

BADANIA PODSTAWOWE NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ.

*Wyniki badań uzyskane w 2010 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, z 2008r. Nr 102 poz. 654 i Nr 146
poz. 930, oraz z 2009r. Nr 76, poz. 648)*

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 136 genotypów pszenicy: ozimej, jarej oraz twardej ozimej na fuzariozę kłosów. Obiekty wysiane zostały w 2 doświadczeniach polowych w Radzikowie. Materiałem infekcyjnym była mieszanina izolatów *Fusarium culmorum*. Pszenica inokulowana była przez oprysk kłosów zawiesiną zarodników. Inokulacje wykonano w okresie kwitnienia pszenicy. Po wystąpieniu objawów choroby przeprowadzono 2-krotną ocenę nasilenia fuzariozy kłosów. Określano indeks fuzariozy kłosów. Po zbiorze kłosów oznaczona została względna redukcja plonu ziarna z kłosa oraz stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*.

Średnie nasilenie fuzariozy kłosów pszenicy ozimej wynosiło dla doświadczenia 1 - 32,4%, a dla doświadczenia 2 - 28,3%. Zakres reakcji 10,7-48,0% w pierwszym doświadczeniu oraz 9,0-48,0% w drugim doświadczeniu. Średnie uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* wyniosło dla dośw. 1-18,7%, a dla dośw. 2 - 16,6%. Zakres reakcji 5,0-40,0% w pierwszym dośw. oraz 3,7-41,5% w drugim doświadczeniu. Średnia redukcja plonu ziarna z kłosa wyniosła 30,5%. Zakres redukcji zawierał się w przedziałach 0-63,1%. Brakiem redukcji lub bardzo niską redukcją plonu z kłosa charakteryzowało się 5 genotypów. Współczynniki korelacji wysokości roślin i nasilenia fuzariozy kłosów były istotne w obu doświadczeniach, z tym że, współczynniki determinacji były niskie (ok. 11%). Wyróżniała się grupa genotypów o wysokości do 90 cm, dla których nasilenie fuzariozy kłosa było niższe niż wynikałoby to z zależności liniowych. Termin kwitnienia nie korelował z nasileniem fuzariozy kłosów. Stwierdzono istotną dodatnią zależność uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium* od nasilenia fuzariozy kłosów. Nieliczne genotypy wykazywały niskie uszkodzenie ziarniaków mimo silnego porażenia kłosa. Fuzarioza kłosów oraz stopień uszkodzenia ziarniaków istotnie korelowały z redukcją masy ziarna z kłosa.

Odporność powyższych genotypów pszenicy ozimej badano dodatkowo w 6 punktach doświadczalnych: Dębina, Kobierzyce, Nagradowice, Polanowice, Strzelce, Szelejewo. Po inokulacji kłosów określano indeks fuzariozy kłosów lub odporność w skali 1-9 (Polanowice). Średnie nasilenie fuzariozy kłosów wyniosło w Szelejewie 13,1%; Dębinie 15,6%; Nagradowicach 21,0%, w Kobierzycach 40,2% oraz w Strzelcach 50,5%. W Polanowicach porażenie kłosów pszenicy było bardzo niskie. Stwierdzono duże zróżnicowanie podatności badanych genotypów. Znalezione genotypy odporne o stabilnej reakcji we wszystkich (lub większości) lokalizacjach. Stwierdzono dużą zgodność uzyskanych wyników.

Nasilenie fuzariozy kłosów pszenicy twardej było niższe niż obserwowane u genotypów pszenicy zwyczajnej. Zakres reakcji pszenicy twardej był zbliżony od zakresu reakcji pszenicy zwyczajnej. Jedynie odmiana Komnata wykazała bardzo silne porażenie fuzariozą kłosów. Na uzyskane wyniki miała jednakże znaczny wpływ niska obsada roślin pszenicy twardej na poletkach oraz późny termin kwitnienia większości genotypów. Zależność nasilenia fuzariozy kłosów od terminu kwitnienia była istotna statystycznie. Większość badanych genotypów pszenicy twardej wykazała wysoką odporność

na rdzę żółtą. Wzorcowa odmiana Komnata była natomiast bardzo silnie porażona przez grzyb *Puccinia striiformis*.

Prowadzono selekcję 661 linii pszenicy ozimej (F2, F4, F6), 55 linii pszenicy jarej (F7), 20 linii podwojonych haploidów pszenicy jarej uzyskanych z krzyżówek odmian pszenicy ze genotypami odpornymi na fuzariozę kłosów. Linie wybierano na podstawie odporności na fuzariozę kłosów i inne choroby (mączniak prawdziwy, rdza brunatna) oraz wczesność i długość słomy. Do dalszych badań wybrano 265 linii pszenicy ozimej, 9 linii pszenicy jarej oraz 4 linie DH pszenicy jarej.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 4.

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

Kierownik projektu: prof. dr hab. E. Arseniuk

Prace realizowano w laboratoriach i na polach Pracowni Hodowli Odpornościowej IHAR w Radzikowie, a także w siedmiu punktach doświadczalnych w terenie.

Materiałami roślinnymi użytymi do wytworzenia linii DH w 2010 r. było 151 rekombinacyjnych linii mieszańców pszenicy.

Z linii, z których uzyskano powyżej 100 ziarniaków, 90 ziarniaków pozostawiono w PHO Zakładu Fitopatologii IHAR-Radzików i wysiano jesienią 2009r. Doświadczenie wykonano w trzech powtórzeniach. Poletka inokulowano 3-krotnie w ciągu sezonu zawiesiną zarodników *S. nodorum*. Poletka kontrolne chroniono Tiltiem 250 EC (0,1% s.a. – propikonazol). Parametry oceniane w doświadczeniu to: wczesność roślin, wysokość roślin oraz wielkość porażenia w skali od 1 do 9 (gdzie 1 oznacza rośliny podatne, a 9 odporne). Stopień porażenia liści oceniano sześciokrotnie natomiast kłosów pięciokrotnie w tygodniowych odstępach czasu aż do zamierania roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności badanych obiektów pszenicy ozimej na *S. nodorum*:

W żadnym z doświadczeń nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem, zarówno w przypadku liści jak i kłosów.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy pierwszej serii:

Sześć obiektów wykazało się wyższą odpornością liści zaś jeden obiekt charakteryzował się wyższą odpornością kłosów od wzorców. Istotność współczynników korelacji wskazuje, że odporność na *S. nodorum* plew badanych obiektów była skorelowana z wysokością rośliny oraz w mniejszym stopniu z wczesnością.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy drugiej serii:

Dwadzieścia dziewięć obiektów charakteryzowało się wyższą odpornością liści natomiast siedem linii charakteryzowało się wyższą odpornością plew od odmian wzorcowych. Stwierdzono statystycznie istotną zależność między odpornością liści i plew na *S. nodorum* a wczesnością, oraz odpornością plew a wysokością.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pierwszego roku doświadczenia:

Dwie linie DH uzyskały większą lub równą odporność liści niż wzorzec Muszelka. Cztery linie DH charakteryzowały się wyższą odpornością niż wzorzec Tonacja. Odporność na *S. nodorum* plew badanych obiektów była zależna od wysokości rośliny.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH drugiego roku doświadczenia:

Żadna z linii DH nie wykazała większej odporności liści oraz kłosów niż odmiany wzorcowe. Tak dla liści, jak i plew stwierdzono statystycznie istotną korelację odporności na *S. nodorum* z wysokością roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH wysiewanych ręcznie:

Żadna z linii DH nie wykazała większej odporności liści niż odmiany wzorcowe. Dziewięć linii charakteryzowało się odpornością plew wyższą niż wzorzec. Stwierdzono korelację odporności plew na *S. nodorum* z wysokością roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności obiektów pszenicy ozimej z DW I i II serii zebrane w punktach doświadczalnych:

Szereg linii charakteryzowało się wyższą odpornością liści w porównaniu z odmianami wzorcowymi. Współczynniki korelacji Pearsona dają podstawę do stwierdzenia, że warunki środowiska istotnie modyfikowały odporność badanych obiektów na *S. nodorum*.

Wnioski

- 1) Wyniki uzyskane w IHAR Radzików są średnią 6 ocen dla 3 powtórzeń przeprowadzanych w równych odstępach czasowych, dają to najbardziej miarodajny obraz stopnia porażenia oraz dynamiki rozwoju choroby, co jest zgodne z międzynarodowymi standardami.
- 2) Współczynniki korelacji Pearsona wyników z różnych środowisk dają podstawę do stwierdzenia, że warunki poszczególnych środowisk istotnie modyfikowały reakcje badanych obiektów pszenicy na *S. nodorum*.
- 3) Uzyskano linie pszenicy ozimej odporniejsze na *S. nodorum* pod względem odporności liści i plew od krótkostłonej wzorcowej odmiany Muszelka.
- 4) Uzyskane wyniki wskazują, iż technika podwojonych haploidów poszerza zakres zmienności genetycznej, a tym samym zwiększa prawdopodobieństwo uzyskania linii o wyższej odporności na *S. nodorum* w porównaniu z hodowlą prowadzoną tradycyjną metodą rekombinacyjną.

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 tritici*) w pszenicy oz.

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

Zadanie 1. Połączenie w jednym genomie pszenicy, dwóch genów odporności na rdzę brunatną - Lr41 i mączniaka prawdziwego - Pm21.

Kontynuowano badania nad połączeniem w jednym genomie pszenicy heksaploidalnej genów warunkujących efektywną odporność na rdzę brunatną i mączniaka prawdziwego oraz określeniem ich ekspresji w różnych warunkach środowiska. Do badań wykorzystano linię KS90WGRC10 z genem Lr41 pochodzącym z diploidalnej dzikiej pszenicy *Triticum tauschii*, jako źródło odporności na mączniaka prawdziwego zastosowano linię translokowaną 6VS/6AL Yangmai5 z dominującym genem Pm21 pochodzącym od dzikiego gatunku *Dasypyrum villosum*. Dawcami wysokiej wartości gospodarczej są odmiany pszenicy ozimej, jednak podatne na rdzę brunatną i mączniaka prawdziwego: PBIS 01/1024, Nadobna, Lexus, RAH979, Alcazar, Trend, 44597AT, Turkis, Rapsodia, Boomer.

Do wykrywania obecności przenoszonych genów odporności w badanych populacjach mieszańcowych zastosowano markery molekularne SSR: Gdm35, Barc124, Gwm210, Gwm261, Gwm296 dla genu Lr41 i specyficzny marker PCR - NAU/xibao15.

Doświadczenie prowadzone było w warunkach szkółki polowej w Radzikowie. Przeprowadzono analizę fenotypową na podstawie której, do analizy molekularnej wybrano z dwóch miejscowości łącznie 774 roślin. Wyselekcjonowano 70 roślin, u których potwierdzono obecność w jednym genotypie wprowadzonych dwu genów odporności. W szkółce polowej, do dalszych badań wysiano 70 linii F₄ odpornych na oba patogeny.

Zadanie 2. Poszukiwanie nowych źródeł odporności.

W warunkach kontrolowanych oceniono odporność, wg danych literaturowych nowych źródeł odporności, 5 na rdzę brunatną i 5 na mączniaka. Oceniono efektywność genów: Lr46, Lr47, Lr50 i Lr55 odporności na rdzę brunatną. Na 6 użytych w badaniach izolatów, linie z genem Lr41, Lr47 i Lr55 wykazały wysoką odporność. Uwzględniając wyniki wcześniejszych badań z innym zestawem izolatów o odmiennej patogeniczności, geny Lr41, Lr47 i Lr55 można uznać za dobre źródła odporności do wykorzystania w hodowli pszenicy.

Kontynuowano ocenę nowych źródeł odporności na mączniaka z genami Pm21, Pm22, Pm29, Pm34 i Pm35 w stosunku do 14 izolatów o zróżnicowanej patogeniczności do zestawu odmian testowych. Na podstawie wyników z 2010 roku i wcześniejszych badań, można przyjąć, że geny Pm21, Pm29 i Pm34 są wysoce odporne na mączniaka i mogą być wykorzystane, jako źródła odporności na mączniaka w hodowli pszenicy

Zadanie 3. Ocena linii w różnych środowiskach.

W 7 miejscowościach oceniono odporność na rdzę brunatną i mączniak po 179 - 220 linii pszenicy ozimej pochodzących z 5 kombinacji krzyżowań zbieżnych z genami Lr41 i Pm21, wnoszących wysoką odporność, odpowiednio na rdzę brunatną i mączniaka. W siedmiu miejscowościach, w różnej liczbie w poszczególnych kombinacjach krzyżówkowych, wyodrębniono linie odporne równocześnie na oba patogeny. Łącznie w badanym materiale były 573 takie linie.

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 hab. P. Czembor prof. nadzw. IHAR-PIB

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. Donorami wprowadzanych genów są odmiany Scarlet i Sumai3.

W roku 2010 wykonano selekcję wspomaganą markerami molekularnymi na dwóch populacjach F_1BC_1 otrzymanych wg formuły:

$[(Scarlet \times Muszelka) \times (Sumai3 \times Muszelka)] \times Muszelka$ (populacja A)

$[(Scarlet \times STH537) \times (Sumai3 \times STH537)] \times STH537$ (populacja B)

W populacji A, spośród 519 roślin, wybrano 14, które zawierały allele loci SSR sprzężonych z wprowadzanymi genami i wykorzystano je do uzyskania pokolenia F_1BC_2 (krzyżowanie wypierające z odmianą Muszelka) oraz F_2BC_1 (samozapylenie). W przypadku populacji B po analizie molekularnej 559 roślin wybrano 16, które również posłużyły do otrzymania pokolenia F_1BC_2 (krzyżowanie wypierające z odmianą STH537) oraz F_2BC_1 (samozapylenie).

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 perspektywicznych form i różnych genotypów pszenicy ozimej. Materiał badawczy stanowiły perspektywiczne formy pszenicy ozimej z doświadczeń wstępnych 2009/10 - łącznie 130 obiektów wraz z wzorcami: Bogatka, Muszelka, Tonacja oraz z wzorcami wrażliwości Alcedo, i Michigan Amber. Ponadto w badaniach wzięło udział 295 rodów pszenicy ozimej pochodzących z 5 różnych, geograficznych rejonów uprawy: Antoniny, Choryń, Polanowice, Smolice, Strzelce. Ogółem w roku sprawozdawczym przebadano 425 genotypów pszenicy ozimej. Jesienią 2009 roku w Grodkowicach i w Krzeczowicach wysiano wymieniony wyżej materiał badawczy w jednym powtórzeniu po 2 rządki. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono w Grodkowicach w polu sztuczną inokulację rdzą brunatną wszystkich biorących udział w doświadczeniu genotypów pszenicy. Rośliny inokulowano przez oprysk zawiesiną uredospor - mieszaniną patotypów *Puccinia triticina* w stadium przed kłoszeniem. Ocenę porażenia rdzą brunatną genotypów pszenicy przeprowadzono w Grodkowicach i w Krzeczowicach 3-krotnie w równych odstępach czasu w oparciu o powszechnie stosowaną wizualną skalę 9-cio stopniową. W celu dokładniejszego określenia poziomu odporności badanych genotypów na rdzę brunatną, ocenę porażenia przekształcono w skalę określającą średni procent porażenia roślin, a poziom odporności oceniano wyliczając powierzchnię pod krzywą rozwoju choroby stosując współczynnik AUDPC, niższa wartość AUDPC oznacza większą odporność na rdzę. Dla zbadania zróżnicowania genotypów pod względem odporności określono współczynniki zmienności CV %. W omawianym roku badań obserwowano silne nasilenie rdzy brunatnej w Krzeczowicach. Na rozwój rdzy duży wpływ miały sprzyjające warunki pogodowe. Warunki klimatyczne w roku bieżącym w Grodkowicach nie były

sprzyjające dla rozwoju rdzy i mimo zastosowania sztucznego zakażenia nie obserwowano zróżnicowanej reakcji pszenicy na porażenie. Spośród 130 perspektywicznych form, 27 odznaczało się wysokim poziomem odporności polowej, niską wartością krzywej rozwoju choroby AUDPC w czasie całego okresu wegetacyjnego, średnią odporność, notowano u 51 form. Wartość współczynników zmienności dla rodów w Krzeczowicach i Grodkowicach wynosiła 30,0 i 16,0% odpowiednio. W grupie 295 badanych genotypów z 5 rejonów uprawy wysoką odporność polową notowano u 91 genotypów. Liczba materiału do badań nie była jednakowa z poszczególnych rejonów, jednak z każdego rejonu wyodrębniono formy o wysokiej odporności na *Puccinia triticina*.

Podsumowując należy podkreślić, że przebieg rozwoju rdzy brunatnej w roku bieżącym w Grodkowicach był zdecydowanie inny niż w 2-ach poprzednich latach prowadzenia badań. Warunki pogodowe nie pozwoliły na pełny rozwój rdzy w trakcie przebiegu doświadczeń (mimo stworzenia prowokacyjnych warunków dla jej epidemicznego rozwoju) a co za tym idzie na zróżnicowanie materiału. Natomiast w doświadczeniu w Krzeczowicach, w sprzyjających warunkach dla rozwoju choroby, badane genotypy okazały się materiałem o dużym zróżnicowaniu, znacznie różniły się pod względem odporności. Przeprowadzona ocena materiału badawczego w tej miejscowości pozwoliła na wyodrębnienie, spośród zaawansowanych rodów z doświadczeń wstępnych, 23 genotypów pszenicy o wysokim poziomie odporności polowej. Genotypy te odznaczały się wysoką odpornością również w innych doświadczeniach polowych prowadzonych w kraju, zatem mogą stanowić interesujący materiał jako źródła odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina*.

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: dr inż. P. Szecówka

W celu realizacji tematu założono i prowadzono doświadczenia hodowlane pszenicy jarej i ozimej w pięciu polowych punktach doświadczalnych w terenie. W doświadczeniach wykorzystano linie, mieszańce, rody i odmiany wzorcowe charakteryzujące się wysoką stabilnością pod względem cech rolniczo-użytkowych.

Pozyskane ziarno zostało poddane ocenie wartości technologicznej. Przeprowadzona ocena jest zgodna z powszechnie stosowaną metodyką COBORU. W jej ramach wykonano oznaczenie cech technologicznych ziarna i mąki takich jak: liczba sedymentacji z SDS, liczba opadania, procentowa zawartość białka w suchej masie ziarna, wydajność mąki ogółem, zawartość glutenu mokrego i index gluten. W ramach cech określających wartość technologiczną ciasta i pieczywa dokonano oznaczenia parametrów reologicznych: wodochłonność mąki, czas stałości, liczba jakości, rozmiękczenie, energia ciasta, oraz jakość próbnego wypieku laboratoryjnego określanego objętością i jakością miększu jako Liczba Wartości Chleba (L.W.CH). Łączna ocena składała się z trzynastu cech parametrów jakościowych pszenicy.

W roku sprawozdawczym przebadano łącznie 422 obiekty pszenicy ozimej (linie, formy i odmiany wzorcowe) oraz 81 obiektów pszenicy jarej. Analizy skrócone według czterech cech jakościowych: LS z SDS, L.O., zawartość białka (%) w s.m. i wydajność mąki ogółem wykonano łącznie dla 295 obiektów w tym: dla pszenicy ozimej - 248 obiektów, dla pszenicy jarej - 47 obiektów.

Pełna ocena technologiczna uwzględniająca 12 cech oceny przydatności technologicznej wykonana została dla 174 obiektów pszenicy ozimej oraz 34 obiektów pszenicy jarej. Wyniki oceny badanych obiektów porównywane były do wzorców: Tonacja dla pszenicy ozimej oraz Tybalt dla pszenicy jarej. Wśród badanych cech we wszystkich obiektach największą zmienność zaobserwowano dla następujących cech: czas stałości, Liczba jakości, rozmiękczenie oraz energia ciasta. Najmniejszą zmiennością charakteryzowały się cechy: procentowa zawartość białka w suchej masie, wodochłonność, wydajność mąki oraz objętość próbnego wypieku laboratoryjnego.

Wśród przebadanych rodów pszenicy ozimej jeden zaliczony został do grupy E, 36 rodów uzyskało grupę wartości technologicznej A, 45 rodów grupę wartości B, a 32 rody grupę wartości C. Łącznie zostało przebadanych 114 rodów pszenicy ozimej.

Wśród badanych form pszenicy jarej do grupy A zaliczono 11 rodów, do grupy B - 14 rodów, do grupy C - 4 rody. Łącznie przebadanych zostało 29 rodów.

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

Wykonano 94 doświadczenia polowe w 80 miejscowościach. W doświadczeniach badano zmienność plonów i 151 cech dla na 596 obiektach pszenicy ozimej i jarej, pszenżyta ozimego, żyta ozimego, jęczmienia ozimego i jarego i owsa. Na podstawie zebranych obserwacji polowych i laboratoryjnych wykonano analizy statystyczne obejmujące analizy wariancji plonowania i cech badanych odmian. Plon ujęty został syntetycznie. Wykonano łączną analizę wariancji dla plonu. Zestawiono plony obiektów w miejscowościach (w dt/ha), uszeregowano je wg średniego plonu. Obliczono średnie wartości dla miejscowości i średnie dla obiektów wzorcowych, współczynniki zmienności, współczynniki zgodności plonu, oceny istotności NIR (0,05) oraz NIRP(%), odchylenia plonów od średniej wartości wzorcowych odmian, odchylenia plonów w procentach średniej wartości wzorca. Po wykonaniu tych analiz dla każdego gatunku zestawiono w tabelach zbiorczych wartości cech w miejscowościach i średnie obiektów, średnie z miejscowości oraz średnie obiektów wzorcowych z miejscowości i odchylenia od wzorca. Przeprowadzono obliczenia statystyczne obejmujące analizę zmienności i genetycznego uwarunkowania badanych cech dla wszystkich gatunków, analizę korelacji dla cech owsa i żyta, wieloczynnikową analizę wariancji dla czynników wpływających (objaśniających) mrozoodporność i przezimowanie pszenicy ozimej. Kolejne analizy są w trakcie wykonywania.

Najważniejsze wnioski i osiągnięcia:

Pomimo niesprzyjających w br. warunków (katastrofalne opady atmosferyczne) udało się wykonać zaplanowany zakres prac polowych dla pszenicy ozimej i jarej, pszenżyta ozimego, żyta ozimego, jęczmienia ozimego i jarego oraz owsa jarego.

Przeprowadzona analiza statystyczna dla wyników plonowania i obserwacji pozostałych cech botanicznych i rolniczych ujawniła wysoką precyzję doświadczeń co umożliwiło przystąpienie do opracowania zaplanowanej w harmonogramie analizy zmienności fenotypowej i genotypowej badanych obiektów.

Najwyższą zmiennością pod względem plonowania charakteryzowały się obiekty pszenżyta ozimego a ze zbóż jarych owsa nagoziarnistego. Dla wszystkich zbóż stwierdzono wysoką zmienność genotypowo-środowiskową dla wylegania, porażenia mączniakiem i rdzą brunatną, niską zaś dla wczesności kłoszenia, masy 1000 ziaren i cech jakościowych ziarna; zawartości skrobi i białka.

Stwierdzono u wszystkich badanych gatunków zbóż silne genetyczne uwarunkowanie plonu ziarna z poletka. Zatem cecha ta okazała się stabilną, nie ulegającą zmiennym wpływom środowiska. Oznacza to, że poziom plonowania zależał u badanych obiektów zbóż w większym stopniu od właściwości genetycznych badanych obiektów niż czynników środowiska.

Wieloczynnikowa analiza wariancji ujawniła również istotny statystycznie wpływ genotypów oraz ich pochodzenia (źródła hodowli) na wysoką mrozoodporność i zimotrwałość.

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

Badania nad strukturą genetyczną populacji mieszańcowych w 2010 roku realizowano na podstawie analizy białek HMW gluteninowych 614 rodów pszenicy jarej i 2333 rodów pszenicy ozimej, przy użyciu metody elektroforezy na żelu poliakryloamidowym z dodatkiem SDS (SDS-PAGE). W grupie rodów pszenicy jarej obserwowano trzy alleliczne warianty dla chromosomu 1A (Glu A1: 1, 2 i null), osiem dla chromosomu 1B (Glu B1: 7, 14+15, 17+18, 6+8, 7+8, 7+8*, 7+9

i 7+9*) oraz dwa dla chromosomu 1D (Glu D1: 2+12 i 5+10). Wśród rodów pszenicy ozimej chromosom 1A warunkuje również syntezę trzech wariantów białkowych (Glu A1: 1, 2 i null), chromosomom 1B – dziesięciu (Glu B1: 7, 8, 20, 17+18, 6+7, 6*+7, 6+8, 7+8, 7+8* i 7+9) natomiast chromosom 1D – dwóch par podjednostek (Glu D1: 2+12 i 5+10). Porównując strukturę genetyczną populacji pszenicy jarej i ozimej pod względem alleli w locus Glu A1 stwierdzono zależność dotyczącą alleli w locus Glu A1 – znaczną (niemal dwukrotną) przewagę ilościową podjednostki Glu A1-1 nad jej allelicznym wariantem Glu A1-null obserwowaną u form jarych i odwrotną zależność u form ozimych. Analiza zmienności populacji mieszańcowych na przestrzeni trzech lat badań pozwala stwierdzić znaczące różnice częstotliwości dla niektórych alleli Glu A1 oraz Glu B1 w populacji pszenicy jarej i znacznie większą stabilność genetyczną tej populacji pod względem locus Glu D1. W przypadku pszenic ozimych stwierdzono znacznie większą stabilność genetyczną alleli gluteninowych dla wszystkich trzech loci Glu 1 niż u pszenic jarych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 17.

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

Kierownik projektu: dr hab. I. Kolasińska prof. nadzw. IHAR-PIB

W sezonie 2009/2010 kontynuowano poszukiwanie nowych efektywnych restorerów płodności dla CMS-Pampa, zarówno wśród genotypów żyta wyprowadzonych z polskich populacji, jak również wśród genotypów wytworzonych z udziałem miejscowych populacji tureckich. Ocena męskiej płodności mieszańców testowych pochodzących z krzyżowania 614 genotypów żyta wyprowadzonych z polskich odmian i rodów z CMS testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt) wykazała, że 10,3% spośród tych genotypów charakteryzowała się zadawalającą, a tylko 2,1% pełną zdolnością restoracji. Przeważająca większość (79,2%) tych linii słabo przywróciła płodność, a niektóre z nich (12,1%) w ogóle nie przywracały płodności mieszańcom. W grupie 130 genotypów wyprowadzonych z miejscowych populacji tureckich zidentyfikowano znacznie więcej pełnych restorerów niż wśród linii wyprowadzonych z polskich populacji żyta. Genotypy o indeksie restoracji wynoszącym ponad 70% stanowiły 82,3% ogólnej liczby badanych, a frekwencja pełnych restorerów ($IR=100\%$ i $\%mf=100$) wynosiła 50%. Najlepsze restorery mogą być wykorzystane w badaniach genetycznych oraz jako donory genów przywracających płodność w dalszych pracach nad ulepszaniem tej cechy.

Ocena męskiej płodności mieszańców uzyskanych poprzez krzyżowanie 57 linii męskosterylnych z restorerami w warunkach tuneli foliowych oraz w warunkach polowych trzech miejscowości umożliwiła poznanie zróżnicowania linii P pod względem wpływu na poziom płodności mieszańców. Stwierdzono duże zróżnicowanie linii męskosterylnych pod tym względem, gdyż indeks restoracji ich mieszańców z populacją 18R mieścił się w szerokich granicach od 7,4 do 85,9%. Spośród ocenianych linii męskosterylnych wyodrębniono linie łatwe (14%), pośrednie (68,5%) i trudne (17,5%) do przywrócenia męskiej płodności. Poznanie zróżnicowania linii męskosterylnych pod tym względem pozwoli na odpowiednie wykorzystanie ich w badaniach genetycznych oraz w pracach nad identyfikacją efektywnych restorerów i tworzeniem płodnych mieszańców żyta.

Do badań genetycznych wybrano kilka pełnych restorerów tj. 4 linie spośród grupy genotypów wytworzonych z udziałem miejscowych odmian tureckich oraz 2 linie wsobne wyprowadzone z polskich populacji. Przeprowadzono krzyżowanie tych restorerów z linią męskosterylną trudną do przywrócenia płodności (343P), a następnie ocenę płodności/sterylności poszczególnych roślin pokolenia F_1 . Ponadto wykonano samozapylenie pojedynczych płodnych roślin pokolenia F_1 w/w mieszańców. W tym roku oceniono płodność/sterylność 2110 roślin pokolenia F_2 14 potomstw poprzez wizualną bonitację pylników w skali 1–9° (Morgenstern, 1983). Zgodność obserwowanych segregacji płodności/sterylności roślin pokolenia F_2 z zakładanymi modelami dziedziczenia sprawdzano za pomocą testu χ^2 . Wstępne wyniki badań nad genetycznym uwarunkowaniem przywracania płodności w cytoplazmie Pampa wskazują na prostszy sposób dziedziczenia tej cechy u genotypów wyprowadzonych z udziałem miejscowych populacji tureckich niż u linii wsobnych

wyprowadzonych z polskich populacji żyta. Konieczne są dalsze prace nad poznaniem genetycznego uwarunkowania tej cechy.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 18.

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

Kierownik projektu: dr hab. I. Kolańska prof. nadzw. IHAR-PIB

Badano zdolność kombinacyjną kilku grup genotypów żyta pod względem ważnych cech użytkowych w zróżnicowanych warunkach środowiska. Materiał badawczy stanowiły zróżnicowane komponenty mateczne (męskosterylne mieszańce pojedyncze, w skrócie CMS-SC), zróżnicowane populacje ojcowskie oraz wytworzone z ich udziałem mieszańce eksperymentalne. Przeprowadzono ocenę różnego typu trójkomponentowych mieszańców pokolenia F₁: 105 mieszańców wytworzonych w wyniku krzyżowania w układzie czynnikowym zróżnicowanych męskosterylnych komponentów matecznych (CMS-SC) z populacjami ojcowskimi, 66 mieszańców uzyskanych poprzez krzyżowanie męskosterylnych komponentów matecznych oraz populacji ojcowskich z odpowiednimi testerami w układzie topcross.

Doświadczenia polowe założono metodą bloków niekompletnych w trzech zróżnicowanych warunkach środowiska i w trzech powtórzeniach, powierzchnia poletek - 5 m², gęstość siewu - 250 lub 300 kiełkujących ziaren na 1m². Oceniano ważne cechy użytkowe tj: plon ziarna (dt/ha), wysokość roślin (cm), termin kłoszenia (liczba dni od 1.05), intensywność pylenia (skala 1-9°), porażenie chorobami (skala 1-9°) – pleśń śniegowa, mączniak prawdziwy, rdza brunatna, wyleganie (skala 1-9°), masa 1000 ziaren (g). Przeprowadzono obliczenia statystyczne obejmujące ogólną analizę wariancji, analizę zdolności kombinacyjnej badanych genotypów, oszacowanie średnich efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) komponentów matecznych i ojcowskich oraz efektów swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) par rodzicielskich i dodatkowo efektów GCA genotypów w każdej z miejscowości. Ponadto określono interakcje efektów GCA matek i GCA ojców oraz efektów SCA ze środowiskiem.

Niektóre doświadczenia przeprowadzone w sezonie 2009/2010 były mniej precyzyjne niż w poprzednich latach ze względu na silne porażenie pleśnią śniegową oraz wczesne wyleganie spowodowane silnymi burzami. Spośród pięciu grup genotypów badanych w 5 doświadczeniach najwięcej informacji uzyskano o wartości komponentów rodzicielskich, których mieszańce oceniono w najbardziej precyzyjnych doświadczeniach D01_10 i D03_10. Analiza wariancji D01_10 wykazała istotne zróżnicowanie obiektów oraz istotną zmienność wariancji GCA komponentów matecznych i ojcowskich pod względem plonu ziarna, intensywności pylenia i porażenia rdzą brunatną. Natomiast zmienność wariancji GCA matek i ojców dla porażenia pleśnią śniegową, wylegania i masy 1000 ziaren najczęściej była istotna tylko w jednej z miejscowości. Wariancja SCA okazała się istotna tylko dla intensywności pylenia w dwóch miejscowościach oraz dla plonu, wczesności kłoszenia, porażenia pleśnią śniegową i rdzą brunatną w jednej z miejscowości. W doświadczeniu D03_10 stwierdzono istotne zróżnicowanie mieszańców oraz istotną zmienność GCA matek i GCA ojców dla wszystkich cech. Wariancja SCA okazała się istotna dla większości cech w co najmniej dwóch miejscowościach. Wariancja SCA stanowiła najmniejszy udział w zmienności genetycznej masy 1000 ziaren i wczesności kłoszenia. Oszacowanie efektów GCA komponentów matecznych i ojcowskich oraz ich interakcji ze środowiskiem umożliwiło poznanie ich wpływu na wartość cech tworzonych z ich udziałem kombinacji mieszańcowych. Stwierdzono, że w zmienności genetycznej większości cech użytkowych u trójkomponentowych mieszańców żyta główną rolę odgrywała ogólna zdolność kombinacyjna. Zmienność swoistej zdolności kombinacyjnej była znacząca tylko w niektórych grupach genotypów i dla niektórych cech użytkowych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 20.

Tytuł projektu: Identyfikacja efektywnych genów odporności żyta na patogeny.

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

W warunkach kontrolowanych (fitotron i szklarnia) oceniono reakcję 70 odmian na zakażenie 5 populacjami, odpowiednio rdzy i mączniaka żyta wyodrębnionymi z porażonych roślin zebranych w 2009 roku w: Bąkowie, Smolicach, Nagradowicach, Radzikowie i Seroczynie.

Reakcja badanych odmian na zakażenie poszczególnymi izolatami rdzy była zróżnicowana. Od podatnych na wszystkie użyte w badaniach izolaty do częściowo odpornych, tj., heterogenicznych – w ocenianych próbach 20 do 30 roślin zakażanych, występowały rośliny podatne i odporne. Ten sam zestaw 35 odmian oceniono pod względem reakcji na zakażenie 5 izolatami mączniaka. Wśród ocenianych odmian większość była podatna na użyte w badaniach izolaty, kilka charakteryzowało się heterogeniczną reakcją: 0 i 4, 2 i 4. Wyróżniającą się pod względem odporności odmian jest CHD RM 37, która jest wysoce odporna na użyte w badaniach izolaty.

Oceniono 41 odmian zarejestrowanych w Polsce (Lista Opisowa Odmian, 2008) na zakażenie populacją rdzy i mączniaka żyta. Wśród badanych odmian, tylko dwie mieszańcowe były częściowo odporne na mączniak, pozostałe były podatne. Większość ocenianych odmian charakteryzowała się heterogeniczną odpornością na rdzę. Trzy odmiany: Bosmo, Dańkowskie Żłote i Gotor wykazywały heterogeniczną odporność wszystkie użyte w badaniach izolaty rdzy.

Dokończono ocenę 1931 odmian żyta z aktywnej kolekcji Banku Genów IHAR na zakażenie populacją rdzy żyta (w tym 400 odmian oceniono w 2009 roku). Wśród ocenianych odmian wyodrębniono 36, w których stwierdzono występowanie roślin odpornych i podatnych. Rośliny odporne, po 5 z każdej odmiany poddano samozapyleniu w celu uzyskania linii wsobnych odpornych na rdzę. Większość roślin okazała się w wysokim stopniu samoniezdalna. Nasiona pokolenia S₂ uzyskano dla trzech odmian ozimych i czterech jarych

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 22.

Tytuł projektu: Badania nad optymalizacją otrzymywania podwojonych haploidów żyta.

Kierownik projektu: prof. dr hab. J. Zimny

Celem prac prowadzonych w roku 2010 było zbadanie zdolności do androgenezy 21 linii żyta. Zaobserwowano indukcję kalusa u 17 z 21 badanych genotypów. Poszczególne linie wykazują silne zróżnicowanie pod względem adrogenicznej reakcji w kulturach tkankowych. Z dziesięciu linii udało się zregenerować rośliny. Jedna z linii wykazywała wyjątkową dla żyta efektywność androgenezy co zaowocowało uzyskaniem 1261 kalusów i 146 regenerantów. Rozwijające się rośliny zostały przeniesione do kolb Erlenmayera, a po ukorzenieniu do doniczek z substratem glebowym. W sumie uprawiamy 255 zregenerowanych roślin z ośmiu genotypów. Rośliny te będą poddane zabiegowi kolchicynowania, przeniesione do wiader i umieszczone w szklarni gdzie będą rosły do dojrzałości.

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 hab. P. Bednarek prof. nadzw. IHAR-PIB

Celem projektu jest identyfikacja markerów molekularnych genów przywracania płodności pyłku u żyta ozimego z cytoplazmą sterylizującą Pampa, określenie lokalizacji tych markerów na mapie genetycznej żyta oraz lokalizacja genów przywracania płodności pyłku występujących w źródłach europejskich oraz egzotycznych.

Wykorzystując linie dopełniające oraz pojedyncze rośliny form restorerowych wyprowadzane są linie rekombinacyjne żyta. Wyprowadzono szereg populacji mapujących pokolenia F₂ z cms Pampa.

Opracowano szereg map genetycznych żyta ozimego z cms P. Mapy zostały zagęszczone markerami DArT. Opracowano mapę konsensusową stosując oprogramowanie firmy Diversity Arrays Technology Pty Ltd. Wykonano zestawienie mapy konsensusowej opracowanej tym

oprogramowaniem dla markerów DArT oraz mapy opracowanej dla jednej z populacji pokolenia F₂ z uwzględnieniem faz. Określono współczynniki korelacji pomiędzy mapami poszczególnych chromosomów oraz pomiędzy markerami map dla poszczególnych chromosomów żyta.

W oparciu o informacje o płodności pyłku roślin populacji mapujących oraz mapy genetyczne tych populacji przeprowadzono analizę mającą na celu identyfikację występowania cech ilościowych. Prezentowane dane wykreślono z wykorzystaniem oprogramowania QTL Cartographer. W zależności od populacji mapującej geny odpowiedzialne za przywracanie płodności pyłku u żyta ozimego z cms P lokalizują się na 1R, 3R, 4R i 5R.

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 było wyodrębnienie źródeł odporności na rdzę brunatną *Puccinia triticina*, rdzę żółtą *Puccinia striiformis* i mączniaka *Blumeria graminis* spośród perspektywicznych genotypów pszenżyta ozimego.

Przedmiotem badań były rody pszenżyta ozimego o normalnej długości z doświadczeń wstępnych 2009/10 – 55 obiektów wraz z wzorcami Algos, Grenado i Moderato oraz 80 genotypów pochodzących z 3-ch rejonów uprawy: Borowo, Małyszyn, Szelejewo. Ogółem w roku sprawozdawczym przebadano 135 genotypów pszenżyta ozimego. Jesienią 2009 roku w Grodkowicach i Krzeczowicach wysiano materiał badawczy wraz z wzorcami wrażliwości: Lamberto i Marko.

Odporność genotypów pszenżyta na wymienione patogeny badano w stadium siewki i w stadium rośliny dorosłej w polu: w warunkach sztucznej inokulacji i w warunkach naturalnej infekcji. W szklarni siewki zakażano mieszaniną izolatów rdzy brunatnej *P. triticina*, rdzy żółtej *P. striiformis* i mączniaka *B. graminis* pochodzących z pszenicy i pszenżyta. Przeprowadzono w Grodkowicach w polu sztuczną inokulację rdzą brunatną i rdzą żółtą roślin poszczególnych genotypów pszenżyta. Ocenę porażenia form pszenżyta rdzą brunatną, żółtą i mączniakiem przeprowadzono 3-krotnie w odstępach 2-tygodniowych w oparciu o powszechnie stosowaną wizualną skalę 9-cio stopniową. W celu dokładniejszego określenia poziomu odporności na rdzę brunatną i mączniaka badanych genotypów, ocenę porażenia przekształcono w skalę określającą średni procent porażenia roślin, a poziom odporności oceniano wyliczając powierzchnię pod krzywą rozwoju choroby stosując współczynnik AUDPC, niższa wartość AUDPC oznacza większą odporność. Dla zbadania zróżnicowania genotypów pod względem odporności określono współczynniki zmienności (CV %).

Wyniki oceny 55 form pszenżyta ozimego z doświadczeń wstępnych pod względem odporności w stadium siewek na populację *P. triticina* pochodzącą z pszenżyta wskazują na znaczną wrażliwość badanych form, 11 form charakteryzowało się odpornością, podczas gdy 37 wykazało odporność na populację rdzy pochodzącą z pszenicy. Odporność w stadium siewek na obie populacje *P. triticina* notowano u 10 genotypów. Przeważająca liczba rodów uległa porażeniu populacją mączniaka *B. graminis* pochodzącą z pszenżyta, zaledwie 9 odznaczało się odpornością, podczas gdy blisko połowa (26) charakteryzowała się odpornością na populację mączniaka pochodzącą z pszenicy. Odporność na obie populacje patogena notowano u 8 genotypów. Prawie wszystkie badane formy pszenżyta odznaczały się odpornością na populację rdzy żółtej w stadium siewek. Wyniki oceny 80 form pszenżyta pochodzących z 3-ch rejonów uprawy świadczą o znacznej wrażliwości tych form w stadium siewek na populacje *P. triticina* i *B. graminis* pochodzące z pszenżyta. Odporność na obie populacje rdzy brunatnej notowano u 17 genotypów. Jedynie 9 spośród 80 badanych odznaczało się odpornością na obie populacje mączniaka. Zdecydowana większość spośród wyżej wymienionych form charakteryzowała się odpornością na populacje rdzy żółtej, jedynie 7 uległo porażeniu.

Warunki klimatyczne w roku bieżącym w Grodkowicach nie były sprzyjające dla rozwoju rdzy, mimo zastosowania sztucznego zakażenia nie notowano zróżnicowanej reakcji pszenżyta na porażenie. Wartość współczynników zmienności wynosiła od 13,4 do 17,9%. Natomiast w Krzeczowicach obserwowano większe nasilenie rdzy. Obliczone współczynniki zmienności CV % 22,3 -24,6%

wskazują na pewne zróżnicowanie badanego materiału pod względem odporności na *P. triticina*. Spośród 55 form z doświadczeń wstępnych, 45 wykazało wysoką odporność. Rdza żółta *P. striiformis* na pszenżycie wystąpiła w bardzo słabym nasileniu w Grodkowicach, nie obserwowano zróżnicowania pod względem porażenia. W Krzeczowicach nie notowano wystąpienia rdzy żółtej na zasiewach pszenżyta, nawet na wzorcu wrażliwości. Mączniak *B. graminis* na pszenżycie wystąpił w znacznym nasileniu w obu miejscowościach, obserwowano zróżnicowanie badanych genotypów pszenżyta pod względem odporności. Współczynniki zmienności CV% wynosiły 25,6-29,1%. Spośród 55 form z doświadczeń wstępnych, 33 wykazało wysoką odporność na *B. graminis*. Wyniki badania 80 genotypów pszenżyta ozimego pochodzących z 3-ch rejonów uprawy pod względem odporności na rdzę brunatną wskazują, że 71% charakteryzowało się wysoką odpornością na rdzę brunatną, około 50% wykazało wysoką odporność na mączniaka. Wśród 80 badanych form z 3- rejonów uprawy 15 odznaczało się odpornością na rdzę brunatną w stadium siewek i w warunkach polowych, zaś 8 łączyło odporność na mączniaka w obu stadiach rozwojowych.

Podsumowując, należy podkreślić, że przeprowadzone badania genotypów pszenżyta pod względem odporności na rdzę brunatną i mączniaka w stadium siewek i w stadium rośliny dorosłej pozwoliły na wyodrębnienie genotypów o wysokim poziomie odporności.

Spośród zaawansowanych rodów z doświadczeń wstępnych 24 charakteryzowało się wysoką odpornością polową na rdzę brunatną, w tym u 9 odnotowano odporność w stadium siewek. Wysoką odpornością na mączniaka w warunkach polowych odznaczało się 16 genotypów, przy czym 9 łączyło odporność w obu stadiach rozwojowych. Warto zaznaczyć, że wymienione formy odznaczały się wysoką odpornością również w innych doświadczeniach polowych prowadzonych w kraju, mogą zatem stanowić interesujący materiał jako źródła odporności na rdzę brunatną *P. triticina* jak i na mączniaka (*B. graminis*)

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 Zakładu Fitopatologii IHAR Radzików oraz 6 punktach doświadczalnych w terenie. Materiałem roślinnym do wytworzenia linii DH było 75 mieszańców pszenżyta. Materiały w doświadczeniu polowym wysiano w 3 powtórzeniach. 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 rodów pszenżyta w doświadczeniu wstępnym:

Zarówno w doświadczeniu długo jak i krótkosłomym oznaczono rody odporniejsze niż odmiany wzorcowe. Nie znaleziono jednak linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie stosowanym patogenem.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pszenżyta pierwszego roku doświadczenia:

18 rodów charakteryzowało się odpornością liści większą niż wzorce, natomiast 4 większą odpornością plew. Wykazano korelację między wczesnością a odpornością liści i plew.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pszenżyta w wysiewie ręcznym:

3 obiekty wykazały odporność liści równą najodporniejszemu wzorcowi, natomiast 9 linii charakteryzowało się odpornością plew większą niż odmiany wzorcowe.

W 6 terenowych punktach doświadczalnych ocenę obiektów pszenżyta ozimego pod względem odporności na *S. nodorum* wykonano zgodnie z wyżej opisanymi procedurami. Scharakteryzowano 27 rodów pszenżyta ozimego o liściach odporniejszych niż odmiany wzorcowe. Biorąc pod uwagę wszystkie punkty badawcze najodporniejszym wzorcem pod względem liści było Moderato, podatniejszymi Grenado oraz Algozo.

Wnioski

- 1) Uzyskanie linii pszenżyta ozimego odporniejszego na *S. nodorum* od obecnych odmian wzorcowych: długosłomego Moderato i krótkosłomego Borwo w prowadzonej tradycyjnie hodowli rekombinacyjnej jest zadaniem żmudnym i czasochłonnym.
- 2) Wprowadzenie techniki podwojonych haploidów zwiększa zmienność genetyczną, a tym samym zwiększa szanse uzyskania linii o wyższej odporności na *S. nodorum* w porównaniu z hodowlą prowadzoną tradycyjnymi metodami.

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

Pszenżyto wysiane zostało w doświadczeniu polowym w Radzikowie. Materiałem infekcyjnym była mieszanina izolatów *Fusarium culmorum*. Rośliny inokulowane były przez oprysk kłosów zawiesiną zarodników w okresie pełni kwitnienia. Po wystąpieniu objawów choroby przeprowadzono ocenę nasilenia fuzariozy kłosów. Określono indeks fuzariozy kłosów pokazujący udział porażonych kłosów w ogólnej liczbie kłosów na poletku. Doświadczenie infekcyjne przeprowadzono również w warunkach częściowo kontrolowanych w tunelu foliowym z instalacją zraszającą. Rośliny w tunelu inokulowane były przez oprysk kłosów zawiesiną zarodników. Po inokulacji roślin, przez 48 godzin, utrzymywano wysoką wilgotność powietrza. Obserwacje przeprowadzono 21 dni po inokulacji. Oceniano liczbę punktów infekcji na kłosie (typ odporności 1) oraz liczbę kłosów porażonych na skutek wzrostu grzyba w kłosie (typ 2). Po zbiorze kłosów oceniono stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*.

Średnie nasilenie fuzariozy kłosów dla badanych 60 genotypów pszenżyta ozimego tradycyjnego było niskie i wynosiło 5,4%. Zakres reakcji mieścił się w granicach od 1,5 do 18,7%. Niskie porażenie kłosów pszenżyta wynikało z niekorzystnych warunków pogodowych podczas kwitnienia oraz wysokiej temperatury i suszy w kolejnych tygodniach. Spowodowało to wczesne bielenie kłosów, które uniemożliwiało przeprowadzenie wiarygodnych obserwacji. Stwierdzono istotną negatywną zależność pomiędzy wysokością roślin a nasileniem fuzariozy kłosów.

W doświadczeniu w warunkach kontrolowanych nasilenie fuzariozy kłosów było wysokie. Średnio liczba punktów infekcji (typ 1) wyniosła 2,9. Zakres zmienności cechy 1,9-4,3. Średnia liczba porażonych kłosów w danym punkcie infekcji (typ 2) wyniosła 2,0. Zakres zmienności cechy 1,3-3,0. Wyliczony z obu zmiennych indeks fuzariozy kłosów wyniósł średnio 5,7. Zakres zmienności 3,4-9,9. Nie stwierdzono korelacji pomiędzy odpornością typu 1 i 2. Średnie uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* wyniosło 30,4%. Zakres reakcji od 2,4 do 66,5%. Nie stwierdzono zależności pomiędzy odpornością typu 1 i uszkodzeniem ziarniaków. Natomiast wystąpiła dodatnia zależność pomiędzy odpornością typu 2 a uszkodzeniem ziarniaków. Jednakże współczynnik korelacji nie był istotny.

Indeks fuzariozy kłosów z doświadczenia polowego korelował istotnie z indeksem z doświadczenia w tunelu. Nie stwierdzono zależności z odpornością typu 1, natomiast odporność typu 2 korelowała istotnie z nasileniem fuzariozy kłosów w warunkach polowych.

Odporność powyższych 60 genotypów pszenżyta ozimego badano dodatkowo w doświadczeniach polowych w punktach doświadczalnych: Poznań; Borowo (woj. wielkopolskie), Dębina (woj. pomorskie), Małyszyn (woj. lubuskie). Określano indeks fuzariozy kłosów (Poznań) lub odporność w skali 1-9. Średnie nasilenie fuzariozy kłosów wyniosło w Poznaniu 13,7%. Zakres zmienności cechy 5,0-42,0%. W Borowie średnia odporność pszenżyta wyniosła 7,0. Zakres zmienności 8,5-5,0. W Dębinie 7,1. Zakres zmienności 8,7-5,2. W Małyszynie 6,5. Zakres zmienności 8,7-5,0. Znalaziono genotypy odporne o stabilnej reakcji we wszystkich (lub większości) lokalizacjach.

Porażenie kłosów 21 genotypów pszenżyta krótkosłomego było zbliżone do wartości dla pszenżyta tradycyjnego i wyniosło 5,3%, zakres reakcji 1,8-12,7%. Współczynnik korelacji wysokości roślin z nasileniem fuzariozy kłosów był istotny statystycznie. Jednakże wyróżniła się grupa genotypów o długości słomy poniżej 100 cm o odporności na poziomie genotypów wyższych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 30.

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 wyniku analizy płodności 114 mieszańców pokolenia F₁ zidentyfikowano 2 genotypy pszenżyta całkowicie dopełniających męską sterility: HT 796, LT 261. Ich mieszańce F₁ z linią męskosterylną składały się wyłącznie z roślin męskosterylnych (MS). Ponadto 2 genotypy, HT 784 i LT 272, dopełniały częściowo męską sterility, gdyż w potomstwach F₁ tych genotypów poza roślinami męskosterylnymi wystąpiły rośliny częściowo męskosterylne (PMS). Płodność pyłku przywracało 89 genotypów. 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. Średni indeks restoracji (liczba nasion przypadająca na 1 kłosek) mieszańców F₁ z liniami ojcowskimi HT wyniósł 1,19 (od 0,23 do 2,26). Średni indeks restoracji mieszańców z liniami ojcowskimi LT wyniósł 1,48 (od 0,57 do 2,16).

Analiza płodności pyłku 87 mieszańców w pokoleniu BC₁ wykazała, że 14 genotypów ojcowskich potwierdziło zdolność całkowitego lub/i częściowego dopełniania męskiej sterility: HT 662, HT 663, HT 656, HT 674, LT 189, LT 207, LT 209, LT 210, LT 212, LT 229, LT 230, LT 242, LT 244, LT 245.

Analiza 130 mieszańców pokolenia BC₂ umożliwiła potwierdzenie zdolności całkowitego lub/i częściowego dopełniania męskiej sterility przez 14 genotypów pszenżyta: HT 625, HT 628, HT 629, HT 630, HT 636, LT 167, LT 168, LT 173, LT 176, LT 178, LT 179, LT 183, LT 184, LT 192.

Pozostałe genotypy ojcowskie nie były ustabilizowane pod względem dopełniania męskiej sterility gdyż w ich potomstwach mieszańcowych BC₁ i BC₂ stwierdzono obecność zarówno roślin częściowo płodnych jak i męskopłodnych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 32.

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

Kierownik projektu: prof. dr hab. A. Anioł

Poszukiwanie cech warunkujących odporność na porastanie materiałów mieszańcowych i linii DH pszenżyta obejmowało ocenę fizjologiczną oraz prace molekularne. Ocenę odporności na porastanie linii DH pszenżyta prowadzono mierząc indeks kiełkowania ziarniaków $GI (\%) = \sum_{n=1}^{n=9} [(liczba\ skiełk.\ ziarn./n) * (100/30)]$. Wyznaczono współczynnik korelacji ($R = -0,81$) pomiędzy indeksem kiełkowania (GI) ziarniaków o wilgotności $\leq 37\%$, a porastaniem ziarna w kłosach w siódmym dniu testu indukowanego porastania (dane z Małyszyna). Indeks kiełkowania oznaczono w ziarnie 169 odmian oraz linii DH. Odmiany Algos, Atletico i Leonito charakteryzowały się niskim indeksem kiełkowania ziarniaków i przez to odpornością na porastanie, natomiast odmiany Grenado, Moderato i Pigmej charakteryzowały się wysokim indeksem kiełkowania ziarniaków, czyli podatnością na porastanie. Wśród badanych materiałów 32 linie określono jako odporne, natomiast 60 linii określono jako zdecydowanie wrażliwe, w porównaniu z odmianami pszenżyta.

Badania molekularne odporności na porastanie prowadzono w oparciu o mapę genetyczną pszenżyta skonstruowaną przez prof. Piotra Bednarka. QTL odporności na porastanie, wyrażane jako indeks kiełkowania ziarniaków (GI), zmapowano na podstawie danych zgromadzonych w latach 2005-2007. Znalaziono 11 loci GI dodatnio sprzężonych z porastaniem, na chromosomach: 1A (dwa loci), 3B, 4A, 5A (dwa loci), 5B, 6A, 6B, 7R (dwa loci) oraz 5 loci ujemnie sprzężonych z porastaniem, na chromosomach: 2A (dwa loci), 4R, 5A i 7B. Markery molekularne sprzężone z cechą będą testowane jako potencjalne markery molekularne odporności na porastanie. Przeszukując bazy danych NCBI oraz GrainGenes zlokalizowano *in silico* klony różnicowe wyodrębnione techniką cDNA-AFLP. Na

chromosomach: 1A zlokalizowano klon 14-47-4; na 2A - klon 30-71-1, który dodatkowo zlokalizowano na chromosomach 4A, 3B i 5A; na chromosomie 3B - klon 1-2-2; 6A i 6 B - klon 9-18-4; na 7A - klony 24-59-1 oraz 23-58-1; na 7B - klony 13-43-1, 31-75-1 i 23-58-1. Sekwencje różnicowe zostaną zmienione w markery molekularne.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 34.

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

Kierownik projektu: dr hab. P. Bednarek prof. nadzw. IHAR-PIB

Badania molekularne cytoplazmatycznej męskiej sterility typu *Triticum timopheevii* (T.t) upszężyta oraz nad identyfikacją markerów DNA sprzężonych z genami utrzymania sterility roślin, pomimo zaawansowanych prac hodowlanych znajdują się w fazie początkowej. W przypadku badań hodowlanych prace koncentrują się na identyfikacji sterilnych form matecznych oraz form dopełniających. Istotną rolę w takich pracach odgrywają badania taksonomiczne (molekularne) umożliwiające określenie zróżnicowania genetycznego form pszenżyta i wykorzystanie tych danych w badaniach nad heterozją.

Do badań taksonomicznych oraz do zagęszczania map genetycznych użyteczne są markery AFLP oraz markery DArT. Markery AFLP mogą pochodzić od różnych miejsc restrykcji. Może to powodować różnice w grupowaniu form metodami klasteryzacji ze względu na różnice w lokalizacji markerów na chromosomach. Również technika DArT wykorzystuje miejsca restrykcji do identyfikacji zmienności. Obie metody pozwalają na identyfikację markerów dominujących. Istotnym więc wydaje się porównanie rezultatów uzyskiwanych za pomocą metody AFLP i DArT oraz stwierdzenie, które z tych metod lepiej odzwierciedlają znane pochodzenie form pszenżyta.

Celem projektu jest zweryfikowanie przydatności różnych wariantów techniki AFLP oraz techniki DArT w badaniach taksonomicznych oraz analiza korelacji pomiędzy tymi metodami oraz ich wariantami.

W rezultacie wykonanych prac stwierdzono, że:

- Markery AFLP bazujące na endonukleazach *EcoRI/MseI* wykazały się mniejszą zdolnością dyskryminującą badanych form pszenżyta niż markery DArT. Najlepiej różnicowały badane formy markery AFLP uzyskane poprzez cięcie genomowego DNA endonukleazami *KpnI/MseI*.
- Badane systemy markerowe charakteryzują się różnym stopniem korelacji danych. Najsilniejszą korelację obserwowano pomiędzy poszczególnymi platformami AFLP i markerami DArT a najmniejszą pomiędzy markerami obu platform AFLP.
- Większa zdolność dyskryminacyjna markerów platformy AFLP bazującej na endonukleazach *KpnI/MseI* niż to ma miejsce w przypadku pozostałych markerów wykorzystanych w badaniach może być wynikiem różnic w rozkładzie miejsc restrykcyjnych w genomie pszenżyta (nie do końca równomiernym). Możliwe, że markery bazujące na *KpnI/MseI* częściej występują w obszarach presji selekcyjnej jakiej poddawane są współczesne formy pszenżyta (zależnej od miejsca ich prowadzenia/preferencji twórców itd.) niż to ma miejsce w przypadku obszarów genomu charakteryzowanych innymi markerami.
- Zastosowanie właściwej techniki markerowej bądź jej wariantu może istotnie wpływać na dobór form wyjściowych do selekcji. Wybór systemu markerowego jest kluczowym aspektem badań taksonomicznych.

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 prowadzonych badań w roku sprawozdawczym było uzyskanie czystych linii – roślin homozygotycznych pszenżyta zawierających genetyczne źródła odporności na rdzę żółtą oraz optymalizacja warunków podwajania genomu za pośrednictwem związków antymitotycznych.

W wyniku przeprowadzenia ukierunkowanych krzyżowań, wyselekcjonowano 17 genotypów, z których wyprowadzono rośliny drogą androgenezy w kulturze pylników, gdzie porównano efektywność regeneracji wytworzonych roślin. Rośliny uzyskano dla wszystkich badanych krzyżówek. Liczba zregenerowanych zielonych roślin w przeliczeniu na kłos wahała się od 2,75 do 14,5 w zależności od genotypu. Potomstwo mieszańca Grenado x BOH 1208 odznaczało się najwyższą wartością wskaźnika regeneracji zielonych roślin. Częstość pojawiania się albinosów wśród regeneratów nie przekroczyła 10%. Ocena uzyskanych linii w różnych warunkach środowiska pod względem odporności na rdzę żółtą będzie stanowiła podstawę do wyselekcjonowania materiałów do dalszych eksperymentów.

Wpływ działania związków antymitotycznych przeprowadzono w oparciu o regenerację roślin ze struktur zarodkopodobnych oraz bezpośredni ich wpływ na zregenerowane rośliny. Najwyższy wskaźnik regeneracji otrzymano po zastosowaniu trifluralinu oraz aminoprofos metylu. Stężenie herbicydów rzędu 50 μM we wszystkich badanych kombinacjach było zabójcze dla roślin pszenżyta. Najbardziej niekorzystny wpływ na rozwój roślin obserwowano po użyciu pronamidu oraz kolchicyny. Spośród wszystkich kombinacji eksperymentalnych stwierdzono następującą kolejność szkodliwości badanych związków: trifluralin 1 μM < trifluralin 10 μM < aminoprofos metyl 1 μM < aminoprofos metyl 10 μM < oryzalin 1 μM < oryzalin 10 μM < kolchicyna 313 μM < kolchicyna 625 μM < pronamid 1 μM < pronamid 10 μM . W wyniku przeprowadzonych eksperymentów zregenerowano ok. 750 linii DH, u których przy użyciu cytometru przepływowego zostanie zbadany poziom ploidalności oraz przeprowadzona ich charakterystyka na podstawie cech morfologicznych i zdolności do zawiązywania nasion.

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 ocenę fenotypową i molekularną odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) 59 linii wybranych w 2008 roku do doświadczeń w różnych warunkach środowiska. Przeprowadzone oceny wykazały, że badane linie mają gen mlo odporności na mączniaka.

W warunkach fitotronowych i szklarniowych wykonano program krzyżowań 16 linii o odporności typu Mlo z 6 odmianami jęczmienia ozimego w celu poprawienia wartości cech gospodarczych linii Mlo. Uzyskane 28 populacji mieszańcowych F₁ aktualnie są rozmnażane w szklarni.

W trzech miejscowościach oceniono wartość gospodarczą 59 linii typu Mlo, wcześniej wyselekcjonowanych w Pracowni. Na podstawie uzyskanych wyników oceny plonu, odporności na choroby, wylegania i zimotrwałości, wybrano 33 linie do dalszych badań.

W programie wprowadzania do jęczmienia ozimego genu mlo z odmian jarych, w roku 2010 w warunkach poza szkółką polową, w szklarni i fitotronie „nowe” populacje doprowadzono do pokolenia F₃, które w roku 2011 poddane zostanie selekcji metodami fitopatologicznymi i molekularnymi na odporność warunkowaną genem mlo.

W doświadczeniu na mikro poletkach oceniono 402 linie F₅ wcześniej wyselekcjonowane pod względem odporności na mączniaka warunkowanej genem mlo oraz o dobrej wartości innych cech gospodarczych w porównaniu do odmian wzorcowych Rosita i Nikela. Na podstawie przeprowadzonych obserwacji w okresie wegetacji, wybrano 220 linii do oceny wartości cech gospodarczych w doświadczeniu 1-powtórzeniowym, w trzech miejscowościach w 2011 roku.

W trzech miejscowościach oceniono wartość gospodarczą 33 linii typu Mlo, wcześniej wyselekcjonowanych w Pracowni. Pod względem plenności 16 linii plasowało się na poziomie najlepszej odmiany wzorcowej – Maybrit. Na szczególną uwagę zasługuje linia BKH 735, charakteryzująca się dobrą plennością i odpornością na mączniaka warunkowaną genem mlo i wyższą odpornością na wyleganie w porównaniu do odmian wzorcowych.

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*) rdzę karłową (*Puccinia hordei*) do form jęczmienia dobrze adaptowanego do polskich warunków środowiska. Wykonano ocenę molekularną linii wybranych do doświadczeń w roku 2010 na obecność efektywnego genu mlo w stosunku do populacji mączniaka występującej w Polsce.

Uzyskano linie, które w porównaniu do odmian wzorcowych wyróżniły się wysoką plennością: 351-4, 456-6, 521-1, 521-2, 521-4, 531-3, 531-5, 541-1, 541-2, 571-1 i 571-6. Linie te będą proponowane do dalszych badań w różnych środowiskach.

Określono zakres odporności odmian krajowej hodowli na podstawie oceny ich reakcji na zakażenie zestawem izolatów *B. graminis* f.sp. *hordei* o znanej patogeniczności w stosunku do zestawu odmian testowych. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że w krajowej hodowli jęczmienia dominuje udział genu mlo, warunkującego wysoką odporność na mączniaka. Pojawiły się również wysoce efektywne geny o nieokreślonym statusie genetycznym w stosunku do znanych genów odporności opisanych w literaturze. Jak na odmiany zaawansowane hodowlanie, niepokojący jest znaczny udział odmian o heterogenicznym uwarunkowaniu odporności.

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: dr hab. D. Boros prof. nadzw. IHAR-PIB

Celem prac jest zbadanie możliwości opracowania metody oznaczania wartości browarnej jęczmienia przy użyciu spektroskopii bliskiej podczerwieni typu odbiciowego (NIR) i wiąże się ze zeskanowaniem na aparacie NIRS 6500 oraz Infratec 1241 jak największej reprezentatywnej liczby prób ziarna i 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 wytypowanych przez zespoły hodowców ze zbioru 2007 roku. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, iż do dalszych badań wykorzystany może być jedynie aparat NIRS 6500. W bieżącym roku uzyskano poprawę współczynników krzywej kalibracji dla niemal wszystkich cech składających się na pełną ocenę wartości browarnej jęczmienia. Najlepsze parametry kalibracji, tak jak się spodziewano uzyskano dla zawartości białka ogólnego siodu i rozpuszczalnego, liczby Kolbacha, stopnia ekstraktywności i lepkości ekstraktu wodnego. Próby ziarna dla których czytano widma, charakteryzowały się podobną zmiennością cech jakości jak próby z pierwszego roku badań, jednakże ich wartości były dla całej tej populacji niższe. Współczynniki korelacji kalibracji są nadal za niskie (około 0.8-0.9) by mogły być stosowane w praktyce hodowlanej i wymagają dalszego ulepszenia.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 44.

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

Kierownik projektu: dr hab. J. Czembor prof. nadzw. IHAR-PIB

W jesiennym zasiewie szkółki infekcyjnej oceniono w 6 miejscowościach odporność 71 odmian jęczmienia jarego na porażenie mączniakiem, rdzą karłową, plamistością siatkowaną i rynchosporiozą. Porażenie mączniakiem, plamistością siatkowaną i rynchosporiozą obserwowano we wszystkich miejscowościach, a rdzę karłową w czterech. Generalnie, w bieżącym roku, jesienne

zasiewy są słabo porażone. Największe zróżnicowanie porażenia mączniakiem obserwowano w Nagrałowicach a plamistości siatkowanej w Bąkowie, Nagrałowicach i Choryni.

Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że stopień porażenia przez poszczególne choroby był zróżnicowany między miejscowościami i badanymi odmianami.

Uzyskane w poprzednim roku populacje mieszańcowe F_1 rozmnożono w szklarni i na pokoleniu F_2 przeprowadzono badania nad dziedziczeniem się odporności badanych linii odpornych. Na podstawie uzyskanych wyników reakcji populacji mieszańcowych F_2 i ich form rodzicielskich na zakażenie izolatem Bgh 27, stwierdzono, że u badanych linii odporność na izolat Bgh 27 uwarunkowana jest genem głównym w locus mlo.

W celu zmapowania wykrytych w badanych liniach genów, przeprowadzono ocenę przydatności markerów molekularnych SSR – MVMlo1 i MVMlo3. Uzyskane wyniki potwierdziły obserwacje fenotypowe charakterystyczne dla sposobu działania recesywnego genu mlo.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 46.

Tytuł projektu: Poszukiwanie form owsa o wysokich wartościach żywieniowych.

Kierownik projektu: dr hab. D. Boros prof. nadzw. IHAR-PIB

Głównym celem badawczym w projekcie jest poszukiwanie form owsa charakteryzującego się wysoką wartością żywieniową. Temat ten realizujemy bardzo szeroko pod względem zakresu badań, analizujemy nie tylko cechy decydujące o wysokiej przydatności paszowej odmian owsa, ale przede wszystkim skupiliśmy się na składnikach bioaktywnych. Stąd badania analityczne prowadzone są głównie na ziarnie obłuszczone, które stanowi surowiec bezpośrednio wykorzystywany w przemyśle spożywczym. Końcowym efektem tych badań będzie wskazanie odmian polecanych do produkcji żywności o dużych walorach prozdrowotnych.

Materiałem do badań było ziarno 30 odmian owsa z Listy Krajowej i 14 rodów hodowlanych wyprodukowane w tych samych warunkach glebowo-klimatycznych, w Strzelcach. Z ogólnej liczby 44 badanych prób ziarna 5 stanowiły próby formy nagiej owsa. W sumie w br. wykonaliśmy charakterystykę 16 różnych cech fizyko-chemicznych ziarna obłuszczonego: białka, popiołu; lipidów ogółem, skrobi strawnej, nieskrobiowych polisacharydów (NSP) z podziałem na rozpuszczalne i nierozpuszczalne, w tym β -glukanu, dalej kwasów uronowych, ligniny Klasona, sumy błonnika pokarmowego oraz składu aminokwasowego białka. Oznaczono także lepkość ekstraktu wodnego (WEV) i kwaśnego ziarna (AEV), która to cecha jest główną miarą właściwości funkcjonalnych ziarna owsa. W ziarnie pełnym określono masę tysiąca ziarniaków (MTZ) i masę hektolitra (MHL) oraz energię brutto.

W żywieniu zwierząt zboża są głównym źródłem energii i znaczącym źródłem białka i aminokwasów egzogennych, jednakże ziarno owsa jest w małym stopniu wykorzystywane na te cele. Duży udział plewki i wysoka zawartość włókna pokarmowego, w tym β -glukanu są czynnikami ograniczającymi udział ziarna owsa w mieszankach paszowych dla zwierząt monogastrycznych. Składnikiem energetycznym ziarna owsa, podobnie jak innych gatunków zbóż, jest skrobia, ale także znaczący udział ma większa niż w innych zbożach zawartość tłuszczu. Biorąc pod uwagę zawartość energii brutto próbami o najwyższych wartościach tej cechy (4330-4270 kcal/kg) były odmiany Polar i Cacko oraz dwa rody strzeleckie STH8307 i STH8407, wszystkie one reprezentowały formy nagie owsa. Spośród form tradycyjnych wyróżniała się pod tym względem odmiana Rajtar (4235 kcal/kg) i ród CHD1601/04 (4232 kcal/kg).

W żywieniu ludzi ziarno zbóż poza w/w dwiema rolami pełni także dodatkowe bardzo ważne funkcje, a mianowicie jest podstawowym dostarczycielem błonnika pokarmowego, w tym w przypadku owsa w szczególności β -glukanu. Pod względem zawartości składników odżywczych (SO), wyliczonych jako sumy zawartości białka, popiołu, lipidów i skrobi, wyróżniało się ziarno form nagich dla których suma SO przekraczała 81%, w zakresie od 81% (Sandokan) do 82.6% (Polar) i wiązała się głównie z wyższą zawartością lipidów. W grupie o tak wysokiej zawartości składników odżywczych znalazła się także odmiana Bachmat i ród SER03079, należące do form oplewionych, które przewyższały inne odmiany zawartością skrobi. W odniesieniu do błonnika pokarmowego, jako sumy NSP, kwasów uronowych i ligniny, 22 próby ziarna owsa wykazały zawartość tego składnika powyżej wartości średniej wynoszącej 12%, w zakresie od 9.9 do 14.7%. Trzy odmiany, Bohun, Cwał i Rajtar oraz ród

CHD1601/04 znalazły się w grupie o zawartości TDF powyżej 14% i wiązało się to z wysoką zawartością NSP i ligniny.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 48.

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

Kierownik projektu: prof. dr hab. J. Zimny

Celem prac prowadzonych w roku 2010 było zbadanie zdolności do androgenezy 15 linii owsa. Zregenerowano 14 zielonych roślin owsa, zostały one poddane kolchicynowaniu. Rośliny te doprowadzane zostały (po okresie aklimatyzacji w fitotronie) do dojrzałości w szklarni. Osiem roślin wydało nasiona.

Podjęto próbę precyzyjnego doboru pylników do kultur. W ten sposób uzyskano zadawalającą efektywność inicjacji podziałów mikrospor i w efekcie struktur zarodkopodobnych. Wszystkie rośliny zregenerowane z tych struktur były jednak albinotyczne.

Podjęto próbę otrzymania podwojonych haploidów poprzez oddalone krzyżowanie. Zapyłaczem była kukurydza cukrowa uprawiana w polu. Jedynie w trzech przypadkach uzyskano ziarniaki z zarodkami, które po wyizolowaniu i przeniesieniu na pożywkę regeneracyjną skiełkowały.

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

Praca miała na celu zbadanie, w jakim stopniu posiadane przez nas mieszańce owsa uprawnego z dzikim trwałym gatunkiem *Avena macrostachya* nadają się do poprawienia odporności owsa na choroby. W związku z tym założono szkółki obserwacyjne chorób owsa w pięciu miejscowościach (Grodkowice, Kopaszewo, Polanowice, Radzików, Strzelce). Opisano wystąpienie chorób i ich nasilenie na 100 obiektach, poza tym zbonitowano kilka ważnych rolniczo cech, które mogły korelować ze wskaźnikami odporności (wczesność wiechowania, wysokość, odporność na wyleganie, masa tysiąca ziaren i zawartość łuski). Obliczono średnie wskaźniki odporności dla pięciu grup materiałów, z których największy udział genów dzikiego gatunku miały oktoploidy z dodanym podwojonym genomem *A. macrostachya*, mniejszy - produkty krzyżowań wstecznych do *A. sativa* (BC1-BC3) a kontrolę stanowiły odmiany i rody otrzymane bez udziału gatunku dzikiego. Potwierdzono związek odporności z udziałem *A. macrostachya* w pochodzeniu dla septoriozy liści i plamistości liści określanej jako helmintosporioza (z prawdopodobnym udziałem gatunków *Bipolaris sorokiniana*, *Drechslera tritici-repentis*). U oktoploidów zanotowano też wysoki poziom odporności na fuzariozę wiech. W najliczniejszej grupie 50 heksaploidalnych linii BC1 odporność na septoriozę liści była wyższa u form o opóźnionym rozwoju ($r = -0,34$; $P = 0,01$), krótszej słomie ($r = -0,39$; $P = 0,005$) i większej odporności na wyleganie ($r = 0,35$; $P = 0,01$).

Atestacjom towarzyszyły prace nad poszerzeniem materiału badawczego, w skład których weszły nowe krzyżowania, zarówno z *A. macrostachya* jak i z wcześniej otrzymanymi alloplodami (8x i 10x) oraz wyprowadzanie czystych linii mieszańcowych o odmiennym pochodzeniu. Prace te prowadzono w szkółce liczącej 375 obiektów, w tym 28 oktoploidów. Nowsze oktoploidy otrzymane z krzyżowań wczesnych form *A. sativa* z dekaploidami nie wykazywały negatywnego związku odporności na septoriozę z wczesnością rozwoju.

Z 96 zaawansowanych linii F6-F8 wyizolowano DNA i zbadano polimorfizm jego fragmentów w celu znalezienia markerów odporności na choroby. Zastosowano po raz pierwszy metodę ISSR. Użyto 8 różnych starterów, uzyskano 1276 prążków, w tym jedynie 25 monomorficznych.

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 materiałów owsa.

Materiał do badań w 2010 roku stanowiły perspektywiczne genotypy owsa z doświadczeń wstępnych oplewionych – 25 form, doświadczeń wstępnych nagonasiennych - 16 form oraz z doświadczeń przedwstępnych oplewionych – 33 formy. Ponadto materiał badawczy stanowiło 105 form owsa pochodzących z 3-ch rejonów uprawy: Choryń, Polanowice, Strzelce. Ogółem w badaniach wzięło udział 179 genotypów owsa.

Przeprowadzono ocenę wyżej wymienionych form owsa w stadium siewek w kontrolowanych warunkach w szklarni pod względem odporności na populacje *P. coronata* i *B. graminis*. Wiosną w Grodkowicach, Kopaszewie i Strzelcach wysiano genotypy owsa w formie szkólek wraz z wzorcami po 2 rządki z kontrolną wrażliwą odmianą Jawor.

W sezonie wegetacyjnym w Grodkowicach i w Kopaszewie wykonano w polu sztuczną inokulację genotypów owsa rdzą koronową. Po inokulacji, w wymienionych miejscowościach, oraz w Strzelcach w warunkach naturalnej infekcji, przeprowadzono obserwacje porażenia rdzą koronową. Materiał badawczy został także oceniony pod względem odporności na porażenie mączniakiem *B. graminis* w warunkach naturalnej infekcji.

Wyniki oceny 25 form owsa oplewionego z doświadczeń wstępnych i 33 z przedwstępnych pod względem odporności w stadium siewek na populację *P. coronata* wskazują, że ponad 50% badanych form odznaczało się odpornością, natomiast wśród 16 form nagonasiennych odporność wykazały jedynie trzy. Spośród 105 genotypów owsa pochodzących z 3-ch rejonów uprawy u 37 notowano odporność w stadium siewek na populację rdzy koronowej. Wszystkie biorące udział w doświadczeniu w roku bieżącym genotypy owsa w liczbie 179 charakteryzowały się wrażliwością w stadium siewek na populację mączniaka *B. graminis*.

Wyniki oceny porażenia rdzą koronową *P. coronata* badanych form owsa w warunkach polowych przy zastosowaniu sztucznej inokulacji w Grodkowicach i Kopaszewie wskazują na znaczne zróżnicowanie tego materiału pod względem odporności.

Badania pozwoliły na wytypowanie genotypów owsa o wysokiej odporności w stadium siewek i w stadium rośliny dorosłej na rdzę koronową *P. coronata* i mączniaka *B. graminis* z doświadczeń wstępnych, przedwstępnych i młodszych materiałów. W grupie form z doświadczeń wstępnych oplewionych wyodrębniono 3 genotypy charakteryzujące się wysoką odpornością na rdzę koronową w 3 miejscowościach, przy czym 2 formy były odporne również w stadium siewek. Wysoką odporność na mączniaka w stadium rośliny dorosłej wykazało 8 form. Wśród genotypów owsa nagonasiennego tylko jeden charakteryzował się odpornością połową na rdzę i mączniaka w badanych miejscowościach, także odpornością na rdzę w stadium siewek. W tej grupie 11 form odznaczało się odpornością połową na mączniaka. Spośród 33 form owsa oplewionego z doświadczeń przedwstępnych wyodrębniono 2 genotypy charakteryzujące się wysoką odpornością połową na rdzę koronową w 3 miejscowościach, natomiast 8 form wykazało wysoką odporność na mączniaka. Wśród 105 genotypów owsa pochodzących z 3-ch rejonów uprawy jedynie 5 odznaczało się odpornością połową na rdzę koronową, natomiast ponad połowę charakteryzowała odporność na mączniaka.

Przeprowadzone badania genotypów owsa pod względem odporności na rdzę koronową w warunkach sztucznej inokulacji w Grodkowicach i Kopaszewie, oraz w warunkach naturalnej infekcji w Strzelcach pozwoliły dokładniej ocenić poziom odporności na tego patogena i wskazać formy odporne. Także wyniki reakcji form owsa na porażenie mączniakiem w Kopaszewie i Strzelcach umożliwiły wytypowanie form o wysokiej odporności. Wyodrębnione odporne genotypy owsa mogą stanowić interesujący materiał jako źródła odporności.

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. Spasibionek

Obecnie uprawiane odmiany rzepaku są źródłem oleju uniwersalnego do celów spożywczych i technicznych, jak produkcja biopaliw. Dla optymalnego dostosowania oleju rzepakowego do przerobu w różnych technologiach pożądane jest uzyskanie oleju naturalnie stabilnego, nie podlegającego szybkim procesom oksydacyjnym. Z tego względu prowadzone są badania nad otrzymaniem odmian rzepaku o wysokiej zawartości kwasu oleinowego, powyżej 75% i obniżonej do około 3-4% kwasu linolenowego będącego wielonienasyconym kwasem tłuszczowym.

Celem projektu są badania nad rzepakiem ozimym typu „HOLL” o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego oraz typu „HLLL” o wysokiej zawartości kwasu linolowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego łączących cechę wysokiej zawartości tłuszczu, ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów z pożądanymi gospodarczo cechami ilościowymi.

Uzyskane w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR – PIB w Poznaniu linie wsobne mutantów i rekombinantów oraz linie podwojonych haploidów (DH) o ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów (poniżej 5 $\mu\text{M/g}^{-1}$ nasion), o wysokiej zawartości tłuszczu (do 49%), 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%) stanowią ważne źródło zmienności genetycznej potrzebnej do dalszych prac badawczych oraz hodowlanych nad rzepakiem o zmienionych cechach jakościowych. Otrzymane zmiany w zawartościach kwasów oleinowego, linolowego i linolenowego, zawartości tłuszczu i glukozyolanów przenoszone są do wartościowych gospodarczo odmian oraz rodów hodowlanych na drodze hodowli rekombinacyjnej.

W pracach prowadzonych metodą rekombinacji wykorzystane zostały: wysokooleinowa odmiana rzepaku ozimego Contact, niskolinolenowe mutanty własne rzepaku ozimego oraz wartościowe odmiany i genotypy rzepaku ozimego podwójnie ulepszonych pod względem plenności, wysokiej zawartości tłuszczu i o ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów.

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 krzyżowań odmian polskich (Bazył, Batory, Gara) i zagranicznych (Bristol, Cabriolet, Californium, Castille, Contact, Libomir, Lirajet, Lisek, Orkan, Viking) z mutantami o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (78,3–80,6%) i z mutantami o niskiej zawartości kwasu linolenowego (0,8–1,7%), uzyskano linie pokoleń F_{11} - F_4 u których stwierdzono wzrost zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (od 73,1 do 81,0%) i obniżenie zawartości kwasów linolowego i linolenowego odpowiednio (od 5,6% do 6,9%) i (od 6,3% do 7,8%).

W celu zwiększenia wigoru roślin jak również pogłębienia i utrwalenia jeszcze większych zmian składu kwasów tłuszczowych przeprowadzono jedno- (BC_1) i dwukrotne (BC_2) krzyżowania wsteczne z odmianami (Californium, Contact, Cabriolet, Libomir Viking). Uzyskano rekombinanty pokoleń F_8 - F_4 (BC_1) i (BC_2) wykazujących wzrost zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (do 81,1%) oraz obniżone zawartości kwasów linolowego i linolenowego odpowiednio (do 6,0%) i (do 5,7%) oraz rekombinanty charakteryzujące się podwyższoną zawartością kwasu linolowego (do 27,9%) i obniżoną zawartością kwasu linolenowego (do 4,5%).

Otrzymane w wyniku krzyżowań rekombinanty (linie mutantów niskolinolenowego M-681 x odmiany) oceniano pod kątem obecności zmutowanych alleli genu desaturazy *fad3*, enzymu odpowiedzialnego za syntezę kwasu linolenowego. Uzyskane próby badano metodą SNaPshot, z wykorzystaniem

opracowanych w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR – PIB w Poznaniu allelo-specyficznych markerów SNP dla zmutowanych alleli genów desaturazy *fad3*.

Najlepsze linie oceniono w doświadczeniach porównawczych pod względem składu kwasów tłuszczowych, zawartości tłuszczu, glukozyzolanów oraz cech agronomicznych. Sporządzona synteza wyników wykazała, że plon nasion istotnie różnicował badane linie. Najlepsze trzy linie (PN841/1i/09, PN833/3i/09, PN835/2i/09) plonowały w przedziale (41,4–40,5 dt/ha) w stosunku do odmian wzorcowych Castille (46,8 dt/ha) i Chagall (46,0 dt/ha). Na podstawie uzyskanych wyników analiz składu kwasów tłuszczowych w oleju nasion stwierdzono, że badane linie mimo bardzo trudnych warunków pogodowych w okresie dojrzewania nasion utrzymała wysoką zawartość kwasu oleinowego w przedziale (70,9–77,3%). Większość wybranych linii charakteryzowała się niską zawartością glukozyzolanów. Pod względem zawartości tłuszczu 6 linii istotnie przewyższyło (48,4–49,4%) odmianę wzorcową Castille (47,8%), a 3 linie (48,4–49,4%) odmianę Chagall (48,2%).

Metody hodowli rekombinacyjnej z udziałem genotypów o ulepszonych parametrach jakościowych:

W badaniach wykorzystano populacje rekombinantów międzyliniowych i liniowo-odmianowych oraz linie DH. Rekombinanty uzyskano z krzyżowań linii własnych (o niskiej zawartości glukozyzolanów (poniżej 5 $\mu\text{M/g}^{-1}$ nasion) i o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego w nasionach (około 70%) z odmianą Contact.

W wyniku przeprowadzonych krzyżowań odmian (Contact, Californium, Lisek, Viking) z własnymi liniami wysokooleinowymi, wysokotłuszczowymi uzyskano linie rekombinantów pokoleń F_{10} - F_3 o wysokiej ustabilizowanej zawartości kwasu oleinowego (do 80,2%), o najniższych zawartościach: sumy glukozyzolanów (od 3,5–14,7 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion) i zawartości glukozyzolanów alkenowych (od 0,2 do 10,5 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion) oraz o podwyższonej zawartości tłuszczu w nasionach (od 46,8 do 49,9%)

Dla poszerzenia zmienności pod względem zawartości kwasu oleinowego badano linie DH wyprowadzone z kombinacji F_1 mieszańca międzyliniowego o wysokiej zawartości kwasu oleinowego. Na podstawie obserwacji polowych i analiz chemicznych wybrano do dalszych badań linie DH o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego (od 75,6 do 77,9%), o najniższych zawartościach sumy glukozyzolanów (2,0–11,1 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion) i glukozyzolanów alkenowych (0,8–7,2 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion).

Najlepsze linie rekombinantów oceniono w doświadczeniu porównawczym. Z przeprowadzonych obliczeń statystycznych stwierdzono, że pod względem zawartości tłuszczu w nasionach 14 linii (47,1–50,2%) przekroczyło odmianę Castille (47,1%), i odmianę Chagall (47,0%). Badane linie utrzymały wysoki poziom zawartości kwasu oleinowego (od 73,5 do 76,%). Wszystkie oceniane linie wykazały istotnie niższą zawartość sumy glukozyzolanów i glukozyzolanów alkenowych w stosunku do odmian wzorcowych Castille (odpowiednio 20,6 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion i 14,3 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion) i Chagall (odpowiednio 21,5 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion i 16,9 $\mu\text{mol/g}^{-1}$ nasion) co wskazuje na duży postęp w zakresie prowadzonej selekcji w kierunku eliminacji składników antyżywnościowych.

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

Skład kwasów tłuszczowych obecnie uprawianych odmian rzepaku ozimego podwójnie ulepszonego czyni olej pozyskiwany z nasion przydatnym dla celów spożywczych jak i technicznych, do produkcji biopaliw. Jednak dla zwiększenia jego wartości zwłaszcza na cele paliwowe konieczne jest uzyskanie form wysokooleinowych i niskolinolenowych, a dla celów spożywczych (zwłaszcza głębokiego smażenia) pożądane są formy o podwyższonej do ponad 75% zawartości kwasu oleinowego przy niewielkiej obniżce kwasu linowego i linolenowego. Jednakże obniżka zwłaszcza kwasu linolenowego wpływa niekorzystnie na plenność tego typu genotypów. Uzyskanie odmian o takim profilu kwasów tłuszczowych i jednocześnie plennych możliwe jest poprzez hodowlę odmian mieszańcowych. Z tego względu rozpoczęto badania celem szybkiego wytworzenia linii CMS *ogura* i linii restorerów o zmienionych cechach jakościowych z wykorzystaniem metod biotechnologicznych.

W sezonie wegetacyjnym 2009/2010 w wyniku krzyżowania wstecznego pomiędzy liniami CMS *ogura* pokolenia BC₆ i liniami podwojonych haploidów DH₂ o wysokiej zawartości tłuszczu w nasionach od 47,5 do 49,8 % oraz kwasu oleinowego od 80,4 do 81,3%, uzyskano 22 linie męskosterylne typu *ogura* pokolenia BC₇ o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego w zakresie od 75,7 do 82,1%, obniżonej zawartości kwasu linolenowego od 4,6% do 7,4% oraz wysokiej średniej zawartości tłuszczu w nasionach wynoszącej 49,6%.

Poprzez rozmnożenie 28 rekombinantów pokolenia F₃ uzyskanych w wyniku krzyżowania 4 plennych linii restorujących podwojonych haploidów DH z linią mutanta PN 2185/1/05 o zmienionym składzie kwasów, uzyskano populację 78 linii restorerów pokolenia F₄ o podwyższonej do 83,1% zawartości kwasu oleinowego i obniżonej do 4,0% zawartości kwasu linolenowego. Średnia zawartość glukozyzolanów w nasionach restorerów wyniosła 10,8 μmol g⁻¹ nasion, tłuszczu 49,4 %.

Wstępnej oceny plenności i zmienności fenotypowej 23 restorerów F₃ o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych dokonano w doświadczeniu polowym PN2, w układzie bloków kompletnie zrandomizowanych w dwóch powtórzeniach, z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami – odmianą populacyjną Castille i Chagall.

Żaden z badanych restorerów nie plonował istotnie lepiej od średniej plonu odmian wzorcowych doświadczenia (52,53 dt/ha). Badane restorery charakteryzowały się niską plennością (9 z nich plonowało w zakresie od 65,3% do 51,4% średniego plonu odmian wzorcowych), niższą wysokością roślin, krótszą długością łuszczyń i mniejszą liczbą osadzonych w nich nasion. Natomiast 7 restorerów, plonujących powyżej 55% średniego plonu odmian wzorcowych, cechowało się większą ilością zawiązanych na roślinie łuszczyń, co rekompensowało niskie wartości pozostałych elementów struktury plonu.

Uzyskane wyniki uzasadniają konieczność dalszego poszerzania pul genetycznych plennych linii restorerów oraz linii CMS *ogura* o zmienionych profilach kwasów tłuszczowych.

W roku 2010 metodą kultury izolowanych mikrospor, opracowaną w Pracowni Kultur Tkankowych, uzyskano z 23 dawców mikrospor łącznie 2565 androgenicznych roślin rzepaku ozimego.

Pomimo, że metoda androgenyzy w kulturze *in vitro* izolowanych mikrospor rzepaku jest optymalną, opracowaną na wywołanie maksymalnej stymulacji mikrospor do podziałów i uzyskania androgenicznych roślin, genetyczne zróżnicowania pomiędzy dawcami powodują zmienną wydajność procesu indukowanej homozygotyzacji. Spowodowane to jest ekspresją różnych genów powiązanych z tymi trzema cechami oraz ich odmiennymi schematami dziedziczenia. Dlatego konieczne jest stosowanie różnych modyfikacji, poza optymalnym schematem metodycznym, zwiększających indukcję androgenyzy, pobudzanie zarodków do organogenezy czy podwajanie liczby chromosomów w późniejszej fazie rozwoju androgenicznej rośliny.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 56.

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

Kierownik projektu: dr K. Michalski

W roku 2010 pozyskano do celów kalibracyjnych ok.700 próbek rzepaku o zróżnicowanych cechach jakościowych zebranych w różnych miejscowościach oraz 230 próbek makowin. Aby określić zawartość i skład glukozyzolanów oraz skład kwasów tłuszczowych, próbki poddano analizie chemicznej:

- glukozyzolany - analiza chromatograficzna silylowych pochodnych desulfogukozyzolanów (metoda ze wzorcem wewnętrznym),
- kwasy tłuszczowe – analiza chromatograficzna estrów metylowych kwasów tłuszczowych (metodą normalizacji do 100%),
- morfina- analiza kolorymetryczna.

Po analizie odrzucono część próbek z uwagi na mało interesujący skład. Pozostałe próbki zostały następnie zeskanowane na aparacie NIRS 6500 aby pozyskać widma w bliskiej podczerwieni. Przedstawiono histogramy rozkładu zawartości poszczególnych składników aby uwidocznić

reprezentowaną przez nie wariację. W załączonej tabeli zestawiono zakresy zmienności chemicznej poszczególnych składników. Zbiór używany do kalibracji powinien mieć bardzo płaskie histogramy, co gwarantuje równomierne wypełnienie kalibrowanego zakresu i pozwala na otrzymanie równań odpornych na nieprzewidziane zmiany składu mierzonych próbek. Jak wynika z załączonych histogramów udział próbek o skrajnych wartościach jest niewielki w danej populacji, co wymaga przebadania możliwie dużego zbioru próbek aby zapewnić dostateczną liczbę próbek o pożądanym składzie chemicznym.

Opracowano metodę analizy składu alkaloidów za pomocą chromatografii gazowej. Ekstrakcja alkaloidów została wykonana wg metody oznaczania morfiny. Ekstrakt dopełniono do 15 ml, pobrano 10 ml i dodano wzorzec wewnętrzny (kofeina), roztwór odparowano do sucha i osad rozpuszczono w 2 ml mieszaniny izopropano-chloroform (1:3). Próbki nastrzykiwano na kolumnę HP5 30 m przemywaną wodorem jako gazem nośnym. Warunki analizy: temperatura nastrzyku 300 st., detektor 300 st., temperatura kolumny 80 st., narastająca 20 st./min do 150 st., a następnie 10 st./min do 325 stopni, 325 st. utrzymywane przez 6 minut.

Zakres zmienności poszczególnych składników:

Składnik	Zakres zmienności		Jedn.
	minimum	maximum	
kwasy palmitynowy	3,6	5,5	%
kwasy stearynowy	1,4	3,3	%
kwasy oleinowy	56,2	76,2	%
kwasy linolowy	8,7	24,6	%
kwasy linolenowy	5,3	13,3	%
kwasy eikozenowy	0,8	3,1	%
kwasy erukowy	0,1	3,2	%
glukonapina	0,2	15,7	uM/g
glukobrassicianapina	0,1	5,1	uM/g
progoitryna	0,1	26,2	uM/g
napoleiferyna	0,1	2,4	uM/g
glukobrassicyna	0,1	1,1	uM/g
4OH-glukobrassicyna	1,1	10,8	uM/g
suma glukozyzolanów alkenowych	0,2	34,5	uM/g
suma glukozyzolanów	3,4	48,7	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

Zadanie 1. Ocena zróżnicowania genetycznego w obrębie rodzaju *Brassica* za pomocą markerów molekularnych.

Celem podjętych badań jest ocena zróżnicowania genetycznego w obrębie kolekcji *B. napus*, która umożliwi utworzenie odrębnych pul genetycznych. Badania obejmowały linie hodowlane rzepaku ozimego służące do hodowli zarówno odmian populacyjnych jak i odmian mieszańcowych w oparciu o system CMS *ogura*.

Analiza 92 genotypów rzepaku ozimego metodą AFLP:

Zbadano dystans genetyczny [DG] 92 genotypów rzepaku ozimego otrzymanych do badań ze Spółki HR Strzelce –Oddział w Borowie. Do badań zastosowano 6 kombinacji starterów typu AFLP: E3M3 [E-ACC : M-CAG], E5M2 [E-AGG : M-CAC], E4M6 [E-ACT : M-CTC], E5M3 [E-AGG : M-CAG],

E5M4 [E-AGG : M-CAT], E5M5 [E-AGG : M-CTA], uzyskując łącznie 160 polimorficznych markerów. Dla 92 genotypów obliczono wartości DG, które wyniosły od 0,1193 do 0,6931, a wyniki hierarchicznego grupowania genotypów przedstawiono w formie dendrogramu. Dendrogram utworzony na podstawie 160 markerów AFLP podzielił badane genotypy na trzy zasadnicze grupy.

Analiza 172 genotypów rzepaku ozimego metodą AFLP:

Materiał do badań stanowiło 79 linii rzepaku ozimego, których DG zbadano w 2009 roku oraz linie przekazane do badań w bieżącym roku. Analizy wykonano metodą AFLP za pomocą dwóch kombinacji starterów E5M2 [E-AGG : M-CAC] i E5M3 [E-AGG : M-CAG]. Na podstawie 47 markerów różnicujących obliczono DG, a następnie utworzono dendrogram. Wartości dystansu genetycznego wyniosły od 0,0215 do 1,0776, a na dendrogramie badane genotypy utworzyły trzy zasadnicze grupy skupień.

Dendrogramy utworzone za pomocą różnej liczby markerów AFLP dla 78 linii rzepaku ozimego analizowanych w 2009r.:

Na podstawie wartości DG 78 linii rzepaku ozimego, utworzono 5 różnych wariantów grupowania genotypów w zależności od liczby zastosowanych w analizie DG markerów AFLP [166, 110, 156, 142 i 155]. Wszystkie dendrogramy z wyjątkiem dendrogramu nr 2 (110 markerów) grupują badane genotypy w podobnym układzie. Analiza ta pozwoliła na określenie liczby markerów, które umożliwią prawidłową ocenę DG oraz ułatwią wybór odpowiednich kombinacji starterów AFLP najbardziej przydatnych do badań zróżnicowania genetycznego genotypów z rodzaju *Brassica*.

Ocena dystansu genetycznego 30 linii rzepaku ozimego za pomocą markerów RAPD:

Linie rzepaku ozimego pochodziły ze Spółki HR Smolice – Oddział Bąków. Przy zastosowaniu 30 10-nukleotydowych starterów otrzymano 191 polimorficznych produktów amplifikacji, na podstawie których określono DG między badanymi liniami, które tworzyły trzy odrębne grupy skupień.

Zadanie 2. Badanie za pomocą markerów molekularnych frekwencji występowania genu restorera w populacjach rzepaku o zróżnicowanych cechach jakościowych.

Przeprowadzono analizę genomowego DNA 87 linii hodowlanych rzepaku pochodzących ze Spółki HR Strzelce – Oddział w Borowie, w celu identyfikacji męsko-sterylnej cytoplazmy typu *ogura* (CMS *ogura*) oraz genu restorera *Rfo* dla CMS *ogura*. Męsko-sterylną cytoplazmę identyfikowano przy użyciu markera SCAR dla fragmentu mitochondrialnego DNA, *orf138*, kodującego białkowy inhibitor syntezy funkcjonalnego pyłku. Gen restorer *Rfo* identyfikowano z wykorzystaniem pary specyficznych starterów amplifikujących w reakcji PCR sprzężony marker SCAR C02 długości ok. 1100 pz. Zidentyfikowano 82 rośliny posiadające męsko-sterylną cytoplazmę *ogura* oraz 4 rośliny posiadające sekwencje sprzężone z genem *Rfo*.

Zadanie 3. Opracowanie warunków reakcji dla markera specyficznego dla genu warunkującego zawartość kwasu oleinowego w nasionach rzepaku.

Wytworzone w Oddziale IHAR Poznań wysokooleinowe linie (HOR3 i HOR4) są efektem mutacji w genie *fad2* kodującym enzym desaturazę, który bierze udział w przemianie kwasu oleinowego w kwas linolowy. Sekwencje genu *fad2* mutantów i form dzikich określone w INRA we Francji są objęte europejskim patentem. W oparciu o te sekwencje opracowano trzy różne markery do wykrywania opisanych mutacji (dwa dominujące, jeden kodominujący).

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 58.

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

Kierownik projektu: dr hab. M. Starzycki

W Pracowni Metod Hodowli Odpornościowej IHAR PIB w Poznaniu od szeregu lat wykonywane są prace związane z mieszańcami międzygatunkowymi w obrębie płemienia *Brassicaceae* (komponenty do krzyżowań: *B. campestris*, *B. oleracea* – odmiany botaniczne, *B. taurica*, *B. cretica*, a także *B. juncea* i *B. carinata*). Badania te mają na celu wytworzenie nowych genotypów *Brassicaceae* o podwyższonej odpornością na patogeny pochodzenia grzybowego.

Przy użyciu dogłębowego inokulum z patogenami *L. maculans* spp. na nowo otrzymanych mieszańcach międzygatunkowych nie odnotowano porażań związanych z powyższymi patogenami. Rośliny te posłużą jako formy mateczne do dalszych krzyżowań z rzepakiem.

Po obcoprzepyleniu form wyjściowych (*Brassicaceae*), w celu ochrony zarodka przed zamieraniem, stosowano techniki *in vitro*. W ten sposób otrzymano nowe eksplantaty mieszańców międzygatunkowych głównie w stadium globularnym i torpedalnym, a uzyskane zarodki rozklonowano na pożywkach B5 zawierających makro i mikroelementy a także fitohormony, cytokininę, BAP oraz auksyny NAA i 2,4D.

W obrębie powyższych form wykonano 40 udanych przekrzyżowań. Wypreparowano z nich 232 żywe zarodki. Ostatecznie przeżyło 86 a otrzymane rośliny zostały poddane klonowaniu *in vitro*. W obrębie nowych przekrzyżowań międzygatunkowych, poszerzając corocznie zakres gatunków matecznych używanych do krzyżowań, otrzymano rośliny z następujących kombinacji: (8033 x *B. juncea*) x *B. campestris* - 28 zarodków, (Kapusta biała x brukselka) x *B. oleracea* AZUR x *B. napus* - 19 zarodków, [*B.o.* (jar.) x *B. taurica*] x *B. oleracea* VITAMINA - 21 zarodków, (8086/2 x *E. sativa*) x *B. campestris* - 39 zarodków, (*B.o.* (Puł.) x *B. taurica*) x *B. oleracea* AZUR - 16 zarodków, 32 Klon/09 x *B. campestris* - 14 zarodków, (8048/2 x *B. nigra*) x *B. campestris* - 22 zarodki, (*B.o.* (Puł.) x *B. taurica*) x *B. oleracea* PREDZVEST - 27 zarodków, *B. juncea* L. VITASSO x *B. campestris* - 46 zarodków.

Przed zbiorem rzepaku w Bąkowie, Borowie i Małyszynie oceniono porażenie rzepaku powodowane przez patogeniczne gatunki *Leptosphaeria* spp. Przetestowano łącznie ponad 24 tys. roślin rzepaku ozimego w doświadczeniach DW1 i DW2. W Małyszynie oceniono również formy alloplazmatyczne (ponad 4000 roślin) na porażenie przez suchą zgniliznę kapustnych. Wybrane odporniejsze odmiany irody *B. napus* posłużą jako nowe komponenty rodzicielskie do krzyżowań międzygatunkowych w celu powiększenia puli genów odporności na najgroźniejsze dla rzepaku patogeny pochodzenia grzybowego.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 60.

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

Kierownik projektu: dr hab. T. Cegielska-Taras prof. nadzw. IHAR-PIB

Jedną z najczęściej wykorzystywanych metod resyntezy rzepaku jest krzyżowanie wybranych podgatunków *Brassica rapa* i *Brassica oleracea* i uzyskanie roślin poprzez kultury *in vitro* izolowanych zarodków we wczesnym stadium ich rozwoju.

Do resyntezy rzepaku ozimego (RS) wybrano odległe genetycznie gatunki *Brassica rapa* ssp. *chinensis* var. *chinensis* (kapustę chińską - pak choy) i *Brassica oleracea* ssp. *acephala* var. *sabellica* (jarmuż). Kapusta chińska, pochodząca z pn. Chin, nie jest formą głowiastą i dobrze znosi niskie temperatury (do 4° C), a jarmuż charakteryzuje się dużą zimotrwałością, jest odporny na szereg chorób występujących w obrębie rodzaju *Brassica* i ma małe wymagania glebowe. W 2010 r. w wyniku krzyżowania międzygatunkowego uzyskano 294 zarodki we wczesnym stadium rozwoju i wyłożono je na pożywkę MS. Po kilku tygodniach eksplantaty przenoszono na pożywkę MS z 2% sacharozą, najpierw z dodatkiem kinetyny dla prawidłowego rozwoju pędów, a potem z dodatkiem kwasu indolilomasłowego (IBA) dla prawidłowego wykształcenia korzeni. Otrzymane rośliny jaryzowano. Dotychczasowa wydajność uzyskania roślin resyntetyzowanego rzepaku w stosunku do wyłożonych zarodków wynosiła 10%. Rośliny RS analizowano cytometrycznie na zawartość jądrowego DNA w celu potwierdzenia ich mieszańcowego charakteru. Wszystkie analizowane mieszańce okazały się allodiploidami, dlatego rośliny rzepaku resyntetyzowanego poddano działaniu kolchicyny w celu podwojenia liczby chromosomów. Dalszy rozwój roślin przebiegał w szklarni.

Uzyskano 34 rośliny rzepaku resyntetyzowanego. Zapylenie roślin mieszańcowych wspomagane było ręcznym zapyleniem własnym pyłkiem. Zebrano nasiona z pierwszych roślin rzepaku RS, powstałych z krzyżowania kapusty chińskiej i jarmużu, odrębnych genetycznie od linii DH i odmian obecnie hodowanych i uprawianych.

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. Ogrodowczyk

Celem prowadzonych badań jest 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 linii rzepaku ozimego i mieszańców F_1 , do badań w różnych środowiskach. Każde z doświadczeń polowych założono w sześciu miejscowościach w układzie bloków niekompletnych, w czterech powtórzeniach i wykonano pomiary cech jakościowych i ilościowych (plon nasion, bonitacja przezimowania, wczesność oceniona terminem początku i końca kwitnienia, wysokość roślin i łanu oraz wyleganie). Następnie wykonano analizy statystyczne z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej i wyodrębnieniem linii i mieszańców F_1 rzepaku ozimego do dalszych badań.

Przedstawiono warunki meteorologiczne występujące w okresie wegetacji rzepaku w stacjach, w których prowadzone były badania. Wykonano charakterystyki rodów biorących udział w doświadczeniach w sześciu miejscowościach. Wykonano również ogólną analizę wariancji, na podstawie której określono zmienność genotypów, zmienność środowisk oraz interakcję genotypów ze środowiskiem.

Przeprowadzone analizy statystyczne z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej pozwoliły na ocenę stabilności i zdolności adaptacyjnych genotypów biorących udział w doświadczeniach. Reakcja fenotypowa roślin na zmianę środowiska nie jest jednakowa dla wszystkich genotypów, w konsekwencji różnice obserwowane między porównywanymi genotypami zależą od środowiska, w którym to porównanie ma miejsce. Szczegółowa analiza testowania poszczególnych genotypów i ich interakcji ze środowiskami objętymi doświadczeniami dostarcza pełniejszych informacji o genotypach.

Przedstawiono proste regresji interakcyjnych genotypów względem środowiska. Na podstawie tych prostych regresji można wskazać linie i mieszańce F_1 , 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.

Przeanalizowano również, jak wczesność linii i mieszańców F_1 rzepaku ozimego wpływa na plonowanie. W tym celu wykonano wykresy zależności plonowania obiektów od ilości dni do początku kwitnienia. Wyznaczone proste regresji ilustrują w jaki sposób plonowanie wiąże się z wczesnością kwitnienia genotypów. Analiza zależności nie potwierdziła w każdym przypadku hipotezy o wyższej plenności form wczesnych. W trzech doświadczeniach uzyskano dodatnie współczynniki regresji, co świadczy o tym, że lepiej plonowały genotypy późno kwitnące. Natomiast w pozostałych dwóch doświadczeniach wyżej plonowały genotypy wczesne — współczynniki regresji mają wartość ujemną.

Zastosowano hierarchiczną analizę skupień techniką 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. Macierze tych odległości obliczane dla każdego z doświadczeń pozwalają klasyfikować zarówno obiekty jak i rodzaje obserwacji. Wykonane dendrogramy ilustrują struktury pięciu doświadczeń ze względu na zmniejszające się podobieństwo między obiektami.

Najważniejsze osiągnięcia:

Dla badanych materiałów hodowlanych stwierdzono istotną interakcję plonu ze środowiskiem. Można zatem stwierdzić, że dla dobrej oceny zdolności do plonowania wskazane jest testowanie materiałów hodowlanych w wielu środowiskach.

Analiza zależności plenności genotypów od wczesności kwitnienia nie potwierdziła w każdym przypadku hipotezy o wyższej plenności form wczesnych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 66.

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

Kierownik projektu: dr hab. B. Flis prof. nadzw. IHAR-PIB

Celem prowadzonych prac jest analizowanie puli genetycznej ziemniaka pod kątem cech warunkujących przydatność do upraw ekologicznych. W szczególności analizowane są związki genetyczne pomiędzy odpornością a wybranymi cechami użytkowymi. Ponadto szacowane będzie zróżnicowanie genetyczne puli ziemniaka tetraploidalnego pod względem cech jakościowych oraz ich genetyczne uwarunkowanie.

W celu określenia genetycznych związków odporności ziemniaka na patogeny z cechami agronomicznymi w 2010 r. oceniano cechy użytkowe i długość wegetacji klonów pochodzących z 12 kombinacji krzyżówkowych łączących odporność na zarazę ziemniaka warunkowaną genem *Rpi-phu1* lub *RI* z cechami użytkowymi i odpornością na wirusy. W doświadczeniu polowym wysadzono 405 klonów, które porównywano do odmian wzorcowych. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono standardowy opis roślin oraz przeprowadzono ocenę odporności na zarazę ziemniaka w teście listkowym. Po zbiorze oceniono plon bulw (plon ogólny i udział plonu handlowego, zawartość skrobi, morfologia bulw). Stwierdzono, że odporność na zarazę ziemniaka nie jest skorelowana z cechami użytkowymi (plonem bulw, regularnością kształtu bulw, zawartością skrobi, stopniem zaschnięcia naci przed zbiorem).

W celu wyróżnienia form łączących cechy ziemniaka jadalnego z wysokim poziomem odporności na patogeny prowadzono w polu 792 klony pochodzące z krzyżowań odmian jadalnych z formami własnymi o dobrym poziomie cech jakościowych oraz odporności na wirusy. W doświadczeniu polowym oceniano 72 klony starsze. Spośród nich wyróżniono formy o dobrych cechach ziemniaka jadalnego i odporne na wirus Y i/lub M ziemniaka, a niektóre także odporne na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego. Jeden z wyróżnionych klonów posiada cechy ziemniaka przydatnego do produkcji „baby potato”.

Przygotowując materiały do oceny zdolności kombinacyjnej odmian jadalnych przydatnych do upraw ekologicznych i niskonakładowych prowadzono polowe rozmnożenia siewek doniczkowych pochodzących z 3 programów krzyżowań w układzie czynnikowym. Łącznie prowadzono 5763 roślin, a odpowiednią liczbę bulw otrzymano z 3200 genotypów. Umożliwia to założenie doświadczeń polowych dla oceny zdolności kombinacyjnej dla wybranych cech użytkowych.

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

Zadanie 1. Opracowanie metod uzyskiwania form o złożonej odporności na patotypy mątwika ziemniaczanego *Globodera rostochiensis* i mątwika agresywnego *Globodera pallida*

W polu oceniano cechy użytkowe 25 odmian mątwikoodpornych. W polu prowadzono pięć populacji siewkowych uzyskanych z krzyżowań w roku 2009, krzyżowania te miały na celu uzyskanie form o wysokiej złożonej odporności na *Globodera rostochiensis* i *Globodera pallida*.

Zadanie 2. Charakterystyka tworzonej puli form odpornych na mątwiki.

W ramach tego zadania pod koniec roku 2009 wykonano ocenę cech użytkowych siewek prowadzonych w polu w 2009 r. Siewki te prowadzono w dwóch wariantach selekcyjnych: zakażane i niezakażane wirusem Y ziemniaka. Na początku 2010 r. oceniono w próbie oczkowej odporność tego materiału na PVY. 471 wybranych genotypów przetestowano również na obecność markera TG689. W doświadczeniu polowym 2010 oceniano cechy użytkowe wybranych 247 klonów.

Wykonano powtórny fenotypową ocenę odporności na patotypy mątwika ziemniaczanego i agresywnego 12 wybranych klonów uzyskanych z krzyżowań przeprowadzonych w 2005 roku.

Zadanie 3. Identyfikacja form 2x i 4x ziemniaka wykazujących odporność na wirus M ziemniaka (PVM) i wirus S ziemniaka (PVS)

Wybrane klony tetraploidalne zakażano przez szczepienie pędami pomidora zainfekowanymi silnym szczepem PVM w celu identyfikacji reakcji HR (warunkowanej genem *Rm*). Stwierdzono, że wszystkie badane klony reagowały silnie nekrotycznie zamieraniem odrostów, co wskazuje na obecność w nich genu *Rm*. Klony takie są odporne na PVM w warunkach polowych, odporne po inokulacji mechanicznej roślin, natomiast wykazują HR po szczepieniu. Rośliny szczepione reagowały w różnym nasileniu – od małej liczby nekroz na pędach podszczepleniowych do całkowitej nekrozy roślin. Rośliny zawiązały bulwy, które przeważnie wykazały nekrotyczną reakcję w miąższu, czasami widoczne przez skórę.

Dokonano oceny porażenia roślin PVS w próbkach odmian w latach 2005-2010. Wyróżniono 4 odmiany pochodzące od materiałów wyjściowych z Młochowa, które w ciągu 6 lat nie wykazały porażenia PVS: Skawa, Sonda, Śleza, Tajfun. Nie podległy też zakażeniu po inokulacji mechanicznej w warunkach szklarniowych. Nie wykryto w nich markerów sprzężonych z genem *Ns*, natomiast metodami biologicznymi wyróżniono reakcję HR w formach rodzicielskich.

Kontynuowano identyfikację klonów 2x odpornych na PVM, stosując zakażenie roślin mechaniczne lub przez szczepienie. Z klonów odpornych na PVM zabezpieczono materiał do badań molekularnych. Na roślinach szczepionych, prowadzonych w warunkach szklarniowych obserwowano reakcję nekrotyczną oraz oceniono porażenie PVS roślin klonów z genem *Ns*. W warunkach szklarniowych rozmnażano dwie populacje siewkowe, pochodzące z programu krzyżowań między formami z genem *Ns*. Zebrano materiał roślinny do badań molekularnych.

Zadanie 4. Doskonalenie metod identyfikacji puli genetycznej ziemniaka obejmującej odporność na różne patotypy raka *Synchytrium endobioticum*.

Wykazano słabą podatność odmiany Asche Sämling na patotyp 2(Ch1) i potwierdzono krańcową podatność na 3(M1). Ta zmiana, dyskwalifikująca Asche Sämling jako odporną na 2(Ch1), nie zmienia jej przydatności do odróżnienia 2(Ch1) od 3(M1) jak również 6(O1). W oficjalnych testach identyfikacji polskich patotypów *S. endobioticum* będzie stosowana odmiana Asche Sämling. Odmiany ziemniaka: Ikar, Wist, Cekin, Adam, Ibis, Bzura, Gandawa, Kuba i Zagłoba są odporne na wszystkie testowane patotypy [1(D1), 2(Ch1), 2(G1), 3(M1), 6(O1), 8(F1) i 18(T1)] informacje o ich odporności zostały przekazane do hodowców tych odmian i COBORU.

Większość klonów 2x odpornych na patotypy *S. endobioticum* charakteryzowała się krańcową odpornością na wszystkie testowane patotypy *S. endobioticum*.

Presja patogena w trakcie inokulacji jest kluczowym czynnikiem uzyskania wyników oceny odporności genotypów ziemniaka na *S. endobioticum*. Z tego względu przeprowadzenie testów porównawczych dla wersji polskiej i niemieckiej metody Glynne-Lemmerzahla nie dało znaczących różnic w ostatecznej ocenie odporności odmian testowych, ponieważ inokulum było przygotowane w ten sam sposób. Wpływ na ostateczną ocenę może mieć również okres zaprawiania kiełków. Zaprawianie kiełków przed inokulacją może mieć wpływ na presję patogena. Ustalono, że ostatecznym dowodem na podatność odmiany jest obecność w tkankach gospodarza zarodni przetrwalnikowych grzyba.

Zadanie 5. Doskonalenie metod identyfikacji puli genetycznej ziemniaka obejmujących odporność na różne patotypy mątwików atakujących ziemniak.

W roku sprawozdawczym 2010 weryfikowano stopień odporności di- i tetraploidalnych linii ziemniaka na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego *Globodera rostochiensis*. Weryfikację odporności rodów hodowlanych ziemniaka na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego przeprowadzono łącznie na 1472 bulwach z I roku badań, na 134 bulwach z II roku badań oraz na 40 w badaniach zaawansowanych. W pierwszym roku badań zaobserwowano 380 rody podatne w stopniu od 1 do 4, w próbach drugorocznych 19 rodów wykazało podatność na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego w stopniu od 1 do 4, natomiast w badaniach zaawansowanych nie znaleziono rodów podatnych.

Prowadzono doświadczenia nad odpornością polskich odmian ziemniaka wpisanych do Krajowego Rejestru Odmian w latach 2000-2009 w celu określenia ich reakcji na inne niż Ro1 patotypy mątwików. Uzyskane wyniki posłużą do opracowania zestawu genotypów ziemniaka do różnicowania patotypów mątwika ziemniaczanego i agresywnego. Na podstawie uzyskanych wyników do różnicowania patotypu Ro2 można wykorzystać odmianę Lord i Cyprian/Cekin charakteryzujące się odpowiednio skrajną odpornością i podatnością na ten patotyp mątwika ziemniaczanego. Te dwie odmiany charakteryzują się również odmienną reakcją na patotyp Ro4 mątwika ziemniaczanego: odmiana Lord jest podatna, natomiast Cyprian/Cekin są skrajnie odporne.

W bieżącym roku sprawozdawczym wykonano serię doświadczeń mających na celu usprawnienie metodyki testów odpornościowych poprzez skrócenie czasu trwania testów z 3-4 miesięcy do 6-8 tygodni. Uzyskane dotychczas wyniki wykazały skuteczność metody i możliwość wykorzystania jej do prowadzenia rutynowych badań.

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 hab. B. Flis prof. nadzw. IHAR-PIB

Celem projektu jest próba oceny skuteczności markerów molekularnych oraz określenie etapu w procesie hodowli, w którym zastosowanie markera będzie najbardziej efektywne. Planowane jest także tworzenie form typu dupleks pod względem wybranych genów odporności, co prowadzi do istotnego zwiększenia frekwencji form odpornych w ich potomstwach. Identyfikacja takich form jest elementem genetycznego charakteryzowania form rodzicielskich.

W 2010 r. przeprowadzono doświadczenie polowe w celu oceny cech użytkowych genotypów z 3 populacji w pochodzących z krzyżowań mających na celu uzyskanie form ziemniaka charakteryzujących się krańcową odpornością na wirus Y ziemniaka (PVY) oraz odpornością na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego. Formy takie będą selekcjonowane przy użyciu markerów molekularnych. W celu oszacowania zgodności fenotypowych ocen odporności z obecnością markerów molekularnych przeprowadzono laboratoryjną ocenę odporności na patotyp Ro1 mątwika ziemniaczanego, którą uzupełniono identyfikacją markera związanego z genem *HI*. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono standardowy opis roślin, a po zbiorze oceniono plon bulw.

W polu prowadzono także formy (łącznie ponad 580) pochodzące z programu krzyżowań mającego na celu otrzymanie genotypów, wśród których będzie można wyróżnić dwa typy heterozygot charakterystyczne dla autotetraploidów (simpleks i dupleks) pod względem genu *Ry fsto* i genu *HI*.

W kolekcji odmian mątwikoodpornych oraz ich form potomnych przeprowadzono identyfikację obecności markerów molekularnych sprzężonych z odpornością na mątwiki. Stwierdzono, że markery mogą służyć nie tylko do selekcji form odpornych, ale również do molekularnego charakteryzowania form rodzicielskich.

Wybrano 15 form różniących się pochodzeniem i przeznaczeniem. Przeprowadzono ocenę ich odporności na PVY za pomocą sztucznej inokulacji (mechanicznej i przez szczepienie). Wyniki tej oceny porównano z rezultatami stosowania markera GP122. Marker został zidentyfikowany w 6 spośród 7 fenotypowo odpornych klonów, a wśród podatnych stwierdzono tylko jeden klon ze zidentyfikowanym markerem.

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 celu uzyskania materiałów diagnostycznych do wykrywania i identyfikacji bakterii *Cms*, kontynuowano wytwarzanie przeciwciał anti-*Cms* skierowanych na komórki bakterii pozbawionych śluzów bakteryjnych oraz na bakterie wytwarzające śluz. Przy pomocy wytworzonych immunoglobulin powlecano powierzchnię podłoży diagnostycznych do selektywnego wyłapywania komórek bakterii *Cms* z ekstraktów roślinnych. Jako podłoża stosowano opracowane w roku poprzednim immunomikrosfery dekstranowe z chitozanem i nanocząsteczkami złota koloidalnego. Opracowany immunosorbent stosowano do selektywnego wyłapywania i przyżyciowej oceny w badaniu żywotności bakterii *Cms* w procesie zakiszania. Opracowano również szybki i czuły test paskowy typu Lateral flow, który pozwolił na identyfikację wszystkich spośród 11 badanych szczepów bakterii *Cms* różniących się stopniem mukoidalności. Przydatność testu w identyfikacji *Cms*

w obecności soku bulw ziemniaka badano w trzech niezależnych laboratoriach uzyskując czułość rzędu $5 \cdot 10^3$ jtk/ml oraz powtarzalność, niezależnie od stosowanych odmian ziemniaków.

Po wcześniejszym ustaleniu przeżywalności bakterii *Cms* w środowisku wodnym, w roku bieżącym sprawdzano zdolność przetrwania komórek bakteryjnych w środowisku glebowym. Wykazano, że bakterie *Cms* charakteryzują się zróżnicowaną przeżywalnością w glebach płowych i czarnych w różnych temperaturach. Najkorzystniejszym środowiskiem okazała się gleba płowa przechowywana w niższej temperaturze, natomiast w glebie czarnej w 21°C bakterie traciły żywotność już po około 3 tygodniach. Potwierdzono w ten sposób istniejące ryzyko rozprzestrzeniania się *Cms* za pośrednictwem gleby.

Porównując metody wykrywania *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* oparte na reakcji PCR, oceniano przydatność różnych markerów molekularnych (starterów) poprzez wyznaczenie czułości i specyficzności metody w zależności od zastosowanego zestawu starterów. Dla uzyskania maksymalnego skrócenia czasu reakcji PCR bez utraty czułości metody, optymalizowano również warunki amplifikacji DNA ustalone w roku poprzednim. Stwierdzono, iż skrócenie czasu amplifikacji już o 10s przy użyciu stosowanych par starterów znacznie wpływa na obniżenie progu wykrywalności. Za zasadne uznano więc stosowanie warunków reakcji PCR ustalonych w roku 2009.

W ramach badań nad naturalnymi substancjami wykazującymi antybakteryjne działanie w stosunku do bakterii *Cms*, kontynuowano badania z udziałem peptydu wyizolowanego z wycierki ziemniaczanej. Skuteczność antybakteryjna peptydu jest najlepsza w pH bliskim obojętnego. Zarówno obniżenie jak i podwyższenie pH środowiska powoduje spadek aktywności białka. Aktywność peptydu spada również ze wzrostem zasolenia pożywki, przy czym bardziej odpornym na zasolenie środowiska okazał się szczep mukoidalny.

Wykazano również przydatność srebra koloidalnego jako środka eliminującego bakterie *Cms* z powierzchni różnych materiałów. Sprawdzono worek jutowy, worek z tworzywa sztucznego, siatkę z tworzywa sztucznego, sznurek, szkło, drewno, gumę, stal korodującą, stal niekorodującą, tworzywo sztuczne oraz tynk. Oceniono, że szczepy *Cms* niezależnie od stopnia mukoidalności tracą żywotność już w obecności 5% stężenia roztworu wyjściowego koloidu srebra.

W roku bieżącym opracowano metodę utylizacji materiału roślinnego porażonego bakteriami *Cms* w skali laboratoryjnej przez zakiszenie fermentacyjne preparatem Lactamyl – preparatem enzymatycznym z bakteriami kwasu mlekowego (*L. Plantarum*). Potwierdzono skuteczność eliminacji bakterii *Cms* w porażonych bulwach ziemniaka. Całkowita utrata żywotności szczepu najbardziej opornego na działanie niskiego pH we wszystkich badanych próbach następuje już po 28 dniach procesu fermentacji. Zakiszenie fermentacyjne może znaleźć zastosowanie jako sposób utylizacji porażonych bakteriami *Cms* bulw oraz odpadowych produktów przemysłu ziemniaczanego bez konieczności wywożenia ich poza obszar porażonej plantacji.

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 prac związanych z wytworzeniem materiałów diagnostycznych do wykrywania infekcji wirusowych w roślinach ziemniaka prowadzono badania mające na celu oczyszczenie specyficznych surowic uzyskanych w poprzednich latach. Przeciwciała izolowano za pomocą chromatografii tiofilnej i w oparciu o nie wytwarzano koniugaty przeciwciał z alkaliczną fosfatazą na PVY, PLRV i PVM. W toku badań udało się opracować wydajną procedurę izolacji IgG pozwalającą na jednoczesny przerób wielu surowic, a uzyskane przeciwciała charakteryzowały się wysokim stopniem czystości.

Prace nad opracowaniem metodyki pozwalającej na wiarygodne wykrywanie infekcji wirusowych w ekstraktach z tkanek bulw oraz w ekstraktach z kiełków były prowadzone tak jak w ubiegłych latach w trzech niezależnych laboratoriach. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że wyniki wykrywania wirusów w ekstraktach z bulw za pomocą Koktajl-ELISA są w dużym stopniu zgodne z wynikami prób oczkowych jedynie w przypadku PLRV. Dla wirusa PVM dużą zgodność z próbą

oczkową uzyskano tylko w jednym z dwóch laboratoriów diagnostycznych. W 2010 roku obserwowano dużą niezgodność wyników detekcji PVY pomiędzy Koktajl-ELISA na bulwach a próbą oczkową. Stwierdzono więc, że test Koktajl-ELISA w obecnej postaci nie jest odpowiedni do wykonywania prób na bulwach z uwagi na dużą niezgodność z testem DAS-ELISA w ocenie porażenia PVM i PVY. Nie jest również jasny wpływ przechowywania bulw w temperaturze pokojowej przed wykonaniem testu na wynik detekcji wirusa.

W bieżącym roku sprawozdawczym porównano zoptymalizowaną w ubiegłym roku procedurę detekcji PVY z techniką opartą na immunoadsorpcyjnym RT-PCR. Wykazano większą czułość wykrywania PVY za pomocą RT-PCR z użyciem RNA izolowanego na krzemionce niż za pomocą IC-RT-PCR. Wykazano również, że ilościowy test immunoluminescencyjny jest bardziej czuły niż kolorymetryczny test ELISA. Opracowano czuły luminescencyjny test membranowy typu dot-dot, pozwalający na wykrycie nano ilości wirusa w buforze i w soku ziemniaka.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 72.

Tytuł projektu: Opracowanie metod szybkiego rozmnażania genotypów ziemniaka.

Kierownik projektu: inż. D. Sekrecka

Prace badawcze prowadzono w 3 zadaniach:

1. Opracowanie i zastosowanie technik *in vitro* dla mikrorozmnażania ziemniaka

Ocenie poddano 6 genotypów ziemniaka: Elanda, Promyk, Tetyda, Wiarus, Zebra i Zeus pod kątem opracowania metod ich szybkiego rozmnażania. Przeprowadzono ocenę genotypów pod kątem ich przydatności w produkcji mikrobulw – tj. bulw wyprodukowanych w szkle. Reakcja poszczególnych odmian na zastosowane pożywki i sposoby utrzymywania (dzień/noc czy tylko noc) jest zróżnicowana. Najwyższy współczynnik rozmnażania uzyskano dla odmiany Zeus i Zebra, natomiast Elanda i Wiarus plonowały na podobnym niskim poziomie. Rodzaj zastosowanej pożywki jak i sposób utrzymywania kultur *in vitro* miał istotny wpływ na uzyskane plony mikrobulw. Najslabiej tuberyzacja przebiegała na pożywce wzbogaconej węglem aktywnym. W warunkach kontrolowanych (szklarnia) badano wpływ gęstości sadzenia roślin *in vitro* i mikrobulw na uzyskany plon minibulw. W miarę zwiększania obsady roślin na 1m² znacznie zmniejsza się współczynnik rozmnażania. Minibulwy ocenianych odmian stanowiły materiał wyjściowy do oceny rozmnożenia w warunkach polowych. Minibulwy o średnicy poniżej 2 cm dały plon o ok. 10-36 % niższy w porównaniu z minibulwami większymi. Odmiana Elanda zareagowała najwyższym, bo 36-procentowym spadkiem plonu.

2. Badania nad szybkim mnożeniem minibulw z wykorzystaniem technologii hydroponicznej i zbiorem w trakcie wzrostu roślin matecznych

Opracowano II etap technologii produkcji minibulw uwzględniającej wielokrotne zbiory w trakcie wzrostu roślin matecznych. Zmodyfikowano projekt i wykonano trzy prototypowe urządzenia do aeroponicznej uprawy ziemniaka. Instalacja do podawania pożywki w każdym z trzech urządzeń składała się ze zbiornika, pompy pobierającej pożywkę ze zbiornika przez rurociąg ssący, filtra dyskowego oraz instalacji zamgławiającej, znajdującej się w komorze aeroponicznej. Zabezpieczenie pompy przed pracą na sucho stanowił czujnik poziomu pożywki w zbiorniku. Układ zaworów PCV pozwalał manualnie ustawić żądane ciśnienie. Pracą każdego z urządzeń aeroponicznych zarządzały sterowniki czasowe. Program podtrzymywany był zasilaniem z baterii. Dodatkowo zainstalowano system powiadamiania o alarmach. Materiał nasienny stanowiły rośliny *in vitro* i mikrobulwy trzech odmian ziemniaka: Cyprian (wczesna) i Zebra (średnio wczesna) i Gawin (średnio późna). Minibulwy mnożono dwoma metodami: przy zastosowaniu urządzenia do aeroponicznej uprawy ziemniaka i metodą tradycyjną, w glebie. W doświadczeniu wykorzystującym urządzenie do aeroponicznej uprawy, współczynnik rozmnażania zależny był od odmiany i stężenia pożywki. Spośród badanych odmian, Zebra charakteryzowała się najwyższym poziomem tego współczynnika i osiągnęła maksymalną wartość 25,35–35,47, co w stosunku do metody tradycyjnej stanowiło 298-417 %.

3. Adaptacja technik *in vitro* dla mikrorozmnażania wybranych genotypów

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 bardzo 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: dr hab. B. Zagdańska prof. nadzw. SGGW

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 stosunku do ubiegłego roku badania poszerzono o nowe odmiany.

W roku 2010 przeprowadzono dwa doświadczenia: polowe oraz wazonowe w hali wegetacyjnej dla dziewięciu odmian ziemniaka. Wśród badanych odmian jedna odmiana była bardzo wczesna (Flaming), cztery wczesne (Aruba, Cyprian, Korona i Owacja) oraz cztery średnio-wczesne (Katahdin, Irga, Jutrzenka i Tetyda).

Na wymienionych wyżej odmianach dokonano oceny zdolności do unikania i do tolerowania odwodnienia przez rośliny ziemniaka, określono występujące zmienności w obrębie badanych odmian pod względem cech pogarszających wygląd (podatność na spękania fizjologiczne, deformacje). Wykonano również pomiary aktywności fotosyntetycznej, transpiracji, międzykomórkowego stężenia CO₂ i efektywności wykorzystania wody (WUE, Water Use Efficiency).

Oceny badanych genotypów roślin ziemniaka dokonano również pod względem produkcji biomasy, skrobi, cukrów redukujących i sacharozy w warunkach suszy glebowej.

Kolejnym etapem była charakterystyka parametrów biochemicznych: ocena aktywności enzymów odpowiedzialnych za utrzymanie potencjału redoks rośliny: peroksydazy, katalazy, dysmutazy ponadtlenkowej.

Rozpoczęto również badania nad proteomem roślin ziemniaka celem identyfikacji białek kluczowych decydujących o odporności lub wrażliwości na odwodnienie.

Otrzymane wyniki pozwoliły na sformułowanie następujących wniosków:

- Zgodnie z rolniczym kryterium odporności na suszę wyodrębniono odmianę najbardziej odporną (Jutrzenka) i najbardziej wrażliwą (Owacja).
- Wykazano wysoką negatywną korelację pomiędzy zdolnością roślin do regeneracji a zdolnością do utrzymywania wysokiego plonu w warunkach suszy glebowej
- Wykazano, że aktywność peroksydazy gwajakolowej jest negatywnie skorelowana ze stopniem uwodnienia liści (RWC)
- Wykazano zmiany w profilu aktywności SOD i peroksydazy pod wpływem suszy i brak zmian w aktywności katalazy
- Wykazano, że w warunkach suszy glebowej odmiana odporna utrzymuje wysoki stosunek intensywności fotosyntezy do transpiracji i wysoką wartość współczynnika efektywności wykorzystania wody (WUE)
- W doświadczeniach wstępnych zidentyfikowano łącznie 310 białek, natomiast w próbie z roślin poddanych suszy glebowej zidentyfikowano 313 białek. W obszarze analizowanych 5 regionów żeli 3 białka były charakterystycznych tylko dla próby kontrolnej, po zastosowaniu suszy zaobserwowano 2 nowe białka.

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

Badania wykonane w roku 2010 miały na celu określenie poziomu oraz zmienności środowiskowej cech roślin i bulw decydujących o wartości użytkowej i agrotechnicznej ziemniaka u 38 nowych genotypów (materiałów hodowlanych) tego gatunku.

Dla realizacji powyższego celu przeprowadzone zostały doświadczenia polowe w 4 miejscowościach zlokalizowanych w różnych rejonach kraju tj. w woj. mazowieckim, zachodniopomorskim, warmińsko-mazurskim i pomorskim, w których wykonano obserwacje wzrostu i rozwoju roślin ziemniaka w trakcie wegetacji oraz określono wysokość plonowania. Uzyskane wyniki plonu materiałów hodowlanych poddano następnie szczegółowym analizom laboratoryjnym. Oceniono: strukturę plonu, morfologię i występowanie wad zewnętrznych bulw, porażenie chorobami skórki, wrażliwość bulw na uszkodzenia mechaniczne i ich podatność na ciemną plamistość poudzerzeniową, występowanie wad miąższu, zawartość suchej masy, skrobi i białka a także skład granulometryczny skrobi, skłonność do kumulacji azotanów i glikoalkaloidów. Analizowano również zmienność zawartości cukrów redukujących, sacharozy, ciemnienia miąższu i przydatność do produkcji chipsów i frytek w trakcie sezonu przechowalniczego oraz kiełkowanie, powstawanie ubytków naturalnych i porażenie plonu chorobami okresu przechowywania. Ponadto ocenione zostały parametry procesu kiełkowania bulw matecznych, wymagania nawozowe (N), plenność roślin a także tempo tuberyzacji i akumulacji plonu u genotypów wcześniejszych. Jednocześnie dla wybranych 8 genotypów przeprowadzono dodatkowo badania mające na celu określenie ich przydatności do produkcji ekologicznej.

Doświadczenia polowe we wszystkich 4 punktach zostały założone na glebach klasy bonitacyjnej IVa bądź IVb zaliczonych do kompleksu przydatności rolniczej żyniego dobrego, odznaczających się podobną (wysoką bądź średnią) zasobnością w składniki pokarmowe. Zastosowane nawożenie we wszystkich punktach wynikało z zasobności gleby i było prawidłowo zbilansowane. Technika i termin sadzenia doświadczeń były we wszystkich miejscowościach niemal identyczne, bardzo zbliżone były także zabiegi zastosowanej we wszystkich punktach badań mechaniczno-chemicznej pielęgnacji ziemniaków. Liczba zabiegów ochrony roślin, stosowanych zależnie od lokalnych potrzeb, wyniosła: 5 do 10 - przeciw chorobom grzybowym, 3 do 6 - przeciw owadom (mszyce i stonka ziemniaczana). Zbiory doświadczeń wykonano w fazie pełnej dojrzałości roślin, pobierając odpowiednie próby do oceny jakości plonu oraz cech jakości bulw.

Układ głównych parametrów klimatu w sezonie wegetacyjnym 2010 dla wszystkich 4 punktów badawczych, w których realizowano doświadczenia polowe należy uznać za średnio korzystny dla rozwoju roślin i plonowania ziemniaka. W kwietniu, w okresie sadzenia ziemniaka w pkt.1 i 2 występował deficyt opadów, natomiast w pkt.3 i 4 istotny ich nadmiar. Jednocześnie po dość obfitych opadach śniegu w zimie we wszystkich analizowanych miejscowościach poziom wód gruntowych był dość wysoki. Stan dobrego a następnie nadmiernego uwilgotnienia gleby utrzymał się w maju we wszystkich punktach badań, bowiem w tym miesiącu wystąpiły bardzo obfite opady na terenie całego kraju. Jednocześnie był to okres bardzo chłodny, choć bez przymrozków. Stan ten stwarzał niekorzystne warunki dla wschodów roślin ziemniaka we wszystkich założonych doświadczeniach. W kolejnym miesiącu odnotowano deficyt opadów w pkt.2 i 4 zaś w pkt. 1 i 3 były one zbliżone do normy wielolecia. Wyraźnie zbliżona do normy wielolecia była również temperatura czerwca we wszystkich punktach badań. Pozwoliło to na znaczne wyrównanie rozwoju roślin i dość intensywny przyrost ich masy nadziemnej. Lipiec charakteryzował się występowaniem wysokich temperatur i znacznie przekraczającymi wieloletnie normy opadami deszczu. Podobna sytuacja opadowa utrzymała się w sierpniu a także we wrześniu. Taki układ pogody, tj. nie tylko nadmiar opadów, ale także ich niewłaściwy, w stosunku do potrzeb ziemniaka, rozkład sprzyjał długiemu utrzymaniu się masy nadziemnej roślin, szczególnie u genotypów wcześniejszych. Nie były to jednak, warunki sprzyjające prawidłowej akumulacji plonu i wyniósł on średnio: genotypy wcześniejsze -39,4t/ha, genotypy średnio wczesne - 50,6t/ha i 54,4t/ha genotypy późniejsze. Genotypami, które wykazały

najwyższy potencjał plonowania niezależnie od warunków uprawy były: A14, B40, B32, B26 i B33, C14.

Analizy wyników oceny pozostałych parametrów plonu zebranego w 2010 roku pozwalają stwierdzić, że:

- Genotypem o najszybszym tempie akumulacji plonu był A14.
- Plenność ocenianych genotypów kształtowała się w zakresie od 6,0 do 26,6 bulw/roślinę.
- Występowanie wad zewnętrznych (spękania i deformacje) a także pustowatości bulw we wszystkich analizowanych grupach wczesności było uwarunkowane genotypowo, natomiast udział bulw z rdzawą plamistością miąższu istotnie determinowały zarówno miejsce uprawy jak i genotyp.
- Ocena udziału bulw z ospowatością oraz indexu pokrycia bulw sklerocjami a także porażenia parchem zwykłym wykazała, że w notowanych warunkach termiczno-wilgotnościowych występowanie wymienionych chorób skórki było znacznie niższe niż w latach o bardziej typowych układach w/w czynników. Jednocześnie nie stwierdzono statystycznie udowodnionej zmienności genotypowej, co do występowania tych chorób na bulwach.
- Odporność bulw na uszkodzenia mechaniczne była stosunkowo wysoka, genotypy o najwyższej odporności to: A17, B37, B21, B 24, B41, C15.
- Efektywności nawożenia azotem była istotnie zróżnicowana genotypowo, z ogólnej liczby badanych 21 genotypów zakwalifikowano do grupy o małych wymaganiach nawozowych, 11 do grupy o wymaganiach średnich zaś 6 o dużych. Nie stwierdzono zbieżności pomiędzy masą systemu korzeniowego i wymaganiami nawozowymi genotypów.
- Zawartość azotanów w bulwach była niska, wahała się w granicach od 26 do 61 mg.kg-1 św. masy bulw, tylko dla nielicznych genotypów odnotowano średnią zawartość tych związków.
- Zawartość alkaloidów była uzależniona zarówno od genotypu jak i warunków uprawy,
- Niektóre z uwzględnionych w badaniach odmian zarejestrowanych okazały się bardziej przydatne do uprawy ekologicznej niż nowe genotypy wytypowane do takiej oceny.

Natomiast wyniki badań dotyczących cech, które podlegają ocenie w okresie przechowywania, wykonane dla plonów genotypów zebranych w roku 2009 wskazują że:

- Wysoką zawartością cukrów redukujących (powyżej 0,25%) niezależnie od miejsca uzyskania plonu charakteryzowały się genotypy A6, A10, A14, B26 oraz C5.
- Wśród badanych genotypów znalazły się materiały o niskiej zawartości cukrów redukujących po przechowywaniu w niskiej temperaturze (5°C), były to: A8, A11, B2, B3, B18, C2, C7, C11, C13.
- Niezależnie od miejsca uprawy oraz warunków przechowywania prawie wszystkie badane genotypy cechowały się bardzo małą skłonnością do ciemnienia bulw po ugotowaniu.
- Wśród genotypów uwzględnianych w badaniach wysoki udział stanowiły formy o pożądanym, długim okresie naturalnego spoczynku bulw, do grupy o najdłuższym okresie jego trwania zakwalifikowano 10 genotypów.
- Prażenie parchem srebrzystym bulw ocenianych genotypów kształtowało się na poziomie zbliżonym do zmienności tej cechy u odmian zarejestrowanych, Stwierdzono większe niż dla odmian zarejestrowanych różnice genotypowe w porażeniu bulw przez *H. solani* wśród genotypów średnio wczesnych i późniejszych.
- Większość genotypów (28 na 36 badanych) przechowywanych w 5°C wykazało najwyższą trwałość przechowalniczą - ocena 9 w skali 9 stopniowej.
- Genotypy: A8, A10, B19, B22, B26, C13, C14 charakteryzowały się dużą trwałością przechowalniczą i stabilnością zarówno w temperaturze 5°C jak i 8°C.

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

Celem tematu jest określenie efektywności indukcji haploidów wytwarzanych metodą *in vivo* (gynogenezą) oraz zdolności podwajania ich liczby chromosomów pod wpływem kolchicyny. Przedmiotem indukcji haploidów było 69 genotypów matecznych kukurydzy. Wśród 5683 zidentyfikowanych roślin o fenotypie haploidalnym stwierdzono 4397 (77,4%) roślin męsko niepłodnych, spośród których 1793 (40,8%) nie wytwarzało znamion. 1286 (22,6%) roślin było męskopłodnych. Były to podwojone w wyniku kolchicynowania haploidy. Rośliny te poddano samozapyleniu w celu wytworzenia nasion pokolenia DH₁. 692 (53,8%) spośród poddanych samozapyleniu roślin zawiązało nasiona. Efektywność uzyskanych linii podwojonych haploidów (DH₁) - 692, w stosunku do wyjściowej liczby roślin haploidalnych - 5683, wyniosła 12,2%. Genotypy mateczne wykazały różną efektywność wytwarzania podwojonych haploidów. Analiza genotypów SH wskazała, że najbardziej efektywnymi wariantami było traktowanie siewek roztworem kolchicyny w stężeniu 0,08% przy czasie ekspozycji 10 i 12 godzin (efektywność kolchicynowania odpowiednio: 66,9% i 64,1%). Z 303 wyjściowych roślin uzyskano 64,1-66,9% podwojonych haploidów. Metoda z roztworem kolchicyny 0,06% i ekspozycją siewek przez 10 i 12 godzin była mniej efektywna. Uzyskano 38,5-45,8% podwojonych haploidów. Najwyższą efektywność podwajania chromosomów zanotowano w genotypie SH 04/2009 (66,9%). Analiza genotypów KB wykazała że najlepszy efekt przyniosło traktowanie siewek badanymi roztworami (0,06% i 0,08%) przez 12 godzin (efektywność kolchicynowania odpowiednio: 40 i 33,8%). Najwyższą efektywność podwajania chromosomów zanotowano w genotypie KB 72/09 (48,5%).

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

Celem badań jest określenie interakcji genotypowo środowiskowej odmian mieszańcowych kukurydzy do użytkowania na ziarno i do użytkowania nadziemnej części rośliny.

W wyniku badań nad kukurydzą ziarnową wyróżniono:

- 6 genotypów charakteryzujących się stabilną (nieistotną) interakcją genotypu i środowiska, o wysokim plonie ziarna, istotnie wyższym od wzorca. Takie genotypy mają szeroką zdolność adaptacyjną i plonują wysoko w większości środowisk.
- 1 genotyp, również o wysokim plonie ziarna, istotnie wyższym od średniego plonu obiektów w analizowanym doświadczeniu znalazł się w grupie genotypów o niestabilnej (istotnej) interakcji środowiskowej, w podgrupie intensywnej, co oznacza jego mniejszą adaptację do zróżnicowanych warunków środowiska. Taki genotyp równocześnie reaguje dodatnią interakcją w środowiskach lepszych.
- 6 genotypów w grupie o niestabilnej (istotnej) interakcji środowiskowej, w podgrupie nieokreślonej, co uniemożliwia ich jednoznaczną ocenę pod względem przydatności do określonych środowisk (intensywnych lub ekstensywnych).

Na podstawie klasyfikacji genotypów ze względu na wysokość i stabilność poziomu zawartości suchej masy w ziarnie w czasie zbioru wyróżniono:

- 5 genotypów charakteryzujących się stabilną (nieistotną) interakcją genotypu i środowiska, o wysokiej zawartości suchej masy ziarna, istotnie wyższej od wzorca.
- 15 genotypów zaliczono do grupy o niestabilnej (istotnej) interakcji środowiskowej, w podgrupie nieokreślonej.

Na podstawie doświadczeń, których celem było określenie parametrów nadziemnej części rośliny, wyróżniono:

- 1 genotyp ze względu na wysokość i stabilność plonowania (plon ogólny suchej masy całych roślin - t/ha), o plonie wysokim, istotnie wyższym od wzorca i o stabilnej (nieistotnej) interakcji genotypu i środowiska,
- 2 genotypy ze względu na wysokość i stabilność poziomu zawartości suchej masy w całych roślinach w czasie zbioru, o stabilnej (nieistotnej) reakcji genotypu i środowiska)

- 1 genotyp w grupie niestabilnej, w podgrupie ekstensywnej.

W obydwu analizowanych grupach doświadczeń stwierdzono, że badane genotypy są silnie zróżnicowane pod względem poziomu plonowania, wczesności, reakcji na warunki środowiskowe i zdolności adaptacyjnej. Są wśród nich genotypy, których linie składowe będzie można wykorzystać do tworzenia perspektywicznych materiałów wyjściowych do syntezy nowych mieszańców kukurydzy.

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. Kolby zakażano inokulum o stężeniu 4×10^4 zarodników *F. graminearum* / ml oraz 1×10^6 zarodników *F. verticillioides* / ml. Do oceny stopnia porażenia kolb używano skali 1 – 7 (1 oznacza brak infekcji). Zgorzel podstawy łodygi powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. opisywano przy infekcji naturalnej, po rozkrojeniu dolnej partii łodyg używając skali 1 – 9 (1 – łodyga zdrowa). W populacjach wyjściowych pojedynki charakteryzujące się podwyższoną odpornością na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi stanowiły 32% wszystkich roślin badanych, 48,8% w grupie materiałów wytypowanych do dalszych badań w roku 2009 oraz 56,7% w grupie materiałów wytypowanych do dalszych badań na podstawie wyników w 2008 i 2009 roku.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 83.

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

Kierownik projektu: dr hab. M. Gośka prof. nadzw. IHAR-PIB

Kontynuowano badania nad opracowaniem wydajnej metody otrzymywania haploidów i podwojonych haploidów w kulturach *in vitro* z niezapłodnionych załączków jednonasiennych i wielonasiennych linii buraka cukrowego.

Materiałem wyjściowym do badań były wielonasienne diploidalne zapyłacze buraka cukrowego – typu cukrowego (2 linie), cukrowo-normalnego (32 linie) i normalnego (39 linii). Załączki do kultur *in vitro* pobierano z roślin rosnących w szklarni. Wykładano je na pożywkę Murashige i Skooga (MS) zawierającą $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP i $0,1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA. Dodatkowo w celu określenia optymalnych stężeń regulatorów wzrostu dla zwiększenia procentu regeneracji haploidalnych zarodków z niezapłodnionych załączków buraka zastosowano pożywkę zawierającą BAP lub TDZ w kombinacji z TIBA. Zastosowanie odpowiednich warunków fizycznych (temp. 25°C, dwa tygodnie ciemność) oraz składu pożywek indukcyjnych pozwoliło uzyskać średnio 6,3% regenerujących załączków. Wśród analizowanych różnych genotypów buraka najwyższy procent roślin otrzymano z załączków wielonasiennych zapyłaczy typu cukrowego (do 37,5%). Słabiej regenerowały załączki wielonasiennych zapyłaczy typu cukrowo-normalnego (do 12,5%) i normalnego (do 27,5%). Ogółem z 16380 niezapłodnionych załączków wielonasiennych diploidalnych zapyłaczy różnych typów buraka wyłożonych na pożywki indukcyjne otrzymano 852 (5,2%) regeneranty.

Rośliny haploidalne pochodzące z załączków różnych genotypów traktowano kolchicyną w warunkach kultury *in vitro*. Reakcja haploidów na pożywkę, w której stosowano $250 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ kolchicyny przez 3 dni zależała od genotypu. Częstotliwość występowania podwojonych haploidów wynosiła średnio 26,7% dla wielonasiennych zapyłaczy typu cukrowego, 26,5 % dla typu cukrowo-normalnego i 23,9% dla typu normalnego.

Otrzymane w wyniku przeprowadzonych badań rośliny diploidalne zostały rozmnożone i ukorzenione w kulturach *in vitro*. Prawidłowo rozwinięte rośliny wysadzono do doniczek w szklarni a następnie w polu. W polu wysadzono 70 linii podwojonych haploidów wyprowadzonych z wielonasiennych zapylaczy typu cukrowego, 45 linii typu cukrowo-normalnego i 88 linii typu normalnego.

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* nowych genotypów grochu siewnego w doświadczeniu polowym z kontrolowaną infekcją oraz w warunkach kontrolowanych. Łącznie badano 28 obiektów. Badane genotypy różniły się istotnie pod względem wysokości roślin, wylegania i plenności oraz porażenia *M. pinodes*. Stwierdzono średnie porażenie roślin badanych genotypów w porównaniu do poprzednich sezonów wegetacyjnych. Obserwowany stopień porażenia przez *M. pinodes* powodował prawie 12% redukcję produktywności badanych genotypów przy dużej rozpiętości pomiędzy nimi, jednakże różnice w redukcji produktywności pomiędzy genotypami były nieistotne. Wyodrębniono grupę genotypów o porażeniu na poziomie odmiany Radley – wzorca odporności. W warunkach kontrolowanych średnie porażenie liści i łodyg było wyższe od odpowiednich wartości dla odmiany wzorcowej Radley i znacząco niższe niż dla odmiany Rubin. Nie stwierdzono istotnych różnic poziomu podatności badanych genotypów w zależności od miejsca wytworzenia.

Testowano w warunkach polowych linie F₆ (159) z ośmiu kombinacji z krzyżowań międzyodmianowych z odmianą Radley. Badane linie różniły się pod względem wczesności, wysokości roślin, wylegania. Średnie porażenie linii grzybem *M. pinodes* w poszczególnych kombinacjach krzyżowań było niższe od porażenia odpowiednich form matecznych. Produktywność wyrażona masą nasion z poletka była niższa od produktywności lepszych rodziców. Jednakże zakres zmienności dla tej cechy wskazuje na możliwość wyboru linii, które będą łączyły podwyższoną odporność na *M. pinodes* z innymi korzystnymi cechami użytkowymi.

Kontynuowano prace nad introgresją genów odporności z *Pisum fulvum* do *P. sativum*. W bieżącym sezonie wegetacyjnym wysiano populację F₅ (56 rodziny) na polu infekcyjnym. Obserwowano rośliny ze znacznymi deformacjami, z zaburzeniami chlorofilowymi czy całkowicie sterylne. Badane materiały wykazywały znaczną segregację dla szeregu cech morfologicznych (wysokość roślin, typ ulistnienia, barwa kwiatów, wczesność, wielkość nasion i kolor okrywy nasiennej). Wyselekcjonowane 104 pojedynki oraz zebrane ramsze z segregujących rodzin będą przedmiotem dalszych prac.

W doświadczeniu polowym w warunkach prowokacyjnych z opóźnionym o miesiąc terminem wysiano wybraną grupę krajowych i zagranicznych genotypów grochu w tym odpornych na mączniaka prawdziwego do oceny podatności. Wysiano również F₂ z krzyżowań linii RS 1149/98 odpornej z genotypami podatnymi w 6 kombinacjach. Wystąpiło znaczne porażenie mączniakiem właściwym a silne wyleganie utrudniało wybór pojedynków odpornych na mączniaka. Łącznie wyselekcjonowano 94 pojedynki nie wykazujące objawów porażenia. Materiały te będą wysiane nadchodzącym sezonie w celu potwierdzenia odporności na porażenie *E. pisi* i wstępnej oceny parametrów użytkowych.

Podobnie jak w poprzednim sezonie wegetacyjnym, wysiano doświadczenie z 18 odmianami bobiku z Krajowego Rejestru. Przeprowadzono ocenę porażenia przez wybrane choroby grzybowe. Stwierdzono niski poziom porażenia przez *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae*. W sezonie gromadzono materiały roślinne bobiku z objawami porażenia do identyfikacji i izolacji sprawców.

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

Badania prowadzono w doświadczeniach założonych w formie szkółek oraz w siewie rzędowym. Materiałem roślinnym doświadczeń prowadzonych w formie szkółek było potomstwo F₁ życicy trwałej uzyskane w wyniku skrzyżowania genotypów zróżnicowanych pod względem cech morfologicznych i fizjologicznych oraz pod względem odporności na stresy biotyczne i abiotyczne, odmiany wzorcowe i rodzicielskie życicy trwałej oraz wybrane formy życicy wielokwiatowej. Charakteryzując badane materiały w użytkowaniu kośno-polowym uwzględniono następujące cechy: wczesność, wysokość przed każdym pokosem, zieloną i suchą masę każdego pokosu, morfologię liścia (w okresie wiosennym określając długość i szerokość i powierzchnię), odporność na rdze (żdźbłowa i koronowa), odporność na plamistości liści, stan roślin po zimie oraz ocenę wiosenną. Charakteryzując badane materiały w użytkowaniu nasiennym uwzględniono następujące cechy: wczesność (jako liczba dni od 1.04), wysokość, morfologię liścia flagowego (długość, szerokość i powierzchnię), odporność na rdzę żdźbłową w czerwcu i we wrześniu. W 2010 roku pobrano próby kłosów i opisano następujące cechy: długość, wagę, liczbę kłosków w kłosie oraz MTN. Doświadczenia w siewie rzędowym zostały założone w użytkowaniu kośno-polowym dla następujących gatunków: życica trwała, festulolium, kostrzewa łąkowa, tymotka łąkowa i wiechlina łąkowa. W obrębie każdego gatunku uwzględniono 3 obiekty.

Dwadzieścia dziewięć klonów plonowało na poziomie, lub powyżej odmian Arka i Argona (sucha masa uzyskana w latach 2009-2010: 1,5–2,8 kg z 5 pojedynków). Formy życicy wielokwiatowej charakteryzowały się niską lub bardzo niską odpornością na rdzę koronową w użytkowaniu na zielonkę oraz jako średnio odporne lub średnio podatne na rdzę w użytkowaniu nasiennym. W siewie rzędowym gatunkiem najbardziej podatnym na rdzę była wiechlina łąkowa a na plamistości liści kostrzewa łąkowa. Najwyższym plonem suchej masy w latach 2009-2010 charakteryzowała się tymotka łąkowa, a końcowy plon suchej masy pozostałych gatunków był zbliżony (ok. 0,5 kg/m²). Stosunek suchej masy do zielonej masy był najwyższy u wiechliny łąkowej (powyżej 29%) a najniższy u festulolium (12-19%).

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

Rok 2010 był ostatnim, trzecim rokiem wieloletnich badań poznawczych nad doskonaleniem metod krajowej hodowli traw o wysokiej syntetycznej wartości ogólnogospodarczej.

Podstawowe prace koncepcyjne i techniczne oraz wszystkie dotyczące nasiennictwa, prowadzono w Radzikowie. Część badań dotyczących pastewnej wartości użytkowej zlokalizowano w trzech punktach na północy, południu i zachodzie kraju.

Badaniami objęto 37 genotypów (pastewnych i gazonowych), czterech podstawowych gatunków traw: kostrzewy łąkowej, kostrzewy czerwonej (formy pastewne i gazonowe), wiechliny łąkowej (formy gazonowe i pastewne) oraz życicy wielokwiatowej. Badania prowadzono na jedenastu założonych w 2008 i 2009 roku ścisłych, wielopowtórzeniowych doświadczeniach polowych, oddzielnie na nasiona i użytkową wartość pastewną i trawnikową. Łącznie we wszystkich doświadczeniach badano 24 cechy zależnie od typu doświadczenia.

Podstawowym celem badań było poznanie poziomu wartości ogólnogospodarczej nowych polskich materiałów hodowlanych a zwłaszcza analiza i określenie wpływu cech biologicznych na tą wartość. Prace obejmowały zatem badania wartości użytkowej i nasiennej określonych syntetycznym wskaźnikiem (WOG), nie stosowanym dotychczas w waloryzacji materiałów hodowlanych oraz odmian. Jednoliczbowa waloryzacja wartości użytkowo-nasiennej (plonu suchej masy lub ogólnego aspektu estetycznego trawnika oraz plonu nasion) pozwoliła na ich ocenę i ranking, co może być wykorzystane zarówno przy introdukcji do praktyki, jak i przy w procedurze przyjmowania do Krajowego Rejestru. Drugim celem badań poznawczych było określenie cech biologicznych i ich

wpływu (wypracowaną wcześniej metodyką) na wymienione wyżej cechy główne. Poznanie zależności ma praktyczne znaczenie dla doskonalenia hodowli i skrócenie cyklu hodowlanego odmian. Na wartość użytkową pastewną (sucha masa) spośród badanych cech biologicznych, dodatni wpływ miały: energia odrastania, gęstość runi i wysokość roślin (w kostrzewie łąkowej i wiechlinie) oraz gęstość runi w kostrzewie czerwonej. Pod względem użytkowej wartości paszowej, mierzonej plonem suchej masy, najplenniejszymi okazały się dwa rody w kostrzewie łąkowej BA-244 i BA-64, zaś w wiechlinie łąkowej genotyp SK-12 (110% wzorca Eska). Analizowane formy gazonowe wiechliny łąkowej i kostrzewy czerwonej znacznie różniły się pod względem ogólnego aspektu estetycznego i zadarnienia. Największe zróżnicowanie między badanymi obiektami wystąpiło wiosną i latem. Wartość trawnikowa zależała głównie od zadarnienia i zdrowotności roślin.

Plenność nasienna badanych obiektów była zdecydowanie bardziej zróżnicowana od wartości użytkowej. Zdecydowanie najwyższym plonem nasion z dwóch lat zbioru wyróżniały się w kostrzewie czerwonej dwa genotypy (Areta 16,6 dt z ha i R-18 17,0 dt/ha), w kostrzewie łąkowej (BA-264 13,6 dt/ha i POB –S-84 13,3 dt/ha) oraz w wiechlinie łąkowej (NIB-240 13,7 dt/ha i B-1571 12,6 dt/ha) przewyższając znacznie wzorce. O plenności nasiennej decydowała głównie we wszystkich gatunkach liczba pędów generatywnych.

W ocenie kompleksowej wartości gospodarczej (WOG) najlepiej wypadły w kostrzewie łąkowej: POB-S-84 i BA-264 charakteryzując się równocześnie dobrą pastewną wartością użytkową jak i nasienną, w kostrzewie czerwonej R-18 oraz w wiechlinie łąkowej B-1571.

Formy trawnikowe różniły się znacznie pod względem wartości ogólnogospodarczej (o 75% wewnątrz kostrzewy czerwonej i 32% u wiechliny łąkowej). W rezultacie oceny rankingowej (WOG) u kostrzewy czerwonej tylko jedna forma (NIB 2406) dorównywała wzorcowi zaś u wiechliny łąkowej trzy genotypy zdecydowanie przewyższały wzorzec.

W sumie zastosowana nowa metodyka daje możliwość przyspieszenia cyklu hodowlanego i pozwala na skuteczną jednoliczbową ocenę rankingową genotypów hodowlanych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 118.

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

Kierownik projektu: dr L. Boros

Przeprowadzone badania wykazały istnienie zróżnicowania w obrębie odmian szparagowych oraz na suche nasiona na porażenie *Colletotrichum lindemuthianum* w warunkach naturalnej infekcji. Najbardziej podatnymi odmianami fasoli na suche nasiona były: Wawelska, Toska i Jubilatka (st. odp.5) oraz Toffi (st. odp.6). W końcowej ocenie podatności odmian szparagowych fasoli, odnotowano porażenie na 10 spośród 50 odmian. W grupie odmian szparagowych zielonostrąkowych, najbardziej podatnymi okazały się: Plus i Hit (st.odp.3), Jawa i Casablanka (st.odp.4) oraz Ibiza (st.odp.5), a wśród fasoli żółtostrąkowych Bis i Liwia oraz linia R-5176 (st.odp.2) i małym stopniu Złota Saxa i Korona.

W wyniku prac identyfikacyjnych oraz wykonanych izolacji wzbogacono kolekcję izolatów grzyba. Obecnie kolekcja liczy 53 izolaty jednozarodnikowe. W bieżącym sezonie rozpoczęto badania patogeniczności kolekcji izolatów grzyba *C. lindemuthianum* na zestawie genotypów różnicujących w celu oceny zmienności populacji posiadanych izolatów. Przebadano 6 izolatów a uzyskane wyniki wskazują, że izolaty te tworzą dwie rasy. W nadchodzącym sezonie planowane jest przebadanie całej kolekcji izolatów.

Stwierdzono zróżnicowanie w reakcji odporności na porażenie rasą gamma grzyba *C. lindemuthianum* wybranej grupy odmian i linii fasoli w warunkach kontrolowanych w teście z inokulacją nasion wykonanym według metodyki CPVO-TP/012/3. Badania te wskazują na konieczność podjęcia prac nad wytworzeniem materiałów wyjściowych odpornych, szczególnie dotyczy to fasoli karłowej na suche nasiona, gdzie jest tylko jedna odmiana z odpornością na rasę gamma.

Bakteriozy fasoli były chorobami notowanymi w znacznym nasileniu. Spośród 18 odmian fasoli na suche nasiona najbardziej podatne na bakteriozę były odmiany: Isles, Jubilatka (st. odp.3) oraz odmiany: Toska, Laponia, Wawelska, Warta, Raba, Narew, Polanka (st. odp 5). W grupie odmian szparagowych najsilniejsze porażenie odnotowano na odmianie Liwia i linii R-5176 (fasole

żółtostrąkowe) oraz na odmianach Jawa i Hit (fasole zielonostrąkowe). Najniższe porażenie zaobserwowano na odmianach Mamutina i Ibiza. Dwadzieścia cztery na 50 genotypów fasoli szparagowej wykazały porażenie na poziomie 7 (st. odp.). Identyfikacja sprawców bakteriozy fasoli z wykorzystaniem testów immunodetekcji wykazała brak bakterii *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* u jednej z odmian szparagowych z objawami bakteriozy oraz w przypadku *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* stwierdzono jej obecność u 22 na 28 badanych genotypów. Podobnie jak w roku poprzednim nie stwierdzono występowania *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* sprawcy ostrej bakteriozy fasoli.

Stwierdzono dość powszechne występowanie porażenia przez *Sclerotinia sclerotiorum* sprawcę zgnilizny twardzikowej fasoli. Stopień porażenia testowanych genotypów był na poziomie 7-5 w skali 9 stopniowej. Zróznicowanie genotypowe podatności u odmian szparagowych potwierdzono również w teście pośrednim wykorzystującym reakcję siewek na kwas szczawiowy.

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