

IV Ogólnopolska Konferencja
Poznań, 5-7 listopada 2019

GENETYKA I GENOMIKA W DOSKONALENIU ROŚLIN UPRAWNYCH

Od rośliny modelowej do nowej odmiany



Instytut Genetyki
Roślin PAN

Patronat honorowy:



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



URZĄD MARSZAŁKOWSKI
WOJEWÓDZTWA WIELKOPOLSKIEGO



POLSKIE TOWARZYSTWO
GENETYCZNE

POZnań*

Patronat medialny:

magazyn rolniczy
AgroProfil

Sponsorzy:

Q4Lab

CORTEVA
agriscience

MERCK

PATRONAT

Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego – dr Jarosław Gowin

Prezes Polskiej Akademii Nauk – prof. dr hab. Jerzy Duszyński

Marszałek Województwa Wielkopolskiego – Marek Woźniak

Wojewoda Wielkopolski – Zbigniew Hoffmann

Prezydent Miasta Poznania – Jacek Jaśkowiak

Rektor Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza – prof. UAM dr hab. Andrzej Lesicki

Prezes Oddziału Poznańskiego Polskiej Akademii Nauk – prof. dr hab. Marek Świtoński

Prezes Polskiego Towarzystwa Genetycznego – prof. dr hab. Andrzej Kononowicz

KOMITET NAUKOWO-ORGANIZACYJNY

prof. dr hab. Bogdan Wolko – Dyrektor Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka – Zastępca Dyrektora ds. naukowych

dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN – przewodnicząca

dr hab. Lidia Błaszczyk

dr hab. Agnieszka Kielbowicz-Matuk

dr Magdalena Gawłowska

dr Anna Stachowiak-Szrejbrowska

dr Krzysztof Mikołajczak

dr Piotr Ogródowicz

mgr Magdalena Roth

mgr Joanna Szypulska

mgr Michał Kempa

Spis treści

WYKŁAD INAUGURACYJNY

Maria Surma, <u>Wojciech Świącicki</u> , „Wielka piątka w świecie roślin”	7
---	---

SESJA 1. GENOMIKA ROŚLIN

WYKŁAD PLENARNY Piotr Ziółkowski

„Kontrola rekombinacji mejozycznej: od dystrybucji chromosomowej do częstości <i>crossing-over</i> ”	8
--	---

<u>Kamila Wojszko</u> , Karol Kuczerski, Anita Wiśniewska „Udział wybranych genów kodujących białka z domeną PP2-like w interakcji między <i>Arabidopsis thaliana</i> a <i>Heterodera schachtii</i> ”	9
---	---

<u>Bartosz Kozak</u> , Renata Galek, Dariusz Zalewski, Stanisław Stawiński „Wykorzystanie markerów SNP w badaniach asocjacyjnych u łubinu wąskolistnego (<i>L. angustifolius</i> L.)”	10
--	----

<u>Andrea Pagano</u> , Carolina Gomes, Jorge A. P. Paiva “Genome-wide screening and characterization of long non-coding RNAs in purple willows (<i>Salix purpurea</i> L.)”	11
---	----

SESJA 2. REAKCJA ROŚLIN I MIKROORGANIZMÓW NA STRESY ŚRODOWISKOWE

WYKŁAD PLENARNY Marcin Rapacz

„Asocjacje genomowe zmian parametrów testu OJIP związanych z reakcją na suszę glebową u jęczmienia, czyli zmiany parametrów fluorescencji chlorofilu w czasie suszy nie wiążą się ze zmianami aktywności fotosyntetycznej”	12
--	----

Natalia Lenarczyk, Magdalena Góralska, Anna Bienias, Kamila Kapłoniak, Ilona Czczyło-Mysza, Agnieszka Grądzielewska, <u>Beata Myśków</u> „Analiza genetyczna zaburzeń tworzenia nalotu woskowego żyta”	13
--	----

<u>Aleksandra Świada-Barteczka</u> , Andrzej Pacak, Katarzyna Kruszka, Agnieszka Ludwików, Wojciech Karłowski, Artur Jarmołowski, Zofia Szweykowska-Kulińska „Jęczmienny mikroRNA172b-5p jest zaangażowany w regulację poziomu kinazy SnRK2 podczas stresu niedoboru wody”	14
--	----

<u>Adam Augustyniak</u> , Izabela Pawłowicz, Dawid Perlikowski, Katarzyna Masajada, Karolina Izbiańska-Jankowska, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Arkadiusz Kosmala „Enzymy systemu antyoksydacyjnego jako markery mrozoodporności traw pastewnych kompleksu <i>Lolium-Festuca</i> ”	15
---	----

<u>Joanna Ceraży-Waliszewska</u> , Stanisław Jeżowski, Karolina Sobańska, Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina, Tomasz Pniewski „Ocena tolerancji stresu suszy dwóch typów sadzonek – otrzymanych w kulturach <i>in vitro</i> i z rizomów, wybranych genotypów traw z rodzaju <i>Miscanthus</i> ”	16
--	----

SESJA 3. BIORÓŻNORODNOŚĆ ROŚLIN I ICH PATOGENÓW

WYKŁAD PLENARNY Magdalena Frąc

„Różnorodność, diagnostyka, zwalczanie i monitoring zanieczyszczeń oraz patogenów grzybowych w ekologicznej uprawie owoców miękkich”	17
--	----

<u>Piotr Tykarski</u> „System informacji o różnorodności biologicznej GBIF jako narzędzie w badaniach roślin uprawnych i ich patogenów”	18
---	----

<u>Stanisław Świtek</u> , Zuzanna Sawinska „Na co rolnikowi miedza? O wartości przyrodniczej gospodarstw”....	19
---	----

<u>Agata Piasecka</u> , Izabela Krzemińska „Wpływ warunków troficznych na procesy wzrostowe i metaboliczne wybranych gatunków zielenic”	20
---	----

SESJA 4. GENETYKA CECH ILOŚCIOWYCH, BIOMETRIA I BIOINFORMATYKA W BADANIACH ROŚLIN

WYKŁAD PLENARNY <u>Grzegorz Koczyk</u> „Bioinformatyka i genomika ewolucyjna w badaniach metabolizmu wtórnego”	21
<u>Michał Książkiewicz</u> , Piotr Plewiński, Sandra Rychel, Elżbieta Rudy, Paweł Krajewski, Bogdan Wolko „Identyfikacja genów kandydujących na cechy udomowienia łubinu wąskolistnego (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) metodą mapowania ekspresyjnych cech ilościowych”	22
<u>Maria Nuc</u> , Paweł Krajewski „Odległość Mash oraz inne odległości jako narzędzie do analizy danych transkryptomicznych”	23

SESJA 5. HODOWLA ROŚLIN UPRAWNYCH

WYKŁAD PLENARNY <u>Małgorzata Niewińska</u> „Postęp biologiczny i aktualne metody wdrożone do polskiej i światowej hodowli roślin”	24
Katarzyna Stelmach, Gabriela Machaj, <u>Dariusz Grzebelus</u> „Opracowanie markerów molekularnych wspomagających selekcję roślin buraka cukrowego w kierunku odporności na rizomanię warunkowaną genem <i>Rz1</i> ”	25
<u>Katarzyna Sosnowska</u> , Laurencja Szała, Alina Liersch, Marcin Matuszczak, Teresa Cegielska-Taras „Resynteza <i>Brassica napus</i> L. impulsem do tworzenia odrębnych pul genowych dla hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego”	26

SESJA POSTEROWA

SESJA 1. GENOMIKA ROŚLIN

1.1. Danuta Babula-Skowrońska, Natalia Żyła, Joanna Fidler „Wykorzystanie technologii CRISPR/Cas9 w kontrolowanej mutagenie zduplikowanych genów <i>BnaHB6</i> u rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.)”	27
1.2. Joanna Fidler, Agata Cieśla, Natalia Żyła, Alicja Rzepczak, Danuta Babula-Skowrońska „Wpływ duplikacji na ekspresję wybranych genów kodujących czynniki transkrypcyjne z rodziny HB w warunkach stresowych i ich oddziaływania z fosfatą białkową ABI1 u rzepaku (<i>Brassica napus</i> L.)”	28
1.3. Magdalena Gawłowska, Wojciech Święcicki, Lesław Lahuta, Wioletta Pluskota, Mateusz Pluskota „Analiza ekspresji genów szlaku syntezy oligosacharydów w odmianach grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) nisko- i wysokooligosacharydowych”	29
1.4. Miron Gieniec, Pavel Chaloupsky, Tomasz Oleszkiewicz, Magdalena Klimek-Chodacka, Yiping Qi, Rafał Barański „Modelowy system wykorzystujący CRISPR do badania funkcji i regulacji genów marchwi <i>in vitro</i> ”	30
1.5. Carolina Gomes, Dariusz Kruszcza, Andrea Pagano, Piotr Kachlicki, Jorge A.P. Paiva “Zebularine-Induced DNA demethylation in roots of <i>Salix purpurea</i> L.”	31
1.6. Magdalena Kroc, Katarzyna Czepiel, Paulina Wilczura, Monika Mokrzycka, Wojciech Święcicki „Opracowanie markera molekularnego użytecznego w selekcji hodowlanej linii niskoalkaloidowych łubinu wąskolistnego (<i>Lupinus angustifolius</i> L.)”	32
1.7. Katarzyna Masajada, Izabela Pawłowicz, Dawid Perlikowski, Adam Augustyniak, Karolina Izbiańska-Jankowska, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Arkadiusz Kosmala „Aktywność systemu antyoksydacyjnego w warunkach suszy u <i>Festuca arundinacea</i> ”	

i <i>F. glaucescens</i> ”	33
1.8. Jerzy Nawracała, Sandra Rychel, Agnieszka Tomkowiak, Danuta Kurasiak-Popowska, Dorota Weigt, Janetta Niemann, Michał Książkiewicz, Bogdan Wolko „Badanie zależności terminu kwitnienia od układu alleli genów wczesności (<i>E</i>) u odmian soi o zróżnicowanym pochodzeniu”	34
1.9. Janetta Niemann, Joanna Kaczmarek, Joanna Majka, Justyna Szwarz, Małgorzata Jędrzycka „Zastosowanie techniki FISH do analizy struktury genomowej u mieszańców <i>Brassica</i> z podwyższoną odpornością na suchą zgniliznę kapustnych (<i>Leptosphaeria</i> spp.)”	35
1.10. Magdalena Świącicka, Beata Bakera, Monika Rakoczy-Trojanowska „Analiza ekspresyjna genu <i>TaPaO1</i> związanego z kinetyką otwierania kwiatów u pszenicy”	36
1.11. Waldemar Ulaszewski, Jolanta Belter, Joanna Szymczak, Halina Wiśniewska, Michał Kwiatek „Transfer chromatyny <i>Aegilops kotschy</i> Boiss. zawierającej locus genu <i>Lr54</i> odpowiedzialnego za odporność na rdzę brunatną do pszenżyta uprawnego (\times <i>Triticosecale</i> Wittmack)”	37
SESJA 2. REAKCJA ROŚLIN I MIKROORGANIZMÓW NA STRESY ŚRODOWISKOWE	
2.1. Fatema Bakro, Vladimiro Cardenia, Katarzyna Wielgusz, Renata Gaj, Małgorzata Jędrzycka „Związki bioaktywne w liściach konopi oleistych (<i>Cannabis sativa</i> L.) uprawianych w różnych poziomach nawożenia”	38
2.2. Aneta Basińska-Barczak, Michał Dziurka, Anna Janeczko, Lidia Błaszczuk „Grzyby <i>Trichoderma</i> i ich wpływ na pszenicę zwyczajną (<i>Triticum aestivum</i> L.)”	39
2.3. Sara Blicharz, Gerrit Beemster, Laura Ragni, Dawid Perlikowski, Nuria De Diego Sanchez, Łukasz Marczak, Arkadiusz Kosmala, Robert Malinowski „Zmiany w zawartości eksudatów floemowych odzwierciedlają odpowiedź grochu na stres niedoboru wody”	40
2.4. Lidia Błaszczuk, Jan Homa „Wybór genów referencyjnych w ilościowym oznaczaniu ekspresji genów metodą real-time PCR w badaniach oddziaływań pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) z grzybami <i>Trichoderma</i> ”	41
2.5. Michał Kempa, Anetta Kuczyńska, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz „Profilowanie ekspresji genu <i>ns-LTP2</i> w warunkach stresów abiotycznych u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.)”	42
2.6. Anetta Kuczyńska, Tadeusz Adamski, Maria Surma, Paweł Krajewski, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz, Michał Kempa, Monika Mokrzycka, Renata Trzeciak „Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.)”	43
2.7. Justyna Lalak-Kańczugowska, Natalia Witaszak, Agnieszka Waśkiewicz, Łukasz Stępień „Stres biotyczny a zmiany ekspresji genów kodujących białka szoku cieplnego u patogenicznego grzyba <i>Fusarium proliferatum</i> ”	44
2.8. Krzysztof Mikołajczak, Anetta Kuczyńska, Piotr Ogrodowicz, Michał Kempa, Paweł Krajewski, Vladimiro Cardenia, Maria Teresa Rodriguez-Estrada, Marina Pérez-Llorca, Sergi Munné-Bosch „Wielopoziomowa charakterystyka genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału brassinosteroidów w warunkach optymalnych i niedoboru wody”	45
2.9. Piotr Ogrodowicz, Anetta Kuczyńska, Krzysztof Mikołajczak, Michał Kempa, John Doonan, Fiona Corke, Kevin Williams, Paweł Krajewski „Wysokoprzepustowe fenotypowanie korzeni jęczmienia (<i>Hordeum vulgare</i> L.) w warunkach niedoboru wody”	46
2.10. Agnieszka Ostrowska, Anna Fiust, Tomasz Hura „Molekularne podstawy przystosowania siewek pszenicy jarej do suszy glebowej”	47

SESJA 3. BIORÓZNORODNOŚĆ ROŚLIN I ICH PATOGENÓW

3.1. Małgorzata Jędryczka, Tomasz Piechota, Idzi Siatkowski, Agnieszka Wolna-Maruwka „Zróżnicowanie i podobieństwa mikrobiomu ryzosfery roślin uprawnych stosowanych w międzyplonach ścierniskowych”	48
3.2. Joanna Kaczmarek, Leszek Menzel, Katarzyna Borycka, Magdalena Wójcik, Beata Żuraw, Zbigniew Karolewski, Idalia Kasprzyk, Małgorzata Jędryczka „Zmiany frekwencji askospor grzybów <i>Leptosphaeria maculans</i> i <i>L. biglobosa</i> w Polsce w latach 2004-2019”	49
3.3. Michał Kawaliło, Zuzanna Dutkiewicz, Monika Urbaniak, Justyna Lalak-Kańczugowska, Grzegorz Koczyk „Diversity of plant partners and pathogens - screening for potential benzenediol lactone producers among higher fungi”	50
3.4. Sylwia Milarska, Piotr Androsiuk, Justyna Dulcka, Wioleta Kellmann-Sopyła, Joanna Szablińska, Lesław Lahuta, Irena Gielwanowska „Zmienność genetyczna oraz profile cukrowców rozpuszczalnych ziarniaków wybranych gatunków z rodzaju <i>Avena</i> ”	51
3.5. Edyta Paczos-Grzęda, Sylwia Sowa, Maja Boczkowska, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra „Zróżnicowanie współczesnych i historycznych odmian <i>Avena sativa</i> L.”	52
3.6. Noor Ramzi, Idzi Siatkowski, Agnieszka Wolna-Maruwka, Małgorzata Jędryczka „Mikrobiom bakteryjny w ryzosferze rzepaku (<i>Brassica napus</i>) z objawami kiły kapusty (<i>Plasmodiophora brassicae</i>)”	53
3.7. Sylwia Salamon, Katarzyna Mikołajczak, Lidia Błaszczuk „Struktura mykobionu endosfery form jarych pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) w warunkach kontrolowanych i polowych”	55
3.8. Sylwia Sowa, Edyta Paczos-Grzęda, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra „Odporność na rdzę koronową genotypów <i>Avena sterilis</i> L. zgromadzonych w KCRZG”	56
3.9. Anna Tratwał, Marcin Baran, Magdalena Jakubowska, Kamila Roik, Beata Wielkopolan „Interaktywne narzędzie monitorujące bioróżnorodność agrofagów roślin rolniczych – Platforma Sygnalizacji Agrofagów”	57
3.10. Adriana Twardawska, Maciej Majka, Magdalena Gawłowska, Marek Korbas, Jakub Danielewicz, Jolanta Belter, Halina Wiśniewska „Identyfikacja genów odporności na łamliwość źdźbła poprzez wykorzystanie markerów molekularnych”	58
3.11. Monika Urbaniak, Grzegorz Koczyk, Agnieszka Waśkiewicz, Łukasz Stępień „Biosynteza oraz zmienność sekwencji genu kodującego syntazę nierybosomalnych peptydów u wybranych gatunków grzybów z rzędu <i>Hypocreales</i> ”	59

SESJA 4. GENETYKA CECH ILOŚCIOWYCH, BIOMETRIA I BIOINFORMATYKA W BADANIACH ROŚLIN

4.1. Ilona Mieczysława Czyczyło-Mysza, Katarzyna Cyganek, Kinga Dziurka, Edyta Skrzypek, Izabela Marcińska, Beata Myśków, Michał Dziurka, Marzena Warchoń, Kamila Kapłoniak, Jan Bocianowski „Genetic parameters and QTLs for total phenolic content and yield of wheat mapping population of CSDH lines under drought stress”	60
4.2. Katarzyna B. Czyż, Grzegorz Koczyk „ <i>Cassia sturtii</i> , <i>Chamaecrista mimosoides</i> i <i>Senna obtusifolia</i> – wygodne modele w analizach ewolucyjnych roślin strączkowych”	61
4.3. Monika Mokrzycka, Paweł Krajewski, Beata Bakera, Monika Rakoczy-Trojanowska, Magdalena Szeliga, Mirosław Tyrka, Stefan Stojalowski, Przemysław Matysik, Michał Rokicki „Struktura genetyczna populacji pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) na podstawie kolekcji HYBRE”	62

4.4. Edyta Paczos-Grzęda, Sylwia Sowa, Piotr Bednarek, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra, Jan Sadurski „Identyfikacja markerów zasocjowanych z MTZ w owsie zwyczajnym”	63
4.5. Piotr Plewiński, Michał Książkiewicz, Magdalena Tomaszewska, Sandra Rychel, Matthew N. Nelson, Paweł Krajewski, Bogdan Wolko „Geny warunkujące wczesność kwitnienia w łubinie żółtym (<i>Lupinus luteus</i> L.)”	64
4.6. Aneta Sawikowska „Sieci w badaniach metabolitów i białek w jęczmieniu pod wpływem suszy”	65
4.7. Renata Słomnicka, Helena Olczak-Woltman, Grzegorz Bartoszewski „Poszukiwanie markerów molekularnych sprzężonych z loci odporności na bakteryjną kanciastą plamistość ogórka (<i>Cucumis sativus</i> L.)”	66
4.8. Sylwia Sowa, Edyta Paczos-Grzęda, Piotr Bednarek, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra „Identyfikacja QTL dla wysokości w populacji RIL <i>Avena fatua</i> L. × <i>Avena sativa</i> L. ‘Sam’”	67
4.9. Natalia Witaszak, Dariusz Kruska, Piotr Kachlicki „Analizy metabolomiczne oraz proteomiczne – użyteczne rozwinięcie badań genetycznych roślin uprawnych”	68
SESJA 5. HODOWLA ROŚLIN UPRAWNYCH	
5.1. Sławomir Franaszek, Anetta Kuczyńska, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz, Michał Kempa „Analiza składu białek zapasowych oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia (<i>Triticordeum</i>)”	69
5.2. Renata Galek, Agnieszka Gniewek, Bartosz Kozak, Dariusz Zalewski, Stanisław Stawiński „Zmienność i współzależność cech w kolekcji <i>Lupinus angustifolius</i> L.”	70
5.3. Katarzyna Juzoń, Edyta Skrzypek, Marzena Warchoń, Ilona Czyczyło-Mysza, Kinga Dziurka, Izabela Marcińska, Tomasz Warzecha, Dominika Idziak-Helmcke, Zygmunt Nita, Krystyna Werwińska „Ocena komponentów struktury i jakości plonu linii owsa otrzymanych poprzez krzyżowanie z kukurydzą”	71
5.4. Manal A. Hamed, Mona A. Mohammed, Asmaa F. AboulNaser, Azaa A. Matloub, Dalia B. Fayed, Sanaa A. Ali, Wagdy K.B. Khalil “Optimization of curcuminoids extraction and evaluation their potency against Parkinson’s disease in rats”	72
5.5. Marcin Matuszczak, Piotr Kopeć, Joanna Wolko, Alina Liersch, Laurencja Szała, Katarzyna Sosnowska, Teresa Cegielska-Taras, Katarzyna Mikołajczyk, Wojciech Karłowski, Iwona Bartkowiak-Broda „Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie różnicowania genetycznego rzepaku ozimego (<i>Brassica napus</i> L.)”	73
5.6. Wojciech Rybiński, Wojciech Święcicki, Paweł Barzyk, Czesława Nawrot, Michał Starzycki, Elżbieta Starzycka-Korbas, Mariusz Wilczura „Ocena zmienności zawartości alkaloidów i tłuszczu w nasionach oraz odporność na antraknozę w krajowej kolekcji łubinu białego”	74
5.7. Stefan Stojałowski, Marta Orłowska, Martyna Sobczyk „Wykorzystanie markerów DArTseq do analizy struktury genetycznej wybranych odmian żyta ozimego”	75
Marta Czarna-Kłós „Badania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej	76
Joanna Żak, Katarzyna Ciąćka, Agnieszka Gniazdowska, Urszula Krasuska „Identyfikacja genu referencyjnego dla analizy ilościowej genów w osiach zarodków nasion jabłoni poddanych stratyfikacji w chłodzie	77
LISTA ADRESÓW MAILOWYCH UCZESTNIKÓW KONFERENCJI	78

Wielka Piątka w Świecie Roślin

Maria Surma, Wojciech Święcicki

*Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: wswi@igr.poznan.pl*

Wzorem Wielkiej Piątki Zwierząt podjęto próbę wytypowania Wielkiej Piątki Roślin w tym rodzin, gatunków i genów. Zadanie nie było łatwe, bo różne mogą być kryteria. Na przykład rośliny, które zapewniły bogactwo (rozwój przemysłu), czy może te, które odegrały znaczącą rolę w historii ludzi (zmieniły oblicze świata) lub też najważniejsze dla zdrowia i życia. Autorzy, oprócz roli natury podsumowali także wkład człowieka w doskonaleniu Wielkiej Piątki oraz wynikające z tego korzyści.

Kontrola rekombinacji meiotycznej: od dystrybucji chromosomowej do częstości *crossing-over*

Piotr A. Ziolkowski

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań
e-mail: pzio@amu.edu.pl

Podczas mejozy chromosomy homologiczne łączą się w pary i wymieniają fragmenty w procesie określanym jako *crossing-over*. *Crossing-over* jest niezbędne dla prawidłowej segregacji chromosomów a także umożliwia mieszanie informacji genetycznej pochodzącej od obu rodziców. Z tych względów, *crossing-over* jest podstawowym źródłem różnic występujących pomiędzy osobnikami w naturalnych populacjach. Ze względu na swoje znaczenie liczba i rozkład *crossing-over* wzdłuż chromosomów są ściśle kontrolowane. W wykładzie omówię obecny postęp w rozumieniu kontroli rekombinacji u eukariontów ze szczególnym uwzględnieniem roślin. Zaprezentuję nasze wyniki dotyczące odmiennej wrażliwości poszczególnych szlaków *crossing-over* względem polimorfizmu sekwencji DNA oraz wyjaśnię, jaki efekt ma polimorfizm sekwencyjny na chromosomową dystrybucję *crossing-over*. Następnie przedstawię nasze badania nad identyfikacją modyfikatorów rekombinacji – genów, które wpływają na częstość rekombinacji w skali całogenomowej. Postaram się również podsumować perspektywę zastosowania tej wiedzy w rozwoju nowych strategii hodowli roślin.

Udział wybranych genów kodujących białka z domeną PP2-like w interakcji między *Arabidopsis thaliana* a *Heterodera schachtii*

Kamila Wojszko, Karol Kuczerski, Anita Wiśniewska

Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, ul. Nowoursynowska 159,
02-776 Warszawa
e-mail: wojszko.kamila@gmail.com

Mątwik burakowy (*Heterodera schachtii*) jest pasożytniczym nicieniem cystowym żerującym na korzeniach roślin z rodzin *Amaranthaceae* oraz *Brassicaceae*, wśród których znajdują się gatunki uprawne jak burak, rzepak czy gorczyca. Cysty *H. schachtii* zawierające jaja, charakteryzują się wysoką odpornością na czynniki fizyczne oraz chemiczne. Sprawia to, że znane metody walki z tym szkodnikiem nie są wystarczające, a poznanie mechanizmów interakcji między rośliną a nicieniem na poziomie molekularnym wciąż stanowi wyzwanie współczesnej biologii.

Podczas infekcji nicien wprowadza do komórki korzenia wydzielinę gruczołów, bogatą w białka oraz czynniki oddziałujące na ekspresję genów gospodarza, co prowadzi do zmiany programu morfogenetycznego komórek rośliny. Zmiany prowadzą do utworzenia struktury odżywiającej zwanej syncytium, która jest niezbędna dla prawidłowego rozwoju nicienia. Dotychczas szeroko udokumentowano zmiany w ekspresji bardzo wielu genów rośliny w obrębie syncytium. Spośród genów *A. thaliana*, których poziom ekspresji jest silnie obniżony w syncytiach na uwagę zasługują geny *AtPP2A3-like* oraz *AtPP2A8-like*. Geny te kodują białka z domeną PP2-like. Białko floemowe 2 (ang. Phloem Protein 2, PP2) jest jedną z floemowych lektyn o niewyjaśnionej dotychczas funkcji, jednak nieliczne doniesienia sugerują udział PP2 w krótko- oraz długodystansowym transporcie we floemie. Białka kodowane przez geny *AtPP2A3-like* oraz *AtPP2A8-like* posiadają również domeny podobne do tych, które obecne są w białkach odporności, takich jak białko AIG1 oraz domena TIR. Domeny te uczestniczą w transdukcji sygnału fitohormonów związanych z odpowiedzią rośliny na stres.

Arabidopsis thaliana jest rośliną podatną na mątwika burakowego, dlatego stanowi dobry model do badania interakcji roślina-nicień. Przeprowadzone doświadczenia obejmowały analizę ekspresji genów *AtPP2A3-like* i *AtPP2A8-like* w syncytiach we wczesnym oraz późnym stadium infestacji, określenie stopnia podatności na mątwika burakowego roślin o zmienionej ekspresji badanych genów oraz określenie zmian w poziomie akumulacji ich transkryptów pod wpływem wybranych fitohormonów. Uzyskane wyniki wskazują, że geny *AtPP2A3-like* oraz *AtPP2A8-like* uczestniczą w odpowiedzi rośliny na atak mątwika burakowego, a w ich regulację mogą być zaangażowane fitohormony.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2015/17/B/NZ9/01767)

Wykorzystanie markerów SNP w badaniach asocjacyjnych u łubinu wąskolistnego (*L. angustifolius* L.)

Bartosz Kozak¹, Renata Galek¹, Dariusz Zalewski¹, Stanisław Stawiński²

¹Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, plac Grunwaldzki 24a, 50-363 Wrocław

²HR Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR – Oddział Przebędowo, Przebędowo 1, 62-095 Przebędowo

e-mail: bartosz.kozak@upwr.edu.pl

Łubin wąskolistny jest perspektywiczną rośliną strączkową, która w przyszłości może odegrać znaczącą rolę w zapewnieniu bezpieczeństwa białkowego w Polsce i Europie. Ogromny postęp w rozwoju metod genotypowania w ostatnich latach, stwarza nowe możliwości przed hodowlą roślin. Dziś możliwe jest genotypowanie na poziomie całego genomu i zestawienia informacji genetycznej z fenotypową, w celu znalezienia wariantów allelicznych związanych z analizowaną cechą fenotypową. Celem prezentowanych badań była analiza asocjacyjna szesnastu cech fenotypowych (cechy morfologiczne, jakościowe oraz struktury plonu) w oparciu o genotypowanie zestawem markerów SNP kolekcji 45 genotypów łubinu wąskolistnego (odmiany, linie hodowlane). Wyniki uzyskane w genotypowaniu kolekcji wykorzystano ponadto do analizy zróżnicowania kolekcji badanej kolekcji, a także do oceny odziedziczalności 16 cech fenotypowych.

Analizowane obiekty zostały zgenotypowane metodą GBS (Genotyping by Sequencing) przy wykorzystaniu zestawu 1000 markerów SNP. Wytypowane markery pochodziły z dwóch map genetycznych łubinu wąskolistnego ExL oraz DxW. W wyniku genotypowania otrzymano warianty alleliczne 603 polimorficznych loci SNP dla wszystkich badanych genotypów. Wyniki te zostały wykorzystane w analizach zróżnicowania genetycznego oraz analizach asocjacyjnych (GWAS). Otrzymane markery wykorzystano również do obliczenia odziedziczalności analizowanych cech fenotypowych. Z analizowanych cech najwyższą odziedziczalnością charakteryzowała się cecha „zawartość alkaloidów” – 96,2%, a najniższą „liczba zawiązanych strąków na pędach bocznych” – 1,2%. W analizach zróżnicowania genetycznego w pierwszym kroku obliczono dystans genetyczny w oparciu o wyniki genotypowania za pomocą dwóch algorytmów: Nei 78 oraz Roger 72. Na podstawie macierzy dystansów skonstruowano drzewo dystansu genetycznego przy wykorzystaniu metody UPGMA, w wyniku przyporządkowano analizowane genotypy do 4 głównych klastrow. Z kolei po wykonaniu PCA uzyskano podział materiału na 4 główne grupy, ale nie był on tożsamy z wynikami bazującymi na analizie dystansu. Mapowanie asocjacyjne dla 16 badanych cech pozwoliło na wyznaczenie markerów silnie sprzężonych z fenotypem jedynie dla cechy – „zawartość alkaloidów”. Dla tej cechy udało się wyznaczyć 10 markerów (LOD > 3) zlokalizowanych w 4 różnych chromosomach. Ostatnim krokiem była analiza bioinformatyczna genów znajdujących się w pobliżu tych markerów.

Genome-wide screening and characterization of long non-coding RNAs in purple willows (*Salix purpurea* L.)

Andrea Pagano, Carolina Gomes, Jorge A. P. Paiva

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: jpai@igr.poznan.pl

The non-protein coding portion of plant transcriptomes constitutes an evolving field of study within our understanding of plant biology. Long non-coding RNAs (lncRNAs) are broadly defined as non-coding RNA molecules longer than 200 nucleotides. They regulate gene expression by recruiting specific factors or promoting chromatin relaxation at the promoters of their target genes, acting as scaffolds for the assembly of protein complexes or interacting with miRNAs. They can act ‘*in cis*’, on the expression of genes located in proximate chromosomal locations, or ‘*in trans*’, far from the locus from which they are transcribed. lncRNAs appear to be involved in the regulation of a variety of processes, including plant development and reproduction, wood formation, nutrient uptake and stress response. Despite the evidence of the involvement of lncRNAs in these dynamics, a comprehensive understanding of their role in is currently lacking for most woody species, including willows.

The present work has been carried out in the frame of the SONATA Bis PurpleWalls project (<https://sites.google.com/site/purplewallspublico/>) that focuses on the role of DNA methylation underlying phenotype determination and adaptation mechanisms in the model willow *Salix purpurea*. In this work, 48 transcriptomic libraries generated from *S. purpurea* roots, stems, bark and xylem were screened to highlight the genes and the lncRNAs differentially expressed among these tissues. A total of 5,157 lncRNAs were identified in the analyzed transcriptomes. The first analysis revealed 1,440 lncRNAs differentially expressed among these tissues, with 1,248 lncRNAs expressed in xylem. Correlation analyses between lncRNAs and mRNAs revealed 810 ‘*in cis*’ and 50,272 ‘*in trans*’ co-expressed pairs. Preliminary analyses of KEGG pathways and Gene Ontology have been performed suggesting that mineral homeostasis and transcriptional regulation are among the most enriched functions. Given the relevance of *Salix* spp. as biomass sources for energy and pharmaceutical compounds, the research are being focused on wood and bark tissues. The first results on the role of these putative lncRNA in these tissues will be presented and discussed.

The research was supported by National Science Centre, SONATA BIS 5 (UMO-2015/18/E/NZ2/00694)

Asocjacje genomowe zmian parametrów testu OJIP związanych z reakcją na suszę glebową u jęczmienia, czyli zmiany parametrów fluorescencji chlorofilu w czasie suszy nie wiążą się ze zmianami aktywności fotosyntetycznej

Marcin Rapacz¹, Magdalena Wójcik-Jagła¹, Anna Fiust¹, Hazem M. Kalaji², Janusz Kościelniak¹

¹*Katedra Fizjologii, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Rolniczy, ul. Podłużna 3, 30-239 Kraków*

²*Katedra Fizjologii Roślin, Wydział Rolnictwa i Biologii, SGGW, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa*

e-mail: marcin.rapacz@ur.krakow.pl

W warunkach suszy glebowej oraz w warunkach kontrolnych fenotypowano sto dziewięć linii jęczmienia jarego. Zmierzono parametry indukcji fluorescencyjnej chlorofilu (OJIP), zawartość wody w liściach, względną turgorescencję, intensywność asymilacji netto (PN) oraz efektywność wykorzystania wody (WUE). Wszystkie badane linie były genotypowane za pomocą technologii sekwencjonowania DArT (DArTseq). Do mapowania asocjacyjnego wykorzystano 11 780 polimorficznych markerów DArTseq i 4 725 DArTseq SNP. Wyniki ujawniły odmienne wzorce zależności między parametrami OJIP w warunkach kontrolnych i w czasie suszy. Wysoki poziom korelacji pomiędzy parametrami charakteryzującymi efektywność energetyczną pułapowania energii świetlnej w fotosystemie II (PSII) (Fv/Fm) a zdarzeniami fotochemicznymi zachodzącymi za centrum reakcji PSII (np. Performance Index-PICSo) zaobserwowano tylko w przypadku roślin poddanych działaniu suszy.

Parametry OJIP były z kolei skorelowane z zawartością wody w liściach, przy czym zależność ta była słabsza w kontroli. Korelacja parametrów OJIP z WUE była już słabsza, a w przypadku PN była ona już statystycznie nieistotna. W warunkach stresu suszy stwierdzono 6,252 asocjacje genotyp × fenotyp, pomiędzy badanymi 23 cechami fenotypowymi (w tym 19 parametrów OJIP) a 2,721 markerami. Z drugiej strony tylko 282 asocjacje przeszły weryfikację statystyczną w kontroli. Dotyczyły one 22 parametrów fenotypowych i 205 markerów.

Badania adnotacji genowych sekwencji wykonano dla: 1) markerów związanych z Fv/Fm zarówno dla suszy jak i kontroli; 2) markerów, które były związane z badanymi cechami zarówno w kontroli jak i w suszy, a także 3) dla markerów związanych zarówno z parametrami OJIP jak i innymi parametrami fizjologicznymi w warunkach suszy.

Wyniki wskazały na to, że susza różnicuje badane linie poprzez ujawnienie zależności między zawartością wody a uszkodzeniami centrów reakcji PSII lub różnych składników łańcucha przesyłu energii PSII. Ponadto parametry fluorescencji chlorofilu nie były związane z obserwowanymi różnicami w intensywności fotosyntezy netto.

Analiza genetyczna zaburzeń tworzenia nalotu woskowego żyta

Natalia Lenarczyk¹, Magdalena Góralska¹, Anna Bienias, ¹Kamila Kapłoniak², Ilona Czyczyło-Mysza², Agnieszka Grądzielewska³, Beata Myśków¹

¹Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Słowackiego 17, 71-434 Szczecin

²Instytut Fizjologii Roślin PAN Kraków, ul. Niezapominajek 21, 30-239 Kraków

³Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

e-mail: bmyskow@zut.edu.pl

Jedną z charakterystycznych cech żyta (*Secale cereale* L.) jest niebieskawa barwa roślin pochodząca od epikutikularnego nalotu woskowego, który może częściowo warunkować odporność roślin na niekorzystne warunki klimatyczne oraz stresy biotyczne. Woski są złożonymi mieszaninami pochodnych długołańcuchowych kwasów tłuszczowych, nasyconych alkoholi, aldehydów, ketonów, kwasów tłuszczowych, estrów i alkanów, zatem kontrola genetyczna ich tworzenia jest zależna od wielu genów.

Celem prac było poznanie genetycznego podłoża tworzenia okrywy woskowej żyta zwyczajnego w odniesieniu do trzech niezidentyfikowanych genów, których mutacje powodują zaburzenia w formowaniu typowego nalotu, określanego w skrócie jako inhibitory wosku. Ustalono lokalizację chromosomową trzech różnych inhibitorów wosku na trzech mapach genetycznych, skonstruowanych z użyciem markerów DArTseq, RAPD i SCAR. Mutacje zaburzające tworzenie wosku zostały zlokalizowane na chromosomie 2R (populacja BK2) i na 7R (populacje BM2 i BSR).

Na potrzeby analizy porównawczej transkryptomów linii wsobnych typowych i z mutacjami zaburzającymi tworzenie nalotu woskowego i identyfikacji transkryptów związanych z tworzeniem wosku i gospodarką lipidową wykonano sekwencjonowanie RNA czterech par NIL (Hi-Seq2000, Illumina) oraz analizę anotacji funkcjonalnych. Pula sekwencji referencyjnych liczyła 218 935 kontigów o całkowitej długości ok. 183 mln nt. Wśród transkryptów, które wykazywały istotne różnice w poziomie ekspresji między parami NIL (*differentially expressed genes*, DEG), wytypowano kilkanaście związanych z tworzeniem się wosku oraz kilkadziesiąt związanych z kwasami tłuszczowymi i lipidami. Zmierzając do lokalizacji DEG na mapach genetycznych żyta dokonano identyfikacji polimorfizmu wewnątrz sekwencji wybranych transkryptów. Zaprojektowano i przetestowano łącznie 406 par starterów, z czego 69 i 55 par wykazywało polimorfizm między liniami rodzicielskimi populacji BSR i BM2 a 31 i 22 pary starterów - w całych populacjach.

Ponadto dokonano oceny związku między obecnością typowej/nietypowej okrywy woskowej a cechami takimi jak: wysokość roślin, liczba pędów, długość kłosa, liczba kłosek, liczba i masa ziaren. Materiał badawczy stanowiły populacje żyta zwyczajnego; analizowano po około 250 roślin pokolenia F₂ ośmiu mieszańców międzyliniowych. W większości przypadków nie stwierdzono istotnych zależności między obecnością nalotu woskowego a badanymi cechami morfologicznymi.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: UMO-2015/17/B/NZ9/01694)

Jęczmienny mikroRNA172b-5p jest zaangażowany w regulację poziomu kinazy SnRK2 podczas stresu niedoboru wody

Aleksandra Świda-Barteczka¹, Andrzej Pacak¹, Katarzyna Kruszka¹, Agnieszka Ludwików², Wojciech Karłowski³, Artur Jarmołowski¹, Zofia Szwejkowska-Kulińska¹

¹Zakład Ekspresji Genów, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Zakład Biotechnologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

³Zakład Biologii Obliczeniowej, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: swidbar@amu.edu.pl

MikroRNA (miRNA) to krótkie, 19-24 nukleotydowe cząsteczki RNA regulujące ekspresję genów na poziomie potranskrypcyjnym. Regulacja ta zachodzi poprzez indukowanie cięcia lub zahamowanie translacji docelowych mRNA. Ekspresja jęczmiennych, konserwatywnych miRNA w stresie niedoboru wody i po ponownym podlaniu została określona metodą sekwencjonowania (ang. Next Generation Sequencing, NGS). Docelowe mRNA dla scharakteryzowanych miRNA zidentyfikowano analizując degradomowy RNA techniką PARE (ang. Parallel Analysis of RNA Ends). Jednym ze zidentyfikowanych, docelowych mRNA jest mRNA kinazy SnRK2, rozpoznawany przez miRNA172b-5p. Sekwencja docelowa, rozpoznawana przez miRNA172b-5p znajduje się w 3'UTR i jest specyficzna gatunkowo. Aktywność SnRK2 jest indukowana stresami abiotycznymi i jest ABA-zależna. Z kolei ekspresja miRNA172b-5p ulega obniżeniu w stresie niedoboru wody i powraca do normalnego poziomu po nawodnieniu rośliny. Analiza sekwencji prekursora miRNA172b-5p (pri-miRNA172b) wykazała, że z komplementarnego ramienia spinki pri-miRNA (pre-miRNA) powstaje druga, funkcjonalna cząsteczka miRNA-miRNA172b-3p. Kierunki zmian ekspresji miRNA172b-5p i miRNA172b-3p wywołane suszą są różne, co sugeruje potranskrypcyjną regulację dojrzewania obu cząsteczek. Podsumowując, poznaliśmy ekspresję konserwatywnych miRNA jęczmienia w stresie niedoboru wody i po ponownym podlaniu. Dane te wskazują, że częścią odpowiedzi roślin na stres niedoboru wody jest potranskrypcyjna regulacja dojrzewania miRNA. Wykazaliśmy, że ekspresja SnRK2 jest regulowana przez miRNA172b-5p.

Badania zostały sfinansowane z następujących źródeł: POLAPGEN-BD UDA.POIG.01.03.01-00- 101/08, subject 20: "The role of micro RNA in regulation of mechanisms leading to drought adaptation in plants", Innovative Economy Programme 2007-2013, subject „Biological progress in agriculture and environment protection”; grant statutowy Zakładu Ekspresji Genów, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (S/P-B/020) przyznany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego; KNOW – Krajowy Naukowy Ośrodek Wiedzący, Poznańskie Konsorcjum RNA finansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego; grant 2016/23/BIN29/00862 przyznany przez Narodowe Centrum Nauki, NCN.

Enzymy systemu antyoksydacyjnego jako markery mrozoodporności traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*

Adam Augustyniak¹, Izabela Pawłowicz¹, Dawid Perlikowski¹, Katarzyna Masajada¹, Karolina Izbiańska-Jankowska², Magdalena Arasimowicz-Jelonek², Arkadiusz Kosmala¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: aaug@igr.poznan.pl

Reaktywne formy tlenu (RFT), jako ważny produkt metabolizmu tlenowego, pełnią z jednej strony rolę cząsteczek sygnałowych, z drugiej mogą wpływać negatywnie na funkcjonowanie poszczególnych organelli komórkowych, powodując peroksydację białek, lipidów i kwasów nukleinowych. Ścisła regulacja poziomu RFT w komórkach, w zależności od warunków środowiska, etapu rozwoju, organu, tkanki i typu komórek, jest zatem kluczowa dla prawidłowego rozwoju roślin i ich reakcji na czynniki środowiskowe.

Podczas zimy, rośliny narażone są na działanie licznych czynników stresowych (m. in. stres niskiej temperatury, stres świetlny oraz stres biotyczny, w tym patogeny, będące przyczyną pleśni śniegowej) wpływających na ich metabolizm. Formy introgresywne *Lolium/Festuca*, mogą być doskonałym i unikatowym materiałem roślinnym do prowadzenia badań nad fizjologiczno-molekularnymi mechanizmami odporności roślin na stresy środowiskowe, w tym na stresy zimowe. Materiałem roślinnym wykorzystanym w prowadzonych badaniach były tetraploidalne formy introgresywne życicy wielokwiatowej (*L. multiflorum*) i kostrzewy trzcinowej (*F. arundinacea*), różniące się potencjałem mrozoodporności. Analizowano poziom RFT, aktywność wybranych enzymów systemu antyoksydacyjnego, ekspresję genów, kodujących te enzymy oraz poziom ich akumulacji w wybranych punktach czasowych hartowania na mróz oraz w warunkach kontrolnych. Wykazano, że badane formy introgresywne różniły się reakcją systemu antyoksydacyjnego na hartowanie w niskiej temperaturze. Różnice te były związane zarówno z poziomem RFT, jak i z poziomem integralności błon biologicznych w komórkach. Aktywność systemu antyoksydacyjnego może być więc ważnym wskaźnikiem poziomu mrozoodporności badanych mieszańców traw pastewnych kompleksu *Lolium-Festuca*.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2017/25/N/NZ9/00001)

Ocena tolerancji stresu suszy dwóch typów sadzonek - otrzymanych w kulturach *in vitro* i z rizomów, wybranych genotypów traw z rodzaju *Miscanthus*

Joanna Cerazy-Waliszewska, Stanisław Jeżowski, Karolina Sobańska, Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina, Tomasz Pniewski

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: tpni@igr.poznan.pl

Trawy wieloletnie z rodzaju *Miscanthus* zostały sprowadzone do Europy na początku XX wieku z Azji Wschodniej, początkowo jako rośliny ozdobne. Jednakże pod koniec ubiegłego wieku rozpoczęto badania nad wykorzystaniem ich biomasy lignino-celulozowej jako surowca energetycznego, gł. do produkcji peletu i biopaliw oraz do otrzymywania różnych bioproduktów. Miskant doskonale rośnie na glebach lekkich i marginalnych, często zdegradowanych w wyniku działalności przemysłowej. Wciąż jednak istotnym problemem pozostaje jego wrażliwość na stresy abiotyczne, głównie długotrwałą suszę i niskie temperatury. Szczególnie wrażliwe są sadzonki i młode pędy rozwijające się w okresie wiosennych wschodów.

Celem badań było porównanie tolerancji stresu suszy dwóch typów sadzonek – otrzymanych w kulturach *in vitro* wg nowo opracowanej metody oraz tradycyjnie z rizomów, wybranych genotypów *M. × giganteus*, *M. sinensis* i *M. sacchariflorus*.

Reakcję roślin za stres suszy określano poprzez obserwacje morfologii i pomiary parametrów wybranych procesów fizjologicznych: fluorescencji chlorofilu i wymiany gazowej fotosyntezy, uwodnienia tkanek (RWC) i integralności błon komórkowych mierzonej za pomocą wycieku elektrolitów (EL).

Analiza zmian w fizjologii roślin wykazała różnice w tolerancji suszy głównie pomiędzy genotypami miskanta. Spośród sadzonek *in vitro* największą wrażliwością na stres, głównie wyrażoną jako spadek fluorescencji chlorofilu, charakteryzowały się genotypy *M. × giganteus* (zwłaszcza Mxg4), a najniższą genotypy *M. sinensis* (szczególnie Ms16). Odwrotny efekt zaobserwowano natomiast w przypadku sadzonek rizomowych. Jednakże poza wymienionymi, nie stwierdzono znaczących różnic pomiędzy typami sadzonek pod względem większości badanych parametrów fizjologicznych. Wynik ten, w połączeniu z wysoką wydajnością propagacji miskanta w kulturach *in vitro*, potwierdza znaczny potencjał sadzonek *in vitro* jako materiału wyjściowego dla upraw miskanta.

Uzyskane wyniki pozwoliły również stwierdzić, że RWC i EL są najbardziej odpowiednimi markerami fizjologicznymi, umożliwiającymi skuteczną selekcję genotypów miskanta w odpowiedzi na deficyt wody.

Różnorodność, diagnostyka, zwalczanie i monitoring zanieczyszczeń oraz patogenów grzybowych w ekologicznej uprawie owoców miękkich

Magdalena Frąc

*Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4,
20-290 Lublin*

e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl

Ekologiczna produkcja owoców miękkich należy do jednych z najbardziej wymagających systemów uprawy, ze względu na ogromną różnorodność zagrożeń ze strony zanieczyszczeń mikrobiologicznych i roślinnych patogenów grzybowych. Sektor owoców miękkich, a zwłaszcza produkcja truskawek, pełni bardzo ważną rolę w produkcji rolniczej i ogrodniczej wielu krajów. Dlatego też monitorowanie i eliminacja zanieczyszczeń mikrobiologicznych oraz fitopatogenów grzybowych, w tym mikroorganizmów pochodzenia glebowego, są niezmiernie ważne dla utrzymania dobrej jakości żywności oraz wysokiej wartości technologicznej i przemysłowej owoców.

Jakość mikrobiologiczna owoców łatwo może przyczynić się do niekorzystnego wpływu na zdrowie ludzi i zwierząt, dlatego uważana jest za jeden z ważniejszych wskaźników ogólnej jakości surowców przeznaczonych do przetwórstwa. Zgodnie z najnowszymi trendami polityki jakości żywności w Polsce i Europie wymagania ciągłego monitorowania zmian mikrobiologicznych surowców rolniczych stanowią ważny aspekt zapobiegania zagrożeniom zdrowia oraz obniżania strat ekonomicznych. Jednym z ważnych czynników biologicznych, powodujących straty ekonomiczne są grzyby termooporne, które są w stanie przetrwać proces pasteryzacji przemysłowej, powodując psucie produktów owocowych przetwarzanych termicznie. Dlatego też jedynym sposobem skutecznej eliminacji tych zanieczyszczeń jest odpowiednie selekcjonowanie owoców. Tradycyjne metody wykrywania grzybów termoopornych, ze względu na długotrwałe procedury badawcze nie znajdują zastosowania w praktyce, dlatego też ważnym narzędziem diagnostycznym są w tym przypadku metody biologii molekularnej, które umożliwiają szybką detekcję grzybów.

Coraz częściej na plantacje produkcyjne owoców miękkich sprowadzane są nowe odmiany roślin, pochodzące z różnych krajów, od których zdrowotności zależy powodzenie danej uprawy. W dobie dużego zagrożenia upraw przez rodzime oraz nowe gatunki patogenów roślinnych, bardzo ważne jest poznanie bioróżnorodności grzybów i innych mikroorganizmów występujących w glebie, materiale roślinnym i owocach. Zdrowe ekosystemy są niezbędne w celu zwiększenia odporności i zrównoważonej produkcji rolnej, co wymaga opracowania zasad monitoringu środowiska na podstawie wskaźników biologicznych, obejmujących różnorodność mikrobiologiczną. Rozwój wielu technik „omicznych” zwiększył dostęp do poznania mikrobiomu roślin, co doprowadziło do identyfikacji jego powiązań z chorobami i ich kontroli. Zdrowe rośliny są związane ze swoimi mikroorganizmami dzięki współpracy metabolicznej i wymianie molekuł sygnałnych, a chore charakteryzują się zaburzeniami w pracy mikrobiomu. Podejście oparte na interakcjach roślin i mikroorganizmów może być również wykorzystane w celu poprawy tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne, gdyż mikroorganizmy symbiotyczne są często zdolne do nadawania tolerancji na stres szerokiej gamie różnych gospodarzy roślinnych.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: DEC-2012/07/D/NZ9/03357) oraz Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG (numer umowy: BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018)

System informacji o różnorodności biologicznej GBIF jako narzędzie w badaniach roślin uprawnych i ich patogenów

Piotr Tykarski¹, Julia Pawłowska¹, Małgorzata Jędryczka²

¹Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, ul. Żwirki i Wigury 101, 02-089 Warszawa

²Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
email: ptyk@biol.uw.edu.pl

Global Biodiversity Information Facility (GBIF) oferuje dostęp do największego naukowego zasobu danych biologicznych, wykorzystującego obecnie głównie zbiory okazów i dane obserwacyjne. Liczba wpisów (triada takson-miejsce-czas) w tym systemie wynosi obecnie ponad 1350 mln, udostępnionych przez ponad 1,5 tys. uczestników w ponad 47 tys. bazach danych. Sieć jako organizacja zapewnia ich koordynację i dostarcza standardów oraz technologii wymiany danych. Wszystkie dane dostępne są bezpłatnie poprzez Portal www.gbif.org. Pomimo szybkiego przyrostu zasobów GBIF na wielu obszarach i dla większości gatunków dane te są wciąż dalekie od reprezentatywności. Dotyczy to między innymi głównych roślin uprawnych, dla których dane w GBIF wydają się dobrze odzwierciedlać stan rzeczywisty tylko na poziomie globalnym. Według danych GUS z roku 2018 uprawy pszenicy w Polsce zajmowały powierzchnię 2,4 mln ha, a w GBIF są reprezentowane przez zaledwie 7 tys. zgłoszeń, z czego zaledwie 400 posiada dane lokalizacji, głównie z południowo-wschodniej części kraju. Jeszcze mniej reprezentatywnie ewidencjonowane są patogeny roślin. Dla przykładu głównia kukurydzy *Ustilago maydis* (D.C.) Corda występuje w Polsce na 1-3% upraw, natomiast w GBIF brak jakichkolwiek informacji na ten temat. Dane o roślinach łąk i pastwisk są znacznie lepiej reprezentowane, np. dla trawy *Festuca pratensis* L. dostępnych jest 3511 wpisów z terenu Polski. Co ciekawe, dane te w większości pochodzą od amatorów, których obserwacje trafiają do GBIF poprzez system społecznościowy iNaturalist. Okazuje się więc, że znaczna część danych w GBIF o rozmieszczeniu gatunków roślin w Polsce dostarczana jest przez środowiska amatorskie. Tymczasem w zasobach krajowych ośrodków naukowych istnieją bogate zbiory danych, gromadzone przez profesjonalistów, często w ramach instytucjonalnych systemów i programów naukowych. GBIF dostarcza sprawdzonych narzędzi i technologii wymiany danych, dzięki którym integracja informacji rozproszonej w poszczególnych źródłach i instytucjach staje się kwestią bardziej organizacyjną niż techniczną. Współpraca z GBIF w Polsce koordynowana jest przez Krajową Sieć Informacji o Bioróżnorodności (www.ksib.pl). Wprowadzenie reprezentatywnych informacji do bazy GBIF umożliwi szeroki dostęp społeczności naukowej (krajowej i międzynarodowej) do tych danych i stworzy szanse do nawiązania współpracy w zakresie prac naukowo-badawczych. Udział amatorów-pasjonatów może z kolei poszerzyć wiedzę naukowców co do zasięgu występowania określonych roślin i ich patogenów i umożliwi wychwycenie form występujących rzadko lub w nieoczekiwanych lokalizacjach. Problemem współczesnego rolnictwa w zakresie fitopatogenów jest ich dostosowanie do nowych roślin gospodarzy (ang. *host jumps*); większa liczba obserwatorów i badania z wykorzystaniem potencjału tkwiącego w społeczeństwie (ang. *crowdsourcing*) daje szansę na szybsze wykrywanie takich zjawisk.

Na co rolnikowi miedza? O wartości przyrodniczej gospodarstw

Stanisław Świtek, Zuzanna Sawinska

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

e-mail: stanislaw.switek@up.poznan.pl

Rolnictwo spośród wszystkich typów użytkowania gruntów najsilniej oddziałuje na środowisko przyrodnicze. W skutek postępującej intensyfikacji produkcji uproszczeniu ulega krajobraz, tracone są naturalne siedliska, zmniejsza się liczba gatunków roślin i zwierząt obecnych w krajobrazie wiejskim. Zachodzące zmiany mają swoją cenę. Skutki zaburzenia homeostazy środowiska obserwowane są bezpośrednio w produkcji polowej. Pojawiają się nowe agrofagi lub intensyfikuje się oddziaływanie już tych znanych.

Na tle pozostałych krajów Europy rolnictwo w Polsce uważane jest jednak wciąż, jako to o najwyższym poziomie bioróżnorodności. Między innymi ochronie tych zasobów miała służyć reforma wspólnej polityki rolnej UE. W 2014 roku rolnicy w Polsce i całej wspólnocie zostali objęci dopłatami do tzw. Zazielenienia. Producent chcąc otrzymać dopłaty zobowiązany jest utrzymać obszary proekologiczne na powierzchni odpowiadającej przynajmniej 5% gruntów ornym. Zaliczane są do nich istniejące elementy krajobrazu takie jak drzewa, miedze, oczka wodne, ale również działania takie jak siew międzyplonów czy ugorowanie gruntów. W ramach dopłat coraz silniej wspierane są pozaprodukcyjne funkcje rolnictwa do których należy ochrona i kształtowanie środowiska, walka ze zmianami klimatu, dostarczanie wartości estetycznych i kulturowych mieszkańcom wsi. Dotychczasowo jednak wiele programów, które były realizowane nie przyniosło zakładanych skutków. Za powód tego uznaje się często nie uwzględnienie doświadczenia i wiedzy producentów rolnych, od których zależy w końcu sukces każdego przedsięwzięcia.

Ochrona środowiska przyrodniczego, zwiększenie poziomu bioróżnorodności w ramach celowej działalności rolnika, może przynieść wymierne korzyści rolnikom dzięki intensyfikacji usług ekosystemowych. Zazielenienie może się do tego przyczynić.

Wpływ warunków troficznych na procesy wzrostowe i metaboliczne wybranych gatunków zielenic

Agata Piasecka, Izabela Krzezińska

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

e-mail: a.palcowska@ipan.lublin.pl

Zielenice stanowią bardzo zróżnicowaną gromadę glonów a ich biomasa komórkowa jest obecnie jednym z najbardziej obiecujących substratów wykorzystywanych do pozyskiwania bioproduktów, będących pierwotnymi lub wtórnymi metabolitami komórkowymi o szerokim spektrum zastosowań. Zielenice charakteryzują się zdolnościami adaptacyjnymi do zmian zachodzących w środowisku i plastycznością metabolizmu komórkowego, co pozwala na modyfikację procesów wzrostowych i składu biochemicznego komórek. Regulacja metabolizmu zielenic jest możliwa m. in. dzięki modyfikacji składu pożywki hodowlanej i zmianie warunków troficznych. Duże możliwości pozyskiwania metabolitów wykazują miksotroficzne hodowle zielenic, zwłaszcza w przypadku zastosowania jako źródło biogenów ubocznego lub odpadowego produktu przemysłowego np. pochodzenia rolniczego.

Główny celem eksperymentu była analiza możliwości wykorzystania melasy buraczanej w hodowlach fotoheterotroficznych i miksotroficznych glonów jednokomórkowych *Parachlorella kessleri*, *Tetrademus obliquus* i *Chlorella sorokiniana* oraz scharakteryzowanie przebiegu procesów wzrostowych i podstawowych procesów metabolicznych zachodzących w komórkach zielenic w wyniku suplementacji melasą buraczaną.

W celu określenia wpływu warunków troficznych na przebieg procesów wzrostowych i metabolicznych glonów *P. kessleri*, *T. obliquus* i *C. sorokiniana* wykonano pomiary stężenia biomasy komórkowej i wyznaczono krzywe wzrostu w warunkach kontrolnych (autotroficznych) i doświadczalnych (fotoheterotroficznych i miksotroficznych) oraz określono podstawowe parametry wzrostu. Określono również wpływ analizowanych warunków na zawartość lipidów, białek i węglowodanów oraz na zmiany w profilu kwasów tłuszczowych ze szczególnym uwzględnieniem kwasów tłuszczowych C16-C18.

Z badań wynika, melasa buraczana wykorzystywana jest przez analizowane zielenice w fotoheterotroficznych i miksotroficznych warunkach wzrostu, wpływając na przebieg ich krzywych wzrostu i długość poszczególnych faz wzrostu. Zastosowane fotoheterotroficzne i miksotroficzne warunki były optymalne dla wzrostu i rozwoju komórek glonów. Analizy wykazały, że biomasa komórkowa charakteryzowała się wysoką zawartością białka oraz niską zawartością lipidów. W profilu kwasów tłuszczowych komórek glonów wzrastających w warunkach fotoheterotroficznych i miksotroficznych dominowały kwasy C16-C18.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2017/25/N/NZ9/01785)

Bioinformatyka i genomika ewolucyjna w badaniach metabolizmu wtórnego

Grzegorz Koczyk

*Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: gkoc@igr.poznan.pl*

Kluczową rolę w interakcjach roślin, ich patogenów oraz otaczającego środowiska odgrywają metabolity wtórne. W warunkach polowych, biosynteza i aktywność tych niezwykle różnorodnych związków organicznych, pozwala organizmom przetrwać liczne stresy biotyczne i abiotyczne. Mimo szybkiego przyrostu danych "omicznych" i charakterystyki wielu modelowych producentów różnorodnych bioaktywnych substancji, w wielu przypadkach mechanizmy regulacyjne oraz genetyczne źródła różnorodności jakościowej i ilościowej metabolitów są wciąż niewystarczająco zbadane.

Kluczową rolę w wykorzystaniu coraz liczniejszych danych genomowych, odgrywa zrozumienie funkcji genów w kontekście ich pochodzenia. Wykorzystanie metod bioinformatycznych i filogenetycznych, ułatwia analizę informacji funkcjonalnych w formie "map drogowych" – zasobów łączących wiedzę o funkcji/ekspresji genów z informacją o ich pochodzeniu (wskutek dziedziczenia wertykalnego, horyzontalnego transferu lub powielenia informacji genetycznej). Szerokie analizy ewolucyjne zmierzają do scharakteryzowania ewolucji rodzin genowych w kontekście wielu genomów, jak również warunkują powodzenie badań translacyjnych potwierdzających rolę genów pierwotnie zidentyfikowanych w zasobach referencyjnych. Identyfikacja kluczowych dla biosyntezy czynników regulacyjnych, enzymów oraz mechanizmów ich współdziałania pozwala na użycie, powstających na podstawie danych "omicznych", wdrożeń (np. biomarkerów), również na potrzeby hodowli lub ochrony roślin. Na wybranych przykładach biosyntezy toksycznych metabolitów (m. in. grzybowych laktonów benzenodiolowych), omówiono rolę bioinformatyki ewolucyjnej w interpretacji dostępnych zasobów genomowych oraz nowych danych w badaniach podstawowych i stosowanych.

Badania częściowo finansowane z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/21/B/NZ9/01875)

Identyfikacja genów kandydujących na cechy udomowienia łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) metodą mapowania ekspresyjnych cech ilościowych

Michał Książkiewicz, Piotr Plewiński, Sandra Rychel, Elżbieta Rudy, Paweł Krajewski, Bogdan Wolko

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479, Poznań

e-mail: mksi@igr.poznan.pl

Łubin wąskolistny (*Lupinus angustifolius* L.) jest gatunkiem uprawnym z rodziny bobowatych, cenionym ze względu na wysoką zawartość białka o korzystnym składzie aminokwasowym. Ponadto, łubiny są preferowane w rotacyjnych systemach uprawy roli, bowiem przyczyniają się do poprawy struktury gleby a także jej wzbogacenia w związki azotowe w procesie symbiozy diazotroficzej. W toku udomowienia łubinu wąskolistnego zidentyfikowano allele warunkujące cechy o korzystnym znaczeniu rolniczym. Są to m.in. takie cechy jak niska zawartość alkaloidów (locus *iucundus*), wczesność kwitnienia wynikająca z obniżonych wymagań wernalizacyjnych (*Ku/Julius*), zredukowane pękanie strąków (*lentus* and *tardus*) i przepuszczalność okrywy nasiennej umożliwiająca równomierne kiełkowanie nasion (*mollis*). Cechy te segregują w populacji mapującej i zostały naniesione na mapę genetyczną.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja genów, których ekspresja jest regulowana przez czynniki zlokalizowane w obrębie loci wspomnianych cech użytkowych. Wykonano profilowanie RNA linii wsobnych populacji mapującej w fazie juwenilnej i generatywnej metodą wysokoprzepustowego sekwencjonowania końców 3' cDNA (ang. *massive analysis of cDNA ends*, MACE). Uzyskano 4185 markerów polimorfizmu pojedynczego nukleotydu reprezentujących 3536 genów i 645 nieadnotowanych loci. Do mapowania użyto także 10 nowo opracowanych markerów na końce klonów BAC, 7 loci cech użytkowych i 8 sprzężonych z nimi markerów selekcyjnych, a także 109 markerów klonów BAC pochodzących z prac ukierunkowanych na integrację mapy chromosomowej z grupami sprzężeń. W 20 grupach sprzężeń mapy genetycznej zmapowano łącznie 4293 markery (od 144 do 304 markerów na grupę), rozmieszczone w 1735 loci. Łączna długość mapy wyniosła 2163.63 cM. Zwiększono stopień integralności sekwencji genomu przypisując za pomocą nowych markerów 209 dotychczas niezmapowanych skafoldów do pseudochromosomów, w regionach obejmujących także loci niektórych cech użytkowych.

Określono profil ekspresji dla 30595 genów, przy czym 23557 genów wykazało niezerowy poziom ekspresji w co najmniej 50% badanych linii wsobnych, z czego 15686 genów we wszystkich liniach. Mapowanie loci ekspresyjnych cech ilościowych (e-QTL) wykazało ko-segregację 61 loci e-QTL dla *iucundus*, 25 dla *Ku*, 9 dla *leucospermus*, 6 dla *lentus*, 2 dla *tardus* i 1 dla *mollis*. Adnotacja funkcjonalna sekwencji pozwoliła na zidentyfikowanie genów kandydujących dla każdej z badanych cech użytkowych oraz określenie szlaków metabolicznych uczestniczących w warunkowaniu poszczególnych wzorców fenotypowych.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (numer projektu: PBS3/A8/28/2015, SEGENMAS)

Odległość Mash oraz inne odległości jako narzędzie do analizy danych transkryptomicznych

Maria Nuc, Paweł Krajewski

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: mnuc@igr.poznan.pl

W czasach, gdy sekwencjonowanie staje się coraz bardziej wydajne i nieraz pojedyncze eksperymenty generują ogromne ilości danych, naukowcy potrzebują skutecznych metod matematycznych, które pozwolą w rozsądnym czasie wyłuskać z otrzymanych wyników najważniejsze informacje.

Kiedy mowa o porównywaniu danych, jednym z pierwszych pojęć, które przychodzą na myśl, jest odległość. Bardzo istotną kwestią w stosowaniu odległości jest zdefiniowanie jej tak, aby liczenie jej wartości pozwalało otrzymać informacje o interesujących nas cechach. Nie ma jednej funkcji dającej odpowiedzi na wszystkie nurtujące nas pytania.

W tej prezentacji przedstawimy parę przykładów odległości, które można zastosować w analizie danych transkryptomicznych uzyskanych przez sekwencjonowanie nowej generacji. Jedną z nich jest odległość Mash. Następnie wyjaśnimy działanie algorytmu liczącego odległość Mash. Pokażemy również wyniki analiz danych wygenerowanych sztucznie oraz danych uzyskanych eksperymentalnie.

Postęp biologiczny i aktualne metody wdrożone do polskiej i światowej hodowli roślin

Małgorzata Niewińska

Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o.

e-mail: malgorzta.niewinska@danko.pl

Postęp biologiczny to doskonalenie cech genetycznych organizmów żywych w kierunku podniesienia wydajności i jakości produkcji. W hodowli roślin efektem postępu biologicznego, osiąganego dzięki nowym metodom prac hodowlanych i nowym sposobom zmiany genotypu roślin są nowe, lepsze odmiany. Nowa odmiana musi charakteryzować się poprawionym i stabilnym plonem, wysoką wartością żywieniową, paszową, bądź technologiczną, a także zwiększoną odpornością na czynniki biotyczne i abiotyczne. Wprowadzanie i upowszechnianie postępu dzięki nowym odmianom odbywa się poprzez kwalifikowany materiał siewny. Według danych GUS, kwalifikowany materiał siewny w przypadku zbóż wysiewany jest w Polsce na areale 17% całkowitej powierzchni uprawy.

Proces tworzenia nowej odmiany jest kosztowy i długotrwały. Skrócenie cyklu hodowlanego pozwala znacząco obniżyć koszt wytwarzania nowych odmian. Metody wdrożone w hodowli roślin w polskich firmach, takie jak uzyskiwanie podwojonych haploidów w kulturach *in vitro*, metoda pojedynczych nasion SSD (ang. single seed descent) oraz korzystanie ze szkółek zimowych, pozwalają osiągnąć ten cel wcześniej o kilka lat.

Wdrażanie postępu biologicznego mierzonego wysokością plonu to również rozwój hodowli mieszańcowej, a więc wykorzystanie zjawiska heterozji, czyli bujności mieszańców pierwszego pokolenia.

Ważnymi elementami mającymi wpływ na wykorzystanie postępu biologicznego wnoszonego przez nowe odmiany są warunki środowiskowe w tym niekorzystne zmiany klimatu, technologia uprawy, dobór odmiany oraz wiedza agrotechniczna rolnika.

Wzrastające zainteresowanie produktami ekologicznymi czy odnawialnymi źródłami energii daje możliwość wykorzystania nowych odmian w tych kierunkach.

Dynamiczny rozwój biologii molekularnej umożliwia stosowanie w praktyce precyzyjnych systemów markerów molekularnych głównie w hodowli odpornościowej. Obecnie firmy hodowlane o światowym zasięgu w coraz większym stopniu skupiają się na selekcji przy użyciu technik molekularnych, a w szczególności selekcji genomowej. To nowoczesne podejście w hodowli polega na opracowaniu modelu przewidywania wartości hodowlanej na podstawie informacji o markerach rozproszonych w całym genomie.

Nieustanna konkurencja na rynku polskim i europejskim wymaga szybkiego dostarczania nowych produktów o odpowiednich parametrach. Niezbędne jest korzystanie z nowoczesnych metod, technologii i inwestowania w badania, aby zapewnić szeroko rozumiane bezpieczeństwo żywnościowe.

Opracowanie markerów molekularnych wspomagających selekcję roślin buraka cukrowego w kierunku odporności na rizomanię warunkowaną genem *Rz1*

Katarzyna Stelmach, Gabriela Machaj, Dariusz Grzebelus

Katedra Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, al. 29 Listopada 54, 31-425 Kraków
e-mail: d.grzebelus@urk.edu.pl

Rizomania to choroba wirusowa wywoływana przez Beet Necrotic Yellow Vein Virus (BNYVV), którego wektorem jest mikroorganizm glebowy *Polymyxa betae*. Jest to jedna z najbardziej ekonomicznie istotnych chorób buraka. Charakterystycznym symptomem porażenia jest tzw. broda korzeniowa. Jedynym efektywnym sposobem kontrolowania rizomanii jest stosowanie odpornych lub tolerancyjnych odmian. Znane jest kilka źródeł odporności na tę chorobę. Odporność na rizomanię typu Holly ma charakter monogeniczny, dominujący i jest warunkowana genem *Rz1*. Do oceny podatności roślin w procesie hodowli odmian odpornych stosuje się test ELISA. Alternatywą dla immunodetekcji może stać się selekcja wspomagana markerami molekularnymi sprzężonymi z cechą odporności. Celem badań było opracowanie takich markerów w oparciu o polimorfizmy pojedynczego nukleotydu zidentyfikowane we wcześniej przez nas wskazanym genie kandydującym *LOC104888806*.

W celu genotypowania dwóch polimorfizmów SNP zlokalizowanych w rejonie kodującym genu *LOC104888806* zaprojektowano oligonukleotydy dla systemu TaqMan. Polimorfizmy te oznaczono jako SNP9.1 i SNP9.2. Weryfikację skuteczności genotypowania przeprowadzono przy wykorzystaniu 16 roślin buraka cukrowego o znanych genotypach (po sześć roślin *Rz1/Rz1*, *rz1/rz1* oraz cztery rośliny *Rz1/rz1*). W pełni potwierdzono skuteczność opracowanego systemu genotypowania. Właściwe genotypowanie przeprowadzono dla 204 roślin reprezentujących 37 populacji o różnej konstytucji genetycznej pod względem genu *Rz1*. Spośród ocenianych populacji 19 było homozygotycznie wrażliwych (*rz1/rz1*), a 13 homozygotycznie odpornych (*Rz1/Rz1*). Cztery populacje segregowały pod względem genu *Rz1*, a w przypadku jednej populacji wynik genotypowania markerem SNP9.1 wskazywał na obecność allelu wrażliwości, a SNP9.2 na obecność allelu odporności, w obu przypadkach wszystkie rośliny były określone jako homozygoty.

System TaqMan opracowany w celu identyfikacji alleli genu *Rz1* u buraka cukrowego może być wydajnym narzędziem wspomagającym hodowlę nowych odmian tego gatunku, genetycznie odpornych na rizomanię. Pozwala on na jednoznaczną, precyzyjną i szybką analizę wielu roślin w oparciu o wystandaryzowaną metodykę. Identyfikacja populacji, dla której wyniki genotypowania SNP9.1 i SNP9.2 okazały się sprzeczne, wskazuje, że posiadany przez tę populację wariant genu *LOC104888806* jest unikalny i w tym wypadku nie można określić reakcji roślin na infekcję. Konfrontacja wyników genotypowania z wynikami testu odpornościowego pozwoli na stwierdzenie, który z polimorfizmów jest bardziej uniwersalny.

Resynteza *Brassica napus* L. impulsem do tworzenia odrębnych pul genowych dla hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego

Katarzyna Sosnowska, Laurencja Szala, Alina Liersch, Marcin Matuszczak, Teresa Cegielska-Taras

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu,
ul. Strzeszyńska 36, 60-479 Poznań
e-mail: k.sosnowska@nico.ihar.poznan.pl

Brassica napus (AACC) jest ważną rośliną oleistą, o krótkiej historii i zawężonym podłożu genetycznym. Jednak wąska baza genetyczna rzepaku stanowi ograniczenie dla hodowli nowych odmian, przede wszystkim mieszańcowych. W hodowli tej wykorzystuje się bowiem zjawisko heterozji, której efekt związany jest z odrębnością genetyczną linii rodzicielskich. Tworzenie heterotycznych pul genowych u rzepaku jest dużym wyzwaniem ze względu na jego pochodzenie i tradycyjną hodowlę w systemie wolnego zapylania. Na ogół nie istnieją pule heterotyczne dla rzepaku, a efekty heterozji są stosunkowo niskie w porównaniu do innych upraw mieszańcowych (Lee et al. 2019). Nowe możliwości stwarza synteza *de novo* *B. napus* z wysoce polimorficznych gatunków rodzicielskich *B. rapa* (AA) i *B. oleracea* (CC). Pozwala na wykorzystanie zmienności genetycznej występującej u gatunków ancestralnych *B. napus* i przeniesienie nowych genów do linii rzepaku.

Odtwarzanie rzepaku z podgatunków ancestralnych stwarza nową różnorodność genetyczną jako podstawę do poprawy heterozji, co wykazały badania dystansu genetycznego. Jednak obserwacje cytogenetyczne ujawniły niestabilności genomowe w niektórych liniach resyntetyzowanych (RS). Linie te charakteryzują się ponadto niską plennością oraz niosą niekorzystne wartości użytkowe. Dla dalszego wykorzystania nowej różnorodności genomowej linii RS, niezbędnej do uzyskania wysokiego efektu heterozji i dla poprawy cech agronomicznych, rzepak RS krzyżowany był z genotypami podwójnie ulepszonymi np. z liniami restorerami. Z uzyskanych w ten sposób mieszańców F₁ otrzymano populację linii DH semi-RS, spośród których możliwy był wybór podwójnie ulepszonych linii rzepaku z genem restorerem (*Rfo*). Przedstawiony sposób postępowania jest jednym z wariantów wykorzystania różnorodności pochodzącej z *B. rapa* i *B. oleracea* do tworzenia heterotycznych pul genowych do poprawy efektu heterozji u rzepaku. Skuteczność takiej strategii potwierdziły wyniki plonu mieszańców eksperymentalnych, uzyskane w doświadczeniach polowych.

W celu dalszego zbadania tła genomowego obserwowanych różnic fenotypowych między rzepakiem RS i naturalnym, przeprowadzono również genotypowanie SNP przy użyciu mikromacierzy DNA Brassica 60K Infinium™ firmy Illumina. Połączenie nowoczesnych technik genotypowania z precyzyjnym fenotypowaniem i zastosowaniem odpowiednich modeli statystycznych pomoże hodowcom prognozować wydajność mieszańców na podstawie profilu genomu linii rodzicielskich.

Wykorzystanie technologii CRISPR/Cas9 w kontrolowanej mutagenezie zduplikowanych genów *BnaHB6* u rzepaku (*Brassica napus* L.)

Danuta Babula-Skowrońska, Natalia Żyła, Joanna Fidler

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: dbab@igr.poznan.pl

Wiele genomów roślin nasiennych, w tym gatunków z rodzaju *Brassica*, przeszło w przeszłości co najmniej kilka cykli poliploidyzacji i intensywnej diploidyzacji. Konsekwencją tych zdarzeń jest obecność dużej liczby zduplikowanych genów, które tworzą rodziny genowe. Te geny pomimo wysokiego podobieństwa na poziomie sekwencji nukleotydowej mogą wykazywać zmiany w poziomie ekspresji (sub- i/lub neofunkcjonalizacja) w odpowiedzi m. in. na stropy środowiskowe, a także wpływać na zmiany funkcji ich partnerów białkowych. Aby poznać rolę takich genów w np. rozwoju rośliny, metabolizmie lub odporności na abiotyczne i biotyczne czynniki stresowe, wykorzystywane są techniki inżynierii genetycznej. W ostatnich latach duże znaczenie odgrywa kontrolowana mutageneza przy użyciu systemu CRISPR/Cas9. Pozwala ona na dokonywanie precyzyjnych zmian w genomach różnych organizmów. Jej korzyścią w stosunku do wcześniejszych metod wyprowadzenia linii typu nokaut jest to, że umożliwia zmutowanie pojedynczego lub grupy kilku pokrewnych genów.

W naszych badaniach zastosowaliśmy technologię edycji genomu zarówno do wyciszenia funkcji wszystkich czterech paralogów genu *BnaHB6*, a także jego pojedynczych kopii u rzepaku (*Brassica napus* L.). *BnaHB6* należy do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy I, które są zaangażowane w regulację wzrostu roślin, rozwój oraz odpowiedzi na stres zależne od ABA. Kluczowym etapem przygotowania eksperymentu wykorzystującego CRISPR/Cas9 jest wybór właściwych sekwencji docelowych w genomowym DNA, rozpoznawanych przez kompleks Cas9-gRNA. W tym celu wykorzystaliśmy program CRISPOR (<http://crispor.tefor.net>), który umożliwił wybranie odpowiednich sekwencji docelowych, aby zbadać efekty braku produktów białkowych genów *BnaHB6*. Obejmowały one pojedynczą sekwencję docelową wspólną dla wszystkich paralogów genu *BnaHB6*, wspólne sekwencje docelowe dla dwóch par ortologów (*BnaA04HB6a* i *BnaC04HB6a* oraz *BnaA09HB6b* i *BnaC08HB6b*) oraz pojedyncze sekwencje docelowe dla każdego z czterech paralogów genu *BnaHB6*.

Wszystkie wybrane sekwencje zostały zweryfikowane pod kątem rozpoznania podobnych sekwencji w genomie - tzw. „off-targets”, aby wyeliminować niespecyficzne efekty mutagenezy. Następnie przygotowaliśmy kasety ekspresyjne gRNA składające się z promotora genu U3 lub U6 snRNA oraz sekwencji gRNA, które pozwoliły wygenerować mutacje indukowane Cas9 w genach *BnaHB6*. Aby określić wydajność mutacji przed transformacją w rzepaku, przeprowadziliśmy ekspresję przejściową w protoplastach *B. napus*.

Wstępne wyniki tych badań wskazują na użyteczność technologii CRISPR/Cas9 w precyzyjnym mutowaniu genów w obrębie rodzin genowych u rzepaku.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/23/B/N29/02175)

Wpływ duplikacji na ekspresję wybranych genów kodujących czynniki transkrypcyjne z rodziny HB w warunkach stresowych i ich oddziaływania z fosfatazą białkową ABI1 u rzepaku (*Brassica napus* L.)

Joanna Fidler¹, Agata Cieśla², Natalia Żyła¹, Alicja Rzepczak², Danuta Babula-Skowrońska¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet im. A. Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: dbab@igr.poznan.pl

Procesy całogenomowej duplikacji i intensywnej diploidyzacji odegrały ważną rolę w adaptacji organizmów do zmieniających się warunków środowiskowych. Konsekwencją tych zjawisk jest to, że większość genów reprezentowana jest przez większą liczbę paralogów (wariantów genowych). Geny te pomimo wysokiej homologii sekwencji ujawniają różnice w poziomie ekspresji (modele sub- i neofuncjonalizmu). Z drugiej strony, obecność zduplikowanych genów może wpływać na zmiany funkcjonalne u ich bezpośrednich partnerów białkowych. Zakłada się zatem, że los zduplikowanych genów może być kontrolowany nie tylko przez ich zdolność do gromadzenia mutacji, ale również przez możliwości oddziaływania z ich partnerami białkowymi. W naszych badaniach skupiliśmy się na analizie funkcjonalnej wybranych genów z rodziny *BnaHB* u rzepaku (*Brassica napus* L.) oraz poznania ich oddziaływań z różnymi izoformami *BnaABI1*. Geny *BnaHB* należą do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy I, które są zaangażowane w regulację wzrostu roślin, rozwój oraz odpowiedzi na stres zależne od ABA. Natomiast *BnaABI1* koduje fosfatazę białkową typu 2C, która jest centralnym, negatywnym regulatorem ścieżek sygnalizacyjnych kontrolowanych przez kwas abscysynowy.

Wybrane przez nas geny do badań reprezentowane są przez większą liczbę kopii w genomie rzepaku. Aby określić funkcjonalną redundancję lub dywergencję zduplikowanych genów *BnaHB* oraz *BnaABI1*, ustaliliśmy ich wzory ekspresji w odpowiedzi na wybrane stropy. Poziom ekspresji badany był w liściach i korzeniach u roślin eksponowanych na stres solny i suszę w oparciu o technikę qPCR. Wyniki te pokazały wyraźną różnicę w poziomach ekspresji u badanych genów, wskazując na dywergencję funkcjonalną paralogów genu *BnaHB* i *BnaABI1* w w/w warunkach stresowych. Istotnym pytaniem jest zatem, jak ta dywergencja funkcjonalna paralogów badanych genów może wpływać na ich wzajemne oddziaływania. Aby określić, które białka *BnaABI1* mogą być potencjalnie regulowane przez wybrane czynniki transkrypcyjne z rodziny *BnaHB*, przeprowadziliśmy analizę interakcji pomiędzy tymi białkami przy użyciu dwuhybrydowego systemu drożdżowego.

Wstępne wyniki tych badań wskazują na obecność zróżnicowanych oddziaływań białko-białko pomiędzy izoformami białek *BnaHB* i *BnaABI1*.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/23/B/N29/02175)

Analiza ekspresji genów szlaku syntezy oligosacharydów w odmianach grochu (*Pisum sativum* L.) nisko- i wysokooligosacharydowych

Magdalena Gawłowska¹, Wojciech Świącicki¹, Lesław Lahuta², Wioletta Pluskota², Mateusz Pluskota³

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, ul. Michała Oczapowskiego 1A, 10-719 Olsztyn

³Uniwersytet im. Adam Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: mgaw@igr.poznan.pl

Rośliny strączkowe, w tym groch, są źródłem węglowodanów, białka, włókna, nienasyconych kwasów tłuszczowych, minerałów i witamin. Niemniej obecność substancji antyżywnościowych, w tym oligosacharydów (RFO), zmniejsza żywieniową akceptowalność strączkowych. Jedzenie bogate w oligosacharydy powoduje dyskomfort jelitowy, wzdęcia, zarówno u człowieka, jak i zwierząt monogastrycznych, karmionych paszą z RFO. Wynika to z braku w przewodzie pokarmowym enzymu – galaktozydazy, która hydrolizuje łańcuchy RFO.

Profilowanie ekspresji genów zmierza do uzyskania obrazu aktywności genów i szlaków metabolicznych, aktywnych w formach nisko i wysokooligosacharydowych. W badaniach własnych oceniany był poziom ekspresji syntazy galaktinolowej i rafinozowej w 8 odmianach, w 3 punktach czasowych, z doświadczenia w Poznaniu: wysokooligosacharydowych (Lasso, Wt2501, Medal, Mecenaz) i niskooligosacharydowych (Wt402, Wt2902, Wt2, Batuta). Zawartość oligosacharydów oznaczona została z wykorzystaniem chromatografu gazowego na kolumnie kapilarnej ZEBRON ZB-1. Oznaczono aktywność enzymów (nmol produktu/ 1 min. reakcji/ białko z 1 g liofilizatu).

Dopracowano warunki dla optymalnej wydajności genów referencyjnych (tubulina, aktyna, histon, czynnik elongacyjny) dla każdego terminu zbioru nasion w 2019 r. Większość genów pracowała optymalnie w temp. 55 °C. Wydajność wahała się od 1,93 do 2,12. Stwierdzono odmienne zawartości oligosacharydów w badanych odmianach grochu w różnych latach (6.7-8.7 g/100g sm w 2016, 2.5 – 6.5 g/100g sm w 2017, 4.3-5.8 g/100g sm w 2018). Podobnie zaobserwowano zmiany w aktywności enzymów i ekspresji genów. Porównując grupę odmian wysokooligosacharydowych i niskooligosacharydowych zaobserwowano zróżnicowanie pod względem aktywności syntazy galaktinolowej 866 v 2446 (nmol min⁻¹ g⁻¹ suchych nasion, 2017), 814v1030 (nmol min⁻¹ g⁻¹ suchych nasion, 2018). Według Peterbauer i Richter (2001) galaktinol może służyć jako rezerwuuar reszt galaktozyliowych, niezależnie od metabolizmu pierwotnego. Syntaza galaktinolowa jest uważana za kluczowy enzym w regulacji akumulacji RFO. Autorzy deklarują, że jej aktywność jest pozytywnie skorelowana z zawartością RFO w liściach i nasionach różnych gatunków roślin uprawnych. Niemniej w badaniach własnych nie potwierdziliśmy powiązania pomiędzy zawartością RFO w nasionach u grochu, a poziomem ekspresji genu GalS. Autorzy podkreślają, iż niestabilność tego enzymu może powodować niedoszacowanie jego aktywności w pomiarach *in vivo*.

Badania finansowano z Programu Wieloletniego „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwój” 2016-2020

Modelowy system wykorzystujący CRISPR do badania funkcji i regulacji genów marchwi *in vitro*

Miron Gieniec¹, Pavel Chaloupsky², Tomasz Oleszkiewicz¹, Magdalena Klimek-Chodacka¹, Yiping Qi³, Rafał Barański¹

¹Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Al. 29 Listopada 54, 31-425 Kraków

²Mendel University in Brno, Zemědělská 1, 61300 Brno, Czech Republic

³University of Maryland, College Park, MD 20742, USA

e-mail: r.baranski@urk.edu.pl

Nowoczesne techniki edycji genomów wykorzystują CRISPR (clustered-regularly interspaced short palindromic repeats) oraz Cas (CRISPR associated proteins) do przeprowadzania precyzyjnych zmian w genomie. Polegają one na wprowadzeniu do docelowych komórek najczęściej genów kodujących białka Cas o nukleolitycznej aktywności oraz krótkich sekwencji RNA tzw. guide (gRNA lub crRNA). Białka Cas naprowadzane przez te krótkie RNA do homologicznych sekwencji w genomie powodują przerwanie podwójnej nici DNA, a błędy występujące w trakcie komórkowych procesów naprawy uszkodzeń DNA prowadzą następnie do zmian w sekwencji DNA.

W stosunku do innych metod edycji genomu, techniki wykorzystujące CRISPR/Cas są znacznie bardziej efektywne, szybsze i prostsze do zastosowania. Ponieważ każdorazowo dostarczane elementy systemu CRISPR/Cas do komórek docelowych mogą generować mutacje z różną efektywnością, zależną m.in. od poziomu ekspresji białek Cas, zasadne jest stworzenie układu modelowego o stałej ekspresji Cas, co ułatwiłoby prowadzenie badań porównawczych. Dlatego, celem niniejszych badań było opracowanie systemu modelowego będącego zestawem linii marchwi z konstytutywną ekspresją genów Cas9 lub Cas12a, w których edycję DNA można będzie indukować wprowadzając tylko gRNA lub crRNA.

W tym celu do komórek marchwi wprowadzono geny kodujące różne warianty białek Cas9 lub Cas12a na drodze transformacji genetycznej z użyciem *Agrobacterium tumefaciens*. Po przeprowadzeniu selekcji na pożywcze selekcyjnej do dalszych badań zostały wybrane wyłącznie dobrze rosnące linie kalusowe. Obecność transgenów w kalusie została potwierdzona przy użyciu metody PCR, a poziom ekspresji wprowadzonych genów Cas9 lub Cas12a został określony metodą RT-qPCR.

Na obecnym etapie badań otrzymano unikatowy zestaw linii kalusowych posiadających stabilną ekspresją genów Cas9 lub Cas12a. Stworzone linie kalusowe mogą służyć jako modelowy system do badania funkcji i regulacji genów u marchwi poprzez edycję genomu.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/21/B/NZ9/01054)

Zebularine-Induced DNA Demethylation in roots of *Salix purpurea* L.

Carolina Gomes, Dariusz Kruszka, Andrea Pagano, Piotr Kachlicki, Jorge A.P. Paiva

Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznan, Poland
e-mail: jpai@igr.poznan.pl

The study of epigenetics in woody species is important to understand its phenotypic plasticity to a changing environment, being Cytosine-5 methylation (Cy5Met) a major and dynamic epigenetic DNA modification. However, Cy5Met machinery and its role on the modulation of Cy5Met levels during plant development is still largely unknown in *Salix purpurea*. DNA demethylation can be induced by using cytosine analogs such as zebularine or 5-azacytidine.

Plantlets of an *in vitro* micro-propagated genotype of *S. purpurea* were grown in 0 μ M, 25 μ M and 50 μ M of zebularine for 14 days. For concentrations ≥ 25 μ M, growth inhibition including root arresting. After the two weeks treatment, plantlets were placed in zebularine-free medium (recovery treatment) for three weeks, allowing the rooting of plants treated with zebularine, and then transferred for soil. Roots and shoots were collected after one month of growth in soil. These samples were characterized in terms of DNA methylation landscape by WGBS-seq, gene expression by RNA-seq and secondary metabolites by UHLC-MS. Correlation analysis between these variables allowed to provide new clues on Cy5Met role during developmental processes in particular in roots, highlighting the putative role of ncRNA and candidate genes involved in the response to this demethylation agents.

Acknowledgments: The authors thank the NCN (Poland) SONATABIS 5 bis grant UMO-2015/18/E/NZ2/00694 (project PurpleWalls). J. A.P. Paiva also acknowledges his research contract financed by the EU FP7 BIOTALENT project [GA621321] and financial sources for education in the years 2015-2019 allocated to an international co-financed project no W26/7.PR/2015 [GA 3413/7.PR/2015/2]"

Opracowanie markera molekularnego użytecznego w selekcji hodowlanej linii niskoalkaloidowych łubinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)

Magdalena Kroc, Katarzyna Czepiel, Paulina Wilczura, Monika Mokrzycka, Wojciech Świącicki

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: kcze@igr.poznan.pl

Łubiny dzięki wysokiej zawartości białka, tłuszczu i błonnika w nasionach mogą stanowić alternatywę dla soi w żywieniu zwierząt i ludzi. Alkaloidy gromadzone w nasionach łubinów obniżają ich wartość użytkową ze względu na toksyczne działanie na układ nerwowy oraz gorzki smak. Dlatego celem hodowli jest uzyskanie odmian o jak najniższej zawartości alkaloidów w nasionach. Obecnie przyjęta norma bezpiecznej zawartości tych związków w nasionach wynosi <0,02% suchej masy. Spośród kilku recesywnych genów, determinujących niską zawartość alkaloidów, w hodowli zastosowanie znalazł głównie gen *iucundus*. We wcześniejszych badaniach zidentyfikowaliśmy czynnik transkrypcyjny RAP2-7 (APETALA2/ethylene response), jako gen kandydacki dla *iucundus*, najprawdopodobniej regulujący biosyntezę alkaloidów u łubinu wąskolistnego.

Analiza sekwencji genu *RAP2-7* pozwoliła na wykrycie pojedynczej zmiany nukleotydowej, która różnicuje linie słodkie i gorzkie łubinu wąskolistnego. Na jej podstawie opracowano prosty i tani marker molekularny typu dCAPS, *iuc_RAP2-7*. Analiza segregacji markera w kolekcji łubinu wąskolistnego wykazała, że allel typu gorzkiego (*Iucundus*) obserwowany jest przy zawartości alkaloidów $\geq 0.9\%$ suchej masy nasion, a allel typu słodkiego (*iucundus*) przy zawartości do 0.5% suchej masy. Uwzględniając powyższy próg detekcji marker *iuc_RAP2-7* pozwolił w sposób jednoznaczny rozróżnić linie *Iucundus* i *iucundus*. Opracowany marker może być wykorzystany do szybkiego odrzucenia linii o wysokiej zawartości alkaloidów w selekcji hodowlanej łubinu wąskolistnego, przyspieszając tym samym uzyskanie odmian niskoalkaloidowych.

Badania finansowano z Programu Wieloletniego „Zwiększenie wykorzystania krajowego białka paszowego dla produkcji wysokiej jakości produktów zwierzęcych w warunkach zrównoważonego rozwoju” 2016-2020

Aktywność systemu antyoksydacyjnego w warunkach suszy u *Festuca arundinacea* i *F. glaucescens*

Katarzyna Masajada¹, Izabela Pawłowicz¹, Dawid Perlikowski¹, Adam Augustyniak¹, Karolina Izbiańska-Jankowska², Magdalena Arasimowicz-Jelonek², Arkadiusz Kosmala¹

¹Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: kmas@igr.poznan.pl

Rodzaj *Festuca* (kostrzewy) obejmuje gatunki zaliczane do najważniejszych traw pastewnych klimatu umiarkowanego. W jego obrębie występują gatunki, które charakteryzują się modelowymi strategiami odporności na stresy abiotyczne, stąd są często wykorzystywane w badaniu mechanizmów odporności u traw. Należą do nich m.in. alloheksaploidalna *F. arundinacea* Schreb. i tetraploidalna *F. glaucescens* Boiss., charakteryzujące się stosunkowo wysokim poziomem odporności na suszę. Pierwszy z gatunków, ma potencjał do unikania suszy (ang. *strategy of drought avoidance*), głównie dzięki zdolności do wykształcania głębokiego oraz dobrze rozwiniętego systemu korzeniowego. Ponadto, *F. arundinacea* wykazuje również wysoką tolerancję deficytu wodnego (ang. *strategy of drought tolerance*), zwłaszcza w warunkach, które uniemożliwiają jej rozwój długich korzeni. Z kolei, u *F. glaucescens*, podczas suszy następuje spowolnienie metabolizmu komórkowego oraz zahamowanie wzrostu. Po powtórny nawodnieniu, gatunek ten cechuje się natomiast stosunkowo wysokim stopniem regeneracji metabolizmu i odrostu (ang. *strategy of recovery/regeneration*).

W badaniach wykorzystano dwa gatunki traw pastewnych – *F. arundinacea* oraz *F. glaucescens*. W obrębie każdego z gatunków, wyselekcjonowano dwa genotypy, charakteryzujące się zróżnicowanym poziomem odporności na suszę - genotyp o wysokiej odporności na suszę oraz genotyp o niskiej odporności na suszę. Rośliny uprawiano w doniczkach, a więc w warunkach, które uniemożliwiały wykształcenie długiego systemu korzeniowego. Analizowano wybrane parametry fizjologiczne (relatywną zawartość wody w liściach, poziom wypływu elektrolitów, parametry wymiany gazowej i fluorescencję chlorofilu), poziom reaktywnych form tlenu (RFT) oraz akumulację enzymów antyoksydacyjnych (katalaza, reduktaza glutationowa, peroksydaza askorbinianowa, dysmutazy ponadtlenkowe oraz peroksydaza glutationowa). Analizy prowadzono w 3, 6 i 11 dniu suszy oraz 10 dni po ponownym nawodnieniu.

Uzyskane wyniki wykazały związek: (i) pomiędzy poziomem generowania RFT, a aktywnością systemu antyoksydacyjnego u badanych traw oraz (ii) pomiędzy aktywnością antyoksydacyjną, a potencjałem odporności na suszę analizowanych genotypów *F. arundinacea* i *F. glaucescens*.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/23/B/N29/00820)

Badanie zależności terminu kwitnienia od układu alleli genów wczesności (*E*) u odmian soi o zróżnicowanym pochodzeniu

Jerzy Nawracała¹, Sandra Rycheł², Agnieszka Tomkowiak¹, Danuta Kurasiak-Popowska¹, Dorota Weigt¹, Janetta Niemann¹, Michał Książkiewicz², Bogdan Wolko²

¹Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

²Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail agnieszka.tomkowiak@up.poznan.pl

Soja uznawana jest za jedną z ważniejszych roślin w produkcji pasz dla zwierząt jak również jest istotnym składnikiem diety człowieka. Na przestrzeni lat obserwuje się ciągły wzrost produkcji i wykorzystania soi zarówno w Polsce jak i na świecie.

Celem badań była identyfikacja form allelicznych genów wczesności kwitnienia (*E*) u zróżnicowanych pod tym względem odmian soi oraz sprawdzenie w warunkach Polski wpływu określonych układów alleli na termin kwitnienia i długość okresu wegetacji.

Materiałem badawczym było 20 genotypów referencyjnych soi o znanym układzie alleli genów wczesności. Analizy molekularne były przeprowadzane w dwóch laboratoriach – w IGR i w KGiHR. Na podstawie danych literaturowych identyfikowano markery genów wczesności kwitnienia (*E2*, *E4*, *E7*, *E9*, *E10*). Doświadczenie polowe z odmianami założono w RGD Dłoń w Dłoni. Jeżeli chodzi o przebieg warunków pogodowych należy wziąć pod uwagę, że rok 2018 był kolejnym rokiem bardzo wysokich temperatur w całym okresie wegetacji. Według wielu opracowań w Europie był to najcieplejszy okres w historii notowań temperatur. W Dłoni w każdym miesiącu temperatura była o kilka stopni wyższa w porównaniu z temperaturą z wielolecia.

W doświadczeniu zaobserwowano, że większość odmian wczesnie kwitnących (Gaj, Nawiko, Maple Presto, Sułtana, Merlin, Fiskeby V) w *locus* genów *E2*, *E4*, *E7* i *E10* posiadała allele recesywne. U odmian tych liczba dni od siewu do kwitnienia znajdowała się w przedziale 47-52 dni, a długość okresu wegetacji nie przekraczała 137 dni. Wyjątek stanowiły dwie odmiany późne Shensei oraz Ooyachi2, które w *locus* genów *E2*, *E4*, *E7*, *E9* i *E10* posiadały również allele recesywne. W ich przypadku liczba dni od siewu do kwitnienia mieściła się w przedziale 62-91 dni, natomiast długość okresu wegetacji wahała się od 158 do 167 dni. Pozostałe odmiany późne takie jak Corsoy, Horosoy oraz Toyomusume w *locus* genów *E4*, *E7* i *E9* posiadały allele dominujące. W przypadku tych trzech odmian liczba dni od siewu do kwitnienia wynosiła 59-77 dni a długość okresu wegetacji znajdowała się w przedziale 164-178 dni. U odmian Corsoy i Horosoy allele dominujące znajdowały się również w *locus* genu *E2*. Inne odmiany wczesne takie jak OAC Vision, Sakamotowase, Lissabon, Amarok i Obelix, o krótkim okresie wegetacji w *locus* genów *E2*, *E4* i *E10* posiadały allele recesywne natomiast w *locus* genów *E7* i *E9* allele dominujące, pozostałe odmiany wczesne jak Glacier i Canatto o długim okresie wegetacji w *locus* genów *E2* i *E7* posiadały allele recesywne, a w *locus* genów *E4* i *E9* allele dominujące. Odmiana Canatto allele dominujące posiadała również w *locus* genu *E10*.

Zastosowanie techniki FISH do analizy struktury genomowej u mieszańców *Brassica* z podwyższoną odpornością na suchą zgniliznę kapustnych (*Leptosphaeria* spp.)

Janetta Niemann¹, Joanna Kaczmarek², Joanna Majka², Justyna Szwarec¹, Małgorzata Jędryczka²

¹Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

²Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: niemann@up.poznan.pl

Sucha zgnilizna kapustnych jest jedną z najgroźniejszych chorób, powodujących corocznie straty plonu rzepaku w Polsce i na świecie. Wywołują ją dwa grzyby workowe *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa*, a głównym źródłem porażenia roślin są zarodniki tych patogenów. Hodowla odmian odpornych jest obecnie ważnym narzędziem umożliwiającym zahamowanie rozwoju tej choroby, dlatego wprowadzenie genów odporności na *Leptosphaeria* spp. do rzepaku i form *Brassica* z pożądanymi cechami jakościowymi i agronomicznymi jest obecnie głównym celem wielu programów hodowlanych. Celem prezentowanych badań była identyfikacja chromosomów u roślin pochodzących z kombinacji mieszańcowych *Brassica*, w których formą mateczną był allotetraploidalny gatunek *B. napus*.

Ocenę zmienności chromosomów allotetraploidalnych form mieszańców *B. napus* ($2n=4x=38$; genom AC) przeprowadzono na podstawie analiz wykorzystujących połączoną technikę cytogenetyki molekularnej – multikolorową, fluorescencyjną hybrydyzację *in situ* (mFISH), z udziałem sond: 5S rDNA oraz 26S rDNA. Dla każdego badanego genotypu określano: (i) liczbę chromosomów, (ii) liczbę i lokalizację genów 5S i 35S rDNA (typy chromosomów) oraz (iii) liczbę chromosomów kompletnych i zrekombinowanych. Wstępne badania umożliwiły identyfikację chromosomów niosących loci 5S i 35S rDNA i wykazały zmienność w liczbie i dystrybucji badanych loci rDNA pomiędzy wybranymi roślinami w obrębie mieszańców.

Zastosowanie sekwencji rDNA (5S i 35S rDNA) pozwoliło na identyfikację chromosomów markerowych u form mieszańcowych *Brassica* pochodzących z genomów rodzicielskich – genom AA (*B. rapa*), genom CC (*B. oleracea*) oraz genom BB (*B. nigra*) u mieszańców otrzymanych w wyniku krzyżowania *B. napus* × *B. carinata*. Obserwowane zmienne liczby loci 5S i 35S rDNA w genomach form mieszańcowych *Brassica* mogą wynikać, m.in. z transpozycji i/lub delecji w obrębie chromatyny zawierającej sekwencje rDNA, eliminacji chromosomów markerowych podczas mejozy lub też amplifikacji loci rDNA i przenoszenia ich do nowych chromosomów.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie nr 54)

Analiza ekspresyjna genu *TaPaO1* związanego z kinetyką otwierania kwiatów u pszenicy

Magdalena Święcicka, Beata Bakera, Monika Rakoczy-Trojanowska

*Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa
e-mail: beata_bakera@sggw.pl*

W hodowli heterozyjnej pszenicy uprawnej bardzo ważną cechą decydującą o wyborze form ojcowskich jest otwartość pylenia. Z dotychczasowych badań przeprowadzonych w ramach projektu BIOSTRATEG3 wynika, iż u pszenicy proces otwierania się kwiatów znajdujących się w kłosku związany jest z gwałtownym odchylaniem się plewek i plew. Badania literaturowe wskazują, że w tym procesie istotną rolę odgrywają łuszcзки, które nabrzmiewają tuż przed kwitnieniem. Gen *TaPaO1* koduje enzym odpowiedzialny za degradację chlorofilu i pełni bardzo ważną rolę w procesie starzenia się liści i dojrzewania owoców. Udowodniono, że obecność dominującego allelu genu *TaPaO1* jest konieczna do właściwego rozwoju kwiatu, gdyż u mutantów *paol* kwiaty nie mogły się w pełni otworzyć, a około 40% z zawiązanych nasion zamierało na wczesnym etapie rozwoju.

Prezentowane badania miały na celu analizę ekspresyjną genu *TaPaO1* w tkankach generatywnych oraz wegetatywnych pszenicy. Matrycą w reakcji RT-qPCR był cDNA pszenicy odmiany Chris charakteryzującej się otwartością pylenia. Najwyższy poziom ekspresji gen *TaPaO1* osiągał w liściach, natomiast najniższy - w korzeniach. Wraz z rozwojem kłosa poziom ekspresji tego genu wzrastał. Wartość poziomu ekspresji *TaPaO1* w łuszczkach w stanie nabrzmiałym, tuż przed otwarciem kwiatu była 43-krotnie wyższa od poziomu ekspresji tego genu w łuszczkach w kwiecie zamkniętym, co sugeruje istotną rolę *TaPaO1* w kinetyce procesu otwierania się kwiatów pszenicy.

Badania finansowano z projektu BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017

Transfer chromatyny *Aegilops kotschy* Boiss. zawierającej locus genu *Lr54* odpowiedzialnego za odporność na rdzę brunatną do pszenżyta uprawnego (\times *Triticosecale* Wittmack)

Waldemar Ulaszewski¹, Jolanta Belter¹, Joanna Szymczak², Halina Wiśniewska¹, Michał Kwiatek¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

email: wula@igr.poznan.pl

Ciągła specjacja nowych ras grzybów patogenicznych *Puccinia triticiana* Eriks. wywołujących o rdzę brunatną jest czynnikiem ograniczającym plonowanie pszenżyta (\times *Triticosecale* Wittmack, $2n=6x=42$, AABBRR). Powszechnie stosowana chemiczna ochrona roślin przed chorobami jest kosztowna, nieobojętna dla środowiska, dlatego też budzi coraz większy sprzeciw producentów i konsumentów zbóż. Hodowla odmian roślin uprawnych odpornych na choroby jest korzystna ze względów ekonomicznych oraz sprzyja ochronie środowiska naturalnego. Dzikie gatunki kozińców (*Aegilops* sp.) są ważnym źródłem efektywnych genów odporności na choroby grzybowe. Kilka istotnych genów, warunkujących odporność na rdzę i pochodzących od spokrewnionych dzikich gatunków, zostało już wprowadzonych do genomu pszenicy (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) poprzez translokacje fragmentów obcej chromatyny.

Na długim ramieniu chromosomu $2S^k$ kozińca *Aegilops kotschy* Boiss ($2n=4x=28$, $U^kU^kS^kS^k$) zlokalizowano gen *Lr54*, warunkujący odporność na rdzę brunatną. Celem prezentowanych badań było wprowadzenie chromatyny *Ae. kotschy* zawierającej locus *Lr54* do pszenżyta uprawnego. Aby uniknąć wprowadzania sprzężonych cech z puli genowej *Ae. kotschy*, ilość chromatyny przeniesionej do gatunku uprawnego wraz z pożądanym genem powinna być niewielka. Stąd głównym celem badań była indukcja translokacji obejmującej długie ramię chromosomu $2S^k$. W tym celu skrzyżowano dwie linie pszenżyta: komponentem ojcowskim była linia substytucyjna $2S^k(2R)$, charakteryzująca się obecnością obcego chromosomu $2S^k$ – w postaci monosomicznej, zamiast jednego chromosomu z pary 2R; a komponentem matecznym była linia ditelosomiczna, która posiadała dwa krótkie ramiona chromosomu 2R (2RS) oraz dwa długie ramiona (2RL).

W trakcie anafazy pierwszego podziału mejotycznego chromosomy w postaci monosomicznej mogą rozejść się do jednego z dwóch biegunów lub ulec pęknięciu w centromerze, co przejawia się obecnością ramion uniwalentów w postaci telosomicznej na przeciwległych biegunach. Taki układ sprzyja fuzji telosomików oraz formowaniu się translokacji Robertsonowskich (RobTs). Na podstawie analizy molekularnej (PCR) oraz cytogenetycznej (GISH oraz FISH) wyselekcjonowano 11 roślin posiadających locus *Lr54+Yr37*, który został wprowadzony do genomu pszenżyta wraz z długim ramieniem chromosomu $2S^k$, pochodzącym z *Ae. kotschy*. Testy inokulacyjne przeprowadzone w fitotronie z wykorzystaniem mieszaniny zarodników *P. triticiana* wykazały, iż wprowadzone geny warunkują odporność na rdzę brunatną. Uzyskane formy mogą być wykorzystane w programach hodowli odpornościowej pszenżyta uprawnego.

Bioactive compounds in leaves of oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.) grown under different fertilization schemes

Fatema Bakro¹, Vladimiro Cardenia², Katarzyna Wielgusz³, Renata Gaj⁴, Małgorzata Jędrzycka¹

¹Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska

²University of Turin, Largo Paolo Brassini 2, 10095 Grugliasco, Włochy

³Institute of Natural Fibres and Medicinal Plants, Wojska Polskiego 71B, 60-630 Poznań, Polska

⁴Poznan University of Life Sciences, Wojska Polskiego 38/42, 60-625 Poznań, Polska

e-mail: mjed@igr.poznan.pl

Oilseed hemp (*Cannabis sativa* L.), which can also serve as fibre and medicinal plant, is a potential new cash crop for the farmers. However, for high yielding the plant requires soils that are rich in humus and with a pH close to neutral; other conditions are stressful for the plants. The overall aim of this work is to introduce this crop to light and acidic soils, which currently prevail in Poland. Obtaining of the high yield requires the reduction of plant stress by appropriate mineral nutrition.

A new type of monoecious oilseed hemp cultivar Henola (Institute of Natural Fibres and Medicinal Plants, Poznan, Poland) grown for oil production, was tested in this study. We have determined the bioactive compounds present in stems and leaves collected at subsequent stages of plant development. The plants were grown under field conditions in different schemes of soil and foliar fertilization. The experiment was performed in Cerekwica near Szamotuły (N 52°31'14.6"; E 16°41'40.4") located in Great Poland, on the area of 6 ha, with each treatment area of 200 m² in three replicates, in block design. The studies were done using various chromatography techniques.

The results demonstrated that hemp leaves could be a source of antioxidants, such as phenols and terpenes and their content and composition depended on mineral fertilization of plants and appropriate balance between macro- and microelements.

Związki bioaktywne w liściach konopi oleistych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych w różnych poziomach nawożenia

Konopie oleiste (*Cannabis sativa* L.), które mogą także służyć jako roślina włóknista i lecznicza, stanowią potencjalną nową dochodową uprawę dla rolników. Jednak roślina ta wysoko plonuje jedynie na glebach bogatych w próchnicę i o pH zbliżonym do neutralnego; inne warunki są dla konopi stresowe. Celem pracy jest wprowadzenie tej uprawy na gleby lekkie i kwaśne, które obecnie dominują w Polsce. W celu uzyskania wysokiego plonu niezbędne jest zatem zmniejszenie stresu dla roślin poprzez ich właściwe nawożenie mineralne.

Materiał badawczy w niniejszym doświadczeniu stanowiła nowa odmiana jednopiennych konopi oleistych Henola (Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań), przeznaczona głównie do produkcji oleju. Oznaczano obecność i ilość związków bioaktywnych w łodygach i liściach zebranych na kilku etapach rozwoju roślin. Doświadczenie wykonano w warunkach polowych stosując różne nawożenie glebowe i dolistne. Badania prowadzono w Cerekwicy koło Szamotuł (N 52°31'14,6"; E 16°41'40,4") na powierzchni 6 ha, podzielonej na poletka 200 m² w trzech powtórzeniach, w układzie blokowym. W badaniach stosowano różne techniki chromatograficzne.

Wyniki wskazują, że liście konopi mogą być źródłem przeciwutleniaczy, takich jak fenole i terpeny, a ich zawartość i skład zależą od nawożenia mineralnego roślin i właściwych proporcji pomiędzy dostarczonymi makro- i mikroelementami.

Grzyby *Trichoderma* i ich wpływ na pszenicę zwyczajną (*Triticum aestivum* L.)

Aneta Basińska-Barczak¹, Michał Dziurka², Anna Janeczko², Lidia Błaszczuk¹

¹Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Institut Fizjologii Roślin imienia Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Niezapominajek 21, 30-239 Kraków

e-mail: lgol@igr.poznan.pl,

e-mail: abas@igr.poznan.pl

Grzyby należące do rodzaju *Trichoderma* (teleomorfa *Hypocrea*) są powszechnie występującymi organizmami, zasiedlającymi różne nisze ekologiczne. Najczęstszym miejscem ich występowania jest gleba, próchniejące drewno, ryzosfera. Grzyby *Trichoderma* są producentami wielu metabolitów, które pełnią kluczową rolę w interakcji z roślinami czy mikroorganizmami. Wykazują zdolność do antybiozy, mykopasożytnictwa, czy konkurencji. Oddziałują na patogeniczne lęgniowce (*Oomycota*), bakterie, wirusy a także patogeniczne grzyby, w tym z rodzaju *Fusarium*. Dotychczasowe badania pokazują również, że *Trichoderma* ma pozytywny wpływ na wzrost i rozwój roślin. Może wywoływać indukowaną odporność systemiczną (ang. *Induced Systemic Resistance*, ISR) zarówno u roślin jednoliściennych, jak i dwuliściennych. Niektóre szczepy *Trichoderma* ze względu na swój potencjał antagonistyczny określane są jako czynniki kontroli biologicznej (ang. *Biological Control Agents*, BCA), które mogą być wykorzystywane w biologicznej ochronie jako biopestycydy, bioprotektanty czy biostymulanty roślin. Jednakże mechanizmy oddziaływania grzybów *Trichoderma* z roślinami nie zostały dokładnie poznane, szczególnie w układzie z pszenicą.

Celem tych badań było zbadanie wpływu dwóch, znacznie różniących się stylem życia gatunków *Trichoderma* na siewki pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.). Do badań wybrano *T. atroviride* AN35 pozyskany z kolb kukurydzy, prezentujący mykopasożytniczy tryb życia, efektywny producent lotnego związku 6PAP (6-n-pentylo-6H-piran-2-on, 6PP) oraz *T. cremeum* AN392 pozyskany ze spróchniałego drewna wykazujący wysoką aktywność cellulolityczną i ksylanolityczną, charakteryzujący się saprofitycznym trybem życia. W pracy oceniano zdolność tych dwóch gatunków *Trichoderma* do produkcji auksyn, kolonizacji korzeni siewek pszenicy, wpływu na długość korzeni, zawartość hormonów roślinnych oraz stymulacji zmian zachodzącej w ścianie komórkowej roślin. Uzyskane wyniki pokazały, że wybrane gatunki *Trichoderma* mogą kolonizować korzenie pszenicy a pod ich wpływem zachodzą zmiany w składzie ściany komórkowej roślin i zawartości hormonów w korzeniu. Ponadto *T. atroviride* AN35 okazał się producentem związków auksyno-podobnych natomiast *T. cremeum* AN392 ich nie produkował w danych warunkach doświadczalnych.

Badania finansowane z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2015/19/N/NZ9/01625)

Zmiany w zawartości eksudatów floemowych odzwierciedlają odpowiedź grochu na stres niedoboru wody

Sara Blicharz¹, Gerrit Beemster², Laura Ragni³, Dawid Perlikowski¹, Nuria De Diego Sanchez⁴, Łukasz Marczak⁵, Arkadiusz Kosmala¹, Robert Malinowski¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska

²Wydział Biologii, Uniwersytet w Antwerpii, Belgia

³Centrum Biologii Molekularnej Roślin, Uniwersytet w Tübingen, Niemcy

⁴Centrum Badań Biotechnologicznych i Agrokulturowych, Uniwersytet Palackiego, Czechy

⁵Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, ul. Zygmunta Noskowskiego 12/14, 61-704 Poznań, Polska

e-mail: rmal@igr.poznan.pl

Rośliny wykorzystują liczne strategie do przetrwania stresu suszy, włączając w to unikanie, kiedy organy roślinne wykazują różną dynamikę oraz tolerancję, opartą głównie na ich zdolności do akumulacji wody.

Celem prezentowanej pracy było zrozumienie udziału transportu floemowego w reakcji roślin grochu na czasowe obniżenie dostępności wody w podłożu. Opisujemy zmiany w profilu metabolitów eksudatów floemowych, które nastąpiły podczas stresu suszy. Dane te korelujemy ze szczegółowymi analizami biometrycznymi komórek i parametrami fizjologicznymi organów donorowych. Opisujemy również plastyczność rozwojową w obrębie wiązek floemu. By rzucić więcej światła na znaczenie zależnej od floemu redystrybucji węglowodanów w odpowiedzi na suszę, nasze badania uzupełniamy również obserwacjami dotyczącymi aktywności transkrypcyjnej transporterów sacharozy. Stwierdzamy, że floem szybko odpowiada na ograniczenie dostępności wody w podłożu a zawartość eksudatów odzwierciedla fizjologiczne reakcje w organach donorowych. Zakładamy, że w przyszłości pomiary zawartości eksudatów floemowych będą mogły zostać wykorzystane do monitorowania wielu różnych parametrów fizjologicznych, które ulegają zmianie podczas stresów abiotycznych i biotycznych u roślin. Stres niedoboru wody dotyka licznych mechanizmów fizjologicznych, niezbędnych do ochrony integralności komórkowej i utrzymywania biologicznych funkcji u roślin.

Badania były finansowane w ramach projektu EU FP7 ERA CHAIR „BIOTALENT” nr GA621321 oraz przez Narodowe Centrum Nauki (numer projektu: 2016/21/B/NZ9/02020)

Wybór genów referencyjnych w ilościowym oznaczaniu ekspresji genów metodą real-time PCR w badaniach oddziaływań pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z grzybami *Trichoderma*

Lidia Błaszczyk, Jan Homa

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: lgor@igr.poznan.pl

Celem prezentowanych badań było wyznaczenie genów referencyjnych w ilościowym oznaczaniu ekspresji genów metodą real-time PCR w siewkach pszenicy inokulowanych i nieinokulowanych grzybami *Trichoderma*. W pracy wykorzystano dwie odmiany pszenicy – Bombona i Legenda oraz dwa gatunki grzybów – *Trichoderma atroviride* AN35 i *Trichoderma cremeum* AN392, którymi traktowano korzenie 7-dniowych siewek pszenicy. Kontrolę stanowiły rośliny traktowane sterylną wodą. Doświadczenie prowadzono w kontrolowanych warunkach w fitotronach. Do badań pobierano korzenie i liście siewek pszenicy po 7 dniach od inokulacji grzybami *Trichoderma*. Na podstawie danych literaturowych wytypowano 12 genów kandydujących na geny referencyjne. Wszystkie z tych genów należą do genów metabolizmu podstawowego (ang. House Keeping Gene, HGK). Stabilność ekspresji kandydujących genów referencyjnych, a także zmienność w obrębie i pomiędzy porównywanymi grupami eksperymentalnymi (odmiana Bombona/Legenda, korzeń/liść, traktowanie *T. atroviride* AN35/*T. cremeum* AN392/woda) oszacowano przy użyciu programu NormFinder. Na tej podstawie wytypowano gen *ADP* (ADP-rybozylo transferaza) oraz parę genów: *SAR* (scaffold-associated region DNA binding protein) i *ADP* jako najbardziej stabilne dla wszystkich badanych układów doświadczalnych. Natomiast jako najbardziej stabilny zestaw genów referencyjnych do normalizacji RT-qPCR dla liści pszenicy uznano parę genów: *GAPDH* (dehydrogenaza aldehydu 3-fosfoglicerynowego) i *ADP*, a dla korzeni pszenicy – parę genów: *SAR* i 18S (podjednostka rybosomu 18S). Pozostałe geny, takie jak: *Ubiq* (ubikwityna), *EF1A* (elongacyjny czynnik transkrypcyjny α), *ACT* (aktyna), *Tubb4* (β -tubulina), *CYP18* (cyklofilina A), *RLI* (RNase L inhibitor like protein), *CDC* (Cell Division Control proteins), *HnRNPQ* (Heterogenous Nuclear Ribonuclein Q) nie wykazywały stabilności w danych warunkach eksperymentalnych. Pozwala to sądzić, że inokulacja roślin pszenicy grzybami z rodzaju *Trichoderma* wpływa na zmianę ekspresję tych genów, a przez to wskazuje na konieczność walidacji genów referencyjnych w układach doświadczalnych obejmujących interakcje roślin i mikroorganizmów.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2015/19/B/NZ9/03083)

Profilowanie ekspresji genu *ns-LTP2* w warunkach stresów abiotycznych u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)

Michał Kempa, Anetta Kuczyńska, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogródowicz

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: mkem@igr.poznan.pl

Rośliny uprawne, w tym jęczmień, narażone są na wiele czynników stresowych, biotycznych i abiotycznych, które w środowisku naturalnym najczęściej pojawiają się jednocześnie, obniżając produktywność roślin. Stresy abiotyczne wywołują wiele niekorzystnych zmian zarówno strukturalnych, jak i funkcjonalnych na poziomie komórkowym. Występujące zmiany w selektywności błon plazmatycznych prowadzą do hamowania aktywności enzymów, a w konsekwencji do utraty ciągłości błon komórkowych oraz kompartmentacji komórek i zakłócenia przebiegu procesów metabolicznych. Geny z rodziny *ns-LTP* (non-specific Lipid Transfer Proteins) kodują białka zaangażowane w transport różnych rodzajów lipidów między błonami komórkowymi.

Celem badań było poznanie poziomu ekspresji genu *ns-LTP2* w zróżnicowanych warunkach środowiska w połączeniu z detekcją białka ns-LTP2 w liniach jęczmienia uzyskanych metodą krzyżowania wstecznego oraz liniach rekombinacyjnych uzyskanych techniką pojedynczego ziarna. Materiał roślinny został tak dobrany, by prowadzić badania na genotypach wyselekcjonowanych ze względu na gen *ns-LTP2*, oraz genotypach o zwiększonej adaptacji do warunków niedoboru wody. Badane linie jęczmienia poddane zostały warunkom stresu deficytu wody, zasolenia, wysokiej temperatury oraz ich kombinacji. Poziom transkryptu genu *ns-LTP2* obserwowany był z wykorzystaniem Real Time PCR, natomiast do detekcji białka ns-LTP2 zastosowano metodę Western blot. Analiza ekspresji genu prowadzona była w tkance pozyskanej z osi zarodka, dojrzałych korzeni oraz liści badanych genotypów. Wyniki RT-qPCR pozwoliły stwierdzić, że działający stres abiotyczny wpływał na zmianę poziomu ekspresji genu *ns-LTP2* jedynie w osi zarodkowej jęczmienia, powodując zwiększenie ilości jego transkryptu. We wszystkich badanych liniach jęczmienia ekspresja genu *ns-LTP2* była największa w warunkach suszy w połączeniu ze stresem solnym względem kontroli (18-138 razy), natomiast najniższa przy stresie wysokiej temperatury (4-12 razy) w zależności od genotypu.

Prowadzone wcześniej badania dostarczały jedynie informacji, że zwiększona ekspresja genu *ns-LTP2* u jęczmienia następuje w odpowiedzi na stres biotyczny, zaś przedstawione wyniki pozwoliły potwierdzić fakt wzmożonej ekspresji tego genu w warunkach stresów abiotycznych. Dodatkowo grupa białek LTP należy do rodziny białek stresu roślinnego PR14 (ang. Pathogenesis-Related proteins 14), które wykazują silne działanie alergenne. Badania dotyczące oznaczania poziomu białka, będącego produktem ekspresji genu *ns-LTP2*, pozwoliły nie tylko zweryfikować jego obecność w nasieniu, ale też potwierdziły, że stres abiotyczny może powodować wzrost syntezy tych alergenów w warunkach nasilającej się suszy oraz ocieplenia klimatu.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2015/17/B/NZ9/01481)

Wpływ stresu niedoboru wody na rozwój i architekturę systemu korzeniowego u jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.)

Anetta Kuczyńska, Tadeusz Adamski, Maria Surma, Paweł Krajewski, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz, Michał Kempa, Monika Mokrzycka, Renata Trzeciak

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail: akuc@jgr.poznan.pl

Rośliny uprawne narażone są na wiele czynników stresowych, biotycznych i abiotycznych, m. in. niedobór wody, które mogą powodować zaburzenia w przebiegu wielu szlaków metabolicznych rośliny i hamować jej rozwój, prowadząc tym samym do poważnych strat w plonie. System korzeniowy odgrywa kluczową rolę w pobieraniu wody i składników odżywczych determinując rozwój całej rośliny.

Celem prowadzonych badań była analiza architektury systemu korzeniowego jęczmienia jarego w warunkach zróżnicowanej wilgotności podłoża z zastosowaniem najnowszych technik nieinwazyjnego obrazowania korzeni w czasie rzeczywistym. Materiałem do badań było 150 różnych form jęczmienia jarego, to jest odmian, rodów lub linii o zróżnicowanym pochodzeniu.

Grupowanie hierarchiczne uzyskane w oparciu o genotypowanie przez sekwencjonowanie (GBS) pozwoliło na utworzenie 50 grup, wewnątrz których genotypy wykazywały podobieństwo. Wyselekcjonowane 50 genotypów jęczmienia, reprezentujących poszczególne grupy, poddano fenotypowaniu w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do wysokoprzepustowego fenotypowania korzeni w Aberystwyth University National Plant Phenomics Centre w Wielkiej Brytanii.

Dodatkowo przeprowadzone zostało doświadczenie w warunkach polowych - naturalnych (150 genotypów), w celu określenia potencjału plonowania, zbadania rozwoju i architektury systemu korzeniowego badanych genotypów, a także ustalenia stosunku biomasy części nadziemnej do części podziemnej rośliny. Poza metodyką manualnych obserwacji biometrycznych korzeni wykorzystane zostały również mierniki pracujące w oparciu o pomiar pojemności elektrycznej (ang. electrical capacitance) umożliwiające ocenę systemu korzeniowego *in situ*. Ustalono także stosunek części podziemnej do części nadziemnej (RS, %), jak również specyficzną długość korzeni (SRL, cm g⁻¹) dla wszystkich analizowanych genotypów.

Deficyt wody skutkuje zmniejszeniem wartości wszystkich cech korzeni. Z kolei dobre wartości cech związane z systemem korzeniowym często mają odzwierciedlenie w większym plonie ziarna, a fakt ten znalazł potwierdzenie w przedstawionych badaniach. Na przykład odmiana Concerto charakteryzowała się największą biomasą całkowitą oraz biomasą korzeni, jak również miała drugą z kolei wartość, w analizowanej puli genotypów, w odniesieniu do długości korzenia. Dobre parametry korzeniowe tej odmiany przełożyły się na największą masę ziarna z rośliny spośród wszystkich analizowanych genotypów.

Wiedza na temat różnic w morfologii systemu korzeniowego jęczmienia jarego może posłużyć do selekcji odmian o korzystnych cechach korzeni oraz zdolnych efektywniej pobierać wodę i składniki odżywcze, co w rezultacie może być użyteczne dla firm hodowli roślin.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (nr Hor.hn.802.18.2018, Zadanie 106)

Stres biotyczny a zmiany ekspresji genów kodujących białka szoku cieplnego u patogenicznego grzyba *Fusarium proliferatum*

Justyna Lalak-Kańczugowska¹, Natalia Witaszak¹, Agnieszka Waśkiewicz², Łukasz Stępień¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 75, 60-625 Poznań

e-mail: lste@igr.poznan.pl

Fusarium to rodzaj grzybów patogenicznych odpowiedzialnych za straty plonów wielu roślin uprawnych. Ciekawym przedstawicielem tego rodzaju jest *Fusarium proliferatum*, który jest patogenem niewybiórczym, infekującym m.in. kukurydzę, czosnek, pszenicę, szparaga, groch i wiele innych. Gatunek ten biosyntetyzuje wysoce toksyczną fumonizynę B₁. Dostępnych jest wiele prac poświęconych mechanizmom zachodzącym w organizmie rośliny podczas infekcji *F. proliferatum*. Bada się też metabolity grzybowe, wywołujące u roślin odpowiedź na stres, jak również szlaki biochemiczne, związane z ich biosyntezą. Z drugiej strony, stosunkowo niewiele wiadomo na temat zmian, jakie następują w organizmie patogenu w tym procesie. Jednym z objawów stresu u grzyba jest obecność indukowanych białek związanych z odpowiedzią na stres, m.in. białek szoku cieplnego HSPs. Białka te stanowią ochronę przed czynnikami stresu komórkowego i środowiskowego. Celem pracy była analiza ekspresji genów kodujących białka szoku cieplnego związane z odpowiedzią na stres u *F. proliferatum* indukowany przez związki zawarte w ekstrakcie wodnym z kukurydzy.

Do przeprowadzenia badań wykorzystano szczep KF3360 *F. proliferatum* wyizolowanego z wypustek szparaga białego (*Asparagus officinalis* L.). Hodowle *in vitro* prowadzono przez dwa tygodnie w 100 ml kolbach zawierających 50 ml płynnej pożywki indukującej biosyntezę fumonizyn. Stres biotyczny indukowano w piątym dniu hodowli poprzez dodanie ekstraktu ze szparaga bądź jego frakcji. Frakcje zawierające różne grupy związków bioaktywnych uzyskano za pomocą ekstrakcji z wykorzystaniem rozpuszczalników o różnej polarności. Pierwsze próby pobrano po 2 godzinach, a kolejne, co 2 dni od momentu dodania czynnika stresującego. Próbki wirowano a osad z grzybni poddano ekstrakcji mRNA. Dla genów *Hsp70*, *Hsp88* oraz *SSC1* kodujących białka szoku cieplnego przeprowadzono analizę RT-qPCR.

Poziom ekspresji genów *Hsp70*, *Hsp88* i *SSC1* różnił się w zależności od zastosowanej frakcji związków roślinnych. Dla rozwikłania tego problemu badawczego konieczne jest przeprowadzenie dalszej wielowymiarowej analizy ekspresji genów oraz metabolizmu *F. proliferatum*, aby szczegółowo poznać procesy zachodzące w jego organizmie podczas interakcji z rośliną gospodarzem.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2015/17/B/NZ9/03577)

Wielopoziomowa charakterystyka genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału brassinosteroidów w warunkach optymalnych i niedoboru wody

Krzysztof Mikołajczak¹, Anetta Kuczyńska¹, Piotr Ogrodowicz¹, Michał Kempa¹, Paweł Krajewski¹, Vladimiro Cardenia², Maria Teresa Rodriguez-Estrada³, Marina Pérez-Llorca⁴, Sergi Munné-Bosch⁴

¹Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska

²Uniwersytet Turyński, Largo Braccini 2, 10095, Grugliasco, Włochy

³Uniwersytet Boloński, Viale Fanin 40, 40127 Bolonia, Włochy

⁴Uniwersytet Barceloński, Gran Via de les Corts Catalanes, 585, 08007 Barcelona, Hiszpania
e-mail: kmik@jgr.poznan.pl

Brassinosteroidy (BR) to klasa polihydroksyloowanych fitohormonów steroidowych, które regulują różne procesy morfogenezy i fizjologii roślin. Coraz więcej dowodów wskazuje na to, że istnieje sieć interakcji molekularnych między metabolizmem BR a sygnalizacją innych fitohormonów wpływająca na architekturę roślin, a w konsekwencji na plon. Badania związane z metabolizmem BR prowadzone są przez ostatnie lata głównie na modelowych gatunkach roślin, natomiast regulacja i przebieg tych procesów w roślinach uprawnych, w tym w jęczmieniu, są znacznie mniej poznane. Półkarłowe mutanty jęczmienia wykazujące defekty w sygnalizacji lub biosyntezie BR mogą służyć jako alternatywa w programach hodowlanych, a także są cennym narzędziem do badania mechanizmu działania tych hormonów w reakcji na warunki stresowe, m.in. stres suszy. Istnieją jednak niespójne doniesienia na temat ich pozytywnej/negatywnej roli w regulacji rozwoju roślin w różnych warunkach środowiska. Stąd celem badań była wielopoziomowa charakterystyka dwóch genotypów jęczmienia różniących się procesem transdukcji sygnału BR w odpowiedzi na stres niedoboru wody.

Materiał roślinny składał się z odmiany jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) Bowman (typ dziki) i jego bliskoizogenicznej linii BW885 (*uzul.a*). Linia ta charakteryzuje się całkowitą niewrażliwością na BR i półkarłowym typem wzrostu, jako efekt dysfunkcji genu *HvBR11* kodującego receptor BR.

Obserwacje prowadzone były wielokierunkowo, tj. (i) fenotypowanie konwencjonalne, (ii) wysokoprzepustowe genotypowanie, (iii) oznaczanie zawartości brassinosteroidów oraz steroli jako substratów do ich syntezy, a także (iv) cało-genomowa analiza ekspresji na poziomie transkryptów. Badania wykonano na roślinach uprawianych w warunkach optymalnych oraz po zastosowaniu niedoboru wody w stadium krzewienia.

Uzyskane wyniki pozwoliły wyodrębnić cechy fenotypowe, które w największym stopniu różnicowały badane formy jęczmienia oraz ustalić profile akumulacji brassinosteroidów (brassinolide, castasterone, cathasterone) oraz steroli (stigmasterol, sitostanol, campesterol, fucosterol, sitosterol, cholesterol, avenasterol) w zmiennych warunkach środowiska. Zidentyfikowano loci polimorficzne pomiędzy odmianą Bowman a linią BW885 wykorzystując genotypowanie SNP 50k Illumina Infinium oraz RNA-Seq. Ponadto, sekwencjonowanie nowej generacji umożliwiło analizę różnic w ekspresji genów pomiędzy badanymi genotypami oraz indukowanych deficytem wody.

Prezentowane wyniki stanowią część badań w projekcie, którego celem jest wyjaśnienie roli współdziałania brassinosteroidów, giberelin i strigolaktonów w kształtowaniu architektury roślin jęczmienia w warunkach niedoboru wody. Uzyskane wyniki pozwolą na lepsze zrozumienie skoordynowanej hormonalnej regulacji wzrostu i rozwoju roślin jęczmienia w warunkach optymalnych oraz stresu suszy.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2016/23/B/NZ9/03548)

Wysokoprzepustowe fenotypowanie korzeni jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) w warunkach niedoboru wody

Piotr Ogrodowicz¹, Anetta Kuczyńska¹, Krzysztof Mikołajczak¹, Michał Kempa¹, John Doonan², Fiona Corke², Kevin Williams², Paweł Krajewski¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska

²Uniwersytet w Aberystwyth, Narodowe Centrum Fenomiki Roślin, IBERS, Ceredigion SY23 3EB, Wielka Brytania

e-mail: pogr@igr.poznan.pl

W badaniach dotyczących fenotypowania największa uwaga skupiona jest na części nadziemnej roślin. Zauważalna dysproporcja między badaniami części nadziemnych roślin a podziemnych wynika z trudności technicznych prowadzenia obserwacji korzeni w trakcie wzrostu roślin. Postęp w badaniach dotyczących wpływu czynników genetycznych i środowiskowych na kształtowanie systemu korzeniowego może dokonać się poprzez rozwój nowych metod fenotypowania, nieinwazyjnych, precyzyjnych, o wysokiej przepustowości.

Celem prowadzonych badań była ocena parametrów systemu korzeniowego 50 genotypów jęczmienia jarego poprzez zastosowanie najnowszych technik obrazowania korzeni w warunkach kontrolnych oraz w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania roślin. Wysokoprzepustowe fenotypowanie korzeni na platformie przeprowadzone zostało w National Plant Phenomics Centre (NPPC), Aberystwyth University, Walia. Doświadczenie prowadzone było na jednym z kilku systemów do fenotypowania zainstalowanych w NPPC, w kontrolowanych warunkach temperatury i światła. Wybór systemu związany był z dużą przepustowością instalacji oraz możliwością modelowania warunków wilgotnościowych. Analizy zostały wykonywane przed wystąpieniem niedoboru wody, w trakcie jego trwania oraz w końcowym okresie stresu suszy. Stres niedoboru wody trwał od fazy krzewienia (faza 21 w skali BBCH) przez okres 14 dni. Równolegle w ten sam sposób prowadzono i monitorowano rośliny kontrolne, rosnące w warunkach optymalnego nawodnienia. Obrazowanie roślin było między innymi ukierunkowane na całkowitą długość korzeni, liczbę korzeni bocznych, szerokość systemu korzeniowego oraz szybkość wydłużenia korzeni.

W celu opracowania odpowiedniej metody oraz warunków doświadczalnych przeprowadzono doświadczenie wstępne. Uzyskano w ten sposób wyniki, które pozwoliły na wytypowanie odpowiedniej metody uprawy roślin, a także opracowano zasady utrzymywania warunków wilgotnościowych. Za pomocą procesu obrazowania przy użyciu urządzenia Root Rig uzyskano szereg obrazów struktur korzeniowych z różnych punktów czasowych trwania okresu suszy. Zaobserwowano różnicę w rozwoju korzeni bocznych oraz korzeni głównych („wiodących”) w dwóch odmiennych warunkach wilgotnościowych (warunki kontrolne oraz warunki stresowe), przy czym poszczególne genotypy wykazywały różne strategie wzrostu korzeni w niekorzystnych warunkach wilgotnościowych.

Ukierunkowanie badań na precyzyjną analizę korzeni w trakcie suszy jest szczególnie ważne, ponieważ w warunkach ograniczonej dostępności wody spada wydajność dyfuzji między powierzchnią korzenia a warstwą podłoża, zmianie ulega pobieranie składników odżywczych przez system korzeniowy oraz dystrybucja i wykorzystanie asymilatów co wpływa na cały fenom rośliny, a w konsekwencji na jej plon.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (nr Hor.hn.802.18.2018, Zadanie 106)

Molekularne podstawy przystosowania siewek pszenicy jarej do suszy glebowej

Agnieszka Ostrowska, Anna Fiust, Tomasz Hura

Instytut Fizjologii Roślin imienia Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Niezapominajek 21, 30-239 Kraków

e-mail: a.ostrowska@ifr-pan.edu.pl

Susza glebowa nadal pozostaje poważnym problemem i wyzwaniem dla rolnictwa. Jest ona nieprzewidywalnym zjawiskiem pogodowym, które powoduje straty ekonomiczne przez ograniczenie plonowania roślin.

Deficyt wody w glebie, w zależności od intensywności, czasu trwania oraz fazy rozwojowej zbóż, może indukować ekspresję różnych genów, a tym samym zróżnicowane mechanizmy aklimatyzacji roślin do tego stresu. Jare odmiany pszenicy są szczególnie wrażliwe na deficyt wody we wczesnej fazie wzrostu przypadającej na okres wiosenny.

W doświadczeniu wykorzystano siewki pszenicy jarej odmiany Zadra. Rośliny poddano działaniu 4-dniowej suszy po 4 dniach od spęcznienia ziarniaków (heterotroficzne siewki – odporne) oraz po 6 dniach od spęcznienia ziarniaków (autotroficzne siewki – wrażliwe). Wykonano analizy ekspresji genów *HVA1*, *srg6*, *HSP70-90* oraz *RuBp*. Równocześnie przeprowadzono pomiary względnej zawartości wody (RWC), wymiany gazowej oraz potencjału osmotycznego w liściach.

Zaobserwowano odmienne reakcje na stres wodny u heterotroficznych i autotroficznych siewek pszenicy jarej. Różnice te dotyczyły parametrów fizjologicznych, jak i poziomu ekspresji genów. Największe różnice wystąpiły w przypadku genu *HVA1*. Poziom jego ekspresji podczas suszy u autotroficznych siewek był ponad stukrotnie wyższy od poziomu zanotowanego dla siewek heterotroficznych. W fazie autotroficznej obserwowano również zwiększoną - lecz w mniejszym stopniu - akumulację transkryptu *srg6*. Odmienne efekty zanotowano dla *HSP70-90* oraz *RuBp*, których ekspresja w fazie autotroficznej była niższa niż w fazie heterotroficznej. Podczas badania parametrów fizjologicznych w fazie autotroficznej, największe różnice między roślinami poddanymi działaniu suszy, a roślinami kontrolnymi zauważalne były w obniżonym RWC i potencjale osmotycznym w liściach. W fazie heterotroficznej wpływ suszy na te parametry był istotnie mniejszy. Otrzymane wyniki w większości potwierdziły wrażliwość autotroficznych siewek pszenicy jarej na suszę glebową. Wykazano również, że jedynie 2 dniowa różnica w aplikacji suszy, przypadającej jednak na odmienne fazy wzrostu siewek, powoduje szereg odmiennych reakcji fizjologicznych i molekularnych.

Zróźnicowanie i podobieństwa mikrobiomu ryzosfery roślin uprawnych stosowanych w międzyplonach ścierniskowych

Małgorzata Jędrzycka¹, Tomasz Piechota², Idzi Siatkowski³, Agnieszka Wolna-Maruwka⁴

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Katedra Agronomii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60 632 Poznań

³Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

⁴Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

email: mjed@igr.poznan.pl

Celem badań była analiza porównawcza mikrobiomu glebowego ryzosfery czterech roślin uprawnych stosowanych jako międzyplony, w tym rzepaku ozimego (*Brassica napus*), żyta zwyczajnego (*Secale cereale*), rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus*) i facelii błękitnej (*Phacelia tanacetifolia*). W badaniach wykorzystano próbki gleby pochodzące z doświadczenia ścisłego przeprowadzonego w Zakładzie Doświadczalno-Dydaktycznym Uprawy Roli i Roślin Gorzyń, stacja doświadczalna Brody, na glebie klasy IVa (gleba płowa, piasek gliniasty, pH 6,0), na poletkach o wymiarach 2,25 × 9 m, w czterech powtórzeniach. Przedplon w każdym przypadku stanowiła pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum*). Próbkę pobierano tuż przed zakończeniem jesiennej wegetacji (20 listopad 2018). Rośliny znajdowały się w następujących fazach rozwojowych: rzepak – rozeta 8-10 liści, żyto – koniec krzewienia, rzodkiew – rozwój pędu głównego, początek kwitnienia, facelia – rozwój pędu głównego. Stosując metodę Shotgun w systemie MiSeq Illumina oceniono mikrobiom bakteryjny i poszukiwano różnic i podobieństw w populacjach bakterii ryzosfery wymienionych roślin. Założono, że do głównych czynników warunkujących skład jakościowy i ilościowy bakterii należą: wartość pH podłoża i skład wydzielanych metabolitów korzeniowych, jak również wzajemne interakcje między mikroorganizmami.

Największą bioróżnorodnością mikrobiologiczną na poziomie gromady, klasy, rzędu i rodziny charakteryzowała się ryzosfera rzepaku, najmniejszą – facelii. W glebie pod uprawą żyta stwierdzono natomiast najwięcej rodzajów i gatunków bakterii. Analiza metagenomowego DNA bakteryjnego z ryzosfery rzepaku, żyta i rzodkwi wykazała obecność rzadko opisywanych w literaturze bakterii ekstremalnych środowisk oraz endosymbiontów popularnych owadów np. pluskwiaków i pasikoników. Z ryzosfery facelii nie wyizolowano żadnego odrębnego rodzaju bakterii charakterystycznego tylko i wyłącznie dla tej rośliny. Metoda sekwencjonowania nowej generacji pozwoliła ponadto na wskazanie trzydziestu dziewięciu gatunków bakterii charakterystycznych wyłącznie dla ryzosfery rzepaku i rzodkwi (rodzina roślin kapustowatych). Co ciekawe, w tym zestawie znajdowały się niektóre bakterie zdolne do rozkładu skrobi, celulozy i hemicelulozy. W bazach danych, z których czerpane są sekwencje DNA znajdują się liczne bakterie związane ze środowiskiem ludzi oraz zwierząt domowych i gospodarskich, w tym wiele bakterii chorobotwórczych. Analiza metagenomowa wykazała ich obecność w środowisku glebowym roślin uprawnych stosowanych w międzyplonach ścierniskowych.

Zmiany frekwencji askospor grzybów *Leptosphaeria maculans* i *L. biglobosa* w Polsce w latach 2004-2019

Joanna Kaczmarek¹, Leszek Menzel², Katarzyna Kluska³, Magdalena Wójcik³, Beata Żuraw⁴, Zbigniew Karolewski⁵, Idalia Kasprzyk³, Małgorzata Jędrzycka¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Dział Rolniczy DowDuPont, Corteva Agriscience, ul. Postępu 17 B, 02-676 Warszawa

³Zakład Monitoringu Środowiska, Instytut Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

⁴Katedra Hydrobiologii i Ochrony Ekosystemów, Wydział Biologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Dobrzańskiego 37, 20-262 Lublin

⁵Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dąbrowskiego 159, 60-594 Poznań

e-mail: jkac@igr.poznan.pl

Jedną z najbardziej rozpowszechnionych i najgroźniejszych chorób rzepaku w Polsce i na świecie jest sucha zgnilizna kapustnych. Jej przyczyną są dwa gatunki grzybów rodzaju *Leptosphaeria*: *L. maculans* oraz *L. biglobosa*. Gatunki te różnią się stopniem chorobotwórczości, lecz w pierwszej fazie porażania roślin wywołują podobne objawy chorobowe. Inokulum pierwotne stanowią zarodniki workowe – askospory, które powstają w pseudotecjach – owocnikach stadium doskonałego. Zarodniki infekują liście, a z nich grzyb przerasta do łodygi. Zniszczenie wiązek przewodzących przyczynia się do obniżenia plonu roślin.

Monitorowanie stężenia askospor w powietrzu przy pomocy pułapek na zarodniki wspomaga wybór optymalnego terminu wykonania zabiegów fungicydowych, a analiza ilościowa inokulum pierwotnego każdego z gatunków patogena umożliwi dobranie odpowiedniej dawki preparatu grzybobójczego. Badania dotyczyły ustalenia epidemiologii choroby ze szczególnym uwzględnieniem czasu, warunków i intensywności uwalniania zarodników każdego z tych gatunków. Pod względem wielkości i kształtu zarodniki tych gatunków nie różnią się; do ich detekcji niezbędne jest zastosowanie metod molekularnych.

Próby stanowiły taśmy z pułapki na zarodniki (Burkard Manufacturing, UK) umieszczonych w 10 miejscowościach w Polsce. Badania prowadzono w latach 2004-2019, od 1 września do 30 listopada. Taśmę cięto w poprzek na odcinki długości 48 mm, odpowiadające jednej dobie pracy pułapki. Każdy odcinek ponownie przecinano wzdłuż na dwie równe części - jedną z nich wykorzystywano do obserwacji mikroskopowych, a drugą do analiz molekularnych. Do oznaczenia stężenia DNA grzybów *L. maculans* i *L. biglobosa* zastosowano metodę Real-Time PCR. W reakcji amplifikacji użyto Sybr Green Jumpstart Taq Readymix lub Platinum Quantitative PCR SuperMIX-UDG.

W trakcie 15 lat badań stwierdzono duże przyspieszenie występowania poszczególnych stadiów rozwojowych w cyklu życiowym tych patogenów, zwiększające się stężenia askospor, większą liczbę dni z zarodnikami obecnymi w powietrzu i wcześniejsze rozpoczęcie ich uwalniania. Wyniki w dużej mierze zależały od roku, sezonu i regionu kraju. We wszystkich badanych regionach stężenie zarodników grzyba *L. maculans* było wyższe niż *L. biglobosa*. W każdym sezonie zarodniki *L. maculans* pojawiały się w powietrzu wcześniej aniżeli zarodniki *L. biglobosa* i były wykrywane przez większą liczbę dni. Badania wykazały, że zagrożenie występowania suchej zgnilizny kapustnych przybiera na sile. Zwalczanie tej choroby nadal będzie stanowiło duże wyzwanie dla plantatorów rzepaku ozimego w Polsce.

Diversity of plant partners and pathogens - screening for potential benzenediol lactone producers among higher fungi

Michał Kawaliło, Zuzanna Dutkiewicz, Monika Urbaniak, Justyna Lalak-Kańczugowska, Grzegorz Koczyk

Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Strzeszyńska 34, 60-479, Poznań
e-mail: mkaw@igr.poznan.pl

Fungal macrolactones are secondary metabolite compounds which exhibit many properties, including crucial antimicrobial and fungitoxic activities. The high diversity of macrolactones seems to result from an ancient but ongoing ‘*fungus war*’ – competition amongst various taxa for limited environment niches (as pathogens or saprobes). Down the line, identification of new benzenediol lactones producers may be useful for development of new plant protection strategies, identifying toxigenic strains or for finding new candidates for seed coating with endophytic fungi. The lactones are typically synthesised by a tandem array of polyketide synthases (PKSs): a highly reducing PKS (HR-PKS) capable of producing a linear, starter precursor molecule and non-reducing PKS (NR-PKS) capable of synthesising a longer product and the macrolactone cyclisation. Biosynthesis is especially remarkable due to known capability of the enzymes to synthesise molecules in bacterial (C3-C8 cyclisation; dihydroxyphenylacetic acid lactones) as well as fungal (C2-C7; resorcylic acid lactones) modes. Additionally, the explicit usage of advanced phylogenetic techniques (“phylogenetic roadmaps”) supports the notion that horizontal transfer was and continues to be widespread among macrolactone producers.

Based on the *in silico* annotation of more than 1500 fungal genomes, we identified relationships between multiple examples of homologous NR/HR-PKS arrays likely to be involved in biosynthesis of macrolactones or related compounds. Here, we present the results of preliminary screening of distant classes of *Ascomycota* related to known macrolactone producers, using an array of degenerate PCR markers.

Our strategy has allowed us to pinpoint potential benzenediol producers especially among members of *Diaporthales* (*Coniella* sp., *Diaporthe* sp. and *Valsa* sp. members) and *Hypocreales* order (*Fusarium* sp., *Ilyonectria* sp., *Pochonia* sp. members) as well as other representatives of distantly related orders of filamentous fungi (: *Acephala*, *Curvularia*, *Phoma* and *Talaromyces* genera).

Research was supported by National Science Center (project number: OPUS/2016/21/B/NZ9/01875)

Zmienność genetyczna oraz profile cukrowców rozpuszczalnych ziarniaków wybranych gatunków z rodzaju *Avena*

Sylwia Milarska, Piotr Androsiuk, Justyna Dulcka, Wioleta Kellmann-Sopyła, Joanna Szablińska, Lesław Lahuta, Irena Giełwanowska

Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, ul. M. Oczapowskiego 1A/11510-719 Olsztyn
e-mail: piotr.androsiuk@uwm.edu.pl

Światowe zasoby genetyczne rodzaju *Avena* obejmują około 220 000 genotypów zdeponowanych w bankach nasion. Charakterystyka genetyczna tych zasobów stanowi interesujący obszar badawczy dostarczający wartościowych danych korzystnych z punktu widzenia praktyki hodowlanej jak i służących ochronie bioróżnorodności. Celem niniejszej pracy była ocena zmienności genetycznej oraz zróżnicowania jakościowego i ilościowego cukrowców rozpuszczalnych w ziarniakach 13 gatunków z rodzaju *Avena* (*A. abyssynica*, *A. atlantica*, *A. barbata*, *A. byzantina*, *A. damascena*, *A. fatua*, *A. hirtula*, *A. insularis*, *A. longiglumis*, *A. nuda*, *A. sativa*, *A. sterylis* oraz *A. strigosa*), pozyskanych z krajowych i zagranicznych banków nasion.

Analizy molekularne 60 genotypów reprezentujących 13 gatunków z rodzaju *Avena* przeprowadzone z użyciem markerów iPBS umożliwiły wykrycie polimorfizmu zarówno między badanymi gatunkami jak i pomiędzy genotypami reprezentującymi poszczególne gatunki. W reakcjach PCR z 7 starterami iPBS uzyskano łącznie 83 fragmenty, wśród których 17 (20,5%) było polimorficznych. W jednej reakcji otrzymano od 7 (w przypadku startera iPBS2376) do 21 (dla startera iPBS2378) amplikonów. Utworzono matrycę indeksów odległości genetycznej Nei'a w oparciu o wyniki badań polimorfizmu markerów iPBS. Wartość indeksów odległości wahała się od 0,015 do 0,199.

Analiza profilu cukrowców rozpuszczalnych wykonana za pomocą wysokosprawnej chromatografii gazowej przeprowadzona została na wybranej grupie 50 genotypów reprezentujących 13 gatunków z rodzaju *Avena*, tych samych, które analizowano za pomocą markerów iPBS. Pula cukrowców rozpuszczalnych oznaczona w dojrzałych ziarniakach stanowiła stosunkowo niewielki udział ich suchej masy, bo od 0,5 do 2%. 50 badanych obiektów owsa charakteryzowało się niemal identycznym składem jakościowym cukrowców rozpuszczalnych. W analizowanych próbach zidentyfikowano sacharozę, oligosacharydy z rodziny rafinozy (rafinozę i stachiozę), cyklitole (*myo*-inozytol, sorbitol, galaktinol i digalakto-*myo*-inozytol), niewielkie ilości monosacharydów (fruktozy i glukozy) oraz śladowe ilości maltozy. Pod względem ilościowym dominującym cukrowcem u wszystkich 50 obiektów była sacharoza, a w dalszej kolejności oligosacharydy rodziny rafinozy. Pomiędzy analizowanymi gatunkami oraz w obrębie ich genotypów występowały różnice w zawartości oznaczonych związków cukrowych. Hierarchiczna analiza wariancji wykazała, że poziom oznaczonych w badaniu związków cukrowych w istotny sposób zależy zarówno od gatunku, jak i genotypu.

Zróżnicowanie współczesnych i historycznych odmian *Avena sativa* L.

Edyta Paczos-Grzęda¹, Sylwia Sowa¹, Maja Boczkowska², Aneta Koroluk¹, Joanna Toporowska¹, Ewelina Marek¹, Kinga Jędra¹

¹Institut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

²Ogród Botaniczny w Powsinie, PAN; Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików
e-mail: edyta.paczos@up.lublin.pl

Na początku ubiegłego stulecia owies był jednym z najczęściej zasiewanych na świecie zbóż. Obecnie uprawiany jest na znacznie mniejszym areale ok. 10 mln ha, co stanowi zaledwie 5% powierzchni zajmowanej przez pszenicę. W Polsce, która jest jednym z największych producentów tego zboża na świecie, powierzchnia uprawy nie przekracza 0,5 mln ha. Zboże to odznacza się dobrymi właściwościami fitosanitarnymi, konkurencyjnością wobec chwastów, ma niewielkie wymagania cieplne i glebowe. Ziarno owsa ma wyjątkowo wysoką wartość fizjologiczno-żywniową, profilaktyczno-dietetyczną, leczniczą, a także szerokie zastosowania przemysłowe. Wyprodukowane ziarno w 80% wykorzystywane jest na paszę, w 15% na materiał siewny, a reszta przeznaczona jest na cele konsumpcyjne.

Problemem współczesnych odmian wielu gatunków roślin, m.in. zbóż, w tym również odmian owsa jest reprezentowanie stosunkowo wąskiej puli genowej, a w konsekwencji również ograniczonej zmienności fenotypowej. Stwierdzono, że źródłem korzystnych i łatwo dostępnych alleli genów warunkujących pożądane cechy mogą być odmiany historyczne z końca XIX i początków XX w. Odmiany te mogą charakteryzować się przede wszystkim większą odpornością na stres biotyczny i abiotyczny. Allele genów warunkujących te cechy mogły zostać utracone w trakcie wieloletniej, ukierunkowanej na wysokie plonowanie selekcji.

Celem prowadzonych badań była ocena zróżnicowania genetycznego 72 polskich historycznych i współczesnych odmian owsa zwyczajnego. Wykorzystano w tym celu dwie metody identyfikacji polimorfizmu DNA: ISSR i REMAP oraz analizę współczynników rodzicielstwa (COP) w oparciu o dane rodowodowe. Analizy wykazały istnienie trzech grup, z których najbardziej odrębną i niewykorzystaną zupełnie w hodowli odmian współczesnych była grupa odmian historycznych wpisanych do rejestru na początku XX w. Stare odmiany mogą więc służyć jako źródło użytecznych alleli, które nigdy nie były używane w polskiej hodowli. Stwierdzono również znaczny wzrost zróżnicowania materiałów wyjściowych stosowanych w hodowli twórczej owsa po roku 2000.

Mikrobiom bakteryjny w ryzosferze rzepaku (*Brassica napus*) z objawami kiły kapusty (*Plasmodiophora brassicae*)

Noor Ramzi¹, Idzi Siatkowski², Agnieszka Wolna-Maruwka³, Małgorzata Jędrzycka¹

¹Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

³Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

e-mail: mjed@igr.pozan.pl

Plon roślin zależy od ich potencjału genetycznego oraz warunków środowiskowych, w których są one uprawiane. Jednym z nich jest żyzność gleby, na którą składa się zawartość składników mineralnych oraz udział i skład materii organicznej. Rozkład materii organicznej do nieorganicznej zapewniany jest przez reducentów, czyli organizmy cudzożywne wykorzystujące materię organiczną jako pożywienie do własnego rozwoju. Zwiększenie ilości materii nieorganicznej na polach wykorzystywanych rolniczo odbywa się poprzez rozkład martwej materii organicznej i dokonywany jest głównie przez bakterie oraz grzyby bytujące w glebie i na resztkach poźniwnych.

Celem badań było poznanie składu zbiorowiska bakterii występujących w ryzosferze roślin rzepaku porażonych przez *Plasmodiophora brassicae*. Patogen ten wywołuje groźną chorobę roślin kapustowatych, zwaną kiłą kapusty. W badaniach porównano próbki gleby z północno-wschodniej Polski ze stanowisk z naturalnym silnym porażeniem roślin rzepaku. W badaniu zastosowano metodę Shotgun w systemie MiSeq Illumina. Całkowite genomowe DNA wyizolowano metodami Wallenhammar i in. (2012) oraz Zhou i in. (1996) z modyfikacjami. Stwierdzono, że 97% z 10 milionów odczytów stanowiły bakterie. Najliczniejszą grupę stanowiły *Proteobacteria* (44%), z nich zaś 31% należało do klasy *Alphaproteobacteria*, do rzędu *Rhizobiales*.

Analiza genetyczna mikrobiomu zawartego w próbkach gleby wykazała ich duże podobieństwo. W obrębie gromady stwierdzono 257 identycznych jednostek taksonomicznych (OTU), w obrębie klasy 356, rzędu 1177, rodziny 945, rodzaju 1260, natomiast identycznych gatunków było aż 3414. Wykazano, że w badanych glebach pojawiały się sekwencje należące między innymi do rodzajów *Bacillus*, *Clostridium*, *Ruminococcus*, *Cellulomonas*, *Streptomyces*, oraz *Arthrobacter*. Metoda izolacji DNA miała wpływ na skład i proporcje ilościowe bakterii w próbce. Większą różnorodność mikrobiomu bakteryjnego uzyskano po zastosowaniu izolacji wg. Zhou. Ponadto zaobserwowano, że różnice w składzie i obfitości populacji bakterii związane były z lokalizacją pola, z którego dokonywano poboru próbek gleby z ryzosfery porażonych roślin rzepaku.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie 50)

Bacteria in the rhizosphere of oilseed rape (*Brassica napus*) with the symptoms of clubroot (*Plasmodiophora brassicae*)

Noor Ramzi¹, Idzi Siatkowski², Agnieszka Wolna-Maruwka³, Małgorzata Jędryczka¹

¹*Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań;*

²*Department of Mathematical and Statistical Methods, Poznań University of Life Sciences*

³*Department of General and Environmental Microbiology, Poznań University of Life Sciences*

e-mail: mjed@igr.pozan.pl

Yield depends on plant genetic potential and the environmental conditions in which they are cultivated. One of them is soil fertility, which consists of mineral compounds and organic matter. The decomposition of organic to inorganic matter is provided by reducers, i.e. the organisms using organic matter as feed for their own development. The increase of the amount of inorganic matter in agricultural fields takes place through the decomposition of dead organic matter, mainly done by bacteria and fungi living in soil and on crop residues.

The aim was to study the composition of the bacterial community present in the rhizosphere of rapeseed plants infected with *Plasmodiophora brassicae*. This pathogen causes a damaging disease of brassicas, called clubroot. The study compared soil samples from the fields of oilseed rape with natural strong infestation by the pathogen, located in north-eastern Poland. The search was done by NGS with the Shotgun method using the MiSeq Illumina system. Total genomic DNA was isolated by Wallenhammar et al. (2012) and Zhou et al. (1996) with modifications. Bacteria constituted 97% of the 10 million reads. The most numerous group was Proteobacteria (44%), of which 31% belonged to the Alphaproteobacteria class, the Rhizobiales order.

Genetic analysis of the microbiome contained in soil samples showed their great similarity. Within the phylum 257 operational taxonomic units (OTU) were identical, within class 356, order 1177, family 945, genus 1260, while the number of identical species reached 3414. In the studied soils DNA sequences indicated the presence of the genera *Bacillus*, *Clostridium*, *Ruminococcus*, *Cellulomonas*, *Streptomyces*, and *Arthrobacter*. The DNA isolation method affected the number and composition of bacteria in studied samples. Greater diversity of the bacterial microbiome was obtained after DNA extraction according to Zhou. The differences in the composition and abundance of bacterial populations were associated with the location of the field from which soil samples were taken.

Research was supported by the Ministry of Agriculture and Rural Development (Task 50)

Struktura mykobiomu endosfery form jarych pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w warunkach kontrolowanych i polowych

Sylwia Salamon, Katarzyna Mikołajczak, Lidia Błaszczak

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: ssal@igr.poznan.pl

Mikroorganizmy, które zasiedlają wewnętrzne tkanki roślin, nie wywierając przy tym negatywnego wpływu na swojego gospodarza określamy mianem endofitów. Ich rola nie jest do końca poznana, jednak uważa się, że obecność omawianych mikroorganizmów niesie za sobą szereg korzyści. Obserwuje się stymulację wzrostu roślin oraz zwiększoną tolerancję na stresy abiotyczne. Endofity ograniczają ponadto rozwój patogenów poprzez wzbudzenie reakcji obronnych gospodarza oraz z uwagi na konkurencję o miejsce i składniki odżywcze. Co więcej, niektóre endofity wykazują aktywność antagonistyczną względem patogenów roślin.

Pszenica stanowi istotne źródło pokarmu dla człowieka, zarówno na drodze bezpośredniej jak i pośredniej poprzez jej wykorzystanie w żywieniu zwierząt gospodarskich. Kluczowa wydaje się być intensyfikacja produkcji pszenicy spowodowana zwiększającą się liczbą ludności na świecie, przy dodatkowo zmieniającym się klimacie i warunkach środowiska rolniczego. Wiedza o roli endofitów oraz zrozumienie ich złożonych interakcji z gospodarzem, może pozwolić na wykorzystanie symbiotycznych mikroorganizmów do zwiększenia tolerancji na pojawiające się stresy biotyczne i abiotyczne roślin pszenicy.

Celem prezentowanych badań była izolacja i charakterystyka molekularna społeczności grzybów zasiedlających wewnętrzne tkanki organów pszenicy (liście, łodygi, ziarniaki, korzenie) oraz porównanie struktury mykobiomu pięciu jarych odmian pszenicy (Rospuda, Rusalka, Bombona, Kandela, Arabella) uprawianych w warunkach kontrolowanych oraz polowych. Identyfikację grzybów wyizolowanych z wysterylizowanych części roślin przeprowadzono z wykorzystaniem sekwencjonowania regionów ITS (*internal transcribed spacer region*), SSU (*small-subunit*), LSU (*large-subunit*) oraz fragmentów genów *tub2* (*beta tubulin*), *tef1* (*translation elongation factor 1-alpha*) i *RBPI* (*largest subunit of RNA polymerase*).

Uzyskano 412 izolatów grzybów endofitycznych, które zaklasyfikowano do następujących rodzajów: *Sarocladium sp.*, *Penicillium sp.*, *Anthracycystis sp.*, *Phoma sp.*, *Dactylonectria sp.*, *Trichoderma sp.*, *Alternaria sp.*, *Fusarium sp.*, *Microdochium sp.*, *Cladosporium sp.*, *Chrysosporium sp.*, *Acremonium sp.*, *Periconia sp.*, *Setophoma sp.*, *Setosphaeria sp.*, *Epicoccum sp.*, *Backusella sp.*, *Geomyces sp.*. Zaobserwowano liczne różnice w strukturze endosfery pomiędzy odmianami uprawianymi w warunkach kontrolowanych i polowych.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki (numer projektu: 2017/27/B/NZ9/01591)

Odporność na rdzę koronową genotypów *Avena sterilis* L. zgromadzonych w KCRZG

Sylwia Sowa, Edyta Paczos-Grzęda, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin
e-mail: sylwia.sowa@up.lublin.pl

Głównymi chorobami występującymi w owsie są rdza koronowa, mączniak prawdziwy oraz fuzariozy powodowane przez różne gatunki z rodzaju *Fusarium*. Spośród nich, chorobą najczęściej pojawiającą się na owsie, jest rdza koronowa wywoływana przez grzyb *Puccinia coronata* Cda. f.sp. *avenae* P. Syd. & Syd. Grzyb może rozwijać się na wszystkich zielonych częściach roślin, głównie jednak liściach, pochwach liściowych i wiechach powodując straty plonu sięgające nawet 50%, gdyż porażenie zmniejsza wydajność fotosyntezy, co prowadzi do znacznego zmniejszenia transportu węglowodanów do rozwijającego się ziarna obniżając jego jakość. Infekcja osłabia również rozwój słomy sprzyjając wyleganiu. Chore rośliny są także mniej tolerancyjne na suszę ze względu na zredukowany system korzeniowy.

Istnieją różne metody zapobiegania rdzy koronowej owsa, lecz żadna z nich nie jest w stanie zapewnić pełnej kontroli. Wśród nich można wyróżnić: zabiegi agrotechniczne (płodozmian, wczesny siew, eliminowanie żywicieli pośrednich), metody chemiczne (fungicydy systemiczne) oraz wprowadzanie odporności genetycznej. Specyficzna rasowo odporność genetyczna warunkowana monogenicznie jest powszechnie stosowana u owsa w walce z rdzą koronową i, jak dotąd, jest najskuteczniejszym sposobem ochrony przed tą chorobą. Dotychczas zidentyfikowano ponad 100 genów *Pc* warunkujących odporność na porażenie przez patogen. Geny odporności pochodziły w większości z genotypów dzikiego gatunku *A. sterilis* zebranych w Izraelu, Algierii czy Tunezji.

W niniejszej pracy scharakteryzowano odporność na *Puccinia coronata* 41 genotypów *A. sterilis* zgromadzonych w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, zebranych podczas polskich ekspedycji kolekcyjnych do Maroka i Iranu oraz na Ukrainę. Materiały te nie były dotychczas przedmiotem tego typu badań. Do testowania wykorzystano pięć izolatów o różnym profilu wirulencji. Wśród badanych genotypów 76% wykazało heterogeniczny wzór porażenia, 17% było wrażliwych, a 7% odpornych. Badanie to wykazało, że genotypy *A. sterilis* zebrane w Maroku i zachowane w banku genów jako złożone populacje, mogą być bardzo cennym źródłem odporności na rdzę koronową.

Interaktywne narzędzie monitorujące bioróżnorodność agrofagów roślin rolniczych – Platforma Sygnalizacji Agrofagów

Anna Tratwal, Marcin Baran, Magdalena Jakubowska, Kamila Roik, Beata Wielkopolan

*Zakład Monitorowania i Sygnalizacji Agrofagów, Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Władysława Węgorka 2, 60-318 Poznań
e-mail: M.Baran@iorpib.poznan.pl*

Instytut Ochrony Roślin-PIB w Poznaniu, we współpracy z Instytutem Ogrodnictwa w Skierniewicach, Instytutem Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-PIB w Puławach, w roku 2016 uruchomił portal internetowy *Platforma Sygnalizacji Agrofagów* (<http://www.agrofagi.com.pl>). Do prowadzenia *Platformy Sygnalizacji Agrofagów* włączyły się również wojewódzkie ośrodki doradztwa rolniczego, Centrum Doradztwa Rolniczego w Brwinowie, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie oraz kilka firm prywatnych z sektora rolnego. *Platforma Sygnalizacji Agrofagów* jest istotnym elementem wspierającym realizację celów i działań związanych z przestrzeganiem wytycznych integrowanej produkcji i ochrony roślin uprawnych, ponieważ przedstawia w czasie rzeczywistym obraz zagrożeń na terenie kraju co czyni ją przydatnym narzędziem wykorzystywanym w programach i systemach ochrony roślin. Bardzo ważnym elementem integrowanej ochrony jest systematyczne monitorowanie agrofagów roślin uprawnych. Monitoring umożliwia określenie aktualnego stanu fitosanitarnego roślin uprawnych dla potrzeb prognozowania optymalnego terminu wykonania zabiegu ochronnego. Umiejętne wykorzystanie wyników obserwacji polowych, przyczynia się do zminimalizowania ryzyka ewentualnych szkód i wyeliminowania nadmiernego często, niepotrzebnego stosowania środków ochrony roślin, na co zwraca uwagę Dyrektywa o integrowanej ochronie roślin. Celem integrowanej ochrony roślin jest uzyskanie założonych przez producenta plonów przy jak najmniejszej ingerencji w ekosystem rolniczy oraz zachęcenie do stosowania naturalnych sposobów zwalczania szkodników.

Krajowy plan działania na rzecz ograniczenia ryzyka związanego ze stosowaniem środków ochrony roślin, zakłada upowszechnianie ogólnych zasad integrowanej ochrony roślin. W związku z tym zaistniała potrzeba stworzenia bazy danych składającej się z kompendium wiedzy w zakresie ochrony roślin dla wszystkich użytkowników, którzy pragną poszerzyć swoją wiedzę w danym zakresie oraz wyników monitorowania najważniejszych agrofagów roślin rolniczych.

Platforma Sygnalizacji Agrofagów jest wielostronnym narzędziem ułatwiającym, wspomagającym podejmowanie decyzji wykonania zabiegów ochrony roślin w uprawach pszenicy ozimej, rzepaku ozimego, kukurydzy, ziemniaka, buraka cukrowego oraz roślin bobowatych grubonasiennych. Najważniejszą funkcją *Platformy Sygnalizacji Agrofagów* jest publiczne udostępnienie wyników monitorowania agrofagów w uprawach roślin rolniczych. Monitoring jest prowadzony w około 350 punktach na terenie kraju. Tak przystępnie udostępniona wiedza powinna z powodzeniem być wykorzystywana w praktyce rolniczej zarówno na poziomie służb doradczych jak i indywidualnych producentów.

Identyfikacja genów odporności na łamliwość źdźbła poprzez wykorzystanie markerów molekularnych

Adriana Twardawska¹, Maciej Majka¹, Magdalena Gawłowska¹, Marek Korbas², Jakub Danielewicz², Jolanta Belter¹, Halina Wiśniewska¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Instytut Ochrony Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań
e-mail: atwa@igr.poznan.pl

Łamliwość źdźbła jest jedną z najgroźniejszych chorób pszenicy (*Triticum* L.), powodowaną przez grzyby patogeniczne z rodzaju *Oculimacula*. Pojawia się w rejonach, gdzie występują łagodne zimy oraz chłodne wiosny. W trakcie wegetacji patogen z pochw liściowych przedostaje się na podstawy źdźbła, gdzie na obszarze plam w źdźble tworzy się watowata grzybnia. Skutkiem tego podstawa źdźbła próchnieje i ulega złamaniu. Do tej pory odkryto dwa efektywne geny odporności na omawianego patogena: *Pch1* i *Pch2*. Gen *Pch1* został zidentyfikowany w *Aegilops ventricosa* i translokowany do długiego ramienia chromosomu 7D heksaploidalnej pszenicy. Jest on genem, który najefektywniej redukuje poziom porażenia źdźbła. Gen *Pch2* zlokalizowany na dłuższym ramieniu chromosomu 7A pszenicy odmiany „Capelle-Desprez”. Ze względu na jego mniejszą efektywność traktowany jest jako dodatkowe źródło odporności.

Do identyfikacji genów odporności na łamliwość źdźbła wykorzystano 168 linii pszenicy ozimej oraz odmianę Rendezvous - kontrola pozytywna. Geny analizowano wykorzystując pięć markerów. Pierwszym z nich była endopeptydaza *EpD1b*, marker białkowy silnie sprzężony z locus genu *Pch1*. Równie w bliskiej odległości od locus *Pch1* znajduje się drugi wykorzystany w badaniach marker mikrosatelitarny *Xorw1*, który wykazuje całkowite sprzężenie z genem *Pch1* oraz markerem *EpD1b*. Trzecim markerem wykorzystanym do identyfikacji genu *Pch1* był marker *Xust2001-7DL* u którego ze względu na dużą odległość markera od genu (4,1 cM) może dochodzić do przełamania sprzężenia. Obecność genu *Pch2* identyfikowano za pośrednictwem dwóch markerów *Xcfa2040* oraz *Xwmc525*.

Spośród 168 genotypów pszenicy ozimej zidentyfikowano 6 linii charakteryzujących się obecnością obu genów *Pch1* i *Pch2*, potwierdzonych przez wszystkie wykorzystane markery. Przy pomocy markera izoenzymatycznego zidentyfikowano 19 genotypów z obecnym genem *Pch1*, co dodatkowo zostało potwierdzone markerem *Xorw1*. Siedem genotypów charakteryzowało się obecnością tylko genu *Pch1*. U 99 linii zidentyfikowano wyłącznie gen *Pch2*. U pozostałych genotypów nie stwierdzono genu *Pch1* i *Pch2*.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (numer projektu: HOR.hn. 802.2.2019, Zadanie 2)

Biosynteza oraz zmienność sekwencji genu kodującego syntazę nierybosomalnych peptydów u wybranych gatunków grzybów z rzędu *Hypocreales*

Monika Urbaniak¹, Grzegorz Koczyk², Agnieszka Waśkiewicz³, Łukasz Stępień¹

¹Zespół Interakcji Roślina-Patogen, Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Zespół Ewolucji Funkcji Systemów Biologicznych, Zakład Biometrii i Bioinformatyki, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

³Katedra Chemii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 75, 60-625 Poznań
e-mail: murb@igr.poznan.pl

Grzyby z rzędu *Hypocreales* są szeroko rozpowszechnionymi na świecie producentami bioaktywnych metabolitów wtórnych i znacząco wpływają na jakość upraw oraz na proces przetwarzania żywności i pasz. Istotne znaczenie mają gatunki *Fusarium* będące częstymi patogenami zbóż, a ich produkty metabolizmu wtórnego - mykotoksyny, obniżają jakość produktów spożywczych i paszowych stanowią zagrożenie zdrowotne dla ludzi i zwierząt. Ważną grupę grzybów stanowią entomopatogenne gatunki należące do rodzaju *Isaria*, *Beauveria* oraz *Cordyceps* wykorzystywane jako alternatywa dla pestycydów. Wykazano, że niektóre z nich mogą syntetyzować toksyczne depsypeptydy, głównie bowerycyny (BEAs) oraz eniatyny (ENNs). Strukturalnie BEAs i ENNs należą do nierybosomalnych cyklicznych heksadepsypeptydów, które również są niebezpieczne dla zdrowia ludzi i zwierząt nawet w niskich stężeniach.

Celem badań było porównanie stężenia produktów końcowych metabolizmu wtórnego u wybranych gatunków grzybów za pomocą spektrometrii mas (UPLC-MS/MS). Przeanalizowano również strukturę genu *BEAS* poprzez sekwencjonowanie jego fragmentów z różnych gatunków grzybów należących do *Hypocreales*.

Dziewiętnaście izolatów grzybów należących do jedenastu gatunków *Fusarium avenaceum* (1337), *Fusarium acuminatum* (41/9/3), *Fusarium concentricum* (P35), *Fusarium proliferatum* (RT6.7; RT5.4; A 4.12), *Fusarium verticillioides* (MU12; P36), *Fusarium oxysporum* (MAL 1.4), *Beauveria bassiana* (MU2), *Beauveria felina* (ENC3), *Isaria farinosa* (4447; ENC5; ENC9; MU5), *Isaria fumosorosea* (MU1) oraz *Cordyceps confragosa* (4414; ENC1; ENC6) hodowano na ziarnie ryżu. Po dwóch tygodniach hodowli przygotowano ekstrakty i analizowano je przy użyciu chromatografii cieczowej sprzężonej ze spektrometrią mas. Przygotowano również siedmiodniowe hodowle grzybów na szalkach Petriego z podłożem PDA (Oxoid, Basingstoke, UK) w celu ekstrakcji DNA i dalszych analiz molekularnych. Gen kodujący syntazę peptydów nierybosomalnych (*BEAS*) badano za pomocą dostępnych sekwencji *FpBEAS* pochodzących z *F. proliferatum* (NCBI JF826561.1). Ilościowa analiza bowerycyny i czterech analogów eniatyn (ENN A, ENN A₁, ENN B, ENN B₁) została przeprowadzona z użyciem systemu UPLC™ (Acquity, Waters, Milford, MA, USA) sprzężonym z potrójnym kwadrupolowym spektrometrem mas TQD, (Waters Micromass, Manchester, UK).

Badania wykazały wysoką zmienność cykloheksadepsypeptydów produkowanych przez różne gatunki z rzędu *Hypocreales*.

Badania sfinansowano z projektów NCN OPUS 8 (numer projektu: 2014/15/B/NZ9/01544) oraz PRELUDIUM 13 (numer projektu: 2017/25/N/NZ9/02525)

Genetic parameters and QTLs for total phenolic content and yield of wheat mapping population of CSDH lines under drought stress

Ilona Mieczysława Czyczyło-Mysza¹, Katarzyna Cyganek¹, Kinga Dziurka¹, Edyta Skrzypek¹, Izabela Marcińska¹, Beata Myśków², Michał Dziurka¹, Marzena Warchol¹, Kamila Kapłoniak¹, Jan Bocianowski³

¹*Polish Academy of Sciences The Franciszek Górski Institute of Plant Physiology, Department of Biotechnology, 30-239 Kraków, Niezapominajek 21, Poland*

²*West-Pomeranian University of Technology, Szczecin; Department of Plant Genetics, Breeding and Biotechnology, ul. Słowackiego 17, 71-434 Szczecin, Poland*

³*Poznań University of Life Sciences, Department of Mathematical and Statistical Methods, Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań, Poland*

e-mail: i.czyczylo@ifr-pan.edu.pl, czyczylo-mysza@wp.pl

A doubled haploid population of 94 lines from the Chinese Spring × SQ1 wheat cross was used to evaluate additive and epistasis gene action effects on total phenolic content, grain yield of the main stem, grain number per plant, thousand grain weight and dry weight per plant at harvest based on phenotypic and genotypic observations of CSDH lines. These traits were evaluated under moderate and severe drought stress and compared to well-watered plants. Plants were grown in pots in an open-sided greenhouse. Genetic parameters, such as additive and epistatic effects, affecting total phenolic content, were estimated for eight year-by-drought combinations. Twenty-one markers showed a significant additive effect on total phenolic content in all eight year-by-drought combinations. These markers were located on chromosomes: 1A, 1B, 2A, 2B, 2D, 3A, 3B, 3D, 4A and 4D. Region on 4AL with a stable QTL controlling the phenolic content, confirmed by various statistical methods is particularly noteworthy. In all years and treatments, three statistically significant markers linked to QTL have been identified for both phenols and yield. Thirteen markers were coincident with candidate genes. Our results indicated the importance of both additive and epistasis gene effects on total phenolic content in eight year-by-drought combinations.

***Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides* i *Senna obtusifolia* – wygodne modele w analizach ewolucyjnych roślin strączkowych**

Katarzyna B. Czyż, Grzegorz Koczyk

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: kwyr@igr.poznan.pl

Rośliny strączkowe (*Fabaceae*) stanowią trzecią pod względem wielkości rodzinę roślin dwuliściennych. Na podstawie cech morfologicznych w obrębie *Fabaceae* wyodrębniono trzy podrodziny: *Caesalpinioideae*, *Mimosoideae* i *Papilionoideae*, których cechą charakterystyczną jest zdolność wiązania azotu atmosferycznego poprzez ściśle oddziaływania symbiotyczne z bakteriami *Rhizobiaceae*. Nie wszystkie rośliny strączkowe są zdolne do nodulacji. Ponad 80% gatunków należących do grup *Mimosoideae* i *Papilionoideae* symbiotycznie wiąże azot, podczas gdy tylko 30% gatunków *Caesalpinioideae* wytwarza brodawki korzeniowe. Z powyższych względów, *Caesalpinioideae* stanowią prawdopodobną grupę przejściową oraz dogodny model w badaniach procesów zdolności biologicznego wiązania azotu na poziomie ewolucji genów zaangażowanych w ten proces u roślin strączkowych.

Prowadzone w zespole prace są próbą wyjaśnienia przemian ewolucyjnych prowadzących do wykształcenia i utrzymania zdolności biologicznego wiązania azotu w obrębie rodziny *Fabaceae*, w kontekście dywergentnych podrodziny *Caesalpinioideae* i *Mimosoideae*. Hipotezą wyjściową jest stwierdzenie, iż zróżnicowanie występowania zdolności do nodulacji w starych ewolucyjnie liniach roślin strączkowych ma odzwierciedlenie w składzie jakościowym transkryptomów tychże roślin. Ponadto zakładamy, że nie tylko duplikacja, ale również utrata poszczególnych genów, w tym całych rodzin genowych miała znaczący wpływ na ewolucję stabilnego oddziaływania symbiotycznego. Zgromadzone w wyniku sekwencjonowania nowej generacji dane transkryptomowe pozwolą ustalić czy zmiany w strukturze genomu, prowadzące do adaptacji funkcjonalnej, związanej z wytworzeniem układów symbiotycznych *Fabaceae-Rhizobiaceae* były stopniowe czy pojawiły się nagle. Kompleksowa analiza porównawcza transkryptomów roślin strączkowych pozwoli na wskazanie potencjalnych determinantów nodulacji współdzielonych pomiędzy *Mimosoideae*, *Caesalpinioideae* i *Papilionoideae*. Umożliwi również wnioskowanie o mechanizmach zaangażowanych w kształtowanie zmienności genetycznej roślin strączkowych. Scharakteryzowane zostaną rodziny genów podatne na presję selekcyjną w obrębie ewolucyjnie starych linii *Fabaceae*.

W tej pracy prezentujemy wstępne dane dotyczące uzyskanych sekwencji oraz kompletności złożonych transkryptomów trzech roślin strączkowych: *Cassia sturtii*, *Chamaecrista mimosoides* i *Senna obtusifolia*. W pierwszej kolejności, uzyskane surowe dane zostały przefiltrowane w celu usunięcia odczytów niskiej jakości (<Q10), przycięcia sekwencji starterów/adapterów. Wstępnie przetworzone sparowane odczyty wysokiej jakości zostały złożone w funkcjonalne transkrypty (długości k-mer 20–70 pz). Fragmentaryczne złożenia o różnych parametrach wejściowych (długość k-merów, rodzaj narzędzia) zostały połączone i uzgodnione za pomocą podejścia Evidential Gene (EviGene). Kompletność ortologiczną powstałych transkryptów oceniono za pomocą jednokopijnych ortologów BUSCO v3 na zbiorze genów referencyjnych dla Embryophyta (embryophyta_odb9).

Struktura genetyczna populacji pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) na podstawie kolekcji HYBRE

Monika Mokrzycka¹, Paweł Krajewski¹, Beata Bakera², Monika Rakoczy-Trojanowska², Magdalena Szeliga³, Mirosław Tyrka³, Stefan Stojalowski⁴, Przemysław Matysik⁵, Michał Rokicki⁶

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa

³Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza, al. Powstańców Warszawy 12, 35-959 Rzeszów

⁴Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, al. Piastów 17, 70-310 Szczecin

⁵Hodowla Roślin Strzelce Grupa IHAR Sp. z o.o., ul. Główna 20, 99-307 Strzelce

⁶Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., ul. Kasztanowa 5, 63-004 Tulce

e-mail: mmok@igr.poznan.pl

Hodowla heterozyjnych odmian pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) stanowi odpowiedź na prognozy wzrostu zapotrzebowania na żywność i dążenie do podwojenia plonów pszenicy przed 2050 rokiem. Jednym z kryteriów doboru komponentów rodzicielskich mieszańców F₁ jest jak największy dystans genetyczny (GD). Prezentowane badania miały na celu opisanie struktury populacji ponad 500 form pszenicy zwyczajnej (odmian oraz materiałów pochodzących z dwóch polskich firm hodowlano-nasiennych) na podstawie genotypowania markerami typu DArT-seq, silicoDArT oraz SSR. Strukturę populacji oceniono poprzez analizę współrzędnych głównych na podstawie współczynników pokrewieństwa wyliczonych z różnych typów danych markerowych, poddanych wcześniej filtracji w oparciu o frekwencję rzadszego allelu oraz liczbę brakujących obserwacji. Wykresy wizualizujące strukturę populacji bazujące na 26369 markerach typu silicoDArT oraz 13499 markerach typu DArT-seq wykazują duże podobieństwo, podczas gdy wynik otrzymamy na podstawie 16 par starterów SSR znacznie od nich odbiega. Markery typu DArT-seq oraz SSR posłużyły również do oceny współczynnika heterozygotyczności badanych obiektów, który nie przekraczał, odpowiednio, 0.54 i 0.19. Ocena heterozygotyczności markerów typu DArT-seq pokazała znacznie większą heterozygotyczność loci w genomie D. Współczynniki pokrewieństwa badanych odmian wyznaczone na podstawie danych typu DArT-seq posłużyły do konstrukcji dendrogramu ukazującego związku pomiędzy badanymi obiektami. Otrzymane grupowanie hierarchiczne może być pomocne w ocenie GD przy wyborze komponentów rodzicielskich oraz może posłużyć do wyznaczenia kolekcji podstawowej.

Badania sfinansowano z projektu BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017

Identyfikacja markerów zasocjowanych z MTZ w owsie zwyczajnym

Edyta Paczos-Grzęda¹, Sylwia Sowa¹, Piotr Bednarek², Aneta Koroluk¹, Joanna Toporowska¹, Ewelina Marek¹, Kinga Jędra¹, Jan Sadurski¹

¹Institut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

²Institut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Radzików, 05-870 Błonie

e-mail: edyta.paczos@up.lublin.pl

W mapowaniu asocjacyjnym zastosowanie zróżnicowanych, ale jednocześnie wyrównanych materiałów roślinnych powoduje, że akty rekombinacji zachodzące we wcześniejszych etapach wyprowadzenia tych materiałów obejmują zmienność bardziej odpowiadającą zmienności danej puli genetycznej, aniżeli populacje biparentalne. W związku z tym identyfikowane markery cech powinny być bardziej uniwersalne i jednocześnie użyteczne na szerszym materiale roślinnym. Fenotypowanie i genotypowanie panelu materiałów asocjacyjnych umożliwia określenie asocjacji markera z cechą. Im silniej marker jest asocjowany z cechą tym silniejsze niezrównoważenie sprzężeń (LD). W ten sposób dochodzi do identyfikacji obszaru występowania cechy w genomie.

W przeprowadzonym mapowaniu asocjacyjnym materiał roślinny stanowiła zróżnicowana populacja owsa zwyczajnego, reprezentowana przez 370 daleko spokrewnionych lub niespokrewnionych osobników o dużym stopniu wyrównania w obrębie poszczególnych linii. Panel asocjacyjny poddano genotypowaniu z wykorzystaniem technologii DArTseq oraz szczegółowemu fenotypowaniu w latach 2014-2016.

Masę tysiąca ziarniaków oceniano w jednym powtórzeniu w latach 2014 i 2015 oraz w dwóch powtórzeniach w roku 2016. Analizę asocjacyjną przeprowadzono w pakiecie GAPIT R. Szczegółowa analiza danych genotypowych uzyskanych dla populacji przeznaczonej do mapowania asocjacyjnego wykazała, że dobór osobników został przeprowadzony prawidłowo, a dane genotypowe mogą być wykorzystywane do określenia asocjacji markerów z badaną cechą.

W przypadku markerów silicoDArT silną asocjację z MTZ w co najmniej w dwóch latach badań lub w dwóch powtórzeniach wykazały 2 spośród 60 tys. markerów, z kolei 19 markerów asocjowało z cechą w dwóch latach badań, ale jednocześnie w trzech powtórzeniach. Spośród testowanych 60 tys. markerów DArTseq 4 wykazały asocjację z badaną cechą w każdym roku badań. Z kolei w przypadku 48 markerów stwierdzono asocjację z cechą w trzech spośród czterech niezależnych analiz.

Geny warunkujące wczesność kwitnienia w łubinie żółtym (*Lupinus luteus* L.)

Piotr Plewiński¹, Michał Książkiewicz¹, Magdalena Tomaszewska¹, Sandra Rychel¹,
Matthew N. Nelson², Paweł Krajewski¹, Bogdan Wolko¹

¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Agriculture and Food, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation, Floreat,
Western Australia 6014, Australia

e-mail: pple@igr.poznan.pl

Wczesność kwitnienia jest istotną cechą użytkową, umożliwiającą prowadzenie upraw roślin nasiennych w warunkach klimatu umiarkowanego. Głównymi czynnikami wpływającymi na termin kwitnienia są długość dnia (fotoperiod) i temperatura. U niektórych gatunków, w tym także łubinów, konieczne jest również wystąpienie wernalizacji, czyli odpowiednio długiego okresu z niską temperaturą w fazie kiełkowania nasion. Poznanie genetycznych podstaw indukcji kwitnienia w gatunku uprawnym może mieć, oprócz wzbogacenia wiedzy podstawowej, znaczenie aplikacyjne poprzez ukierunkowanie doboru przyszłych komponentów do krzyżowań i przyspieszenie procesu tworzenia nowych odmian o pożądanym fenotypie.

Łubin żółty (*Lupinus luteus* L.) jest gatunkiem z rodziny bobowatych (*Fabaceae*), znanym z wysokiej zawartości białka w nasionach i docenianym w agrotechnice, ponieważ użyźnia glebę i działa na nią strukturotwórczo. W światowej kolekcji nasiennej tego gatunku istnieje znaczna zmienność terminu kwitnienia wynikająca ze zróżnicowania wymagań wernalizacyjnych, jednak molekularne podłoże tej cechy nie zostało poznane.

Celem badań było poznanie genów warunkujących obniżone wymagania wernalizacyjne wczesnych linii łubinu żółtego. Wytypowano 21 genów pochodzących z różnych szlaków indukcji kwitnienia, które poddano amplifikacji i sekwencjonowaniu na matrycy DNA wyizolowanego z linii rodzicielskich dwóch populacji mapujących segregujących pod względem wymagań wernalizacyjnych: australijskiej (P28213 i Wodjil) i polskiej (Parys i PRH 444/14), a także z linii dzikiej (Population Sevilla 4). Zidentyfikowane polimorfizmy dla linii P28213 i Wodjil przekształcono w markery molekularne typu PCR i zlokalizowano na mapie genetycznej. Wykazano ko-lokalizację jednego z markerów z głównym locus cechy ilościowej wczesności kwitnienia, wyjaśniającym 15% obserwowanej wariacji fenotypowej. Przydatność opracowanego markera do selekcji termoneutralnych materiałów hodowlanych potwierdzono w puli 112 linii w toku trzech lat doświadczeń wernalizacyjnych prowadzonych w warunkach kontrolowanych.

W celu oceny profilu ekspresji genów w odpowiedzi na wernalizację wykonano dla badanych pięciu linii sekwencjonowanie RNA metodą NovaSeq6000. Analiza tych sekwencji wykazała korelację wczesności kwitnienia z poziomem ekspresji niektórych genów z dwóch szlaków indukcji kwitnienia - wernalizacyjnego i autonomicznego. W tym zbiorze zidentyfikowano także gen zawierający sekwencję opracowanego markera selekcyjnego.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie 39)

Sieci w badaniach metabolitów i białek w jęczmieniu pod wpływem suszy

Aneta Sawikowska

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

e-mail: asaw@igr.poznan.pl

Przedstawiamy metody integracji danych za pomocą sieci. Dane uzyskano w badaniach metabolicznych i proteomicznych liści jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) pod wpływem suszy. Przeprowadzono kompleksowe analizy danych dla doświadczeń wieloczynnikowych, od surowych obserwacji do wyników analizy statycznej i konstrukcji sieci. Wstępne przetwarzanie danych składało się z kilku zintegrowanych etapów wykonanych w systemie R. Analizy statystyczne przeprowadzono przy użyciu procedur zawartych w programie Genstat.

Sieci korelacyjne i sieci różnicowe skonstruowano w celu porównania relacji między metabolitami i białkami w różnych warunkach. Analizę sieci korelacyjnych przeprowadzono za pomocą pakietu WGCNA w R, macierz korelacji Pearsona przekształcono w macierz przyległości wierzchołków i podniesiono ją do odpowiedniej potęgi oraz przekształcono do macierzy TOM (topological overlap matrix). Moduły wykryto przez grupowanie. Sieci różnicowe utworzono za pomocą testu opartego na transformacji Fishera Z z poprawką Bonferroniego. Wizualizację sieci przeprowadzono w Cytoscape. Ponadto wykonano sieć metabolitów z markerami SSR i SNP na podstawie analizy mQTL. Algorytmy konstruujące sieci można zastosować do wszelkich danych o dużej liczbie cech.

Badania finansowano z projektu WND-POIG.01.03.01-00-101/08 POLAPGEN-BD „Narzędzia biotechnologiczne służące do otrzymywania zbóż o zwiększonej odporności na suszę” współfinansowanego przez Europejski Fundusz Rozwoju Regionalnego w ramach Działania 1.3.1 Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka 2007-2013. Część obliczeń otrzymano w ramach grantu realizowanego w Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym.

Poszukiwanie markerów molekularnych sprzężonych z loci odporności na bakteryjną kanciastą plamistość ogórka (*Cucumis sativus* L.)

Renata Słomnicka, Helena Olczak-Woltman, Grzegorz Bartoszewski

Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa
e-mail: renata_slomnicka@sggw.pl

Sprawcą bakteryjnej kanciastej plamistości w uprawie ogórka jest *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*. W warunkach Polski choroba ta powoduje przede wszystkim uszkodzenia liści roślin w uprawie gruntowej, co może prowadzić do szybkiego porażenia wtórnego liści przez mączniaka rzekomego i przyczynić się do znacznych strat plonu, nawet wówczas, gdy prowadzona jest intensywna ochrona chemiczna. Jak dotychczas poziom odporności odmian gruntowych ogórka na kanciastą plamistość nie jest satysfakcjonujący. Wykorzystując odporną linię Gy14 zmapowano gen *psl* i zidentyfikowano loci ilościowe (QTL) odporności na kanciastą plamistość oraz wskazano odpowiadające im interwały genomu (Słomnicka i wsp. 2018). Stwierdzono, że główne QTL odporności *psl5.1* i *psl5.2* znajdują się na chromosomie 5 ogórka, zaś gen *psl* jest zlokalizowany w obrębie locus *psl5.1*. Markery sprzężone z loci odporności nie zostały jak dotychczas przetestowane na szerszym materiale hodowlanym, stąd też trudno jest określić ich przydatność w hodowli ogórka. Celem badań było opracowanie i przetestowanie markerów DNA sprzężonych z loci odporności na kanciastą plamistość ogórka oraz ocena ich przydatności w selekcji. Na podstawie skonstruowanej mapy genetycznej wytypowano do badań markery najbliższe sprzężone z loci odporności, a ponadto zidentyfikowano bioinformatycznie w obrębie loci *psl5.1* i *psl5.2* serię polimorfizmów na podstawie których opracowano nową pulę markerów. Markery testowano na panelu linii ogórka różniących się odpornością na kanciastą plamistość. Otrzymane wyniki genotypowania i testów odpornościowych zestawiono i wykorzystano do określenia przydatności testowanych markerów w hodowli odpornościowej ogórka.

Słomnicka R., Olczak-Woltman H., Korzeniewska K., Gozdowski D., Niemirowicz-Szczytt K., Bartoszewski G. 2018. Genetic mapping of *psl* locus and quantitative trait loci for angular leaf spot resistance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Molecular Breeding* 38:111.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach zadania badawczego nr 100 pt. „Doskonalenie ogórka (*Cucumis sativus* L.) pod względem odporności na kanciastą plamistość”

Identyfikacja QTL dla wysokości w populacji RIL *Avena fatua* L. × *Avena sativa* L. ‘Sam’

Sylwia Sowa¹, Edyta Paczos-Grzęda¹, Piotr Bednarek², Aneta Koroluk¹, Joanna Toporowska¹,
Ewelina Marek¹, Kinga Jędra¹

¹Institut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,
ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

²Institut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Radzików_05-870 Błonie
e-mail: sylwia.sowa@up.lublin.pl

Owies zwyczajny (*Avena sativa* L.) jest alloheksaploidem ($2n=6x=42$), który powstał w wyniku dwóch rund krzyżowań i duplikacji chromosomów, z których pierwsze doprowadziło do wytworzenia tetraploidalnej formy o genomach A i C, z kolei następne krzyżowanie z dotychczas nieznanym donorem genomu D przyczyniło się do uformowania heksaploidów. Spośród heksaploidalnych gatunków z rodzaju *Avena* tylko *A. sativa* i *A. byzantina* Koch. są formami uprawnymi. Pozostałe to formy dzikie, takie jak *A. sterilis* L., czy chwasty – *A. fatua*. Z uwagi na łatwość krzyżowania nieuprawne heksaploidy wykorzystywane są jako rezerwar pożądanych genów warunkujących odporność na choroby, lepsze zdolności adaptacyjne lub korzystny skład biochemiczny ziarna.

Jednym z kierunków hodowli owsa jest hodowla odmian o skróconej słomie i zwiększonej odporności na wyleganie, a jednocześnie wysokim plonowaniu. Dotychczasowe poszukiwania monogenicznych źródeł karłowatości, o korzystnym wpływie na pozostałe elementy plonu owsa nie powiodły się, a zidentyfikowane dotychczas osiem genów karłowatości nie znalazło szerszego zastosowania w hodowli tego gatunku, z wyjątkiem genu Dw6 wykorzystywanego głównie w hodowli odmian australijskich.

W prezentowanych badaniach podjęto próbę zidentyfikowania alleli uczestniczących w kształtowaniu wysokości roślin w obrębie populacji rekombinacyjnych linii wsobnych uzyskanych w wyniku krzyżowania owsa głuchego – *A. fatua* z polską odmianą owsa zwyczajnego ‘Sam’. Analiza polimorfizmu sekwencji DNA przeprowadzona z wykorzystaniem technologii DArTseq oraz fenotypowa ocena linii F₈ tej populacji umożliwiły identyfikację 5 QTLi związanych z wysokością, z których najsilniejszy charakteryzował się wartością LOD = 27 oraz odziedziczalnością 28,9%. Dalsze badania wykażą czy możliwe jest wykorzystanie form o najkorzystniejszym układzie QTLi w hodowli owsa o skróconej słomie.

Analizy metabolomiczne oraz proteomiczne – użyteczne rozwinięcie badań genetycznych roślin uprawnych

Natalia Witaszak, Dariusz Kruszka, Piotr Kachlicki

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: dkru@igr.poznan.pl

Istotną dziedziną badań biologicznych jest śledzenie zależności między zmianami zachodzącymi w organizmie od wpływu czynników zewnętrznych, które często mają swój początek w obserwacji zmian wyglądu organizmu. Wiadomym jest, że fenotyp organizmu jest warunkowany genetycznie, jednakże modulowany jest również wpływem czynników środowiskowych. Z tego też względu, aby zbudować pełen obraz analizowanego zagadnienia, oprócz badań podstaw genetycznych, konieczne jest również poznanie przemian metabolicznych zachodzących w organizmie. Cały wachlarz możliwości podczas prowadzenia tych badań dają proteomika (analiza białek) oraz metabolomika (analiza związków niskocząsteczkowych), należące do stosunkowo nowych prężnie rozwijających się dziedzin analitycznych.

Badania proteomiczne i metabolomiczne są coraz częściej wykorzystywane w badaniach biologicznych, również tych skupiających się na genetyce roślin uprawnych. W obu przypadkach niezastąpionym narzędziem są techniki separacyjne tj. chromatografia cieczowa (LC) i gazowa (GC) działające z wykorzystaniem wysokorozdzielczej spektrometrii mas. W badaniach z tego zakresu można wyróżnić analizy o charakterze celowanym, gdy poszukujemy i oznaczmy konkretne białko lub metabolit oraz globalnym, kiedy analizujemy cały ich profil. Dzięki zastosowaniu odpowiedniej metody przygotowania prób i metody analitycznej możliwe jest uzyskanie ogólnej informacji dotyczącej różnic w zestawach białek bądź związków niskocząsteczkowych: lipidów, metabolitów pierwotnych lub wtórnych, a następnie skoncentrować na analizie celowanej wybranej grupy związków.

Największym wyzwaniem w tej dziedzinie jest przetworzenie i analiza dużych zbiorów danych, które są generowane podczas analiz spektrometrycznych. Kluczowymi etapami interpretacji wyników są: pre-processing danych, służący uzyskaniu tabeli pojedynczych sygnałów masowych, ich identyfikacja oraz analiza statystyczna. Analizy te umożliwiają dostępne na rynku komercyjne (Compound Discoverer[®], Thermo Fisher Scientific) oraz niekomercyjne (MaxQuant, MSDIAL) programy komputerowe. Programy te bazując na dokładnej masie, rozkładzie izotopowym, widmie fragmentarycznym i porównaniu ich z danymi dostępnymi w bazach danych, jak również publikacjach naukowych, dają możliwość identyfikacji związków chemicznych i peptydów. Zastosowanie takich pakietów, jak MetaboAnalyst lub Perseus umożliwiają przeprowadzenie analiz statystycznych, a także wizualizację zebranych danych oraz tworzenie modeli statystycznych (PCA, PLS-DA). Pakiety te pozwalają również na przyporządkowanie zidentyfikowanych związków do wybranych szlaków metabolicznych dostępnych w bibliotekach KEGG lub PlantCyc.

Proteomika oraz metabolomika są coraz częściej wykorzystywane w wysokoprzepustowych badaniach multiomnicznych, a wnioski z nich wyciągnięte mogą prowokować do stawiania nowych tez i stanowić podwaliny pomysłów na kolejne badania naukowe.

Analiza składu białek zapasowych oraz wstępna ocena jakościowa ziarna pszenjęczmienia (*Tritordeum*)

Sławomir Franaszek, Anetta Kuczyńska, Krzysztof Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz, Michał Kempa

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

e-mail: sfra@igr.poznan.pl

Heksaploidalny pszenjęczmień (*Tritordeum* Ascherson et Graebner) to płodny amfiploid ($2n=6x=42$, AABBH^{ch}H^{ch}) otrzymany poprzez skrzyżowanie dzikiego jęczmienia *Hordeum chilense* Roem. et Schulz. i pszenicy durum *Triticum turgidum* conv. *durum* Desf. em. M.K. Zboże to posiada korzystne cechy agronomiczne takie jak dobrą plenność, wysoką biomasę oraz liczbę ziaren z kłosa, dużą zawartość białka i beta-karotenu, lepsze pobieranie azotu niż pszenica, a także zwiększoną odporność na stresy biotyczne i abiotyczne.

Białka zawarte w ziarnie zbóż mają duże znaczenie podczas rozwoju rośliny oraz decydują o jej zastosowaniu technologicznym. W przypadku pszenicy chlebowej, która jest najważniejszym zbożem w żywieniu człowieka, istotną rolę w kreowaniu jakości wypiekowej i oceny technologicznej pełni kompleks glutenu składający się w głównej mierze z wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (HMW-GS) i niskocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (LMW-GS). Kompleks ten stanowi blisko 50% wszystkich białek zapasowych obecnych w ziarnie pszenicy, determinując około 70% zmienności technologicznej. Analiza jakościowa ziarna pszenjęczmienia pod kątem właściwości wypiekowych, poza rozpatrzeniem ilości białka oraz skrobi, wymaga właśnie uwzględniania składu kompleksu HMW-GS i LMW-GS. Danych literaturowych jak i prowadzonych badań dotyczących wpływu poszczególnych białek zapasowych pszenjęczmienia (HMW-GS, LMW-GS i hordein) na jakość technologiczną, jest stosunkowo niewiele.

Celem prowadzonych badań była analiza składu białek zapasowych pszenjęczmienia oraz wstępna ocena jakościowa ziarna. Materiałem do badań były ziarna dwóch odmian oraz 23 linii pszenjęczmienia (uzyskanych z Agrasys S.L. Hiszpania oraz Crop Research Institute Czechy). Identyfikację składu jakościowego HMW-GS oraz LMW-GS przeprowadzono z wykorzystaniem elektroforezy w żelu poliakrylamidowym z dodatkiem siarczany dodecyłowego (SDS-PAGE), natomiast wstępną ocenę jakościową ziarna wykonano z użyciem Spektrofotometru DA 7200 NIR. Oznaczono procentową zawartość białka, glutenu, skrobi, wilgotność oraz masę tysiąca ziaren w badanym ziarnie pszenjęczmienia. Wykazano dużą zawartość białka oraz glutenu, co może stanowić istotną informację dla przemysłu piekarskiego. Analiza elektroforetyczna potwierdziła brak HMW-GS oraz LMW-GS kodowanych przez loci *Glu-D1* oraz *Glu-D3* na rzecz hordein kodowanych w obrębie locus *Glu-H^{ch}1*.

Zdobyta wiedza oraz zastosowane podejście stanowią etap wstępny badań nad pszenjęczmieniem dając szansę na wytypowanie materiałów o korzystnych właściwościach, które będą mogły być efektywnie wykorzystywane w hodowli.

Zmienność i współzależność cech w kolekcji *Lupinus angustifolius* L.

Renata Galek¹, Agnieszka Gniewek², Bartosz Kozak¹, Dariusz Zalewski¹, Stanisław Stawiński³

¹Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Plac Grunwaldzki 24A, 50-363 Wrocław

²Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o. – Zakład Kobierzyce, ul. Sportowa 21, 55-040 Kobierzyce

³HR Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR – Oddział Przebędowo, Przebędowo 1, 62-095 Przebędowo
e-mail: renata.galek@upwr.edu.pl

Duży areal gleb lekkich i kwaśnych w Polsce oraz aktualne trendy potrzeby ograniczenia nawożenia mineralnego i pozyskania rodzimego źródła białka kierują uwagę na powszechniejsze wykorzystanie roślin strączkowych, w tym łubinu wąskolistnego. Znajduje on zastosowanie w żywieniu zwierząt, przemyśle spożywczym, farmaceutycznym oraz w rolnictwie jako roślina rotacyjna. Celem badań była ocena zmienności kolekcji 50 genotypów łubinu wąskolistnego pod względem cech morfologicznych, wybranych elementów struktury plon oraz cech jakościowych nasion. Na podstawie przeprowadzonej wielowymiarowej oceny zróżnicowania w kolekcji łubinu wąskolistnego wykazano, że pierwsze 5 składowych głównych wyjaśnia zasadniczą zmienność wśród badanych genotypów pod względem 8 z 16 analizowanych cech. Pierwsza składowa główna związana była z wysokością całej rośliny i pędu głównego, druga z liczbą zawiązanych strąków na pędzie głównym i bocznym, trzecia składowa z wysokością do I produktywnego rozgałęzienia oraz liczbą produktywnych rozgałęzień I rzędu, czwarta z udziałem okrywy nasiennej w nasieniu, piąta zaś z procentowym udziałem ścian strąka w strąku. Biorąc pod uwagę wartość współczynnika zmienności największą wartość osiągnięto dla długości kwiatostanu pędu bocznego i plonu, a najniższą dla masy 1000 nasion oraz procentowej zawartości białka w suchej masie. Uzyskane współczynniki korelacji wskazują na dodatnią zależność między plonem a wysokością pędu głównego i całej rośliny oraz masą tysiąca nasion a liczbą zawiązanych strąków na kwiatostanie pędu głównego i bocznego. Ujemne wartości współczynników korelacji otrzymano dla następujących par cech: wysokości do I produktywnego rozgałęzienia i liczby rozgałęzień produktywnych I rzędu oraz wysokość całej rośliny i procentowego udziału ścian strąka w strąku. Z punktu widzenia przydatności do hodowli na uwagę zasługują 4 genotypy (W019, W040, W047 i W049). Odznaczają się one wysokim plonem i zawartością białka w suchej masie oraz niską zawartością włókna i możliwie cienkiej okrywie nasiennej. Pomimo tego, że 5 genotypów (W004, W015, W017, W037 i W039) nie odznaczało się dobrym plonowaniem to jednak miało korzystne parametry takich jak cech: wysokiej zawartości białka, niskiej zawartości włókna i cienkiej okrywy nasiennej. Obiekty te mogłyby być wykorzystywane do programów krzyżowań, w celu poprawy tych właściwości.

Ocena komponentów struktury i jakości plonu linii owsa otrzymanych poprzez krzyżowanie z kukurydzą

Katarzyna Juzon¹, Edyta Skrzypek¹, Marzena Warchoń¹, Ilona Czyczyło-Mysza¹, Kinga Dziurka¹, Izabela Marcińska¹, Tomasz Warzecha², Dominika Idziak-Helmcke³, Zygmunt Nita⁴, Krystyna Werwińska⁴

¹Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Zakład Biotechnologii, ul. Niezapominajek 21, 30-239 Kraków

²Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, ul. Łobzowska 24, 31-140 Kraków

³Uniwersytet Śląski w Katowicach, Katedra Anatomii i Cytologii Roślin, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

⁴Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR, ul. Główna 20, 99-307 Strzelce
e-mail: k.juzon@ifr-pan.edu.pl

Krzyżowanie oddalone owsa (*Avena sativa* L.) z kukurydzą (*Zea mays* L.) jest jedną z najbardziej skutecznych metod wytwarzania linii podwojonych haploidów (DH, ang. *doubled haploid*) owsa. Po zapyleniu owsa kukurydzą, chromosomy kukurydzy zostają zwykle wyeliminowane we wczesnych fazach embriogenezy, w wyniku czego rośliny pokolenia F₁ są allohaploidami. Zdarza się również, że chromosomy kukurydzy zostają wbudowane w genom owsa tworząc stabilne i płodne mieszańce owsa z kukurydzą.

Celem badań była ocena wybranych komponentów struktury i jakości plonu linii DH oraz mieszańców owsa z kukurydzą.

Spośród 222 linii, u 124 wykryto fragment retrotranspozonu *Grande 1* (55,8%), a 36 linii mieszańcowych było płodnych. Przeprowadzone badania metodą SSR-PCR z wykorzystaniem starterów specyficznych dla chromosomów 1.-10. kukurydzy pozwoliły na wykrycie fragmentów ich chromatyny lub całych (jednego do trzech) chromosomów w mieszańcach.

Pięćdziesiąt osiem linii mieszańcowych i 10 linii DH zostało wprowadzonych do doświadczeń polowych Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR. Spośród badanych linii nagoziarnistych 2 linie DH i 3 mieszańcowe miały masę tysiąca ziaren (MTZ) poniżej wzorca (Amant: MTZ 25,5 g), a spośród linii oplewionych tylko 2 linie DH odznaczały się wyższą MTZ od wzorca (Bingo: MTZ 40,4 g). Średnia zawartość białka i β -glukanu różniła się istotnie między liniami DH i mieszańcami. Zawartość białka u linii DH wynosiła 42,9 mg/g s.m., a u linii mieszańcowych 49,8 mg/g s.m., natomiast β -glukanu u linii DH 5,0%, a u linii mieszańcowych 3,9%. Średnia wysokość roślin, plon (określony z poletek doświadczalnych 1 m²) oraz zawartość tłuszczu linii DH były większe w porównaniu z liniami mieszańcowymi, ale różnice te nie były istotne statystycznie.

Badania finansowano z projektu Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (numer projektu: PBS3/B8/17/2015)

Optimization of curcuminoids extraction and evaluation their potency against Parkinson's disease in rats

Manal A. Hamed¹, Mona A. Mohammed², Asmaa F. AboulNaser¹, Azaa A. Matloub³, Dalia B. Fayed¹, Sanaa A. Ali¹, Wagdy K.B. Khalil⁴

¹Department of Therapeutic Chemistry, National Research Centre, Dokki, Giza, Egypt

²Medicinal and Aromatic Plants Research Department, National Research Centre, Dokki, Giza, Egypt

³Pharmacognosy Department, National Research Centre, Dokki, Giza, Egypt

⁴Cell Biology Department, National Research Centre, Dokki, Giza, Egypt

e-mail: monaarafammed@yahoo.com

Curcuma longa is rich in polyphenolic compounds; the curcuminoids. The aim of the present work is to evaluate curcuminoids, dopaminergic and non-dopaminergic drugs in Parkinsonism rats. Curcuminoids were extracted from *C. longa* rhizomes using different solvents to optimize their extraction. The extract that contains the highest curcuminoids content was subjected to *in vivo* biological evaluation against rotenone induced Parkinson's disease in rats comparing with the standard levodopa drug and the newly ZM241385 agent. The highest extraction yield was found for methanol (74% of yield w/w of defatted powder) and acetone (65% w/w of defatted powder), while the highest curcuminoids content (566 mg/g extract) was found in the ethyl acetate extract. HPLC analysis showed three major compounds; curcumin (68%), demethoxycurcumin (19%) and bisdemethoxycurcumin (11%) of total curcuminoids. Rotenone induction caused disturbance in neurotransmitters, antioxidants, inflammatory and apoptotic markers, DNA fragmentation, adenosine A2 receptor gene expression, energetic enzymes and brain histological features. Treatments with ethyl acetate extract, levodopa and ZM241385 enhanced the selected parameters by variable degrees. In conclusion, *C. longa* exerted anti-parkinsonism potency as compared to the classical levodopa drug, while ZM241385 showed more therapeutic effect comparing with the classical levodopa drug.

Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie zróżnicowania genetycznego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)

Marcin Matuszczak¹, Piotr Kopeć², Joanna Wolko^{1*}, Alina Liersch¹, Laurencja Szala¹, Katarzyna Sosnowska¹, Teresa Cegielska-Taras¹, Katarzyna Mikołajczyk¹, Wojciech Karłowski², Iwona Bartkowiak-Broda¹

¹Institut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu, ul. Strzeszyńska 36, 60-479 Poznań

²Zakład Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: jwolko@nico.ihar.poznan.pl

W badaniach genomu różnych gatunków roślin, w tym także rzepaku, stosuje się coraz powszechniej, wysokowydajne techniki badawcze nowej generacji.

Celem badań była analiza zróżnicowania genetycznego w obrębie kolekcji 20 genotypów rzepaku z wykorzystaniem wysoko-przepustowej mikromacierzy DNA Infinium™ Brassica 60K firmy Illumina (TraitGenetics, Gatersleben, Niemcy). Materiał roślinny stanowiły wytworzone w IHAR-PIB Oddział w Poznaniu mieszańce F₁ rzepaku ozimego, ich komponenty rodzicielskie (linie CMS *ogura* i linie restorery, *Rfo*) oraz mieszańców F₁, którego formą ojcowską była uzyskana na drodze resyntezy rzepaku *de novo* linia semi-RS S3 z genem restorerem. Bioinformatyczna analiza uzyskanych wyników i identyfikacja polimorfizmów SNP została przeprowadzona we współpracy z Zakładem Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Wykazano istotną odrębność linii resyntetyzowanej z genem *Rfo* i utworzonego z tą linią mieszańca F₁ od pozostałych badanych genotypów rzepaku ozimego. Wskazuje to na możliwość poszerzenia zmienności genetycznej rzepaku poprzez tworzenie linii resyntetyzowanych, co jest istotne w hodowli tej rośliny. Utworzenie zróżnicowanych pul genowych stanowi podstawę selekcji komponentów rodzicielskich do tworzenia mieszańców F₁ rzepaku wykazujących wysoki efekt heterozji w plonie nasion.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie 48)

Ocena zmienności zawartości alkaloidów i tłuszczu w nasionach oraz odporność na antraknozę w krajowej kolekcji łubinu białego

Wojciech Rybiński¹, Wojciech Świącicki¹, Paweł Barzyk², Czesława Nawrot¹, Michał Starzycki³, Elżbieta Starzycka-Korbas³, Mariusz Wilczura¹

¹Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

²Poznańska Hodowla Roślin, Oddział Hodowli Roślin Wiatrowo, 62-100 Wiatrowo

³Oddział Roślin Oleistych IHAR, ul. Strzeszyńska 36, 60-479 Poznań

e-mail: wryb@igr.poznan.pl

W krajowych warunkach glebowo-klimatycznych, przy znacznym udziale gleb lekkich (około 40%), korzystnymi w uprawie okazują się krajowe formy łubinu, reprezentowane przez łubin wąskolistny (*Lupinus angustifolius* L.) oraz żółty (*Lupinus luteus* L.). Trzeci z obecnych w kraju gatunków – łubin biały (*Lupinus albus* L.), pozostaje nadal niedocenianym (wysoki plon, 34-36% białka i 11% tłuszczu w nasionach), a jego areal uprawy znacznie ustępuje obydwu wspomnianym gatunkom łubinu. Aby zwiększyć powierzchnię uprawy i wykorzystanie tego gatunku, należy ulepszyć w odmianach uprawnych kilka cech: wczesność i odporność na antraknozę oraz obniżyć zawartość alkaloidów i podwyższyć zawartość tłuszczu. Mimo, że w wyniku ostatnich prac hodowlanych znacznie ulepszono ideotyp łubinu białego, to jednak nie na tyle aby obecnie konkurował z innymi roślinami strączkowymi. Po części przyczyn tego stanu należy upatrywać w braku cech w wykorzystywanej, hodowlanej puli genowej. Jej analiza, pod kątem tak istotnych cech jak zawartość alkaloidów, tłuszczu i odporności na antraknozę w oparciu o dostępne w krajowym banku genów obiekty kolekcyjne, jest przedmiotem prezentowanej pracy. W odniesieniu do pierwszej z cech, zawartości tłuszczu, wykazano szeroki zakres zmienności tej cechy w zakresie od 7,7 do 14,1%. Największa liczba obiektów (49) charakteryzowała się zawartością tłuszczu od 9 do 10%. W strukturze kwasów tłuszczowych ilościowo dominowały: kwas oleinowy oraz linolowy stanowiące od 70 do 80% zawartości wszystkich analizowanych kwasów. Na szczególną uwagę zasługuje korzystny stosunek (1:2) kwasu linolenowego (omega 3) do linolowego (omega 6), nieporównanie lepszy w porównaniu z nasionami łubinu wąskolistnego i żółtego. Nasiona analizowanych obiektów kolekcyjnych charakteryzowały się także szerokim zakresem zmienności zawartości alkaloidów w przedziale od 0,008 do 7,01%, przy średniej wynoszącej 2,7%, przy czym najwięcej obiektów mieściło się w zakresie zmienności od 2 do 4%. W strukturze alkaloidów przeważały cztery z nich: angustifolina, lupanina, multifloryna i 13-hydroksylupanina, z dominującą pozycją lupaniny, przy jej średniej zawartości na poziomie 71%. W odniesieniu do odporności roślin na antraknozę, w kontrolowanych warunkach szklarniowych przetestowano polską kolekcję łubinu białego (371 obiektów). Wykazano istotne zróżnicowanie poziomu porażenia wywołanego zakażeniem roślin grzybem *Colletotrichum lupini*. Nie stwierdzono obecności form całkowicie odpornych, a zidentyfikowane obiekty o najniższym średnim porażeniu mogą być źródłem genetycznej odporności na antraknozę.

Wykorzystanie markerów DArTseq do analizy struktury genetycznej wybranych odmian żyta ozimego

Stefan Stojalowski, Marta Orłowska, Martyna Sobczyk

*Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, al. Piastów 45, 70-311 Szczecin
e-mail: sstojalowski@zut.edu.pl*

Rejestracja pierwszej odmiany mieszańcowej żyta w Polsce miała miejsce niemal ćwierć wieku temu. Od tego czasu znaczenie odmian mieszańcowych systematycznie rośnie, wzrasta też wyraźnie ich przewaga użytkowa nad tradycyjnymi odmianami populacyjnymi. O plenności odmian żyta decyduje przede wszystkim efekt heterozji. Ze względu na obcopolność w każdej odmianie żyta obserwowana jest zmienność genetyczna, a więc każda odmiana składa się z genotypów lepszych i gorszych pod względem przydatności rolniczej. Logicznym wnioskiem wynikającym z tego faktu jest stwierdzenie, że odmiany mieszańcowe jako plenniejsze od odmian populacyjnych muszą zawierać więcej genotypów lepszych. W prezentowanej pracy podjęto próbę scharakteryzowania genotypów kilkunastu odmian żyta pod względem ich struktury genetycznej. Badaniem objęto 8 odmian populacyjnych (w tym odmiany historyczne): Amilo, Armand, Bosmo, Dańkowskie Diament, Dańkowskie Granat, Horyzo, Stanko, Vjatka, a także 5 odmian populacyjnych: Bono F1, Konto F1, Palazzo F1, Skaltio F1 i Stakkato F1. Z każdej odmiany badaniami objęto od 93 do 94 losowo wybranych pojedynczych roślin – każda z odmian stanowiła odrębną próbę poddaną genotypowaniu. Analiza genetyczna została wykonana metodą DArTseq generującą dwa rodzaje markerów: SilicoDArT (markery o charakterze dominującym) oraz SNP (markery kodominujące, pozwalające na identyfikację heterozygot). W zależności od badanej próby uzyskano od 84446 do 114366 markerów SilicoDArT, które użyto do określenia współczynników podobieństwa genetycznego między roślinami wchodzącymi w skład poszczególnych odmian. Podobieństwo genetyczne roślin tworzących odmiany populacyjne mieściło się w granicach od 0,64 do 0,94 i było nieco mniejsze od zaobserwowanego w odmianach mieszańcowych (współczynniki podobieństwa od 0,68 do 0,99). Markery SNP posłużyły do oceny stopnia heterozygotyczności w obrębie odmian. W analizie wykorzystano wyłącznie markery, dla których liczba informatywnych danych wynosiła powyżej 50 (w zależności od badanej próby było ich od 35539 do 56477). Średni udział heterozygot w badanych odmianach mieścił się w granicach od ok. 14% do ponad 25%. Nie stwierdzono zwiększonej frekwencji heterozygot w odmianach mieszańcowych żyta w porównaniu do odmian populacyjnych.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie 87)

Badania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej

Marta Czarnak-Kłós

Wydziału Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Departamentu Hodowli i Ochrony Roślin, Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi w Warszawie

e-mail: marta.czarnak@minrol.gov.pl

W ramach badań na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej finansowane są badania podstawowe, które są istotne z punktu widzenia polskiej hodowli. Podstawą prawną ich finansowania jest rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 29 lipca 2015 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. poz. 1170 z późn. zm), w którym wskazano te zadania, na których realizację można uzyskać dotację.

Zadania do finansowania wyłaniane są w drodze konkursu. Propozycje badań zgłaszane przez ich ewentualnych wykonawców są opiniowane przez Polską Izbę Nasienną, a następnie poddane zewnętrznej recenzji merytorycznej, której celem jest sporządzenie rankingu projektów, uwzględniającego oryginalność sposobu rozwiązania postawionego tematu badawczego z uwzględnieniem najnowszych osiągnięć w dziedzinie dotyczącej projektu i wpływu realizacji projektu na rozwój dyscypliny, której projekt dotyczy. Recenzja ma również na celu ocenę zasadności i adekwatności proponowanych kosztów realizacji poszczególnych projektów oraz weryfikację prawidłowego zakwalifikowania projektów jako spełniających kryterium badań podstawowych, które mogą być finansowane w całości ze środków publicznych.

Dotacja na realizację badań jest przyznawana corocznie na wniosek wykonawcy zadania i wypłacana w dwóch ratach. Otrzymana dotacja musi być każdorazowo rozliczona zarówno finansowo, jak i merytorycznie. Kontynuacja realizacji zadania w kolejnym roku jest uzależniona od pozytywnej opinii hodowców o jego dotychczasowej realizacji i musi uwzględniać ewentualne sugestie przedstawione przez hodowców.

Wykonawca przed terminem rozpoczęcia realizacji wnioskowanego projektu jest obowiązany do zamieszczenia na swojej stronie internetowej informacji o planowanej realizacji wspieranego projektu, jego celów, przybliżonej daty i miejsca opublikowania w Internecie oczekiwanych rezultatów wspieranego projektu oraz informacji, że rezultaty wspieranego projektu są dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.

Na stronie internetowej Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi, pod adresem: <https://www.gov.pl/web/rolnictwo/postep-biologiczny-w-produkcji-roslinnej> zamieszczono dokument „Priorytety w hodowli roślin uprawnych w Polsce”, w którym wskazane zostały te zagadnienia które, zdaniem hodowców roślin i naukowców zajmujących się roślinami uprawnymi, powinny w pierwszej kolejności stać się przedmiotem badań na rzecz hodowli. Na tej samej stronie internetowej będą również pojawiać się informacje na temat ewentualnych kolejnych naborów propozycji badań, które mogłyby być finansowane przez MRiRW od 2021 roku.

Identyfikacja genu referencyjnego dla analizy ilościowej genów w osiach zarodków nasion jabłoni poddanych stratyfikacji w chłodzie

Joanna Żak, Katarzyna Ciącka, Agnieszka Gniazdowska, Urszula Krasuska
Katedra Fizjologii Roślin, Wydział Rolnictwa i Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa
e-mail: katarzyna_ciaccka@sggw.pl

Nasiona jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) obarczone są głębokim spoczynkiem fizjologicznym. Zarodki wyizolowane ze spoczynkowych nasion słabo kiełkują, a wyrastające siewki wykazują anomalia rozwojowe (nierównomierny wzrost oraz zazielenienie liścieni). W celu przełamania spoczynku nasion jabłoni stosuje się stratyfikację w chłodzie. Zabieg ten polega na umieszczeniu nasion w wilgotnym piasku w temperaturze (5°C). Wyniki dotychczasowych badań wykazują, że wraz z wydłużeniem czasu stratyfikacji w chłodzie (do 90 dni), zwiększa się ilość kiełkujących zarodków oraz siewek cechujących się prawidłowym wzrostem.

Dotychczasowe badania wykazały, że w zależności od tkanek, organów, stadiów rozwojowych a nawet metod izolacji materiału badawczego, ekspresja genów powszechnie stosowanych jako geny referencyjne może się różnić. Z uwagi, że podczas ustępowania spoczynku nasion jabłoni dochodzi do aktywacji metabolizmu komórek zarodków i wynikających z niej zmian w proteomie i transkryptomie, zbadano wpływ stratyfikacji w chłodzie na ekspresję genów mogących służyć jako referencyjne. Materiałem badawczym były osie zarodków wyizolowane z nasion spoczynkowych i stratyfikowanych w chłodzie przez 7, 14, 21 i 40 dni. Analizę ekspresji genów kodujących ubikwitynę (*MdUBI*), aktywę (*MdACT*), dehydrogenazę aldehydu 3-fosfoglicerynowego (*MdGAPDH*), białkową izomerazę disiarczkową (*MdPDI*), czynnik elongacyjny 1 α (*MdEF1 α*), białko wiążące guanozyno-5'-trifosforan (*MdSARI*), enzym sprzęgający ubikwitynę 3 (*MdUCF3*), białkową fosfatazę typu 2A (*MdPP2A*), dehydrogenazę jabłczanową (*MdMDH*) wykonano techniką real-time PCR. Stabilność badanych genów określono za pomocą programu NormFinder. Zaobserwowano, że wszystkie badane geny cechowały się stosunkowo wysoką stabilnością. Spośród badanych genów, *MdSARI*, *MdPDI* oraz *MdEF1 α* stanowiły geny najbardziej stabilne, a najmniej *MdMDH*.

Badania sfinansowano z projektów NCN OPUS 12 (numer projektu: 2016/23/B/NZ9/03462)

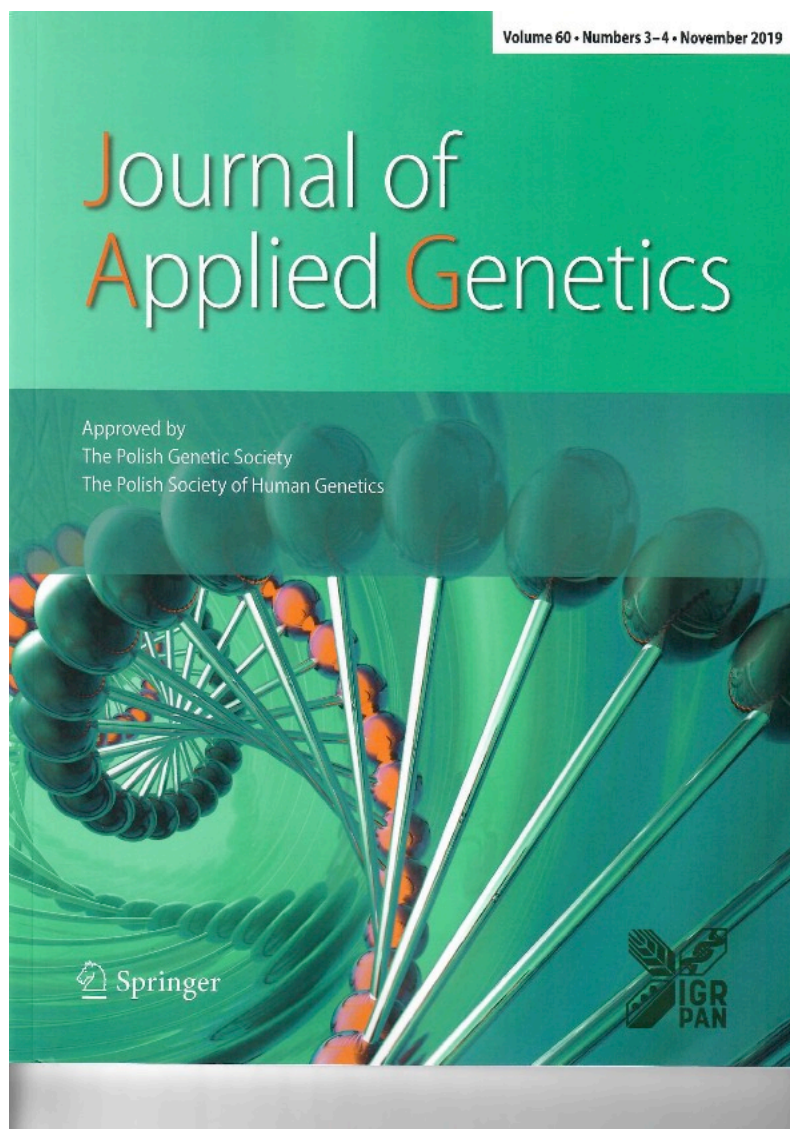
LISTA ADRESÓW MAILOWYCH UCZESTNIKÓW KONFERENCJI

1.	Tadeusz	Adamski	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	tada@igr.poznan.pl
2.	Piotr	Androsiuk	Uniwersytet Warmińsko Mazurski	piotr.androsiuk@uwm.edu.pl
3.	Magdalena	Anioła	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	magdalena.aniola@phr.pl
4.	Alina	Anioła	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	aani@igr.poznan.pl
5.	Adam	Augustyniak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	aaug@igr.poznan.pl
6.	Danuta	Babula-Skowrońska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	dbab@igr.poznan.pl
7.	Beata	Bakera	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie	beata_bakera@sggw.pl
8.	Fatema	Bakro	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	fbak@igr.poznan.pl
9.	Zofia	Banaszak	DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.	zofia.banaszak@danko.pl
10.	Marcin	Baran	Instytut Ochrony Roślin - PIB	M.baran@iorpib.poznan.pl
11.	Aneta	Basińska - Barczak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	abas@igr.poznan.pl
12.	Sara	Blicharz	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	sbli@igr.poznan.pl
13.	Lidia	Błaszczak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	lgol@igr.poznan.pl
14.	Natasza	Borodynko-Filas	Instytut Ochrony Roślin-PIB	n.borodynko@iorpib.poznan.pl
15.	Alicja	Buda	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	alicja.buda@phr.pl
16.	Joanna	Cerazy-Waliszewska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	joacer64@gmail.com
17.	Leszek	Chmielnicki	Polska Izba Nasienna	lchmielnicki@rolnas.pl
18.	Katarzyna	Ciąćka	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie	katarzyna_ciaccka@sggw.pl
19.	Marta	Czarnak-Kłos	Departament Hodowli i Ochrony Roślin, Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi	kancelaria@minrol.gov.pl
20.	Katarzyna	Czepiel	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kcze@igr.poznan.pl
21.	Ilona	Czyczyło-Mysza	Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk	i.czyczylo@ifr-pan.edu.pl
22.	Katarzyna	Czyż	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kwyr@igr.poznan.pl
23.	Joanna	Fidler	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	jfid@igr.poznan.pl
24.	Sławomir	Franaszek	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	sfra@igr.poznan.pl
25.	Magdalena	Frąc	Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk	m.frac@ipan.lublin.pl
26.	Renata	Galek	Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu	renata.galek@upwr.edu.pl
27.	Anna	Galińska	Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Gr. IHAR Oddział Zamiejscowy Przebędowo	agalinska@poczta.onet.pl
28.	Magdalena	Gawłowska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mgaw@igr.poznan.pl
29.	Joanna	Grynia	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	joanna.grynia@phr.pl
30.	Dariusz	Grzebelus	Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	d.grzebelus@urk.edu.pl
31.	Danuta	Hądźlik	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	danuta.hadzlik@danko.pl
32.	Renata	Holewińska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	rhol@igr.poznan.pl
33.	Dorota	Jasińska	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	dorota.jasinska@phr.pl
34.	Małgorzata	Jędryczka	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mjed@igr.poznan.pl
35.	Katarzyna	Juzoń	Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk	k.juzon@ifr-pan.edu.pl
36.	Joanna	Kaczmarek	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	jkac@igr.poznan.pl
37.	Anna	Karolewska	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	anna.karolewska@phr.pl

38.	Michał	Kawaliło	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mkaw@igr.poznan.pl
39.	Michał	Kempa	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mkem@igr.poznan.pl
40.	Agnieszka	Kiełbowicz-Matuk	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	akie@igr.poznan.pl
41.	Roman	Kierzek	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	R.Kierzek@iorpib.poznan.pl
42.	Grzegorz	Koczyk	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	gkoc@igr.poznan.pl
43.	Bartosz	Kozak	Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu	bartosz.kozak@upwr.edu.pl
44.	Paweł	Krajewski	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	pkra@igr.poznan.pl
45.	Dariusz	Kruszka	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	dkru@igr.poznan.pl
46.	Michał	Książkiewicz	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mksi@igr.poznan.pl
47.	Anetta	Kuczyńska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	akuc@igr.poznan.pl
48.	Justyna	Lalak-Kańczugowska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	jlal@igr.poznan.pl
49.	Bogusława	Ługowska	DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.	boguslawa.lugowska@danko.pl
50.	Tatiana	Mańczak	COBORU Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Słupi Wielkiej	tatianamanczak@sdo.net.pl
51.	Katarzyna	Masajada	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kmas@igr.poznan.pl
52.	Kinga	Matysiak	Instytut Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu	ior.poznan.kinga@gmail.com
53.	Róża	Mazur	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	roza.mazur@phr.pl
54.	Krzysztof	Mikołajczak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kmik@igr.poznan.pl
55.	Katarzyna	Mikołajczak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kmiko@igr.poznan.pl
56.	Monika	Mokrzycka	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mmok@igr.poznan.pl
57.	Beata	Myśków	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie	bmyskow@zut.edu.pl
58.	Barbara	Naganowska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	bnag@igr.poznan.pl
59.	Janetta	Niemann	Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu	niemann@up.poznan.pl
60.	Jerzy	Nieswadba	Mykoflor	jurek@mykoflor.pl
61.	Małgorzata	Niewińska	DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.	malgorzata.niewinska@danko.pl
62.	Katarzyna	Nowaczyk	DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o.	katarzyna.nowaczyk@danko.pl
63.	Maria	Nuc	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mnuc@igr.poznan.pl
64.	Piotr	Ogrodowicz	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	pogr@igr.poznan.pl
65.	Tomasz	Oleszkiewicz	Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	t.oleszkiewicz@urk.edu.pl
66.	Agnieszka	Ostrowska	Instytut Fizjologii Roślin im. F. Górskiego PAN	a.ostrowska@ifr-pan.edu.pl
67.	Edyta	Paczos-Grzęda	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie	edyta.paczos@up.lublin.pl
68.	Andrea	Pagano	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	andrea.pagano01@universitadipavia.it
69.	Jorge	Paiva	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	jpai@igr.poznan.pl
70.	Izabela	Pawłowicz	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	ipaw@igr.poznan.pl
71.	Agata	Piasecka	Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie	a.palcowska@ipan.lublin.pl
72.	Piotr	Plewiński	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	pple@igr.poznan.pl
73.	Noor	Ramzi	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mgr.noor.ramzi@gmail.com
74.	Marcin	Rapacz	Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie	marcin.rapacz@urk.edu.pl
75.	Michał	Rokicki	Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.	michal.rokicki@phr.pl
76.	Magdalena	Roth	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	mrot@igr.poznan.pl
77.	Wojciech	Rybiński	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	wryb@igr.poznan.pl

78.	Sandra	Rychel	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	sryc@igr.poznan.pl
79.	Sylwia	Salamon	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	ssal@igr.poznan.pl
80.	Aneta	Sawikowska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	asaw@igr.poznan.pl
81.	Cezary	Sławiński	Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie	sekretariat@ipan.lublin.pl
82.	Renata	Słomnicka	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie	renata_slomnicka@sggw.pl
83.	Katarzyna	Sosnowska	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy Radzików, Oddział w Poznaniu	k.sosnowska@nico.ihar.poznan.pl
84.	Sylwia	Sowa	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie	sylwia.sowa@up.lublin.pl
85.	Karolina	Stefanowicz	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	kste@igr.poznan.pl
86.	Stefan	Stojałowski	Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie	sstojalowski@zut.edu.pl
87.	Karolina	Susek	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	ksus@igr.poznan.pl
88.	Beata	Szał	COBORU Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Słupi Wielkiej	beataszal@sdo.net.pl
89.	Joanna	Szypulska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	jszy@igr.poznan.pl
90.	Aleksandra	Świda-Barteczka	Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	swidbar@amu.edu.pl
91.	Wojciech	Święcicki	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	wswi@igr.poznan.pl
92.	Stanisław	Świtek	Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu	switek.stan@gmail.com
93.	Agnieszka	Tomkowiak	Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu	agnieszka.tomkowiak@up.poznan.pl
94.	Reneta	Trzeciak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	rtrz@igr.poznan.pl
95.	Adriana	Twardawska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	atwa@igr.poznan.pl
96.	Piotr	Tykowski	Uniwersytet Warszawski	ptyk@biol.uw.edu.pl
97.	Waldemar	Ułaszewski	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	wula@igr.poznan.pl
98.	Monika	Urbaniak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	murb@igr.poznan.pl
99.	Anita	Wiśniewska	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie Katedra Fizjologii Roślin	anita_wisniewska@sggw.pl
100.	Halina	Wiśniewska	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	hwis@igr.poznan.pl
101.	Natalia	Witaszak	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	nwit@igr.poznan.pl
102.	Kamila	Wojszko	Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie Katedra Fizjologii Roślin	kamila_nawrocka@sggw.pl
103.	Bogdan	Wolko	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	bwol@igr.poznan.pl
104.	Joanna	Wolko	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Radzików; Oddział Poznań	jwolko@nico.ihar.poznan.pl
105.	Piotr	Ziółkowski	Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu	pzio@amu.edu.pl
106.	Natalia	Żyła	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu	nzyl@igr.poznan.pl

Zachęcamy Uczestników Konferencji do publikowania wyników swoich badań z zakresu genetyki roślin i mikroorganizmów w Journal of Applied Genetics. Jeśli mieliby Państwo ciekawe artykuły do zaoferowania to namawiamy do wejścia na stronę <https://www.springer.com/journal/13353>.





**Instytut Genetyki
Roślin PAN**

Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk
ul. Strzeszyńska 34
60-479 Poznań
www.igr.poznan.pl

Poznań 2019