

BADANIA PODSTAWOWE NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ.

*Wyniki badań uzyskane w 2009 roku w tematach szczegółowych wg
Załącznika nr 14 Rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia
13 kwietnia 2007r. (Dz.U.Nr 67, poz. 446 oraz z 2008r. Nr 102 poz. 654 i Nr
146 poz. 930)*

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 3.

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

Kierownik projektu: Dr T. Góral

Badano odporność genotypów pszenicy: ozimej, jarej oraz twardej ozimej na fuzariozę kłosów. Obiekty wysiane zostały w 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 pokazujący udział porażonych kłosków w ogólnej liczbie kłosków na poletku. Wykonano pomiary wysokości roślin. Po zbiorze kłosów oznaczona została względna redukcja plonu ziarna z kłosa oraz stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*.

Średnie nasilenie fuzariozy kłosów 136 genotypów (2 doświadczenia po 68 ob.) pszenicy ozimej dla doświadczenia 1 wynosiło - 39,2%, a dla doświadczenia 2 - 40,8%. Zakres reakcji wynosił 20,3-57,8% w pierwszym doświadczeniu oraz 19,8-58,0% w drugim. Średnie uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* wyniosło dla doświadczenia 1- 21,0%, a dla drugiego - 23,9%. Zakres reakcji wynosił 7,9-36,1% w pierwszym doświadczeniu oraz 6,1-48,3% w drugim. Średnia redukcja plonu ziarna z kłosa wyniosły w doświadczeniu 1: 30,6%; w doświadczeniu 2: 37,4%. Zakres redukcji zawierał się w przedziałach: 0-52,4% w doświadczeniu 1 oraz 0-69,6% w doświadczeniu 2. Brakiem redukcji lub bardzo niską redukcją plonu z kłosa charakteryzowało się 7 genotypów. Współczynnik korelacji wysokości roślin i nasilenia fuzariozy kłosów był istotny jedynie w doświadczeniu 2, z tym że, współczynnik determinacji był niski. 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 doświadczeniach w 5 lokalizacjach: Kobierzyce, Nagradowice, Polanowice, Strzelce, Szelejewo. Po inokulacji kłosów określano indeks fuzariozy kłosów (Nagradowice, Strzelce, Szelejewo), stopień porażenia kłosa (Polanowice), odporność w skali 0-9. Średnie nasilenie fuzariozy kłosów wyniosło w Polanowicach 11,0%; Szelejewie 13,2%; Nagradowicach 25,9% oraz w Strzelcach 39,7%. W Kobierzycach średnia odporność pszenicy wyniosła 5,8. Stwierdzono duże zróżnicowanie podatności badanych genotypów. Znalezione genotypy odporne o stabilnej reakcji we wszystkich (lub większości) lokalizacjach. Stwierdzono dużą zgodność uzyskanych wyników.

Porażanie kłosów pszenicy twardej było bardzo wysokie. Średnio nasilenie fuzariozy kłosów wyniosło 53,3%, zakres zmienności 23,5-82,8%. Średni indeks fuzariozy kłosów w drugim terminie obserwacji wyniósł 69,0%. Porażenie kłosów części genotypów przekraczało 90%. Mimo bardzo silnego porażenia pszenicy twardej udało się wyselekcjonować około 20 genotypów o podatności poniżej średniej podatności pszenicy zwyczajnej.

Oceniano odporność na fuzariozę kłosów 426 linii i sublinii uzyskanych z mieszańców trzech odmian pszenicy ozimej i odpornej pszenicy jarej Sumai 3. Wybrano do dalszych badań 18 linii i 478 pojedynków o najkorzystniejszych cechach. Z 15 linii podwojonych haploidów pszenicy ozimej wybrano 9 linii o wysokiej odporności. Natomiast z 51 linii podwojonych haploidów pszenicy jarej do dalszych badań wybrano 22 linie odporne. Ze 149 linii pokolenia F₆ pszenicy jarej uzyskanych z mieszańców odmian z genotypami odpornymi oraz z 60 linii uzyskanych z mieszańców odmian pszenicy ozimej i pszenicy jarej Sumai 3 wybrano 45 (krzyżówki z odmianami jarymi) i 18 (krzyżówki z odmianami ozimymi) linii o najwyższej odporności i najlepszych cechach morfologicznych.

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

W okresie sprawozdawczym prace realizowano w laboratoriach i na polach Pracowni Hodowli Odpornościowej IHAR w Radzikowie. Obiekty pszenicy ozimej z doświadczenia wstępnego przetestowano pod względem odporności na *S. nodorum* w różnych środowiskach polowych siedmiu punktów doświadczalnych w terenie oraz w PHO IHAR Radzików. Zgodnie z harmonogramem inokulum *S. nodorum* o łącznej objętości 16 litrów zostało przesłane do siedmiu terenowych punktów doświadczalnych celem wykonania dwukrotnej inokulacji testowanych obiektów pszenicy ozimej.

Materiałami roślinnymi użytymi do wytworzenia linii DH w 2009 r. było 55 rekombinacyjnych linii mieszańców pszenicy przekazanych przez hodowców w 2007 r. oraz 61 rekombinacyjnych linii mieszańców pszenicy przekazanych przez hodowców w 2008 r.

Z linii, z których uzyskano powyżej 100 ziarniaków, 90 ziarniaków pozostawiono w PHO Zakładu Fitopatologii IHAR-Radzików i wysiano jesienią 2009 w polowym doświadczeniu atestacyjnym mającym na celu zbadanie reakcji na porażenie przez *S. nodorum*.

Doświadczenie wykonano w dwóch powtórzeniach w układzie losowanych bloków. Poletka inokulowano 3-krotnie w ciągu sezonu zawiesiną zarodników *S. nodorum*. Pierwsza inokulacja przeprowadzona została w fazie wczesnej butonizacji (GS 45 wg skali Zadoksa), drugą inokulację przeprowadzono w fazie kłoszenia, natomiast trzecią w początkowej fazie kwitnienia (GS 59). Poletka kontrolne chroniono Tilmem 250 EC (0,1% s.a. – propikonazol). Parametry oceniane w doświadczeniu to: wczesność roślin (określana liczbą dni od 1 stycznia do początku kłoszenia), wysokość roślin (podana w cm) oraz wielkość porażenia w skali od 1 do 9 (gdzie 1 oznacza rośliny podatne, a 9 odporne). Pomiaru wysokości dokonywano, gdy ponad połowa roślin na poletku była już wykłoszona. Ocenę stopnia porażenia roślin przez *S. nodorum* rozpoczynano w czasie pojawienia się pierwszych objawów choroby. Stopień porażenia liści oceniano sześciokrotnie natomiast kłosów pięciokrotnie w tygodniowych odstępach czasu aż do naturalnego 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, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1) zarówno w przypadku liści jak i kłosów.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy pierwszej serii:

Trzyście obiektów charakteryzowało się wyższą odpornością liści zaś dwa obiekty jedynie wyższą odpornością kłosów od wzorców. Istotność współczynników korelacji wskazuje, że odporność na *S. nodorum* liści i plew badanych obiektów była skorelowana z wczesnością rośliny.

Wyniki fenotypowej analizy odporności doświadczenia wstępnego pszenicy drugiej serii:

Jednaście obiektów wykazało wyższą odporność liści natomiast jedna linia wyższą odporność plew od odmian wzorcowych. Stwierdzono statystycznie istotną zależność między odpornością liści i plew na *S. nodorum* a wysokością rośliny.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pierwszego roku doświadczenia:

Linie DH pod względem odporności liści i plew na *S. nodorum* nie były odporniejsze od odmian wzorcowych.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH trzeciego roku doświadczenia:

Linie DH wyprowadzone z czterech mieszańców uzyskanych rekombinacyjnie wykazały wyższą odporność niż odmiany wzorcowe. Tak dla liści, jak i plew stwierdzono korelację odporności na *S. nodorum* z wysokością i wczesnością roślin.

Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH wysiewanych ręcznie:

Trzy linie DH wykazały się większą odpornością niż odmiany wzorcowe. Dla liści i plew stwierdzono korelację odporności na *S. nodorum* z wysokością i wczesnością roślin.

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

Szereg linii charakteryzowało się wyższą odpornością liści w porównaniu z odmianami wzorcowymi. Współczynniki korelacji Pearsona dają podstawę do stwierdzenia, że atestacje odporności wykonane w różnych środowiskach statystycznie istotnie modyfikują reakcje badanych obiektów pszenicy na *S. nodorum*.

Wnioski:

- 1) Uzyskanie linii pszenicy ozimej odporniejszych na *S. nodorum* od 3 odmian wzorcowych pod względem odporności liści oraz plew kłosów w porównaniu z odmianą wzorcową Tonacja, jest zadaniem dość złożonym, szczególnie w tradycyjnie prowadzonej hodowli rekombinacyjnej. Należy zaznaczyć, że odmiana Muszelka jest nową krótkosłomą odmianą wzorcową wprowadzoną do RO w 2008 r. z uwzględnieniem odporności na choroby, w tym septoriozę liści i plew kłosów.
- 2) 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 tradycyjnymi metodami.

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

Prowadzono badania nad połączeniem w jednym genomie pszenicy heksaploidalnej, genów warunkujących efektywną odporność na rdzę brunatną – Lr41 (*Puccinia triticea*) i mączniaka prawdziwego – Pm21 (*Blumeria graminis*) oraz określeniem ich ekspresji w różnych warunkach środowiska. Do badań wykorzystano linię WGRC 10 z genem Lr41 pochodzącym z diploidalnej dzikiej pszenicy *Triticum tauschii*, jako źródło odporności na mączniaka zastosowano linię translokowaną 6VS/6AL Yangmai 5 z dominującym genem Pm21 pochodzącym od *Dasyphyrum villosum*.

Do oceny reakcji na zakażenie przez *B. graminis* f.sp. *tritici* i *P. recondita* f.sp. *tritici* użyto izolatów jednozarodnikowych wirulentnych w stosunku do odmian wypierających a awirulentnych do linii odpowiednio z genem Pm21 i Lr41.

Do wykrywania obecności przenoszonych genów odporności w badanych populacjach mieszańcowych zastosowano markery molekularne: mikrosatelitarne SSR/Xgdm35, Xbarc124, Xgwm210 dla genu Lr41 i marker PCR NAU/XIBAO15 specyficzny dla translokacji z genem Pm21.

Wykonano ocenę fenotypową i molekularną odporności 5 populacji mieszańcowych F₁BC₂ Wyodrębniono 65 roślin z genami odporności Lr41 i Pm21, warunkujących wysoką odporność na rdzę brunatną i mączniaka do dalszych badań nad wartością innych cech gospodarczych.

W szkółce polowej oceniono 647 linii F₃ pochodzących z 19 kombinacji krzyżówkowych, które we wcześniejszych badaniach wyselekcjonowano po ocenie molekularnej dla genów Lr41, Pm21, Pm50 i fenotypowej. Po ocenie w warunkach naturalnych wybrano 220 linii do oceny ekspresji ich odporności w zróżnicowanych środowiskach przyrodniczych w Polsce.

Oceniono spektrum odporności nowych genów odporności na rdzę brunatną i mączniaka pszenicy. W 7 miejscowościach oceniono odporność 145 linii z wprowadzoną odpornością warunkowaną genami Lr41 i Pm21. Wśród badanych linii, 54 charakteryzowały się wysoką odpornością na oba patogeny.

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 P. Czembor

Celem projektu jest określenie przydatności strategii opartej o markery molekularne do kumulacji trzech *loci* cech ilościowych i jednej jakościowej w pszenicy ozimej, które mają poprawić odporność na fuzariozę kłosa i rdzę żółtą oraz podnieść poziom białka w ziarnie. Donorami wprowadzanych genów są odmiany Scarlet i Sumai3.

W roku 2009 wykonano selekcję wspomaganą markerami molekularnymi na dwóch populacjach mieszańcowych F1 otrzymanych wg formuły: (Scarlet × Muszelka) × (Sumai3 × Muszelka) oraz (Scarlet × STH537) × (Sumai3 × STH537). W populacji A, spośród 416 roślin wybrano 7 roślin zawierających allele *loci* SSR sprzężonych z wprowadzanymi genami i przekrzyżowano je z odmianą Muszelka. Otrzymano 565 ziarniaków pokolenia F₁BC₁. Natomiast w populacji B po selekcji molekularnej wybrano 13 roślin. Po krzyżowaniu wstecznym z linią STH537 uzyskano 528 ziarniaków pokolenia F₁BC₁.

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 *P. triticina* w stadium rośliny dorosłej spośród różnych genotypów pszenicy ozimej.

Materiałem do badań w 2009 roku były perspektywiczne formy pszenicy ozimej oraz genotypy pochodzące z 7-miu miejscowości z różnych, geograficznych rejonów uprawy pszenicy. Ogółem w badaniach brały udział 462 genotypy pszenicy ozimej oraz 3 odmiany wzorcowe Bogatka, Muszelka i Tonacja. Wymieniony materiał badawczy wysiano jesienią w Grodkowicach i w Krzeczowicach po 2 rządki, z kontrolnymi wrażliwymi odmianami pszenicy Michigan Amber i Albedo.

Przygotowano inokulat *P. triticina* do zakażeń, wybrano do badań 4 patotypy rdzy, które występują z dużą częstotliwością w krajowej populacji grzyba i odznaczają się znaczną wirulencją w stosunku do linii monogenicznych z genami odporności *Lr*. W sezonie wegetacyjnym przeprowadzono w Grodkowicach w polu sztuczną inokulację rdzą brunatną roślin wymienionych genotypów pszenicy. Rośliny inokulowano przez oprysk zawiesiną uredospor mieszaniną patotypów *P. triticina* (z dodatkiem Tween 20) w stadium przed kłoszeniem. Ocenę porażenia form pszenicy rdzą brunatną, przeprowadzono w Grodkowicach - dwa tygodnie po inokulacji, oraz w Krzeczowicach w warunkach naturalnej infekcji. Ocenę porażenia rdzą brunatną genotypów pszenicy przeprowadzono w obydwu miejscowościach 3-krotnie, w odstępach 2-tygodniowych, w oparciu o powszechnie stosowaną wizualną skalę 9-cio stopniową gdzie: stopień 9 oznacza wysoką odporność, 1- wysoką wrażliwość. W celu dokładniejszego określenia poziomu odporności badanych genotypów na rdzę brunatną, ocenę porażenia ze skali 9-cio stopniowej 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.

Wyniki oceny porażenia rdzą brunatną badanych genotypów pszenicy ozimej w warunkach polowych przy zastosowaniu sztucznej inokulacji w Grodkowicach oraz przy naturalnej infekcji w Krzeczowicach świadczą o zróżnicowanej reakcji tych form na porażenie. Spośród 462 genotypów 176 odznaczało się wysokim poziomem odporności polowej w obu miejscowościach w czasie całego okresu wegetacyjnego - porażenie 1,5-20% (co odpowiada w skali stopniom 9-6) (jest to grupa genotypów o małej powierzchni pod krzywą rozwoju choroby). Spośród odmian wzorcowych jedynie Muszelka charakteryzowała się wysokim poziomem odporności i bardzo małą powierzchnią pod krzywą rozwoju choroby w ciągu całego okresu wegetacji w obu miejscowościach.

Podsumowując można zauważyć, że badane genotypy pszenicy ozimej były w różnym stopniu porażane przez rdzę brunatną *P. triticina* w obu miejscowościach. Istotny wpływ na stopień porażenia miała zastosowana sztuczna inokulacja patogenem w Grodkowicach gdzie rdza wystąpiła już w znacznym nasileniu od połowy czerwca, podczas gdy w warunkach naturalnej infekcji w Krzeczowicach obserwowano w tym czasie znacznie niższe porażenie. W obu miejscowościach rdza wystąpiła w dużym nasileniu w ostatnich dniach czerwca na co miały między innymi wpływ sprzyjające warunki pogodowe dla rozwoju rdzy.

Określenie wielkości powierzchni pod krzywą rozwoju choroby (AUDPC) pozwoliło na wyodrębnienie genotypów o odporności polowej, zwanej inaczej częściową czy rasowo-niespecyficzną. Wyodrębnione genotypy pszenicy o wysokim poziomie odporności polowej mogą stanowić interesujący materiał jako źródła odporności na rdzę brunatną *P. triticina*.

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

Badano 1779 rodów pszenicy jarej i 2811 rodów pszenicy ozimej. Na podstawie elektroforezy SDS-PAGE określono skład podjednostek białek HMW gluteninowych, który stanowił podstawę do analizy struktury genetycznej populacji pszenicy jarej i ozimej pod względem alleli loci Glu A1, Glu B1 i Glu D1. Stwierdzono znaczne zróżnicowanie procentowych udziałów zidentyfikowanych białek w obu grupach badanych roślin. Geny kontrolujące niektóre podjednostki wykazują zdecydowaną dominację ilościową nad ich allelicznymi wariantami w obrębie jednego locus (np. Glu B1-7+9) natomiast w przypadku locus Glu D1 rozkład alleli jest znacznie bardziej zrównoważony. Wyniki badań pozwoliły określić cechy specyficzne i charakterystyczne dla pszenic jarych i ozimych, związane z rozkładem częstotliwości określonych genów warunkujących syntezę podjednostek białek HMW gluteninowych.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 17.

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

Kierownik projektu: Dr I. Kolańska

Badania prowadzone w sezonie 2008/2009 koncentrowały się głównie na poszukiwaniu nowych efektywnych restorerów płodności dla CMS-Pampa, zarówno wśród genotypów żyta wyprowadzonych z polskich populacji, jak również wśród genotypów pochodzących z różnych populacji miejscowych i egzotycznych otrzymanych z Banku Genów. Ocena męskiej płodności mieszańców testowych pochodzących z krzyżowania 495 genotypów żyta wyprowadzonych z polskich populacji z CMS testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt) wykazała, że tylko 5,2% spośród nich było efektywnymi restorerami. Przeważająca większość (75,8%) tych linii częściowo przywróciła płodność mieszańcom, a niektóre z nich (12,1%) w ogóle nie przywracały

plodności. W grupie 109 genotypów wyprowadzonych z różnych populacji miejscowych zidentyfikowano znacznie więcej pełnych restorerów niż wśród linii wyprowadzonych z polskich populacji żyta. Frekwencja restorerów o IR >70% stanowiła 48,3%, a frekwencja pełnych restorerów (IR=100% i %mf=100) wynosiła 30%. W celu kontynuacji identyfikacji efektywnych restorerów wykonano ręczne krzyżowanie testowe 832 roślin pochodzących z 173 linii wsobnych z męskosterylnym testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt). Jednocześnie wykonano samozapylenie roślin ojcowskich przed kwitnieniem. Ponadto wykonano krzyżowanie testowe 63 linii wsobnych S₃ (263 roślin) pochodzących z populacji tureckich i 30 linii S₂ pochodzących z populacji miejscowych argentyńskich i irańskich z CMS-Tt.

Przeprowadzono ocenę męskiej płodności pojedynczych roślin 48 mieszańców uzyskanych poprzez krzyżowanie 12 linii męskosterylnych (P) z 4 restorerami (R) w doświadczeniu założonym metodą losową w 3 powtórzeniach. Stwierdzono, że głównym źródłem zmienności męskiej płodności mieszańców była zmienność wynikająca z różnic genetycznych pomiędzy liniami męskosterylnymi (57,5%). Zmienność linii restorerów stanowiła 29,6%, a udział interakcji P×R w zmienności genetycznej mieszańców był niewielki i wynosił 7,2%.

Ocena męskiej płodności 72 mieszańców uzyskanych poprzez krzyżowanie linii męskosterylnych z restorerami w warunkach tuneli foliowych oraz w warunkach polowych (2 doświadczenia, 3 miejscowości, 3 powtórzenia) umożliwiła poznanie zróżnicowania linii P pod względem wpływu na poziom płodności mieszańców. Spośród ocenianych linii męskosterylnych wyodrębniono linie łatwe, pośrednie i trudne do przywrócenia męskiej płodności, co pozwoli na odpowiednie wykorzystanie ich w pracach nad identyfikacją efektywnych restorerów oraz w badaniach genetycznych. Wykonano krzyżowanie 70 nowych linii męskosterylnych z populacją syntetyczną, a męska płodność mieszańców będzie oceniana w różnych warunkach.

Korelacja pomiędzy płodnością mieszańców uprawianych w tunelach foliowych i w polu, wskazuje na możliwość prowadzenia oceny zdolności przywracania płodności w obu warunkach, co pozwala na znaczne zwiększenie efektywności pracy.

Ocena męskiej płodności mieszańców testowych uzyskanych z udziałem CMS-Tt w tunelach foliowych i w polu umożliwiła identyfikację genotypów całkowicie przywracających płodność w obu warunkach uprawy. Wydaje się, że niektóre pełne restorery mogłyby stanowić źródło efektywnych genów przywracania płodności w dalszych pracach nad ulepszeniem tej cechy oraz w badaniach genetycznych. Rozpoczęto badania nad genetycznym uwarunkowaniem przywracania płodności w cytoplazmie Pampa. W tym celu wykonano krzyżowanie wybranych pełnych restorerów z wybranymi liniami męskosterylnymi.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 18.

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

Kierownik projektu: Dr I. Kolańska

Badano zdolność kombinacyjną kilku grup genotypów żyta pod względem ważnych cech użytkowych w różnych warunkach środowiska. Materiał badawczy stanowiły zróżnicowane komponenty mateczne (linie męskosterylne z cytoplazmą Pampa tzw. linie P oraz męskosterylne mieszańce pojedyncze (CMS-SC) oraz zróżnicowane komponenty ojcowskie (linie wsobne i populacje).

W roku sprawozdawczym oceniano wartość siedmiu cech użytkowych u różnego typu mieszańców pokolenia F₁:

- 60 mieszańców pojedynczych uzyskanych w wyniku krzyżowania linii męskosterylnych z populacjami ojcowskimi,
- 68 mieszańców pojedynczych uzyskanych w wyniku krzyżowania męskosterylnych komponentów matecznych z liniami wsobnymi,

– 120 mieszańców trójkomponentowych uzyskanych w wyniku krzyżowania męskosterylnych komponentów matecznych (CMS-SC) ze zróżnicowanymi populacjami ojcowskimi w układzie czynnikowym.

Doświadczenia polowe założono metodą bloków niekompletnych w trzech miejscowościach zlokalizowanych w zróżnicowanych warunkach środowiska i w trzech powtórzeniach, powierzchnia poletek - 5 m², gęstość siewu - 250 lub 300 kielkujących ziaren na 1m². Przeprowadzono obliczenia statystyczne obejmujące analizę wariancji mieszańców w przeprowadzonych doświadczeniach, analizę zdolności kombinacyjnej badanych genotypów w różnych warunkach środowiska oraz oszacowanie efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) komponentów matecznych i ojcowskich oraz swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) par rodzicielskich średnio w trzech miejscowościach i dodatkowo w każdej z miejscowości.

Analiza wariancji mieszańców pojedynczych uzyskanych zarówno w wyniku krzyżowania 24 linii męskosterylnych z jedną populacją ojcowską, jak i poprzez krzyżowanie 12 linii P z trzema populacjami ojcowskimi, wykazała ich istotne zróżnicowanie pod względem wszystkich cech w dwóch spośród trzech miejscowości. Wariancja ogólnej zdolności kombinacyjnej linii męskosterylnych okazała się istotna dla wszystkich cech także w tych dwóch miejscowościach. Oszacowanie średnich efektów GCA linii męskosterylnych oraz dodatkowo efektów GCA w każdym z doświadczeń, pozwoliło poznać wpływ linii P na cechy użytkowe potomstwa i wyodrębnić najbardziej wartościowe spośród nich. Istotną zmienność stwierdzono także wśród mieszańców pojedynczych uzyskanych w wyniku krzyżowania linii wsobnych z męskosterylnymi komponentami matecznymi pod względem plonu i większości cech użytkowych. Stwierdzono także istotną zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej linii wsobnych. Na podstawie wyników średnich z trzech miejscowości testowane linie wsobne rozdzielono na trzy grupy: o efektach GCA dodatnich istotnie różnych od zera, o efektach GCA ujemnych istotnie różnych od zera i efektach GCA nieistotnie różnych od zera. Szczegółowa analiza efektów GCA w poszczególnych miejscowościach wskazuje, że niektóre linie wsobne charakteryzowały się korzystnymi efektami GCA kilku cech użytkowych.

Spośród trzech grup mieszańców trójkomponentowych badanych w 3 doświadczeniach najwięcej informacji uzyskano o wartości komponentów rodzicielskich tworzących mieszańce oceniane w najbardziej precyzyjnie przeprowadzonym doświadczeniu D01_09_CNR. Mieszańce tego doświadczenia były istotnie zróżnicowane pod względem wszystkich cech we wszystkich miejscowościach. Wariancja GCA zarówno komponentów matecznych, jak i ojcowskich okazała się istotna dla większości cech w każdej z trzech miejscowości. Natomiast zmienność SCA najczęściej była istotna tylko w jednej miejscowości. W żadnym doświadczeniu nie stwierdzono istotnej zmienności SCA dla plonu, wylegania i masy 1000 ziaren. Mieszańce trójkomponentowe oceniane w dwóch innych doświadczeniach okazały się istotnie zróżnicowane pod względem większości cech w dwóch miejscowościach. Podobnie wariancja GCA komponentów matecznych i ojcowskich była głównie istotna w tych dwóch miejscowościach.

Oszacowanie średnich efektów GCA komponentów matecznych i ojcowskich oraz ich interakcji ze środowiskiem, a dodatkowo także efektów GCA w poszczególnych miejscowościach umożliwiło poznanie ich wpływu na wartość cech użytkowych tworzonych kombinacji mieszańcowych oraz pozwoliło na wyodrębnienie genotypów łączących istotne korzystne efekty GCA kilku cech użytkowych. Stwierdzono, że ogólna zdolność kombinacyjna odgrywała główną rolę w zmienności genetycznej mieszańców pojedynczych oraz mieszańców trójkomponentowych żyta. Zmienność swoistej zdolności kombinacyjnej dla większości cech użytkowych była istotna tylko w pojedynczych doświadczeniach mieszańców pojedynczych i trójkomponentowych.

W roku sprawozdawczym wytworzono nową serię zarówno mieszańców pojedynczych (ogółem 141), jak i mieszańców trójkomponentowych pochodzących z krzyżowania w układzie czynnikowym zróżnicowanych męskosterylnych komponentów matecznych z populacjami ojcowskimi (ogółem 143). Ponadto rozmnożono lub wytworzono komponenty rodzicielskie potrzebne do dalszych badań.

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 oceniono reakcję 30 odmian na kolejne izolaty rdzy żyta (*Puccinia recondita* f.sp. *secalis*) wyodrębnione z porażonych roślin zebranych w HR Smolice O. w Bąkowie. Reakcja badanych odmian na zakażenie 5 izolatami 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 30 odmian oceniono pod względem reakcji na zakażenie 10 jednozarodnikowymi izolatami mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *secalis*), pochodzącymi z dwóch miejscowości: Bąkowa i Smolic. Wśród ocenianych odmian większość była podatna na użyte w badaniach izolaty, kilka charakteryzowała się heterogeniczną reakcją: 0 i 4, 2 i 4. Wyróżniającą się pod względem odporności odmian jest CHD 548, która jest wysoce odporna na 6 izolatów.

Oceniono 41 odmian zarejestrowanych w Polsce (Lista Opisowa Odmian, 2008) na zakażenie populacją rdzy żyta. Wśród badanych odmian, tylko dwie mieszańcowe były częściowo odporne, pozostałe były podatne.

Z zasobów genowych żyta zgromadzonych w Banku Genów IHAR, oceniono reakcję 400 odmian na zakażenie populacją rdzy żyta. Stwierdzono występowanie roślin odpornych w 8 obiektach. Rośliny odporne zachowano do rozmnożenia i dalszych badań. Pozostałe 392 odmiany były podatne w stopniu 3 lub 4.

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 2009 było zbadanie zdolności do androgenezy linii żyta przygotowanych we współpracy z hodowcami. Celem zasadniczym było zbadanie reakcji androgenicznej tych linii. W bieżącym roku przedmiotem badań było 18 genotypów żyta.

Z każdego genotypu wyłożono pylniki z 14 do 27 kłosów, razem 75340 pylników. Poszczególne linie wykazują silne zróżnicowanie pod względem androgenicznej reakcji w kulturach tkankowych. Kalus uzyskano u 17 z 19 badanych genotypów. Z sześciu linii udało się zregenerować rośliny. W sumie uprawianych jest 45 zregenerowanych roślin. Rośliny te będą poddane zabiegowi kolchicynowania.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 24.

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

Kierownik projektu: Dr P. Bednarek

Wiarygodna identyfikacja markerów molekularnych cech wielogenowych bądź ilościowych wymaga walidacji wyników na wielu populacjach mapujących F2 bądź badań na zestawach linii rekombinacyjnych i prowadzeniu badań porównawczych potwierdzających komigrację markerów z cechą. W latach ubiegłych analizy molekularne wykazały, że przywracanie płodności pyłku u żyta ozimego z cms pampa, u analizowanych populacji mapujących pokolenia F2 jest warunkowane genami występującymi na pierwszym oraz trzecim chromosomach żyta. Mniej istotne geny mogą występować na chromosomach 4R, 5R czy 6R. Przy czym na 1R prawdopodobnie występuje kilka genów przywracania płodności o zróżnicowanym znaczeniu. Zgodnie z uzyskanymi wynikami mamy do czynienia z co najmniej z dwoma genami restoracji występującymi na pierwszym chromosomie żyta. Wyniki badań uzyskane na kolejnych populacjach mapujących F2 potwierdzają obecność genów przywracania płodności na 1R. Przy czym w zależności od badanej populacji liczba tych genów

wynosi nawet trzy. Przy tym samym zapylaczu lecz różnej matce (trudnej i łatwej do przywracania płodności) liczba ujawniających się loci jest zmienna. W przypadku "trudnej" matki jest ich mniej a w przypadku "łatwej" więcej. Zidentyfikowano szereg markerów lokalizujących się w bezpośrednim sąsiedztwie (poniżej 3cM) kilku loci cechy. Planuje się wykorzystanie wybranych markerów celem weryfikacji ich użyteczności do selekcji materiałów wyjściowych u żyta ozimego.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 26.

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

Kierownik projektu: Dr A. Strzembicka

Celem pracy jest wyodrębnienie źródeł odporności na rdzę brunatną *P. triticina*, rdzę żółtą *P. striiformis* i mączniaka *B. graminis* spośród perspektywicznych form pszenżyta ozimego.

Przedmiotem badań w 2009 roku były perspektywiczne formy pszenżyta ozimego o normalnej długości oraz wraz 2 wzorcami Moderato i Grenado, oraz formy z dwóch rejonów uprawy. Ogółem materiał do badań stanowiło 121 genotypów pszenżyta. Wymieniony materiał badawczy wysiano wraz z wzorcami wrażliwości Lamberto i Marko po 2 rządki w Grodkowicach i w Krzeczowicach.

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

Przeprowadzono ocenę form pszenżyta w stadium siewek (2-gi liść) pod względem odporności na populację wymienionych patogenów. Ocenę materiałów pszenżyta w stadium siewek prowadzono według skali gdzie: 0,1,2 – rośliny odporne, 3,4 - rośliny wrażliwe.

W Grodkowicach w polu wykonano sztuczną inokulację roślin poszczególnych genotypów pszenżyta mieszaniną populacji rdzy brunatnej oraz rdzy żółtej.

W Grodkowicach i Krzeczowicach przeprowadzono (naturalna infekcja) 3-krotną ocenę porażenia form pszenżyta rdzą brunatną i mączniakiem, oraz 2-krotną rdzą żółtą. Ocenę porażenia prowadzono w skali 9-1 – gdzie 9 - wysoce odporny, 1- wysoce wrażliwy. Dla dokładniejszego określenia poziomu odporności badanych genotypów na rdze i mączniaka, ocenę porażenia ze skali 9-cio stopniowej przekształcono w skalę określającą średni procent porażenia roślin, a poziom odporności oceniano wyliczając powierzchnię pod krzywą rozwoju choroby stosując współczynnik AUDPC. Określenie wielkości powierzchni pod krzywą rozwoju choroby (AUDPC) pozwala na wyodrębnienie genotypów o odporności połowej, zwanej inaczej częściową czy rasowo-niespecyficzną, niższa wartość AUDPC oznacza większą odporność.

Wyniki oceny 121 form pszenżyta pod względem odporności w stadium siewek na populację izolatów rdzy brunatnej i mączniaka pochodzącą z pszenżyta wskazują na znaczną wrażliwość ocenianych form na te patogeny. Większość form wykazała odporność na populację tych patogenów pochodzącą z pszenicy. Spośród badanych form 37 odznaczało się wysoką odpornością na rdzę brunatną oraz 14 na mączniaka na obie populacje patogena. Zdecydowana większość badanych form pszenżyta (z wyjątkiem 10-ciu) charakteryzowała się wysoką odpornością w stadium siewek na populację rdzy żółtej pochodzącą z pszenicy

Wyniki oceny porażenia rdzą brunatną *P. triticina* badanych genotypów pszenżyta w warunkach polowych w Grodkowicach przy zastosowaniu sztucznej inokulacji oraz w warunkach naturalnej infekcji w Krzeczowicach, wskazują że spośród 121 ocenianych, zdecydowana większość charakteryzuje się wysoką odpornością połową 1,5-9,3% porażenia (w skali stopień 9-7) oraz bardzo niską powierzchnią pod krzywą rozwoju choroby (AUDPC) w obu miejscowościach. Należy jednak zaznaczyć, że w Krzeczowicach, rdza na pszenżycie wystąpiła w słabym nasileniu, nie obserwowano większego zróżnicowania pod względem porażenia rdzą brunatną badanych form w ciągu całego okresu wegetacji. Natomiast w Grodkowicach (przy sztucznej inokulacji) nasilenie rdzy na pszenżycie było większe, 28 form charakteryzowało się średnim porażeniem ok. 40% już w połowie czerwca.

Analizując wyniki oceny porażenia mączniakiem *B. graminis* form pszenżyta w Grodkowicach i Krzeczowicach można zauważyć brak form wrażliwych na tego patogena w obu miejscowościach. Również odmiana Lamberto – wzorzec wrażliwości na mączniaka, jedynie w Krzeczowicach uległa średniemu porażeniu ok. 40%. Warunki klimatyczne w roku bieżącym w obu miejscowościach nie były sprzyjające dla rozwoju tego patogena, zatem nie obserwowano zróżnicowanej reakcji pszenżyta na porażenie.

Przeważająca liczba rodów, spośród 121 badanych, nie uległa porażeniu rdzą żółtą *P. striiformis*, jednak u 11 form notowano w Grodkowicach w połowie czerwca porażenie ok.40%, 2 formy uległy porażeniu w 63%, podobnie jak odmiana Marko wzorzec wrażliwości. W Krzeczowicach rdza żółta nie wystąpiła w bieżącym roku nawet na tak podatnej odmianie jak Marko.

W roku bieżącym nie obserwowano zróżnicowanej reakcji pszenżyta na porażenie obydwoma gatunkami rdzy i mączniakiem, znaczna liczba badanych genotypów wykazała wysoką i średnią odporność połową. Duża liczba odpornych form spośród 121 badanych genotypów może świadczyć o pozytywnych efektach selekcji. Należy też zaznaczyć, że warunki pogodowe w Grodkowicach jak i w Krzeczowicach nie były w pełni sprzyjające dla rozwoju patogenów, zwłaszcza mączniaka i rdzy żółtej (okresy suszy i potem obfitych opadów). Zastosowanie sztucznej inokulacji rdzą brunatną i żółtą w Grodkowicach wpłynęło na bardziej zróżnicowaną reakcję genotypów pszenżyta na porażenie.

Znacznie większe zróżnicowanie badanego materiału na poszczególne patogeny notowano w stadium siewek, zwłaszcza w przypadku oceny na populację rdzy brunatnej i mączniaka pochodzącą zarówno z pszenicy jak i z pszenżyta, na uwagę zasługują formy odporne na obie populacje.

Przeprowadzone badania materiałów pszenżyta pod względem odporności na rdzę brunatną, żółtą i mączniaka w warunkach sztucznej inokulacji w stadium siewek i rośliny dorosłej, także w warunkach naturalnej infekcji pozwoliły na dokładniejszą ocenę poziomu odporności poszczególnych form pszenżyta i wytypowanie form o wysokiej odporności w stadium siewek i w polu na wymienione patogeny.

Mając na uwadze nasilenie występowania na pszenżycie obu gatunków rdzy, szczególnie rdzy żółtej w roku bieżącym, jak i mączniaka w niektórych rejonach kraju istnieje konieczność stałego poszukiwania i doboru źródeł odporności.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 27.

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

Kierownik projektu: Prof. dr hab. E. Arseniuk

Prace badawcze realizowano w Pracowni Hodowli Odpornościowej IHAR Radzików oraz w pięciu punktach doświadczalnych w terenie. Materiałem roślinnym do wytworzenia linii DH było 91 mieszańców pszenżyta. Materiały w doświadczeniu polowym wysiano w 4 powtórzeniach obejmujących 1 powtórzenie kontrolne i 3 powtórzenia zakażane w układzie losowanych bloków. Poletka inokulowano trzykrotnie w ciągu sezonu zawiesiną zarodników *S. nodorum*. Poletka kontrolne opryskiwane były Tiltiem 250 EC (0,1% s.a. – propikonazol). Parametry oceniane w doświadczeniu to: wczesność kłoszenia roślin, wysokość roślin (cm) oraz pięciokrotnie oceniany stopień porażenia w skali od 1 do 9 (1 = podatność, 9 = odporność).

Wyniki fenotypowej analizy odporności rodów pszenżyta długosłomego w doświadczeniu wstępnym: Zakres terminów kłoszenia roślin poszczególnych linii wahał się od 142 do 144 dni, przy wartości średniej 143 dni. Wysokość badanych roślin wynosiła od 80,0 cm do 120,0 cm z wartością średnią 104,0 cm. Zakres reakcji na porażenie pszenżyta przez *S. nodorum* dla liści wynosił od 4,4 (skala 1-9) do 6,1 z wartością średnią 5,4. Z kolei dla kłosów zamykał się w przedziale 4,5 do 6,1 ze średnią 5,5. Nie znaleziono linii charakteryzujących się skrajnymi reakcjami na porażenie patogenem, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1) zarówno w przypadku liści jak i plew kłosów. Wśród

testowanych linii pszenżyta nie stwierdzono obiektów charakteryzujących się istotnie wyższą odpornością liści na *S. nodorum* od stosunkowo odpornej długosłomej odmiany wzorcowej Moderato. Wyniki fenotypowej analizy odporności linii DH pszenżyta trzeciego roku doświadczenia:

Zakres terminów kłoszenia roślin poszczególnych linii mieścił się w przedziale od 142 do 145 dni, przy wartości średniej 143 dni, co jest zakresem szerszym wyliczonym dla obiektów doświadczenia wstępnego. Badane rośliny mierzyły od 76,7 cm do 131,7 cm z wartością średnią 107,0 cm. Jest to zakres znacznie szerszy w porównaniu z zakresem podanym dla obiektów doświadczenia wstępnego uzyskanych rekombinacyjnie. Zakres reakcji na porażenie linii DH pszenżyta przez *S. nodorum* dla liści oscylował w granicach od 4,8 (skala 1-9) do 5,1 z wartością średnią 4,9; natomiast dla plew kłosów od 4,6 do 6,3 ze średnią 5,6. Żadnej z linii nie charakteryzowały skrajne reakcje na porażenie patogenem, czyli nie zaobserwowano obiektów całkowicie odpornych (stopień porażenia = 9) jak i obiektów całkowicie podatnych (stopień porażenia = 1), zarówno w przypadku liści jak i kłosów. Najwyższą odpornością liści charakteryzowała się krótkosłoma wzorcowa odmiana Borwo. Podobną wysoką odporność obserwowano u plew tej odmiany.

W 5 punktach doświadczalnych wykonano ocenę obiektów pszenżyta ozimego pod względem odporności na *S. nodorum* zgodnie z wyżej opisanymi procedurami.

Wysokość roślin badanych wynosiła od 80,0 cm do 142,0 cm. Zakres terminów kłoszenia roślin poszczególnych linii wahał się od 128,0 do 144,0 dni. Zakres reakcji na porażenie linii DH pszenżyta przez *S. nodorum* dla liści wynosił od 2,7 do 9,0 (skala 1-9). W Laskach 5 linii cechowała odporność wyższa od wzorca, w tym 2 rody okazały się całkowicie odporne na porażenie septoriozą. W Smolicach, 15 linii dorównywało odpornością wzorcowi Grenado, dwie linie okazały się odporniejsze od wzorca uzyskując notę 7,0. W Szelejewie 3 rody dorównywały odpornością wzorcowi Moderato, a trzy okazały się odporniejsze od tego wzorca. W Małyszynie 4 linie oceniono na poziomie wzorca Moderato, który z kolei przewyższyła linia. W Strzelcach zaobserwowano trzy linie równie odporne jak Moderato i 9 obiektów odporniejszych od tego wzorca.

Wnioski:

- 1) Uzyskanie linii pszenżyta ozimego odporniejszego na *S. nodorum* od obecnych odmian wzorcowych Moderato i Borwo jest zadaniem stosunkowo złożonym, szczególnie w prowadzonej tradycyjnie hodowli rekombinacyjnej,
- 2) Wprowadzenie techniki podwojonych haploidów zwiększa zmienność genetyczną a tym samym zwiększa szanse uzyskania linii o wyższej odporności na *S. nodorum* 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 wysiano w doświadczeniu polowym w Radzikowie. Materiałem infekcyjnym była mieszanina izolatów *Fusarium culmorum*. Rośliny inokulowane były przez oprysk kłosów zawieszoną zarodników. Wykonano 3 inokulacje wszystkich obiektów. Inokulację rozpoczęto w okresie pełni kwitnienia najwcześniejszych odmian. Po wystąpieniu objawów choroby przeprowadzono 2-krotną ocenę nasilenia fuzariozy kłosów. Określono indeks fuzariozy kłosów pokazujący udział porażonych kłosek w ogólnej liczbie kłosek na poletku. Obserwowano również występowanie zamierania kłosa - zasychania górnej części kłosa na skutek infekcji *Fusarium* oraz wielopunktowej infekcji – objawy choroby na kilku nieprzylegających kłosek w kłosie (niska odporność na infekcję, typ 1). Wykonano pomiary wysokości roślin. Po zbiorze kłosów oznaczona została względna redukcja składników plonu ziarna z kłosa oraz stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*.

Średnie nasilenie fuzariozy kłosów badanych 60 genotypów pszenżyta ozimego wynosiło 23,7%. Zakres reakcji mieścił się w granicach od 6,0 do 43,5%. Zamieranie kłosa wystąpiło na ponad 75% poletek. Wielopunktową infekcję obserwowano na 60% poletek. Około 1/3 genotypów wykazało niski poziom tej odporności. Średnie uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* wyniosło 12,1%. Zakres

reakcji mieścił się w granicach od 2,1 do 26,1%. Większość genotypów wykazała redukcję plonu ziarna w odniesieniu do kontroli. Brakiem redukcji lub bardzo niską redukcją plonu z kłosa charakteryzowało się 10 genotypów. Współczynnik korelacji wysokości roślin i nasilenia fuzariozy kłosów był istotny, z tym, że współczynnik determinacji był bardzo niski. We wszystkich grupach wysokości zmienność nasilenia fuzariozy kłosów była podobna. Jedynie dla genotypów o wysokości poniżej 100 cm zaznaczyła się tendencja do spadku porażenia kłosa wraz ze wzrostem wysokości. Termin kwitnienia nie korelował z nasileniem fuzariozy kłosów. Występowanie zamierania kłosa i infekcji wielopunktowej istotnie korelowało z obserwowanym nasileniem fuzariozy kłosów. Współczynnik korelacji infekcji wielopunktowej z nasileniem fuzariozy kłosów był wyższy dla pierwszego terminu obserwacji, niż dla drugiego. Pokazuje to, że dalszy rozwój choroby zależał od odporności typu 2 (na rozprzestrzenianie *Fusarium* w kłosie). Stwierdzono istotną dodatnią zależność uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium* od nasilenia fuzariozy kłosów. Jednakże współczynnik determinacji był niski. Część genotypów wykazywała małe uszkodzenie ziarniaków mimo silnego porażenia kłosa. Kilka innych genotypów wykazało niską odporność na uszkodzenie ziarniaków. Nasilenie fuzariozy kłosów istotnie korelowało z redukcją masy ziarna z kłosa, współczynnik determinacji był jednak bardzo niski.

Odporność powyższych 60 genotypów pszenżyta ozimego badano dodatkowo w doświadczeniach polowych w punktach doświadczalnych: Poznań; Małyszyn (woj. lubuskie) oraz Szelejewo (woj. wielkopolskie). Określano indeks fuzariozy kłosów (Poznań, Szelejewo), lub odporność w skali 0-9 (9 – najwyższa odporność) (Małyszyn). Średnie nasilenie fuzariozy kłosów wyniosło w Poznaniu 28,0% i w Szelejewie 7,1%. W Małyszynie średnia odporność pszenżyta wyniosła 6,3. Stwierdzono duże zróżnicowanie podatności badanych genotypów. Zakres zmienności wynosił w Poznaniu 8,3–63,9%, w Szelejewie 1,5–32,0%, w Małyszynie 8,5–3,5. Znalezione genotypy odporne o stabilnej reakcji we wszystkich (lub większości) lokalizacjach. Mimo różnic warunków pogodowych, w których prowadzono doświadczenia stwierdzono dużą zgodność uzyskanych wyników.

Porażenie kłosów 13 genotypów pszenżyta krótkokosłowego było zbliżone do wartości dla pszenżyta tradycyjnego i wyniosło 21,%, zakres reakcji 13,8–26,7%. Zamieranie kłosów, uszkodzenie ziarniaków i redukcja MZK były niższe niż dla genotypów pszenżyta tradycyjnego. Współczynniki korelacji terminu kwitnienia i wysokości roślin z nasileniem fuzariozy kłosów były istotne statystycznie. Współczynniki determinacji były wysokie, zwłaszcza dla wysokości roślin. Współczynniki korelacji pomiędzy nasileniem fuzariozy kłosów, uszkodzeniem ziarniaków i redukcją MZK były nieistotne.

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

Tytuł projektu: Badania zdolności dopełniania męskiej sterylności 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 sterylność i przywracających płodność pyłku w systemie męskiej sterylności pszenżyta CMS – *T. timopheevi*.

W wyniku analizy płodności 154 mieszańców pokolenia F₁ zidentyfikowano 17 genotypów pszenżyta całkowicie dopełniających męską sterylność. Ich mieszańce F₁ z linią męskosterylną składały się wyłącznie z roślin męskosterylnych (MS). Ponadto 3 genotypy dopełniały częściowo męską sterylność, gdyż w potomstwach F₁ tych genotypów poza roślinami męskosterylnymi wystąpiły rośliny częściowo męskosterylne (PMS).

Płodność pyłku przywracało 114 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.

Analiza płodności pyłku 55 mieszańców w pokoleniu BC₁ wykazała, że 13 genotypów ojcowskich potwierdziło zdolność całkowitego lub/i częściowego dopełniania męskiej sterylności.

Analiza 111 mieszańców pokolenia BC₂ umożliwiła potwierdzenie zdolności całkowitego lub/i częściowego dopełniania męskiej sterility przez 12 genotypów pszenżyta.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 34.

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

Kierownik projektu: Dr P. Bednarek

Utrzymanie sterility pyłku u pszenżyta z cms TT to podstawowy problem hodowli heterozyjnej gatunku. Z tego powodu prace badawcze koncentrują się na identyfikacji odpowiednio mocnych form matecznych. Ważnym jest poznanie jakie geny warunkują ekspresję cechy, określenie ich lokalizacji chromosomowej oraz identyfikacja markerów molekularnych z nimi sprzężonych.

Do chwili obecnej mapa genetyczna gatunku nie została jeszcze opracowana, chociaż od paru lat prowadzone są prace badawcze w tym zakresie (między innymi badania własne). Brak mapy genetycznej sprawia, że lokalizacja ewentualnych grup sprzężeń markerów na chromosomach pszenżyta jest utrudniona, a przez to problematycznym jest określenie ile genów może być odpowiedzialnych za ekspresję cechy. Dlatego też koniecznym jest wyprowadzenie zróżnicowanych zestawów linii rekombinacyjnych gatunku, które umożliwią precyzyjne mapowanie genów utrzymania sterility pyłku jak i wykorzystanie tych linii do ewentualnych krzyżowań w przyszłości.

W ramach niniejszego projektu prowadzone są prace nad wyprowadzeniem szeregu populacji mapujących pokolenia F₂ oraz zestawów linii rekombinacyjnych, które zostaną wykorzystane do mapowania genów warunkujących utrzymanie sterility pyłku u pszenżyta z cms TT.

Kolejnym zagadnieniem związanym z cms u pszenżyta jest poznanie różnicowania genetycznego dostępnych form. Analiza taksonomiczna materiałów roślinnych dostarcza danych o różnicowaniu dostępnej puli genetycznej.

Wykonano izolację DNA z liści 96 form pszenżyta, preparaty DNA są w trakcie analizy DArT. Wcześniejsze badania wykonane w ubiegłym roku wykazały, że markery DArT są użyteczne do różnicowania form pszenżyta.

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 badań prowadzonych w roku sprawozdawczym było uzyskanie czystych linii – roślin homozygotycznych pszenżyta ozimego zawierających genetyczne źródła odporności/ tolerancji na stres suszy. W wyniku przeprowadzenia ukierunkowanych krzyżowań, wyselekcjonowano 12 genotypów, z których wyprowadzono rośliny drogą androgenyzy w kulturze pylników, gdzie porównano efektywność regeneracji wytworzonych segregantów. Rośliny uzyskano dla wszystkich badanych krzyżówek. Liczba zregenerowanych zielonych roślin w przeliczeniu na kłos wahała się od 1,8 do 54,8 w zależności od genotypu. Ilość androgenicznych struktur w przeliczeniu na pylnik wyniosła 20-160. Potomstwo mieszańca DAD 35/03 x Grenado odznaczało się najwyższą wartością wskaźnika regeneracji zielonych roślin. Częstotliwość pojawiania się albinosów wśród regeneratów wahała się od 28 do 64% w zależności od genotypu. W wyniku przeprowadzonych badań zregenerowano 4303 linie DH. Ocena uzyskanych materiałów hodowlanych w różnych warunkach środowiska pod względem odporności lub tolerancji na stres suszy będzie stanowiła podstawę do wyselekcjonowania materiałów do dalszych eksperymentów.

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, wyleganie i zimotrwałości wybrano 33 linie do dalszych badań.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 42.

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

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

Prowadzono badania nad wprowadzeniem i wpływem wprowadzenia nowych genów z linii odpornych na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) i rdzę karłową (*Puccinia hordei*) do form jęczmienia dobrze adaptowanego do polskich warunków środowiska.

Oceniono pod względem wartości cech użytkowych 320 linii w porównaniu do odmian wzorcowych: Stratus i Conchita. Do dalszych badań wybrano 54 linie charakteryzujące się wysoką odpornością na mączniaka i rdzę karłową. Linie charakteryzujące się w poprzednich latach obserwacji wysoką odpornością na choroby, lecz o niewystarczającej wartości innych cech użytkowych, przede wszystkim charakteryzujące się trudnością w omłacaniu – „twarde ości”, przekrzyżowano z 6 odmianami z listy odmian zalecanych do uprawy w Polsce. Otrzymane populacje mieszańcowe rozmnożono w 2009 roku dwukrotnie metodą SSD i uzyskano populacje F₄ do dalszych badań. Wybrane 54 linie na podstawie oceny polowej, oceniono po zbiorach pod względem odporności na 31 izolatów jednozarodnikowych, różniących się zakresem wirulencji do zestawu linii izogenicznych Pallas dla genów odporności na mączniaka. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że odporność 41 linii na mączniaka uwarunkowana jest genem mlo, dwie linie są podatne a jedna jest heterogenna.

Podobnie oceniono wybrane linie pod względem reakcji na zakażenie zestawem izolatów różnicujących rdzy karlowej (*P. hordei*). Na podstawie wyników oceny linii w stadium siewki stwierdzono, że badane linie są odporne rdzę karłową.

Oceniono zakres odporności 113 odmian krajowych na zakażenie 34 izolatami *B. graminis*. Wśród ocenianych odmian, 43 było wysoce odpornych, u 42 stwierdzono heterogeniczność pod względem odporności. Pozostałe odmiany były podatne.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 44.

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

Kierownik projektu: Doc. dr hab. J. Czembor

W jesiennym zasiewie szkółki infekcyjnej, w 6 miejscowościach oceniono odporność 60 odmian jęczmienia jarego na porażenie mączniakiem, rdzę karłową, plamistością siatkowaną

i rynchosporiozą. Porażenie mączniakiem obserwowano we wszystkich miejscowościach, plamistość siatkowaną i rynchosporiozę w 5, a rdzę karłową w jednej. Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że stopień porażenia przez poszczególne choroby był zróżnicowany między miejscowościami i badanymi odmianami. Porażenie mączniakiem było dość znaczne. Wysoką odpornością charakteryzowało się 7 odmian, które we wszystkich miejscowościach były odporne na tle wielu odmian podatnych w każdej z miejscowości.

Wystąpienie rdzy karłowej obserwowano tylko w jednej miejscowości i tylko na jednej odmianie.

Plamistość siatkowana wystąpiła ze średnim nasileniem, największym w Nagradowicach, gdzie odmiany Pirkka i Prior, wzorcowe dla podatności na plamistość siatkowaną były silnie porażone, 21 odmian było wysoce odpornych.

Nasilenie rynchosporiozy było słabe. Kilka odmian w Nagradowicach i Polanowicach było słabo porażonych, pozostałe (szczególnie w Strzelcach) były wolne od rynchosporiozy.

Przeprowadzono badania nad dziedziczeniem odporności na mączniaka 8 linii jęczmienia jarego. Na podstawie uzyskanych wyników 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. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że można oceniane markery molekularne wykorzystać do mapowania wykrytych genów i w selekcji populacji mieszańcowych.

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

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

Kierownik projektu: Prof. dr hab. J. Zimny

Celem pracy było znalezienie czynników decydujących o wydajności procesu androgenezy i opracowanie wydajnej metody otrzymywania linii DH. Mnogość czynników wpływająca na ostateczny wynik sprawia, że postęp prac nad otrzymaniem nowych odmian drogą androgenezy jest spowolniony. W roku bieżącym do badań wykorzystano materiał roślinny uzyskany w ramach współpracy ze spółkami hodowli roślin. Tworzenie się kalusa obserwowano po ok. 6-8 tygodniach od wyłożenia pylników na pożywkę indukującą. Kalus obserwowano tylko u 3 z 13 badanych genotypów poddawanych tylko stresowi chłodu (9 kalusów) i u 4 z 13, u których zastosowano stres ciepła (31 kalusów). Pojawiający się kalus sukcesywnie przenoszono na pożywkę regenerującą jednak mimo prowadzenia kultur w sprawdzonych dla owsa warunkach w przypadku chłodzenia udało się zregenerować tylko jedną roślinę, która po przesadzeniu do gleby zamarła. Dla kombinacji chłód plus stres ciepła uzyskano 24 rośliny z trzech genotypów, przy czym 10 roślin było albinosami. Z jednej linii zregenerowano 14 zielonych roślin, które rozwijają się normalnie, zostały poddane kolchicynowaniu i są uprawiane w fitotronie.

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

W ramach realizacji tematu wykonano następujące prace badawcze:
Rozmnożono wczesne pokolenia (F1, F2) z krzyżowań mających na celu otrzymanie nowych form oktoploidalnych owsa z udziałem genomu *Avena macrostachya* (5 kombinacji), introgresję genów odporności na choroby z oktoploidów do jarego owsa uprawnego *A. sativa* (3 kombinacje) oraz

stymulację międzygatunkowej wymiany genów między chromosomami homeologicznymi (9 kombinacji) z wykorzystaniem *A. longiglumis* CW57.

W szkółce liczącej 339 linii lub ramszów poddano rozmnożeniu i opisom ważniejszych cech rolniczych dalsze pokolenia mieszańców *A. sativa* z *A. macrostachya* i *A. Murphyi* w celu ustalenia linii i uzyskania odpowiedniego materiału badawczego. Sto linii oceniono dodatkowo pod względem odporności na ważniejsze choroby owsa w systemie szkółek obserwacyjnych w czterech miejscowościach o zróżnicowanych warunkach klimatyczno-glebowych. Udało się potwierdzić wnioski z roku 2008 o pozytywnym wpływie *A. macrostachya* na odporności na septoriozę, plamistości liści i mączniaka i braku takiego wpływu na odporności na rdze i BYDV. Zanotowano podwyższony poziom odporności na rynchosporiozę w grupie mieszańców z tym gatunkiem. Potwierdzono też ubiegłoroczną wyższą odporność mieszańców z *A. Murphyi* na BYDV.

Badaniami molekularnymi DNA, metodą AFLP, objęto dwa oktoploidy, 43 linie heksaploidalnych mieszańców z *A. macrostachya* i trzy rodzicielskie formy *A. sativa*. Wypróbowano 52 kombinacje starterów, w 20 uzyskano polimorfizm fragmentów DNA, w zakresie 50–500 pz. Ze 1157 fragmentów polimorficznych wyodrębniono 26 związanych z odpornością na mączniaka, w tym 3 prążki specyficzne dla *A. macrostachya*, które po sprawdzeniu na większym materiale mogą okazać się użyteczne jako markery do selekcji.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 54.

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

Kierownik projektu: Dr S. Spasibonek

Najnowsze kierunki badań nad rzepakiem w Polsce podobnie jak na świecie koncentrują się na uzyskaniu odmian o różnym, zależnym od przeznaczenia, składzie kwasów tłuszczowych w połączeniu z dalszym obniżaniem zawartości glukozyolanów oraz podnoszeniem zawartości tłuszczu. Celem projektu są badania nad rzepakiem ozimym typu „HOLL” - (high oleic and low linolenic) o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego oraz typu „HLLL” - (high linoleic and low linolenic) o wysokiej zawartości kwasu linolowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego łączących cechę wysokiej zawartości tłuszczu, ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów z pożądanymi gospodarczo cechami ilościowymi.

W Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu wykorzystując mutagenezę i hodowlę rekombinacyjną uzyskano kolekcję linii wsobnych mutantów i rekombinantów oraz linii podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego o ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów (poniżej 5 $\mu\text{M/g}^{-1}$ nasion), o wysokiej zawartości tłuszczu (od 46% do 49%) oraz linie o zróżnicowanej zawartości kwasów tłuszczowych tj 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%). Materiał ten stanowi 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.

Badanie efektywności metod hodowli rekombinacyjnej z udziałem mutantów:

Uzyskane w wyniku mutagenезы indukowanej chemicznie mutanty M-10453, M-10464 i M-681 są wynikiem wieloletniej selekcji, którą prowadzono wykorzystując chów wsobny i dlatego charakteryzują się obniżoną plennością. Z tego względu ich genotypy są krzyżowane z odmianami i liniami hodowlanymi o wysokiej wartości gospodarczej.

W wyniku przeprowadzonych krzyżowań odmian polskich i zagranicznych z mutantami „wysokooleinowymi” o zawartości kwasu oleinowego (80,0%) i z mutantami „niskolinolenowymi” o zawartości kwasu linolenowego (0,8-1,7%) uzyskano rekombinanty pokoleń F_{11} – F_8 u których

stwierdzono wzrost zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (do 78,8%) i obniżone zawartości kwasów linolowego i linolenowego odpowiednio (do 5,8% i 8,8%) oraz rekombinanty o obniżonej (do 1,8%) zawartości kwasu linolenowego i podwyższonej (do 37,1%) zawartości kwasu linolowego.

W celu zwiększenia wigoru roślin jak również pogłębienia i utrwalenia jeszcze większych zmian składu kwasów tłuszczowych przeprowadzono krzyżowania wsteczne. Uzyskano rekombinanty pokolenia F₇ wykazujące wzrost zawartości kwasu oleinowego (do 76,5%) i obniżone zawartości kwasów linolowego i linolenowego odpowiednio (do 8,0%) i (do 8,5%). Zawartości sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych u badanych linii wahały się odpowiednio (7,7-14,1 μM/g⁻¹ nasion) i (3,2-10,5 μM/g⁻¹ nasion).

Najlepsze linie rekombinantów oceniono w doświadczeniach porównawczych w różnych środowiskach. Na podstawie uzyskanych wyników analiz składu kwasów tłuszczowych w oleju nasion stwierdzono, że większość badanych linii mimo bardzo trudnych warunków pogodowych w okresie dojrzewania nasion utrzymała podwyższoną zawartość kwasu oleinowego (do 76,7%). Pod względem procentowej zawartości tłuszczu w nasionach większość badanych linii było istotnie lepszych (44,1-48,0%) w stosunku do odmian Californium (45,5%) i Castille (45,3%).

Otrzymane w wyniku krzyżowań rekombinanty (linie mutantu niskolinolenowego x odmiany) oceniano pod kątem obecności zmutowanych alleli genu desaturazy *fad3*, enzymu odpowiedzialnego za syntezę kwasu linolenowego. Uzyskane próby DNA badano z wykorzystaniem opracowanych w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu allelo-specyficznych markerów SNP dla zmutowanych alleli genów desaturazy *fad3*.

Metody hodowli rekombinacyjnej z udziałem genotypów o ulepszonych parametrach jakościowych:

W badanych obecnie liniach DH oraz rekombinantach pokoleń F₉-F₈, uzyskanych z krzyżowań linii własnych o niskiej zawartości glukozyolanów (poniżej 5 μM/g⁻¹ nasion) i o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego w nasionach (około 70%) z odmianą Contact uzyskano linie o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (do 77,2%), niskiej zawartości: sumy glukozyolanów (do 3,2 μmol/g⁻¹ nasion) i zawartości glukozyolanów alkenowych (do 0,6 μmol/g⁻¹ nasion).

Najlepsze linie rekombinantów i linie DH oceniono pod względem stabilności cech ilościowych i jakościowych w doświadczeniach porównawczych. W przeprowadzonych doświadczeniach większość badanych linii rekombinantów i linii DH utrzymała podwyższony poziom zawartości kwasu oleinowego (do 76,6%). Pod względem zawartości tłuszczu w nasionach większość badanych obiektów (45,7-46,7) przewyższała odmianę Californium (45,6%), i odmianę Castille (44,7%). Wszystkie badane linie w doświadczeniach wykazywały istotnie niższą zawartość glukozyolanów w stosunku do odmian wzorcowych, co wskazuje na duży postęp w zakresie prowadzonej selekcji w kierunku eliminacji składników antyżywnościowych.

Mutagenеза indukowana chemicznie:

Kontynuowane są badania nad uzyskaniem mutantów o najlepszych parametrach ilościowych i jakościowych. Mimo niekorzystnych warunków pogodowych podczas dojrzewania nasion uzyskano linie o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego (do 74,2%) oraz obniżenie zawartości kwasu linolenowego (do 2,3%) w stosunku do linii wyjściowej PN 5282/98 o średniej zawartości kwasu oleinowego i linolenowego odpowiednio (63,4%) i (11,4%)

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 ulepszanego 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 2008/2009 w wyniku krzyżowania wstecznego pomiędzy liniami CMS *ogura* pokolenia BC₅ i liniami podwojonych haploidów DH₂ o wysokiej zawartości tłuszczu w nasionach od 47,0 do 49,6% oraz kwasu oleinowego od 80,4 do 81,3%, uzyskano 31 linii męskosterylnych typu *ogura* pokolenia BC₆ o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego w zakresie od 73,3 do 82,1%, obniżonej zawartości kwasu linolenowego od 5,4% do 10,5% oraz wysokiej średniej zawartości tłuszczu w nasionach wynoszącej 48,2%.

Poprzez rozmnożenie 26 rekombinantów pokolenia F₂ uzyskanych w wyniku krzyżowania 4 plennych linii restorujących podwojonych haploidów DH z linią mutanta o zmienionym składzie kwasów uzyskano 120 linii restorerów pokolenia F₃ o podwyższonej do 80,6% zawartości kwasu oleinowego i obniżonej do 6,9% zawartości kwasu linolenowego. Średnia zawartości glukozyolanów w nasionach restorerów wyniosła 9,7 μmol g⁻¹ nasion, tłuszczu 44 %.

Plenność oraz efekt heterozji cech ilościowych i jakościowych dla 15 mieszańców o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych i podwyższonej zawartości tłuszczu w nasionach oraz ich komponentów rodzicielskich oceniono w doświadczeniu polowym, założonym w dwóch miejscowościach, w układzie bloków kompletnie zrandomizowanych. W plonie nasion badanych mieszańców stwierdzono efekt heterozji względem średniej rodziców w przedziale od 37,1 do 4,5%. Badane obiekty cechowały się zmienionym składem kwasów tłuszczowych w porównaniu ze wzorcem - odmianami Californium i Herkules F₁. Uzyskane wyniki uzasadniają konieczność dalszego poszerzania pul genetycznych plennych linii CMS *ogura* i linii restorerów o zmienionych profilach kwasów tłuszczowych.

Skłonności do indukcji zarówno androgeny *in vitro* jak i wydajnej regeneracji roślin są zależne od genotypu dawcy mikrospor. Wraz z postępem badań nad wykorzystaniem efektu heterozji w hodowli mieszańcowej wzrosło zainteresowanie homozygotycznymi liniami restorującymi. Zaobserwowano, że niektóre mieszańce rzepaku ozimego wykazują małą efektywność w indukcji do podziałów mikrospor i powstawania zarodka oraz małą zdolność do konwersji zarodków mikrosporum w rośliny. Także podatność na podwojenie liczby chromosomów mikrospor zaraz po ich izolacji z pylników jest uzależniona od genotypu. Dlatego podjęto badania nad opracowaniem sposobu indukcji androgeny mikrospor jak i efektywnej metody uzyskania podwojonych haploidów z mieszańców.

W roku 2009 metodą kultury izolowanych mikrospor, opracowaną w Pracowni Kultur Tkankowych, uzyskano łącznie 2428 androgenicznych roślin z 27 dawców mikrospor rzepaku ozimego. Poznano również reakcję genotypową na: stymulację temperaturą do podziałów mikrospor, konwersję zarodków w rośliny i skuteczność podwajania liczby chromosomów haploidów.

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

1. Analiza genomowego DNA linii hodowlanych rzepaku w celu identyfikacji męskosterylnej cytoplazmy typu *ogura* oraz genu restorera *Rfo*:

Celem pracy była identyfikacja linii posiadających gen restorera *Rfo* dla systemu męskiej sterility typu *ogura*, w obrębie 127 badanych linii. Dla jego realizacji wyizolowano z badanych linii genomowy DNA metodą ekstrakcji buforem CTAB. Obecność męskosterylnej cytoplazmy badano stosując marker SCAR otrzymany przy użyciu pary specyficznych starterów PCR, amplifikujących fragment genu mitochondrialnego *orf138* - o długości około 500 pz, odpowiedzialnego za cechę cytoplazmatycznej

męskiej sterylności (CMS) typu *ogura*. W wyniku przeprowadzonej analizy zidentyfikowano 75 roślin posiadających męskosterylną cytoplazmę *ogura*. Obecność markera genetycznego dla genu restorera *Rfo* badano u roślin, u których nie wykazano obecności CMS *ogura*. Do analizy stosowano amplifikację PCR przy użyciu pary specyficznych starterów, identyfikujących region sprzężony z genem *Rfo*, stanowiący marker 'SCAR C02' dla tego genu. W wyniku przeprowadzonej analizy zidentyfikowano 38 roślin posiadających w genomie sekwencje DNA sprzężone z genem restorerem *Rfo*.

2. Identyfikacja rekombinantów niskolinolenowego mutantu rzepaku ozimego posiadających gen restorer *Rfo*:

Otrzymanie genotypów rzepaku ozimego o zróżnicowanej zawartości kwasów tłuszczowych w oleju nasion oraz charakteryzujących się wysoką plennością stanowi obecnie jeden z głównych nurtów badań nad rzepakiem.

Celem prowadzonych prac było opracowanie metody selekcji, wspomaganą markerami molekularnymi (opracowanymi w IHAR: 'SCAR C02' dla genu *Rfo*; allelo-specyficzny marker SNP dla genów *fad3*), niskolinolenowych linii rzepaku z genem restorerem *Rfo*, które mogą być użyte do hodowli odmian mieszańcowych o zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych w oleju. Analizowano rośliny rodzicielskie oraz pokolenia segregujące z krzyżowań linii niskolinolenowego mutantu M681 z liniami restorerów. Identyfikację sekwencji DNA z badanych 71 izolowanych roślin prowadzono z wykorzystaniem markera, co umożliwiło jednoznaczny identyfikację 45 roślin posiadających sekwencje sprzężone z genem restorerem *Rfo*, spośród których 11 posiadało również zmutowane allele genów *fad3*.

3. Ocena zróżnicowania genetycznego w obrębie gatunku *Brassica napus* za pomocą markerów molekularnych:

Zbadano zróżnicowanie genetyczne dwóch różnych populacji rzepaku ozimego. Pierwsza populacja składająca się z 15 odmian, 3 linii CMS *ogura* i 3 linii restorerów została przebadana metodą RAPD. Przy zastosowaniu 54 starterów uzyskano 230 polimorficznych markerów. Druga populacja składała się z 78 linii i odmian o różnych cechach i zróżnicowanym pochodzeniu. Populację tą przebadano 11 starterami AFLP uzyskując 262 markery różnicujące. Dla obu populacji obliczono wartości dystansu genetycznego, a wyniki hierarchicznego grupowania genotypów przedstawiono w formie dendrogramów.

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: Doc. dr hab. M. Starzycki

W Pracowni Metod Hodowli Odpornościowej IHAR w Poznaniu wykonywane są prace związane z mieszańcami międzygatunkowymi w obrębie płemienia *Brassicaceae* (*B. campestris*, *B. oleracea* – odmiany botaniczne, *B. taurica* i *B. cretica*). Badania te mają na celu wytworzenie nowych genotypów charakteryzujących się wysoką odpornością na patogeny pochodzenia grzybowego.

Po dogłębnej inokulacji patogenami *L. maculans* spp. na nowo otrzymanych mieszańcach międzygatunkowych nie odnotowano żadnych porażeń związanych z powyższymi chorobotwórczymi grzybami. Rośliny te posłużą jako formy mateczne do dalszych krzyżowań z rzepakiem.

Po obcoprzepyleniu w celu ochrony zarodka stosowano techniki *in vitro* w celu zabezpieczenia ich przed wpływem niezgodności bielma i zarodka. W ten sposób otrzymano nowe eksplantaty mieszańców międzygatunkowych głównie w stadium torpedalnym, a uzyskane zarodki rozklonowywano na pożywkach zawierających makro i mikroelementy, a także fitohormony BAP i NAA.

Przed zbiorem rzepaku w Bąkowie, Borowie i Małyszynie oceniono porażenie powodowane przez patogeny gatunków *Leptosphaeria* spp. Przetestowano łącznie ponad 18000 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 i rody

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: 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 było wyodrębnienie spośród zróżnicowanych pod względem cech jakościowych populacji rzepaku ozimego genotypów o zwiększonych zdolnościach adaptacyjnych do różnych warunków agroklimatycznych. Wybrano pięć zestawów rodów, populacyjnych i mieszańcowych, do badań w różnych środowiskach. Każde z doświadczeń polowych z wybranymi populacjami rodów i linii wykonano w sześciu miejscowościach w układzie bloków niekompletnych, w czterech powtórzeniach.

Przedstawiono warunki meteorologiczne występujące w okresie wegetacji rzepaku w stacjach, w których prowadzone były badania.

Wykonano charakterystyki rodów biorących udział w doświadczeniach I–V w sześciu miejscowościach zawierające plonowania rodów, wczesności kwitnienia oraz wysokości roślin i łanu wraz z analizą statystyczną pojedynczych doświadczeń.

Wykonano również syntezę doświadczeń — ogólną analizę wariancji, na podstawie której określono zmienność genotypów, zmienność środowisk oraz interakcję genotypów ze środowiskiem. Przedstawiono szczegółową analizę testowania poszczególnych genotypów w kolejnych doświadczeniach i ich interakcję ze środowiskiem. Wyniki zilustrowano również graficznie przedstawiając proste regresji interakcyjnych genotypów względem środowiska. Na podstawie tych prostych regresji można wskazać genotypy, które uzyskując wysokie przeciętne plony równocześnie dobrze plonują we wszystkich środowiskach — są genotypami stabilnymi, ich plonowanie w małym stopniu zależy od zmiany warunków środowiska. Szczegółowa analiza pozwoliła wyłonić rody charakteryzujące się istotną dodatnią oceną efektu głównego oraz stabilne względem środowiska.

Na boxplotach przedstawiono porównanie badanych genotypów również pod względem rozkładu wartości cechy. Wykresy dostarczyły informacji o zachowaniu genotypów w różnych środowiskach także pod względem rozproszenia wartości badanych cech, ze szczególnym uwzględnieniem plonowania.

Przedstawiono dendrogramy ilustrujące struktury pięciu zbiorów obiektów biorących udział w omawianych doświadczeniach ze względu na zmniejszające się podobieństwo między obiektami. Dla uzyskania dendrogramów 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.

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

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 66.

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

Kierownik projektu: Dr B. Flis

Celem tematu jest analizowanie puli genetycznej ziemniaka pod kątem cech warunkujących przydatność do upraw ekologicznych. W szczególności analizowane będą 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 2009 oceniano cechy użytkowe i długość wegetacji w 3 nieselekcjonowanych potomstwach. Klony te pochodzą z krzyżowania form odpornych na zarazę ziemniaka (odporność warunkowana genem *Rpi-phu1*) z formami o krótszym okresie wegetacji. Na podstawie uzyskanych wyników można wnioskować o braku wpływu wysokiego poziomu odporności na zarazę ziemniaka warunkowanej genem *Rpi-phu1* na długość wegetacji oraz na najważniejsze cechy agronomiczne i użytkowe klonów w badanym materiale.

Poszukując form łączących cechy ziemniaka jadalnego z wysokim poziomem odporności na patogeny oceniano w doświadczeniach polowych 270 klonów pochodzących z krzyżowań odmian jadalnych z formami własnymi o dobrym poziomie cech jakościowych oraz odporności na patogeny (wirusy lub bakterie). Z puli 57 klonów dwukrotnie ocenianych w doświadczeniu polowym wybrano formy charakteryzujące się plennością, dobrą regularnością zarysu bulw i ich dobrym smakiem oraz odpornością na wirus Y lub M i bakterię *Pectobacterium atrosepticum*. Spośród 213 klonów mniej zaawansowanych selekcjonowane będą formy odporne na wirusy o zróżnicowanych cechach użytkowych.

Przygotowując materiały do oceny zdolności kombinacyjnej odmian jadalnych przydatnych do upraw ekologicznych i niskonakładowych prowadzono siewki doniczkowe pochodzące z 3 programów krzyżowań w układzie czynnikowym. Łącznie prowadzono ponad 17000 siewek. Otrzymano bulwy z około 16000 genotypów, co umożliwi dalsze ich rozmnażanie w warunkach polowych dla przygotowania materiału do 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. Kolekcję odmian mątwikoodpornych przebadano ponadto pod kątem posiadania markera molekularnego TG689 genu *H1*, determinującego odporność na patotyp Ro1 *G. rostochiensis*. Wykonano program krzyżowań aby uzyskać formy o pełnym spektrum odporności na wszystkie patotypy *G. rostochiensis* oraz co najmniej dwa patotypy *G. pallida*. W celu oceny efektywności selekcji na cechy użytkowe wśród form mątwikoodpornych w polu prowadzono trzy populacje siewkowe w dwóch wariantach selekcyjnych: zakażane PVY i niezakażane PVY.

Zadanie 2. Charakterystyka tworzonej puli form odpornych na mątwiki:

Wykonano ocenę cech użytkowych oraz odporności na różne patotypy mątwika ziemniaczanego (*G. rostochiensis*) i mątwika agresywnego (*G. pallida*) klonów prowadzonych w polu w 2009 roku. W doświadczeniu polowym oceniano 82 klony uzyskane z krzyżowań przeprowadzonych w 2005 roku. W teście odporności na mątwiki z 82 klonów wyróżniono szesnaście form o wysokiej, złożonej odporności na różne patotypy mątwika ziemniaczanego i mątwika agresywnego.

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

W wybranych klonach tetraploidalnych prowadzono ocenę odporności na PVM stosując zakażanie mechaniczne i przez szczepienie, w tym identyfikowano reakcję nadwrażliwości (warunkowaną genem *Rm*). Ponadto oceniano reakcję odmian ziemniaka na porażenie PVM. W badaniu klonów diploidalnych realizowano trzy główne cele. (1) Kontynuowano identyfikację genotypów

2x odpornych na PVM, stosując metody zakażenia mechaniczne lub przez szczepienie zależnie od stopnia zaawansowania materiału. (2) Wykonano program krzyżowań 2x x 2x zwiększający w potomstwach frekwencję osobników odpornych na PVS z genem *Ns_{adg}*. Wykonano wstępne doświadczenie nad ekspresją genu *Ns* w roślinach zakażonych mechanicznie i przez szczepienie, prowadzonych w różnych warunkach temperatury. Wykazano wpływ warunków prowadzenia roślin badanych z genem *Ns_{adg}* na wykazywanie reakcji nekrotycznej i namnażanie wirusa PVS.

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

Z testowanych odmian ziemniaka wytypowano 5 testerów: Sissi, Ruta, Pasja, Sonda i Czapla. Największe znaczenie ma odm. Sissi umożliwiająca odróżnienie patotypu 3(M1) od pozostałych wirulentnych [2(Ch1), 6(O1), 8(F1) i 18(T1)]. Odmiana ta reaguje bardzo późnymi reakcjami nekrotycznymi (st. 4) tylko po inokulacji patotypem 3(M1). Dla pozostałych patotypów Sissi reagowała krańcową podatnością (st. 5). Dwa kolejne testery Pasja i Czapla różnicują odpowiednio; Pasja - patotyp 18(T1) od pozostałych i Czapla - patotyp 8(F1) i 18(T1) od pozostałych. Wstępne badania wskazują, że Sonda może odróżnicowywać patotyp 8(F1) od pozostałych, co do tej pory było nie możliwe, zwłaszcza odróżnicowanie patotypu 8(F1) od 18(T1).

Z pośród 68 polskich odmian ziemniaka przebadanych w warunkach laboratoryjnych do 2009 roku, 16 wykazuje odporność co najmniej na 1 wirulentny patotyp *S. endobioticum*. Wyróżniono z nich 9 odmian charakteryzujących się pełną odpornością w warunkach laboratoryjnych na 6 najważniejszych wirulentnych patotypów *S. endobioticum*. Wśród klonów 2x i 4x wyróżniono 9 genotypów, które charakteryzowały się odpornością przynajmniej na 1 wirulentny patotyp *S. endobioticum*. Pięć klonów 2x wykazywała krańcową odporność na 5 patotypów *S. endobioticum*.

Zmodyfikowana metoda Spieckermanna pozwala na uzyskanie narośli rakowych z ognisk, gdzie zawartość żywych przetrwalników wynosi minimum 10 w 1Kg ziemi. Czułość metody jest porównywalna z technikami molekularnymi, jednak możliwość uzyskania narośli rakowych pozwala na identyfikację patotypów metodą Glynne-Lemmerzahla, jak również na szukanie źródeł odporności wśród genotypów ziemniaka.

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

W roku sprawozdawczym określono pulę genetyczną 3366 linii ziemniaka w kontekście odporności na mątwika ziemniaczanego patotyp Ro1 Ecosee. Wykonano weryfikację stopnia odporności odmian Bartek, Finezja, Flaming, Jasia, Lord i Skawa na patotypy Ro2-Ro5 i Pa1-Pa3 oraz odmian Adama, Cekin, Cyprian, Zeus, Bosman, Czapla i Inwestor na patotypy Ro3, Ro5, Pa1 i Pa2 z wykorzystaniem zaadaptowanej metodyki unijnej. Celem prowadzonego doświadczenia jest znalezienie nowego zestawu odmian ziemniaka do różnicowania patotypów mątwika. Uzyskane w br wyniki wykazały skrajną odporność odmiany Cyprian na porażenie patotypami Ro3 i Pa1.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 69.

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

Kierownik projektu: Dr B. Flis

W celu prowadzenia efektywnej selekcji wykorzystującej markery molekularne (MAS) należy poznać czynniki, które decydują o jej skuteczności. Celem projektu jest próba oceny skuteczności markerów oraz określenie etapu w procesie hodowli, w którym zastosowanie markera będzie najbardziej efektywne. Planuje się także tworzenie form typu dupleks pod względem wybranych genów odporności, co będzie skutkowało istotnym zwiększeniem frekwencji form odpornych w ich potomstwach. Identyfikacja takich form jest elementem genetycznego charakteryzowania form rodzicielskich.

W 2009 r. w warunkach polowych prowadzono rozmnożenia 3 tetraploidalnych populacji (łącznie 359 genotypów), pochodzących z krzyżowań mających na celu uzyskanie form ziemniaka posiadającego

krańcową odporność na wirus Y ziemniaka (PVY) oraz odporność na mątwika ziemniaczanego (patotyp Ro1), które będą selekcjonowane przy użyciu markerów molekularnych. Przeprowadzono także wstępną fenotypową ocenę odporności na PVY oraz identyfikację markera związanego z genem warunkującym krańcową odporność na tego wirusa.

W polu prowadzono także siewki (łącznie 1000 genotypów) pochodzące z programu krzyżowań mającego na celu otrzymanie form, wśród których będzie można wyróżnić przynajmniej dwa typy heterozygot charakterystyczne dla autotetraploidów (simpleks i dupleks) pod względem genu *Ry fsto* i genu *H1*.

W kolekcji odmian mątwikoodpornych oraz ich form potomnych przeprowadzono identyfikację obecności 5 markerów molekularnych sprzężonych z odpornością na mątwiki. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że spośród testowanych markerów, do selekcji form odpornych na patotypy Ro1 i Ro4 może być używany marker TG689.

Ponadto wybraną grupę 21 form ziemniaka o różnym pochodzeniu i kierunku użytkowania testowano na obecność markera genu krańcowej odporności na PVY. W 15 z nich potwierdzono obecność markera a uzyskane wyniki zweryfikowano z fenotypową oceną odporności.

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 opracowania czułych metod wykrywania bakterii *Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus* (*Cms*) wytworzono przeciwciała anti-*Cms* skierowane na komórki pozbawione śluzów bakteryjnych o mianie 128 000. Za pomocą testu IFAS oceniono powinowactwo przeciwciał względem szczepu *Cms* PD221. Przeciwciała najsilniej rozpoznawały komórki, z których powierzchni całkowicie odmyto śluz, słabiej częściowo pozbawione śluzu i nie rozpoznawały komórek otoczonych śluzem. Za pomocą wytworzonych przeciwciał powlecano powierzchnię mikrosfer dekstranowych, pokrytych uprzednio warstwą chitozanu lub chitozanu i złota koloidalnego. Aktywowane mikrosfery wykorzystano do opracowania dwóch metod wykrywania *Cms*: immunoenzymatycznej oraz biologicznej (przyżyciowej). Stosując do immunoadsorpcji *Cms* mikrosfery pokryte chitozaniem i złotem koloidalnym uzyskano 2-krotnie wyższą czułość testu ELISA (500 jtk/ml) niż za pomocą mikrosfer pokrytych tylko chitozaniem. Dlatego do opracowania metody biologicznej wykorzystano pierwszy rodzaj mikrosfer. Komórki bakterii *Cms* wyłapane na powierzchni dekstranu wysiewano na pożywkę NCP-88 i po 7-10 dniach inkubacji liczono kolonie. Za pomocą testu biologicznego wykrywano do 50 jtk w 1 ml.

W ramach prac nad określeniem czasu przeżycia *Cms* w skontaminowanej wodzie i glebie wykazano, że *Cms* jest zdolny do długotrwałego (co najmniej 14 miesięcy) przeżywania w wodzie o temperaturze +4°C z zachowaniem zdolności do zakażenia roślin testowych. Wykazano również wirulencję mutantów *Cms*, odpornych na rifampicynę i streptomycynę względem roślin testowych. Podjęto próbę wykorzystania tych mutantów dla oceny czasu przeżycia *Cms* w glebie. Niestety, mikroorganizmy glebowe posiadają silniejszą odporność od mutantów *Cms* na w/w antybiotyki, z uwagi na co nie udało się wyizolować czystych kultur *Cms* z gleby.

W trakcie badań nad wykrywaniem i identyfikacją *Cms* w oparciu o technikę PCR wykazano, że najbardziej efektywnym zestawem starterów do wykrywania *Cms* jest para CMS50F/CMS50R, rozpoznająca unikatowy fragment genomu *Cms*. Próg wykrywalności dla tego zestawu ustalono na poziomie 10 jtk/ml. Identyczną czułość detekcji uzyskano stosując Nested-PCR do wykrywania *Cms* zarówno w ekstraktach z bulw ziemniaka różniących się zawartością skrobi, jak i czystych kulturach. Ponadto skrócono czas trwania reakcji PCR dla starterów CMS6/CMS7, jak i PSA1/PSAR zachowując poziom czułości (103 jtk/ml). Ustalono, że próg wykrywalności Multiplex PCR, wynosi 107 jtk/ml bez względu na odmianę ziemniaka z jakiej pochodziły ekstrakty, a tym samym wykazano niewrażliwość zastosowanej metody na hamujące działanie skrobi.

Kontynuowano rozpoczęte w roku 2008 prace nad charakterystyką molekularną, wyizolowanego ze ścian ziemniaka, białka hamującego wzrost *Cms*. Określono sekwencje aminokwasowe obu podjednostek białka. Przeszukując sekwencje białek za pomocą internetowego narzędzia BLAST (NCBI) nie znaleziono sekwencji identycznych z sekwencjami podjednostek wyizolowanego białka. Jednocześnie stwierdzono, że sekwencje obu podjednostek wykazują istotne podobieństwo do konserwatywnych regionów inhibitorów proteaz z rodziny Kunitza. Rozpoczęto prace na izolacją z ekstraktów ziemniaka białek specyficznie rozpoznających komórki *Cms*. Za pomocą chromatografii jonowymiennej oraz chromatografii powinowactwa z użyciem immobilizowanych na membranie komórek *Cms* oczyszczono kwaśne białko o wielkości 40 kDa oraz białko zasadowe o wielkości 15 kDa. W toku są prace nad określeniem właściwościami tych białek.

W ramach prac nad utylizacją zainfekowanego materiału roślinnego oceniano wpływ pH środowiska na wzrost i przeżywalność bakterii *Cms*. Stwierdzono, że bakteria posiada szeroką tolerancję na pH środowiska. Komórki *Cms* giną dopiero poniżej pH 4,5 oraz powyżej pH 9,5. Szczep niemukoidalny jest bardziej odporny na graniczne wartości pH lecz w mniej ekstremalnych warunkach wyższą żywotność wykazuje szczep mukoidalny. Oceniano również przydatność srebra koloidalnego do eliminacji *Cms*. Wstępne badania wykazały, że koloid srebra jest toksyczny dla *Cms*.

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 nad wytworzeniem materiałów diagnostycznych do wykrywania wirusów ziemniaka zastosowano, zoptymalizowane w ubiegłym roku sprawozdawczym, procedury izolacji wirusów i uzyskano elektroforetycznie czyste preparaty wirusa liściozwoju ziemniaka (PLRV) oraz szczepów wirusa Y (PVY: O, N, NTN). Wykorzystano je jako antygen do produkcji specyficznych przeciwciał, uzyskując bardzo wysokie miano, wynoszące dla szczepów wirusa Y ponad cztery miliony a dla PLRV ponad dwa miliony.

W ramach weryfikacji uzyskanych w ubiegłym roku sprawozdawczym wyników wykrywania wirusów w ekstraktach z bulw bezpośrednio po zbiorze za pomocą testu koktajl-ELISA, ponownie zlecono ocenę zgodności takiego testu z próbami oczkowymi w wykrywaniu infekcji pierwotnych trzem niezależnym laboratorium, rutynowo oceniającym stopień porażenie roślin ziemniaka za pomocą prób oczkowych. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono w bieżącym roku sprawozdawczym, dużą niezgodność obu testów w ocenie porażenia wirusami PLRV, PVM i PVY, przy czym odwrotnie niż w roku ubiegłym, większą wykrywalność uzyskano w klasycznych próbach oczkowych.

Przeprowadzono wstępne badania nad zastosowaniem luminescencji do wykrywania wirusów ziemniaczanych w ekstraktach z bulw ziemniaka. Luminescencyjny test PTA-ELISA posiadał co najmniej pięciokrotnie wyższą czułość w porównaniu z klasycznym testem DAS-ELISA. 1000-krotnie rozcieńczone ekstrakty z bulw zainfekowanych wirusem PVY oraz wirusem PVM produkowały sygnał luminescencyjny wyższy o kilka rzędów od luminescencji kontroli negatywnej, podczas gdy za pomocą DAS-ELISA można było stwierdzić obecność obu wirusów jedynie w ekstraktach rozcieńczonych do dwustu razy.

W ramach badań nad opracowaniem czulej procedury wykrywania wirusów w materiale wprowadzanym do Banku Genów z wykorzystaniem reakcji RT-PCR, podjęto próbę opracowania materiałów i metodyki do łatwej izolacji RNA z prób roślinnych. Porównano dwie metody izolacji RNA: klasyczną izolację metodą Chomczyńskiego oraz izolację na żelu krzemionkowym. Izolacja RNA na krzemionce była łatwiejsza niż wg Chomczyńskiego, stopniem pracochłonności przypominała komercyjne zestawy do izolacji RNA. Jednocześnie czułość detekcji wirusa PVY była wyższa, gdy RNA izolowano na krzemionce. Po optymalizacji parametrów wykrywano obecność wirusa w próbach zawierających 0,1 pg PVY w 1 ml niezależnie od tego, czy były one rozcieńczone buforem czy też sokiem z liści ziemniaka.

Realizując zadanie, którego celem jest wytworzenie zestawów paskowych do jakościowego wykrywania wirusów w warunkach polowych, optymalizowano stężenie przeciwciał używanych do powlekania membrany. Wynik doświadczenia wskazuje, że optymalne stężenie przeciwciał wynosi około 4 µg/ml.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 72.

Tytuł projektu: Opracowanie metod szybkiego rozmnażania genotypów ziemniaka.

Kierownik projektu: Inż. D. Sekrecka

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

Prace badawcze prowadzono w 3 zadaniach:

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

Ocenie poddano 3 genotypy ziemniaka Justa, Owacja i Cyprian pod kątem opracowania metod ich szybkiego rozmnażania. Analizując wzrost i rozwój roślin *in vitro* badanych genotypów ziemniaka można stwierdzić, iż najkorzystniejszą pożywką okazała się pożywka Murashige-Skooga (MS) bez regulatorów wzrostu. Przeprowadzono ocenę tych genotypów pod kątem ich przydatności w produkcji mikrobiulw – tj. bulw wyprodukowanych w szkle. Reakcja poszczególnych genotypów na zastosowane pożywki i sposoby utrzymywania (dzień/noc czy tylko noc) jest zróżnicowana. Najwyższy współczynnik rozmnażania uzyskano dla odmiany Owacja, natomiast Justa i Cyprian plonowały na podobnym poziomie. Rodzaj zastosowanej pożywki jak i sposób utrzymywania kultur *in vitro* miał istotny wpływ na uzyskane plony mikrobiulw. Najwyższe plony uzyskano przy zastosowaniu pożywki nr 2 w II wariacie utrzymywania (noc).

W warunkach kontrolowanych (szklarnia) badano wpływ gęstości sadzenia mikrobiulw na uzyskany plon minibulw. W miarę zwiększania obsady roślin na 1m² znacznie zmniejsza się współczynnik rozmnażania (np. Justa z 5,8 do 3,3 (57%), Owacja z 11,4 do 4,7 (41,3%) a Cyprian z 6,5 do 3,1 (46,5%)).

Minibulwy odmian: Justa, Owacja i Cyprian, stanowiły materiał wyjściowy do oceny rozmnożenia w warunkach polowych. Minibulwy o średnicy poniżej 2 cm dały plon o ok. 10-44 % niższy w porównaniu z minibulwami większymi. Odmiana Justa zareagowała najwyższym, bo 44 procentowym spadkiem plonu.

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

Wykonano projekt i prototypowe urządzenie do aeroponicznej uprawy ziemniaka oraz opracowano I etap technologii produkcji minibulw uwzględniającej wielokrotne zbiory w trakcie wzrostu roślin młodych. Materiał nasienny stanowiły rośliny *in vitro* i mikrobiulwy trzech odmian ziemniaka: Irys (bardzo wczesna), Cyprian (wczesna) i Zebra (średnio wczesna). W doświadczeniu wykorzystującym urządzenie do aeroponicznej uprawy ziemniaka, współczynnik rozmnażania osiągnął wartość 17,76, co stanowiło 185 % w stosunku do metody tradycyjnej.

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

Zastosowano metodę połączoną: termoterapii z hodowlą tkanek merystematycznych *in vitro*. Do doświadczenia użyto genotypy ziemniaka w 100% porażone wirusami S i Y. Uzyskano zdrowy materiał *in vitro* z 12 genotypów ziemniaka. Potwierdzono, że małe wycinki izolowanej tkanki z pąków kątowych i szczytowych roślin poddanych termoterapii dają większe szanse na uzyskanie zdrowych roślin *in vitro*.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 73.

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

Kierownik projektu: Doc. dr hab. B. Zagdańska

W ramach realizowanego tematu w roku 2009 przeprowadzono doświadczenie polowe oraz doświadczenie wazonowe w hali wegetacyjnej dla jedenastu genotypów ziemniaka - 10 odmian i jednego rodu. Wśród badanych odmian były dwie odmiany bardzo wczesne (Flaming i Miłek), trzy wczesne (Aruba, Cyprian i Owacja), trzy średnio-wczesne (Katahdin, Jutrzenka i Tetyda) oraz dwie późne (Inwestor i Niagara). Wymienione genotypy poddano suszy glebowej w fazie tuberyzacji, w której rośliny są wrażliwe nawet na niewielkie niedobory wody. Faza ta uznawana jest za decydującą o wysokości plonu rolniczego. Wykazano, że zgodnie z rolniczym kryterium odporności na suszę najbardziej odporną odmiana była odmiana Tetyda, a najbardziej wrażliwą odmiana Owacja. Przeprowadzono również ocenę odporności na suszę badanych genotypów stosując fizjologiczne kryteria: ocenę zdolności roślin do unikania i do tolerowania odwodnienia przez rośliny ziemniaka. Nie stwierdzono korelacji pomiędzy zdolnością badanych odmian do utrzymywania wysokości plonu rolniczego w warunkach suszy a cechą unikania suszy.

Na końcu wegetacji roślin określono występujące zmienności w obrębie badanych genotypów pod względem cech pogarszających wygląd (podatność na spękania fizjologiczne, deformacje). U odmian Aruba, Jutrzenka, Niagara oraz w Rodzie wada ta nie wystąpiła. Największe nasilenie tej wady zaobserwowano w bulwach odmian Cyprian, Miłek i Tetyda. Oceniono także wpływ suszy glebowej na produkcję biomasy, skrobi, cukrów redukujących, sacharozy oraz związków azotowych.

Kolejnym etapem badań była charakterystyka zdolności badanych genotypów do utrzymania potencjału redoks rośliny na podstawie oceny aktywności enzymów odpowiedzialnych za usuwanie reaktywnych form tlenu: peroksydazy, katalazy i dysmutazy ponadtlenkowej. Skoro aktywne formy tlenu są nieuchronną konsekwencją funkcjonowania łańcuchów transportu elektronów w chloroplastach i mitochondriach i aktywności wielu enzymów to naruszenie stanu oksydoredukcyjnego komórki prowadzi do utlenienia białek, podwójnych wiązań występujących np. w wielonienasyconych kwasach tłuszczowych i aromatycznych aminokwasach. Reaktywne formy tlenu mogą także pełnić funkcję sygnalizacyjną w roślinie, gdyż utlenione produkty z jednej strony mogą prowadzić do zaburzeń w funkcjonowaniu komórki, ale równocześnie mogą być ważnymi drugorzędowymi cząstkami sygnalnymi. Jeśli stres oksydacyjny jest zjawiskiem konstytutywnym to spodziewane różnice w metabolizmie roślin narażonych na stresy środowiskowe mogą mieć charakter głównie ilościowy, a spodziewane zmiany post-translacyjne wydają się być głównym komponentem stresu oksydacyjnego. Przeprowadzone badania wykazały, że badane genotypy różnią się istotnie pod względem występowania izoform peroksydazy i dysmutazy ponadtlenkowej w liściach i bulwach oraz stwierdzono różnice genotypowe w reakcji badanych enzymów na zastosowaną suszę glebową. Otrzymane wyniki wskazują, że istnieje duża zmienność w obrębie badanych genotypów pod względem zdolności do utrzymywania potencjału oksydoredukcyjnego nadanych tkanek ziemniaka. Dlatego rozpoczęto badania nad proteomem roślin ziemniaka celem identyfikacji kluczowych białek mogących decydować o odporności lub wrażliwości roślin na odwodnienie.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 74.

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

Kierownik projektu: Dr W. Nowacki

W 2009 roku badaniami objęto 36 zróżnicowanych pod względem wczesności materiałów hodowlanych ziemniaka celem określenia ich wartości agrotechnicznej i użytkowej oraz oceny wpływu warunków klimatycznych na kształtowanie się poziomu plonu i cech jego jakości w bardzo różnych aspektach.

W tym celu założono i przeprowadzono w 4 punktach w kraju (woj. mazowieckie, zachodniopomorskie, warmińsko-mazurskie i pomorskie) doświadczenia polowe dla których przeanalizowano warunki przyrodnicze (glebowo-klimatyczne) oraz wykonano obserwacje wzrostu i rozwoju roślin ziemniaka podczas okresu wegetacji.

Zebrany plon materiałów hodowlanych z doświadczeń polowych poddano szczegółowej analizie laboratoryjnej. Badanymi cechami genotypów były: plenność, poziom plonowania, udział frakcji handlowej, morfologia bulw, wady wyglądu bulw, choroby skórki, występowanie wad wewnętrznych miąższu, wrażliwość na uszkodzenia mechaniczne bulw, wymagania nawozowe N, skłonność do kumulacji azotanów oraz glikoalkaloidów, zawartość w bulwach suchej masy, skrobi, białka, skład granulometryczny skrobi, parametry procesu kiełkowania bulw matecznych, zawartość cukrów redukujących, zawartość sacharozy, ciemnienie miąższu, podatność bulw na ciemną plamistość poudarzeniową, przydatność do produkcji chipsów i frytek oraz przechowywalność (ubytki naturalne, porażenie chorobami okresu przechowywania, kiełkowanie).

Dla wszystkich powyższych badanych cech określono także interakcję genotypowo-środowiskową. Dla wybranych 14 genotypów przeprowadzono dodatkowo analizę ich przydatności do produkcji ekologicznej w uprawie ziemniaka jadalnego.

Warunki klimatyczne w miejscowościach w których prowadzono doświadczenia były istotnie zróżnicowane gdy chodzi o poziom opadów a szczególnie ich rozkład w okresie wegetacji. Generalnie warunki klimatyczne sprzyjały wysokiemu poziomowi plonowania roślin ziemniaka, ale stwierdzono także okresowe nadmiary lub deficyty opadów w poszczególnych punktach badawczych. Dzięki temu można było szczegółowo określić wpływ warunków klimatycznych na poziom badanych parametrów plonu.

Najważniejsze wnioski z przeprowadzonych badań:

- genotypami o najwyższej stabilności występowania fenofaz niezależnie od warunków środowiska okazały się: A10, B9, B10, B26, B27, C9 i C13,
- najwyższą plennością (liczba bulw z rośliny) odznaczały się genotypy: B2, B16 a najniższą C13,
- dla większości badanych genotypów udowodniono istotny wpływ warunków klimatycznych na poziom uzyskanego plonu ogólnego. Niewielka grupa genotypów plonowała stabilnie niezależnie od układu warunków przyrodniczych,
- udowodniono istotny wpływ warunków środowiska na powstawanie spękań fizjologicznych, występowanie deformacji bulw oraz powstawania rdzawej plamistości miąższu,
- stwierdzono istotne współdziałanie genotypu i warunków środowiska na występowanie ospowatości bulw oraz porażenie bulw parchem zwykłym. U niektórych genotypów wpływ środowiska uprawy na powstawanie chorób skórki nie był istotny,
- występowanie bulw z objawami parcha srebrzystego dotyczy większości badanych w 2009 roku genotypów,
- wysoką odporność na uszkodzenia mechaniczne bulw stwierdzono dla genotypów: A6, B3, B9, B1, C3, C5, C10,
- wyodrębniono genotypy o niskich, średnich i wysokich wymaganiach nawozowych azotu. Największą grupę stanowią materiały hodowlane o niskich wymaganiach N,
- wyodrębniono genotypy o wysokiej, średniej i niskiej kumulacji azotanów oraz glikoalkaloidów. U niektórych genotypów wykazano zależność wpływu środowiska na kumulację glikoalkaloidów w bulwach,

- udowodniono, że wiele z badanych genotypów jest cennym materiałem hodowlanym o wysokim potencjale uzyskania plonu suchej masy i skrobi. Udowodniono wpływ warunków środowiska na poziom badanych parametrów. Stwierdzono niski poziom zawartości białka u wszystkich badanych genotypów,
- nie stwierdzono zależności pomiędzy warunkami środowiska okresu wegetacji a długością okresu spoczynku bulw badanych genotypów. Większość genotypów cechuje się długim okresem spoczynku bulw,
- udowodniono, że niezależnie od warunków środowiska stabilnym składem chemicznym cechowały się genotypy: U2, U3, U6, U12 (materiał badawczy z sezonu 2008 roku),
- genotypami o niskiej zawartości cukrów redukujących po przechowaniu okazały się: U5, U11, C, I, M, Z2, Z7. Są to genotypy typu „cold storage”,
- stwierdzono wpływ warunków termiczno-wilgotnościowych okresu przechowywania na wielkość ubytków naturalnych i intensywność procesu kiełkowania bulw w okresie ich przechowywania,
- wyodrębniono genotypy o bardzo dobrej przechowywalności bulw. Z 34 badanych genotypów aż 27 posiadało trwałość przechowalniczą 8 lub 9 w skali 9-stopniowej.

Reasumując, sezon wegetacji 2009 roku, w stosunku do sezonu 2008 roku, był bardziej sprzyjający pod względem udowodnienia wpływu warunków środowiska uprawy na kształtowanie się wielu cech jakości badanych genotypów ziemniaka. Pozwala to bardziej ukierunkować hodowlę nowych odmian ziemniaka na uwzględnienie warunków klimatycznych okresu wegetacji przy kształtowaniu parametrów jakościowych plonu bulw.

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* (gynogenezy) oraz zdolności podwajania ich liczby chromosomów pod wpływem kolchicyny.

Przedmiotem indukcji haploidów było 75 genotypów matecznych kukurydzy.

Wśród 13478 zidentyfikowanych roślin o fenotypie haploidalnym stwierdzono 9817 (72,8%) roślin męsko niepłodnych, spośród których 2050 (20,9%) nie wytwarzało znamion. 3361 (27,2%) roślin było męsko płodnych. Były to podwojone w wyniku kolchicynowania haploidy. Rośliny te poddano samozapyleniu w celu wytworzenia nasion pokolenia DH₁. 2696 (80,2%) spośród poddanych samozapyleniu roślin zawiązało nasiona.

Efektywność uzyskiwania linii podwojonych haploidów (DH₁) - 2696, w stosunku do wyjściowej liczby roślin haploidalnych – 13478, wyniosła 20,0%. Genotypy mateczne wykazały różną efektywność wytwarzania podwojonych haploidów. Najbardziej efektywnymi wariantami było traktowanie siewek roztworem kolchicyny w stężeniu 0,08% przy czasie ekspozycji 8-10 godzin. Uzyskano 44,6 do 49,2%, tj. o 11,2% więcej niż w metodzie standardowej (38% podwajania) – stężenie kolchicyny 0,06%, czas ekspozycji 8 godzin, temp. 26°C. Efektywność podwajania była zróżnicowana w zależności od genotypu rośliny matecznej – tylko 16,2% dla haploidów wytworzonych z SH06/08, do 47,8 i 48,5% dla haploidów wytworzonych z SH06/08 i z SH21/08.

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 analizy doświadczeń z odmianami kukurydzy na ziarno wyróżniono:

- 12 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.
- 2 genotypy, również o wysokim plonie ziarna, istotnie wyższym od średniego plonu obiektów w analizowanym doświadczeniu znalazły się w grupie genotypów o niestabilnej (istotnej) interakcji środowiskowej, w podgrupie intensywnej, co oznacza ich mniejszą adaptację do zróżnicowanych warunków środowiska. Takie genotypy równocześnie reagują dodatnią interakcją w środowiskach lepszych.
- 3 genotypy charakteryzujące się stabilną (nieistotną) interakcją genotypu i środowiska, o wysokiej zawartości suchej masy ziarna, istotnie wyższej od wzorca.
- 1 genotyp o niestabilnej (istotna interakcja genotypu i środowiska), w podgrupie intensywnej oraz 1 genotyp w podgrupie ekstensywnej.

W wyniku analizy doświadczeń, których celem było określenie parametrów nadziemnej części rośliny wyróżniono:

- 2 genotypy 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 oraz
- 2 genotypy ze względu na wysokość i stabilność poziomu zawartości suchej masy w całych roślinach w czasie zbioru.

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

Doświadczenia prowadzono w 3 lokalizacjach: Radzików, Smolice i Kobierzyce. Badany materiał roślinny to populacje SH - S0 i KOB – S0 oraz linie SH - S1, SH – S2, KOB – S1 i KOB – S2. Linie S1 i S2 to materiały wytypowane do dalszych badań w latach 2007 i/lub 2008 roku po zapyleniu wsobnym i inokulacji kolb grzybami z rodzaju *Fusarium* spp. jako materiał wykazujący podwyższoną odporność na fuzariozę kolb oraz na zgorzel podstawy. Łącznie scharakteryzowano 5978 pojedynków po zapyleniu wsobnym i zainokulowaniu kolb w Radzikowie, w tym: 2636 pojedynków w obrębie populacji S0, 2059 pojedynków w obrębie linii S1 i 1283 pojedynków w obrębie linii S2 oraz 1531 pojedynków przy infekcji naturalnej. Opisywano wczesność, odporność na fuzariozę kolb, zgorzel podstawy łodygi. Odnotowywano również występowanie omacnicy prosowianki i główki pyłacej. Kolby inokulowano dwukrotnie – grzybem *F. graminearum* za pomocą strzykawki (5 dni od daty kwitnienia kwiatostanów żeńskich) a następnie *F. verticillioides* poprzez nakłuwanie ostrym bolcem (7-9 dni od daty kwitnienia kwiatostanów żeńskich). Inokulacja dwiema metodami pozwalała zróżnicować materiał z uwzględnieniem dwóch typów odporności kukurydzy na fuzariozę kolb - odporność na porażenie w fazie R1 i w fazie R2. Do oceny fenotypowej stopnia porażenia kolb używano skali 1 – 7. Zgorzel podstawy łodygi opisywano przy infekcji naturalnej ponieważ uprawa kukurydzy w miejscu prowadzenia kukurydzy w monokulturze w latach 2003–2007 pozwala na zróżnicowanie badanego materiału bez inokulacji. Łodygi krojono do wysokości 3-go międzywęzła i używano skali 1 – 9. Pozwoliło to również na równoległe opisywanie zasiedlenia łodyg przez omacnicę prosowiankę. Do dalszych badań wytypowano 2640 roślin jako potencjalne źródła odporności w tym: 1077 roślin z pokolenia S0, 1064 roślin z pokolenia S1 i 499 roślin z pokolenia S2.

Nasilenie występowania omacnicy prosowianki określono na poziomie od 10 – 40% porażonych roślin w zależności od materiałów i lokalizacji.

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 83.

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

Kierownik projektu: Doc. dr hab. M. Goška

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

Materiałem wyjściowym do badań były wielonasienne diploidalne zapylacze buraka cukrowego – typu cukrowego (24 linie), cukrowo-normalnego (24 linie) i normalnego (33 linie). Zalążki 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. Inkubację zalążków prowadzono w pokoju hodowlanym w temperaturze 25°C w ciemności przez dwa tygodnie a następnie w 16-godzinnym oświetleniu o natężeniu ok. $40 \text{ mol}^{-3} \text{m}^2 \text{s}^{-1}$. Genotyp rośliny rodzicielskiej był czynnikiem determinującym zdolność do gynogenezy. Odsetek zalążków diploidalnych wielonasiennych zapylaczy tworzących rośliny, w zależności od genotypu, wahał się od 0,7 do 44,4%. Wyższą zdolność do regeneracji roślin obserwowano u typu normalnego (średnio 4,8%), nieco niższą u typu cukrowo-normalnego (średnio 3,7%) i u typu cukrowego (średnio 3,7%). Ogółem z 12090 zalążków wielonasiennych diploidalnych zapylaczy wyłożonych na pożywki otrzymano 504 (4,2%) regeneranty.

W celu określenia optymalnych stężeń regulatorów wzrostu dla zwiększenia procentu regeneracji haploidalnych zarodków z niezapłodnionych zalążków buraka zastosowano pożywki zawierające 1 lub 2 $\text{mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP oraz 1 lub 2 $\text{mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ TDZ. Procent roślin otrzymanych z zalążków był wyższy na pożywkach z TDZ (średnio 6,3%) niż na pożywkach z BAP (średnio 4,2%). Obserwowano obniżenie zdolności do regeneracji roślin wraz ze wzrostem stężenia BAP w pożywce, natomiast wyższe stężenie TDZ w pożywce powodowało wzrost liczby regenerujących zalążków.

Rośliny haploidalne pochodzące z zalążków 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 od 4,3 do 60,0% dla wielonasiennych zapylaczy typu cukrowego, od 10,0 do 40,9% dla typu cukrowo-normalnego, od 4,4 do 50,9% dla typu normalnego i od 10,0 do 65,2% dla linii dopełniających. 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.

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 przez *Mycosphaerella pinodes* odmian grochu siewnego w doświadczeniu z kontrolowaną infekcją, mającym na celu analizę genotypowej stabilności reakcji roślin na porażenie grzybem. Stwierdzono znacznie wyższe porażenie badanych genotypów w porównaniu do poprzednich sezonów wegetacyjnych związane z przebiegiem warunków pogodowych oraz czynnikiem infekcyjnym. Obserwowany stopień porażenia przez *M. pinodes* powodował prawie 22% redukcję produktywności badanych genotypów przy dużej rozpiętości pomiędzy nimi. Określono stabilność porażenia badanych genotypów wynikającą z interakcji

genotypowo-środowiskowej. Wyodrębniono grupę genotypów o stabilnej reakcji na porażenie *M. pinodes* oraz genotypy niestabilne, czyli wykazujące istotną interakcję ze środowiskiem.

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

Testowano w warunkach polowych linii F₅ (159) z ośmiu kombinacji z krzyżowań międzyodmianowych z odmianą Radley. Badane linie różniły się pod względem wczesności, wysokości roślin, wylegania. Średnie porażenie grzybem *M. pinodes* linii w poszczególnych kombinacjach krzyżowań było niższe od porażenia odpowiednich form matecznych. Produktywność wyrażona masą nasion z poletka badanych linii 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 F₄ (62 rodziny) na polu infekcyjnym. Zebrane rodzinami materiały będą przedmiotem dalszych prac.

Przeprowadzono walidację opracowanych metodycznych elementów oceny podatności genotypów grochu na porażenie *M. pinodes* z punktową inokulacją odciętych liści w warunkach kontrolowanych z wykorzystaniem cyfrowej analizy obrazu. Oceniono podatność 21 genotypów grochu tą techniką i porównano z wynikami testu na siewkach w warunkach kontrolowanych oraz z wynikami oceny podatności w warunkach polowych z inokulacją.

W doświadczeniu polowym w warunkach prowokacyjnych, z opóźnionym o miesiąc terminem, wysiano wybraną grupę genotypów krajowych i zagranicznych grochu, w tym odpornych na mączniaka prawdziwego, do oceny podatności. Wysiano również F₁ z krzyżowań linii RS 1149/98 odpornej z genotypami podatnymi w 6 kombinacjach.

Wysiano doświadczenie z 18 odmianami bobiku. Przeprowadzono ocenę prażenia wybranymi chorobami grzybowymi. W sezonie gromadzono materiały roślinne bobiku z objawami porażenia chorobami do identyfikacji i izolacji sprawców *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae*.

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

Doświadczenia prowadzono w 3 lokalizacjach: Radzików, Wiatrowo i Szelejewo. Badany materiał roślinny to: potomstwo F₁ zycicy trwałej uzyskane no drodze krzyżowań genotypów zróżnicowanych pod względem cech morfologicznych i fizjologicznych oraz pod względem odporności na stropy biotyczne i abiotyczne, odmiany wzorcowe i rodzicielskie zycicy trwałej oraz odmiany i formy zycicy wieloletniej. Rośliny charakteryzowano w 2 typach użytkowania: kośno-polowym i nasiennym. Łącznie w Radzikowie do badań włączono 47 klonów pokolenia populacji F₁ należących do 19 krzyżowań (2010 pojedynków) oraz 13 odmianach wzorcowych i rodzicielskich. W użytkowaniu na zielonkę materiały scharakteryzowano uwzględniając następujące cechy: wczesność, wysokość roślin przed 1, 2, 3 i 4 pokosem, zieloną i suchą masę 1, 2, 3 i 4 pokosu, morfologię liścia oraz odporność roślin na populację rdzy w czerwcu, sierpniu i wrześniu. W użytkowaniu nasiennym uwzględniono następujące cechy: wczesność, wysokość, morfologię liścia flagowego, odporność na rdzę żdźbłową w czerwcu i we wrześniu. Odmiany Salamandra i Carrera oraz K2 (Arabella x 410-1), K13 (Vincent x 402-5), K9 (Aristo - 597-4/16/02) oraz K21 (Vincent x 410-3) to formy o dobrym wigorze roślin w okresie letnim sezonu wegetacyjnego, o liściach długich i szerokich oraz o podwyższonej odporności na rdze w sierpniu. Podsumowując można stwierdzić, że pod względem ważnych gospodarczo cech biologicznych oraz odporności na rdze w użytkowaniu na zielonkę na szczególną uwagę zasługują formy zbliżone pod względem wybranych cech biologicznych i odporności na rdzę do odmiany Carrera: K21 (Vincent x 410-3), K9 (Aristo - 597-4/16/02), K17 (Carrera x 410-3). W użytkowaniu nasiennym na szczególną uwagę zasługują formy

reprezentowane przez odmiany Carrera i Aristo oraz formy 410-3 i 410-1: K9 (Aristo - 597-4/16/02), K17 (Carrera x 410-3), K15 (Carrera x 597-4/16/16/02).

Formy zycicy wielokwiatowej charakteryzowały się niską lub bardzo niską odpornością na rdzę koronową w użytkowaniu na zielonkę oraz były średnio odporne lub średnio podatne na rdzę w użytkowaniu nasiennym.

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

Prace wykonane w roku sprawozdawczym są kolejnym rokiem wieloletnich badań poznawczych nad doskonaleniem metod krajowej hodowli traw o wysokiej pełnej wartości ogólnogospodarczej.

Podstawowe prace koncepcyjne i techniczne prowadzono w Radzikowie, w tym wszystkie dotyczące nasiennictwa. Część (głównie na pastewną wartość użytkową) zlokalizowano w trzech punktach na północy, południu i zachodzie kraju.

Badaniami objęto 49 wybranych genotypów traw, w tym 31 w trzech gatunkach (kostrzewa łąkowa, kostrzewa czerwona, wiechlina łąkowa) badanych w roku poprzednim oraz 18 zycicy wielokwiatowej włączonych do badań w roku sprawozdawczym. Łącznie prowadzono 12 polowych doświadczeń, wielopowtórzeniowych, w tym w obrębie kostrzewy czerwonej i wiechliny łąkowej oddzielnie dla form pastewnych i gazonowych.

Łącznie we wszystkich typach doświadczeń analizowano 26 cech biologicznych i użytkowych, wprowadzając do metodyki własne, nowatorskie elementy, łącznie z jednocyfrową oceną wartości ogólnogospodarczej taksonów autorskim wskaźnikiem WOG. Zarówno analiza zależności wartości użytkowej jak i nasiennej od cech biologicznych oraz ocena końcowa WOG, pozwoliły na ocenę szczegółową i waloryzację rankingową badanych taksonów.

Różnice skrajnych wartości WOG wyniosły dla badanych genotypów kostrzewy czerwonej 30%, kostrzewy łąkowej 31% i wiechliny łąkowej 28%. Natomiast formy trawnikowe różniły się jeszcze bardziej pod względem wartości ogólnoużytkowej o 77% wewnątrz kostrzewy czerwonej i 50% u wiechliny łąkowej.

Wpływ cech biologicznych na wartość użytkową i pastewną nie zawsze był podobny u gatunków, a zwłaszcza u genotypów wewnątrz poszczególnych gatunków. Plon zależał głównie od energii odrastania i przezimowania oraz gęstości runi i zawartości suchej masy.

Wartość trawnikowa zależała u obu badanych gatunków przede wszystkim od zadarnienia, a następnie od smukłości liścia i zabarwienia liścia, zależnego także od zdrowotności roślin. Natomiast o wartości nasiennej decydowała we wszystkich gatunkach liczba pędów generatywnych, jednak w różnym stopniu zależnie od genotypów.

W ostatecznej ocenie waloryzacyjnej aż 16 spośród 49 badanych genotypów posiadało bardzo wysoką wartość ogólnogospodarczą.

Zatem sprawdzona metodyka może znacznie przyspieszyć efektywność polskiej hodowli traw.

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

Warunki pogodowe w sezonie wegetacyjnym, sprzyjały porażeniu roślin fasoli przez patogeny grzybowe. Przeprowadzone badania wykazały istnienie zróżnicowania, w obrębie odmian szparagowych oraz na suche nasiona, w reakcji na porażenie przez antraknozę fasoli. Wyodrębniono grupę genotypów podatnych.

W wyniku prac identyfikacyjnych oraz wykonanych izolacji wzbogacono kolekcję izolatów o kolejne izolaty grzyba. Obecnie kolekcja liczy 46 izolatów jednozarodnikowych. Izolaty są przechowywane na skosach pożywki Mathura w lodówce w temp. ~ 5°C. Po namnożeniu nasion zestawu odmian testowych planowane są badania nad zmiennością populacji *Colletotrichum lindemuthianum* i określeniu potencjalnie występujących ras.

Stwierdzono zróżnicowanie w reakcji odporności na porażenie rasą gamma grzyba *Colletotrichum lindemuthianum* wybranej grupy odmian i linii fasoli w warunkach kontrolowanych w teście z inokulacją nasion wykonanym według metodyki opisanej w CPVO-TP/012/3. Uzyskane wyniki wskazują na potrzebę badań nad zmiennością populacji grzyba i następnie badań reakcji odmian na występujące rasy.

Bakteriozy fasoli były chorobami notowanymi w znacznym nasileniu, występowały zarówno na odmianach fasoli szparagowych jak i fasoli na suche nasiona. Identyfikacja sprawców bakteriozy fasoli z wykorzystaniem testów immunodetekcji wykazała brak bakterii *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* u dwóch odmian szparagowych z objawami bakteriozy oraz w przypadku *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* stwierdzono jej obecność u 11 na 27 badanych genotypów. Podobnie jak w roku poprzednim nie stwierdzono występowania *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* sprawcy ostrej bakteriozy fasoli.

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

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