

Zadanie 26: Badania nad zwiększeniem zdolności do plonowania odmian rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) poprzez wykorzystanie źródeł odporności na stresy biotyczne i abiotyczne oraz poszerzenie zmienności genetycznej

Kierownik zadania:

Alina Liersch, dr hab., adiunkt
a.liersch@ihar.edu.pl

Okres realizacji zadania: 2022 r.

Wykonawcy zadania:

Katarzyna Mikołajczyk, dr hab., adiunkt
Stanisław Spasibionek, dr hab., adiunkt
Laurencja Szała, dr hab., adiunkt
Franciszek Wielebski, dr hab., adiunkt
Marek Wójtowicz, dr hab., adiunkt
Agnieszka Łopatyńska, dr, adiunkt
Marcin Matuszczak, dr, adiunkt
Krzysztof Michalski, dr, st. specjalista
Joanna Nowakowska, mgr, st. specjalista

Katarzyna Krzyżańska mgr, inżynier
Julia Żok mgr, inżynier
Mariola Ebertowska, st. technik
Czesława Fink, st. technik
Justyna Karauda, st. technik
Katarzyna Kozłowska, st. technik
Katarzyna Śliwińska, st. technik
Sławomir Hoffa, robotnik
Jacek Kwiatek, robotnik

CELE PROJEKTU W 2022 r.

| | CEL | CZY CEL ZOSTAŁ ZREALIZOWANY |
|---|---|-----------------------------|
| 1 | Wytworzenie genotypów rzepaku ozimego odpornych na wirusa żółtaczk rzepy (TuYV)(3 rekombinanty do wytworzenia populacji segregującej) | TAK |
| 2 | Badania 150 genotypów rzepaku ozimego pod względem odporności łuszczyn na pęknięcie w doświadczeniu polowym | TAK |
| 3 | Badanie determinacji genetycznej odporności rzepaku na kiłę kapusty i porażenie przez różne patotypy <i>Plasmodiophora brassicae</i> Wor. | TAK |
| 4 | Badanie genotypów z wykorzystaniem markerów DNA | TAK |

MATERIAŁY I METODY

TEMAT BADAWCZY 1: Wyprowadzenie genotypów rzepaku ozimego odpornych na wirusa żółtaczkę rzepy (TuYV)

1. Krzyżowania odmian odpornych na TuYV: Amalie, Aspire, Kepler z liniami hodowlanymi rzepaku wytworzonych w IHAR-PIB Oddział w Poznaniu
2. Analiza biochemiczna nasion - mieszańce F_1 i formy rodzicielskie (NIRS, chromatografia gazowa)
3. Siew i uprawa dawców – dwóch mieszańców F_1 , izolacja mikrospor, indukcja mikrosporogenezy, uкорzenie androgenicznych zarodków, ocena ploidalności
4. Wsiew trzeciego mieszańca F_1 w celu uzyskania roślin dawcy

TEMAT BADAWCZY 2: Badanie genotypów rzepaku ozimego pod względem odporności łuszczyn na pękanie

1. Analiza fenotypowa 150 genotypów rzepaku ozimego w doświadczeniu polowym
2. Ocena roślin w trakcie wegetacji, od ruszenia wegetacji wiosną do dojrzałości technicznej i odporności łuszczyn na pękanie
3. Siew 150 genotypów rzepaku do II roku doświadczeń polowych - fenotypowanie

TEMAT BADAWCZY 3: Badanie determinacji genetycznej odporności rzepaku na kiłę kapusty i porażenie przez różne patotypy *P. brassicae* Wor.

1. Fenotypowanie 180 linii wsobnych rzepaku ozimego wyselekcjonowanych w IHAR-PIB O/Poznań na poletkach doświadczalnych IHAR-PIB w Poznaniu
2. Ocena testem biologicznym odporności na kiłę kapusty (usługa badawcza IOR-PIB w Poznaniu)
3. Analiza biochemiczna nasion (NIRS, chromatografia gazowa)

TEMAT BADAWCZY 4: Badanie genotypów z wykorzystaniem markerów DNA

1. Badanie zróżnicowania genetycznego trzech populacji genotypów rzepaku (IHAR-PIB O/Poznań, HR Strzelce) z zastosowaniem markerów mikrosatelitarnych
2. Analiza genetyczna rekombinantów odpornych na kiłę kapusty (rzepak × odmiana Tosca) przy użyciu allelo-specyficznego markera SCAR (Kopeć, Mikołajczyk i in. 2020)
3. Monitorowanie form homo- i heterozygotycznych niezmutowanych i zmutowanych alleli desaturazy FAD3 w genomach A i C (25 genotypów rekombinantów)
4. Zainicjowanie tworzenia genetycznej i fenotypowej bazy danych dla genotypów rzepaku badanych w IHAR-PIB O/Poznań

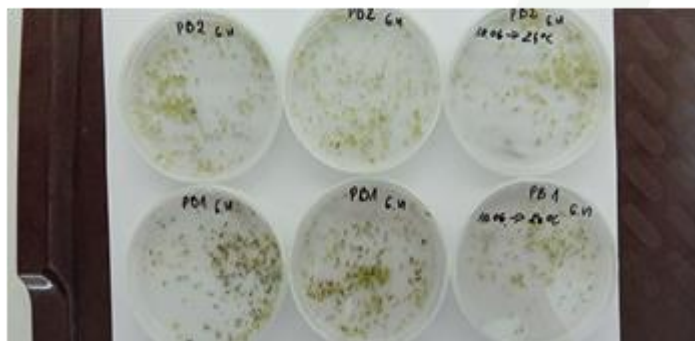
WYNIKI I WNIOSKI

Temat badawczy 1:

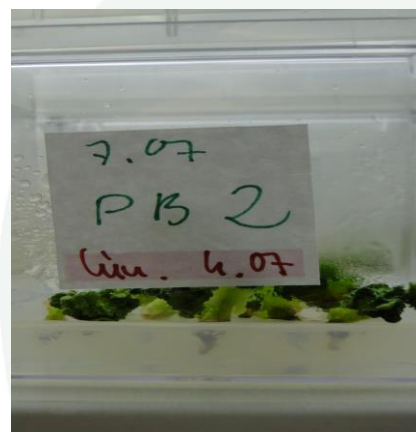
Infekcja wirusem żółtaczkii rzepy może zmniejszyć plon nasion pojedynczych roślin o ponad połowę, a w zależności od nasilenia występowania może powodować utratę plonu w uprawach rzepaku od 10 do nawet 45%. Z chwilą zakazu stosowania zapraw nasiennych z neonikotynoidami, najefektywniejszym sposobem ograniczenia niekorzystnego wpływu wirusa na plonowanie jest uprawa odmian odpornych na TuYV.

W ramach tematu badawczego wykonano krzyżowania odmian (Amalie, Aspire, Kepler) o zadeklarowanej odporności na TuYV z liniami podwójnie ulepszonymi (5) i wyselekcjonowano rekombinanta (PB3) do wyprowadzenia populacji segregującej, który wysiano jesienią bieżącego roku.

Na fotografiach 1 i 2 przedstawiono zarodki mikrosporowe, które otrzymano w wyniku przeprowadzenia trzech serii izolacji mikrospor dawców PB1 i PB2.



Fot. 1. Rozwój zarodków mikrosporowych na pożywce NLN.



Fot. 2 Rozwój zarodków na pożywce MS z kinetyną

W wyniku przeprowadzonych trzech serii izolacji mikrospor dawców PB1 i PB 2 uzyskano prawidłowo wykształcone zarodki mikrosporowe.

Analiza zawartości jądrowego DNA wskazuje na zadowalający stopień diploidyacji badanych roślin androgenicznych.

Badania będą kontynuowane w przyszłym roku kalendarzowym.

WYNIKI I WNIOSKI

Temat badawczy 2:

1. Oceniono stan przezimowania roślin oraz określono daty ruszenia wegetacji, wydłużania pędu głównego, pąkowania, początku i końca kwitnienia, dojrzałości technicznej i pełnej.
2. **Oceniono odporność genotypów na osypywanie nasion. Analizowane genotypy charakteryzowały się znaczącym zróżnicowaniem ocenianej cechy.** 8 genotypów odznaczało się mniejszą liczbą osypanych nasion na jednostce powierzchni od odmiany Gemini, która wśród odmian o deklarowanej odporności na osypywanie charakteryzowała się największą odpornością.
3. **Wykazano przydatność teledetekcji do oceny podatności genotypów na osypywanie. Korelacja ilości osypanych nasion z wynikami pomiarów była zależna od terminu ich przeprowadzenia. Najwyższą korelację uzyskano, gdy pomiary przeprowadzono w fazie dojrzewania - BBCH 81.** Przeprowadzone doświadczenie wykazało większą przydatność fal niż wskaźników roślinności do oceny odporności genotypów na osypywanie.
4. Uzyskane wyniki wymagają potwierdzenia w kolejnym roku badań.

Temat badawczy 3

Uzyskano w 180 badanych liniach bardzo duże zróżnicowanie pod względem procentowej zawartości białka i tłuszczu, odpowiednio (od 16,6-27,4%) i (od 38,6-53,1%). Po względem zawartości kwasów tłuszczowych linie wysokooleinowe typu HO charakteryzowały się wysoką zawartością kwasu oleinowego w oleju nasion (od 74,0%–80,3%) i obniżoną zawartością kwasu linolowego (od 7,6-13,3%) i linolenowego (od 5,0-8,6%). Populację linii niskolinolenowych typu LL cechowała obniżona zawartość kwasu linolenowego (od 2,9-4,9%) natomiast linii typu HOLL wysoka zawartość kwasu oleinowego (od 70,9-81,6%) i obniżona zawartość kwasu linolenowego (od 2,4-4,9%). Grupa linii typu CANOLA&LGLS posiadała typowy dla rzepaku skład kwasów tłuszczowych tj. zawartość kwasu oleinowego (od 59,2-68,0%), kwasu linolowego (od 18,2-26,4%) i kwasu linolenowego (od 5,2-10,7%) (Tab. 7).

Przeprowadzono ocenę pod względem zawartości glukozynolanów odpowiedzialnych za jakość pozyskiwanych po odolejeniu wyłoków, które są elementem paszy. Grupa linii typu HO charakteryzowała się dużą zmiennością pod kątem zawartości sumy glukozynolanów alkenowych (od 0,2–30,6 μMg -1nasion), sumy glukozynolanów indolowych (od 3,9–9,0 μMg -1nasion) i sumy wszystkich glukozynolanów (od 3,1–35,1 μMg -1nasion). Grupa linii typu LL charakteryzowała się również nieustabilizowanym poziomem zawartości sumy glukozynolanów alkenowych (4,9–19,7 μMg -1nasion), sumy glukozynolanów indolowych (4,0–7,3 μM g-1nasion) i sumy wszystkich glukozynolanów (9,5–26,9 μM g-1nasion). Podobnie, populacja linii typu HOLL charakteryzowała się dużą zmiennością pod kątem zawartości sumy glukozynolanów alkenowych (od 2,0–23,4 μM g-1nasion), sumy glukozynolanów indolowych (od 3,8–7,4 μM g-1nasion) i sumy wszystkich glukozynolanów (od 8,8–29,4 μM g-1nasion). Wysokie zróżnicowanie obserwowano również w grupie linii typu CANOLA&LGLS. Zawartość sumy glukozynolanów alkenowych charakteryzowała się na poziomie (5,0–19,3 μM g-1nasion), sumy glukozynolanów indolowych (0,7–8,3 μM g-1nasion) i sumy wszystkich glukozynolanów (5,7–26,3 μM g-1nasion) (Tab. 8).

Tabela 7. Zawartość białka, tłuszczu i kwasów tłuszczowych liniach typu HO, LL, HOLL i CANOLA&LGLS

| Typ linii | Parametr | Białko [%] | Tłuszcz [%] | Kwasy tłuszczowe [%] | | | | | | |
|-------------------|----------|------------|-------------|----------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | | | | C 16:0 | C 18:0 | C 18:1 | C 18:2 | C 18:3 | C 20:1 | C 22:1 |
| Linie HO | Średnia | 23,4 | 45,6 | 3,8 | 1,6 | 77,3 | 9,6 | 6,2 | 1,4 | 0,0 |
| | Wsp. Zm | 1227,5 | 1770,5 | 1395,4 | 939,4 | 5843,2 | 830,6 | 676,9 | 644,1 | 0,0 |
| | Min | 16,6 | 38,6 | 3 | 1,2 | 74 | 7,6 | 5 | 1 | 0 |
| | Max | 27,4 | 53,1 | 4,5 | 2,3 | 80,3 | 13,3 | 8,6 | 2,1 | 0 |
| Linie LL | Średnia | 23,4 | 43,8 | 4,10 | 1,91 | 66,90 | 21,75 | 4,03 | 1,29 | 0,00 |
| | Wsp. Zm | 1225,3 | 1506,6 | 827,1 | 449,2 | 2425,8 | 803,8 | 511,5 | 1299,2 | 0,00 |
| | Min | 20,7 | 38,8 | 3,5 | 1,4 | 62,9 | 18,2 | 2,9 | 1,2 | 0 |
| | Max | 27,0 | 46,5 | 5,2 | 2,6 | 70,1 | 26,9 | 4,9 | 1,5 | 0 |
| Linie HOLL | Średnia | 24,0 | 44,8 | 3,7 | 1,7 | 77,6 | 11,7 | 3,9 | 1,4 | 0,0 |
| | Wsp. Zm | 1543,0 | 2002,3 | 2177,7 | 809,4 | 2863,6 | 386,1 | 458,9 | 958,6 | 0,0 |
| | Min | 18,9 | 39,5 | 3,5 | 1,3 | 70,9 | 7,5 | 2,4 | 1,2 | 0 |
| | Max | 26,5 | 49,8 | 4,1 | 2,5 | 81,6 | 19 | 4,9 | 1,9 | 0 |
| Linie CANOLA&LGLS | Średnia | 23,1 | 44,9 | 4,4 | 1,4 | 63,5 | 21,6 | 7,9 | 1,3 | 0,0 |
| | Wsp. Zm | 1571,1 | 2398,1 | 1480,7 | 1280,1 | 2371,0 | 889,9 | 454,6 | 912,1 | 0,0 |
| | Min | 19,8 | 41,5 | 3,9 | 1,2 | 59,2 | 18,2 | 5,2 | 1,0 | 0,0 |
| | Max | 26,7 | 48,9 | 4,9 | 1,7 | 68,0 | 26,4 | 10,7 | 1,5 | 0,0 |

C16:0 - palmitynowy, C18:0 – stearynowy, C18:1 – oleinowy, C18:2 – linolowy, C18:3 – linolenowy, C21:1 – eikozenowy, C22:1 – erukowy

Tabela 8. Zawartość glukozynolanów w liniach typu HO, LL, HOLL i CANOLA&LGLS

| | Parametr | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
|-------------------|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Linie HO | Średnia | 2,5 | 1,0 | 6,2 | 0,3 | 0,3 | 5,2 | 15,5 | 10,0 | 5,5 |
| | Wsp. Zm | 169,7 | 129,2 | 168,4 | 98,3 | 89,7 | 544,3 | 275,6 | 172,1 | 475,7 |
| | Min | 0 | 0 | 0,2 | 0 | 0 | 2,8 | 3,1 | 0,2 | 2,9 |
| | Max | 7,6 | 3,7 | 19,9 | 1,4 | 2,4 | 8 | 35,1 | 30,6 | 9 |
| Linie LL | Średnia | 3,6 | 1,0 | 7,3 | 0,1 | 0,3 | 5,4 | 17,7 | 12,0 | 5,7 |
| | Wsp. Zm | 225,6 | 261,2 | 255,4 | 53,3 | 175,5 | 521,7 | 310,6 | 246,6 | 491,4 |
| | Min | 1,3 | 0,5 | 3,0 | 0,0 | 0,0 | 4,0 | 9,5 | 4,9 | 4,0 |
| | Max | 5,6 | 1,5 | 12,1 | 0,4 | 0,6 | 6,8 | 26,9 | 19,7 | 7,3 |
| Linie HOLL | Średnia | 3,1 | 1,2 | 7,6 | 0,4 | 0,3 | 5,4 | 18,1 | 12,4 | 5,8 |
| | Wsp. Zm | 213,3 | 170,2 | 235,5 | 149,5 | 136,6 | 748,3 | 379,9 | 251,9 | 661,3 |
| | Min | 0,6 | 0,0 | 1,4 | 0,0 | 0,0 | 3,7 | 8,8 | 2,0 | 3,8 |
| | Max | 6,7 | 3,2 | 15,6 | 1,1 | 0,7 | 6,6 | 29,4 | 23,4 | 7,4 |
| Linie CANOLA&LGLS | Średnia | 2,5 | 1,1 | 6,8 | 0,6 | 0,3 | 5,3 | 16,7 | 11,1 | 5,6 |
| | Wsp. Zm | 233,7 | 254,5 | 264,1 | 90,3 | 164,9 | 417,9 | 370,9 | 296,1 | 401,0 |
| | Min | 0,2 | 0,6 | 0,4 | 0,0 | 0,0 | 0,7 | 5,7 | 5,0 | 0,7 |
| | Max | 5,0 | 2,0 | 11,7 | 2,9 | 0,6 | 7,9 | 26,3 | 19,3 | 8,3 |

glukon. – glukonapina; glukob. – glukobrassicapina; progoit. – progoitryna; napole. – napoleiferyna; brassic. – glukobrassicyna; 4-OH – 4-OH-glukobrassicyna; suma – suma glukozynolanów; alken. – suma glukozynolanów alkenowych; indol. – suma glukozynolanów indolowych.

Testy biologiczne odporności na kiłę kapusty

Kontynuowano badania odporności na kiłę kapusty 180 linii rzepaku ozimego o zróżnicowanej zawatości cech jakościowych. Fenotypowanie genotypów przeprowadzone po 7 tygodniach od siewu (Fot 3-4), co pozwoliło na wytypowanie puli linii o zwiększonej odporności na porażenie przez *Plasmodiophora brassicae*. Indeks porażenia (ID) tych genotypów mieścił się w zakresie od 0-25%. Takich genotypów wytypowano 37 % (Tab. 9, Fot. 5-6). Ponadto na podstawie indeksów porażenia (ID) w zakresie od 25-50% i powyżej 50% wytypowano drugą 9% pulę i trzecią 54% pulę linii nieodpornych (Tab. 9). Genotypy, które uzyskały ID powyżej 25% można wyeliminować z dalszych prac hodowlanych, skupiając się na liniach rokujących postęp hodowlany w odniesieniu do odporności na porażenie przez *Plasmodiophora brassicae*.



Indeks porażenia (ID) linii 0%



do 25%



>50%

Fot. 5-6. Zróżnicowanie genotypów pod kątem tolerancji na kiłę kapusty



Fot. 3-4. Prowadzenie doświadczeń

 Tabela 9. Syntetyczna ocena odporności 180 linii na *Plasmodiophora brassicae*

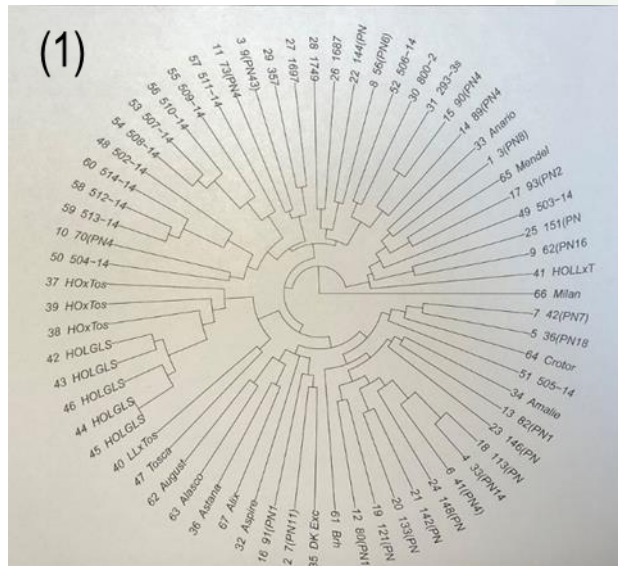
| Indeks porażenia ID% | Procentowy udział genotypów o określonym indeksie porażenia |
|----------------------|---|
| 0-25 | 37 |
| 25-50 | 9 |
| Powyżej 50 | 54 |

Wnioski

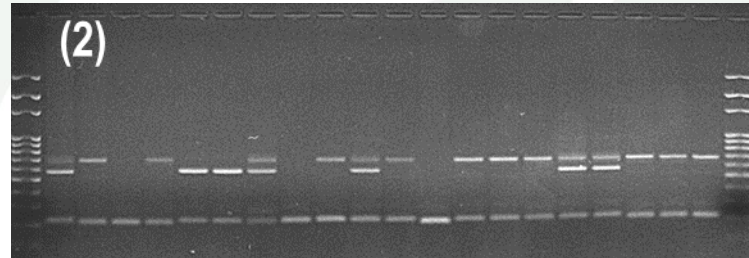
Uzyskane dotychczas wyniki wykazały dużą zmienność pod względem cech jakościowych tj. wysokiej zawartości białka i tłuszczu, odpowiednio (do 27,4% i 53,1%), wysokiej zawartości kwasu oleinowego w genotypach typu HO (do 80,3%), niskiej zawartości kwasu linolowego w genotypach typu LL (do 2,9%) oraz wysokiej zawartości kwasu oleinowego i niskiej zawartości kwasu linolenowego w genotypach typu HOLL, odpowiednio (do 81,6%, 2,4%). Ponadto stwierdzono obniżenie zawartości sumy glukozytanolów i glukozytanolów alkenowych do poziomu, odpowiednio (do 3,1 $\mu\text{Mg-1}$ nasion i 0,2 $\mu\text{Mg-1}$ nasion) oraz wzrost glukozytanolów indolowych do 9,0 $\mu\text{Mg-1}$ nasion. Daje to podstawę do prowadzenia dalszych badań w kierunku wyboru genotypów rzepaku ozimego o wysokiej zawartości białka, tłuszczu, zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych i obniżonych zawartościach związków antyżywniowych, glukozytanolów szczególnie sumy glukozytanolów alkenowych a podwyższonych, korzystnych dla zdrowia sumy glukozytanolów indolowych. Ponadto fenotypowanie tych genotypów pozwoliło na wybór linii o zwiększonej odporności na porażenie przez *Plasmodiophora brassicae*.

Temat badawczy 4:

(1) Określono zróżnicowanie genetyczne w obrębie badanych populacji linii i odmian rzepaku ozimego. Umożliwi to optymalny dobór komponentów rodzicielskich do krzyżowań, a także odniesienie wytwarzanych genotypów do zarejestrowanych odmian hodowlanych rzepaku o zdefiniowanych cechach.



(2) Przeprowadzono analizę genetyczną linii rekombinantów rzepaku otrzymanych w wyniku krzyżowania linii hodowlanych wytworzonych w IHAR – PIB z odporną na infekcję kiłą kapusty odmianą Tosca, badanych w Tematach 2. i 3. Badania prowadzono z wykorzystaniem amplifikacji PCR przy użyciu allelo-specyficznego markera SCAR opracowanego w wyniku realizacji projektu NCN Harmonia 2016/22/M/NZ9/00604 (2017-2020) (Kopeć, Mikołajczyk, Jajor, et al., & Karlowski, 2021). Jednocześnie, rośliny rodzicielskie oraz pokolenie rekombinantów zostało poddane testom odpornościowym, w celu określenia indeksów porażenia (%ID). Wyniki analizy genetycznej markerem SCAR oraz testów fenotypowych zestawiono w Tabeli. Badania te stanowią istotny etap testowania markera i określenia jego przydatności do analiz rutynowych w celu efektywnej identyfikacji form odpornych/ tolerancyjnych, a także dla przygotowania do wdrożenia markera do selekcji.



Fot 2. Analiza w żelu agarozowym produktów amplifikacji PCR allelo-specyficznym markerem SCAR

Tabela (2) Przykłady wyników analizy PCR z wykorzystaniem markera SCAR oraz wyników testów fenotypowych określających indeks porażenia

| Forma mateczna (2) | Forma ojcowska | Nr linii | Pokolenie Typ linii | Produkty amplifikacji PCR markerem SCAR (pz) | %ID | FAD3 |
|--|---------------------------|---------------------|---------------------|--|------|------|
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-089_208-1i-20 | F4_HOLL | 224,577 | 0 | aacc |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-090_208-2i-20 | F4_HOLL | 224,577,696 | 17,6 | aacc |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-091_208-3i-20 | F4_CANO L&LGLS | 213,269 | 100 | AACC |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-092_208-4i-20 | F4_CANO &LGLS | 213,269 | 100 | |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-093_208-5i-20 | F4_HOLL | 224,577 | 0 | |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-094_208-7i-20 | F4_HO | 224,696 | 100 | |
| 507-17_HO&LGLS F3(HO&LGLS x HO&LGLS), SCAR: 213, 696 | Tosca, SCAR: 24, 577, 696 | PBK22-095_209-1i-20 | F4_HOLL | 224,577 | 0 | aacc |

Temat badawczy 4:

(3) Z zastosowaniem testu SNaPshot (Mikołajczyk et al., 2010) identyfikowano genotypy homozygotyczne posiadające zmutowane allele genów desaturazy FAD3, wpływającej na zawartość kwasu linolenowego w oleju nasion rzepaku, w genomach A i C *B. napus*, w celu monitorowania i selekcji stabilnych homozygotycznych form niskolinolenowych (genotyp aacc, kolor zielony) w genotypach rekombinantów, badanych w Temacie 3.

| Lp. | genotyp | FAD3A | | FAD3C | |
|-----|-----------|-------|---|-------|---|
| 9 | 681-9-21 | a | a | c | c |
| 10 | 681-10-21 | a | a | c | c |
| 11 | 1246-1-21 | A | A | C | c |
| 14 | 1246-4-21 | A | A | C | C |
| 16 | 1248-1-21 | A | A | c | c |
| 17 | 1248-2-21 | A | A | c | c |

(4) Zainicjowano implementację platformy PMS Pro w celu tworzenia bazy danych genetycznych i fenotypowych dla wszystkich genotypów rzepaku ozimego badanych w IHAR – PIB Oddział Poznań. Rozpoczęto wprowadzanie do platformy linii, odmian i genotypów, badanych dotąd w doświadczeniach polowych. Dla projektu związanego ze składem biochemicznym nasion, wprowadzono i poddano analizie cechy takie jak: zawartość tłuszczu, białka, włókna, wody w nasionach, kolor nasion, zawartość kwasów tłuszczowych. Przeprowadzono wstępne analizy statystyczne. Poniżej, przykładowe wykresy podstawowej analizy zmienności dla zawartości tłuszczu w nasionach oraz przykładowe zestawienie części danych.

