV. Genotypy wybrano na podstawie niskiego porażenia kłosa i uszkodzenia ziarniaków oraz wysokiego plonowania i innych korzystnych cech agronomicznych. Zastosowano technikę wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC).

Stwierdzono istotne zróżnicowanie wszystkich badanych cech. Średnie nasilenie fuzariozy kłosów genotypów pszenicy ozimej wynosiło 32,8%, zakres zmienności wartości cechy 11,7-60,0%. Zamieranie kłosów wystąpiło u większości genotypów, w tym w dużym nasileniu u genotypów podatnych na fuzariozę kłosów. Średnie uszkodzenie ziarniaków wyniosło 41,7%. zakres zmienności wartości cechy 9,7-85,6%. Średnie redukcje komponentów plonu (kolejno MTZ, HCTL, LZK, MZK) wyniosły 10,3; 7,9; 7,9; 15,2. Zakres redukcji zawierał się w przedziałach: 0-27,5% MTZ, 0-25,5% HCTL, 0-36,2% LZK i 0-41,7% MZK. Brakiem redukcji lub bardzo niską redukcją plonu z kłosa charakteryzowało się 28 genotypów. Były to głównie genotypy odporne i średnio odporne. Współczynniki korelacji wysokości roślin i nasilenia fuzariozy kłosów były istotne. Genotypy wyższe były wyraźnie słabiej porażane przez fuzariozę kłosów na co wskazuje wysoki współczynnik determinacji. Stwierdzono istotną dodatnią zależność uszkodzenia ziarniaków od nasilenia fuzariozy kłosów. Nieliczne genotypy wykazywały niskie uszkodzenie ziarniaków mimo silnego porażenia. Nasilenie choroby na kłosie oraz stopień uszkodzenia ziarniaków istotnie korelowały z redukcjami komponentów plonu. Dla kilku genotypów obserwowano duże redukcje jednego z komponentów mimo niskiego lub średniego porażenia kłosa lub uszkodzenia ziarniaków. W ziarnie wybranych genotypów stwierdzono zawartość mikotoksyn DON i NIV. Średnia zawartość DON wyniosła 1,42 mg/kg, zakres zmienności 0,51-3,10 mg/kg. Średnia zawartość NIV wyniosła 2,67 mg/kg, zakres zmienności 0,47- 8,82 mg/kg. Zawartość DON w ziarnie była niska, biorąc pod uwagę stopień uszkodzenia ziarniaków. Bardzo wysoka była natomiast zawartość NIV. Współczynniki korelacji nasilenia fuzariozy kłosów i uszkodzenia ziarniaków z zawartością DON i NIV były istotne statystycznie. Wyższe współczynniki odnotowano dla zawartości NIV. Od zależności odbiegały genotypy akumulujące więcej lub mniej DON lub NIV niż wynikałoby to z zależności liniowej.

Badano odporność na fuzariozę kłosów 170 genotypów pszenicy ozimej w 5 lokalizacjach. Stwierdzono istotne zróżnicowanie podatności genotypów. Zakres zmienności nasilenia fuzariozy kłosów wynosił średnio dla wszystkich lokalizacji od 3,0 do 42,5%. Znalezione genotypy odporne o

stabilnej reakcji we wszystkich lokalizacjach. Mimo znacznych różnic warunków pogodowych, w których prowadzono doświadczenia stwierdzono dużą zgodność uzyskanych wyników (istotne współczynniki korelacji).

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 4.

Tytuł projektu: Poszukiwanie, tworzenie, ocena i gromadzenie źródeł odporności na septoriozę liści i plew u pszenicy (czynnik sprawczy *Stagonospora nodorum*).

Kierownik projektu: Prof. dr hab. E. Arseniuk

Prace zrealizowano w Pracowni Hodowli Odpornościowej IHAR oraz 8 punktach doświadczalnych w terenie w terenie. Materiałem roślinnym do wytworzenia linii DH były rośliny pokolenia F1 91 mieszańców pszenicy ozimej. W 2008 r. w doświadczeniu polowym oceniono odporność 334 linii DH i 3 odmian wzorcowych pszenicy (Tonacja, Bogatka, Finezja) na porażenie przez *S. nodorum*. Doświadczenie wykonano w 4 powtórzeniach w układzie losowanych bloków. Poletka inokulowano trzykrotnie w ciągu sezonu wodną zawiesiną zarodników *S. nodorum*. Pierwsza inokulacja przeprowadzona została w fazie wczesnej butonizacji (GS 45 wg skali Zadoksa), drugą inokulację przeprowadzono w fazie kłoszenia, natomiast trzecią w początkowej fazie kwitnienia (GS 59). Poletka kontrolne chroniono Tiltiem 250 EC (0,1% s.a. – propikonazol). W doświadczeniu oceniano: wczesność i wysokość roślin (cm) oraz stopień porażenia w skali 1 – 9 (gdzie 1 oznacza rośliny podatne, a 9 odporne). Ocenę stopnia porażenia liści rozpoczynano w momencie pojawienia się pierwszych objawów choroby i powtarzano pięciokrotnie, natomiast kłosów trzykrotnie, w tygodniowych odstępach czasu aż do naturalnego zamierania roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy pierwszej serii:

Nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1) zarówno w przypadku liści jak i kłosów. Dziewięć obiektów charakteryzowało się wyższą odpornością kłosów od wzorca Finezja. Odporność na *S. nodorum* liści i plew badanych obiektów była jednakże skorelowana z wczesnością.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy drugiej serii:

Nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1) testowanych na odporność liści i kłosów. Cztery obiekty wykazały wyższą odporność liści natomiast 11 linii charakteryzowało się wyższą odpornością plew od odmian wzorcowych. Stwierdzono statystycznie istotną zależność między odpornością liści i plew na *S. nodorum* a wysokością rośliny.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH drugiego roku doświadczenia:

Sześć linii DH wykazało wyższą odporność liści na *S. nodorum* od odmian wzorcowych, w szczególności Tonacji. Trzy linie charakteryzowały się wyższą odpornością plew od wzorca Tonacja natomiast niższą lub równą wzorcowi Finezja. Odporność na *S. nodorum* liści i plew badanych obiektów była jednakże skorelowana z wysokością rośliny i wczesnością.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH trzeciego roku doświadczenia:

Odpowiednio, 20 i 39 linii DH wykazywało wyższą odporność liści i kłosów od najodporniejszego wzorca Tonacja. Tak dla liści, jak i plew stwierdzono korelację odporności na *S. nodorum* z wysokością i wczesnością roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności obiektów pszenicy ozimej z doświadczenia wstępnego:

Szereg linii charakteryzowało się wyższą odpornością liści w porównaniu z odmianami wzorcowymi. Atestacje odporności wykonane w różnych środowiskach statystycznie istotnie modyfikują reakcje badanych obiektów pszenicy na *S. nodorum*.

Wnioski

- 1) Uzyskanie linii pszenicy ozimego odporniejszych na *S. nodorum* od odmian wzorcowych, w szczególności odm. Tonacja, jest zadaniem dość trudnym, szczególnie w prowadzonej tradycyjnie hodowli rekombinacyjnej,
- 2) Technika podwojonych haploidów poszerza zakres zmienności genetycznej, a tym samym zwiększa prawdopodobieństwo uzyskania linii o wyższej odporności na *S. nodorum*.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 5.

Tytuł projektu: Piramidowanie efektywności genów odporności na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) i rdzę brunatną (*Puccinia triticina*) w pszenicy oz.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. H.J. Czembor

Prowadzono badania nad połączeniem w jednym genomie pszenicy heksaploidalnej, genów warunkujących efektywną odporność na rdzę brunatną – Lr 41 (*Puccinia triticina*) i mączniaka prawdziwego – Pm 21 (*Blumeria graminis*) oraz określeniem ich ekspresji w różnych warunkach środowiska. Do badań wykorzystano linię WGRC 10 z genem Lr41 pochodzącym z diploidalnej dzikiej pszenicy *Triticum tauschii*; jako źródło odporności na mączniaka zastosowano linię translokowaną 6VS/6AL Yangmai 5 z dominującym genem Pm 21 pochodzącym od *Dasyphyrum villosum*.

Do oceny reakcji na zakażenie przez *B. graminis* f.sp. *tritici* i *P. triticina* użyto izolatów jednozarodnikowych wirulentnych w stosunku do odmian wypierających a awirulentnych do linii odpowiednio z genem Pm 21 i Lr 41.

Do wykrywania obecności przenoszonych genów odporności w badanych populacjach mieszańcowych zastosowano markery molekularne: mikrosatelitarne SSR: Xgdm35, Xbarc124, Xgwm210 dla genu Lr41 i marker PCR NAU/XIBAO15 specyficzny dla translokacji z genem Pm21. Wykonano analizy molekularne 4 populacji F₁ krzyżowań zbieżnych i wyodrębniono rośliny wykazujące obecność obu przenoszonych genów. Na roślinach tych wykonano krzyżowania wypierające i uzyskano 5 nowych populacji do dalszych badań nad uzyskaniem nowych genotypów o efektywnych genach odporności na groźne patogeny pszenicy.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 6.

Tytuł projektu: Badania nad przydatnością strategii opartej o markery molekularne do wprowadzenia *loci* cech ilościowych i jakościowych do pszenicy ozimej.

Kierownik projektu: Dr Paweł Czembor

Celem projektu jest określenie przydatności strategii opartej o markery molekularne do kumulacji trzech *loci* cech ilościowych i jednej jakościowej w pszenicy ozimej, które mają poprawić odporność na fuzariozę kłosa i rdzę żółtą oraz podnieść poziom białka w ziarnie.

W roku 2008, w początkowej fazie realizacji projektu, określono polimorfizm DNA w *loci* mikrosatelitarnych (ang. Simple Sequence Repeats, SSR) blisko sprzężonych z wprowadzanymi cechami pomiędzy odmianami-dawcami (Sumai 3 i Scarlet-Gpc-B1) oraz potencjalnymi odmianami/liniami o wysokiej wartości gospodarczej (biorecy). W wyniku przeprowadzonych analiz do krzyżowań z odmianami-dawcami wybrano odmianę Muszelka i linię STH537 (dwie równoległe ścieżki krzyżowań). Po dwóch krzyżowaniach otrzymano dwie populacje mieszańców złożonych F₁, odpowiednio z udziałem Muszelki 425 i STH537 467 ziaren.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 7.

Tytuł projektu: Poszukiwanie źródeł odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina* u pszenicy *Triticum aestivum*.

Kierownik projektu: Dr A. Strzembicka

Celem pracy jest wyodrębnienie źródeł odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina* w stadium rośliny dorosłej spośród różnych genotypów pszenicy ozimej.

Materiałem do badań były perspektywiczne formy pszenicy ozimej oraz genotypy pochodzące z 6-ciu miejscowości z różnych, geograficznych rejonów uprawy pszenicy. Ogółem w badaniach brało udział 414 genotypów pszenicy ozimej. Wymieniony materiał badawczy wysiano jesienią w dwóch

punktach badawczych wraz z wzorcami po 2 rządki, z kontrolnymi wrażliwymi odmianami pszenicy Michigan Amber i Emika.

Przygotowano inokulat *P. triticina* do zakażeń, wybrano do badań 4 patotypy rdzy, które występują z dużą częstotliwością w krajowej populacji grzyba i odznaczają się znaczną wirulencją w stosunku do linii monogenicznych z genami odporności *Lr*. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono w jednym z punktów badawczych w polu sztuczną inokulację rdzą brunatną roślin wymienionych genotypów pszenicy. Rośliny inokulowano przez oprysk zawiesiną uredospor mieszaniną patotypów *P. triticina* (z dodatkiem Tween 20) w stadium przed kłoszeniem. Ocenę porażenia form pszenicy rdzą brunatną, przeprowadzono dwa tygodnie po inokulacji, oraz w drugim punkcie badawczym w warunkach naturalnej infekcji. Ocenę prowadzono 3-krotnie w odstępach 2-tygodniowych w skali 9-1 gdzie: 9 - wysoce odporny, 1- wysoce wrażliwy.

Wyniki oceny porażenia rdzą brunatną 414 badanych genotypów pszenicy ozimej w warunkach polowych przy zastosowaniu sztucznej inokulacji oraz przy naturalnej infekcji świadczą o znacznej wrażliwości użytych w doświadczeniu form na porażenie tym patogenem. Jedynie 97 form (ok. 23 %) charakteryzowało się wysoką odpornością (w stopniu 9-7) w dwóch miejscowościach. Średnią odporność – porażenie w stopniu 6-5 wykazały 62 formy (ok.15%). Pozostałe 258 form (ok.62%) cechowała znaczna wrażliwość na rdzę brunatną.

Rozwój rdzy zależny jest w wysokiej mierze od warunków środowiska, jeżeli te warunki układają się dla patogena pomyślnie to szybko się rozmnaża i rozprzestrzenia. Rok bieżący, z powodu suszy, nie był sprzyjający w niektórych rejonach kraju do rozwoju rdzy, zatem zastosowanie sztucznej inokulacji w jednym z punktów badawczych pozwoliło na lepsze rozprzestrzenienie patogena. W drugim punkcie badawczym, mimo tego, że nie zastosowano sztucznej inokulacji, z powodu większej ilości opadów były bardziej sprzyjające warunki dla rozwoju rdzy niż w innych rejonach kraju. W obu miejscowościach rdza wystąpiła w znacznym nasileniu w czerwcu, przy czym zasięg porażenia, zwłaszcza w trzeciej dekadzie czerwca, wynosił w skali od stopnia 9 do 2, co wskazywało na duże zróżnicowanie badanego materiału.

Przeprowadzone badania form pszenicy pod względem odporności w stadium rośliny dorosłej na rdzę brunatną w warunkach sztucznej inokulacji oraz w warunkach naturalnej infekcji pozwoliły dokładniej ocenić poziom odporności. Wyodrębnione genotypy pszenicy o wysokiej odporności mogą stanowić interesujący materiał jako źródła odporności.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 13.

Tytuł projektu: Poszukiwanie źródeł genetycznych wysokiej jakości technologicznej w formach ozimych i jarych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* ssp. *vulgare*).

Kierownik projektu: Mgr M. Stachowicz

Na potrzeby projektu badawczego oceniono grupę wartości technologicznej obiektów pochodzących z doświadczeń polowych założonych w zróżnicowanych glebowo-klimatycznych środowiskach. Ocenę przeprowadzono metodami standardowymi zgodnie z metodyką stosowaną w COBORU przed zarejestrowaniem odmiany. Wskaźnikami jakości oceny technologicznej były: liczba sedimentacji, liczba opadania, % zawartość białka w suchej masie ziarna, wodochłonność mąki, rozmiękczenie ciasta, energia ciasta, objętość chleba, wydajność mąki ogółem oraz czas stałości ciasta, liczba jakości, L.W.CH (liczba wartości chleba), % zawartość glutenu mokrego i indeks gluten. Materiał badany porównano do odmiany wzorcowej pszenicy ozimej Tonacja i pszenicy jarej Tybalt.

W ramach realizacji tematu przebadano ogółem 482 obiekty w tym 441 obiekty pszenicy ozimej i 41 obiektów pszenicy jarej. Do pełnej oceny technologicznej (jakościowej) wybrano 306 obiektów (w tym 265 pszenicy ozimej i 41 pszenicy jarej). Wyodrębniono dwa źródła genetyczne w formach pszenicy ozimej o najwyższej jakości technologicznej (grupa E -elitarna) oraz 45 form ozimych i 8 jarych z grupy jakościowej A.

Analizę statystyczną zmienności cech jakościowych opracowano dla cech pszenicy ozimej i jarej przy pomocy programu statystycznego opracowanego w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie. Największą zmiennością charakteryzowały się cechy reologiczne ciasta takie jak: czas stałości ciasta, liczba jakości, rozmiękczenie ciasta w ocenie farinograficznej oraz energia ciasta w ocenie ekstensograficznej. Najmniejsza zmienność wystąpiła między obiektami dla takich cech jak: %

zawartość białka, wodochłonność mąki, wydajność mąki ogółem i objętość chleba. Z analizy statystyczno-genetycznej wynika iż ród jeden genotyp pszenicy ozimej otrzymał najlepszą ocenę we wszystkich 13 parametrach oceny jakościowej pod względem istotności odchyleń od średniej arytmetycznej. Wskazano na wiele innych form, cennych, o wysokiej jakości technologicznej.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 14.

Tytuł projektu: Analiza zmienności genotypowo-środowiskowej oraz genetycznego uwarunkowania ważnych cech zbóż.

Kierownik projektu: Dr T. Śmiałowski

Prace prowadzone w temacie obejmowały analizy zmienności genotypowo-środowiskowej oraz genetycznego uwarunkowania ważnych cech pszenicy, pszenżyta, żyta, jęczmienia i owsa.

Na podstawie dokonanego przeglądu literatury oraz wyników doświadczeń z lat poprzednich opracowano założenia metodyczne, wykonano dobór materiału badawczego, ustalono lokalizację doświadczeń i zakres prac badawczych z wykonawcami usług badawczych. Przygotowano rozłosowania doświadczenia polowych, opracowano i rozesłano karty obserwacji. W trakcie wegetacji przeprowadzono lustracje polowe wybranych doświadczeń. Po zakończeniu badań polowych, po zbiorach, na podstawie zebranych i zestawionych obserwacji i wyników doświadczeń wykonano obliczenia statystyczne i genetyczne. Obejmowały one syntezy plonów i cech pszenicy ozimej, pszenżyta ozimego, żyta ozimego, jęczmienia ozimego i jarego i owsa jarego

W oparciu o wykonane obliczenia statystyczno-genetyczne przeprowadzono pogłębione analizy statystyczno genetyczne ujawniając zmienności badanych cech (fenotypowe i genotypowe współczynniki zmienności CV (%), uwarunkowania genotypowo środowiskowe (wskaźniki powtarzalności H), zależności fenotypowe (współczynniki korelacji rP) i zależności genotypowe rG (jako miary korelacji prostej pomiędzy nieobserwowalnymi efektami genotypowymi pomiędzy cechami), oraz wskazano źródła plenności żyta i owsa.

Wyodrębniono najlepsze obiekty (odmiany, formy botaniczne, rody) pod względem plenności i cech użytkowych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 16.

Tytuł projektu: Charakterystyka struktury populacji mieszańcowych na podstawie analizy zróżnicowania genów warunkujących syntezę niektórych frakcji białek zapasowych pszenicy.

Kierownik projektu: Dr J. Waga

W roku 2008 wykonano łącznie 5036 analiz elektroforetycznych materiałów hodowlanych pszenicy jarej i ozimej. Analizowano białka gluteninowe o wysokiej masie cząsteczkowej metodą SDS PAGE oraz białka gliadynowe metodą A PAGE. Wśród rodów pszenicy jarej stwierdzono znaczącą przewagę ilościową (ponad trzykrotną) podjednostek warunkowanych chromosomem 1A (Glu A1-1 oraz Glu A1-2) nad wariantem nie kodującym tego genu (Glu A1-null). Odwrotne zjawisko obserwowano wśród rodów pszenicy ozimej. Wśród alleli genu zlokalizowanego na chromosomie 1D obserwowano przewagę ilościową podjednostek 5+10 w porównaniu do 2+12. Należy jednak zwrócić uwagę, że spośród wszystkich trzech grup alleli, ta ostatnia stanowiła wysoce zbalansowany układ genetyczny. Analiza struktury badanych populacji pod względem alleli warunkujących syntezę białek gluteninowych (HMW) odzwierciedla, a zarazem tłumaczy, wyższe wartości parametrów jakości technologicznej pszenic jarych w porównaniu do ozimych. W przypadku form jarych obserwowano wyższy odsetek podjednostek, które w badaniach wykazują silny, genetycznie uwarunkowany związek z wysoką jakością technologiczną. Szereg niezidentyfikowanych podjednostek i bloków gluteninowych, których w analizie struktury populacji nie uwzględniono, ale które obserwowano zarówno wśród pszenic jarych jak i ozimych, powinno stać się przedmiotem szczegółowych badań nad ich powiązaniem ze zmiennością cech jakościowych, gdyż w przyszłości mogą stanowić one cenne źródło zmienności i odegrać znaczącą rolę w pracach nad zapobieganiem niekorzystnym skutkom

erozji genetycznej. Analiza struktury populacji pod względem podjednostek białek gluteninowych może stanowić cenny instrument monitoringu zmian częstotliwości oraz przepływu genów mających istotne znaczenie dla kształtowania cech jakościowych pszenicy.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 17.

Tytuł projektu: Badanie systemu męska sterylność – przywracanie płodności typu Pampa u żyta.

Kierownik projektu: Dr I. Kolańska

Badania prowadzone w sezonie 2007/2008 koncentrowały się głównie na poszukiwaniu nowych efektywnych restorerów płodności dla CMS-Pampa, zarówno wśród genotypów żyta wyprowadzonych z polskich populacji, jak również wśród genotypów pochodzących z różnych populacji miejscowych i egzotycznych otrzymanych z Banku Genów. W tym celu wykonano krzyżowanie dużej liczby genotypów z męskosterylnym testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt). Siew nasion 648 mieszańców testowych wykonano ręcznie w polu i w tunelach foliowych lub siewnikiem na poletkach obserwacyjnych i w doświadczeniach polowych. W następnym roku będzie prowadzona ocena stopnia przywrócenia męskiej płodności u mieszańców testowych poprzez ocenę płodności pojedynczych roślin mieszańców i/lub ocenę intensywności pylenia kłosów mieszańców na poletkach. Duża liczba wykonanych krzyżowań testowych a następnie ocena męskiej płodności uzyskanych mieszańców w różnych warunkach środowiska powinna umożliwić znalezienie efektywnych restorerów męskiej płodności dla CMS-Pampa wśród genotypów pochodzących z polskich populacji. W przeciwnym razie należy skoncentrować się na poszukiwaniu źródeł genów przywracających płodność wśród miejscowych populacji tureckich i egzotycznych.

W warunkach tuneli foliowych i w polu przeprowadzono ocenę męskiej płodności roślin wcześniej uzyskanych mieszańców testowych poprzez krzyżowanie linii wsobnych pochodzących z polskich populacji i młodych linii wsobnych wyprowadzonych z populacji tureckich z testerem CMS-Tt. Badania wykazały, iż młode linie wsobne wyprowadzone z populacji tureckich miały większą zdolność przywracania męskiej płodności niż najlepsze spośród linii wsobnych o polskim rodowodzie. Kilka linii okazało się pełnymi restorerami płodności, gdyż wszystkie rośliny lub ponad 90% roślin ich mieszańców testowych było całkowicie płodne. Wydaje się, iż niektóre z nich mogłyby stanowić źródło efektywnych genów przywracania płodności do dalszych prac nad ulepszeniem tej cechy oraz badań genetycznych. Istotna, wysoka korelacja stwierdzona pomiędzy płodnością mieszańców w polu i w tunelach wskazuje na możliwość prowadzenia oceny zdolności przywracania płodności w obu warunkach, co pozwala na znaczne zwiększenie efektywności pracy.

W okresie sprawozdawczym rozpoczęto badania nad efektywnością przywracania męskiej płodności u mieszańców z cytoplazmą Pampa w różnych warunkach środowiska. W tym celu wykonano krzyżowanie 80 różnych linii męskosterylnych z populacjami przywracającymi płodność. Spośród wytworzonych mieszańców F₁ nasiona 60 mieszańców wysiano w tunelach foliowych i w warunkach polowych do szczegółowej oceny stopnia przywrócenia męskiej płodności poszczególnych roślin. Ponadto będzie prowadzona ocena intensywności pylenia kłosów mieszańców w trzech różnych warunkach środowiska.

Badanie genetycznego uwarunkowania przywracania płodności u mieszańców z CMS-Pampa będzie prowadzone u zróżnicowanych restorerów wybranych na podstawie wyników oceny płodności mieszańców testowych uzyskanych z udziałem CMS-Tt w różnych warunkach środowiska.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 18.

Tytuł projektu: Badanie ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej różnych genotypów żyta.

Kierownik projektu: Dr I. Kolańska

W sezonie wegetacji 2007/2008 przeprowadzono wszystkie planowane zadania potrzebne dla oszacowania zdolności kombinacyjnej różnych genotypów żyta:

- wytworzono potrzebne do badań komponenty maticzne i ojcowskie,
- wytworzono odpowiednie mieszańce pojedyncze i trójkomponentowe poprzez krzyżowanie tych komponentów w układzie czynnikowym w warunkach sztucznej lub przestrzennej izolacji.

Ogółem wytworzono 192 mieszańców pojedynczych, w tym 112 w wyniku krzyżowania linii męskosterylnych z populacjami i 80 poprzez krzyżowanie młodych linii wsobnych z męskosterylnymi komponentami maticznymi. Spośród mieszańców tego typu, 128 wysiano w czterech doświadczeniach założonych w zróżnicowanych warunkach środowiska. Ponadto wytworzono ogółem 155 mieszańców trójkomponentowych w wyniku krzyżowania komponentów maticznych z populacjami ojcowskimi, z których 120 wysiano w trzech doświadczeniach połowych zlokalizowanych w zróżnicowanych warunkach środowiska.

- Przeprowadzono ocenę sterylności komponentów maticznych użytych do tworzenia różnego typu mieszańców najpierw w szklarni a następnie w polu (105 obiektów).
- Założono ogółem 7 doświadczeń połowych obejmujących 248 różnego typu mieszańców F₁, z których każde jest zlokalizowane w trzech różnych warunkach środowiska.
- Planuje się wytworzenie nowej serii zróżnicowanych komponentów maticznych i ojcowskich oraz wytworzenie mieszańców trójkomponentowych poprzez krzyżowanie 22 zróżnicowanych komponentów maticznych wytworzonych w bieżącym roku z 5 nowymi populacjami ojcowskimi. Ponadto będzie wykonana kontrola męskiej sterylności tych komponentów maticznych w szklarni i w polu.

Oszacowanie zdolności kombinacyjnej genotypów żyta będzie możliwe do wykonania na podstawie statystycznie opracowanych wyników doświadczeń przeprowadzonych w sezonie 2008/2009.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 20.

Tytuł projektu: Identyfikacja efektywnych genów odporności żyta na patogeny.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. H.J. Czembor

Rozpoczęto badania nad patogennością populacji mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f.sp. *secalis*) i rdzy żyta (*Puccinia dispersa* f.sp. *secalis*) w stosunku do 30 odmian/rodów żyta ozimego. Zebrano w 5 miejscowościach położonych w różnych rejonach kraju, próbki liści żyta porażone mączniakiem i rdzą. Z populacji badanych patogenów wyodrębniono izolaty jednozarodnikowe w celu określenia uwarunkowań odporności badanych odmian i opracowania zestawu izolatów różnicujących.

Pierwsze oceny odmian i rodów na zakażenie jednozarodnikowymi izolatami wskazują na dużą wrażliwość badanych obiektów na mączniaka. W przypadku rdzy, 9 rodów i dwie odmiany populacyjne są heterogeniczne pod względem reakcji na zakażenie izolatami rdzy. W badanych próbach obserwowano rośliny podatne i średnio odporne. Pozostałych 17 rodów i dwie odmiany są podatne.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 22.

Tytuł projektu: Badania nad optymalizacją otrzymywania podwojonych haploidów żyta.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. J. Zimny

Celem projektu jest wytworzenie linii homozygotycznych z materiału hodowlanego (dwóch odrębnych populacji wyjściowych do wytwarzania linii maticznych i ojcowskich). Celem prac prowadzonych w roku 2008 było zbadanie zdolności do androgenyzy linii żyta. Celem zasadniczym było zbadanie reakcji androgenicznej tych linii. W bieżącym roku przedmiotem badań było 18 genotypów żyta

Rośliny uprawiane były w kontrolowanych warunkach w fitotronie. Z każdego genotypu wyłożono pylniki z 12 do 32 kłosów. Do doświadczeń użyto zmodyfikowaną pożywkę 190-2 z dodatkiem 2 mg/l 2,4D i 0.5 mg/l kinetyny. Pylniki w szalkach inkubowano w temperaturze 26°C w ciemności przez okres 8 tygodni.

Zaobserwowano indukcję kalusa u wszystkich 18 genotypów. Embriogenny kalus oraz zarodki były sukcesywnie przenoszone na pożywkę regenerującą gdzie część zarodków dojrzewała, a ich tarczki zieleniały na świetle. Poszczególne linie wykazują silne zróżnicowanie pod względem androgenicznej reakcji w kulturach tkankowych (liczba uzyskanych kalusów od 3 do 253).

Kielkujące roślinki były przenoszone na pożywkę stymulującą ich rozwój. Po dwóch tygodniach były one przenoszone do kolb Erlenmayera gdzie rosły przyjmując formę siewki. Korzenie rozwijały się w pożywce. Roślinki są obecnie jarowizowane w chłodni w temp 4°C po czym będą aklimatyzowane w fitotronie przy fotoperiodzie 16/8 godzin (dzień/noc) i w temperaturze 15°C w dzień i 12°C w nocy.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 24.

Tytuł projektu: Poszukiwanie markerów molekularnych sprzężonych z głównymi genami przywracania płodności pyłku żyta (*Secale cereale* L.) do cytoplazmy sterylizującej typu Pampa.

Kierownik projektu: Dr P. Bednarek

Analiza zróżnicowania genetycznego materiałów roślinnych dostarcza cennej informacji odnośnie dostępnej puli genetycznej i może być wykorzystana między innymi do racjonalizacji doboru materiału roślinnego do krzyżowań oraz do projektowań populacji mapujących czy linii rekombinacyjnych. Odpowiednio dobrany materiał badawczy stanowi podstawę wszelkich badań genetycznych. Do poszukiwania markerów molekularnych asocjowanych z obszarami genomu, w których kodowane są poszukiwane cechy wykorzystuje się narzędzia genetyki populacji. Jednym z pierwszych etapów takiego badania są analizy taksonomiczne. Wykorzystanie analizy skupień pozwala na określenie czy badany materiał wykazuje cechy strukturyzacji czy też nie. W przypadku stwierdzenia strukturyzacji badanej populacji należy uwzględnić jej wpływ na asocjację markerów molekularnych. Kolejny aspekt badań, których celem jest identyfikacja markerów molekularnych to wybór techniki markerowej. Najkorzystniej jest wykorzystywać takie systemy markerowe, które umożliwiają wydajną identyfikację dużej liczby markerów molekularnych w relatywnie krótkim czasie i względnie niskim kosztem. Do takich metod zaliczane są markery AFLP oraz opracowane niedawno markery DArT. Nieocenioną zaletą mapowania asocjatywnego jest możliwość identyfikacji markerów dla bardzo szerokiego spektrum genów odpowiedzialnych za ekspresję cechy i występujących w analizowanym materiale. Takie markery (przynajmniej teoretycznie) powinny sprawdzać się nie tylko w przypadku pojedynczej formy lecz w szerokim zakresie materiałów roślinnych (często należących do różnych gatunków). Należy jednak zdawać sobie sprawę z faktu, że markery uzyskane na drodze mapowania asocjatywnego są obciążone błędem (mogą to być "fałszywe" sygnały). Z tego względu markery asocjowane z cechą należy weryfikować metodami genetyki klasycznej (np. mapowanie genetyczne). Oczywistym więc jest fakt, że procedura poszukiwania markerów molekularnych to proces złożony, wymagający zastosowania osiągnięć często różnych dyscyplin wiedzy. Oprócz odpowiedniego doboru materiału roślinnego, zastosowania wydajnych technologii markerowych, wykorzystania statystycznych narzędzi genetyki populacji (mapowanie asocjatywne), mapowania genetycznego czy inżynierii genetycznej koniecznym jest dysponowanie nowoczesnym, często kosztownym zapleczem badawczym oraz wykwalifikowaną kadrą naukową.

Celem niniejszych badań było opracowanie zróżnicowania genetycznego form żyta ozimego w Polsce za pomocą markerów typu DArT dla określenia struktury genetycznej analizowanego materiału roślinnego; poszukiwanie markerów asocjowanych z genami przywracania płodności u żyta dla cytoplazmy pampa; uzyskanie materiałów F1 do wyprowadzenia szeregu linii rekombinacyjnych żyta ozimego oraz zagęszczanie dwóch map genetycznych żyta ozimego markerami DArT.

Udostępnione do badań formy żyta ozimego wykazywały zróżnicowanie pod względem zdolności do utrzymania sterylności pyłku i były reprezentowane zarówno przez formy męskosterylne, częściowo płodne oraz płodne. Analizy molekularne umożliwiły identyfikację 1458 polimorficznych markerów DArT. Markery wykazujące powtarzalność powyżej 80% przeanalizowano pod kątem potencjalnych sprzężeń, co doprowadziło do redukcji liczby markerów do 1422. Taka liczba markerów jest więcej niż dostateczna do jednoznacznego i wiarygodnego różnicowania materiału roślinnego celem ustalenia

relacji taksonomicznych. Analiza hierarchiczna udostępnionych do badań form żyta ozimego wykazała ich zróżnicowanie. Analogiczny wynik uzyskano za pomocą analizy czynnikowej. Formy przywracające płodność oraz formy sterylne tworzą odrębne skupienia o różnym zróżnicowaniu genetycznym. Widoczna jest wyraźna strukturyzacja materiałów świadcząca o ich odrębności genetycznej.

Analiza korelacji kanonicznej ujawniła, że co najmniej 11 markerów (przeanalizowano 122) korelowało z cechą. Przy czym 6 markerów było dodatnich a reszta ujemnych. Analiza wielorakiej regresji liniowej demonstruje, że co najmniej 3, 4 markery mogą być skorelowane z genami przywracania płodności pyłku. Łącznie markery te tłumaczą prawie 70% (69,8%) zmienności cechy.

W ramach niniejszego projektu rozpoczęto również prace nad wyprowadzeniem izogenicznych linii rekombinacyjnych żyta. Wykonano szereg krzyżowań typu roślina x roślina, zebrano ziarniaki pokolenia F1, które zostaną wykorzystane do uzyskania ziarniaków F2. Podjęto również działania mające na celu krzyżowanie roślin restorerowych zawierających gen przywracania płodności na 1R i 3R oraz 1R i 5R.

Podsumowanie

1. Metoda DArT umożliwia uzyskanie dużej liczby wiarygodnych markerów molekularnych,
2. Analiza hierarchiczna (analiza skupień oraz PCoR) markerów DArT ujawniła strukturyzację badanych materiałów roślinnych oraz ich zróżnicowanie w obrębie poszczególnych skupień (zbieżność z pochodzeniem),
3. Analiza korelacji kanonicznej oraz regresja liniowa sugerują, że wśród markerów DArT występują markery skorelowane z genami przywracania płodności. Jednak ze względu na strukturyzację badanych materiałów koniecznym jest zastosowanie metod genetyki populacji celem identyfikacji markerów asocjowanych z cechą.
4. Uzyskano dostatecznie dużą ilość ziarniaków pokolenia F1 reprezentujących zróżnicowane genotypy żyta do dalszych prac nad uzyskaniem izogenicznych linii rekombinacyjnych żyta ozimego.
5. Zagęszczanie map genetycznych żyta na DNA populacji mapujących zostanie wykonane po uzyskaniu danych molekularnych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 26.

Tytuł projektu: Poszukiwanie źródeł odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina*, rdzę żółtą *Puccinia striiformis* i mączniaka *Blumeria graminis* u pszenżyta.

Kierownik projektu: Dr A. Strzembicka

Celem pracy jest wyodrębnienie źródeł odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina* i mączniaka *Blumeria graminis* spośród perspektywicznych form pszenżyta ozimego.

Przedmiotem badań były formy pszenżyta ozimego o normalnej długości z doświadczeń wstępnych (54 obiekty) wraz z dwoma wzorcami - Moderato i Grenado, oraz 112 form pochodzących z różnych rejonów uprawy z dwóch miejscowości. Ogółem materiał do badań stanowiło 166 genotypów pszenżyta ozimego. Wymieniony materiał badawczy wysiano wraz z wzorcami po 2 rządki w dwóch punktach badawczych.

Przygotowano i rozmnożono materiał infekcyjny grzybów *P. triticina* i *B. graminis* do zakażeń: wyprowadzono izolaty mączniaka pochodzące z pszenicy i pszenżyta, oraz wyprowadzono patotypy rdzy brunatnej także pochodzące z pszenicy i pszenżyta. Wybrane izolaty i patotypy grzybów występują z dużą częstotliwością w krajowej populacji grzyba i odznaczają się znaczną wirulencją w stosunku do linii monogenicznych z genami odporności i odmian pszenicy i pszenżyta.

Przeprowadzono ocenę form pszenżyta w stadium siewek (2-gi liść) pod względem odporności na populację patotypów rdzy brunatnej *P. triticina* oraz na populację mączniaka prawdziwego *B. graminis*. Ocenę materiałów pszenżyta w stadium siewek prowadzono według skali gdzie: 0,1,2 – rośliny odporne, 3,4 - rośliny wrażliwe.

W jednym z punktów badawczych w polu wykonano sztuczną inokulację roślin poszczególnych genotypów pszenżyta mieszaniną patotypów rdzy brunatnej.

W obydwu punktach (w drugim - naturalna infekcja) przeprowadzono 3-krotną ocenę porażenia form pszenżyta rdzą brunatną i mączniakiem. Ocenę porażenia prowadzono w skali 9-1 – gdzie 9 - wysoce odporny, 1- wysoce wrażliwy.

W roku sprawozdawczym nie prowadzono badań z rdzą żółtą *Puccinia striiformis* z uwagi na brak materiału infekcyjnego, jako że nie notowano znacznego wystąpienia tego gatunku rdzy na zasiewach zbóż w poprzednim roku.

Wyniki oceny 166 genotypów pszenżyta ozimego pod względem odporności w stadium siewek na populację *P. triticina* i populację *B. graminis* pochodzącą z pszenżyta i pszenicy wskazują na znaczną wrażliwość ocenianych form. Odpornością na rdzę brunatną odznaczało się 41 form (ok.25%), zaś odpornością na mączniaka 47 (ok.28%). Wysoką odporność na rdzę brunatną *P. triticina* w stadium rośliny dorosłej przy zastosowaniu sztucznej inokulacji w pierwszym punkcie badawczym i w warunkach naturalnej infekcji w drugim punkcie badawczym wykazały 84 (ok.51%) formy spośród 166 ocenianych, także ponad połowa 95 (57%) badanych form odznaczała się wysoką odpornością na mączniaka *B. graminis*. Rok bieżący, nie był sprzyjający w niektórych rejonach kraju do rozwoju rdzy i mączniaka, zastosowanie sztucznej inokulacji rdzą brunatną pozwoliło na lepsze rozprzestrzenienie choroby. W drugim punkcie badawczym z powodu większej ilości opadów były bardziej sprzyjające warunki dla rozwoju patogenów niż w innych rejonach kraju. W obu miejscowościach zasięg porażenia wynosił w skali od stopnia 9 do 3, co pozwoliło na zróżnicowanie badanego materiału i uzyskanie miarodajnych wyników.

Wyniki badań pozwoliły na wytypowanie 26 genotypów pszenżyta ozimego o wysokiej odporności na rdzę brunatną *P. triticina* oraz 33 genotypów o wysokiej odporności na mączniaka *B. graminis* w obu stadiach rozwoju (siewek i rośliny dorosłej). Wyodrębnione genotypy mogą stanowić obiecujący materiał jako źródła odporności.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 27.

Tytuł projektu: Wytworzenie źródeł genetycznych pszenżyta ozimego o skróconym źdźble i zwiększonej odporności na septoriozę liści i plew (czynnik sprawczy *Stagonospora nodorum*).

Kierownik projektu: Prof. dr hab. E. Arseniuk

Prace badawcze realizowano w Pracowni Hodowli Odpornościowej IHAR Radzików oraz 4 punktach doświadczalnych w terenie. Materiałem roślinnym do wytworzenia linii DH było 165 mieszańców pszenżyta. Materiały wysiano w 4 powtórzeniach obejmujących 1 powtórzenie kontrolne i 3 powtórzenia zakażane w układzie losowanych bloków. Poletka inokulowano trzykrotnie w ciągu sezonu zawiesiną zarodników *S. nodorum*. Poletka kontrolne opryskiwane były Tiltiem 250 EC (0,1% s.a. – propikonazol). Parametry oceniane w doświadczeniu to: wczesność kłoszenia roślin, wysokość roślin (cm) oraz pięciokrotnie wielkość porażenia w skali od 1 do 9 (1 = podatność, 9 = odporność).

Wyniki fenotypowej analizy odporności genotypów pszenżyta w doświadczeniu wstępnym:

Zakres terminów kłoszenia roślin poszczególnych linii wahał się od 146,0 do 153,0 dni, przy wartości średniej 148,8 dni. Wysokość roślin badanych obiektów wynosiła przeciętnie od 120,0 cm do 143,0 cm z wartością średnią 131,6 cm. Zakres reakcji na porażenie pszenżyta przez *S. nodorum* dla liści wynosił od 5,1 (skala 1-9) do 6,9 z wartością średnią 6,0 natomiast dla kłosów zamykał się w przedziale od 5,6 do 8,1 ze średnią 7,6. Nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem. Wśród testowanych DH pszenżyta nie stwierdzono linii charakteryzujących się wyższą odpornością liści na *S. nodorum* od stosunkowo odpornej odmiany wzorcowej Moderato. Trzy obiekty charakteryzowały się taką samą odpornością plew, jak Moderato. Istotność współczynników korelacji wskazuje, że odporność liści badanych obiektów w doświadczeniu wstępnym jest skorelowana z wysokością rośliny.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pszenżyta drugiego roku doświadczenia:

Nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1) zarówno w przypadku liści jak i kłosów. Jedynie 2 linie DH były istotnie, ale nieznacznie, odporniejsze liście od wzorca Moderato. Wyższą odpornością plew na

S. nodorum od wzorca Moderato charakteryzowała się 1 linia DH.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pszenżyta trzeciego roku doświadczenia:

Nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1), zarówno w przypadku liści jak i kłosów. Trzy linie charakteryzowały się taką samą odpornością liści na *S. nodorum* jak wzorcowa odmiana Moderato. Siedem linii DH wykazało taką samą odporność plew jak odmiana wzorcowa.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii pszenżyta krótkosłomego:

Żadna z 11 przebadanych linii nie charakteryzowała się wyższą odpornością liści i kłosów na *S. nodorum* od wzorca Moderato. Odporność liści była skorelowana z wysokością rośliny – im wyższe rośliny tym wyższa odporność.

Wnioski

1) Uzyskanie linii pszenżyta ozimego odporniejszego na *S. nodorum* od obecnej odmiany wzorcowej Moderato jest zadaniem bardzo trudnym, szczególnie w prowadzonej tradycyjnie hodowli rekombinacyjnej.

2) Wprowadzenie techniki podwojonych haploidów zwiększa zmienność genetyczną, a tym samym zwiększa szanse uzyskania linii o wyższej odporności na *S. nodorum*.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 28.

Tytuł projektu: Badanie odporności genotypów pszenżyta na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn fuzaryjnych w ziarnie.

Kierownik projektu: Dr T. Góral

Badano odporność na fuzariozę kłosów 55 genotypów pszenżyta ozimego o zróżnicowanym podłożu genetycznym. Obiekty wysiane zostały w doświadczeniu polowym w Radzikowie. Materiałem infekcyjnym była mieszanina 3 izolatów *Fusarium culmorum*, wytwarzających deoksynivalenol, niwalenol oraz zearalenon. Kłosa pszenżyta inokulowane były w stadium pełni kwitnienia przez oprysk zawiesiną zarodników. Przeprowadzono ocenę porażenia kłosa w skali procentowej. Po zbiorze kłosów oznaczono redukcję składników struktury plonu (MTZ, HCTL = masa hektolitra, LZK, MZK = liczba i masa ziarniaków w kłosie) w porównaniu z kombinacją kontrolną oraz stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*. W ziarnie 24 genotypów pszenżyta ozimego badano zawartość mikotoksyn: deoksynivalenolu (DON) i niwalenolu (NIV). Genotypy wybrano do analiz na podstawie niskiego porażenia kłosa i uszkodzenia ziarniaków oraz dodatkowo wysokiego plonowania i innych korzystnych cech agronomicznych. Zastosowano technikę wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC), z detekcją UV.

Średnie nasilenie fuzariozy kłosów badanych genotypów pszenżyta ozimego było bardzo niskie i wynosiło 3,3%. Zakres reakcji mieścił się w granicach od 0 do 13,3%. Średnie uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* było również niskie i wyniosło 2,1%. Zakres reakcji mieścił się w granicach od 0,1 do 6,6%. Mimo słabych objawów porażenia kłosa większość genotypów wykazała redukcję plonu ziarna. Średnie redukcje komponentów plonu (kolejno MTZ, HCTL, LZK, MZK) wyniosły 6,9; 2,7; 17,5 i 19,8%. Zakres redukcji zawierał się w przedziałach: 0-22,5% dla MTZ, 0-7,7% dla HCTL, 0-39,9% dla LZK i 0-43,3% dla MZK. Brakiem redukcji lub bardzo niską redukcją plonu z kłosa charakteryzowało się 10 genotypów. Pozostałe wykazały redukcję plonu wynikającą głównie z redukcji liczby ziarniaków w kłosie i w pewnym stopniu z redukcji MTZ. Silna redukcja LZK mogła wynikać z zahamowania rozwoju ziarniaków spowodowanego infekcją *Fusarium*. Na skutek niekorzystnych warunków pogodowych nie nastąpił dalszy rozwój choroby i nie wystąpiły objawy porażenia kłosa. Zjawisko to wymaga dalszych badań. Nie stwierdzono korelacji fuzariozy kłosów z stopniem uszkodzenia ziarniaków. Nasilenie choroby na kłosie oraz stopień uszkodzenia ziarniaków słabo korelowały z redukcjami komponentów plonu. Współczynniki były nieistotne lub nawet ujemne. Jedynie dla porażenia kłosa i redukcji MTZ obserwowano istotny dodatni współczynnik korelacji.

W ziarnie wybranych genotypów pszenżyta ozimego stwierdzono zawartość DON i NIV. Średnia zawartość DON wyniosła 0,92 mg/kg, zakres zmienności cechy od 0,25 do 2,98 mg/kg. Średnia

zawartość NIV wyniosła 0,37 mg/kg, zakres zmienności cechy od 0 do 1,62 mg/kg. Zawartość DON w ziarnie była dość wysoka, biorąc pod uwagę stopień uszkodzenia ziarniaków. U 6 genotypów przewyższała dopuszczalny poziom (1,25 mg/kg). Niska była natomiast zawartość NIV. W badanych próbach przeciętnie występowało trzykrotnie więcej DON niż NIV. Wyniki wskazują na wyraźną zależność odporności genotypu na akumulację mikotoksyn od jego pochodzenia. Współczynniki korelacji nasilenia fuzariozy kłosów z zawartością DON i NIV były nieistotne statystycznie. Istotne natomiast były współczynniki korelacji uszkodzenia ziarniaków z zawartością DON i NIV. Dużo wyższy współczynnik odnotowano dla zawartości DON. Od zależności odbiegały genotypy akumulujące więcej DON lub NIV niż wynikałoby to z zależności liniowej.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 30. 4-1-03-1-01

Tytuł projektu: Badania zdolności dopełniania męskiej sterility i przywracania płodności pyłku w systemie CMS – *T. timopheevi* przez genotypy pszenżyta (*Triticum secale* Wittmak).

Kierownik projektu: Dr R. Warzecha

Celem badań jest identyfikacja genotypów dopełniających męską sterility i przywracających płodność pyłku w systemie męskiej sterility pszenżyta CMS – *T. timopheevi*.

W 2008 roku prace badawcze obejmowały analizę płodności pyłku mieszańców w pokoleniach F₁, BC₁ i BC₂, wytworzonych w wyniku krzyżowania linii męskosterylnej z genotypami heksaploidalnego pszenżyta ozimego.

W wyniku analizy płodności 86 mieszańców pokolenia F₁ zidentyfikowano 3 genotypy pszenżyta całkowicie dopełniające męską sterility: HT620, HT636 i LT169. Ich mieszańce F₁ z linią męskosterylną składały się wyłącznie z roślin męskosterylnych (MS). Ponadto 14 genotypów dopełniało częściowo męską sterility, gdyż w potomstwie F₁ tych genotypów poza roślinami męskosterylnymi wystąpiły rośliny częściowo męskosterylne (PMS). 9 genotypów ojcowskich częściowo przywracało płodność pyłku, gdyż ich potomstwa F₁ składały się z roślin męskosterylnych (MS), częściowo męskosterylnych (PMS) i roślin męskopłodnych (MF).

60 genotypów przywracało płodność pyłku. Mieszańce F₁ tych genotypów z linią męskosterylną składały się wyłącznie z roślin męskopłodnych (MF) Stopień przywracania płodności przez te genotypy, mierzony osadzaniem ziarniaków, był zróżnicowany.

Analiza płodności pyłku 44 mieszańców w pokoleniu BC₁ wykazała, że 7 sublinii pochodzących z 4 genotypów ojcowskich potwierdziło zdolność dopełniania męskiej sterility: HT 563 HT, HT 564, HT 565 i HT 567. 10 sublinii pszenżyta pochodzących z 7 genotypów charakteryzowało się zdolnością do częściowego dopełniania męskiej sterility.

Pozostałe genotypy ojcowskie nie były ustabilizowane pod względem dopełniania męskiej sterility gdyż w ich potomstwie BC₁ stwierdzono obecność zarówno roślin częściowo płodnych jak i męskopłodnych.

Analiza 111 mieszańców pokolenia BC₂ umożliwiła potwierdzenie zdolności dopełniania męskiej sterility przez 79 sublinii pochodzących z 16 genotypów pszenżyta.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 32.

Tytuł projektu: Określenie cech warunkujących odporność na porastanie materiałów mieszańcowych i linii DH pszenżyta.

Kierownik projektu: Dr M. Gut

Celem podjętych badań było określenie czynników w sposób istotny wpływających na odporność (lub jej brak) rodów i linii pszenżyta na porastanie. Starano się także sprawdzić przydatność takich wskaźników jak testy kiełkowania czy liczba opadania w ocenie odporności na porastanie. Materiał badawczy stanowiły rody i linie pszenżyta ozimego. Badano trzy zestawy rodów: rody z doświadczeń wstępnych – testowane w dwóch punktach badawczych, inne materiały - testowane w jednym punkcie oraz 23 rody wybrane losowo z tych zestawów - testowane we wszystkich trzech punktach.

Oznaczano odporność na porastanie w kłosach metodą bonitacyjną oraz poprzez określenie procentu porośniętych ziaren w badanej próbie, przy czym procentowe oznaczenie ziaren skielkowanych w kłosie oznaczano w trzech terminach – bezpośrednio po zbiorze oraz po upływie 2 tygodni i miesiąca od żniw. Bezpośrednio po zbiorze oraz po upływie 2 tygodni przeprowadzono testy kiełkowania, a liczbę opadania oznaczano równoległe z trzecim terminem oceny porastania w kłosach. We wszystkich zestawach stwierdzono znaczne zróżnicowanie badanych form pod względem wszystkich analizowanych cech. Oceny porastania w trzech terminach oraz dwukrotne testy kiełkowania pozwoliły stwierdzić, że okres spoczynku badanych rodów i linii był na ogół dość krótki. Tylko nieliczne formy odznaczały się długotrwałym głębokim spoczynkiem

Intensywne kiełkowanie ziarniaków na szalkach obserwowane u większości badanych form Porównanie liczby form odpornych w ocenie porastania w kłosach z testami kiełkowania potwierdza znaczący wpływ właściwości fizyko-chemicznych kłosa na ekspresję odporności.

Celem porównania wyników uzyskiwanych różnymi metodami i w różnych miejscowościach, wybraną losowo grupę 23 obiektów, badano w trzech środowiskach. Stwierdzono znaczne zróżnicowanie wybranych form, porównywalne z obserwowanym w pozostałych badanych zestawach rodów. Zbliżone były również średnie i współczynniki zmienności a współczynniki korelacji na ogół wysoce istotne. Z uzyskanych danych wynika, że dużą zbieżność ocen obserwuje się w przypadku testów opartych na kiełkowaniu ziarniaków, natomiast zależności między liczbą opadania a testami porostu bezpośredniego lub kiełkowania były słabo istotne.

Na podstawie przeprowadzonych badań można nie tylko wyodrębnić z badanego zestawu formy najlepsze, ale także ustalić, które cechy i w jakim stopniu zadecydowały o poziomie odporności. Pamiętajć jednak należy iż wszystkie cechy budujące odporność na porastanie są silnie modyfikowane przez czynniki środowiska i dlatego jednoroczna ocena nie jest w pełni miarodajna. Wydaje się, że przynajmniej niektóre z przeprowadzonych testów można będzie stosować zamiennie, lecz z powodu wspomnianych wcześniej oddziaływań środowiska na ekspresję badanych cech konieczne jest dalsze prowadzenie badań.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 34.

Tytuł projektu: Poszukiwanie znaczników molekularnych zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunku pszenżyta (*X Triticosecale Wittmack*).

Kierownik projektu: Dr P. Bednarek

Analiza zróżnicowania genetycznego materiałów roślinnych dostarcza cennej informacji odnośnie dostępnej puli genetycznej i może być wykorzystana między innymi do racjonalizacji doboru materiału roślinnego do krzyżowań oraz do projektowań populacji mapujących czy linii rekombinacyjnych. Informacje uzyskiwane za pomocą analizy hierarchicznej są wręcz nieocenione gdy materiał roślinny jest relatywnie słabo poznany pod względem szerszego spektrum cech, gdy dobór materiału na podstawie fenotypu jest utrudniony. Bez wątplenia metoda ta może być przydatna w przypadku wysoce spokrewnionych materiałów roślinnych, które w wyniku szeregu procesów ewolucyjnych bądź interwencji człowieka doprowadziły do zawężenia zmienności.

Ze względów ekonomicznych do badań taksonomicznych najkorzystniej jest wykorzystywać takie systemy markerowe, które umożliwiają wydajną identyfikację dużej liczby markerów molekularnych w relatywnie krótkim czasie i względnie niskim kosztem. Do takich metod zaliczane są markery AFLP oraz opracowane niedawno markery DArT. Obie metody pozwalają na identyfikację markerów dominujących. Technika AFLP nie wymaga większych inwestycji aparaturowych i z tego względu jest stosowana w badaniach taksonomicznych. Metoda ta okazała się również skuteczna w przypadku różnicowania form pszenżyta ozimego. Problematicznym jednak jest zestawianie danych molekularnych w przypadku konieczności analiz taksonomicznych dla większej liczby form jednocześnie. Tych ograniczeń wydaje się być pozbawiona technologia DArT, która ze względu na dużą informatywność markerów zyskuje coraz większe znaczenie analityczne. Szczególnie dobrze jest to widoczne w przypadku gatunków dla których istnieją odpowiednie sondy DArT. Dostępność znacznej liczby polimorficznych markerów może być wykorzystana do identyfikacji markerów cech np na drodze mapowania asocjatywnego bądź mapowania genetycznego. Należy oczekiwać, że technologia DArT zajmie istotne miejsce w badaniach molekularnych nad roślinami.

Celem niniejszych badań było opracowanie zróżnicowania genetycznego form pszenżyta ozimego w Polsce za pomocą markerów typu DArT; próba identyfikacji markerów sprzężonych (skorelowanych) z genami męskiej sterility pszenżyta na cytoplazmie TT oraz uzyskanie materiałów F1 do wyprowadzenia linii rekombinacyjnych pszenżyta.

Udostępnione do badań formy pszenżyta ozimego wykazywały zróżnicowanie pod względem zdolności do utrzymania sterility pyłku i były reprezentowane zarówno przez formy męskosterylne jak i płodne. Analizy molekularne umożliwiły identyfikację 2334 polimorficznych markerów DArT o wysokiej powtarzalności (1832 było 100% powtarzalnych). Wyłącznie 100% powtarzalne markery przeanalizowano pod kątem potencjalnych sprzężeń, co doprowadziło do redukcji liczby markerów do 1661.

Analiza hierarchiczna udostępnionych do badań form pszenżyta ozimego wykazała, że materiały pochodzące z lokalizacji nr 1 oraz nr 2 różnią się między sobą, przy czym formy pochodzące z lokalizacji 2 jak i lokalizacji 1 wykazują strukturyzację (powstają oddzielne podskupienia).

Na podstawie dostarczonych danych, analiza korelacji kanonicznej ujawniła kilka markerów DArT skorelowanych z daną cechą jednak wartość korelacji kanonicznej była relatywnie niska. Nie jest jasne czy uzyskany wynik jest rezultatem uproszczonego opisu cechy fenotypowej czy też strukturyzacji analizowanych form pszenżyta. Celem wyjaśnienia zaistniałych wątpliwości planowane są dalsze analizy statystyczne z uwzględnieniem struktury populacji.

W ramach niniejszego projektu rozpoczęto również prace nad wyprowadzeniem izogenicznych linii rekombinacyjnych. W wyniku krzyżowania pojedynczych roślin, należących do zaawansowanych linii wsobnych, uzyskano ziarniaki pokolenia F1.

Podsumowanie:

1. Metoda DArT umożliwia uzyskanie dużej liczby wiarygodnych markerów molekularnych,
2. Markery DArT różnicują formy pszenżyta na dwie duże grupy o odrębnej puli genetycznej. Na terenie Polski dostępne są co najmniej dwie relatywnie odrębne pule genetyczne form pszenżyta ozimego.
3. Formy pszenżyta pochodzące z lokalizacji nr 1 tworzą skupienia reprezentowane przez bardziej spokrewnione materiały niż te pochodzące z lokalizacji nr 2. Odrębność poszczególnych podskupień świadczy o zróżnicowaniu puli genetycznej form pszenżyta nawet w obrębie poszczególnych lokalizacji.
4. Konieczne są dalsze analizy statystyczne celem weryfikacji czy wśród markerów DArT występują markery asocjowane ze zdolnością utrzymania sterility pyłku u żyta ozimego na cmsTT.
5. Materiał roślinny użyty do wyprowadzania linii rekombinacyjnych, ze względu na bliskie pokrewieństwo form użytych do krzyżowań powinien być rozbudowany. Koniecznym jest wyprowadzenie takich materiałów, które umożliwiłyby lokalizowanie możliwie szerokiego spektrum genów odpowiedzialnych za ekspresję cech fenotypowych celem ich mapowania genetycznego a następnie analizy ich wpływu na funkcjonowanie roślin.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 35.

Tytuł projektu: Podwojone haploidy źródłem zmienności roślin tolerujących stresy biotyczne i abiotyczne pod kątem ich wykorzystania w rolnictwie zrównoważonym i rolnictwie ekologicznym.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. J. Zimny

Celem projektu jest przyspieszenie uzyskania materiałów hodowlanych pszenżyta (linii DH), charakteryzujących się odpornością lub tolerujących szkodliwe abiotyczne/biotyczne czynniki środowiskowe, wartościowych dla rolnictwa zrównoważonego i ekologicznego. Celem prowadzonych badań w roku sprawozdawczym było uzyskanie czystych linii – roślin homozygotycznych pszenżyta. Do badań wykorzystano materiał roślinny pochodzący z krzyżówki Presto (Danko HR Choryń) x Mungis (KWS Lochow).

Chłodzenie kłosów przez ok. 2-3 tyg. w temp. 4°C wpłynęło pozytywnie na indukcję procesu androgenez. Tworzenie się kalusa i pierwszych zarodków obserwowano po ok. 6-8 tygodniach od wyłożenia pylników na pożywkę indukującą. Część struktur zarodkopodobnych (o średnicy powyżej

ok. 1 mm) sukcesywnie przenoszonych na pożywkę regeneracyjną kiełkowała. Zregenerowane roślinki na pożywce regeneracyjnej uzupełnionej regulatorami wzrostu rozwijały system korzeniowy. Uzyskano stosunkowo duże ilości androgenicznych struktur (30-40 struktur/kłosa) w odniesieniu do liczby zregenerowanych roślin. Otrzymane roślinki przenoszono do doniczek z ziemią, adaptowano w fitotronie do warunków *in vivo* i jarowizowano. Zjarowizowane rośliny uprawiano w szklarni do fazy pełnej dojrzałości. Z płodnych, izolowanych roślin zebrano ziarniaki. Regeneranty (w tym wszystkie płodne) przeanalizowano przy pomocy cytometru przepływowego w celu określenia stopnia ploidalności i wykluczenia roślin innych niż DH.

W wyniku przeprowadzonych badań zregenerowano w sumie 1200 zielonych roślin. Ukorzenione rośliny uzyskano z 47 kłosów (52 %). Liczba zregenerowanych zielonych roślin w przeliczeniu na kłosa wahała się od 1 do 22 (śr. 5 z każdego kompetentnego kłosa). Regeneranty płodne stanowiły 19,5%, wśród których było 88,5% form ze spontanicznie podwojoną liczbą chromosomów. Rośliny te swoją budową morfologiczną nie odbiegały od roślin rodzicielskich. Analiza cytometryczna płodnych roślin wskazała również na obecność roślin aneuploidalnych (11,5%). Analiza cytometryczna części losowo wybranych regenerantów całkowicie sterylnych wykazała, że w większości są one haploidami (pojawiały się również formy aneuploidalne). Regeneranty haploidalne w porównaniu z podwojonymi haploidami miały osłabiony wigor, a ich fenotyp można było łatwo odróżnić ponieważ były niższe, miały drobniejsze liście, skrócone międzywęzła oraz cienkie kłosa.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 39.

Tytuł projektu: Badania nad współdziałaniem wysokiej wartości cech użytkowych z odpornością na stresy biotyczne i abiotyczne u jęczmienia ozimego.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. H.J. Czembor

Przeprowadzono badania nad przeniesieniem genu *mlo* z form jarych do ozimych, opracowaniem technologii jego wprowadzania z wykorzystaniem markerów molekularnych oraz oszacowania interakcji genu *mlo* w genomie form ozimych z różnymi warunkami środowiska w Polsce.

W rozpoczętych badaniach wykorzystano populacje mieszańcowe powstałe ze skrzyżowania odmian ozimych jęczmienia o wysokiej wartości gospodarczej lecz podatnych na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) z odmianami jęczmienia jarego, donorami recesywnego genu *mlo*, warunkującego wysoką odporność na populację mączniaka w Europie.

Na podstawie wyników obserwacji w szkółce polowej wybrano rośliny odporne na mączniaka do oceny fenotypowej w warunkach kontrolowanych na zakażenie wirulentnym izolatem 63 *B. graminis* i potwierdzenia markerami molekularnymi specyficznymi dla genu *mlo* wyników fenotypowania na odporność typu *Mlo*.

Wśród ocenianych 1181 potomstw pojedynków, 319 charakteryzowało się homozygotyczną odpornością typu *Mlo*. W 99,4% przypadków potwierdzono związek specyficznych markerów z genem *mlo* w badanym materiale. Do dalszych badań wybrano 239 linii.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 41.

Tytuł projektu: Piramidyzacja genów odporności na stresy biotyczne (choroby wirusowe) i abiotyczne (mrozoodporność) u jęczmienia ozimego.

Kierownik projektu: Dr M. Gut

Celem realizowanych prac była charakterystyka form jęczmienia ozimego pod kątem mrozoodporności oraz obecności genów *rym4*, *rym11* i *rym9* odporności na wirusy odglebowe żółtej i łagodnej mozaiki jęczmienia oraz zmienności w rejonach warunkujących podwyższoną mrozoodporność.

Mimo wysokiej średniej mrozoodporności (71,1%) stwierdzono zróżnicowanie badanych form pod względem tej cechy. Zakres zmienności wahał się bowiem od 48,9 do 91%, a współczynnik zmienności CV% wynosił 15,7 %. Uzyskane zróżnicowanie pozwoliło podzielić badane rody na

odporne, średnio odporne oraz wrażliwe na mróz. Za odporne uznano formy odznaczające się mrozoodpornością wyższą od 75%, rody przeżywające w zakresie 75-60 % uznano za średnio odporne. Obiekty o przeżywalności mniejszej od 60 % zaliczono do wrażliwych. Dla porównania dodać należy iż w tych samych warunkach pszenica odmiany Emika przeżywała średnio w 93,6%. Wśród 39 badanych form odpornością na mróz odznaczało się 14 rodów, do grupy wrażliwych zaś zaliczono zaledwie 6.

Nie stwierdzono obecności genu *rym9* w badanych genotypach jęczmienia ozimego. Gen *rym4* występował w 43 genotypach jęczmienia wielorzędowego (79,6%) i w 28 rodach jęczmienia dwurzędowego (77,8%). W grupie genotypów jęczmienia wielorzędowego rody heterozygotyczne pod względem genu *rym4* stanowiły 14,8% (8 rodów) natomiast u dwurzędowego 8,3% (3 rody).

O obecności genu *rym11* wnioskowano na podstawie równoczesnej obecności alleli *Bmac181₁₇₉* i *Bmag353₁₂₀* obecnych u odmiany referencyjnej 'Russia' z genem *rym11*. Gen *rym11* występował u 32 jęczmienia wielorzędowego i w 15 rodach jęczmienia dwurzędowego, heterozygoty stanowiły odpowiednio 26% (14 rodów) i 30% (11 rodów).

W wyniku badań nad uwarunkowaniami genetycznymi mrozoodporności zidentyfikowano szereg markerów, związanych z przeżywalnością roślin w testach polowych, odzwierciedlających różne komponenty zimotrwałości jak odporność na pleśń śniegową, zmienne wymogi wernalizacyjne, oraz parametry aklimatyzacji aparatu fotosyntetycznego do niskich temperatur. W roku 2008 materiały hodowlane przetestowano pod kątem 5 markerów z 3 rejonów chromosomu 5H, tj. *Bmag812* i *Bmag233* (bin9), *Xmwig514* i *Xmwig914* (bin10), oraz *HvBM5* (bin11). Na podstawie łącznej wartości efektów związanych z występowaniem odpowiednich alleli w testowanych loci stwierdzono, że spośród genotypów jęczmienia ozimego dwurzędowego 3 rody zawierają komplet korzystnych loci. Podobnie komplet korzystnych alleli stwierdzono w 5 rodach jęczmienia wielorzędowego. Przeprowadzone badania pozwoliły na wybranie rodów mrozoodpornych a także form o zestawie korzystnych alleli, co umożliwi planowe krzyżowanie rodów w celu uzyskania pełnego zestawu korzystnych alleli.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 42.

Tytuł projektu: Określenie interakcji między odpornością na stresy biotyczne a cechami wartości gospodarczej jęczmienia jarego.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. H.J. Czembor

Prowadzono badania nad wprowadzeniem i wpływem wprowadzenia nowych genów z linii odpornych na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) i rdzę karłową (*Puccinia hordei*) do form jęczmienia dobrze adaptowanego do polskich warunków środowiska oraz określenie ekspresji przeniesionych genów pod względem reakcji na miejscową populację mączniaka i rdzy karłowej.

W badaniach wykorzystano wcześniej wytworzone w Pracowni Genetyki Stosowanej linie jęczmienia jarego wyprowadzone z populacji mieszańcowych powstałych ze skrzyżowania linii odpornych na rdzę karłową lub mączniaka prawdziwego i krzyżowań zbieżnych oraz wypierających.

Po selekcji 301 linii w warunkach polowych na cechy wartości gospodarczej i oceny odporności na izolaty różnicujące *B. graminis* i *P. hordei* w warunkach kontrolowanych do dalszych badań wybrano 32 linie. Wykonano kolejny cykl krzyżowań wypierających z odmianami o wysokiej wartości gospodarczej, lecz podatnymi na mączniaka i rdzę karłową.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 43.

Tytuł projektu: Opracowanie i wdrożenie szybkiej metody do oznaczania wartości browarnej jęczmienia poprzez zastosowanie spektroskopii bliskiej podczerwieni.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. D. Boros

Wytworzenie ziarna jęczmienia o wysokiej wartości browarnej wymaga intensywnej selekcji materiału hodowlanego już we wczesnych etapach hodowli. Możliwość prognozowania jakości browarnej jęczmienia bezpośrednio z próbek ziarna stosując szybkie metody przesiewowe na

podstawie analiz spektroskopii bliskiej podczerwieni byłaby ważnym narzędziem pracy dla genetyków i hodowców. Brak odpowiednich krzywych kalibracyjnych nie pozwala obecnie na wykorzystanie tych technik do oceny przydatności jęczmienia do produkcji słodu w Polsce.

Celem prac jest zbadanie możliwości opracowania metody przesiewowej oznaczania wartości browarnej jęczmienia przy użyciu spektroskopii bliskiej podczerwieni typu odbiciowego (NIR) bądź transmisyjnego (NIT). Prace te wiążą się z zeskanowaniem na aparacie odpowiednio NIRS 6500 oraz Infratec 1241 jak największej reprezentatywnej liczby prób ziarna jęczmienia, a następnie porównanie uzyskanych widm dla tych prób z wartością cech warunkujących przydatność ich do słodowania. Materiałem inicjującym badania było 161 prób ziarna odmian i rodów jęczmienia browarnego ze zbioru 2007 roku z 3 różnych warunków uprawy. Badania oceny browarnej prowadzono zgodnie z Polską Normą i metodyką EBC, zaś analizy chemiczne wykonano uznanymi metodami standardowymi wg AACC (2000) oraz metodami opracowanymi w Samodzielnej Pracowni Oceny Jakości Produktów roślinnych. Kryteriami oceny jakości browarnej były: w ziarnie - MTZ, celność, lepkość ekstraktu ziarna; w słodzie - kruchość, zawartość białka ogółem i rozpuszczalnego, liczba Kolbacha, siła diastatyczna; w brzeczce kongresowej - ekstraktywność, lepkość, stopień odfermentowania i zawartość β -glukanu.

Analizowane próby ziarna reprezentowały wąski zakres zmienności w/w cech jakości, stąd nie udało się utworzyć na bazie otrzymanych wyników zadowalających krzywych kalibracji dla żadnego z analizowanych kryteriów jakości browarnej. Najlepsze parametry kalibracji, tak jak się spodziewano uzyskano dla zawartości białka ogółem i rozpuszczalnego w słodzie, ale także dla stopnia ekstraktywności, jednakże współczynniki korelacji kalibracji są nadal niskie ($r = 0.80$) i wymagają dalszego ulepszania. Z tego względu do dalszych badań będziemy starali się pozyskać zestaw kalibracyjny linii i odmian reprezentujących całą istniejącą zmienność jakości ziarna jęczmienia od form typowo pastewnych do form najlepszych pod względem jakości słodu i brzeczki.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 44.

Tytuł projektu: Poszukiwanie nowych źródeł odporności jęczmienia jarego na patogeniczne grzyby.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. J. Czembor

Prowadzono badania nad reakcją 253 linii odpornych w warunkach polowych na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) i rdzę karłową (*Puccinia hordei*). Na podstawie oceny cech wartości gospodarczej (w porównaniu do odmian wzorcowych) do dalszych badań wybrano 43linie. Odmiany rodzicielskie: Berras, Nuevo, Johan i Brenda wniosły do linii odporność na mączniaka typu Mlo; odporność odmian: Sebastian i Marnie jest typu „slow rusting”, co przejawiało się słabym porażeniem roślin w stadium rośliny dorosłej.

W celu określenia uwarunkowania genetycznego odporności 8 linii wyselekcjonowanych we wcześniejszych badaniach, wykonano krzyżowania badanych linii z podatną odmianą Manchurian CI 3220. Potomstwo F_1 i F_2 pozwoli na określenie sposobu dziedziczenia odporności badanych linii. Wyniki reakcji potomstwa F_2 badanych linii skrzyżowanych z liniami izogenicznymi, na zakażenie izolatem awirulentnym do obu rodziców umożliwią określenie relacji między znanymi genami a genami odporności w badanych liniach.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 46.

Tytuł projektu: Poszukiwanie form owsa o wysokich wartościach żywieniowych.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. D. Boros

Głównym celem projektu jest poszukiwanie form owsa charakteryzującego się wysoką wartością żywieniową. Badania były prowadzone zarówno na ziarnie oplewionym jak i obłuszczone, co dało możliwość wskazania odmian najbardziej przydatnych w żywieniu zwierząt, ale także odmian o wysokich walorach odżywczych, które należy promować w produkcji wyrobów zbożowych na rynek spożywczy. Materiałem do badań było ziarno 32 odmian owsa, w tym 20 odmian

i 9 rodów pochodzących z warunków uprawy w trzech różnych miejscowościach. Odmianą referencyjną była odmiana Krezus. W otrzymanym ziarnie wykonano oznaczenia masy tysiąca ziaren i masy objętościowej i energii brutto, podczas gdy ziarno oplewione jak i pozbawione plewki analizowano na zawartość suchej masy, białka, popiołu; lipidów ogółem, skrobi strawnej, włókna pokarmowego, ligniny Klasona i cukrów wolnych oraz oznaczono lepkość ekstraktu wodnego i kwaśnego ziarna. Ziarno obłuszczone było dodatkowo poddane analizie na zawartość nieskrobiowych polisacharydów, β -glukanów, i składu aminokwasowego białka. Wszystkie analizy chemiczne wykonano uznanymi metodami standardowymi zalecanymi przez AACC (2000).

Biorąc pod uwagę wyróżniki jakości pastewnej takie jak wysoką zawartość energii brutto i skrobi strawnej, a niską β -glukanów i niską lepkość ekstraktu ziarna odmianami najbardziej przydatnymi do produkcji pasz są: Koneser, Sławko, Sam oraz linie STH 7705, STH F7130 i CHD 1375/00, a przede wszystkim naga forma owsa - Polar.

Pod względem walorów odżywczych i prozdrowotnych ziarno owsa należy do jednych z najcenniejszych pośród innych gatunków zbóż. Surowcem do produkcji żywności jest bezpośrednio ziarno form nagich lub w przypadku odmian tradycyjnych ziarno obłuszczone, stąd badania wykonaliśmy równoległe na tak przygotowanym materiale. Ponieważ ziarno do badań pochodziło z trzech różnych warunków uprawy, a wyniki uzyskane dla kontrolnej odmiany Krezus wskazują na wpływ środowiska na wartość badanych cech, nie możemy przedstawić rankingu odmian najbardziej polecanych do produkcji żywności, a tylko możemy wskazać najbardziej cenne z każdej z tych miejscowości. Taką ocenę będziemy w stanie wykonać w roku przyszłym. Wyniki naszych badań wykazały, iż odmiany najbardziej polecane do produkcji żywności to Celer, Kasztan z Polanowic; Furman, Cwał, Rajtar, Breton z Choryni; Szakal i przede wszystkim Polar ze Strzelc. Ogólnie, odmiany te charakteryzowały się znacznie wyższą od wartości średniej zawartością błonnika pokarmowego (>12.9%), a w nim rozpuszczalnych β -glukanów (>2.7%), oraz wyższą lepkością ekstraktu ziarna (>2.9 mP.s).

Badania kompleksowe wykonywane zarówno na ziarnie oplewionym jak i obłuszczone. pozwalają na wskazanie odmian najbardziej przydatnych do produkcji pasz jak i tych polecanych do wykorzystania w przemyśle spożywczym. Wyniki badań umożliwią także wskazanie składników ziarna oplewionego mających największy wpływ na parametry jakości zbożowych produktów owsianych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 48. 4-1-05-4-01

Tytuł projektu: Badania nad skracaniem cyklu hodowlanego i wyrównaniem materiału hodowlanego przez haploidyzację na drodze androgenezy owsa.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. J. Zimny

Owies jest uważany za bardzo trudny obiekt do regeneracji roślin z mikrospor. Dlatego celem pracy jest znalezienie czynników decydujących o wydajności procesu androgenezy i opracowanie wydajnej metody otrzymywania linii DH.

W roku bieżącym do badań wykorzystano materiał roślinny pochodzący z kolekcji owsa zgromadzonej w Centrum Zasobów Genowych IHAR. Rośliny były uprawiane w polu.

Do kultur pylnikowych pobierano ścięte pędy z wiechami w początkowej fazie kłoszenia i przechowywano w chłodni (4°C) przez 2-3 tygodnie. Izolowane pylniki umieszczano na zmodyfikowanej pożywce indukującej 190-2 (Zhuang i Xu 1983) uzupełnionej glutaminą (3mM), maltozą (0,25M) oraz regulatorami wzrostu: 2,4-D (9 μ M) i kinetyną (2,3 μ M). Szalki z pylnikami inkubowano w ciemności w temp. 26°C.

Tworzenie się kalusa obserwowano po ok. 6-8 tygodniach od wyłożenia pylników na pożywkę indukującą. Kalus obserwowano tylko u 3 z 11 badanych genotypów. Kalus ten przenoszono na pożywkę regenerującą jednak mimo prowadzenia kultur w sprawdzonych dla owsa warunkach, nie udało się zregenerować żadnej rośliny.

W bieżącym roku prowadzono uprawę i doprowadzono do dojrzałości rośliny owsa zregenerowane w kulturach pylnikowych krzyżówek owsa. Uzyskano 2749 nasion z 57 roślin Chwat x Fl.stern oraz 442 nasiona z 28 roślin z krzyżówki Senator x Chwat.

Niektóre genotypy podwajają chromosomy spontanicznie w 100% (Rajtar x Chwat) podczas gdy inne zupełnie nie podwajają (Bohun x Chwat).

Ze względu na uzyskanie ciekawych wyników wstępnych dotyczących kolchicynowania regenerantów, które świadczą o zróżnicowanej reakcji poszczególnych genotypów na ten zabieg, postulujemy przeprowadzenie doświadczeń, których pozwolą ustalić strategię podwajania liczby chromosomów u regenerantów owsa. W międzyczasie uzyskaliśmy nasiona krzyżówek owsa przeznaczonych do dalszych badań. Zostały one wysiane i są uprawiane w kontrolowanych warunkach w fitotronie, w temperaturze 12°C/16°C (dzień/noc), przy 16 godz. oświetleniu 240 μ E s-1m-2 i 8 godz. ciemności.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 50.

Tytuł projektu: Introgresja genów warunkujących odporność na choroby z dzikiego gatunku *Avena macrostachya* do owsa uprawnego.

Kierownik projektu: Dr B. Łapiński

Endemiczny gatunek trwałego owsa *Avena macrostachya* ze strefy tundry gór Atlasu jest znanym potencjalnym źródłem wielu cech odpornościowych dla heksaploidalnego owsa uprawnego. W ubiegłych latach uzyskano serię mieszańców z tym gatunkiem, w tym alloplidy pełne (10x) i oktoploidy (8x). Prowadzone są dalsze krzyżowania tych form z owsem uprawnym w celu odseparowania odporności na choroby od niekorzystnych cech dzikiego gatunku (ciągły wzrost, zbyt długa słoma, wysoki udział łuski w plonie, skłonność ziarna do osypywania się). W roku 2008 wykonano 16 nowych krzyżowań zmniejszających udział genów formy dzikiej oraz rozmnożono 5 mieszańców F1 z podobnych krzyżowań z roku ubiegłego. Szkołka linii i ramszów z dalszych pokoleń liczyła ponad 320 obiektów. Zebrano 380 linii i pojedynczych roślin w celu utrzymania linii istniejących i wyprowadzenia nowych. Grupę wybranych 100 linii poddano dokładniejszej ocenie w specjalnych szkółkach obserwacyjnych w pięciu miejscowościach, w celu ustalenia, które choroby mogą być zwalczane przy pomocy introgresji genów z *A. macrostachya* i które linie będą najbardziej użyteczne do dalszych prac. Mieszańce miały podwyższoną odporność na rdzę żdźbłową, mączniaka i choroby wywołujące plamistości i zamieranie liści., natomiast nie stwarzały perspektyw jako źródło odporności na wirusy żółtej karłowatości jęczmienia. Cechy odpornościowe nie były trwale związane z negatywnymi cechami dzikiego gatunku, jednak pojawiły się problemy z wtórnym odrostem przed zniwami i osypywaniem ziarna. Kontynuowano prace genetyczno-molekularne (metodą AFLP) mające udowodnić związek obserwowanych odporności z genami *A. macrostachya* i dostarczyć markerów DNA przydatnych do selekcji.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 52.

Tytuł projektu: Poszukiwanie źródeł odporności na rdzę koronową (*Puccinia coronata*) i mączniaka (*Blumeria graminis* sp.) u owsa.

Kierownik projektu: Dr A. Strzembicka

Celem pracy było wytypowanie źródeł odporności na rdzę koronową *Puccinia coronata* i mączniaka prawdziwego *Blumeria graminis* f.sp. *avenae* spośród perspektywicznych form i różnych genotypów owsa. Przedmiotem badań były formy owsa z doświadczeń wstępnych, przedwstępnych, wstępnych nagoziarnistych oraz formy pochodzące z 3-ch różnych rejonów uprawy. Ogółem w badaniach brało udział 220 genotypów owsa.

Przygotowano i rozmnożono materiał infekcyjny grzyba *P. coronata* sprawcy rdzy koronowej owsa. Inokulat do zakażeń stanowiła populacja izolatów wyodrębnionych z próbek porażonych liści owsa zebranych w pięciu różnych środowiskach. Przeprowadzono ocenę wymienionych genotypów owsa w stadium siewek pod względem odporności na populację *P. coronata*. Ocenę prowadzono według skali gdzie: 0,1,2 – rośliny odporne, 3-4 - rośliny wrażliwe.

Wymieniony wyżej materiał badawczy wysiano wiosną 2008 roku w formie szkółek w czterech punktach badawczych. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono w trzech miejscowościach, w polu

sztuczną inokulację rdzą koronową roślin badanych genotypów owsa. Rośliny inokulowano przez oprysk zawiesiną uredospor populacją *P. coronata* (z dodatkiem Tween 20) w stadium przed kłoszeniem. Przeprowadzono obserwacje porażenia rdzą koronową w tych miejscowościach, oraz w czwartym punkcie w warunkach naturalnej infekcji. Materiał badawczy został także oceniony pod względem reakcji na porażenie mączniakiem *B. graminis* w polu w warunkach naturalnej infekcji. Ocenę porażenia form owsa w stadium rośliny dorosłej obydwoma patogenami prowadzono w skali 9-1 – gdzie 9 - wysoce odporny, 1- wysoce wrażliwy. Wyniki oceny 220 genotypów owsa pod względem odporności w stadium siewek na populację *P. coronata* wskazują na znaczną wrażliwość ocenianych form na tego patogena, zaledwie 10 (4,5%) genotypów odznaczało się wysoką odpornością w tej fazie rozwoju. W stadium rośliny dorosłej wysoką odpornością na rdzę koronową charakteryzowały się 24 (ok. 11%) genotypy owsa spośród 220 badanych.

Analizując wyniki oceny form owsa pod względem odporności na mączniaka *B. graminis* w stadium rośliny dorosłej można zauważyć, że zaledwie 20 form (9%) spośród 220 badanych odznaczało się wysoką odpornością na tego patogena w dwóch punktach badawczych, gdzie w dużym nasileniu wystąpił mączniak. Odmiany wzorce i odmiany kontrolne: Deresz, Koneser, Polar i Jawor wykazały wrażliwość na mączniaka (podobnie na rdzę koronową) z wyjątkiem odmiany Krezus.

Wyniki badań pozwoliły na wytypowanie 24 form owsa o wysokiej odporności w stadium rośliny dorosłej na rdzę *P. coronata* i 20 form o wysokiej odporności w stadium rośliny dorosłej na mączniaka *B. graminis*. W grupie badanych genotypów wyodrębniono 6 form odpornych na rdzę brunatną w obu fazach rozwoju.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 54.

Tytuł projektu: Poszerzanie zmienności zawartości kwasów tłuszczowych, tłuszczu i glukozyolanów u rzepaku ozimego za pomocą metod rekombinacyjnych i biotechnologicznych.

Kierownik projektu: Dr S. Spasibonek

W celu zwiększenia wartości użytkowej nasion rzepaku i uzyskiwanej z nich śruty poekstrakcyjnej kontynuowane są prace nad dalszym obniżaniem zawartości glukozyolanów (poniżej $5 \mu\text{M/g}^{-1}$ nasion) oraz podnoszeniem zawartości tłuszczu (powyżej 49%).

W wyniku dotąd prowadzonych prac wykorzystując mutagenzę i metodę rekombinacyjną w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu uzyskano kolekcję linii wsobnych mutantów, rekombinantów oraz linii podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego o ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów (poniżej $5 \mu\text{M/g}^{-1}$ nasion), oraz kolekcję linii o zróżnicowanej zawartości kwasów tłuszczowych: linie o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (średnio 78%) i obniżonej zawartości sumy kwasów wielonienasyconych (linolowego i linolenowego) (średnio do 12%) oraz o wysokiej zawartości kwasu linolowego (średnio 26%) i o ekstremalnie niskiej zawartości kwasu linolenowego (średnio 2,0%). Posiadana kolekcja genotypów stanowi ważne źródło zmienności genetycznej, które będzie można wykorzystać do badań genetycznych określających sposób działania genów odpowiedzialnych za gromadzenie się w oleju nasion zawartości tłuszczu oraz zawartości kwasu oleinowego, linolowego i linolenowego. Ważnym elementem tych badań będzie również określenie wpływu zróżnicowanych warunków środowiska na zawartość tłuszczu i badanych kwasów tłuszczowych.

Wyodrębnienie zmienności dziedzicznej zawartości tłuszczu i wybranych kwasów tłuszczowych rzepaku ozimego oraz modyfikującego wpływu czynników niedziedzicznych (siedlisko) umożliwi określenie odziedziczalności tych cech.

Badanie efektywności metod hodowli rekombinacyjnej z udziałem mutantów

Otrzymane linie mutantów M-10453, M-10464 i M-681 są wynikiem wieloletniej selekcji, którą prowadzono wykorzystując chów wsobny i dlatego charakteryzują się obniżoną plennością. Z tego względu ich genotypy są krzyżowane z odmianami i liniami hodowlanymi o wysokiej wartości gospodarczej.

W wyniku przeprowadzonych krzyżowań odmian polskich (Kana, Bazyl, Batory, Gara) i zagranicznych (Contact, Bristol, Lisek Lirajet, Orkan) z mutantami „wysokooleinowymi” o zawartości

kwasu oleinowego (78,3-80,6%) i z mutantami „niskolinolenowymi” o zawartości kwasu linolenowego (0,8-1,7%) uzyskano rekombinanty pokoleń F₁₀ - F₇, u których stwierdzono stabilną wysoką zawartość kwasu oleinowego w oleju nasion (do 80,9%) i obniżoną zawartość kwasów linolowego i linolenowego odpowiednio (do 6,3% i 6,9%) oraz rekombinanty o obniżonej do 1,6% zawartości kwasu linolenowego i podwyższonej do 28,1% zawartości kwasu linolowego.

Badanie efektywności metod hodowli rekombinacyjnej z udziałem genotypów o ulepszonych parametrach jakościowych

W badanych obecnie liniach DH oraz rekombinantach pokoleń F₈-F₇, uzyskanych z krzyżowań linii własnych o niskiej zawartości glukozyolanów (poniżej 5 μM/g⁻¹ nasion) i o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego w nasionach (około 70%) z odmianą Contact uzyskano linie o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (od 78,0-82,1%), niskiej zawartości: sumy glukozyolanów (od 3,2-12,3 μmol/g⁻¹ nasion) i zawartości glukozyolanów alkenowych (od 0,8-8,9 μmol/g⁻¹ nasion).

Mutageniza indukowana chemicznie

Kontynuowane są badania nad uzyskaniem mutantów o najlepszych parametrach ilościowych i jakościowych. W pokoleniu M₇ otrzymano zmutowane linie wykazujące podwyższoną zawartość kwasu oleinowego (do 77,0%) i obniżoną zawartość kwasu linolenowego (do 2%).

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 55.

Tytuł projektu: Badanie zjawiska heterozji u genotypów rzepaku ozimego o zmienionych cechach jakościowych.

Kierownik projektu: Mgr W. Popławska

W sezonie wegetacyjnym 2007/2008 w wyniku krzyżowania wstecznego pomiędzy liniami CMS *ogura* pokolenia BC₄ i liniami rzepaku podwójnie ulepszanego o wysokiej zawartości tłuszczu w nasionach od 46,4 do 50,2% oraz kwasu oleinowego od 76,1 do 80,4%, uzyskano pulę 12 linii męskosterylnych typu *ogura* pokolenia BC₅ o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego (od 73,3 do 79,3%), obniżonej zawartości kwasu linolenowego (od 6,8 do 8,9%) oraz wysokiej zawartości tłuszczu w nasionach (od 46,1 do 50,2%).

Poprzez rozmnożenie 14 rekombinantów pokolenia F₁ uzyskanych w wyniku krzyżowania 4 plennych linii restorujących podwojonych haploidów DH z linią mutanta o zmienionym składzie kwasów poszerzono do 103 linii pulę genetyczną restorerów o podwyższonej do 83,8% zawartości kwasu oleinowego i obniżonej do 3,6% zawartości kwasu linolenowego. Średnia zawartości glukozyolanów w nasionach restorerów wyniosła 12,8 μmol g⁻¹ nasion, tłuszczu 46,3 %.

W celu określenia zjawiska efektu heterozji cech ilościowych i jakościowych u form o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych i podwyższonej zawartości tłuszczu w nasionach wytworzono w warunkach polowych, nasiona 15 mieszańców testowych pokolenia F₁, które będą badane w zróżnicowanych warunkach środowiskowych, co pozwoli na stwierdzenie czy tą drogą uda się podnieść plenność form o zmienionych cechach jakościowych.

Zaobserwowano, że niektóre mieszańce rzepaku ozimego wykazują małą efektywność w indukcji do podziałów mikrospor i powstawania zarodka oraz małą zdolność do konwersji zarodków mikrosporowych w rośliny. Także podatność na podwojenie liczby chromosomów mikrospor zaraz po ich izolacji z pylników jest uzależniona od genotypu. Podjęto badania nad opracowaniem sposobu indukcji androgenyzy mikrospor jak i efektywnej metody uzyskanie podwojonych haploidów z mieszańców.

W roku 2008 metodą kultury izolowanych mikrospor, opracowaną w Pracowni Kultur Tkankowych, uzyskano łącznie 1452 androgeniczne rośliny z 17 dawców mikrospor rzepaku ozimego. Poznano również reakcję genotypową na: stymulację temperaturą do podziałów mikrospor, konwersję zarodków w rośliny i skuteczność podwajania liczby chromosomów haploidom.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 56.

Tytuł projektu: Określenie zmienności zawartości kwasów tłuszczowych w nasionach rzepaku i lnu, glukozyolanów w rzepaku oraz alkaloidów w makowinach maku lekarskiego w celu opracowania modeli kalibracyjnych NIRS.

Kierownik projektu: Dr K. Michalski

W roku 2008 pozyskano do celów kalibracyjnych 700 próbek rzepaku, o zróżnicowanych cechach jakościowych, zebranych w różnych miejscowościach. Próbki zostały zeskanowane na aparacie NIRS 6500, aby pozyskać widma w bliskiej podczerwieni a także zanalizowane chemicznie na zawartość i skład glukozyolanów oraz skład kwasów tłuszczowych. Populacja próbek używanych do kalibracji powinna charakteryzować się płaskim przebiegiem krzywej Gaussa opisującej rozkład wartości danego składnika w populacji. W tym celu konieczne jest przebadanie znacznie większej populacji próbek i wyselekcjonowanie reprezentatywnych. Otrzymane do badań próbki mieszczą się w dość wąskim zakresie zmienności chemicznej i konieczne jest dalsze pozyskiwanie próbek celem poszerzenia bazy kalibracyjnej i objęcia dłuższego przedziału czasowego, co pozwoli na otrzymanie kalibracji bardziej odpornej na nieoczekiwane zmiany, jakie mogą wystąpić w nasionach.

Zakres zmienności poszczególnych składników:

| Składnik | Zakres zmienności | | Jednostki |
|-------------------------------|-------------------|---------|-----------|
| | minimum | maximum | |
| Kwas palmitynowy | 3,3 | 5,7 | % |
| Kwas stearynowy | 1,2 | 2,8 | % |
| Kwas oleinowy | 24 | 79,3 | % |
| Kwas linolowy | 6,9 | 25,1 | % |
| Kwas linolenowy | 5,5 | 12,8 | % |
| Kwas eikozenowy | 0,8 | 20,3 | % |
| Kwas erukowy | 0 | 25,9 | % |
| Glukonapina | 0,3 | 30,9 | uM/g |
| Glukobrassicapina | 0 | 10,1 | uM/g |
| Progoitryna | 0,1 | 51,4 | uM/g |
| Napoleiferyna | 0 | 1,9 | uM/g |
| Glukobrassycyna | 0 | 2,3 | uM/g |
| 4OH-glukobrassycyna | 1 | 10,4 | uM/g |
| Suma glukozyolanów alkenowych | 0,4 | 90,1 | uM/g |
| Suma glukozyolanów | 3,6 | 91,8 | uM/g |

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 57.

Tytuł projektu: Opracowanie markerów molekularnych sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi roślin oleistych oraz badanie zmienności genetycznej różnych populacji za pomocą markerów molekularnych.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. I. Bartkowiak-Broda

W Zakładzie Genetyki Hodowli Roślin Oleistych IHAR prowadzone są badania nad opracowaniem markerów molekularnych cech roślin oleistych, głównie rzepaku, ważnych gospodarczo lub wdrażaniem już istniejących.

a) Opracowanie kontroli wewnętrznej dla reakcji PCR specyficznej dla CMS *ogura*

W ZGiHRO IHAR już od kilku lat stosowana jest metoda wykrywania genu odpowiedzialnego za cechę CMS *ogura* w rzepaku za pomocą markerów DNA. W przypadku wyników pozytywnych wystarczające jest stwierdzenie obecności prążka, który jest oczekiwany w wykonywanym teście. Brak prążka może jednak wynikać zarówno z braku danej sekwencji w badanym materiale jak również być efektem działania czynników zakłócających samą reakcję PCR (pochodzących z izolowanego

preparatu DNA lub też z odczynników wykorzystywanych w reakcji). Ze względu na trudność w interpretacji wyników negatywnych opracowano kontrolę wewnętrzną dla stosowanej reakcji PCR. Do tego celu zastosowano system złożony z DNA faga Lambda oraz starterów specyficznych dla tego DNA opracowanych na podstawie danych o sekwencji uzyskanych z bazy GenBank. Wykorzystanie dodatkowej matrycy faga jako składnika wewnętrznej kontroli daje większą pewność występowania odpowiedniej sekwencji w mieszaninie reakcyjnej, ponieważ do każdej reakcji używane jest dokładnie to samo DNA. W opracowywanym markerze kontrolnym wykorzystano sekwencję genu kodującego białko strukturalne – składnik kapsydu faga Lambda. Obecnie dla różnych matryc DNA testowane są startery o długości 20 pz, które pozwalają na uzyskanie produktu amplifikacji o długości 928 pz. Potwierdzono przydatność tego systemu kontrolnego przy wykrywaniu genu CMS *ogura* oraz ustalono optymalną temperaturę przyłączania starterów (ang.: *annealing temperature*) wynoszącą 62°C.

b) Marker specyficzny dla mutacji w genie *fad2* rzepaku ozimego

Wytworzono dwa mutanty rzepaku charakteryzujące się wysoką zawartością kwasu oleinowego w nasionach. Cecha ta występuje w związku z mutacją w genie *fad2*, kodującym enzym desaturazę, który bierze udział w przemianie kwasu oleinowego w kwas linolowy. W mutantach następuje zamiana pojedynczej zasady w sekwencji tego genu, czego skutkiem jest skrócenie długości powstającego na jego podstawie białka i utrata jego aktywności enzymatycznej, przez co w komórkach rośliny zmutowanej dochodzi do większej akumulacji kwasu oleinowego. Sekwencje genu *fad2* mutantów oraz startery pozwalające na wykrywanie mutacji zostały opracowane przez zespół badawczy z INRA w Le Rheu we Francji i są objęte europejskim patentem. Obecnie rozpoczęto pierwsze testy tych starterów w ZGiHRO IHAR. Testowane są markery dominujące oraz kodominujące. Do analiz wykorzystano matryce DNA pochodzące z trzech różnych form rzepaku (dwie formy zmutowane oraz forma dzika). Po zbadaniu przydatności zaprojektowanych markerów w praktyce możliwe będzie wykonywanie rutynowych analiz na obecność zmutowanego genu, przy czym wykorzystanie tych starterów dla tworzenia nowych odmian wiąże się także z koniecznością uregulowania opłat licencyjnych za ich stosowanie.

c) Badanie za pomocą markerów molekularnych frekwencji występowania genu restorera w populacjach rzepaku o zróżnicowanych cechach jakościowych

Dla selekcji linii restorujących o niskiej zawartości glukozyolanów stosuje się markery sprzężone z genem restorerem – marker RAPD OPC02₁₁₅₀ oraz specyficzny marker PCR-SCAR C02. Ze względu na fakt, że linie restorujące prowadzone są na sterylnej cytoplazmie typu *ogura* możliwe jest sprawdzenie czystości materiału na podstawie fenotypu (pyłące rośliny) oraz za pomocą markera mitochondrialnego DNA typu PCR-SCAR CMS*Sogu*. Wykonane analizy zróżnicowanych populacji linii rzepaku ozimego potwierdziły przydatność tych markerów (CMS*Sogu*, PCR-SCAR C02 i RAPD OPC02₁₁₅₀) dla hodowli odmian mieszańcowych w oparciu o CMS *ogura*.

d) Ocena zróżnicowania genetycznego w obrębie rodzaju *Brassica* za pomocą markerów molekularnych

Podjęto badania zróżnicowania genetycznego kolekcji odmian i linii rzepaku ozimego (99 obiektów) za pomocą metody RAPD i AFLP w celu określenia dystansu genetycznego i utworzenia odrębnych pul genetycznych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 58.

Tytuł projektu: Zastosowanie krzyżowań oddalonych w obrębie plemienia *Brassicaceae* do badań nad odpornością na patogeny pochodzenia grzybowego.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. M. Starzycki

W Pracowni Metod Hodowli Odpornościowej IHAR w Poznaniu od wielu lat wykonywane są prace związane z mieszańcami międzygatunkowymi w obrębie plemienia *Brassicaceae*. Celem tych prac jest wytworzenie nowych genotypów rzepaku z cytoplazmą kapust *B. oleracea* lub innych pokrewnych gatunków z rodziny *Brassicaceae* – kapustowate np.: *B. taurica* i *B. cretica*, które charakteryzują się zwiększoną odpornością na patogeny pochodzenia grzybowego.

Po testach odpornościowych przy użyciu inokulum złożonego z gatunków: *L. maculans* spp. wybrano odporne rośliny mateczne (F_1 – *B. oleracea* x *B. napus*, *B. taurica* x *B. napus* oraz - *B. oleracea* var. *gemmifera* F_1 x *B. cretica*), które posłużą jako formy do dalszych krzyżowań wstecznych - wypierających z rzepakiem. Oceniano także odporność tych roślin (wieloletnich) na zgniliznę twardzikową (metodą zakażenia łodyg, Starzycka E. i in., Rośliny Oleiste – Oilseed Crops 1998) i nie stwierdzono porażenia grzybem *S. sclerotiorum*.

Po obocprzepyleniu z rzepakiem wyżej podanych roślin (matecznych), stosowano techniki in vitro w celu ochrony zarodków mieszańcowych przed zamieraniem z powodu często obserwowanej niezgodności genetycznej bielma i zarodka. Po izolacji eksplantatów otrzymano mieszańce międzygatunkowe głównie w stadium globularnym. Wszystkie izolowano i rozklonowano na pożywkach zawierających odpowiednie dobrane fitohormony: auksyny (NAA) i cytokiny (BAP).

W celu wzbogacenia puli genotypów odpornych (dla krzyżowań wypierających) u form alloplazmatycznych, oceniono w warunkach polowych 150 rodów rzepaku pod względem odporności na porażenia powodowane przez *L. maculans* spp. oraz *S. sclerotiorum* i wybrano 10 odporniejszych. Wybrane odporniejsze rody *B. napus* posłużą jako nowe komponenty rodzicielskie (ojcowskie) do krzyżowań międzygatunkowych.

Do inokulacji rzepaku wykorzystano określone pod względem chorobotwórczości patotypy grzybów. Badano u nich: patogeniczność, zdolność do wytwarzania mikotoksyn oraz poddano je sekwencjonowaniu DNA w celu stwierdzenia czystości gatunkowej.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 59.

Tytuł projektu: Mapowanie genów żółtonasienności u rzepaku ozimego oraz badanie interakcji genotypów żółtonasiennych ze środowiskiem.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. I. Bartkowiak-Broda

Cecha żółtonasienności u rzepaku ozimego, korzystna w wypadku wykorzystania nasion na paszę, niesie ze sobą wiele niekorzystnych agronomicznych cech roślin, jak niższa plenność, niższa odporność na patogeny grzybowe w stosunku do form o czarnej okrywie nasiennej. Cechy te mogą być poprawione poprzez krzyżowanie żółtonasiennych rekombinantów z genotypami czarnonasiennymi o dużej wartości gospodarczej. Ponadto żółtonasiennosc determinowana jest poligenicznie. Dla otrzymania takiego fenotypu rzepaku konieczna jest obecność alleli warunkujących żółtonasiennosc na obu genomach rzepaku A i C, a więc podwójnych recesywnych homozygot $A^yA^yC^yC^y$. Selekcja jest także utrudniona ze względu na zależność ekspresji genów warunkujących żółtonasiennosc od warunków środowiskowych. Z tego względu najefektywniejsza byłaby selekcja wspomagana markerami molekularnymi żółtonasiennosci. Najlepszym narzędziem umożliwiającym identyfikację poligenów jest mapowanie genetyczne z wykorzystaniem markerów molekularnych. Mapa genetyczna pozwala ustalić kolejność i rozmieszczenie markerów molekularnych na chromosomach oraz stopień ich sprzężenia z daną cechą. Identyfikacja głównych genów stwarza możliwość polepszenia wartości użytkowej danego genotypu poprzez wzbogacenie jej puli genowej nowymi pożądanymi allelami i wyselekcjonowanie rekombinantów wykazujących korzystne transgresje.

Z tego względu podjęto temat mapowania genetycznego genów odpowiedzialnych za żółtonasiennosc w posiadanym źródle żółtonasiennosci.

Ustabilizowane linie żółtonasienne rzepaku zostały utworzone w Oddziale IHAR w Poznaniu przy wykorzystaniu dwóch źródeł:

Pierwsze źródło to naturalny mutant o przezroczystej okrywie nasiennej.

Drugie źródło to linia rzepaku jarego otrzymana w 1979 r. z kolekcji Canada Agriculture Research Station w Saskatoon w Kanadzie. Linia ta segregowała dając pewną liczbę roślin o nasionach z żółtą plamką. Oba genetyczne źródła zostały połączone poprzez krzyżowanie w 1979r. Z tego materiału na drodze krzyżowania z najlepszymi rodami ciemnonasiennymi rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego, selekcji oraz chowu wsobnego zostały wyprowadzone linie żółtonasienne.

Materiał do mapowania stanowi populacja mapująca, 195 linii, utworzona w wyniku skrzyżowania dwóch żółtonasiennych linii podwójnych haploidów (DH) z dwoma czarnonasiennymi liniami

podwojonych haploidów rzepaku ozimego. Populacja jest zróżnicowana pod względem koloru nasion. Wyizolowano DNA i rozpoczęto badania za pomocą markerów RAPD wybranych na podstawie literatury jako różnicujące żółtonasienne formy rzepaku.

Przeprowadzono testowanie odporności linii żółtonasiennych na patogeny chorobotwórcze rzepaku. Wykonano wstępne badania sekwencjonowania ITS-DNA patogenicznych grzybów *Leptosphaeria* spp. zasiedlających rzepak także żółtonasienny i stwierdzono, że zarówno *Leptosphaeria maculans* oraz *Leptosphaeria biglobosa* występują w zbliżonych proporcjach.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 60.

Tytuł projektu: Poszerzanie puli genowej rzepaku ozimego poprzez resyntezę z homozygotycznych gatunków podstawowych.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. T. Cegielska-Taras

W projekcie utworzono bazę materiału biologicznego autoploidów (*Brassica rapa* i *Brassica oleracea*). Wybrano genotypy ozime, o stosunkowo niskiej zawartości kwasu erukowego i glukozynolanów. Po okresie jaryzacji rośliny donorowe stanowiły materiał do stymulacji androgenezy *in vitro* w kulturze mikrospor.

Wstępnie opracowano metodę otrzymywania androgenicznych roślin z kultury izolowanych mikrospor jarmuzu (*Brassica oleracea* var. *acephala* subvar. *lanciniata*) oraz kapusty pekińskiej (*Brassica rapa* subsp. *pekinensis*). Z obu gatunków *Brassica* uzyskano androgeniczne rośliny.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 61.

Tytuł projektu: Wyodrębnienie genotypów rzepaku ozimego o zwiększonych zdolnościach adaptacyjnych do różnych warunków agroklimatycznych przy zastosowaniu analizy interakcji środowiskowo-genotypowej oraz analizy ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej genotypów.

Kierownik projektu: Mgr M. Ogródowczyk

Celem prowadzonych badań było wyodrębnienie spośród zróżnicowanych pod względem cech jakościowych populacji rzepaku ozimego genotypów o zwiększonych zdolnościach adaptacyjnych do różnych warunków agroklimatycznych. W tym celu wybrano pięć zestawów (po 25 obiektów) rodów i mieszańców do badań w różnych środowiskach. Każde z doświadczeń polowych z wybranymi populacjami rodów i mieszańców wykonano w pięciu miejscowościach w układzie bloków niekompletnych, w czterech powtórzeniach.

Zebrano także dane dotyczące warunków meteorologicznych występujących w okresie wegetacji rzepaku w miejscowościach, w których prowadzone były badania.

Na podstawie przeprowadzonej analizy statystycznej dokonano charakterystyki rodów i mieszańców biorących udział w pięciu doświadczeniach w pięciu miejscowościach: plonowanie, wczesność kwitnienia oraz wysokość roślin i łanu.

Wykonano również syntezę doświadczeń — ogólną analizę wariancji, na podstawie której określono zmienność genotypów, zmienność środowisk oraz interakcję genotypów ze środowiskiem. Przeprowadzono szczegółową analizę testowania poszczególnych genotypów w kolejnych doświadczeniach i ich interakcji ze środowiskami.

Wyniki zilustrowano również graficznie przedstawiając proste regresji interakcyjnych genotypów względem środowiska. Na podstawie tych prostych regresji można wskazać genotypy, które uzyskując wysokie przeciętne plony są równocześnie dobrze plonującymi we wszystkich środowiskach — są genotypami stabilnymi, ich plonowanie w małym stopniu zależy od zmiany warunków środowiska. Szczegółowa analiza pozwoliła wyłonić rody charakteryzujące się istotną dodatnią oceną efektu głównego oraz stabilne względem środowiska.

Badania oparte o eksperymenty polowe dostarczyły informacji o zachowaniu genotypów w różnych środowiskach także pod względem rozproszenia wartości badanych cech, ze szczególnym

uwzględnieniem plonowania. W postaci boxplotów przedstawiono porównanie badanych genotypów również pod względem rozkładu wartości cechy.

Strukturę pięciu zbiorów obiektów biorących udział w omawianych doświadczeniach ze względu na zmniejszające się podobieństwo między obiektami przedstawiono w postaci dendrogramów uzyskanych poprzez hierarchiczną analizę skupień, za pomocą techniki aglomeracji obiektów w skupienia metodą Warda. Na podstawie pięciu cech fenotypowych (z uwzględnieniem środowisk) zostały wyznaczone miary podobieństwa każdej pary obiektów biorących udział w doświadczeniu — odległości Mahalanobisa.

Przedstawione badania pokazały, że niezbędne jest prowadzenie doświadczenia w wielu miejscowościach/środowiskach dla ekspresji wszystkich genów danego rodu/mieszańca decydujących o plonie i zdolnościach adaptacyjnych do środowiska.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 65.

Tytuł projektu: Charakterystyka puli genetycznej ziemniaka jadalnego o nowych walorach jakości w materiałach di- i tetraploidalnych.

Kierownik projektu: Mgr J. Plich

Celem projektu jest identyfikacja oraz genetyczna charakterystyka form ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum* L.) oraz dzikich lub prymitywnie uprawnych gatunków *Solanum*, niezbędnych dla rozszerzenia puli genetycznej i stworzenia nowej generacji ziemniaka jadalnego.

W celu określenia występującego w puli genetycznej ziemniaka zakresu zmienności cech, wpływających na jakość konsumpcyjną form jadalnych ziemniaka, stworzono i scharakteryzowano kolekcję 30 odmian o silnie zróżnicowanym pochodzeniu m.in. odmian występujących w kolekcjach banków genów ziemniaka. Zostały one wytypowane do badań na podstawie zróżnicowanych kryteriów jakościowych. Ponadto scharakteryzowano 72 klony badawcze 4x o różnym pochodzeniu i fenotypach. Badaniami objęto również klony 2x będącymi złożonymi mieszańcami o różnym składzie gatunkowym (m. in. *Solanum acaule*, *S. chacoense*, *S. demissum*, *S. gourlayi*, *S. microdontum*, *S. phureja*, *S. stenotomum*, *S. stoloniferum*, *S. verrucosum*, *S. yungasense*) wykazujące zakres zmienności cech rzadko spotykany w tetraploidalnym materiale badawczym

Badany materiał reprezentuje bardzo szeroką pulę genetyczną ziemniaka oraz szeroki zakres zmienności badanych cech jakości (w tym walorów kulinarnych). Z przebadanej puli materiału wytypowano grupę form ziemniaka jadalnego wyróżniających się pożądanym lub rzadko występującym w puli ziemniaka zestawem cech jakości.

W celu zbadania związków pomiędzy cechami jakości ziemniaka jadalnego a innymi ważnymi agronomicznie cechami, w doświadczeniu oceniano 520 badawcze klony 4x. Klony te pochodziły z krzyżowań bardzo wczesnej odmiany jadalnej z trzema formami odpornymi na *Phytophthora infestans*. Odporność komponentów rodzicielskich pochodzi z różnych źródeł (*S. demissum*, *S. phureja*) i warunkowana jest różnymi czynnikami genetycznymi. Materiał ten posłuży do analizy związków pomiędzy cechami jakościowymi form jadalnych a długością wegetacji, odpornością na zarazę ziemniaka oraz plennością.

W ramach projektu określono w badaniach sensorycznych typ kulinarno-użytkowy puli około 90 form ziemniaka jadalnego. W przebadanej puli materiału tylko 9 form wykazało cechy charakterystyczne dla ziemniaka sałatkowego (typ kulinarno-użytkowy A). Formy te zostaną wykorzystane do dalszych badań nad zmiennością cech ziemniaka sałatkowego.

Ponadto przygotowano materiał do oceny ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej (GCA i SCA) odmian jadalnych o zróżnicowanej długości wegetacji pod względem wybranych cech jakości. Przeprowadzono trzy programy krzyżowań w układzie czynnikowym. Potomstwo otrzymane z tych krzyżowań posłuży do analizy zdolności kombinacyjnej wybranych form jadalnych ziemniaka.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 66.

Tytuł projektu: Identyfikacja źródeł genetycznych form ziemniaka jadalnego przydatnego do upraw ekologicznych i niskonakładowych.
Kierownik projektu: Dr B. Flis

Celem projektu jest analiza związków genetycznych pomiędzy cechami odporności, a wybranymi cechami użytkowymi ważnymi dla odmian przystosowanych do upraw ekologicznych, poszukiwanie rekombinantów łączących wysoki poziom odporności na patogeny z cechami jakości oraz ocena ogółem i specyficznej zdolności kombinacyjnej tetraploidalnych form jadalnych, przydatnych do upraw ekologicznych i niskonakładowych.

W 2008 r. przygotowano materiał dla prowadzenia analizy związków odporności z cechami jakości. W polu prowadzono genotypy z 12 populacji otrzymanych w programie krzyżowań w 2007 r., którego celem było łączenie odporności na zarazę ziemniaka z odpornością na wirusy i wysokim poziomem cech użytkowych. Do dalszych prac wybrano około 40% prowadzonych w polu genotypów. Analiza związków genetycznych będzie również prowadzona w trzech populacjach (łącznie 300 genotypów) pochodzących z krzyżowania form odpornych na zarazę ziemniaka z formami o krótszym okresie wegetacji.

Poszukując form łączących cechy ziemniaka jadalnego z wysokim poziomem odporności na patogeny oceniono w doświadczeniach polowych i rozmnażano klony pochodzące z krzyżowań odmian jadalnych z klonami tetraploidalnymi, które łączą dobry poziom cech jakościowych z odpornością na patogeny. Z tej puli wybrano odpowiednie klony, spośród których wybierane będą rekombinanty o dobrej morfologii, wysokich walorach ziemniaka jadalnego, odporne na wirus Y i/lub M ziemniaka i/lub o podniesionej odporności na bakterię *Pectobacterium atrosepticum*.

Przygotowano również materiały do oceny zdolności kombinacyjnej GCA i SCA odmian jadalnych, przydatnych do upraw ekologicznych i niskonakładowych. Przeprowadzono trzy programy krzyżowań w układzie czynnikowym, które umożliwią prowadzenie takiej oceny dla wybranych cech wiodących. Zabezpieczono materiał do analiz chemicznych bulw.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 67.

Tytuł projektu: Identyfikacja puli genetycznej ziemniaka przydatnego do przetwórstwa spożywczego z wykorzystaniem źródeł cech przetwórczych z poziomu di- i tetraploidalnego.

Kierownik projektu: Dr H. Jakuczun

Celem badań jest analiza i charakterystyka puli genowej ziemniaka di- i tetraploidalnego. Cele realizowane są w sześciu zadaniach.

Do analizy zmienności genetycznej przydatności przetwórczej na chipsy wybrano pulę ponad 200 genotypów z 22 kombinacji rodzicielskich o możliwie zróżnicowanym pochodzeniu, wyróżniających się przydatnością przetwórczą na chipsy oraz dodatkowymi cechami odporności na patogeny.

Rozpoczęto doświadczenia porównujące potencjał genetyczny form rodzicielskich $4x$ i $2x$ w przekazywaniu cech jakościowych na potomstwo, odpowiednio w krzyżowaniach $4x-4x$ i $4x-2x$. Wstępnie wykazano, że formy $4x$ miały istotny wpływ na poziom plonowania i wielkość bulwy w potomstwach, a formy $2x$ przekazały potomstwu niską tendencję do występowania wad bulw. Wpływ rodziców $4x$ i $2x$ na morfologię bulw w potomstwach był porównywalny.

Na podstawie dotychczasowej charakterystyki fenotypowej złożonych diploidalnych mieszańców międzygatunkowych *Solanum* wytypowano formy, które są potencjalnymi kandydatami do tworzenia nowej puli zmienności genetycznej ziemniaka $2x$ pod względem zespołu cech przydatnych do przetwórstwa na frytki. Z krzyżowań pomiędzy formami $4x$ cechującymi się wydłużonym kształtem bulw otrzymano sześć kombinacji potomnych do podjęcia w przyszłym roku analizy zmienności genetycznej zespołu cech determinujących przydatność przetwórczą na frytki.

Z puli diploidalnych mieszańców międzygatunkowych *Solanum*, zróżnicowanych fenotypowo i genetycznie wybrano 50 genotypów w celu sprawdzenia ich odporności na ciemnienie pouszkodzeniowe. Materiał posłuży do analizy związków między ciemnieniem pouszkodzeniowym a

występowaniem związków fenolowych w bulwach. Wytypowano i przygotowano próbki bulw odmian wzorcowych.

Do analizy związków między zawartością skrobi a odpornością bulw na mokrą zgniliznę zabezpieczono 121 form 2x oraz 54 formy 4x różniące się pochodzeniem i źródłem odporności na mokrą zgniliznę bulw. W grupie diploidalnych mieszańców *Solanum* wyłoniono formy posiadające aktywne męskie gamety 2n powstające w wyniku zaburzeń mejozy.

W ramach identyfikacji form rodzicielskich o wysokiej ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej (GCA i SCA) pod względem cech przetwórczych, zrealizowano trzy programy krzyżowań w układzie czynnikowym (6 x 4) z wykorzystaniem odpowiednich dla kierunku użytkowego form rodzicielskich.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 68.

Tytuł projektu: Opracowanie metod wyróżniania form ziemniaka łączących różne sposoby użytkowania z odpornością na ważne gospodarczo patogeny ziemniaka.

Kierownik projektu: Prof. dr hab. E. Zimnoch-Guzowska

Celem pracy jest opracowanie metod selekcji form matwikoodpornych ziemniaka, które wykazują jednoczesną odporność na różne patotypy mątwika ziemniaczanego *Globodera rostochiensis* i mątwika agresywnego *Globodera pallida*. Wykazano, że schemat selekcji stosowany w selekcji materiałów 4x powoduje silny odsiew potomstwa po formach matwikoodpornych ze względu na inne cechy użytkowe. Z selekcji potomstw z dwóch niezależnych programów krzyżowań po 3 i 2 latach pozostało odpowiednio 1,9% i 1,2% klonów. Przygotowano kombinacje krzyżówkowe, które posłużą do porównania efektów dwóch systemów selekcji: typowej (wybór 10%) i słabej presji selekcyjnej (wybór 40%) w potomstwach ocenianych w 2 i 3 roku pod kątem odporności na patotypy mątwika.

W ramach charakterystyki tworzonej puli form odpornych na mątwiki opisano fenotypy klonów potomnych. Wykazano formy przekazujące wysoki poziom plenności.

W ramach zadania identyfikowania form 2x i 4x ziemniaka wykazujących odporność na wirus M ziemniaka (PVM) i wirus S ziemniaka (PVS) wyróżniono 10 diploidalnych mieszańców *Solanum* pochodzących po *S. gourlayi*. Klony te wykazały wysoką odporność w teście szczepieniowym, zapewne warunkowaną genem *Gm*, co wymaga potwierdzenia molekularnego. Do dalszej oceny wyselekcjonowano również 12 klonów 2x odpornych po zakażeniu mechanicznym PVM. Zidentyfikowano 7 klonów diploidanych z genem *Ns* warunkującym odporność na PVS. Wykazano różnice w reakcji odmian na porażenie PVM. W ramach doskonalenia metod identyfikacji puli genetycznej ziemniaka obejmującej odporność na różne patotypy raka *Synchytrium endobioticum* wybrano odmiany Neptun i Harpun, jako odmiany różnicujące patotypy raka ziemniaka, przy użyciu których możliwa jest identyfikacja polskiego patotypu 2(Ch1) *S. endobioticum*. Zastosowanie tych odmian w praktyce pozwoli odróżnić występujący w Polsce patotyp 2(Ch1) od europejskich patotypów: 6(O1), 8(F1) i 18(T1).

Uzyskano wstępne wyniki odporności na raka ziemniaka w potomstwie badanym pod kątem dziedziczenia odporności na tego patogena. Wyróżniono genotypy 4x (odmiany Adam, Bzura, Gandawa, Kuba, Cekin, Zagłoba i klony) oraz genotypy 2x które charakteryzowały się pełną odpornością w warunkach laboratoryjnych i polowych (doniczkowych) na 5 testowanych patotypów *S. endobioticum*: 2(G1), 2(Ch1), 6(O1), 8(F1) i 18(T1). Zidentyfikowano 9 odmian ziemniaka odpornych na patotypy mątwika ziemniaczanego i mątwika agresywnego m.in. odpornych na *G. rostochiensis* patotyp Ro4 w stopniu 9. Znaleziono formę do różnicowania patotypów *G. pallida* patotyp Pa1 i *G. rostochiensis* patotyp Ro4 (odm. Zagłoba).

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 69.

Tytuł projektu: Opracowanie nowych metod hodowlanych dla ziemniaka: zastosowanie markerów molekularnych w selekcji oraz uzyskiwanie form typu dupleks pod względem wybranych cech odporności.

Kierownik projektu: Dr B. Flis

Selekcjonowanie wartościowych form ziemniaka jest procesem długotrwałym i pracochłonnym. Proces ten może być wspomagany przez użycie markerów DNA (marker assisted selection), a efektywność selekcji pod względem cech warunkowanych allelami dominującymi można zwiększyć stosując formy rodzicielskie będące heterozygotami typu dupleks. W ich potomstwie znacznie zwiększa się frekwencja osobników posiadających gen.

Zadaniem projektu jest opracowanie metod masowej selekcji form ziemniaka w oparciu o markery molekularne związane z genem *Ry_{sto}* warunkującym krańcową odporność na wirus Y ziemniaka (PVY) oraz z genem *HI* warunkującym odporność na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego. W 2008 r. prowadzono trzy niesekcjonowane populacje pochodzące z krzyżowań form odpornych na PVY i/lub mątwika. Dalsze prace związane będą z identyfikacją markerów molekularnych dla obydwu cech we wszystkich genotypach, prowadzeniem symulowanej selekcji na wybrane cechy użytkowe dla weryfikacji skutków selekcji z użyciem markerów i oceną ich skuteczności za pomocą sztucznego zakażenia.

W puli posiadanych materiałów odpornych na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego, zastosowano marker CP 113 identyfikujący gen *HI*. Stwierdzono, że wszystkie zebrane w kolekcji odmiany mątwikoodporne posiadają dominujący allel tego genu. Zabezpieczono do dalszych badań DNA wyizolowane z genotypów potomnych pochodzących z krzyżowań, w których badane odmiany były formami rodzicielskimi.

Oceniono również pulę genotypów różniących się pochodzeniem pod kątem krańcowej odporności na PVY. Przeprowadzono ocenę fenotypową odporności na PVY, a do identyfikacji genu *Ry_{sto}* użyto markera GP 122. Obecność genu potwierdzono dla większości klonów, u których stwierdzono fenotypowo krańcową odporność.

Przygotowano materiał dla identyfikacji form dupleks pod względem genu *HI* i *Ry_{sto}*. Przeprowadzono program krzyżowań mający na celu otrzymanie potomstw, wśród których będzie można wyróżnić przynajmniej dwa typy heterozygot charakterystyczne dla autotetraploidów (simpleks i dupleks). Formy rodzicielskie wybrano w oparciu o przeprowadzoną na podstawie sztucznego zakażenia ocenę fenotypową.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 70.

Tytuł projektu: Opracowanie procedur i wytworzenie materiałów diagnostycznych do wykrywania *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus*.

Kierownik projektu: Dr K. Treder

W ramach badań nad diagnostyką bakterii *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* (*Cms*) wytworzono nowe materiały diagnostyczne, które następnie posłużyły do opracowania nowych metod wykrywania *Cms*. Ze względu na zastosowanie można je podzielić na testy do identyfikacji czystych kultur bakteryjnych oraz na testy do identyfikacji bakterii z ekstraktów tkankowych. Biorąc pod uwagę mechanizm pułapki bakterii, w ramach obu grup można wyróżnić testy immunofiltracyjne oraz immunoadsorpcyjne. Opracowane testy pozwalają na detekcję z możliwością odzyskania żywych kultur bakteryjnych. W kontrolowanych warunkach laboratoryjnych część z nich umożliwia wykrycie *Cms* z czułością zbliżoną do testu PCR (100 jtk/ml), co stanowi znaczącą poprawę w porównaniu z rutynowo stosowanym testem IF, którego czułość wynosi od 1000 do 5000 jtk/ml.

W warunkach laboratoryjnych przeprowadzono badania nad przeżywalnością bakterii *Cms* w zawiesinach wodnych. Udowodniono, że bakteria *Cms* może długotrwale przeżywać z zachowaniem patogeniczności w wodzie o temperaturze 4°C. Temperatura ma istotny wpływ na przeżywalność *Cms* w

wodzie. W 21°C nastąpił znaczny spadek liczebności bakterii w zawiesinach podczas gdy powyżej 30°C bakteria nie przeżywała.

Przeprowadzono wstępne badania nad wykorzystaniem testu PCR do detekcji *Cms*. Stwierdzono, że metoda izolacji DNA, w której stosuje się bufor z CTAB jest bardziej efektywna od metody z wykorzystaniem SDS czy izolacji za pomocą zestawu QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN). Wykazano, że test PCR wykrywa wszystkie izolaty bakterii *Cms* niezależnie od źródła badanych prób (bulwa, liść, łodyga, siewki) a także od stopnia mukoidalności bakterii. Ponadto udowodniono, że pary starterów PSA1/PSAR jak i *Cms6/Cms7* wykazują taką samą czułość oraz specyficzność w detekcji *Cms*.

W ekstrakcie z wycierki ziemniaczanej stwierdzono obecność zasadowych białek o wielkości 14-25 kD, posiadających zdolność do agregacji bakterii *Cms*. Wykryto dwie grupy tych białek – pierwsza oddziałuje z komórkami otoczonymi śluzem, podczas gdy druga rozpoznaje również komórki pozbawione śluzu.

Opracowano metodę izolacji z wycierki ziemniaczanej białka hamującego wzrost bakterii *Cms* poprzez ekstrakcję do fazy wodnej, zagęszczenie i dalsze oczyszczenie za pomocą kationowymiennej chromatografii membranowej oraz końcowe oczyszczenie z zastosowaniem wysokociśnieniowej chromatografii cieczowej w odwróconej fazie. Aktywne białko jest heterodimerem składającym się z podjednostek o wielkościach 6,5 kD oraz 9 kD. Zasadowy charakter białka warunkowany jest wysoką zawartością lizyny i argininy. Skład aminokwasowy peptydu 9 kD jest podobny do ziemniaczanych białek obronnych, indukowanych przez zranienie bulw (WIN1, WIN2) oraz chitynaz ziemniaczanych klasy I. Skład aminokwasowy mniejszego peptydu posiada podobieństwo do ziemniaczanego inhibitora proteinaz II oraz wołowych inhibitorów trypsyny (BPT1, BPT2). Aby określić, czy białko posiada taką aktywność badano jego wpływ na trypsynę i stwierdzono, że silnie hamuje aktywność tej proteazy. Białko poza hamowaniem wzrostu bakterii *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* i *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis*, wykazuje aktywność względem *Erwinia amylovora*, *Erwinia carotovora*, *Pseudomonas syringae*, *Phytophthora infestans*.

Wykazano, że zakiszenie odpadów ziemniaczanych eliminuje *Cms* na skutek zakwaszenia środowiska przez powstający w trakcie fermentacji kwas mlekowy. Ponadto 1% roztwór wodny kwasu mlekowego skutecznie eliminuje *Cms* z różnego rodzaju powierzchni zakażanych tą bakterią.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 71.

Tytuł projektu: Opracowanie procedury wykrywania infekcji wirusowych w bulwach ziemniaka bezpośrednio po zbiorze lub w stanie spoczynku.

Kierownik projektu: Dr K. Treder

W ramach prowadzonych prac, opracowano metodykę izolacji trzech szczepów wirusa ziemniaka Y (PVY^O, PVY^N i PVY^{NTN}) pozwalającą na uzyskanie wysokiej czystości antygenu do przygotowania surowic. Jednocześnie stwierdzono, że białko płaszczki poszczególnych izolatów wirusa różni się wielkością w zakresie od 25 do 33 kD. W uzyskanych preparatach poza białkiem płaszczki stwierdzono obecność polipeptydu o wielkości ok. 59 kD reagującego z przeciwciałami specyficznymi wobec białka płaszczki. Brak obecności tego białka w kontrolnym preparacie uzyskanym z roślin wolnych od PVY potwierdza, że jest to białko wirusowe.

Porównano test koktajl-ELISA z DAS-ELISA pod względem czułości wykrywania cząstek wirusa liściozwoju (PLRV), wirusa ziemniaka M (PVM) oraz wirusa ziemniaka Y (PVY) bezpośrednio w ekstraktach z bulw. Test koktajl-ELISA pozwalał na wykrycie cząstek każdego z badanych wirusów w próbach 10-20 razy bardziej rozcieńczonych niż DAS-ELISA. W celu weryfikacji uzyskanych wyników oraz dla sprawdzenia przydatności procedury testu koktajl-ELISA do diagnostyki masowej, zlecono ocenę jego zgodności z próbami oczkowymi w wykrywaniu infekcji pierwotnych trzem niezależnym laboratorium rutynowo oceniającym stopień porażenia roślin ziemniaka za pomocą prób oczkowych. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono wysoką zgodności obu testów w ocenie porażenia wirusami PLRV, PVM i PVY, gdyż liczba bulw niezgodnych - pozytywnie kwalifikowanych w próbach oczkowych a negatywnie w teście koktajl-ELISA była niewielka lub żadna. Jednakże w większości badanych przypadków na podstawie testu koktajl-ELISA

kwalifikowano pozytywnie więcej prób niż w próbach oczkowych. Na tym etapie badań nie wiadomo czy były to rzeczywiste infekcje, czy też tzw. „fałszywe pozytywne”.

Oceniono również przydatność komercyjnych immunochromatograficznych testów polowych do szybkiej diagnostyki wirusów w ekstraktach z liści i bulw wykazując, że pozwalają na wykrycie cząstek wirusa w kilka minut z taką samą czułością co test DAS-ELISA. W związku z tym opracowano procedurę koniugowania przeciwciał ze złotem koloidalnym w celu ich dalszego wykorzystania do wytwarzania testów immunochromatograficznych we własnym zakresie.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 72.

Tytuł projektu: Opracowanie metod szybkiego rozmnażania genotypów ziemniaka.

Kierownik projektu: Inż. D. Sekrecka

Warunkiem właściwego stosowania mikrorozmnażania (tj. powielania materiału roślinnego) powinno być zapewnienie stabilności cech rozmnażanego materiału. Ważnym elementem w tej metodzie jest dobór odpowiednich pożywek dla poszczególnych genotypów, szczególnie dla odmian „trudnych” w mikrorozmnażaniu. Produkcja mikrobulw w kontrolowanym, zamkniętym środowisku daje możliwość zwiększenia ich liczebności, jak i rozmiaru poprzez zmianę pojedynczych lub kilku parametrów hodowli. Badania własne jak i dane literaturowe wskazują na ogromną rolę reakcji genotypów na czynniki indukujące tuberyzację (reakcje odmianowo specyficzne). Zaleca się poszukiwanie systemów produkcji wolnych od hormonów roślinnych, ze względu na możliwość uniknięcia zmian genetycznych w bulwach potomnych, które mogą być wywoływane przez stosowanie tych związków. Jednym z głównych celów projektu jest opracowanie metody uzyskiwania w szybki i prosty sposób bulw (mikrobulw).

Prace badawcze prowadzono w 3 zadaniach:

1. Opracowanie i zastosowanie technik *in vitro* dla mikrorozmnażania ziemniaka (Pracownia Zasobów Genowych i Kultur *in vitro* Bonin):

Ocenie poddano 3 genotypy ziemniaka Ślęza, Adam i Czapla pod kątem opracowania metod ich szybkiego rozmnażania. Analizując wzrost i rozwój roślin *in vitro* badanych genotypów ziemniaka można stwierdzić, iż najkorzystniejszą pożywką okazała się pożywka Murashige-Skooga (MS) bez regulatorów wzrostu. Przeprowadzono także ocenę 3 genotypów pod kątem ich przydatności w produkcji mikrobulw – tj. bulw wyprodukowanych w szkle. Reakcja poszczególnych genotypów na zastosowane pożywki i sposoby utrzymywania (dzień/noc czy tylko noc) jest zróżnicowana. Zdecydowanie najlepszą okazała się pożywka MS + 8% sacharozy dla wszystkich ocenianych genotypów ziemniaka. Najwyższy współczynnik rozmnażania uzyskano przy I sposobie utrzymywania roślin tj. 3 tygodnie działanie światła (dzień/noc), następnie przez 9 tygodni tylko noc.

W warunkach kontrolowanych (szklarnia) badano wpływ gęstości sadzenia mikrobulw na uzyskany plon minibulw. W miarę zwiększania obsady roślin na m² znacznie zmniejsza się współczynnik rozmnażania (np. Czapla z 11,6 do 3,8 bulw/roślinę) i zwiększa się procentowy udział w plonie bulw najmniejszych (o średnicy poniżej 2 cm). Zastosowanie obsady 80 roślin na 1 m² zmniejsza współczynnik rozmnażania o 50%.

Minibulwy badanych odmian stanowiły materiał wyjściowy do oceny rozmnożenia w warunkach polowych. Przeprowadzono analizę statystyczną wyników. Okazało się że odmiana i wielkość wysadzonej minibulwy ma istotny wpływ na liczbę wytworzonych bulw. Również istotny wpływ ma wielkość wysadzonej minibulwy na wysokość plonu. Wśród ocenianych odmian, Ślęza dała o 32% niższy plon z frakcji najmniejszej.

2. Badania nad szybkim mnożeniem minibulw z wykorzystaniem technologii hydroponicznej i zbiorem w trakcie wzrostu roślin mącznych (Pracownia Fizjologii Zakładu Agronomii Ziemniaka w Jadwisinie):

Badanie przebiegu tuberyzacji ziemniaka przeprowadzono na następujących odmianach: Cyprian (wczesna), Cekin, Irga, Zebra, Katahdin (średnio wczesne) oraz na rodzie hodowanym SZC 2707. Materiał nasienny stanowiły mikrobulwy i rośliny *in vitro*. Wykonano dwa rodzaje doświadczeń: w substracie glebowym i w hydroponikach. Stwierdzono istotny wpływ odmiany, wieku fizjologicznego mikrobulw, rodzaju materiału nasiennego i terminu sadzenia na współczynnik rozmnażania badanych

odmian w glebie. W hydroponikach zastosowano pożywkę odpowiednią dla ziemniaka, z kompletem mikroelementów w dwóch stężeniach: 0,075 % i 0,15 % w pierwszym okresie wegetacji (do 23 czerwca) oraz 0,1 % i 2,0 % w drugim okresie (od 23 czerwca do końca wegetacji). Ocenę tuberyzacji wykonano w czterech terminach: I – 23 czerwca, II – 14 lipca, III – 6 sierpnia i IV – 26 sierpnia. Stwierdzono istotny wzrost współczynnika rozmnażania i liczby minibulw z jednostki powierzchni w hydroponikach, w stosunku do technologii tradycyjnej. Reakcja odmian była zróżnicowana. Najwyższym współczynnikiem rozmnażania charakteryzowała się odmiana Zebra, u której wynosił on 27,6 co stanowiło 273 % w stosunku do tuberyzacji roślin w glebie.

3. Adaptacja technik *in vitro* dla mikrorozmnażania wybranych genotypów (Pracownia Zasobów Genowych i Kultur *in vitro* Bonin)

Zastosowano metodę połączoną: termoterapii z hodowlą tkanek merystematycznych *in vitro*. Do doświadczenia wzięto genotypy ziemniaka w 100% porażone wirusami S i Y. Uzyskano zdrowy materiał *in vitro* z 18 genotypów ziemniaka. Wykazano, że małe wycinki izolowanej tkanki z pąków kątowych i szczytowych roślin poddanych termoterapii dają większe szanse na uzyskanie zdrowych roślin *in vitro*.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 73.

Tytuł projektu: Wyróżnienie biochemiczno molekularnych wskaźników tolerancyjności genotypów ziemniaka na suszę glebową.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. B. Zagdańska

Ziemniak (*Solanum tuberosum* L) jest uznawany za roślinę wrażliwą na niedobory wody w glebie praktycznie w każdej fazie rozwojowej. Wystąpienie chociażby niewielkich niedoborów wody w glebie powoduje obniżenie plonu, ponieważ rozwój bulw zależy od ich zaopatrzenia w cukry. Dlatego celem naukowym projektu jest przebadanie, w jakim stopniu wysoka zdolność do tolerowania odwodnienia przez rośliny ziemniaka w fazie gromadzenia plonu powiązana jest z utrzymywaniem potencjału redukcyjnego tkanek oraz zdolnością do utrzymywania stabilnej struktury białek. W pierwszym roku realizacji projektu skoncentrowano się na prawidłowym wyborze materiału do badań. Doświadczenia przeprowadzono w warunkach polowych oraz w hali wegetacyjnej na sześciu odmianach ziemniaka: trzech odmianach wczesnych (Aruba, Cyprian i Owacja), dwóch średnio-wczesnych (Irga i Tetyda) oraz jednej późnej (Inwestor). Zastosowana susza glebowa w fazie tuberyzacji spowodowała zmniejszenie masy plonu bulw, niezależnie od odmiany. Średnie obniżenie plonu wyliczone dla wszystkich badanych odmian wynosiło ok. 33%. Największym spadkiem plonu na zastosowaną suszę zareagowała odmiana Owacja (57 %), a najmniejszą odmiana Inwestor (20 %). Zgodnie z rolniczym kryterium odporności ziemniaka na suszę odmiany Inwestor, Tetyda i Irga są genotypami najbardziej odpornymi na deficyt wody w podłożu. Susza spowodowała także u wszystkich odmian zdrobnienie bulw. W kombinacji kontrolnej 92% struktury plonu stanowiły bulwy o średnicy od 30 do 60 mm, z największym udziałem bulw o wielkości 35–50 mm. U roślin poddanych suszy 85% struktury całego plonu stanowiły bulwy nie większe niż 50mm, z największym udziałem bulw o średnicy 35-50 mm. Badane odmiany różniły się także reakcją na zwiększoną zawartość wody w glebie: nie zaobserwowano zwiększonego plonu bulw odmian Inwestor, Irga i Tetyda w kombinacji 50% dawki nawadniania (B) i zwiększonego plonu bulw odmian Cyprian i Irga w kombinacji 100% dawki nawadniania (C). Największym przyrostem plonu w obu kombinacjach charakteryzowała się odm. Owacja i odm. Inwestor w kombinacji C. Obserwacje te wskazują na zróżnicowane genotypowo zapotrzebowanie roślin na wodę w podłożu. Wydaje się, że odmiany utrzymujące wysokość plonu rolniczego w warunkach suszy słabo wykorzystują nawadnianie.

Rośliny broniąc się przed konsekwencjami różnych stresów środowiskowych intensywnie syntetyzują różnorodne białka obronne m.in. białka związane z odpowiedzią rośliny na atak patogenów, białka zapewniające sprawną osmoregulację, a także chroniące przed skutkami stresu oksydacyjnego leżącego u podłoża odporności roślin na odwodnienie. Dlatego celem dalszych badań jest porównanie sprawności układu antyoksydacyjnego odmian ziemniaków różniących się wrażliwością na suszę glebową. Doświadczenia prowadzono na dwóch odmianach ziemniaka: odmianie Tajfun (odporna na suszę) i odmianie Cekin (wrażliwa). Wstępne wyniki badań wskazują, że większa odporność na suszę

glebową odmiany Tajfun związana była z niższą aktywnością peroksydaz w bulwach roślin poddanych suszy, mimo że aktywność tych enzymów malała wraz ze wzrastającym deficytem wody, niezależnie od wrażliwości odmiany na odwodnienie.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 74.

Tytuł projektu: Opracowanie oraz weryfikacja procedur badawczych określających wartość agrotechniczną i użytkową genotypów ziemniaka z uwzględnieniem warunków środowiska, uprawy i przechowywania.

Kierownik projektu: Dr W. Nowacki

W roku 2008 roku w badaniach uczestniczyło 38 genotypów ziemniaka będących materiałami hodowlanymi, wstępnie zakwalifikowanymi do 3 grup wczesności, w tym: 12 to genotypy wcześniejsze, 18 – średnio wczesne, 8 - późniejsze. Z tej liczby 4 genotypy uczestniczyły tylko w badaniach, mających na celu kwantyfikację cech warunkujących przydatność do produkcji ekologicznej, pozostałe (34) stanowiły materiał dla badania interakcji genotypowo-środowiskowej w zakresie cech decydujących o wartości agrotechnicznej i użytkowej ziemniaka. W prowadzonych badaniach podjęto w szczególności zagadnienia dotyczące:

- określenia zmienności puli genetycznej ziemniaka pod kątem skłonności do pogarszania wyglądu bulw (wybrane parametry morfologii bulw, odporność na uszkodzenia mechaniczne, wady mięszu);
- oceny interakcji genotypowo-środowiskowej determinującej występowanie chorób skórki bulw;
- poszukiwania form łączących małe wymagania nawozowe z wysoką efektywnością ich wykorzystania oraz odznaczające się niską kumulacją azotanów i glikoalkaloidów;
- zdolności genotypów do produkcji biomasy, skrobi i jej jakości oraz białka;
- zmienności parametrów charakteryzujących proces kiełkowania bulw istotny przy optymalizowaniu architektury łanu ziemniaka;
- wpływu genotypu i warunków środowiska przyrodniczego w okresie wegetacji na cechy konsumpcyjno-technologiczne plonu;
- określenie trwałości przechowalniczej bulw;

W tym celu zgodnie z założeniami projektu przeprowadzono doświadczenia polowe w czterech miejscowościach, w różnych rejonach Polski. Następnym etapem badań będą doświadczenia przechowalnicze, które założono jesienią, po zbiorze plonu i wyniki eksperymentów dotyczące tych zagadnień zostaną przedstawione w następnym sezonie.

W zrealizowanych doświadczeniach każdy z genotypów został poddany wnikliwym obserwacjom i pomiarom polowym oraz analizom i ocenom laboratoryjnym.

Warunki środowiskowe (glebowo-klimatyczne i agrotechniczne) w miejscach prowadzenia eksperymentów były dość zbliżone, co do głównych elementów charakteryzujących glebę oraz mało zróżnicowane w zakresie stosowanych zabiegów agrotechnicznych. Większe zróżnicowanie, zgodnie z założeniem badań, dotyczyło warunków meteorologicznych. W minionym sezonie, największą zmiennością, spośród uwzględnionych w badaniach parametrów charakteryzowały się opady. Ich deficyt, szczególnie w pierwszej połowie okresu wegetacji, był głównym czynnikiem limitującym rozwój roślin ziemniaka we wszystkich punktach badawczych. W kolejnych fazach wegetacji roślin, zróżnicowanie tego czynnika było znacznie mniejsze.

Zebrane wyniki pozwoliły na udowodnienie bądź odnotowanie wyraźnej interakcji genotypowo-środowiskowej, co do: wyglądu bulw, występowania rdzawej plamistości, występowania bulw porażonych przez sprawców chorób skórki, a także poziomu zawartości sacharozy, ciemnienia enzymatycznego mięszu oraz skłonności do powstawania ciemnej plamistości pouszkodzeniowej.

Stwierdzono także, że:

- większość z przebadanych genotypów stanowi bardzo cenny materiał genetyczny, bowiem zapewnia on wykorzystywanie potencjału plonowania w bardzo wysokim stopniu, niezależnie od zróżnicowanych warunków środowiska, poprzez dostarczanie plonu suchej masy powyżej 12 t·ha⁻¹, skrobi - powyżej 8 t·ha⁻¹ oraz białka - powyżej 1000 kg·ha⁻¹;

- badane genotypy różniły się istotnie co do wartości parametrów charakteryzujących proces kiełkowania bulw;
- występowanie pustowatości bulw dotyczyło tylko nielicznych badanych genotypów,
- bulwy większości genotypów, uzyskane w warunkach bieżącego sezonu, cechowała wysoka odporność na uszkodzenia mechaniczne;
- niektóre z genotypów osiągnęły optymalny stopień odżywienia roślin azotem (NNI), przy dawkach N: 50 i 100 kg·ha⁻¹, co może wskazywać na ich mniejsze zapotrzebowanie na azot;
- genotypy o stopniu odżywienia azotem (NNI) zbliżonym do optymalnego charakteryzowały się mniejszą zawartością azotanów w bulwach;
- stopień odżywienia roślin azotem (NNI) może być wartościowym parametrem pomocnym w ustalaniu wymagań nawozowych;
- wykazano, że końcowy plon suchej masy bulw zależy istotnie od stopnia odżywienia azotem roślin ziemniaka w okresie od zwarcia redlin do kwitnienia roślin,
- wśród badanych genotypów znalazły się formy o wysokiej, średniej i niskiej kumulacji azotanów i glikoalkaloidów w bulwach a w przypadku niektórych genotypów występuje zbieżność środowiskowa w ocenie w/w wartości;
- wykazano lepszy stopień odżywienia azotem (NNI) roślin ziemniaka wraz ze wzrostem wykorzystania azotu oraz mniejszą kumulację azotanów w bulwach przy większym wykorzystaniu azotu z zastosowanego nawozu;
- wykazano, że wielkość plonu dla poszczególnych genotypów zależny był od masy systemu korzeniowego;
- w składzie granulometrycznym skrobi siedmiu genotypów charakteryzujących się jej najwyższą zawartością, największy udział (49-63%) stanowiła frakcja ziaren dużych (40-115 mikrometrów);
- okres spoczynku bulw nie był ściśle skorelowany z długością okresu wegetacji, a najwcześniej kończyły spoczynek bulwy uzyskane w punkcie badawczym 1;
- większość z ocenianych genotypów późniejszych nie jest odpowiednia do produkcji chipsów;
- wśród badanych genotypów występują takie, których ubytki naturalne w pierwszym (przygotowawczym) okresie przechowywania nie zmieniały się istotnie w zależności od zróżnicowanych warunków wegetacji;
- tylko 2 genotypy, spośród 4 ocenianych, były przydatne do produkcji ekologicznej.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 75.

Tytuł projektu: Badania nad efektywnością indukcji haploidów w zróżnicowanych genotypach kukurydzy metodą gynogenezy.

Kierownik projektu: Dr R. Warzecha

W 2008 roku badania objęły:

-Identyfikację, na podstawie cech markerowych nasion „domniemanych” haploidów, w kolbach matecznych 40. genotypów kukurydzy poddanych indukcji haploidów.

-Podwojenie liczby chromosomów w siewkach otrzymanych z wyodrębnionych nasion.

-Identyfikację roślin haploidalnych w doświadczeniu polowym, określenie ich frekwencji w poszczególnych genotypach matecznych.

-Określenie frekwencji indukcji podwojonych haploidów i ich płodności mierzonej zdolnością do zawiązywania ziarniaków.

-Przeprowadzenie wstępnych badań nad optymalizacją podwajania liczby chromosomów.

Zidentyfikowano w doświadczeniu polowym ogółem 9059 roślin o fenotypie haploidalnym. Stwierdzono, że wśród tych roślin 5658 (62,%) było męsko niepłodnych – nie wytwarzały pyłku, a 550 roślin haploidalnych nie wytwarzało znamion. 2851 roślin (31,5%) było płodnych. Identyfikacja tej grupy roślin - podwojonych haploidów - jest głównym celem prowadzonych badań. Rośliny te poddano samozapyleniu w celu stwierdzenia ich płodności, mierzonej zdolnością do zawiązywania nasion. 1880 (65,9%) spośród poddanych samozapyleniu roślin zawiązało nasiona.

Średnia efektywność indukcji podwojonych haploidów dla wszystkich 40. badanych genotypów wyniosła 34,0%. Była ona zróżnicowana istotnie dla poszczególnych genotypów matecznych – minimalna dla genotypu SH 18, tylko 12,1% i maksymalna dla genotypu SH43 - 60,9%. Średnia płodność podwojonych haploidów wyniosła 20,8%; minimalna dla genotypu SH 17, 7,2% i maksymalna dla genotypu SH 09 - 42,6%.

W badaniach nad optymalizacją podwajania haploidów wykazano, że średnia efektywność wyniosła dla 6. genotypów 37,4%, maksymalna 44,5%, dla genotypu SH 20, a minimalna 26,0% dla genotypu SH19.

Średnia efektywność podwajania chromosomów dla zastosowanych koncentracji kolchicyny i jej reżimów czasowych penetracji do siewek wyniosła 37,4%. Najbardziej efektywna była koncentracja kolchicyny 0,08 % i czas penetracji 8 godzin. Uzyskano podwojenie chromosomów u 51,6% siewek haploidalnych. Najmniej efektywna była koncentracja kolchicyny 0,04% i czas penetracji kolchicyny 12 godzin. Uzyskano podwojenie chromosomów u 24,8% siewek roślin haploidalnych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 78.

Tytuł projektu: Badanie interakcji genotypowo-środowiskowej linii wsobnych i mieszańców kukurydzy dla oceny ich przydatności użytkowej.

Kierownik projektu: Dr R. Warzecha

Zaplanowano i przeprowadzono w sześciu miejscowościach zlokalizowanych w różnych rejonach kraju następujące serie doświadczeń:

- 4 serie doświadczeń do oceny plonu ziarna i innych cech z 96 mieszańcami kukurydzy,
- 1 serię doświadczeń do oceny parametrów masy nadziemnej rośliny i innych cech z 30 mieszańcami kukurydzy.

Przeprowadzono analizę wariancji dla poszczególnych doświadczeń i serii doświadczeń stwierdzając istotne zróżnicowanie badanych cech. Zweryfikowano statystycznie hipotezę roboczą o braku interakcji poszczególnych genotypów dla badanych cech, odrzucając tę hipotezę. Następnie w oparciu o analizę wariancji Shuki i miarę Kang'a wyróżniono w poszczególnych seriach doświadczeń genotypy o istotnie wyższym od wzorca poziomie cech agronomicznych i dokonano klasyfikacji genotypów na stabilne (o nieistotnej interakcji genotypu i środowiska) i niestabilne (o istotnej interakcji genotypu i środowiska). Genotypy niestabilne podzielono na intensywne (reagujące dodatnią interakcją w środowiskach lepszych), ekstensywne (reagujące dodatnią interakcją w środowiskach gorszych) i nieokreślone. Wyróżniono:

Genotypy wysokim, istotnie wyższym plonie ziarna od wzorca:

- o stabilnej interakcji genotypu i środowiska (SMH 1604, SMH 1619, SMH 1558, SMH 1631, SMH 1640, EA3501EZA1),
- o niestabilnej (nieistotnej) interakcji genotypu i środowiska: intensywne (PR39 H32, SMH 1643), ekstensywne (RONALDINIO).

Genotypy o wysokiej, istotnie wyższej zawartości suchej masy w ziarnie przy zbiorze od wzorca:

- o stabilnej interakcji genotypu i środowiska (SMH 1601, SMH 1612, SMH 1606, SMH 1625, SMH 1622, SMH 1627, SMH 1626, SMH 1631, SMH 1637, SMH 1636).

Genotypy o wysokim, istotnie wyższym plonie ogólnej suchej masy:

- o stabilnej interakcji genotypu i środowiska (PR39R86, SMH 1611, GAVOT, SMH 1655),
- o niestabilnej (nieistotnej) interakcji genotypu i środowiska: intensywne (SMH 1635, SMH 1608).

Genotypy o wysokiej, istotnie wyższej zawartości suchej masy w roślinach przy zbiorze od wzorca:

- o stabilnej interakcji genotypu i środowiska (SMH 1629, SMH 1655).

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 79.

Tytuł projektu: Epidemiologia chorób powodowanych przez grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. na kukurydzy oraz poszukiwanie nowych źródeł odporności.

Kierownik projektu: Dr E. Kochańska-Czembor

Do badań mających na celu poszukiwanie nowych źródeł odporności kukurydzy na choroby powodowane przez grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. włączono pule genowe zróżnicowane pod względem pochodzenia oraz morfologii i fizjologii roślin. Odporność roślin na fuzariozę kolb opisywano przy infekcji naturalnej oraz po inokulacji kolb grzybami *F. graminearum* i *F. verticillioides*. Na podstawie wstępnych badań epidemiologicznych stwierdzono, że obecnie grzyby te są głównymi sprawcami fuzariozy kolb w Polsce. Inokulacji kolb dokonywano poprzez nakłuwanie kolb bolcem (tzw. metoda „toothpick”) zanurzonym w inokulum grzybów *Fusarium* spp. o stężeniu 5×10^5 zarodników/ml. Do oceny stopnia porażenia kolb używano skali 1 – 7 (1 oznacza brak infekcji). Zgorzel podstawy łodygi powodowana przez grzyby z rodzaju *Fusarium* opisywano przy infekcji naturalnej, po rozkrojeniu dolnej partii łodyg używając skali 1 – 9 (1 – łodyga zdrowa). Wykazano istotną współzależność pomiędzy typem budowy ziarniaka (typ szklisty i zębokształtny) i odpornością roślin na fuzariozę kolb. Rośliny wykazujące podwyższoną odporność na fuzariozę kolb wykazywały niską odporność na zgorzel podstawy łodygi.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 83.

Tytuł projektu: Opracowanie efektywnej metody otrzymywania haploidów i podwojonych haploidów buraka cukrowego.

Kierownik projektu: Doc. dr hab. M. Goška

Celem projektu jest opracowanie efektywnej metody otrzymywania haploidów w kulturach *in vitro* z niezapłodnionych zalążków jednonasiennych i wielonasiennych linii buraka cukrowego oraz opracowanie efektywnej metody ich diploidyzacji.

Materiałem wyjściowym do badań były wielonasienne diploidalne zapylacze buraka cukrowego – typu cukrowego (24 linie), cukrowo-normalnego (14 linii) i normalnego (22 linie) oraz jednonasienne linie dopełniające (38 linii). Zalążki do kultur *in vitro* pobierano z roślin rosnących w szklarni. Wykładano je na pożywkę Murashige i Skooga (MS) zawierającą 1 mg/l BAP i 0,1 mg/l NAA. Inkubację zalążków prowadzono w pokoju hodowlanym w temperaturze 25°C w ciemności przez dwa tygodnie a następnie w 16-godzinny oświetleniu o natężeniu ok. $40 \text{ mol}^{-3} \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$.

Przeprowadzone badania nad gynogenezą w kulturach *in vitro* zalążków buraków cukrowych jedno- i wielonasiennych wykazały znaczne różnice pomiędzy testowanymi liniami pod względem zdolności do regeneracji roślin. Zastosowanie odpowiednich warunków fizycznych (temp. 25°C, dwa tygodnie ciemność) oraz składu pożywek indukcyjnych pozwoliło uzyskać do 20,0% haploidów. Z analizowanych różnych genotypów buraka najwyższy procent regenerantów otrzymano z zalążków linii dopełniających (do 20,0%), następnie wielonasiennych zapylaczy typu cukrowo-normalnego (do 17,8%) i normalnego (do 17,0%). Słabiej regenerowały zalążki wielonasiennych zapylaczy typu cukrowego (do 15,6%).

Po pierwszym pasażu określono ploidalność regenerantów przy użyciu cytometru przepływowego Partec CCA. Oznaczono stopień ploidalności 217 roślin uzyskanych z zalążków wielonasiennych zapylaczy i linii dopełniających. Wśród analizowanych roślin 175 było haploidami (80,7%), 17 diploidami (7,8%), 3 posiadały różną liczbę chromosomów (1,4%). Stwierdzono również wśród badanych 22 klonów obecność roślin zawierających haploidalną i diploidalną liczbę chromosomów (10,1%). Otrzymane w wyniku przeprowadzonych badań rośliny diploidalne zostaną rozmnożone w kulturach *in vitro* w celu uzyskania większej ilości materiału potrzebnego do dalszych badań. Prawidłowo rozwinięte haploidy pochodzące z różnych zalążków po rozmnożeniu, po trzecim pasażu będą poddane diploidyzacji poprzez traktowanie kolchicyną w warunkach *in vitro*.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 87.

Tytuł projektu: Badania nad odpornością grochu siewnego i bobiku na wybrane choroby grzybowe.

Kierownik projektu: Dr L. Boros

Badania obejmowały ocenę podatności na porażenie *M. pinodes* odmian grochu siewnego z Rejestru Krajowego w dwóch doświadczeniach z kontrolowaną infekcją. Łącznie badano 48 obiekty.

Badane genotypy różniły się istotnie pod względem wysokości roślin, wylegania i plenności oraz porażenia *M. pinodes*. Niski poziom porażenia badanych genotypów w porównaniu do poprzednich sezonów wegetacyjnych związany był z przebiegiem warunków pogodowych. Pomimo niskiego poziomu porażenia, ranking genotypów w poszczególnych sezonach wegetacyjnych był zbliżony. Wyodrębniono grupę genotypów grochu o niższej podatności.

W warunkach kontrolowanych przeprowadzono ocenę podatności dla 25 obiektów pozyskanych z trzech ośrodków krajowych. Średnie porażenie liści i łodyg było wyższe od odpowiednich wartości dla odmiany Radley i znacząco niższe niż dla odmiany Rubin. Nie stwierdzono istotnych różnic poziomu podatności badanych genotypów w zależności od miejsca wytworzenia.

Wysiano na polu infekcyjnym 244 potomstwa pojedynków wyselekcjonowanych z pokolenia F₃ ośmiu kombinacji z krzyżowań międzyodmianowych z odmianą Radley do wyboru materiałów o podwyższonej odporności na porażenie *M. pinodes*. Z testowanych linii do dalszych badań zebrano 159 linii o porażeniu równym i niższym w porównaniu do odmiany Radley.

Prowadzono prace nad introgresją genów odporności z *Pisum fulvum* do *P. sativum*. W pole wysadzono 656 roślin F₃ czterech kombinacji o różnej liczebności każda oraz 19 roślin F₁BC₂ po drugim krzyżowaniu wypierającym dla dwóch kombinacji. Z wysadzonych roślin F₃ zebrano nasiona dla 54 rodzin o różnej liczebności roślin i niskiej produktywności, oraz 6 roślin F₁BC₂ również o bardzo niskiej produktywności. Wykonano przepylecia na odmianie Radley i Rubin pyłkiem z roślin F₁ po drugim krzyżowaniu wypierającym dwóch kombinacji krzyżowań z JI 1006. Zebrane materiały będą przedmiotem dalszych prac.

Opracowano metodyczne elementy oceny podatności genotypów grochu na porażenie *M. pinodes* z punktową inokulacją odciętych liści w warunkach kontrolowanych z wykorzystaniem cyfrowej analizy obrazu. Wykazano, że inokulowanie punktowe po dwie krople 5µl inokulum o stężeniu 2×10^5 zarodników* ml⁻¹ na każdy przylistek po 7 dniach inkubacji w zamkniętych szalkach Petriego z wodą destylowaną w warunkach kontrolowanej temperatury $20 \pm C^\circ$ i 14 h światła różnicuje najwyraźniej badane genotypy co potwierdziła analiza komponentów wariancji.

W doświadczeniu polowym w warunkach prowokacyjnych z opóźnionym o miesiąc terminem siewu oraz w warunkach szklarniowych przeprowadzono pilotażową ocenę wybranej grupy genotypów krajowych i zagranicznych grochu w tym odpornych na mączniaka prawdziwego. Wykonano krzyżowania własnej linii RS 1149/98 odpornej z genotypami podatnymi w do badań nad sposobem dziedziczenia odporności tej linii.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 91.

Tytuł projektu: Badanie stabilności biologicznej traw wieloletnich z uwzględnieniem czynników biotycznych i abiotycznych.

Kierownik projektu: Dr E. Kochańska-Czembor

Do badań mających na celu określenie stabilności biologicznej międzygatunkowej i wewnątrzgatunkowej traw wieloletnich z uwzględnieniem czynników biotycznych i abiotycznych prowadzonych w 3 lokalizacjach i 2 poziomach nawożenia (intensywne i ekologiczne) włączono gatunki zróżnicowane pod względem cech morfologicznych i fizjologicznych (kostrzewa łąkowa, tymotka łąkowa, wiechlina łąkowa, życica trwała i festulolium). W pierwszym roku doświadczeń rośliny opisywano w stadium wegetatywnym i wykazano istotny wpływ poziomu nawożenia na gęstość runi u kostrzewy łąkowej i tymotki łąkowej, odporność na choroby (a szczególnie na rdzę koronową) u życicy trwałej i festulolium, wysokość roślin u życicy trwałej i festulolium oraz na szerokość liścia u tymotki łąkowej, życicy trwałej, festulolium.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 92.

Tytuł projektu: Badanie i wykorzystanie wybranych form wiechliny łąkowej, kostrzewy czerwonej i kostrzewy łąkowej o cechach biologicznych decydujących o podwyższonej wartości gospodarczej, ze szczególnym uwzględnieniem nasiennictwa, dla nowoczesnych technologii uprawy.

Kierownik projektu: Dr D. Martyniak

Wykonane w roku sprawozdawczym prace stanowią bardzo ważną metodycznie, wyjściową podstawę przyszłych kilkuletnich badań poznawczych nad trawami o wysokiej, pełnej wartości ogólno-gospodarczej, ze szczególnym uwzględnieniem ich wartości nasiennej.

Prace koncepcyjne i techniczne prowadzono w Radzikowie, a część prac (głównie dla przeanalizowania wpływu środowiska) zlecono jako usługę, w trzech miejscowościach na linii północ-południe.

Badaniami objęto 31 starannie dobranych obiektów w trzech gatunkach traw (kostrzewa łąkowa, kostrzewa czerwona, wiechlina łąkowa) o podstawowym znaczeniu gospodarczym.

Założono z nimi łącznie 9 wielopowtórzeniowych doświadczeń polowych, w tym oddzielne dla form pastewnych i gazonowych w obrębie kostrzewy czerwonej i wiechliny łąkowej. Prace koncepcyjne oraz trzon bardziej złożonych badań, zwłaszcza nasiennych, stanowią doświadczenia i prace laboratoryjne prowadzone w Radzikowie. W terenie zlokalizowano doświadczenia uzupełniające, dotyczące wartości użytkowej.

Wstępne wyniki z roku siewu dały już cenne informacje (zwłaszcza w doświadczeniach nasiennych), dotyczące instalacji roślin, zróżnicowania wysiewu przy optymalnej obsadzie, niektórych cech biologicznych. W przypadku doświadczeń użytkowych z kostrzewą czerwoną uzyskano już wyniki plonowania pastewnego, zaś w gazonowych również wartości użytkowej (zadarnienia i aspektu ogólnego).

Generalnie na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że badane genotypy charakteryzują się dużą zmiennością cech określonych w roku siewu, a tym samym stanowią dobry materiał do objętych projektem badań podstawowych. Dotyczy to zwłaszcza znacznego zróżnicowania ilości wysiewu (różnice ponad 40%). Pod względem plonowania niektóre formy kostrzew (czerwonej i łąkowej) przewyższały wzorce (do 107%), a w przypadku krzewistości do 105% (łącznie z wiechliną). Podobnie w ogólnym aspekcie i zadarnieniu większość badanych form gazonowych wiechliny łąkowej i kostrzewy czerwonej przewyższała wzorce nawet o 14%.

Zakłada się iż opisana wyżej reprezentatywność, zarówno w zakresie badanego materiału jak również poprawności metodyczno-eksperymentalnej, powinna pozwolić na uzyskanie w przyszłych latach wiarygodnych wyników badań podstawowych. Pozwolą one na określenie markerów biologiczno-morfologicznych, mających wpływ na wartość użytkową i nasienną, a w sumie ogólnogospodarczą (wskaznik WUN) w analizowanych konkretnych trzech gatunkach traw.

Dokonane to zostanie za pomocą nowoczesnej, statystycznej metodyki analizy ścieżek, sprawdzonej już autorsko dla życicy trwałej i opublikowanej (Biul. IHAR 247/2008 „Zastosowanie analizy ścieżek do oceny determinacji plonu nasion życicy trwałej”). Podjęta zostanie też próba zastosowania innej wielowymiarowej analizy.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 117.

Tytuł projektu: Choroby grzybowe i bakteryjne zagrażające fasoli zwyczajnej (*Phaseolus vulgaris* L.) występowanie, rola i podatność roślin.

Kierownik projektu: Dr L. Boros

Przeprowadzono ocenę nasilenia występowania wybranych chorób grzybowych i bakteryjnych fasoli szparagowej i na suche nasiona w warunkach polowych z naturalną infekcją. Warunki pogodowe w sezonie wegetacyjnym, szczególnie w okresie wegetatywnego rozwoju i początkowym okresie generatywnego nie sprzyjały porażeniu roślin fasoli przez patogeny grzybowe. Pomimo to przeprowadzone badania wykazały istnienie zróżnicowania w obrębie odmian szparagowych oraz na suche nasiona na porażenie przez antraknozę fasoli. Wyodrębniono grupę genotypów podatnych.

W wyniku prac identyfikacyjnych oraz wykonanych izolacji przygotowano 34 izolaty jednozarodnikowe pochodzące z 29 odmian. Ponadto kolekcję izolatów wzbogacono o 4 izolaty dla ras alpha, gamma, delta i epsilon grzyba *Colletotrichum lindemuthianum* po sprawdzeniu ich patogeniczności, reizolacji i otrzymaniu kultur jednozarodnikowych. Kolekcja izolatów jest przechowywana na skosach pożywki Mathura w lodówce w temp. ~ 5°C. Po namnożeniu nasion zestawu odmian testowych planowane są badania nad zmiennością populacji *C. lindemuthianum* i

określeniu potencjalnie występujących ras. W następnym etapie przeprowadzone będą badania reakcji odmian z Krajowego Rejestru na potencjalne rasy.

Bakteriozy fasoli nie były chorobami notowanymi w najwyższym nasileniu, chociaż występowały zarówno na odmianach fasoli szparagowych jak i fasoli na suche nasiona. Identyfikacja sprawców bakteriozy fasoli z wykorzystaniem testów immunodetekcji wykazała powszechność bakterii *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*. Stwierdzono jej obecność na 22 z 25 genotypów z objawami porażenia a w przypadku *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* stwierdzono jej obecność u 9 na 25 genotypów. Nie stwierdzono występowania *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* sprawcy ostrej bakteriozy fasoli.

Opracowano metodyczne elementy atestacji podatności na zgniliznę twardzikową fasoli w teście pośrednim wykorzystującym reakcję siewek na kwas szczawiowy. Analiza wariancji wyników dwóch niezależnych doświadczeń potwierdziła, że warunki ustalone dla tej metody gwarantują uzyskanie powtarzalnych wyników co jest równoznaczne z możliwością wykorzystania tej metody w ocenie podatności fasoli na porażenie *S. sclerotiorum*.

Zgromadzone genotypy fasoli, materiał roślinny, kolekcja izolatów *Colletotrichum lindemuthianum*, opracowana metodyka atestacji stanowią bazę do kontynuacji prac w ramach tego tematu badawczego.