



Ekologiczne słomki ze słomy z traw i zbóż – jako alternatywa dla plastiku

Fot. Danuta Martyniak

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 300 / 2023



Ekologiczne słomki ze słomy z traw i zbóż – jako alternatywa dla plastiku
Fot. Danuta Martyniak

RADZIKÓW 2023
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
— PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
– PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
Dyrektor: dr inż. Michał Rokicki

Komitet Redakcyjny:
Editorial Team:

DARIUSZ R. MAŃKOWSKI (Redaktor Naczelny — Editor-in-Chief),
TOMASZ GÓRAL,
KRYSTYNA RYBKA,
KRZYSZTOF TREDER,
DOROTA SOŁTYS-KALINA (Sekretarz Redakcji — Editorial Secretary)

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Szanowni Państwo!

Czytelnicy Biuletynu Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin!

Mamy zaszczyt przekazać Wam jubileuszowy – trzechsetny numer Biuletynu Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin.

Historia Biuletynu IHAR sięga 1951 roku, czyli roku utworzenia Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie koło Warszawy. Od samego początku celem nadrzędnym Czasopisma było upowszechnianie wyników badań naukowych i wdrożeniowych realizowanych przez pracowników naukowych Instytutu oraz autorów z innych ośrodków naukowych zarówno krajowych, jak i zagranicznych. Przez lata naszymi odbiorcami byli naukowcy, hodowcy roślin uprawnych, pracownicy służb doradczych, działacze izb rolniczych, przedstawiciele władz państwowych i samorządowych, producenci rolni i członkowie związków producentów, producenci i dystrybutorzy materiału siewnego, nauczyciele szkół rolniczych, pasjonaci nauki i hodowli oraz uczniowie szkół rolniczych, a także studenci i doktoranci zainteresowani problemami współczesnego rolnictwa i hodowli roślin.

Biuletyn IHAR przechodził wiele zmian zarówno w swoim wyglądzie zewnętrznym, jak i w wymiarze organizacyjnym. Od roku 2019 wydawany jest jedynie w wersji elektronicznej jako półrocznik. Biuletyn jest czasopismem wydawanym w otwartym dostępie bez żadnych opłat zarówno ze strony autorów, jak i czytelników. Pomimo różnych zmian, które zachodziły w ocenie czasopism naukowych prowadzonej przez Ministerstwo odpowiedzialne za sprawy nauki, cały czas czynimy intensywne starania, by Biuletyn IHAR istniał, ukazywał się regularnie i był ważnym na rynku polskim czasopismem naukowym skoncentrowanym na zagadnieniach związanych z rolnictwem, hodowlą roślin i nasiennictwem.

Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin to czasopismo o zasięgu międzynarodowym, publikujące osiągnięcia naukowe z zakresu wiedzy o roślinach uprawnych i produkcji roślinnej zarówno w języku polskim, jak i angielskim. Biuletyn IHAR publikuje prace recenzowane – oryginalne artykuły naukowe, komunikaty oraz publikacje przeglądowe, a także, w formie suplementów, materiały konferencyjne i inne opracowania niepodlegające recenzji naukowej. Redakcja Biuletynu dąży do ciągłego podnoszenia poziomu naukowego periodyku oraz zwiększenia punktacji przyznawanej przez Ministerstwo właściwe ds. nauki. Jednocześnie pragniemy podkreślić, że mimo intensywnych działań mających na celu podniesienie prestiżu czasopisma, nie zapominamy o jego pierwotnej misji. Jesteśmy silnie

Ladies and Gentlemen!

Dear Readers of the Bulletin of Plant Breeding and Acclimatization Institute!

We have the honor to present the 300th anniversary issue of the Bulletin of Plant Breeding and Acclimatization Institute.

The history of the Bulletin of PBAI dates back to 1951, when the Institute of Plant Breeding and Acclimatization in Radzików near Warsaw was established. From the very beginning, the primary goal of the Journal was to disseminate the results of scientific and implementation research carried out by scientists of the Institute and authors from other research centers, both domestic and foreign. Over the years, our readers have included scientists, plant breeders, employees of advisory services, activists of agricultural chambers, representatives of state and local government authorities, agricultural producers and members of producer associations, producers and distributors of seed material, teachers and students of agricultural schools, science and breeding enthusiasts as well as university and PhD students interested in the problems of modern agriculture and plant breeding.

The Bulletin of PBAI has undergone many changes from graphical layout to organizational structure. Since 2019, it has been published in electronic version semiannually. The Bulletin is an open-access journal with no publishing fees from authors or readers. Despite changes in the evaluation system of scientific journals made by the Ministry responsible for science in Poland, the Bulletin has always remained within the set criteria. The Editorial Office is working constantly to ensure that the Bulletin of PBAI is published regularly and constitutes an essential position in the Polish scientific journals market. We remain focused on agriculture, plant breeding, and seed production issues.

Bulletin of PBAI is an international journal publishing scientific manuscripts on crop plants, plant and seed production from the perspective of genetics, plant biochemistry, physiology and phenology as well as -omics studies (genomics, metabolomics, and phenomics) in both Polish and English. The original scientific articles, short communications, review articles, non-reviewed notes to the Editorial Office, and conference materials in supplemental volumes are invited to be published. The scientific level of the journal is maintained based on cooperation with reviewers who are recognized specialists in particular fields, and whose list is published annually. The Editorial Board, along with the work on increasing the journals' prestige, certified nowadays by various parametric indices, is focused on crops and agriculture creating a platform supporting the effec-

związani z ideą przekazywania wiedzy naukowej do praktyki, stawiając sobie za zadanie tworzenie platformy sprzyjającej efektywnemu transferowi osiągnięć naukowych do codziennego życia. Dzięki temu nasz periodyk pełni nie tylko funkcję forum wymiany myśli naukowej, ale również aktywnie wspiera praktyków w wykorzystaniu najnowszych osiągnięć w swoich dziedzinach. Osiągając najwyższe standardy merytoryczne, nieustannie kierujemy się ideą, że rozwój nauki idzie w parze z praktycznym zastosowaniem jej rezultatów.

Przez lata z Biuletynem IHAR związanych było wielu autorów. Wiele karier naukowych opierało się na pracach publikowanych przez nasze Czasopismo. Członkami Redakcji Biuletynu było wielu znakomitych naukowców i specjalistów związanych z naukami rolniczymi, hodowlą roślin, biotechnologią oraz nasiennictwem.

W imieniu Komitetu Redakcyjnego Biuletynu Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, jak i Dyrekcji Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego chcemy złożyć wszystkim osobom związanym z Biuletynem – byłym i obecnym redaktorom, autorom oraz czytelnikom i sympatykom serdecznie podziękowania za ich wkład i poświęcony czas, dzięki którym budowany był przez te 300 numerów dorobek Czasopisma.

tive transfer of scientific achievements into practice. Therefore, the Bulletin of PBAI not only serves as a forum for the exchange of scientific ideas but also actively supports practitioners in using the latest achievements in their fields.

Many authors have cooperated with the Bulletin of PBAI over the years. Many scientific careers have been based on works published by our Journal. Many of the members of the Bulletin's Editorial Board were many outstanding scientists and specialists related to agricultural sciences, plant breeding, biotechnology, and seed production.

On behalf of the Editorial Committee of the Bulletin of Plant Breeding and Acclimatization Institute, as well as the Directors of the Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute, we would like to express our sincere thanks to all people associated with the Bulletin - former and current editors, reviewers, authors, readers, and supporters for their contribution and dedication, thanks to which the achievements of the Journal were built over these 300 issues.

Profesor dr hab. Edward Arseniuk (1949-2023)

Dyrektor Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego w Radzikowie w latach 1998-2017



Z żalem zawiadamiamy, że 23 listopada 2023 r. odszedł od nas Śp. Prof. dr. hab. Edward Arseniuk. Był naukowcem z pasją, nauczycielem i doradcą, wizjonerem.

Profesor Edward Arseniuk urodził się 6 stycznia 1949 roku w miejscowości Lebedziew, pow. Biała Podlaska. Po ukończeniu szkoły średniej w latach 1968-1970 odbył zasadniczą służbę wojskową i w 1970 roku rozpoczął studia na Wydziale Ogrodniczym Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Po ukończeniu, w 1975 roku, studiów i uzyskaniu tytułu magistra inżyniera ogrodnictwa rozpoczął pracę jako asystent w Katedrze Fitopatologii SGGW. Poza dydaktyką prowadził badania nad odpornością grzybów na fungicydy benzimidazolowe. W latach 1978-1980 odbył staż naukowy w USA na Wydziale Fitopatologii Uniwersytetu Kalifornijskiego w Davis (UC Davis).

Pracę w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie, w Zakładzie Fitopatologii, rozpoczął 16 marca 1981 roku, gdzie pracował do 31 grudnia 2021 roku na stanowiskach: starszy asystent, adiunkt, docent, profesor, w okresie 1.03.1992- 31.07.2021 pełniąc funkcję kierownika zakładu. Od 17 września 1998 do 31 lipca 2017 roku pełnił funkcję Dyrektora Instytutu, zarządzając jednocześnie sześcioma Zakładami Doświadczalnymi oraz pięcioma Spółkami Hodowli Roślin.

W 1986 roku, uchwałą Rady Naukowej IHAR uzyskał stopień doktora nauk rolniczych na podstawie rozprawy doktorskiej pt. „Systematyka grzybów z rodzaju *Sclerotinia* i ich patogeniczność w stosunku do *Trifolium pratense* L.” wykonanej pod kierunkiem doc. dr. hab. Stanisława Górala. Rozprawa została wyróżniona przez Ministra Rolnictwa, Leśnictwa i Gospodarki Żywnościowej w 1987 roku. Stopień doktora habilitowanego nauk rolniczych w zakresie agrotechniki – hodowli roślin, fitopatologii został nadany Profesorowi przez Radę Naukową IHAR w 1990 roku, na podstawie monografii pt. „Wpływ poliploidyacji koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.) na zimotrwałość i odporność na niektóre choroby” tytuł profesora, decyzją Prezydenta Rzeczypospolitej Polskiej, otrzymał w 1996 roku.

Zakres prac badawczych Profesora był duży, zwłaszcza w dziedzinie fitopatologii. Najważniejsze osiągnięcia naukowe to: • zbadanie wpływu poliploidyacji koniczyny czerwonej na plon zielonej masy, plon nasion, odporność na patogeny grzybowe, mróz i zimotrwałość; • znaczący wkład w badania z zakresu mikologii gatunków grzybów nekrotroficznych; • liczne prace z zakresu teorii odporności roślin na patogeny; • rozpoznanie szkodliwości kompleksu patogenów grzybowych z rodzajów *Stagono-*

spora spp. i *Septoria* spp. dla pszenżyta. W okresie pełnienia funkcji Dyrektora Instytutu w latach 1998-2017 rozwijał nowe kierunki badawcze w Instytucie, zainicjował badania molekularne z zakresu fitopatologii i hodowli odpornościowej. Przyczynił się do powstania akredytowanego Laboratorium Kontroli Genetycznie Modyfikowanych Organizmów w Radzikowie. Promował nowe tendencje w badaniach dzięki czemu w Instytucie rozwinięto prace z zakresu genetyki molekularnej i biotechnologii.

Profesor Edward Arseniuk kierował wieloma projektami badawczymi zarówno krajowymi, jak i międzynarodowymi, prowadzonymi m.in. we współpracy z Ministerstwem Rolnictwa USA (USDA), Uniwersytetami Stanowymi w Montanie i Georgii oraz z krajami Unii Europejskiej. Naukowy dorobek Profesora stanowi ponad 200 prac naukowych i popularno-naukowych opublikowanych w czasopiśmie krajowych i zagranicznych. Zredagował monografię dotyczącą Instytutu z okazji 50-lecia w 2001 roku i 60-lecia w 2011 roku oraz monografię poświęconą historii polskiej hodowli: Arseniuk E., Krzymuski J., Martyniak J., Oleksiak T. 2003. Historia hodowli i nasiennictwa na ziemiach polskich. Wyd. Pro-Druk, Poznań. Pod Jego kierunkiem powstały cztery prace doktorskie, Profesor wykonał wiele recenzji prac doktorskich, habilitacyjnych i wniosków o nadanie tytułu profesora.

Organizował konferencje naukowe. W 1994 zorganizował 4th *International Workshop on Septoria of Cereals*, July 4-7. Trzeba przypomnieć, że było to pierwsze międzynarodowe wydarzenie w Radzikowie, po zakończeniu stanu wojennego i transformacji ustrojowej, w którym brali udział naukowcy nie tylko z tzw. Europy Wschodniej lecz również z Europy Zachodniej i Stanów Zjednoczonych. Jako przewodniczący Stowarzyszenia ITA (*International Triticale Association*), w roku 2002, we współpracy z sekcją Hodowli zbóż Stowarzyszenia EUCARPIA, zorganizował w Radzikowie 5th *International Triticale Symposium*. W roku 2022 był Honorowym Członkiem Komitetu Organizacyjnego 11-tej edycji tej konferencji, która odbyła się w Warszawie. Działalności Profesora towarzyszyła idea wiązania badań podstawowych z praktyką hodowlaną. Był współinicjatorem, a później, jako Dyrektor IHAR patronował zimowym konferencjom, najpierw w Krakowie, później ze względu na duże zainteresowanie przeniesionym do Zakopanego, pt. „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, które miały na celu integrację nauki z hodowlą roślin. Konferencje odbywały się cyklicznie, co dwa lata od 1993 do 2019 r. XV Konferencja z tego cyklu, planowana na rok 2021 nie odbyła się z powodu pandemii; planowany jest powrót do tej formy prezentacji wyników i wymiany myśli.

Profesor był aktywny i rozpoznawalny w społeczności naukowej w kraju i zagranicą o czym świadczy zaproszenia z referatami zamawianymi na międzynarodowe konferencje naukowe (9 zaproszeń) oraz zaproszenia na stanowisko *visiting professor* (5 zaproszeń). Pełnił liczne funkcje na uczelniach i w placówkach badawczych, radach naukowych, komitetach naukowych, towarzystwach naukowych, komitetach redakcyjnych czasopism naukowych m.in. był: • od 1966 r. ekspertem Międzynarodowej Agencji Atomowej, MAEA (ang. *International Atomic Energy Agency*, IAEA), Wiedeń, Austria; • od 1997 r. ekspertem Międzynarodowej Fundacji Nauki, Sztokholm, Szwecja; • członkiem Międzynarodowego Stowarzyszenia Hodowców Pszenżyta, a w latach 1998-2002, prezydentem Stowarzyszenia (*International Triticale Association* – ITA); • od 1994 r. przewodniczącym i organizatorem, działającej w ramach ITA, Międzynarodowej Sieci Oceny Odporności Pszenżyta na Patogeny i Szkodniki (*Head of the International Network for Triticale Pathogens and Pests Evaluation*); członkiem stowarzyszenia EUCARPIA (*European Association for Research on Plant Breeding*); • członkiem międzynarodowej grupy badawczej patogenów przenoszonych z powietrzem COST 817 i COST 860; • członkiem Europejskiej Sieci badania grzybów fuzaryjnych (*European Fusarium Network*); • członkiem Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin PAN czterech kadencji, w latach 1996-2010; • członkiem Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego; • zastępcą Przewodniczącego Rady Naukowej IHAR w kadencji 1997-2001; • przewodniczącym Rady Ekspertów Polskiego Związku Producentów Roślin Zbożowych; • przewodniczącym Rady Społecznej Doradztwa Rolniczego przy Centrum Doradztwa Rolniczego w Brwinowie; • od 1996 r. redaktorem wiodącym czasopisma *Plant Breeding and Seed Science*, a od 1999 r. redaktorem naczelnym.

Profesor Edward Arseniuk za swoje zasługi dla rozwoju badań na rzecz rolnictwa odznaczony został m.in.: Krzyżem Kawalerskim Orderu Odrodzenia Polski (2011), Złotym Krzyżem Zasługi (2002), Odznaką Honorową Zasłużony dla Rolnictwa (2005).

Tracimy dobrego Kolegę, Mentora i Dyrektora, który najlepsze lata poświęcił fitopatologii i nauce rolniczej, a także rozwojowi, drogiego Jego sercu, Instytutu.

Radzików, 2023 r.

Michał Rokicki
Dyrektor
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin
– Państwowy Instytut Badawczy

Michał Kwiatek
Zastępca Dyrektora ds. Naukowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin
– Państwowy Instytut Badawczy

Professor dr hab. Edward Arseniuk (1949-2023)

Director of the Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute in Radzików in the years 1998-2017



It is with regret that we announce the passing of the late on November 23th, 2023, Prof. Dr. hab. Edward Arseniuk. He was a passionate scientist, dedicated teacher, advisor, and visionary.

Professor Edward Arseniuk was born on January 6th, 1949, in Lebieziew, region of Biała Podlaska. After graduating from high school, in 1968-1970 he completed his military service and in 1970 he began studies at the Faculty of Horticulture of the Warsaw University of Life Sciences. After graduating in 1975 and obtaining a master's degree in horticultural engineering, he worked as an assistant at the Department of Phytopathology of the Warsaw University of Life Sciences. In addition to teaching, he researched the resistance of fungi to benzimidazole fungicides. In 1978-1980 he completed a research internship in the USA at the Department of Phytopathology of the University of California at Davis (UC Davis).

He started working at the Plant Breeding and Acclimatization Institute in Radzików (PBAI), in the Department of Phytopathology, on March 16th, 1981, where he worked until December 31st, 2021 in the following positions: senior assistant, assistant professor, associate professor, professor, in the period from March 1st, 1992 to July 31st, 2021, holding the position of the head of the Phytopathology Department. From September 17th, 1998, to July 31st, 2017, he served as the Director of the Institute, managing six Experimental Plants and five Plant Breeding Companies.

In 1986, by resolution of the PBAI Scientific Council, he obtained the degree of Doctor of Agricultural Sciences based on his doctoral thesis entitled "Systematics of fungi of the genus *Sclerotinia* and their pathogenicity towards *Trifolium pratense* L." made under the supervision of Doc. Dr. hab. Stanisław Góral. The Minister of Agriculture, Forestry and Food awarded the dissertation in 1987. The degree of habilitated doctor in agricultural sciences in the field of agrotechnics – plant breeding, phytopathology was awarded to the Professor by the PBAI Scientific Council in 1990, based on the monograph entitled "The influence of polyploidization of red clover (*Trifolium pratense* L.) on winter hardiness and resistance to some diseases" he received the title of professor by decision of the President of the Republic of Poland in 1996.

The scope of the Professor's research was extensive, especially in phytopathology. The most important scientific achievements include: • examining the impact of polyploidization of red clover on the

yield of green matter, seed yield, resistance to fungal pathogens, frost and winter hardiness; • significant contribution to research in the field of mycology of necrotrophic fungi species; • numerous works on the theory of plant resistance to pathogens; • identification of the harmfulness of the complex of fungal pathogens from the genera *Stagonospora* spp. and *Septoria* spp. to triticale. During his term as Director of the Institute from 1998 to 2017, he developed new research directions and initiated molecular research in phytopathology and resistance breeding. He contributed to creating an Accredited Laboratory for the Control of Genetically Modified Organisms in Radzików. He promoted new trends in research, thanks to which the Institute developed work in molecular genetics and biotechnology.

Professor Edward Arseniuk led many domestic and international research projects, including cooperating with the US Department of Agriculture (USDA), the State Universities of Montana and Georgia, and with European Union countries. The professor's scientific achievements include over 200 scientific and popular science works published in domestic and foreign journals. He edited monographs on the Institute on its 50th anniversary in 2001 and 60th anniversary in 2011 and a monograph devoted to the history of Polish breeding: Arseniuk E., Krzymuski J., Martyniak J., Oleksiak T. 2003. History of breeding and seed production in Polish lands. Ed. ProDruk, Poznań. Four doctoral theses were written under his supervision. The professor performed many reviews of doctoral and habilitation theses and applications for the title of professor.

He organized scientific conferences. In 1994 he organized the 4th International Workshop on *Septoria* of Cereals, July 4-7. It should be recalled that this was the first international event in Radzików, after the end of martial law and the political transformation in Europe. The scientists not only from the so-called Eastern Europe but also from Western Europe and the United States took part in that Workshop. As the chairman of the ITA Association (International Triticale Association), in 2002, in cooperation with the Cereal Breeding Section of the EUCARPIA Association, he organized the 5th International Triticale Symposium in Radzików. In 2022, he was an Honorary Member of the Organizing Committee of the 11th edition of this conference, which took place in Warsaw. The Professor's activity was accompanied by the idea of combining basic research with breeding practice. He was a co-initiator and later, as the Director of PBAI, he patronized winter conferences, first in Krakow, later, due to great interest, moved to Zakopane, entitled "Science for crop breeding and seed production", which aimed to integrate scientists with plant breeders. The conferences were held periodically, every two years from 1993 to 2019. The 15th conference in this series, planned for 2021, was not held due to the pandemic; a return to this form of results presentation and ideas exchange is planned.

The Professor was active and well-known in the scientific community in Poland and abroad, as is evidenced by invitations for oral presentations at international scientific conferences (9 invitations) and invitations to the position of visiting professor (5 invitations). He held numerous positions at universities and research institutions, scientific councils, scientific committees, scientific societies, and editorial committees of scientific journals, among others. He was: • since 1996 an expert of the International Atomic Energy Agency, IAEA, Vienna, Austria; • since 1997, expert of the International Science Foundation, Stockholm, Sweden; • member of the International Triticale Breeders' Association, and in 1998-2002, president of the Association (International Triticale Association - ITA); • since 1994, chairman and organizer of the International Network for Triticale Pathogens and Pests Evaluation, operating within ITA; member of EUCARPIA (European Association for Research on Plant Breeding); • member of the international airborne pathogens research group COST 817 and COST 860; • member of the European Fusarium Network; • member of the Committee of Physiology, Genetics and Plant Breeding of the Polish Academy of Sciences for four terms, in the years 1996-2010; • member of the Polish Phytopathological Society; • deputy chairman of the PBAI Scientific Council in the term 1997-2001; • chairman of the Council of Experts of the Polish Association of Cereal Producers; • chairman of the Agricultural Advisory Social Council at the Agricultural Advisory Center in Brwinów; • since 1996, the leading editor of the journal *Plant Breeding and Seed Science*, and since 1999, the editor-in-chief.

For his contributions to the development of agricultural research, Professor Edward Arseniuk was awarded, among others, the Knight's Cross of the Order of Polonia Restituta (2011), the Gold Cross of Merit (2002), and the Badge of Honor for Merit in Agriculture (2005).

We are losing a good colleague, mentor and director who devoted his best years to phytopathology and agricultural science, as well as expansion of the PBAI Institute, dear to his heart.

Radzików, 2023 r.

Michał Rokicki

Director

Plant Breeding and Acclimatization Institute
– National Research Institute

Michał Kwiatek

Deputy Director for Scientific Affairs

Plant Breeding and Acclimatization Institute
– National Research Institute

Wartość siewna ziarna zbóż

The sowing value of cereal grains

Dagmara Pacoń 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

[✉d.pacon@ihar.edu.pl](mailto:d.pacon@ihar.edu.pl)

Podstawowymi parametrami wartości siewnej są: zdolność kiełkowania, czystość, zawartość nasion obcych oraz zdrowotność nasion. Zdolność kiełkowania kształtowana jest przez wilgotność ziarna, stopień uszkodzenia ziarniaków oraz ich zdrowotność. Wysoka zdolność kiełkowania pozwala uzyskać właściwą obsadę roślin. Grzyby patogeniczne występujące w materiale siewnym oprócz obniżenia zdolności kiełkowania wpływają negatywnie na wzrost i rozwój siewek. Patogeny powodują również pogorszenie wartości odżywczej ziarna oraz wytwarzają szkodliwe mykotoksyny. Ważnym parametrem jest również zawartość nasion obcych w materiale siewnym. Chwasty stanowią konkurencję dla roślin uprawnych prowadząc do obniżenia pobierania składników pokarmowych. Wartość tych paramentów zależy od czynników środowiskowych i technologicznych. W Polsce znaczna część ziarna wykorzystywana do siewu w uprawach zbożowych pochodzi z samorozmnożenia, a ich wartość siewna często odbiega od wymagań stawianych kwalifikowanemu materiałowi siewnemu. Natomiast jakość zastosowanego materiału siewnego ma wpływ na kształtowanie się plonów.

Słowa kluczowe: wartość siewna, zdolność kiełkowania, czystość nasion, zdrowotność nasion, zboża

The basic parameters of the sowing value are purity, foreign seed content, germination capacity, and seed health. The germination capacity is influenced by the moisture content of the grain, the degree of damage to the grains, and their health. High germination capacity allows to obtain the right plant density. Pathogenic fungi present in the seed material can reduce germination capacity and negatively impact seedling growth and development. Pathogens also deteriorate the nutritional value of grain and produce harmful mycotoxins. The content of foreign seeds in the seed material is also an important parameter. Weeds compete with crop plants, leading to reduced nutrient uptake. The value of each of these parameters depends on environmental and technological factors. In Poland, a significant part of the seeds used to seed in cereal crops come from self-propagation, and their sowing value often differs from the requirements of certified seed. The quality of the sowing material used has an impact on the yields.

Keywords: sowing value, germination capacity, seed purity, seed health, cereals

Wstęp

Zboża stanowią ważny element europejskiej produkcji roślinnej. W Unii Europejskiej uprawiane były w ostatnich 5 latach (2019-2023) na powierzchni 52 mln ha. W Polsce powierzchnia zasiewów tym okresie wynosiła 7,5 mln ha, co stanowi około 14% europejskiego arealu upraw zbożowych. Średnie plony zbóż w Polsce w ostatnich pięciu latach wyniosły 43,7 dt·ha⁻¹ i były niższe od średnich plonów w Unii Europejskiej o 19,5% (European Commission, 2023). Niższe plony w Polsce wynikają z gorszych warunków przyrodniczo-siedliskowych (słabsze gleby) i organizacyjno-ekonomicznych. Z badań IUNG-PIB wynika, że warunki przyrodnicze oceniane z punktu widzenia produkcji rolnej, są w Polsce o 30-40% gorsze w porównaniu do krajów Europy Zachodniej (Krasowicz, 2019). Na poziom uzyskiwanych plonów wpływają również czynniki organizacyjno-ekonomiczne, takie jak słabsze zaawansowanie technologiczne, mniejsze zużycie środków produkcji oraz kwalifikowanego materiału siewnego. W Polsce wykorzystanie kwalifikowanego materiału siewnego jest niskie i w 2015 wynosiło zaledwie 17% (NIK, 2018). Natomiast materiał pochodzący z własnego rozmnożenia posiada często słabsza wartość siewną,

co potwierdzają badania Ponichtery (2010), Ponichtery i Lewickiego (2014) i Ziemińskiej i in. (2015). Wartość siewną kształtuje szereg czynników między innymi: agrotechnika, warunki siedliskowe czy warunki zbioru i przechowywania ziarna (Strzelecki, 1991; Borówczak i Rębarz, 2008; Nadulski i in., 2012; Prusiński i in., 2013). Natomiast zastosowanie do siewu ziarna o słabszej wartości siewnej może spowodować obniżenie ilości oraz jakości plonu (Dawson i Bateman, 2001). Ponadto użycie do siewu ziaren porażonych przez patogeny może stanowić zagrożenie dla prawidłowego rozwoju siewek i roślin. Patogeny wprowadzane z ziarnem do gleby, w sprzyjających warunkach rozwijają się i atakują rośliny powodując spadek ich produktywności (Wiewióra, 2010). Artykuł ma charakter przeglądu dotyczący oceny podstawowych parametrów wartości siewnej zbóż oraz metod poprawy ich wartości.

Zdolność kiełkowania

Wysoka zdolność kiełkowania wysiewanego materiału gwarantuje równomierne wschody oraz właściwą obsadę roślin (Ziemińska i in., 2015). Według Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 maja 2020 roku poz. 975 dla większości gatunków zbóż podstawo-

wych minimalna zdolności kiełkowania dla materiału kwalifikowanego wynosi 85%, natomiast w przypadku pszenżyta 80%. Warunki hydrotermiczne stanowią ważny czynnik, który przyczynia się do kształtowania wielkości tego parametru. Według badań Sobieszkańskiego (2015) deszczowanie wpływa pozytywnie na zdolność kiełkowania i obniża udział ziarniaków gnijących, niekiełkujących oraz anormalnie kiełkujących u pszenżyta jarego. Jednak w optymalnych warunkach meteorologicznych, nie obserwowano wpływu deszczowania na zdolność kiełkowania (Koziara i in., 2015). Intensywny wzrost wilgotności ziarna w okresie przed zbiorem wpływa na podatność na pęknięcia bielma w ziarnie oraz spadek jego twardości (Geodecki i in., 2003). Zdolność kiełkowania zależy również od wilgotności ziarna w czasie zbioru. Badania Strzeleckiego (1991) wykazały, że wilgotność w trakcie zbioru wpływała na wartość siewną ziarna pszenżyta ozimego, a wraz z obniżaniem się wilgotności zbieranych ziaren następował wzrost zdolności kiełkowania. Duże znaczenie na jakość wyprodukowanego materiału siewnego mają uszkodzenia mechaniczne ziarniaków, następujące głównie podczas omłotu, suszenia, czyszczenia i transportu ziaren. Uszkodzenia mechaniczne ziarna prowadzą do spadku zdolności kiełkowania. Udział ziaren uszkodzonych podczas zbioru maszynowego ziarna zależy m.in. od prędkości zbioru ($\text{km} \cdot \text{h}^{-1}$), szybkości obrotów bębna młócającego (rpm) oraz wielkości szczeliny omłotowej (mm) podczas pracy kombajnu. Największe uszkodzenia (powyżej 10%) oraz najwyższy spadek zdolności kiełkowania (poniżej 94%) wystąpiły podczas najszybszych obrotów bębna młócającego oraz najniższej prędkości przejazdu (Lashgari i in., 2008). W badaniach Shahbazi i in. (2012) wykazano także statystycznie istotny wpływ wilgotności ziarna na uszkodzenia. Wraz ze spadkiem wilgotność ziarna oraz wyższą siłą uderzenia, następował wzrost liczby ziaren uszkodzonych. Również w badaniach Szwed i Łukaszuk (2007) oraz Trotsenko i Zabudsky (2020) obserwowano najniższy stopień uszkodzenia ziarna przy jego wyższej wilgotności, a dla ziaren pszenicy oraz jęczmienia określono optimum dla tego parametru na około 24%. Przekroczenie tego poziomu powodowało wzrost poziomu uszkodzeń. Trotsenko i Zabudsky (2020) stwierdzili ponadto, że wraz ze wzrostem liczby przejść ziaren przez maszynę przy tej samej wilgotności obniżała się zdolność kiełkowania. Najwyższą wartość tego parametru obserwowali dla ziarna o wilgotności 15%, a ponadto stwierdzili, że ziarniaki, które straciły łuskę, kiełkowały słabiej (średnio o 20%) niż te nieuszkodzone. Wyniki badań Segita i in. (2003) nad mechanicznymi uszkodzeniami ziarna pszenicy, wskazują na drastyczny spadek zdolności kiełkowania (do 10%) po uderzeniu ziarna w okolicy zarodkowej. Kolejny czynnik wpływa-

jący na zdolność kiełkowania to sposób i warunki przechowywania materiału nasiennego. W badaniach Kusińskiej (2008) oraz Nadulskiego i in. (2012) stwierdzono, że ziarno pszenicy przechowywane w silosach pod wpływem ciężaru wyżej położonych warstw ulegało uszkodzeniom, a zdolność kiełkowania spadała wraz ze wzrostem siły nacisku i wilgotności ziarna. Badania wskazują, że żywotność ziarniaków stopniowo obniża się w czasie przechowywania, a korzystny wpływ na tę cechę ma obniżona wilgotność i brak dostępu powietrza (Malaker i in., 2008; Sawant i in., 2012). Również wielkość i wygląd ziarna mogą być czynnikiem, który ma znaczenie dla parametrów wartości siewnej, takich jak zdolność kiełkowania, czy zdrowotność. W wielu przeprowadzonych badaniach stwierdzono, że drobne oraz pomarszczone ziarniaki charakteryzują się niższą zdolnością kiełkowania, w tym większą liczbą siewek nienormalnych niż ziarno większe (Podolska, 2008; Shahwani i in., 2014; Sułek, 2015). Jednak nie zawsze uzyskane rezultaty potwierdzały wpływ wielkości ziarna na zdolność kiełkowania, o czym donoszą w pracy Rukavina i in. (2002) dla ziarniaków jęczmienia jarego, czy Zareian i in. (2013) dla pszenicy. Energia kiełkowania ziarniaków pszenicy w badaniach Podolskiej (2008) była wyższa u ziarniaków dużych i średnich, niż u ziarniaków małych. Natomiast w badaniach Zareiana i in. (2013) wyższą szybkością kiełkowania charakteryzowały się drobniejsze frakcje ziarniaków pszenicy. Autorzy przypuszczają, że ma na to wpływ większe zapotrzebowanie na wodę ziarniaków dużych w stosunku do ziarniaków małych.

Obecność nasion innych gatunków

Ważnym elementem wartości siewnej jest czystość materiału siewnego. Według Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 maja 2020 roku poz. 975 łączna masa nasion obcych i zanieczyszczeń nie powinny przekroczyć 2% wagowych, przy czym w badanej próbie może znajdować się maksymalnie 10 sztuk nasion innych gatunków. Zastosowanie materiału siewnego zanieczyszczonego nasionami obcymi wpływa na poszerzenie glebowego banku nasion chwastów o gatunki w nim nie występujące oraz zwiększenie liczebności nasion obcych w glebie. Zawarte w wierzchniej warstwie gleby nasiona roślin obcych stanowią konkurencję dla roślin uprawnych, ograniczając zasoby mineralne, wodne, przestrzenne oraz ilość docierającego promieniowania słonecznego (Rudnicki i Jaskulski, 2006). Sharma i in. (2016) wykazali, że chwasty pobierają i gromadzą większą ilość makroelementów w uprawach pszenicy, na których nie zastosowano ochrony chemicznej lub mechanicznej. W pracy Roli i Żurawskiego (1988) wykazano, że wraz ze wzrostem zachwaszczenia spadało pobieranie

składników pokarmowych przez pszenicę ozimą. Przy najwyższym zachwaszczeniu pszenica pobrała jedynie 22% azotu, 19% fosforu i 16% potasu w stosunku do kontroli. Wysokie zachwaszczenie wpływa znacząco na plonowanie. Zachwaszczenie łąnu przez miotłę zbożową (*Apera spica-venti* L.) (332-420 wiech/m²) spowodowało spadek plonu pszenicy ozimej o 70%. W badaniach Chaudhary i in. (2008) wykazano, że zachwaszczenie na poziomie około 180 chwastów/m² spowodowało spadek plonowania pszenicy o 33% w stosunku do uprawy, w której zachwaszczenie zostało usunięte po 30 dniach od siewu. Spadek plonowania zbóż odnotowano również w innych pracach m. in. Nath i in. (2017), Gharde i in. (2018), Hofmeijer I in. (2019) oraz Mikhailova i in. (2020). Obniżenie plonu zbóż zależy od tolerancji odmianowej na występujące w łąnie gatunki roślin niepożądanych, co przedstawiono w badaniach Fradgley i in. (2017) oraz Shabi i in. (2018). Również Siddiqui i in. (2010) badali konkurencyjność w stosunku do dwóch odmian pszenicy różnych gatunków chwastów (wysiew w stosunku 1:1). W przypadku wysiewu wiechliny rocznej (*Poa annua* L.) między rzędami pszenicy u jednej odmiany spadek plonowania wyniósł 76%, a u drugiej zaledwie 0,3% i był nieistotny. Konkurencyjność roślin zbożowych w stosunku do chwastów uzależniona jest także od powierzchni liścia oraz ich stopnia nachylenia (Blackshaw i in., 2006). Liście położone poziomo do podłoża najbardziej zacierają glebę ograniczając dostęp światła (Hoar i in., 2005). Ważnymi czynnikami wpływającym pozytywnie na zdolność konkurencyjną zbóż w stosunku do chwastów jest również równomierna obsada roślin, poziom rozkrzewienia, wysokość rośliny oraz produkcja biomasy (Feledyn-Szewczyk i Duer, 2006). Tolerancja zbóż na zachwaszczenie, zdolność konkurencji oraz odpowiednia agrotechnika, są ważnymi czynnikami prowadzącymi do niwelowania strat w plonowaniu zbóż. Uprawa konwencjonalna w monokulturach oraz niewłaściwe praktyki chemicznej ochrony roślin, doprowadziły do nabywania przez chwasty odporności na herbicydy oraz występowania biotypów, które posiadają odporność wielokrotną na różnego typu herbicydy (Heap, 2014). W Polsce występują trzy gatunki chwastów (*Avena fatua* (L.) – owies głuchy, *Avena sterilis* (L.) – owies płonny i *Lolium temulentum* (L.) – życica roczna), które według Rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 maja 2020 roku poz. 975 nie powinny się znajdować w kwalifikowanym materiale siewnym zbóż. Zachwaszczenie łąnu przez *A. fatua* w liczbie 152 wiech/m² wywołało spadek plonowania o 80% (Rola i Żurawski, 1988), przy czym już niewielka liczebność (8 szt./m²) może doprowadzić do znaczącej obniżki plonowania o 25% (Sarwar i in., 2013). Negatywny wpływ na

plonowanie wywołany obecnością *A. fatua* zaprezentowali także Khan i in. (2007, 2008) oraz Jäck i in. (2017). Również obecność *A. sterilis* w uprawach zbożowych prowadzi do obniżenia plonowania co potwierdza praca Gonzalez-Diaz I in. (2020). *A. fatua* oddziałuje allelopacyjnie na rośliny uprawne prowadząc do zmniejszenia ich zdolności kiełkowania (Ahmad i in., 2014; Majchrzak, 2007). Działanie allelopacyjne wykazała również życica roczna (*L. temulentum*), która wpływała na rozwój siewek, ograniczając rozwój zarazem systemu korzeniowego jak i części nadziemnej (Lehoczky i in., 2011). W pracy Adamczewskiego i in. (2019) wykazano, że na terenie Polski występują biotypy *A. fatua* odporne na herbicydy. Oprócz powyżej przedstawionych gatunków w Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 maja 2020 roku poz. 975 ograniczono również liczebność nasion obcych (*Raphanus raphanistrum* (L.) - rzodkiew świrzepa i *Agrostemma githago* (L.) - kąkol polny) do 3 sztuk w próbie ziarna siewnego. *R. raphanistrum* jest problematycznym chwastem nie tylko w uprawach zbożowych. Posiada działanie allelopacyjne, które wpływa negatywnie na kiełkowanie i rozwój rośliny uprawnej (Cheam i in., 2008). Badania konkurencyjności *R. raphanistrum* w stosunku do pszenicy wykazały, że zależy ona od obsady rośliny uprawnej, liczebności oraz czasu konkurencji (Eslami i in., 2006; Walsh i Minkey, 2006). Negatywne oddziaływanie allelopacyjne na rozwój siewek obserwowano również pod wpływem *A. githago*, które prowadziło do skrócenia średniej długości korzeni oraz liścia pszenicy (Ciesielska i Borkowska, 2010). W badaniach Hashem i Wilkins (2002) następowało obniżenie plonowania pszenicy wraz z wzrostem liczebności *R. raphanistrum*, spadek plonowania wyniósł 56% przy 75 roślin/m². Obniżenie plonowania wywołane wystąpieniem w łąnie roślinami *R. raphanistrum* wykazali również Eslami i in. (2006); Walsh i Minkey (2006) oraz Tavares i in. (2019). Populacje *R. raphanistrum* wykształciły również odporność na szereg substancji aktywnych występujących w herbicydach (Walsh i in., 2007). Natomiast obecność nasion *A. githago* w paszy lub mące może zagrażać zdrowiu ludzi oraz zwierząt. Gatunek ten jest zaliczana do roślin trujących (Bohne i Dietze, 2008).

Zdrowotność nasion

Niekwalifikowany materiał nasienny wykorzystywany do siewu stanowi jedno ze źródeł infekcji upraw zbożowych. Grzyby saprotroficzne stanowią najliczniejszą grupę grzybów występujących na ziarnie zbóż. Wśród nich najczęściej obserwowanym gatunkiem jest *Alternaria alternata* (Horoszkiewicz-Janka i in., 2012, 2016; Wiewióra, 2007). Pomimo że w przypadku roślin zbożo-

wych *A. alternata* zaliczania jest do saprotrofów, w sprzyjających warunkach może wywołać czerń zbóż. W pracach Özer (2005) oraz Draz i in. (2016) zbadano skład gatunkowy grzybów występujących na ziarnie pszenicy, na którym obserwowano objawy tej choroby i to właśnie *A. alternata* była najczęściej izolowanym gatunkiem. Grzyb ten wpływa również na zdolność kiełkowania nasion, co potwierdzają badania Draz i in. (2016), w których na sztucznie porażone podłoże przez *A. alternata* wysiewano ziarno pszenicy. Uzyskane wyniki wykazały spadek zdolności kiełkowania o 44% w porównaniu do kontroli. Natomiast najważniejszymi patogenami zbóż, często obserwowanymi w uprawach są: *Fusarium* spp., *Microdochium nivale*, *Ustilago* spp., *Tilletia* spp., *Septoria* spp., *Helminthosporium* spp., *Bipolaris sorokiniana* czy *Claviceps purpurea*. Organizmy patogeniczne bytują na powierzchni oraz wewnątrz ziarniaków. Obecność tych grzybów w materiale siewnym już w pierwszej fazie rozwojowej rośliny negatywnie wpływa na wzrost i rozwój, doprowadzając do obniżenia zdolności kiełkowania ziarniaków (Islam i in., 2015; Khairnar i in., 2011). Gatunki grzybów, zwłaszcza patogeniczne, zasiedlające nasiona wpływają również na wartość odżywczą, wielkość i masę nasion oraz powodują skażenie mykotoksynami (Amza, 2018). Porażenie upraw przez patogeny stanowi czynnik obniżający poziom plonowania (Murray i Brennan, 2009). Ziarno zbóż porażone przez *Fusarium* spp. charakteryzuje się obniżoną zdolnością kiełkowania oraz żywotnością (Hassani i in., 2019). Badania Iwaniuk i in. (2018) wykazały, że im wyższa wilgotność ziarna, tym wyższa koncentracja *Fusarium* spp. w pszenicy, a wysoki poziom porażenia wpływał istotnie na spadek plonowania. Odmiana pszenicy jarej Mandaryna, której porażenie ziarna przez te grzyby było wyższe o 70% w porównaniu do średniego porażenia, charakteryzowała się najniższym plonowaniem (1,2 t·ha⁻¹). Spadek ten był istotny w stosunku do innych odmian i wyniósł ponad 3 t·ha⁻¹. Na kłosach porażonych przez gatunek *F. poae* nie obserwowano typowych objawów fuzariozy (Jaske i in., 2018), jednak jest to gatunek toksynotwórczy (Lenc i Jończyk, 2019). Badania Kiecany i in. (2005) dla upraw owsa wykazały spadek plonów o 37% przy sztucznym zakażeniu tym gatunkiem, zaś w badaniach Vogelgsang i in. (2008) oraz Nazari i in. (2018) nie obserwowano wpływu porażenia przez *F. poae* na plonowanie pszenicy ozimej. Hysing i Wiik (2014) badali wpływ stopnia porażenia grzybów z rodzaju *Fusarium* i gatunku *M. nivale* na poziom plonowania pszenicy jarej, ozimej i owsa. Istotny spadek plonowania obserwowano jedynie w uprawie pszenicy ozimej, który wyniósł około 10%. Wpływ stopnia porażenia grzybów fuzaryjnych na spadek plonowania zbóż wykazano również w badaniach Al-Abdalall (2010). Natomiast

negatywny wpływ *M. nivale* na plonowanie pszenicy jarej oraz ozimej wykazali w swojej pracy Johansson i in. (2003). Kolejnym ważnym gospodarczo patogenem, który stanowi poważne zagrożenie w uprawach pszenicy i jęczmienia jest gatunek *B. sorokiniana* (Acharya i in. 2011). Patogen zagraża uprawom zbóż głównie w ciepłych i wilgotnych strefach klimatycznych (Acharya i in. 2011). Wraz z następującymi zmianami klimatycznymi stanowi on coraz większe niebezpieczeństwo dla upraw zbożowych, również w warunkach Polski (Wiewióra, 2006a). Przeprowadzone badania wskazują, że wzrost porażenia ziarna przez *B. sorokiniana* wpływał na znaczne obniżenie poziomu plonowania pszenicy. Obserwowane porażenie na poziomie 45-60% powodowało obniżenie plonu o około 40% (Chowdhury i in., 2010). Doświadczenia przeprowadzone w polskich warunkach klimatycznych na owsie wykazały spadek plonu badanych odmian od 35% dla odmiany Borowik do 84% dla odmiany Akt (Kiecana i Cegiełko, 2007). Spadek plonowania potwierdzają również badania Sharma i Duveiller (2006) oraz Burlakoti i in. (2013). Patogen ten jest sprawcą chorób poduszkowych, plamistości liści oraz zgnilizny korzeni, a źródłem infekcji może być zarówno materiał siewny, jak również gleba (Burlakoti i in., 2013). Uszkodzenie liści przez *B. sorokiniana* w postaci plam różnej wielkości wpływało istotnie na obniżenie plonowania oraz oddziaływało silniej niż usunięcie podobnej powierzchni liścia (Wazziki i in., 2015). Patogen ten może znajdować się wyłącznie na powierzchni ziarniaka, nie wpływa wtedy na zdolność kiełkowania. Jednak rozwijająca się na okrywie grzybnia może porażać siewkę, prowadząc do zahamowania wzrostu i pojawienia się plam na liściach. Infekcja głębszych warstw ziarna ma wpływ na kiełkowanie i prowadzi do wytworzenia większej liczby siewek nie normalnych (Wiewióra, 2006b). W badaniach Kosiada (2013) *B. sorokiniana* istotnie wpływał na ograniczenie wschodów jęczmienia. Inny ważny gospodarczo gatunek to *Ustilago tritici*, sprawca głównej pyłającej pszenicy. W badaniach Mobasser i in. (2012) wykazano silną ujemną korelację pomiędzy kiełkowaniem ziarna, a jego obecnością w materiale siewnym. Badania Murray i Brennan (2009) wykazały możliwy spadek plonowania o 20% w następstwie porażenia uprawy pszenicy przez ten gatunek grzyba.

Metody poprawy wartości siewnej

Poprawa wartości siewnej nasion obejmuje oczyszczanie materiału z nasion obcych i zanieczyszczeń oraz szereg metod zaprawiania nasion przed siewem. Przedsiębiorcze oczyszczenie materiału siewnego z wykorzystaniem sortownika grawitacyjnego oraz sortownika fotoelektrycznego wykazało znaczny wpływ na poprawę plonowania pszenicy (Lollato i in., 2020). W celu zaprawiania

nasion mogą być wykorzystane metody fizyczne (np. ozonowanie, napromieniowanie mikrofalami, ultradźwięki, promieniowanie laserowe), biologiczne (efektywne mikroorganizmy, wyciągi z roślin) oraz chemiczne (Szajsner, 2009; Małuszyńska i in., 2012; Lollato i in., 2020; Bezpál'ko i in., 2019). Wyniki wielu badań wskazują, że wszystkie te zabiegi pozytywnie wpływają na wartość siewną. Zaprawianie nasion metodą fizyczną poprzez napromieniowanie ziarna mikrofalami przy określonym czasie i mocy poprawiło zdolność kiełkowania ziarna w doświadczeniach Bezpál'ko i in. (2019). Podniesienie zdolności kiełkowania można również uzyskać poprzez biostymulację ziaren promieniami lasera półprzewodnikowego. Dobór odpowiedniej dawki promieniowania zależy od zastosowanej odmiany pszenicy ozimej (Szajsner, 2009). Naświetlanie zbóż laserem może również prowadzić do obniżenia zdolności kiełkowania co przedstawiono w pracy Szajsner i Drozd (2007), która badała reakcje odmian jęczmienia jarego na trzy dawki promieniowania. Badania Forsberg i in. (2005) wykazały pozytywny wpływ odkażania ziarna przy użyciu nawiewu z gorącą parą wodną na pszenicę zainfekowaną przez *Fusarium* spp. i *Tilletia caries*, co skutkowało wzrostem plonowania o 21%. Natomiast u jęczmienia porażonego przez *Drechslera teres*, *D. graminea* i *Bipolaris sorokiniana* zastosowanie tego zabiegu spowodowało 11% wzrost plonu. W przypadku pszenicy i jęczmienia odkażanie ziarna parą wodną, dało lepsze rezultaty niż zaprawy chemiczne, ale w owsie obserwowano odwrotną zależność. W tym przypadku wyższy wzrost plonu o 6% w stosunku do kontroli wystąpił po zastosowaniu chemicznego zaprawiania ziarna. Ekstrakty z ro-

ślin stanowią jedną z ekologicznych metod zaprawiania nasion wpływających na ograniczenie liczebności patogenów, co przekłada się również na wzrost zdolności kiełkowania (Ahmad i in., 2016; Islam i in., 2015; Kena, 2016). Preparaty biologiczne na bazie grzyba mikroskopowego *Trichoderma viride* wpłynęły równie pozytywnie na hamowanie infekcji wywołanej przez *Fusarium*, co chemiczne środki ochrony roślin. Jednocześnie preparat zawierający ten gatunek wykazał od 8 do 10-krotnie skuteczniejsze oddziaływanie na zmniejszenie zawartości mykotoksyn wytworzonych przez *Fusarium* w porównaniu do ochrony chemicznej (Kolombet i in., 1999, za: Schisler i in., 2002). Jednak w dalszym ciągu jedną z najpowszechniej stosowanych metod poprawy wartości siewnej stanowią chemiczne zaprawy nasienne. Wykorzystanie tej metody wpływa istotnie na ograniczenie liczby mikroorganizmów występujących w materiale siewnym oraz podnosi zdolność kiełkowania (Wiewióra, 2003). Jednak nie zawsze zastosowanie zaprawy chemicznej oddziaływało korzystnie na zdolność kiełkowania, co przedstawiono w pracy Panasiewicz i in. (2007). Partal i in. (2014) wykazali pozytywny wpływ stosowania zapraw nasiennych na poziom plonowania pszenicy, jęczmienia oraz pszenżyta w porównaniu do upraw, gdzie stosowano nasiona niezaprawiane. Uzyskane wyniki wykazały, że plon z upraw, gdzie użyto zaprawiany materiał siewny był od 20% do 80% wyższy w zależności od warunków pogodowych oraz zastosowanych technologii w porównaniu do kontroli. Pozytywny wpływ zapraw chemicznych na uprawy zbożowe obserwowali również Lukin i in. (2020), Pertseva i in. (2020).

Literatura

- Acharya, K., Dutta, A.K., Pradhan, P. (2011). *Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shoem: The most destructive wheat fungal pathogen in the warmer areas. *Australian Journal of Crop Science*. 5(9): 1064-1071.
- Adamczewski, K., Matysiak, K., Kierzek, R., Kaczmarek, S. (2019). Significant increase of weed resistance to herbicides in Poland. *Journal of Plant Protection Research*. 59(2): 139-150.
- Ahmad, L., Pathak, N., Zaidi, R.K. (2016). Antifungal potential of plant extracts against seed-borne fungi isolated from barley seeds (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Plant Pathology & Microbiology*. 7: 350.
- Ahmad, W., Akbar, M., Farooq, U., Alia, A., Khan, F. (2014). Allelopathic effects of aqueous extracts of *Avena fatua* on seed germination and seedling growth of *Triticum aestivum* (variety GW-273). *IOSR Journal Of Environmental Science, Toxicology And Food Technology*. 8(2(1)): 38-42.
- Al-Abdalall, A.H. (2010). Assessment of yield loss caused by root rots in wheat and barley. *Journal of Food, Agriculture & Environment*. 8(2): 638-641.
- Amza, J. (2018). Seed borne fungi: food spoilage, negative impact and their management: a review. *Food Science and Quality Management*. 81: 70-79.
- Bezpál'ko, V.V., Zhukova, L.V., Stankevych, S.V. Ogurtsov, Y.H., Klymenko, I. I., Hutians'kyi, R.A., Fesenko, A.M., Turenko, V.P., Zabrodina, I.V., Bondarenko, S.V., Batova, O. M., Golovan, L.V., Klymenko, I.V., Poedinceva, A.A., Melenti, V.O. (2019). Ecologically safe methods for presowing treatment of cereal seeds. *Ukrainian Journal of Ecology*. 9(3): 187-197.
- Blackshaw, R.E., O'Donovan, J.T., Harker, K.N., Clayton, G.W., Stougaard, R.N. (2006). Reduced herbicide doses in field crops: A review. *Weed Biology and Management*. 6: 10-17.
- Bohne, B., Dietze, P. (2008). Rośliny trujące 170 gatunków roślin ozdobnych i dziko rosnących. Bellona Spółka Akcyjna, Warszawa: 17.
- Borówczak, F., Rębarz, K. (2008). Wpływ deszczowania i systemu uprawy na elementy plonowania i wartość siewną ziarna jęczmienia jarego. *Journal of Research and Applications in Agricultural Engineering*. 53(3): 27-31.
- Burlakoti, R.R., Shrestha, S.M., Sharma, R.C. (2013). Impact of seed-borne inoculum, irrigation, and cropping pattern on propagation of *Bipolaris sorokiniana* and epidemiology of foliar blight and common root rot in spring wheat. *Journal of Plant Pathology*. 95(3): 571-578.

- Chaudhary, S.U., Hussain, M., Ali, A., Iqbal, J. (2008). Effect of weed competition period on yield and yield components of wheat. *Journal of Agricultural Research*. 46 (1): 47-53.
- Cheam, A.H., Storrie, A.M., Koetz, E.A., Holding, D.J., Bowcher, A.J., Barker, J.A. (2008). Managing wild radish and other brassicaceous weeds in Australian cropping systems. *CRC for Australian Weed Management*. Adelaide, Australia. 15-20.
- Chowdhury, S.R., Aminuzzaman, F.M., Islam, M.R., Zaman, R. (2010). Effect of different levels of seed infection by *Bipolaris sorokiniana* on leaf blight severity, grain formation, yield and subsequent seed infection of wheat. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*. 3(2): 219-224.
- Ciesielska, A., Borkowska, M. (2010). Wpływ wodnych wyciągów ze zmielonych nasion *Agrostemma githago* na kiełkowanie ozimych form pszenicy i jęczmienia. *Journal of Research and Applications in Agricultural Engineering*. 55(3): 40-43.
- Dawson, W.A.J.M., Bateman, G.L. (2001). Fungal communities on roots of wheat and barley and effects of seed treatments containing fluquinconazole applied to control take-all. *Plant Pathology*. 50(1): 75-82.
- Draz, I.S., El-Gremi, S.M., Youssef, W.A. (2016). Pathogens associated with wheat black-point disease and responsibility in pathogenesis. *Journal of Environmental and Agricultural Sciences*. 8: 71-78.
- Eslami, A. V., Gill, G.S., Bellotti, B., McDonald, G. (2006). Wild radish (*Raphanus raphanistrum*) interference in wheat. *Weed Science*. 54:749-756.
- European Commission. Dostęp: 24.07.2023 <https://agridata.ec.europa.eu/extensions/DashboardCereals/CerealsProduction.html>
- Feledyn-Szewczyk, B., Duer, I. (2006). Ocena konkurencyjności odmian pszenicy ozimej uprawianej w ekologicznym systemie produkcji w stosunku do chwastów. *Journal of Research and Applications in Agricultural Engineering*. 51(2): 30-35.
- Forsberg, G., Johnsson, L., Lagerholm, J. (2005). Effects of aerated steam seed treatment on cereal seed-borne diseases and crop yield. *Journal of Plant Diseases and Protection*. 112(3): 247-256.
- Fradgley, N.S., Creissen, H.E., Pearce, H., Howlett, S.A., Pearce, B.D., Döring, T.F., Girling, R.D. (2017). Weed suppression and tolerance in winter oats. *Weed Technology*. 31: 740-751.
- Geodecki, M., Grundas, S., Sosnowski, S. (2003). Uszkodzenia mechaniczne ziarna pszenicy w okresie przedżniwnym jako przyczyna strat plonu. *Acta Agrophysica*. 2(1): 51-60.
- Gharde, Y., Singh, P.K., Dubey, R.P., Gupta, P.K. (2018). Assessment of yield and economic losses in agriculture due to weed in India. *Crop Protection*. 107: 12-18.
- Gonzalez-Diaz, L., Bastida, F., Gonzalez-Andujar, J. (2020). A bioeconomic model for the analysis of control strategies for *Lolium rigidum* and *Avena sterilis* ssp. *ludoviciana* in winter wheat. *International Journal of Plant Production*. 14: 37-42.
- Hashem, A., Wilkins, N. (2002). Competitiveness and persistence of wild radish (*Raphanus raphanistrum* L.) in a wheat-lupin rotation. *Thirteenth Australian Weeds Conference*. 712-715.
- Hassani, F., Zare, L., Khaledi, N. (2019). Evaluation of germination and vigor indices associated with *Fusarium*-infected seeds in pre-basic seeds wheat fields. *Journal of Plant Protection Research*. 59(1): 69-85.
- Heap, I. (2014). Global perspective of herbicide-resistant weeds. *Pest Management Science*. 70: 1306-1315.
- Hoad, S., Neuhoﬀ, D., Davies, K. (2005). Field evaluation and selection of winter wheat for competitiveness against weeds. *Proceedings of the COST SUSVAR/ECO-PB Work shop on Organic Plant Breeding Strategies and the Use of Molecular Markers*. 61-66.
- Hofmeijer, M.A.J., Krauss, M., Berner, A., Peigné, J., Mäder, P., Armengot, L. (2019). Effects of reduced tillage on weed pressure, nitrogen availability and winter wheat yields under organic management. *Agronomy*. 9(4): 180.
- Horoszkiewicz-Janka, J., Jajor, E., Korbas, M. (2012). Występowanie chorób pszenicy ozimej w zależności od wybranych czynników agrotechnicznych. *Progress in Plant Protection*. 52(4): 998-1004.
- Horoszkiewicz-Janka, J., Jajor, E., Pieczul, K. (2016). Wpływ systemu uprawy i przedplonu na zasiedlenie ziarna przez grzyby rodzaju *Fusarium* i zawartość mikotoksyn w ziarnie pszenicy jarej. *Progress in Plant Protection*. 56(1): 12-18.
- Hysing, S.C., Wiik, L. (2014). *Fusarium* seedling blight of wheat and oats: effects of infection level and fungicide seed treatments on agronomic characters. *Acta Agriculturae Scandinavica, Soil & Plant Science*. 64(6): 537-546.
- Islam, S., Ali, A., Sarker, N. I. (2015). Efficacy of medicinal plants against seed borne fungi of wheat seeds. *International Journal of Natural and Social Sciences*. 2: 48-52.
- Iwaniuk, P., Konecki, R., Snarska, K., Łozowicka, B. (2018). Quantitative evaluation of *Fusarium* species and crop quality traits in wheat varieties of northeastern Poland. *Journal of Plant Protection Research*. 58(4): 413-419.
- Jäck, O., Menegat, A., Gerhards, R. (2017). Winter wheat yield loss in response to *Avena fatua* competition and effect of reduced herbicide dose rates on seed production of this species. *Journal of Plant Diseases and Protection*. 124: 371-382.
- Jaske, M., Lenc, L., Gromadzka, K., Feledyn-Szewczyk, B. (2018). Występowanie fuzariozy kłosów oraz zasiedlenie przez *Fusarium* spp. ziarna pszenicy jarej pochodzącego z upraw ekologicznych z różnych rejonów Polski. *Progress in Plant Protection*. 58(2): 135-140.
- Johansson, P.M., Johnsson, L., Gerhardson, B. (2003). Suppression of wheat-seedling diseases caused by *Fusarium culmorum* and *Microdochium nivale* using bacterial seed treatment. *Plant Pathology*. 52: 219-227.
- Kena, M.A. (2016). Evaluation of selected seed treatment methods for the control of *Fusarium graminearum* and *F. avenaceum* on wheat seeds. *Journal of Agricultural Technology*. 12(4): 731-741.
- Khairnar, D.N., Kelhe, A.S. Khairnar, A.B. (2011). Fungal diversity and mycotoxin effect on seed-borne fungi, seed germination and seedling vigour of some cereals of Nashik district. *Nature Environment and Pollution Technology*. 10(3): 485-486.
- Khan, I.A., Hassan, G., Khan, B.M. (2008). Interaction of wild oats (*Avena fatua* L.) with spring wheat (*Triticum aestivum* L.) seeded at different rates. *Pakistan Journal of Botany*. 40(3): 1163-1167.
- Khan, I., Hassan, G., Khan, M.I., Gul, M. (2007). Effect of wild oat (*Arvena fatua* L.) population and nitrogen levels on some agronomic traits of spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*. 31: 91-101.
- Kiecana, I., Ciegiełko, M. (2007). Pathogenicity of *Bipolaris sorokiniana* (sacc.) Shoem. to selected oat (*Avena sativa* L.) genotypes. *Plant Breeding and Seed Science*. 56: 31-45.
- Kiecana, I., Mielniczuk, E., Perkowski, J., Goliński, P. (2005). Porażenie wiech przez *Fusarium poae* (Peck) Wollenw. oraz zawartość mikotoksyn w ziarnie owsa. *ACTA Agrobotanica*. 58(2): 91-102.

- Kosiada, T. (2013). Influence of *Ascochyta*, *Bipolaris*, *Drechslera*, *Fusarium* inoculations on the germination, emergence and infection of Barley leaves. *Cereal Research Communications*. 41(1): 116-125.
- Koziara, W., Panasiewicz, K., Sulewska, H., Sobieszkański, R. (2015). Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na plonowanie i wartość siewną ziarna pszenżyta ozimego odmiany Gniewko. *Fragmenta Agronomica*. 32 (1): 73-81.
- Krasowicz, S. (2019). Regionalne zróżnicowanie uwarunkowań konkurencyjności polskiego rolnictwa. *Studia i Raporty IUNG-PIB*. 59(13): 93-108.
- Kusińska, E. (2008). Wpływ warunków przechowywania ziarna pszenicy za zdolność kiełkowania. *Inżynieria Rolnicza*. 9(107): 165-171.
- Lashgari, M., Mobli, H., Omid, M., Alimardani, R., Mohtasebi, S. S. (2008). Qualitative Analysis of Wheat Grain Damage during Harvesting with John Deere Combine Harvester. *International Journal of Agriculture And Biology*. 10: 201-204.
- Lehoczyk, E., Okumu Nelima, M., Szabó, R., Szalai, A., Nagy, P. (2011). Allelopathic effect of *Bromus* spp. and *Lolium* spp. shoot extracts on some crops. *Communications in Agricultural and Applied Biological Sciences*. 76 (3): 537-544.
- Lenc, L., Jończyk, K. (2019). Fuzarioza kłosów oraz występowanie i szkodliwość grzybów zasiedlających ziarno wybranych odmian pszenżyta ozimego (*Triticale*) uprawianego w systemie ekologicznym. *Progress in Plant Protection*. 59(4): 244-251.
- Lollato, R.P., Mark, K., Jaenisch, B.R. (2020). Wheat grain yield response to seed cleaning and seed treatment as affected by seeding rate during the 2018–2019 growing season in Kansas. *Kansas Agricultural Experiment Station Research Reports*. 6(5): 24. <https://doi.org/10.4148/2378-5977.7940>
- Lukin, A.L., Podlesnykh, N.V., Zadorozhnaya, V.A., Nekrasova, T.P. (2020). The effect of biological and chemical seed treatment on oats production capacity. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 422: 012015. <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/422/1/012015>
- Majchrzak, L. (2007). Kiełkowanie zbóż w warunkach sąsiedztwa ziarniaków *Avena fatua* L. i *Festuca rubra* L. – aspekt allelopatyczny. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska Sectio E*. 62(2): 185-192.
- Malaker, P.K., Mian, I.H., Bhuiyan, K.A., Akanda, A.M., Reza, M.M.A. (2008). Effect of storage containers and time on seed quality of wheat. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*. 33(3): 469-477.
- Małuszyńska, E., Szydłowska, A., Martyniak, D., Dziamba, S., Dziamba, J. (2012). Wpływ preparatów zawierających efektywne mikroorganizmy na zdolność kiełkowania nasion z upraw ekologicznych. *Biuletyn IHAR*. 263: 33-42.
- Mikhailova, Z.I., Puchkova, E.P.; Martynova, O.V. (2020). Harmfulness of the awweed plant *Cirsium arvense* and spring wheat productivity after herbicides application. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 548: 042010. <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/548/4/042010>
- Mobasser, S., Jazayeri, M.R., Khazaei, F., Sadeghi, L. (2012). Wheat seed contamination with seed-borne diseases in cold climatic zone of Iran. *International Journal of Plant Production*. 6(3): 337-352.
- Murray, G.M., Brennan, J.P. (2009). Estimating disease losses to the Australian wheat industry. *Australasian Plant Pathology*. 38: 558-570.
- Nadulski, R., Kusińska, E., Guz, T., Kobus, Z. (2012). Wpływ wilgotności ziarniaków i nacisku pionowego na ich energię i zdolność kiełkowania. *Agricultural Engineering*. 2(137) T. 2: 221-229.
- Nath, C.P., Das, T.K., Rana, K.S., Bhattacharyya, R., Pathak, H., Paul, S., Meena, M.C, Singh, S.B. (2017). Weed and nitrogen management effects on weed infestation and crop productivity of wheat-mungbean Sequence in conventional and conservation tillage practices. *Agricultural Research*. 6(1): 33-46.
- Nazari, L., Patteri, E., Manstretta, V., Terzi, V., Morcia, C., Somma, S., Moretti, A., Ritieni, A., Rossi, V. (2018). Effect of temperature on growth, wheat head infection, and nivalenol production by *Fusarium poae*. *Food Microbiology*. 76: 83-90.
- NIK. (2018). NIK o spółkach hodowli roślin. Dostęp: 25.07.2023. <https://www.nik.gov.pl/aktualnosci/nik-o-spolkach-hodowli-roslin.html>
- Özer, N. (2005). Determination of the fungi responsible for black point in bread wheat and effects of the disease on emergence and seedling vigour. *Trakya University Journal of Natural Sciences*. 6(1): 35-40.
- Panasiewicz, K., Koziara, W., Sulewska, H. (2007). Parametry wigorowe ziarna zbóż w zależności od biologicznych i chemicznych zapraw nasiennych. *Journal of Research and Applications in Agricultural Engineering*. 52(4): 14-17.
- Partal, E., Paraschivu, M., Cotuna, O. (2014). Influence of seeds treatment on the cereales production. *Research Journal of Agricultural Science*. 46(2): 270-276.
- Pertseva, E.V., Burlaka, G.A., Kiselyova, L.V., Vasina, N. V., Kozhevnikova, O.P. (2020). Monitoring of the phytosanitary efficiency of pre-sowing spring wheat seed treatment. *BIO Web of Conferences*. 17: 00005. https://www.bio-conferences.org/articles/bioconf/full_html/2020/01/bioconf_fies2020_00005/bioconf_fies2020_00005.html
- Podolska, G. (2008). Wpływ wielkości nasion na wartość siewną, cechy struktury plonu, budowę łanu i plonowanie pszenicy ozimej. *Fragmenta Agronomica*. 25(1): 327-337.
- Ponichtera, P. (2010). Ocena jakości materiału siewnego zbóż jarych przeznaczanych do siewu w gospodarstwach rolnych gminy Goworowo. *Zeszyty Naukowe Ostroleckiego Towarzystwa Naukowego*. 24: 113-122.
- Ponichtera, P., Lewicki, B. (2014). Charakterystyka materiału siewnego zbóż jarych w gminie Janów. *Zeszyty Naukowe Wyższej Szkoły Agrobiznesu w Łomży*. 56: 96-106.
- Prusiński, J., Jendrzyczak, E., Barca, K. (2013). Analiza wyników oceny wartości siewnej ziarna zbóż z plantacji nasiennych województwa pomorskiego w latach 2005-2010. *Fragmenta Agronomica*. 30(2): 123-133.
- Rola, H., Żurawski, H. (1988). Wpływ stopnia zachwaszczenia *Apera spica-venti*, *Avena fatua*, *Anthemideae* na zawartość azotu, fosforu i potasu w ziarnie pszenicy ozimej i jarej. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych*. 349: 47-55.
- Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 maja 2020 r. poz. 975 zmieniające rozporządzenie w sprawie terminów składania wniosków o dokonanie oceny polowej materiału siewnego poszczególnych grup roślin lub gatunków roślin rolniczych i warzywnych oraz szczegółowych wymagań w zakresie wytwarzania i jakości materiału siewnego tych roślin: Załącznik 3.
- Rudnicki, F., Jaskulski, D. (2006). Ocena wzajemnego oddziaływania konkurencyjnego pomiędzy roślinami uprawnymi a chwastami w łanach. *Acta Scientiarum Polonorum. Agricultura*. 5: 45-52.

- Rukavina, H., Kolak, I., Šarčević, H., Šatović, Z. (2002). Seed size, yield and harvest characteristics of three Croatian spring malting barleys. *Die Bodenkultur*. 53(1): 9-12.
- Sarwar, M., Ali, A., Maqbool, M. M., Ahmad, M., Mahmood, R., Ul Haq, T. (2013). Suppressing impact of *Avena fatua* and *Phalaris minor* on the growth and yield in wheat. *Pakistan Journal of Nutrition*. 12(10): 912-916.
- Sawant, A.A., Patil, S.C., Kalse, S.B., Thakor, N.J. (2012). Effect of temperature, relative humidity and moisture content on germination percentage of wheat stored in different storage structures. *CIGR Journal* 14(2): 110-118.
- Schisler, D.A., Khan, N.I., Boehm, M.J. (2002). Biological control of fusarium head blight of wheat and deoxynivalenol levels in grain via use of microbial antagonists. [w:] *Advances in experimental medicine and biology 504: Mycotoxins and food safety* Red. De Vries J.W., Trucksess M.W., Jackson L.S. Springer-Science + Business Media New York. 53-69.
- Segit, Z., Szwed, G., Szwed-Ubaś, K. (2003). Uszkodzenia ziarniaków pszenicy twardej w wyniku obciążeń dynamicznych. *Acta Agrophysica*. 2(4): 841-849.
- Shabi, T.H., Islam, A. K. M., Hasan, A. K., Juraim, A. S., Anwar, M.P. (2018). Differential weed suppression ability in selected wheat varieties of Bangladesh. *Acta Scientifica Malaysia*. 2(2): 1-7.
- Shahbazi, F., Valizadeh, S., Dowlatshah, A. (2012). Mechanical damage to wheat and triticale seeds related to moisture content and impact energy. *Agricultural Engineering International: CIGR Journal*. 14(4): 150-155.
- Shahwani, A.R., Ullah, S., Khan, S., Mengal, B., Bashir, W., Noor, H., Ahmed, R., Sial, A.H., Sabiel, S.A.I., Razaq, K. Shahwani, A.A., Mengal, A. (2014). Influence of seed size on germinability and grain yield of wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties. *Journal of Natural Sciences Research*. 4(23): 147-155.
- Sharma, R.C., Duveiller, E. (2006). Spot blotch continues to cause substantial grain yield reductions under resource-limited farming conditions. *Journal Phytopathology*. 154: 482-488.
- Sharma, R., Rana, M.C., Rana, S.S., Sharma, G.D. (2016). Effect of herbicide combinations on nutrients depletion by weeds in wheat. *Himachal Journal of Agricultural Research*. 42(1): 78-81.
- Siddiqui, I., Bajwa, R., Huma, Z. E., Javaid, A. (2010). Effect of six problematic weed on growth and yield of wheat. *Pakistan Journal of Botany*. 42(4): 2461-2471.
- Sobieszkański, R. (2015). Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na wartość siewną ziarna pszenżyta jarego. *Zagadnienia aktualne poruszane przez młodych naukowców*. 2(1): 155-156.
- Strzelecki, A.W. (1991). Wartość siewna i przechowalnicza pszenżyta ozimego w zależności od warunków zbioru. *Biuletyn IHAR* 180: 23-31.
- Sulek, A. (2015). Rola materiału siewnego i czynniki decydujące o jego jakości w produkcji zbóż. *Studia i raporty IUNG-PIB*. 44(18): 135-147.
- Szajsner, H., Drozd, D. (2007). Reakcja odmian jęczmienia jarego na promieniowanie laserowe. *Acta Agrophysica*. 9(3): 783-790.
- Szajsner, H. (2009). Wstępna ocena wpływu światła lasera na zmiany cech morfologicznych i siły diastatycznej genotypów pszenicy ozimej. *Acta Agrophysica*. 14(2): 491-499.
- Szwed, G., Łukaszuk, J. (2007). Effect of rapeseed and wheat kernel moisture on impact damage. *International Agrophysics*. 21: 299-304.
- Tavares, L.C., Lemes, E. S., Ruchel, Q., Westendorff, N. R., Agostinetto, D. (2019). Criteria for decision and economic threshold level for wild radish in wheat crop. *Planta Daninha*. 37.
- Trotsenko, V., Zabudsky, A. (2020). Influence of physical and mechanical properties and condition of barley grain on damage during mechanical processing. *Proceedings of the International Scientific Conference The Fifth Technological Order: Prospects for the Development and Modernization of the Russian Agro-Industrial Sector (TFTS 2019): Advances in Social Science, Education and Humanities Research*. 393: 180-184.
- Vogelgsang, S., Sulyok, M., Hacker, A., Jenny, E., Krska, R., Schuhmacher, R., Forrer, H.R. (2008). Toxigenicity and pathogenicity of *Fusarium poae* and *Fusarium avenaceum* on wheat. *European Journal of Plant Pathology*. 122: 265-276.
- Walsh, M.J., Minkey, D.M. (2006). Wild radish (*Raphanus raphanistrum* L.) development and seed production in response to time of emergence, crop-topping and sowing rate of wheat. *Plant Protection Quarterly*. 21(1): 25-29.
- Walsh, M.J., Owen, M.J., Powles, S.B. (2007). Frequency and distribution of herbicide resistance in *Raphanus raphanistrum* populations randomly collected across the Western Australian wheatbelt. *Weeds Research*. 47(6): 542-550.
- Wazziki, H.E., Yousfi, B.E., & Serghat, S. (2015). Contributions of three upper leaves of wheat, either healthy or inoculated by *Bipolaris sorokiniana*, to yield and yield components. *Australian Journal of Crop Science*. 9(7): 629-637.
- Wiewióra, B. (2003). Zdrowotność i inne cechy wartości siewnej ziarna oraz plon jęczmienia jarego w zależności od zastosowanej zaprawy nasiennej. Cz. I. Wpływ zapraw nasiennych na grzyby zasiedlające ziarno jęczmienia jarego, jego zdolność kiełkowania i wigor. *Biuletyn IHAR*. 228: 81-87.
- Wiewióra, B. (2006a). *Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shoem. — identyfikacja, biologia oraz znaczenie w uprawie zbóż. *Biuletyn IHAR*. 242: 131-139.
- Wiewióra, B. (2006b). Pathogenic ability of *Bipolaris sorokiniana* in relation to spring barley (*Hordeum vulgare*). *Phytopathologia Polonica*. 41: 5-14.
- Wiewióra, B. (2007). Health of naked and husked grain of spring barley after harvest and storage. *Phytopathologia Polonica*. 43: 37-52.
- Wiewióra, B. (2010). Wpływ zdrowotności materiału siewnego jęczmienia jarego na występowanie chorób na roślinach oraz wartość siewną zebranego ziarna. *Biuletyn IHAR*. 257/258: 3-16.
- Zareian, A., Hamidi, A., Sadeghi, H., Jazaeri, M.R. (2013). Effect of seed size on some germination characteristics seedling emergence percentage and yield of three wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars in laboratory and field. *Middle-East Journal of Scientific Research*. 13(8): 1126-1131.
- Ziemińska, J., Wyrzykowska, M., Niewęglowski, M. (2015). Jakość materiału siewnego pszenicy ozimej (*Triticum aestivum*) uprawianej w wybranych gospodarstwach w rejonie środkowo-wschodniej Polski. *Fragmenta Agonomica*. 32(4): 97-104.

Ocena przydatności słomy wybranych gatunków i odmian zbóż oraz traw wieloletnich do produkcji słomek do napojów

Evaluation of the usefulness of straw from selected species and varieties of cereals and perennial grasses for the production of drinking straws

Grzegorz Żurek  , Danuta Martyniak  , Monika Żurek 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Rośli – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie

 g.zurek@ihar.edu.pl

Badano przydatność słomy różnych odmian zbóż i traw wieloletnich do produkcji słomek do napojów. Oceniono łącznie 19 różnych genotypów, z których 12 to gatunki zbóż, a 4 to trawy wieloletnie. Przeprowadzono pomiary długości pędu, liczby międzywęźli oraz wymiarów międzywęźli (długość i średnica) dla każdego z badanych genotypów. Aby wyodrębnić najbardziej przydatne odmiany do produkcji słomek, przyjęto dwa kryteria dotyczące wymiarów surowca: minimalna długość słomki (co najmniej 20 cm) oraz minimalna średnica słomki (4 mm). Parametry te odpowiadają normom dla słomek z polipropylenu. Analizy statystyczne wykazały istotne zróżnicowanie badanych odmian pod względem tych parametrów. Niektóre odmiany zbóż i traw wieloletnich nie spełniały wymagań dotyczących długości i średnicy słomki. Z kolei, kilka odmian zbóż i traw, było szczególnie przydatne do produkcji słomek. Odmiany zbóż takie jak np. owies ozimy RADZIO, pszenica ozima: DAŃKOWSKA GRANIATKA oraz NADWIŚLANKA czy odmiana prosa różgowatego MARDAN charakteryzowały się wysokim udziałem międzywęźli spełniających wymagania jakościowe. Średnica międzywęźla była kluczowym parametrem decydującym o przydatności słomy do wytwarzania słomek do napojów.

Słowa kluczowe: zboża, trawy, międzywęźla, alternatywa dla plastiku

The evaluation of the suitability of straw from different varieties of cereals and grasses for the production of beverage straws was studied. Tests were conducted on a total of 19 different genotypes, of which 12 were cereal species and four were perennial grasses. Measurements of shoot length, number of internodes and internode dimensions (length and diameter) were carried out for each of the genotypes tested. In order to distinguish the most useful varieties for straw production, two criteria were adopted for the dimensions of the raw material: minimum straw length (at least 20 cm) and minimum straw diameter (4 mm). These parameters correspond to standards for polypropylene straws. Statistical analyses showed significant variation among the tested varieties in terms of these parameters. Some tested varieties of cereals and grasses did not meet the requirements for straw length and diameter. In contrast, several cereal and grass varieties were found to be particularly suitable for straw production. Cereal varieties such as, for example, RADZIO winter oats, DAŃKOWSKA GRANIATKA and NADWIŚLANKA winter wheat, and the MARDAN variety of switch millet were characterized by a high proportion of internodes meeting quality requirements. The diameter of the internode was a key factor influencing the suitability of the straw for making beverage straws.

Key words: cereals, grasses, internodes, plastic alternatives

Wstęp

Nadprodukcja plastiku i jego negatywny wpływ na środowisko są obecnie poważnymi problemami naszej cywilizacji, które mają szerokie konsekwencje dla ekosystemów, zwierząt i ludzi. Według Hansa Petera Arpa, profesora chemii na Norweskim Uniwersytecie Nauki i Technologii, zanieczyszczenie tworzywami sztucznymi już przekroczyło tzw. granicę planetarną, co oznacza zagrożenie dla ludzkości (Harrabin, 2022).

Plastik jest materiałem trudnym do utylizacji i recyklingu, gdyż z reguły nie jest biodegradowalny i rozkłada się bardzo powoli, co prowadzi do gromadzenia się odpadów plastikowych na składowiskach i wysypiskach śmieci (Shah i in., 2008; Jadaun i in., 2022). Ponadto, nieefektywne systemy recyklingu, brak infrastruktury i niewłaściwe postępowanie z odpadami plastikowymi przyczyniają się do dalszego zanieczyszczenia

środowiska. Co więcej, produkcja i utylizacja plastiku wiążą się z emisją gazów cieplarnianych, które przyczyniają się do zmiany klimatu (Chia i in., 2023; Sharma i in., 2023).

Skala problemu produkcji odpadów plastikowych jest tak duża, że powstała w 2018 r. dyrektywa UE zakazująca sprzedaży jednorazowego plastiku (w tym słomek) od 2021 roku (dyrektywa Parlamentu Europejskiego i Rady nr 2019/904 z 5 czerwca 2019 r. w sprawie zmniejszenia wpływu niektórych produktów z tworzyw sztucznych na środowisko – zwana dyrektywą SUP) (EC, 2018). W Polsce, na mocy ustawy z dnia 9 maja 2023 (Dz. U. z 2023, poz. 877), implementującej przepisy powyższej dyrektywy, zakazane jest stosowanie 9 rodzajów produktów zawierających plastik takich jak np. jednorazowe sztućce (widelce, noże, łyżki, pałeczki); jednorazowe talerze oraz słomki z tworzyw sztucznych.

Jednym z możliwych działań jest zastępowanie produktów plastikowych, produktami z materiałów w pełni biodegradowalnych. Przykładem mogą tu być jednorazowe słomki z plastiku do picia napojów, które są od lat w powszechnym użyciu. W samej tylko UE średnio rocznie zużywa się ponad 36 mld słomek, z tego 1,2 mld w Polsce. Szacuje się, że ich rozkład trwa ok. 450 lat. Pomimo iż, zarówno pod względem ilości jak i objętości, udział jednorazowych słomek jest niewielki w ogólnej ilości odpadów to są one uważane za symbol skutków środowiskowych nieograniczonego używania przedmiotów jednorazowych wykonanych z plastiku (Wagner i Toews, 2018).

Alternatywą dla słomek z plastiku są słomki z innych, biodegradowalnych materiałów. W praktyce są słomki ze: szkła, metalu, bambusa, papieru, mączki kukurydzianej, makaronu, jabłek i zbóż, a przede wszystkim z naturalnej słomy (Jansson i in. 2020). Słomki wykonane ze słomy są w pełni naturalne, biodegradowalne, a także nie rozpuszczają się i nie namiękają w czasie korzystania z nich.

Wprowadzenie słomek ze słomy jako zamiennika dla plastikowych słomek do napojów to krok w kierunku bardziej zrównoważonej i ekologicznej przyszłości. W roku 2021, na podstawie umowy nr 000550.DDD.6509.00109.2019.13, zawartej

z Agencją Restrukturyzacji i Modernizacji Rolnictwa rozpoczęła swoją działalność Grupa Operacyjna ‘Słomka ze Słomy’, działająca w oparciu o środki przyznane w konkursie Działanie Współpraca. W skład Konsorcjum realizującego operację pt.: „Opracowanie innowacyjnej produkcji słomek ze słomy do różnych napojów” weszły następujące podmioty: Świętokrzyski Ośrodek Doradztwa Rolniczego w Modliszewicach (lider Grupy), Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, PIB w Radzikowie, Instytut Technologiczno – Przyrodniczy, PIB w Falentach, przedsiębiorca Grzegorz Cuch Usługi Spawalnicze oraz rolnik Zdzisław Wiklak.

Celem niniejszego opracowania, będącego efektem fragmentu działań w ramach powyższego projektu, jest zaprezentowanie potencjalnych możliwości wybranych gatunków i odmian zbóż oraz traw wieloletnich w zakresie wykorzystania ich słomy do produkcji słomek do napojów.

Material i metoda

Do badań wykorzystano łącznie 19 obiektów w tym 12 w grupie zbóż oraz 4 w trawach wieloletnich (tab. 1). Obiekty do badań typowano na podstawie poczynionych uprzednio obserwacji własnych oraz informacji uzyskanych od hodowców bądź osób prowadzących prace z tymi formami.

Tabela 1
Table 1

Wykaz zastosowanych odmian zbóż oraz traw
List of used varieties of cereals and grasses

Lp. / No.	Rodzaj, gatunek / Genus, species		Nazwa odmiany, rodu, formy / Name of cultivar, breeding family, form
Zboża / cereals			
1	owies ozimy	<i>Avena sativa</i> L.	RADZIO
2	owies ozimy	<i>Avena sativa</i> L.	ród 5Q
3	owies ozimy	<i>Avena sativa</i> L.	WILAND
4	pszenica jara	<i>Triticum aestivum</i> L.	MERKAWA
5	pszenica orkisz	<i>Triticum spelta</i> L.	ZOLLERNPERLE
6	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	ALMARI
7	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	DAŃKOWSKA GRANIATKA
8	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	KWS LIVIUS
9	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	NADWIŚLANKA
10	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	OSTKA GRODKOWICKA
11	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	OSTKA GRUBOZIARNISTA GRODKOWICKA
12	pszenica ozima	<i>Triticum aestivum</i> L.	TOBAK
13	pszenżyto	<i>x Triticosecale</i> Wittm.	MEDALION
14	pszenżyto	<i>x Triticosecale</i> Wittm.	MELOMAN
15	pszenżyto	<i>x Triticosecale</i> Wittm.	TORNADO
Trawy wieloletnie / perennial grasses			
1	perz wydłużony	<i>Elymus elongatus</i> (Host.) Run.	TIMPOL
2	proso różgocate	<i>Panicum virgatum</i> L.	MARDAN
3	spartina preriowa	<i>Spartina pectinata</i> Link	forma
4	stokłosa bezostna	<i>Bromus inermis</i> Leyss.	TIMEXA

Słomę do badań pozyskiwano w latach 2019-2020 z istniejących już w IHAR-PIB poletek doświadczalnych wymienionych wyżej odmian. Słomę zbóż pobierano z poletek doświadczalnych w Zakładzie Doświadczalnym IHAR-PIB w Grodkowicach. Gleby na terenie tego Zakładu należą do gleb brunatnych o podłożu lessowym, ciężkich, poletka doświadczalne założono na polu klasy R IIIa o kompleksie przydatności rolniczej 2. Odczyn gleby (pH) wynosił 6,7, zawartość azotu ogólnego – 55,7 mg·100 g⁻¹ gleby, zawartość fosforu (w formie P₂O₅) – 11,4 mg·100 g⁻¹ gleby a potasu (w formie K₂O) – 22,0 mg·100 g⁻¹ gleby. W sezonie wegetacyjnym, w którym pobierano słomę zastosowano nawożenie mineralne, gdzie dawka azotu (140 kg·ha⁻¹) została podana w 3 dawkach w momencie ruszenia wegetacji, w fazie strzelania w źdźbło oraz w fazie kłoszenia. Pozostałe składniki mineralne (P₂O₅ – 60 kg·ha⁻¹; K₂O – 90 kg·ha⁻¹; CaO – 450 kg·ha⁻¹) podano przedsięwzięciem. Zastosowane środki chemiczne: herbicyd - Mustang 306 SE – 0,6 l i Sekator 125 OD – 0,25 l; fungicyd - pierwszy zabieg - Tilt Turbo 575 EC 1l, fungicyd - drugi zabieg Capalo 337,5 SE – 2l.

Słomę traw wieloletnich pozyskiwano z poletek w Radzikowie. Gleba, na której rosły odmiany traw wieloletnich to glina piaszczysta, o pH 5,8, oraz zawartości azotu 26,8 mg·100 g⁻¹ gleby, zawartość fosforu (w formie P₂O₅) – 65,3 mg·100 g⁻¹ gleby a potasu (w formie K₂O) – 39,1 mg·100 g⁻¹ gleby. Przed siewem bądź sadzeniem roślin w pole zastosowano nawożenie mineralne w ilości N – 100 kg·ha⁻¹, P₂O₅ – 55 kg·ha⁻¹ oraz K₂O – 90 kg·ha⁻¹. W kolejnych latach wegetacji nie stosowano nawożenia.

Badane odmiany zbóż rosły na poletkach o powierzchni ok. 10 m², natomiast poletka traw wieloletnich, w zależności od gatunku miały od 20 (stokłosa bezostna) do 50 m² (pozostałe gatunki). Z wymienionych powyżej poletek w sposób losowy pobierano po 10 łodyg wraz z kwiatostanami, na których wykonano następujące pomiary: długości pędu, liczby międzywęźli, długości każdego z międzywęźli oraz jego szerokości.

Dla wyodrębnienia odmian najbardziej przydatnych do wytwarzania słomek przyjęto dwa parametry określające oczekiwane wymiary surowca tj. długość słomki z międzywęźla – co najmniej 20 cm oraz minimalną średnicę słomki – 4 mm. Parametry te występują jako minimalne wymagania dla słomek do napojów według normy dla słomek z polipropylenu (ISO 18188:2016). Określono następnie udział międzywęźli, łączących w sobie te dwie cechy, w ogólnej liczbie przebadanych w każdej formie i wyrażono go w procentach jako udział międzywęźli efektywnych (ME).

Analizy statystyczne przeprowadzono przy pomocy pakietu STATISTICA® (StatSoft, 2014),

o istotności statystycznej korelacji wnioskowano z prawdopodobieństwem ponad 99%.

Wyniki

Charakterystyka warunków pogodowych

W Grodkowicach, wiosną 2019 roku, warunki pogodowe nie były sprzyjające optymalnemu rozwojowi zbóż ozimych (rys. 1). Wczesna wiosna charakteryzowała się niską ilością opadów i relatywnie wysokimi temperaturami. Jednakże, kwiecień i maj przyniosły obfite opady deszczu, przy jednoczesnym utrzymaniu temperatur na poziomie średniej wieloletniej. W okresie dojrzewania zbóż i zbiorów, który przypadał na czerwiec i lipiec, warunki były niekorzystne, z niską ilością opadów i stosunkowo wysokimi temperaturami. Pozostała część roku 2019 charakteryzowała się obfitymi opadami deszczu i względnie wysokimi temperaturami, co stworzyło dogodne warunki dla jesienno-siewu. W roku 2020, wiosna ponownie przyniosła warunki surowe i chłodne, a maj był szczególnie zimny, o 3,1°C chłodniejszy od średniej wieloletniej. W tym samym czasie występowały znaczne opady deszczu, osiągając około 200% średniej wieloletniej. Czerwiec i lipiec wyróżniały się temperaturami na poziomie wielolecia oraz były dość suche.

W przypadku Radzikowa, gdzie pobierano próby słomy traw, sezon wegetacyjny 2019 charakteryzował się ilością opadów na poziomie średniej wieloletniej, przy temperaturze o 2,3°C wyższej od średniej. Wrzesień i październik 2019 roku były okresem suchym, natomiast zima 2019/2020 przyniosła obfite opady deszczu. Wiosna 2020 była ponownie sucha, ale temperatury utrzymywały się na poziomie średniej wieloletniej. Sezon wegetacyjny 2020 charakteryzował się obfitymi opadami deszczu, które były o 20% wyższe od średniej wieloletniej, a czerwiec przyniósł aż 232% tej średniej.

Charakterystyka badanych cech

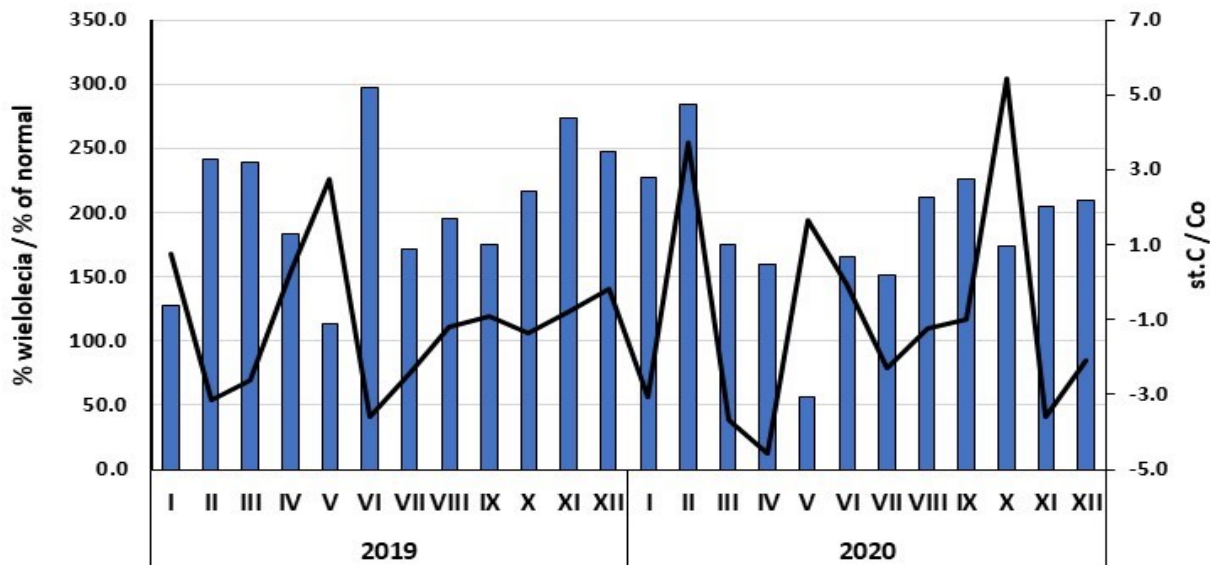
W badanej grupie obiektów stwierdzono znaczne zróżnicowanie pod względem potencjalnej przydatności do produkcji słomek o oczekiwanych parametrach (tab. 2). Wśród badanych form zbóż dwie (pszenica jara MERKAWA oraz orkisz ZOLLERNPERLE) były całkowicie nieprzydatne (brak ME) a dwie kolejne (pszenica ozima OSTKA GRUBOZIARNISTA GRODKOWICKA oraz pszenżyto MEDALION) przydatne zaledwie w niewielkim stopniu (5% ME). W grupie traw nieprzydatne okazały się odmiany: TIMEXA stokłosa bezostnej oraz TIMPOL perzu wydłużonego.

Z kolei najbardziej przydatne do produkcji słomek spośród badanych odmian zbóż okazały się odmiany: owsa ozimego RADZIO, pszenicy ozimej DANKOWSKA GRANIATKA, NADWIŚLANKA oraz OSTKA GRODKOWICKA. Obliczone wartości ME wynosiły dla tych odmian od-

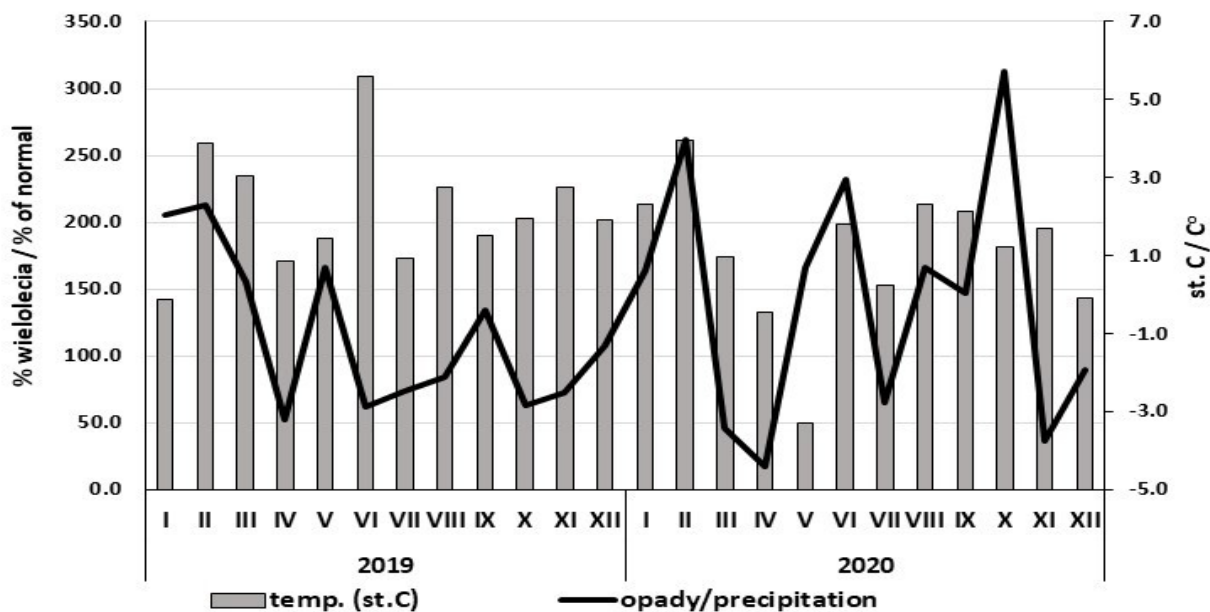
powiednio: 61,5%, 46,5%, 44 oraz 34,6%. Dla pozostałych odmian zbóż ilości efektywnych międzywęźli kształtowały się na poziomie 13-29%.

W grupie traw wieloletnich najwyższy udział międzywęźli efektywnych zanotowano dla spartiny preriowej (76,1% ME) oraz prosa różgowatego MARDAN (47,3% ME).

Cechą, która najsilniej wpływała na uzyskane wartości współczynnika ME w badanych odmianach była średnica międzywęźla ($r = 0,812$, $P > 99\%$). Dla pozostałych cech nie stwierdzono istotnego statystycznie współczynnika korelacji prostej (tab. 3).



a. Grodkowice



b. Radzików

Rys. 1. Wykresy temperatury oraz miesięcznej sumy opadów w relacji do średnich wartości z wielolecia (1981 - 2000) w Grodkowicach oraz Radzików w latach 2019 – 2020. Oś prawa wykresu oraz linie to różnica pomiędzy średnią miesięczną temperaturą powietrza w danym miesiącu a analogiczną wartością dla wielolecia. Oś lewa wykresu oraz słupki to średnie miesięczne sumy opadów w relacji (%) do analogicznych wartości dla wielolecia.

Fig. 1. Charts of temperature and monthly rainfall in relation to average values from the multiannual period, hereafter called 'normal value' (1981 - 2000) in Grodkowice and Radzików in 2019 - 2020. The right axis of the graph and the lines are the difference between the average monthly air temperature in a given month and the corresponding normal value. The left axis of the graph and the bars are the average monthly precipitation in relation (%) to the analogous normal value.

Tabela 2.
Table 2.

Wartości średnie oraz odchylenia standardowe badanych parametrów słomy odmian traw i zbóż
Mean values and standard deviations of the examined straw parameters of grass and cereal varieties

Lp. / No.	Gatunek / Species	Nazwa odmiany, rodu, formy / Name of cultivar, breeding form	Wysokość roślin (cm) / Plant height (cm)	Liczba / Number	Międzywęźla: Internodes		
					Długość [cm] / Length (cm)	Średnica [mm] / Diameter (cm)	% efektywnych / % of effective
Zboża / Cereals							
1	owies ozimy	RADZIO	95,9 ± 5,3	3 ± 0,5	27,1 ± 14,4	4,2 ± 1,0	61,5
2	owies ozimy	RÓD 5Q	83,2 ± 4,0	3 ± 0,3	20,9 ± 12,9	4,0 ± 1,0	29,0
3	owies ozimy	WILAND	88,8 ± 4,5	4 ± 0,3	18,3 ± 12,9	3,4 ± 0,8	12,8
4	pszenica jara	MERKAWA	65,0 ± 4,0	4 ± 0,3	14,1 ± 6,6	2,5 ± 0,4	0,0
5	pszenica orkisz	ZOLLERNPERLE	113,8 ± 9,3	4 ± 0,3	25,4 ± 12,7	2,7 ± 0,4	0,0
6	pszenica ozima	ALMARI	66,4 ± 3,6	3 ± 0,9	20,9 ± 11,2	3,6 ± 1,0	26,7
7	pszenica ozima	DAŃKOWSKA GRANIATKA	140,9 ± 4,5	4 ± 0,5	30,2 ± 14,4	3,8 ± 1,1	46,5
8	pszenica ozima	KWS LIVIUS	77,0 ± 2,9	3 ± 0,4	21,9 ± 9,8	3,5 ± 1,0	23,3
9	pszenica ozima	NADWIŚLANKA	107,0 ± 4,3	3 ± 0,5	36,2 ± 19,2	3,3 ± 1,0	34,6
10	pszenica ozima	OSTKA GRODKOWICKA	105,0 ± 4,3	3 ± 0,5	35,9 ± 20,4	3,7 ± 1,0	44,0
11	pszenica ozima	OSTKA GRUBOZIARNISTA GRODKOWICKA	74,1 ± 5,9	2 ± 0,0	31,1 ± 25,7	3,2 ± 0,7	5,0
12	pszenica ozima	TOBAK	77,1 ± 3,6	4 ± 0,4	18,4 ± 8,4	3,4 ± 0,8	18,4
13	pszenżyto	MEDALION	102,6 ± 5,1	4 ± 0,4	25,2 ± 12,0	3,3 ± 1,2	5,4
14	pszenżyto	MELOMAN	105,6 ± 3,1	4 ± 0,3	22,3 ± 14,2	3,7 ± 0,8	29,3
15	pszenżyto	TORNADO	116,0 ± 6,3	4 ± 0,5	23,6 ± 12,7	3,4 ± 0,8	27,3
Trawy wieloletnie / Perennial grasses							
1	perz wydłużony	TIMPOL	147,5 ± 11,5	3 ± 0,5	36,3 ± 16,2	2,1 ± 0,7	0,0
2	proso różgowate	MARDAN	172,0 ± 28,3	6 ± 0,6	21,0 ± 7,3	3,9 ± 1,1	47,3
3	spartina preriowa	FORMA O/BYDGOSZCZ	197,9 ± 28,2	7 ± 0,5	27,7 ± 8,6	4,2 ± 0,8	76,1
4	stokłosa bezostna	TIMEXA	157,5 ± 5,2	4 ± 0,5	21,6 ± 9,0	2,5 ± 0,6	0,0

Tabela 3
Table 3

Wartości współczynnika korelacji prostej pomiędzy udziałem międzywęźli efektywnych oraz badanymi parametrami słomy
The values of the simple correlation coefficient between the proportion of effective internodes and the tested straw parameters

Parametry słomy Straw parameters	r
Wysokość roślin	0,438 b.i.
Liczba międzywęźli	0,353 b.i.
Długość międzywęźli	0,280 b.i.
Średnica źdźbła	0,813 ***

b.i. – brak istotności/no significant, *** - prawdopodobieństwo istotności korelacji > 99%, correlation coefficient significant with probability > 99%

Dyskusja

Szacuje się, że rolnictwo w Polsce wytwarza ok. 30 mln ton słomy rocznie, z czego około 19 mln ton wykorzystanych jest na cele rolnicze jako:

dodatek do pasz, nawóz naturalny, ściółka dla zwierząt (Madej 2017; Gradziuk 2015). W Polsce nadwyżki słomy (8-9 mln ton) wykorzystuje się poza rolnictwem głównie jako źródło energii odnawialnej (ok. 40-50% na ten cel) (Karcz i in., 2013) Wraz z wzrastającym zapotrzebowaniem na produkty biodegradowalne, wzrasta również zainteresowanie słomą jako substratem do ich produkcji. Obok powszechnych już zastosowań do wyrobu artykułów dekoracyjnych czy gadżetów reklamowych, możliwe jest również zastosowanie słomy do produkcji artykułów do konsumpcji jak naczynia, widelce, noże oraz słomki do napojów. Dla wytworzenia tego ostatniego produktu, słoma nie wymaga jakiegokolwiek przetwarzania, poza jej oczyszczeniem, pocięciem i poddaniem procesowi sterylizacji, przed ostatecznym konfekcjonowaniem i skierowaniem do odbiorcy.

Aby jednak doprowadzić do tego etapu należy najpierw wskazać najbardziej do tego celu odpowiednie rośliny. Najbardziej oczywistymi (w naszej strefie klimatycznej) są zboża oraz trawy wieloletnie, które w cyklu wegetacyjnym produkują

pusty w środku pęd, podzielony na międzywęzła, których liczba, grubość oraz średnica są cechami o znacznej zmienności i podatności na wpływ wielu czynników (Wójtowicz i in., 2019). Cechą istotną w ocenie przydatności słomy do produkcji słomek do napojów jest średnica międzywęzła, czyli średnica łodygi (Wójtowicz i in., 2019). Uważa się, że cecha ta jest kluczowym parametrem wpływającym na wytrzymałość mechaniczną łodygi zbóż i traw (Hall i in., 2010). Parametry te są efektem złożonego oddziaływania wielu czynników, zarówno genetycznych, jak i środowiskowych.

Podsumowanie

W obliczu rosnącej potrzeby poszukiwania alternatywnych dla plastiku surowców naturalnych, wykorzystanie słomy roślinnej jako surow-

ca do produkcji słomek do napojów wydaje się obiecującym rozwiązaniem. Prawidłowe dobranie roślin oraz odpowiednich parametrów technicznych może przyczynić się do stworzenia efektywnego procesu produkcyjnego, jednocześnie wpisującego się w zrównoważony rozwój gospodarczy i ekologiczny. Dalsze badania nad właściwościami fizycznymi i technologicznymi słomy oraz optymalizacją procesu jej przetwarzania są niezbędne dla osiągnięcia optymalnej jakości i efektywności produkcji opisywanych wyrobów.

Podziękowania


Pani dr Agnieszce Rachwalskiej, Dyrektor Zakładu Doświadczalnego HR w Grodkowicach dziękujemy za udostępnienie słomy zbóż oraz przekazanie danych o ich uprawie.

Literatura

- Chia, R.W., Lee J.-L., Lee M., Lee G.-S., Jeong C.-D. 2023. Role of microplastic pollution in climate change. *Science of the Total Environment*, 887: 164112. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.164112>
- Dziennik Ustaw, 2023, poz. 877. Ustawa z dnia 14 kwietnia 2023 r. o zmianie ustawy o obowiązkach przedsiębiorców w zakresie gospodarowania niektórymi odpadami oraz o opłacie produktowej oraz niektórych innych ustaw.
- European Commission, 2018. Directive of the European Parliament and of the Council on the reduction of the impact of certain plastic products on the environment. EUR-Lex - 52018PC0340 – EN, 28.5.2018, Brussels, Belgium.
- Gradziuk P. 2015. Gospodarcze znaczenie i możliwości wykorzystania słomy na cele energetyczne w Polsce. *Monografie i Rozprawy Naukowe IUNG-PIB Puławy*, 45.
- Hall A.J., Sposaro M.M., Chimenti C.A., 2010. Stem lodging in sunflower: variations in stem failure moment of force and structure across crop population densities and post-anthesis developmental stages in two genotypes of contrasting susceptibility to lodging. *Field Crops Research*, 116(1-2): 46-51. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2009.11.008>
- Harrabin R. 2022. Plastic crisis needs binding treaty, report says. *BBC News*. <https://www.bbc.com/news/science-environment-60026748>
- ISO 18188:2016. Specification of polypropylene drinking straws. <https://www.iso.org/obp/ui/en#iso:std:iso:18188:ed-1:v1:en>
- Jadaun J.S., Bansal S., Sonthalia A., Rai K., Singh S.P. 2022. Biodegradation of plastics for sustainable environment. *Bioresource Technology*, 347: 126697. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.126697>
- Jansson A., Andersson K., Stelick A., Dando R. 2020. An evaluation of alternative biodegradable and reusable drinking straws as alternatives to single-use plastic. *Journal of Food Sciences*, 86: 3219-3227. DOI: <https://doi.org/10.1111/1750-3841.15783>
- Karcz H., Kantorek M., Grabowicz M., Wierzbicki K. 2013. Możliwość wykorzystania słomy jako źródła paliwowego w kotłach energetycznych. *Pieczę Przemysłowe i kotły*, 11-12: 8-15.
- Madej A. 2017. Bilans słomy w Polsce w latach 2010-2014 oraz prognoza do 2030 r. *Roczniki Naukowe Stowarzyszenia Ekonomistów Rolnictwa i Agrobiznesu*, 18 (1): 163-168.
- Shah A. A., Hasan F., Hameed A., Ahmed S. 2008. Biological degradation of plastics: A comprehensive review. *Biotechnology Advances*, 26 (3): 246-265. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2007.12.005>
- Sharma S., Sharma V., Chatterjee S. 2023. Contribution of plastic and microplastic to global climate change and their conjoining impacts on the environment – A review. *Science of the Total Environment*, 875: 16267. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.162627>
- StatSoft, Inc. 2014. STATISTICA (data analysis software system), version 12, www.statsoft.com
- Wagner T.P., Toews P. 2018. Assessing the use of default choice modification to reduce consumption of plastic straws. *Detritus*, 40: 113-121. DOI: <https://doi.org/10.31025/2611-4135/2018.13734>
- Wójtowicz T., Grabowska-Joachimiak A., Zieliński A. 2019. Analysis of morpho-anatomical stem properties determining its mechanical strength in selected rye cultivars. *International Agrophysics*, 34: 123-131. DOI: <https://doi.org/10.31545/intagr/115096>

Zmienne towarzyszące jako dodatkowe źródło zmienności w doświadczeniu

Covariates as an additional source of variability in the experiment

Dariusz R. Mańkowski ¹⁾ , Janusz Wątroba ²⁾

¹⁾ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

²⁾ StatSoft Polska Sp. z o. o.

✉ d.mankowski@ihar.edu.pl

Zmienne towarzyszące charakteryzują i mogą uzupełniać zmienne analizowane w danym doświadczeniu. Mogą one tłumaczyć różne reakcje obserwowanych jednostek doświadczalnych na badane zjawisko lub proces. Podstawowymi narzędziami statystycznymi służącymi do analizy danych doświadczalnych z uwzględnieniem zmiennych towarzyszących są analiza regresji i analiza kowariancji. O ile analiza funkcji regresji jest metodą często stosowaną w analizie danych doświadczalnych, to z analizą kowariancji już tak nie jest. Prac prezentujących praktyczne wykorzystanie tej metody jest stosunkowo niewiele. Celem niniejszej pracy jest przybliżenie analizy kowariancji i przedstawienie jej praktycznego wykorzystania. W pracy opisano metodę analizy kowariancji na przykładzie klasyfikacji pojedynczej oraz pokazano jej wykorzystanie na dwóch przykładach rolniczych.

Słowa kluczowe: analiza danych, ANCOVA, zmienne towarzyszące, statystyka matematyczna

Covariates characterize and may complement the variables analyzed in the experiment. They can explain various reactions of observed experimental units to the studied phenomenon or process. The basic statistical tools used to analyze experimental data considering covariates are regression analysis and analysis of covariance. While regression function analysis is often used in analyzing experimental data, this is not the case with the analysis of covariance. There are relatively few works presenting the practical use of this method. The aim of this paper is to present the analysis of covariance and its practical use. The paper describes the method of analysis of covariance on the example of a single classification and its use is shown in two agronomical examples.

Keywords: data analysis, ANCOVA, covariates, mathematical statistics

Wprowadzenie

Niepełna informacja o danych, które poddajemy analizie statystycznej w pewnych przypadkach może doprowadzić nas do uzyskania fałszywych wniosków. Jako jeden z często przytaczanych przykładów takiej sytuacji przedstawia się podejrzenie wysunięte w roku 1973 wobec Uniwersytetu Kalifornii w Berkley dotyczące dyskryminacji ze względu na płeć w procesie naboru studentów (Bickel i in., 1975; Kievit i in., 2013). Obserwując łączną liczbę kandydatów (4 321 kobiet oraz 8 442 mężczyzn) oraz liczbę osób przyjętych na studia można odnieść wrażenie, że chętniej przyjmowano mężczyzn niż kobiety (spośród kandydujących dostało się 44% mężczyzn i tylko 35% kobiet). Jednak dopiero analizując odsetki kobiet i mężczyzn przyjętych na poszczególne 101 kierunków studiów okazało się, że nie ma żadnych nieprawidłowości – kobiety chętniej zdawały na kierunki trudniejsze o większej liczbie chętnych na jedno miejsce, natomiast mężczyźni wybierali „bezpieczniejsze” kierunki. Dlatego też obserwowano relatywnie więcej nieprzyjętych kobiet niż mężczyzn. Takie zjawisko, polegające na niewłaściwej lub wręcz błędnej interpretacji danych z powodu braku informacji o właściwościach tych danych (ich strukturze) określane jest mianem Pa-

radoksu Simpsona (Pearson i in., 1899; Yule, 1903; Simpson, 1951).

Czy z taką sytuacją można zetknąć się prowadząc doświadczenia rolnicze i z zakresu hodowli roślin? Jak najbardziej tak. Można tu spotkać błędy wynikające z braku informacji o warunkach panujących na polu podczas prowadzenia doświadczeń polowych (np. zmienność systematyczna), czy też brak dodatkowych informacji charakteryzujących badane obiekty (np. czy w obrębie badanej zbiorowości nie występują subpopulacje). Często by uniknąć błędnej interpretacji i niepoprawnego wnioskowania wystarczy uwzględnić w analizie dodatkowe zmienne, które będą uzupełniały i objaśniały zmienność analizowanych zmiennych. Takie dodatkowe zmienne zwane są często zmiennymi towarzyszącymi (ang. covariates) lub zakłócającymi.

Jedną z najczęściej wykorzystywanych metod statystycznej analizy danych w badaniach rolniczych jest analiza wariancji. Pozwala ona na porównanie kilku obiektów (poziomów czynnika) pod względem badanej zmiennej (zmiennej zależnej), gdy podlega ona dla każdego poziomu czynnika tylko zmienności losowej i nie jest zależna od innych czynników. W przypadku występowania zmienności systematycznej w obrębie doświadczenia, można uwzględnić taką zmienność w mo-

delu analizy wariancji tak by zmienność ta nie rzutowała na ocenę istotności różnic pomiędzy badanymi obiektami. Zdarza się jednak tak, że analizowana zmienna zależna jest uwarunkowana wpływem innym zmiennych mierzalnych – tzw. zmiennych towarzyszących (Cochran i Cox, 1992). Jak podaje Elandt (1964) analiza kowariancji jest metodą, która pozwala uwzględnić w pewien sposób wpływ zmiennej towarzyszącej i porównać średnie obiektowe przez sprowadzenie wspólnego mianownika, to znaczy pozwala tak poprawić średnie obiektowe jak by były wyznaczone dla tej samej wartości zmiennej towarzyszącej.

Analiza kowariancji jest techniką statystyczną, która łączy metody analizy wariancji (ANOVA) i analizy regresji (Timm, 2002). ANCOVA jest stosunkowo rzadko stosowana i opisywana w badaniach z zakresu szeroko pojętej agronomii (Wijesuriya i Thattil, 1996; Yang i Juskiw, 2011; McConnell i in., 2014).

Celem niniejszej pracy było przybliżenie analizy kowariancji i przedstawienie możliwości jej wykorzystania w praktyce doświadczalnictwa rolniczego.

Opis metody

Poniżej przedstawiono opis metody analizy kowariancji dla klasyfikacji pojedynczej. Dla układów wieloczynnikowych stosuje się rozwinięcie przedstawionych obliczeń uwzględniające zastosowany układ doświadczalny.

Założenia

Analizę kowariancji jest uznawana za połączenie analizy wariancji z analizą regresji (Stanisz, 2007), w związku z czym przed przystąpieniem do analizy należy sprawdzić wszystkie założenia leżące u podstaw obydwu tym metod. Dodatkowo należy uwzględnić jeszcze dwa kluczowe dla tej analizy założenia (Elandt, 1964; Stanisz, 2007):

- Założenie o jednorodności lub równoległości regresji w obrębie grup (obiektów, poziomów czynnika).
- Założenie o braku wpływu oddziaływania eksperymentalnego na zmienną towarzyszącą.

Założenie o równoległości regresji jest podstawowym założeniem analizy kowariancji. W celu sprawdzenia tego założenia stawiana jest hipoteza postaci:

$$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_p \quad (1)$$

gdzie β_i to współczynniki regresji (nachylenia funkcji regresji) w i -tej populacji (dla i -tego poziomu czynnika / obiektu). Tak postawioną hipotezę testuje się za pomocą testu F lub za pomocą modelu jednakowych nachyleń (Stanisz, 2007). Model jednakowych nachyleń pozwala na testowanie istotności interakcji zmiennej towarzyszącej ze zmienną grupującą (czynnikiem). Jeśli interakcja ta jest istotna to założenie o równości współ-

czynników regresji (równoległości regresji) nie jest spełnione.

Drugie z wskazanych powyżej założeń odnosi się do niezależności zmiennej towarzyszącej od zmiennej grupującej. Spełnienie tego założenia zapewnia, że obserwowane różnice pomiędzy średnimi obiektowymi wynikają z różnic pomiędzy jednostkami doświadczalnymi (spowodowanymi przez badany czynnik), a nie są efektem oddziaływania zmiennej towarzyszącej (Stanisz, 2007). Założenie to najlepiej sprawdzić za pomocą testu F analizy wariancji.

Uwzględnienie zmiennej towarzyszącej w analizie wariancji wymaga dodatkowo wykazania, że występuje zależność pomiędzy zmienną towarzyszącą a zmienną zależną. Można to zrobić za pomocą zwykłej analizy regresji liniowej.

Na koniec pozostaje więc pytanie, kiedy analizę kowariancji można zastosować, a kiedy pozostaje tylko analiza wariancji lub analiza regresji. Przedstawiony na Rysunku 1 schemat jest graficznym posumowaniem tego problemu.

Model obliczeniowy

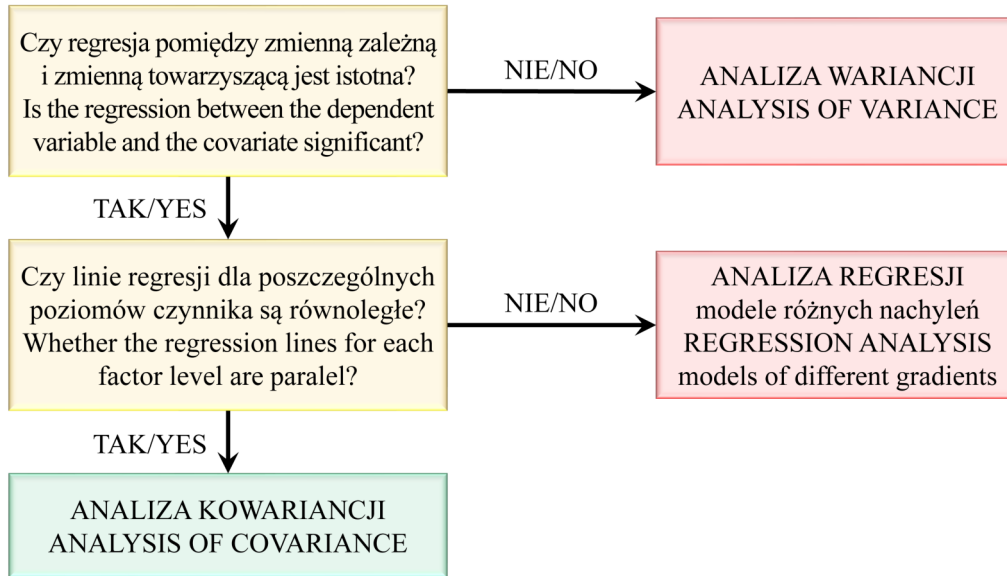
Rozważając k grup (poziomów czynnika / obiektów). Przy liczbie powtórzeń wynoszącej n_i dla i -tej grupy (i -tego poziomu czynnika / obiektu) oraz łącznej liczbie przypadków (powtórzeń) wynoszącej $N = \sum_{i=1}^k n_i$, zmienną za-

leżną o rozkładzie zbieżnym z rozkładem normalnym oznacza się przez y , natomiast x oznacza zmienną towarzyszącą. Zakładając, że jej zmienność ma charakter losowy a wszystkie założenia analizy kowariancji są spełnione, model liniowy w klasyfikacji pojedynczej można zapisać w postaci (Elandt, 1964; Oktaba, 1971; Szklarska i in., 1978; Wójcik i Laudański, 1989; Cochran i Cox, 1992; Montgomery, 2005):

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta(x_{ij} - \bar{x}_{..}) + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

gdzie y_{ij} to wartość zmiennej zależnej dla i -tego poziomu czynnika w j -tym powtórzeniu; μ to średnia ogólna wartość zmiennej zależnej dla całej populacji; α_i to efekt i -tego poziomu badanego czynnika; $\beta(x_{ij} - \bar{x}_{..})$ reprezentuje udział zmiennej towarzyszącej; β to współczynnik regresji wewnątrz grup (dla poszczególnych poziomów czynnika); x_{ij} to obserwacja zmiennej towarzyszącej dla i -tego poziomu badanego czynnika w j -tym powtórzeniu, $\bar{x}_{..}$ - oznacza średnią wartość zmiennej towarzyszącej w całym doświadczeniu, a ε_{ij} to błąd losowy dla i -tego poziomu czynnika w j -tym powtórzeniu.

Parametry μ , α_i oraz β modelu (2) są nieznanne, a oszacować można je za pomocą metody najmniejszych kwadratów (Elandt, 1964; Linnik, 1962). Dąży się więc, by suma kwadratów odchyleń postaci (Elandt, 1964):



Rys. 1. Schemat wyboru analizy (Stanisz, 2007)
 Fig. 1. Analysis selection scheme (Stanisz, 2007)

$$Se = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} \{y_{ij} - [\mu + \alpha_i + \beta(x_{ij} - \bar{x}_{..})]\}^2 \quad (3)$$

była jak najmniejsza. Analogicznie jak w klasycznej analizie wariancji estymatory poszczególnych parametrów modelu (2) można zapisać w postaci (Elandt, 1964; Wójcik i Laudański, 1989):

$$\begin{aligned} \hat{\mu} &= \bar{y}_{..} \\ \hat{\alpha}_i &= (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) - b(\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..}) \\ \hat{\beta} &= b \end{aligned} \quad (4)$$

przy czym b będące oszacowaniem wspólnego współczynnika regresji wewnątrz grup (w obrębie poszczególnych poziomów czynnika) wyznacza się wg wzoru postaci (Elandt, 1964; Oktaba, 1971):

$$b = \frac{\sum_i^k \sum_j^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{i.})(y_{ij} - \bar{y}_{i.})}{\sum_i^k \sum_j^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2} \quad (5)$$

A więc szacowana wartość zmiennej zależnej przyjmuje postać (Elandt, 1964):

$$\hat{y}_{ij} = \bar{y}_{..} + [(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) - b(\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..})] + b(x_{ij} - \bar{x}_{i.}) = \bar{y}_{i.} + b(x_{ij} - \bar{x}_{i.}) \quad (6)$$

Teraz można wyznaczyć sumy kwadratów odchyleń i iloczynów zmiennych x oraz y odpowiednio dla zmienności ogólnej (T), obiektowej (A) oraz losowej (E) czyli błędu losowego (Elandt, 1964; Oktaba, 1971; Szklarska i in., 1978; Wójcik i Laudański, 1989; Montgomery, 2005):

$$\begin{aligned} \text{var}T_{xx} &= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{..})^2 = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}^2 - \frac{(\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij})^2}{n} \\ \text{var}T_{yy} &= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2 = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}^2 - \frac{(\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij})^2}{n} \end{aligned} \quad (7)$$

$$\text{var}T_{xy} = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{..})(y_{ij} - \bar{y}_{..}) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}y_{ij} - \frac{\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}}{n}$$

$$\begin{aligned} \text{var}A_{xx} &= \sum_{i=1}^k n_i (\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..})^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(\sum_{j=1}^{n_i} x_{ij})^2}{n_i} - \frac{(\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij})^2}{n} \\ \text{var}A_{yy} &= \sum_{i=1}^k n_i (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..})^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(\sum_{j=1}^{n_i} y_{ij})^2}{n_i} - \frac{(\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij})^2}{n} \end{aligned} \quad (8)$$

$$\text{var}A_{xy} = \sum_{i=1}^k n_i (\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..})(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) = \sum_{i=1}^k \frac{\sum_{j=1}^{n_i} x_{ij} \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}}{n_i} - \frac{\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}}{n}$$

$$\begin{aligned} \text{var}E_{xx} &= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2 = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}^2 - \sum_{i=1}^k \frac{\left(\sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}\right)^2}{n_i} \\ \text{var}E_{yy} &= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2 = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}^2 - \sum_{i=1}^k \frac{\left(\sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}\right)^2}{n_i} \\ \text{var}E_{xy} &= \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_{i.})(y_{ij} - \bar{y}_{i.}) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}y_{ij} - \sum_{i=1}^k \frac{\sum_{j=1}^{n_i} x_{ij} \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}}{n_i} \end{aligned} \quad (9)$$

Sumy kwadratów odchyłeń po uwzględnieniu regresji mają postać (Elandt, 1964):

$$\text{var}T = \text{var}T_{yy} - \frac{\text{var}T_{xy}^2}{\text{var}T_{xx}} \quad (10)$$

$$\text{var}A = \text{var}A_{yy} - \frac{\text{var}A_{xy}^2}{\text{var}A_{xx}} \quad (11)$$

$$\text{var}E = \text{var}E_{yy} - \frac{\text{var}E_{xy}^2}{\text{var}E_{xx}} \quad (12)$$

Ponieważ w tym przypadku nie zgadza się liczba stopni swobody, a różnica wynosi 1 stopień swobody, możemy zapisać, że (Elandt, 1964):

$$\text{var}T - \text{var}A = \text{var}E + D \quad (13)$$

gdzie D odpowiada 1 stopniowi swobody i przedstawia różnicę, którą trzeba dodać by zastosować test F do testowania istotności poprawionych średnich obiektowych (Elandt, 1964):

$$\text{var}A' = \text{var}A + D = \text{var}T - \text{var}E \quad (14)$$

Tabelę analizy kowariancji dla klasyfikacji pojedynczej przedstawiono w Tabeli 1, a statystyka testowa F ma postać (Elandt, 1964; Oktaba, 1971; Szklarska i in., 1978; Wójcik i Laudański, 1989; Montgomery, 2005):

$$F = \frac{s_{A'}^2}{s_E^2} = \frac{\text{var}A'}{\text{var}E} \cdot \frac{n - k - 1}{k - 1} \quad (15)$$

Tabela 1
Tabele 1

Tabela analizy kowariancji (Elandt, 1964; Oktaba, 1971; Szklarska i in., 1978)
Analysis of covariance table (Elandt, 1964; Oktaba, 1971; Szklarska et al., 1978)

Źródła zmienności Source of variation	Stopnie swobody df	Sumy kwadratów i iloczynów odchyłeń Sum of squares and cross products			Odchylenia od regresji Deviations from regression		
		$\sum (x - \bar{x})^2$	$\sum (y - \bar{y})^2$	$\sum (x - \bar{x}) \cdot (y - \bar{y})$	Stopnie swobody df	$\sum (y - \hat{y})^2$	Średni kwadrat odchyłeń Mean square
Między grup Between groups	$k - 1$	$\text{var}A_{xx}$	$\text{var}A_{yy}$	$\text{var}A_{xy}$	$k - 2$	$\text{var}A$	
Wewnątrz grup Within groups	$n - k$	$\text{var}E_{xx}$	$\text{var}E_{yy}$	$\text{var}E_{xy}$	$n - k - 1$	$\text{var}E$	s_E^2
Całkowita Total	$n - 1$	$\text{var}T_{xx}$	$\text{var}T_{yy}$	$\text{var}T_{xy}$	$n - 2$	$\text{var}T$	
				Reszta Residual	1	D	
		Suma kwadratów odchyłeń do testowania poprawionych średnich obiektowych Sum of squared for testing adjusted object means			$k - 1$	$\text{var}A' = \text{var}T - \text{var}E$	$s_{A'}^2$

Obserwacji i średnie poprawione

Każdą obserwację y_{ij} można poprawić wg wzoru (Elandt, 1964; Szklarska i in., 1978; Cochran i Cox, 1992;):

$$y'_{ij} = y_{ij} - b_w (x_{ij} - \bar{x}_{..}) \quad (16)$$

gdzie y'_{ij} to wartość zmiennej zależnej poprawiona przy pomocy regresji.

Jeżeli w wyniku przeprowadzonego testowania testem F (wzór (15)) stwierdza się, że występują istotne różnice pomiędzy poprawionymi średnimi obiektowymi, należy takie średnie wyznaczyć zgodnie z wzorem (Elandt, 1964; Wójcik i Laudański, 1989; Montgomery, 2005):

$$\bar{y}'_{i.} = \bar{y}_{i.} - b(\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..}) \quad (17)$$

gdzie $\bar{y}'_{i.}$ to średnia poprawiona dla i -tego obiektu (poziomu czynnika).

Aby możliwe było porównanie średnich poprawionych można wykorzystać jedną z procedur porównań wielokrotnych. Jednak będzie do tego potrzebna ocena błędu różnicy pomiędzy średnimi poprawionymi. Błąd ten określany jest wzorem (Elandt, 1964; Szklarska i in., 1978; Wójcik i Laudański, 1989; Montgomery, 2005):

$$s_{\bar{y}'_{i.} - \bar{y}'_{j.}}^2 = s_E^2 \left[\left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) + \frac{(\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{j.})^2}{\text{var}E_{xx}} \right] \quad (18)$$

gdzie \bar{y}'_i to pierwsza poprawiona średni obiektowa, a \bar{y}'_j to druga poprawiona średnia obiektowa.

Przykłady

Poniżej przedstawiono dwa przykłady zastosowania analizy kowariancji w analizie danych pochodzących z doświadczeń rolniczych. Pierwszy przykład przedstawia analizę kowariancji dla klasyfikacji pojedynczej, a drugi przykład – analizę kowariancji dla danych pochodzących z doświadczenia założonego w układzie bloków losowych.

Wszystkie obliczenia wykonano w programie Statistica w wersji 13.3 (TIBCO Software Inc., 2017).

Przykład 1 – klasyfikacja pojedyncza

Przedstawione dane doświadczalne zostały zaprezentowane przed Elandt (1964). W opisywanym eksperymencie porównywano wytrzymałość słomy trzech odmian lnu (S – Śląski, L – LCSD oraz Z – Zwisty) uwzględniając przy tym grubość słomy. Założono, że zmienna grubość słomy w tym przypadku była źródłem dodatkowej zmienności, która mogła rzutować na obserwowane wyniki porównania i je zaburzać (błąd systematyczny). Ocenę wytrzymałości słomy prowadzono na dynamometrze. W każdym powtórzeniu badano 30 łodyg, a analizie poddano wartości średnie. Dane źródłowe zestawiono w Tabeli 2.

Tabela 2
Table 2

Dane źródłowe – Wytrzymałość słomy w g trzech odmian lnu w zależności od grubości łodygi w mm (Elandt, 1964)
Source data – Straw strength in g of three flax varieties depending on the stem thickness in mm (Elandt, 1964)

Powtórzenie Replication	Odmiana S S cultivar		Odmiana L L cultivar		Odmiana Z Z cultivar	
	Wytrzymałość słomy Straw strength	Grubość pędu Stem thickness	Wytrzymałość słomy Straw strength	Grubość pędu Stem thickness	Wytrzymałość słomy Straw strength	Grubość pędu Stem thickness
1	562	10	550	10	420	9
2	810	13	645	11	561	11
3	891	14	868	13	620	12
4	1072	17	1023	15	778	14
5	1227	19	1217	18	820	15

Analizę rozpoczęto od klasycznej jednoczynnikowej analizy wariancji dla wytrzymałości słomy. Czynnikiem różnicującym była odmiana. Tabela analizy wariancji dla takiego układu została przedstawiona w Tabeli 3. Uzyskane wyniki sugerują brak istotnego zróżnicowania średnich wartości wytrzymałości słomy pomiędzy badanymi odmianami.

Tabela 3
Table 3

Analiza wstępna – tabela analizy wariancji dla modelu jednoczynnikowego
Preliminary analysis – variance analysis table for a one-factor model

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat odchyłeń Mean square	F	p
Czynnik: Odmiana Factor: Cultivar	209578	2	104789	1,9022	0,1916
Błąd losowy Random error	661059	12	55088		

Sprawdzono, czy występuje współzależność pomiędzy wytrzymałością słomy a grubością pędu. W tym celu wykonano analizę współczynni-

ków korelacji liniowej Pearsona. Wyniki wskazywały na występowanie istotnej statystycznie, bardzo silnej i wprost proporcjonalnej ($r = 0,9693$, $p < 0,0001$) relacji pomiędzy badanymi zmiennymi.

Uzyskane wyniki świadczyły o tym, że analizując wyłącznie wytrzymałość słomy nie dało się wykazać różnic odmianowych. Jednakże równocześnie występowała istotna zależność pomiędzy wytrzymałością słomy a grubością łodygi. Dlatego zasadnym wydawało się postawienie hipotezy mówiącej, że różnice pomiędzy odmianami są zacierane przez fakt, że wyniki pomiaru wytrzymałości słomy ściśle zależą od grubości łodygi. Dlatego postanowiono przeprowadzić analizę kowariancji w celu stwierdzenia, czy rzeczywiście grubość słomy wpływa na różnice odmianowe w wytrzymałości słomy.

Kolejnym krokiem było sprawdzenie założeń analizy kowariancji. Tu skupiono się na założeniach przedstawionych na Rysunku 1. Ponieważ w analizie współczynników korelacji liniowych Pearsona stwierdzono występowanie istotnej współzależności liniowej pomiędzy zmienną zależną a zmienną towarzyszącą analiza funkcji regresji liniowej opisującej tę relację była formalnością. Wyniki analizy regresji przedstawiono w Tabeli 4. Stwierdzono występowanie istotnej regresji

liniowej pomiędzy wytrzymałością słomy, a grubością łodygi lnu.

Kolejnym założeniem, które należało sprawdzić było założenie o równości współczynników regresji dla poszczególnych odmian. Założenie to sprawdzono za pomocą analizy modelu jednakowych nachyleń. Wyniki analizy wariancji dla modelu jednakowych nachyleń przedstawiono w Tabeli 5. Wykazano brak istotnego efektu interakcyjnego pomiędzy odmianą a grubością łodygi. Świadczyło to o braku podstaw do odrzucenia hipotezy zakładającej równość współczynników regresji, czyli o spełnieniu ostatniego założenia analizy kowariancji. Dodatkowo sporządzono wykres rozrzutu z naniesionymi prostymi regresji (Rys. 2).

Tabela 4

Table 4

Analiza założeń – wyniki analizy funkcji regresji liniowej pomiędzy zmienną zależną a zmienną towarzyszącą
 Analysis of assumptions – results of an analysis of the linear regression function between dependent variable and covariate

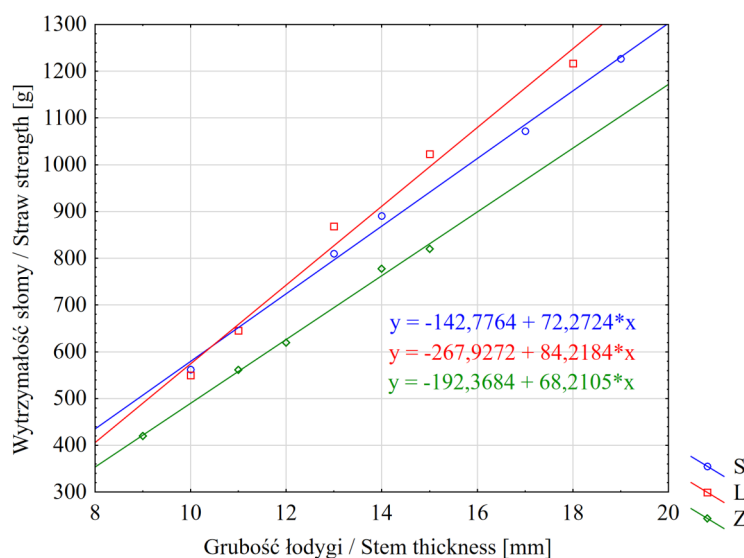
Parametr Parameter	Ocena Estimate	Statystyka testowa Test statistic	P
Stała regresji Slope	-268,615	t = -3,4767	0,0041
Współczynnik regresji (Grubość łodygi) Coefficient of regression (Stem thickness)	80,066	t = 14,2114	< 0,0001
Model regresji Regression model		F = 201,9624	< 0,0001
R ²	0,9395		

Tabela 5

Table 5

Analiza założeń – wyniki analizy wariancji dla modelu jednakowych nachyleń
 Analysis of assumptions – results of variance analysis for model of equal slopes

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat odchyłeń Mean square	F	p
Odmiana Cultivar	1741,1	2	870,6	1,3577	0,3053
Grubość łodygi Stem thickness	570795,5	1	570795,5	890,1721	< 0,0001
Odmiana × Grubość łodygi Cultivar × Stem thickness	4845,4	2	2422,7	3,7783	0,0644
Błąd losowy Random error	5771,0	9	641,2		



Rys. 2. Wykres rozrzutu z naniesionymi prostymi regresji wytrzymałości słomy względem grubości łodygi dla trzech badanych odmian lnu

Fig. 2. Scatter plot with simple regression of straw strength in relation to the stem thickness for three analyzed flax cultivars

Założenia zostały spełnione – można więc było przeprowadzić właściwą analizę kowariancji. Tabelę analizy kowariancji przedstawiono w Tabeli 6. Uzyskane wyniki świadczyły o istotności statystycznej różnic średnich wytrzymałości słomy pomiędzy badanymi odmianami. Potwierdzono

również, że występowała statystycznie istotna zależność pomiędzy obserwowanymi wytrzymałościami słomy a grubością łodygi. Tu należy zwrócić uwagę na fakt, że gdy nie uwzględnialiśmy w analizie zmiennej towarzyszącej, nie można było stwierdzić, że występowały istotne różnice

Tabela 6

Table 6

Wyniki analizy kowariancji dla wytrzymałości słomy względem badanych odmian lnu z uwzględnieniem grubości łodygi
The results of the analysis of covariance for straw strength in relation to the tested varieties of flax, taking into account the thickness of stems

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat odchyłeń Mean square	F	p
Grubość łodygi Stem thickness	650442,8	1	650442,8	673,9472	< 0,0001
Odmiana Cultivar	42036,0	2	21018,0	21,7775	0,0002
Błąd losowy Random error	10616,4	11	965,1		

między średnimi wytrzymałościami słomy dla badanych odmian (Tab. 3).

Przedstawiony model analizy kowariancji pozwalał na wyjaśnienie ponad 98% zmienności zmiennej wytrzymałość słomy lnu (współczynnik determinacji dla tego modelu $R^2 = 0,9878$). Skoro udało się wyjaśnić zmienność zmiennej zależnej za pomocą modelu analizy kowariancji, to należa-

łoby oszacować jeszcze średnie skorygowane dla poszczególnych odmian. Zestawienie średnich surowych i średnich poprawionych wytrzymałości słomy lnu dla badanych odmian pokazano w Tabeli 7.

Tak wyznaczone średnie poprawione obrazują różnicę w wytrzymałości słomy pomiędzy badanymi odmianami lnu przyjmując określoną, prze-

Tabela 7

Table 7

Rzeczywiste średnie brzegowe i średnie skorygowane wytrzymałości słomy dla badanych odmian lnu
Real marginal means and adjusted means straw strengths for tested flax cultivars

Odmiana Cultivar	Rzeczywiste średnie brzegowe Real marginal means			Średnie poprawione* Adjusted means*		
	Ocena Estimate	Błąd standardowy Standard error	Przedział ufności 95% 95% confidence interval	Ocena Estimate	Błąd standardowy Standard error	Przedział ufności 95% 95% confidence interval
S	912,40	a	13,8933 (881,82; 942,98)	821,44	b	14,3284 (789,90; 852,97)
L	860,60	b	13,8933 (830,02; 891,18)	860,60	a	13,8933 (830,02; 891,18)
Z	639,80	c	13,8933 (609,22; 670,38)	730,76	c	14,3284 (699,23; 762,30)

* Oszacowano przyjmując średni poziom grubości łodygi = 13,4 / Estimated assuming an average level of stem thickness = 13.4
Literami oznaczono grupy jednorodne wg testu post-hoc Fishera przy $\alpha = 0,05$; Letters mark homogeneous groups according to Fisher's post-hoc test at $\alpha = 0.05$

ciętą grubość łodygi. Porównanie takich średnich poprawionych nie jest więc obciążone wpływem zmiennej towarzyszącej.

Przykład 2 – układ bloków losowych

Drugi przykład stanowią wyniki doświadczenia założonego w układzie bloków losowych. Przedstawione tu dane zostały opisane przez Szklarską i wsp. (1978). W opisywanym doświadczeniu w układzie bloków losowych w czterech blokach badano różnice w plonowaniu pięciu odmian kukurydzy. Oceniano plon ziarna z poletka. Zmienną towarzyszącą była liczba brakujących roślin z poletka. Dane zestawiono w Tabeli 8.

Analizę danych rozpoczęto od klasycznej analizy wariancji dla układu bloków losowych bez uwzględniania zmiennej towarzyszącej (Tab. 9). Wyniki wskazywały na istotne zróżnicowanie pomiędzy średnimi plonami z poletka dla porównywanych odmian.

Jednak mając świadomość, że w doświadczeniu na poszczególnych jednostkach doświadczalnych (poletkach) pomimo wysiana takiej samej liczby roślin, pewnej liczby roślin brakowało, postanowiono sprawdzić, czy obserwowany plon ziarna z poletka był powiązany z liczbą brakujących roślin z poletka. W tym celu przeprowadzono analizę współczynników korelacji liniowej Pearsona. W wyniku tej analizy wyznaczono istotny współczynnik korelacji $r = -0,4644$ ($p = 0,039$). Sama wielkość uzyskanego współczynnika korelacji nie była zbyt duża (słaba korelacja odwrotnie proporcjonalna), również wartość prawdopodobieństwa testowego (p) była dość duża (niewiele mniejsza od założonego poziomu istotności $\alpha = 0,05$), jednak te wyniki wskazywały, że liczba braków roślin z poletka może w istotny sposób wpływać na ocenę przeciętnych plonów z poletka dla porównywanych odmian kukurydzy. By to spraw-

Tabela 8
Table 8

Dane źródłowe – Plon ziarna z poletka pięciu odmian kukurydzy oraz liczba brakujących roślin z poletka (Szkłarska i in., 1978)
Source data – Grain yield from a plot of five maize varieties and the number of missing plants from a plot (Szkłarska et al., 1978)

Odmiana Cultivar	Blok / Block							
	I		II		III		IV	
	Plon Yield	Liczba brakujących roślin Number of missing plants	Plon Yield	Liczba brakujących roślin Number of missing plants	Plon Yield	Liczba brakujących roślin Number of missing plants	Plon Yield	Liczba brakujących roślin Number of missing plants
1	32	10	30	9	32	13	36	5
2	39	13	35	10	30	12	48	0
3	35	14	33	9	31	24	44	4
4	41	13	36	16	38	22	48	1
5	24	23	32	0	27	11	32	3

Tabela 9
Table 9

Analiza wstępna – tabela analizy wariancji dla modelu jednoczynnikowego w układzie bloków losowych
Preliminary analysis – variance analysis table for a one-factor model in randomized block design

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat od- chyłeń Mean square	<i>F</i>	<i>p</i>
Blok Block	294,55	3	98,18	9,299	0,0019
Czynnik: Odmiana Factor: Cultivar	351,30	4	87,83	8,318	0,0019
Błąd losowy Random error	126,70	12	10,56		

dzić postanowiono przeprowadzić analizę kowariancji. W kolejnym kroku sprawdzono założenia tej analizy (Rys. 1).

Rozpoczęto od wyznaczenia funkcji regresji liniowej dla zależności plonu ziarna z poletka od liczby brakujących roślin z poletka (Tab. 10). Wyniki analizy regresji liniowej wskazały, że model był istotny. Oznacza to, że pierwsze założenie było spełnione.

Tabela 10
Table 10

Analiza wstępna – tabela analizy wariancji dla modelu jednoczynnikowego w układzie bloków losowych
Preliminary analysis – variance analysis table for a one-factor model in randomized block design

Parametr Parameter	Ocena Estimate	Statystyka testowa Test statistics	<i>p</i>
Stała regresji Slope	39,5230	$t = 16,7800$	$< 0,0001$
Współczynnik regresji (Liczba brakujących roślin) Coefficient of regression (Number of missing plants)		$t = -2,2245$	0,03915
Model regresji Regression model		$F = 4,9484$	0,03915
R^2	0,2156		

Drugie założenie analizy kowariancji dotyczy równości współczynników regresji (jednakowe nachylenia linii regresji) dla poszczególnych poziomów badanego czynnika. Założenie to sprawdzono za pomocą analizy modelu jednakowych nachyleń z uwzględnieniem układu doświadczalnego (Tab. 11). Uzyskane wyniki wskazywały na brak istotnej interakcji pomiędzy czynnikiem (tu odmianą) a zmienną towarzyszącą (liczbą brakujących roślin z poletka). Świadczy to o równoległości linii regresji, czyli równości współczynników regresji.

Obydwa założenia były spełniane, przeprowadzono więc analizę kowariancji z uwzględnieniem układu doświadczenia (Tab. 12). Wszystkie efekty były istotne. Stwierdzono istotne zróżnicowanie odmian co do średnich plonów ziarna z poletka. Stwierdzono również, że występowało istotne oddziaływanie liczby brakujących roślin z poletka na obserwowane średnie plony ziarna z poletka.

Przedstawiony model analizy kowariancji pozwalał na wyjaśnienie ponad 90% zmienności zmiennej plon ziarna kukurydzy z poletka (współczynnik determinacji dla tego modelu $R^2 = 0,9014$). Następnie wyznaczono średnie poprawione plonów ziarna z poletka dla porównywalnych odmian pozbawione wpływu liczby brakujących roślin z poletka. Zestawienie średnich suro-

Tabela 11
Table 11Analiza założeń – wyniki analizy wariancji dla modelu jednakowych nachyleń
Analysis of assumptions – results of variance analysis for model of equal slopes

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat odchyłeń Mean square	F	p
Blok Block	66,035	3	22,012	2,8995	0,1112
Odmiana Cultivar	140,708	4	35,177	4,6337	0,0382
Liczba brakujących roślin Number of missing plants	11,550	1	11,550	1,5214	0,2572
Odmiana × Liczba brakujących roślin Cultivar × Number of missing plants	23,005	4	5,751	0,7576	0,5842
Błąd losowy Random error	53,142	7	7,592		

Tabela 12
Table 12Wyniki analizy kowariancji dla plonu ziarna z poletka dla porównywanych odmian kukurydzy z uwzględnieniem liczby brakujących roślin z poletka
The results of the analysis of covariance for grain yield per plot for the compared maize varieties, taking into account the number of missing plants per plot

Źródła zmienności Source of variation	Suma kwadratów odchyłeń Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat odchyłeń Mean square	F	p
Blok Block	80,428	3	26,809	3,8728	0,0410
Liczba brakujących roślin Number of missing plants	50,553	1	50,553	7,3028	0,0206
Odmiana Cultivar	397,508	4	99,377	14,3558	0,0002
Błąd losowy Random error	76,147	11	6,922		

wych i średnich poprawionych plonu ziarna z poletka dla porównywanych odmian pokazano w Tabeli 13.

Dopiero średnie poprawione stanowiły podstawę do obiektywnego porównania badanych odmian kukurydzy pod względem uzyskanych pło-

nów z poletka. Pomimo, że na początku w przeprowadzonej analizie wariancji uzyskano istotny efekt główny, to uwzględnienie zmiennej towarzyszącej powiązanej ze zmienną zależną sprawiło, że analiza kowariancji okazała się właściwą metodą oceny różnic pomiędzy badanymi odmianami.

Tabela 13
Table 13Rzeczywiste średnie brzegowe i średnie skorygowane plonów ziarna z poletka dla porównywanych odmian kukurydzy
Real marginal means and mean corrected grain yields per plot for the compared corn cultivars

Odmiana Cultivar	Rzeczywiste średnie brzegowe Real marginal means			Średnie poprawione* Adjusted means*		
	Ocena Estimate	Błąd standardowy Standard error	Przedział ufności 95% 95% confidence interval	Ocena Estimate	Błąd standardowy Standard error	Przedział ufności 95% 95% confidence interval
1	32,50 ab	1,2583	(28,4955; 36,5045)	31,9672 c	1,3302	(29,0395; 34,8950)
2	38,00 ab	3,8079	(25,8816; 50,1184)	37,2699 b	1,3430	(34,3740; 40,2258)
3	35,75 ab	2,8687	(26,6207; 44,8793)	36,5985 b	1,3525	(33,6217; 39,5753)
4	40,75 a	2,6260	(32,3929; 49,1071)	41,6971 a	1,3614	(38,7007; 44,6936)
5	28,75 b	1,9738	(22,4685; 35,0315)	28,2172 d	1,3302	(25,2895; 31,1450)

* Oszacowano przyjmując średni poziom liczby brakujących roślin = 10,6 / Estimated assuming an average level of number of missing plants = 10.6

Literami oznaczono grupy jednorodnie wg testu post-hoc Fishera przy $\alpha = 0,05$; Letters mark homogeneous groups according to Fisher's post-hoc test at $\alpha = 0,05$

Podsumowanie

Zdecydowana większość cech w przyrodzie nie jest niezależna. Analizując dowolną zmienną prawie zawsze można wskazać inne zmienne z nią powiązane. Występowanie takich relacji sprawia, że zmienne towarzyszące mogą odgrywać bardzo dużą rolę w objaśnianiu zmienności międzyobiektywnej. Należy jednak pamiętać, że nie każda zmienna, nawet spełniająca opisane założenia dla zmiennej towarzyszącej, może być traktowana jako taka zmienna, i być uwzględniana w analizie kowariancji. Przyjmuje się, że zmienne towarzyszące to ciągłe zmienne niezależne, które wpływają na zmienną zależną, ale nie są głównym przedmiotem zainteresowania badania. Ponadto eksperymentatorzy nie kontrolują zmiennych towarzyszących.

W sytuacjach, gdy na pierwszy rzut oka nie da się zidentyfikować różnic międzyobiektywnych, zmienne towarzyszące mogą pozwolić na ujawnienie tych różnic. Pomocna może być w tym przypadku analiza kowariancji. Jej zastosowanie po-

zwala ocenić udział zmiennej towarzyszącej, ale przede wszystkim ocenić różnice pomiędzy badanymi obiektami (średnimi obiektowymi) z uwzględnieniem wpływu zmiennej towarzyszącej.

Jednak w sytuacjach, gdy już na początku stwierdza się występowanie istotnych efektów głównych, ale również stwierdza się występowanie zmiennych towarzyszących istotnie powiązanych ze zmienną zależną, może okazać się, że pominięcie tej zmiennej w analizie i pozostanie wyłącznie przy analizie wariancji może doprowadzić do wyciągnięcia niepełnych lub zafałszowanych wniosków. Dopiero analiza kowariancji pozwala na ocenę istotności efektu głównego z wyłączeniem wpływu zmiennej towarzyszącej i ocenę średnich poprawionych nieobciążonych oddziaływaniem tej zmiennej towarzyszącej.

W opisywanych w pracy przykładach analizowano wpływ jednej zmiennej towarzyszącej na zmienność zmiennej zależnej, dopuszcza się sytuacje w której w doświadczeniu może występować więcej niż jedna zmienna towarzysząca.

Literatura

- Bickel, P.J., Hammel, E.A., O'Connell, J.W., 1975. Sex Bias in Graduate Admissions: Data from Berkeley. *Science* 187, 398–404. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.187.4175.398>
- Cochran, W.G., Cox, G.M., 1992. *Experimental design*. John Wiley & Sons Inc., Hoboken, USA.
- Elandt, R., 1964. *Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczalnictwa rolniczego*. PWN, Warszawa.
- Kievit, R., Frankenhuis, W., Waldorp, L., Borsboom, D., 2013. Simpson's paradox in psychological science: a practical guide. *Front. Psychol.* 4.
- Linnik, J.W., 1962. *Metoda najmniejszych kwadratów i teoria opracowywania obserwacji*. PWN, Warszawa.
- McConnell, T.E., Shi, S.Q., Chen, H., Wang, G., 2014. Differences Observed in Data Analysis Techniques: An Example Using Natural Fibers' Diameters and Absorption Times. *Appl. Eng. Agric.* 55–58. DOI: <https://doi.org/10.13031/aea.30.10242>
- Montgomery, D.C., 2005. *Design and analysis of experiments*. 6th edition. John Wiley & Sons Inc., Hoboken, NJ, USA.
- Oktaba, W., 1971. *Metody statystyki matematycznej w doświadczalnictwie*. PWN.
- Paterson, D.D., 1939. *Statistical Technique in Agricultural Research: A Simple Exposition of Practice and Procedure in Biometry*, McGraw-Hill publications in the agricultural sciences. McGraw-Hill.
- Pearson, K., Lee, A., Bramley-Moore, L., 1899. VI. Mathematical contributions to the theory of evolution. —VI. Genetic (reproductive) selection: Inheritance of fertility in man, and of fecundity in thoroughbred racehorses. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. Ser. Contain. Pap. Math. Phys. Character* 192, 257–330. DOI: <https://doi.org/10.1098/rsta.1899.0006>
- Simpson, E.H., 1951. The interpretation of Interaction in Contingency Tables. *J. R. Stat. Soc. Ser. B Methodol.* 13, 238–241.
- Stanisz, A., 2007. *Przystępny kurs statystyki z zastosowaniem STATISTICA na przykładach z medycyny. Tom 2. Modele liniowe i nieliniowe.*, wyd. 3. StatSoft Polska Sp. z o.o., Kraków.
- Szklarska, J., Walewski, R., Pielat, H., Radzikowska, A., 1978. *Wybrane metody statystyki matematycznej w doświadczalnictwie rolniczym i warzywniczym. Część 1.*, II. ed PWRiL, Poznań.
- TIBCO Software Inc., 2017. *Statistica (data analysis software system)*. Version 13. <http://statistica.io>.
- Timm, N.H., 2002. *Applied multivariate analysis*. Springer-Verlag Inc., New York, USA.
- Wijesuriya, B.W., Thattil, R.O., 1996. Use of Covariates in Improving Precision of Field Experiments in Rubber. *Trop. Agric. Res.* 20–29.
- Wójcik, A.R., Ludański, Z., 1989. *Planowanie i wnioskowanie statystyczne w doświadczalnictwie*. PWN, Warszawa.
- Yang, R.-C., Juskiw, P., 2011. Analysis of covariance in agronomy and crop research. *Can. J. Plant Sci.* 91, 621–641. DOI: <https://doi.org/10.4141/cjps2010-032>
- Yule, U.G., 1903. Notes on the Theory of Association of Attributes in Statistics. DOI: <https://doi.org/10.1093/biomet/2.2.121>

Fuzarioza kłosów pszenicy. Część 1. Opis choroby i charakterystyka patogenów

Fusarium head blight of wheat. Part 1. Disease description and characteristics of the pathogens

Tomasz Góral 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, 05-870 Błonie

[✉t.goral@ihar.edu.pl](mailto:t.goral@ihar.edu.pl)

Fuzarioza kłosów jest chorobą powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Choroba poraża wszystkie zboża uprawiane w Polsce. Największe szkody powoduje w uprawach pszenicy zwyczajnej. Szkodliwość fuzariozy kłosów wynika przede wszystkim z zanieczyszczenia ziarna wtórnymi metabolitami *Fusarium* – mykotoksynami. Mają one negatywny wpływ na organizmy ludzi i zwierząt w przypadku spożycia żywności lub paszy skażonej mykotoksynami. W pierwszej części pracy przedstawiono etiologię choroby. Scharakteryzowano gatunki *Fusarium* powodujące fuzariozę kłosów zbóż wraz z najnowszą systematyką tych gatunków. Opisano najważniejsze mykotoksyny wytwarzane przez *Fusarium*. Przedstawiono również główne metody ograniczania i zwalczania fuzariozy kłosów.

Słowa kluczowe: *Fusarium*, fuzarioza kłosów, *Triticum*, mykotoksyny, zboża

Fusarium head blight is a disease caused by fungi belonging to the genus *Fusarium*. This disease affects all the cereals grown in Poland. The greatest damage is caused to bread wheat crops. The harmfulness of Fusarium head blight results primarily from grain contamination with mycotoxins, which are secondary metabolites of *Fusarium*. They are harmful to humans and animals when food or feed contaminated with mycotoxins containing them are consumed. The etiology of the disease is presented in the first part of this study. *Fusarium* species that cause Fusarium head blight in small-grain cereals are characterized along with the latest systematics of these species. The most important mycotoxins produced by *Fusarium* are described. The main methods for limiting and controlling Fusarium head blight are also presented.

Keywords: *Fusarium*, Fusarium head blight, mycotoxins, *Triticum*, cereals

Grzyby z rodzaju *Fusarium* powodują liczne choroby zbóż takie jak zgorzele korzeni i podstawy źdźbła, fuzariozy liści i kłosów (Kazan i Gardiner, 2018). Rodzaj ten należy do gromady workowców (*Ascomycota*), podgromady *Ascomycotina*, klasy *Sordariomycetes*, rzędu rozetkowców (*Hypocreales*) oraz rodziny gruzełkowatych (*Nectriaceae*). Spośród fuzaryjnych chorób zbóż największe znaczenie ma fuzarioza kłosów (Goswami i Kistler, 2004; Savary i in., 2012). Powodem jest to, że choroba ta powoduje zarówno obniżenie plonu ziarna jak i pogorszenie jego jakości, przede wszystkim ze względu na skażenie ziarna mykotoksynami – wtórnymi metabolitami wytwarzanymi przez *Fusarium* (Bakker i in., 2018; Ji i in., 2019).

Występowanie i etiologia fuzariozy kłosów

Fuzarioza kłosów występuje na wszystkich zbożach uprawianych w Polsce. Najbardziej podatna na fuzariozę kłosów jest pszenica twarda (*Triticum turgidum* ssp. *durum*), u której jak dotąd nie zidentyfikowano form odpornych (Haile i in., 2019; Prat i in., 2014) (Rys. 1). Pszenica zwyczajna (*T. aestivum* ssp. *aestivum*) jest mniej podatna (Langevin i in., 2004). W populacji tego zboża występuje duże zróżnicowanie odporności od form bardzo podatnych do form wysoce odpor-

nych, bardzo słabo porażanych. Pszenżyto (*xTriticosecale*) wykazuje wyższą odporność w porównaniu do pszenicy. Najbardziej odporne na fuzariozę kłosów jest żyto (*Secale cereale*) (Rys. 2). Owies (*Avena sativa*, *A. nuda*) i jęczmień (*Hordeum vulgare*) wykazują mniejszą podatność na fuzariozę kłosów (wiech) w porównaniu do pszenicy i pszenżyta. Choroba występuje również na uprawnych gatunkach pokrewnych wobec pszenicy i pszenicy twardej takich jak orkisz (*T. aestivum* ssp. *spelta*), płaskurka (*T. turgidum* ssp. *dicoccon*) i pszenica samopsza (*T. monococcum* ssp. *monococcum*) (Góral i Ochodzki, 2017; Oliver i in., 2008) (Rys. 3).

Kłosy zbóż infekowane są przede wszystkim podczas kwitnienia (György i in., 2020; Reis i in., 2016). W tym stadium zboża są najbardziej podatne na infekcję zarodnikami grzybów *Fusarium* (Lacey i in., 1999; Skinnies i in., 2010; Strange i Smith, 1971). Okres największej wrażliwości pszenicy na infekcję wynosi około 6-8 dni od fazy pełni kwitnienia (BBCH 65) (Beccari i in., 2019; György i in., 2020). Infekcja w tym okresie powodowała największe uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* oraz najwyższe skażenie ziarna mykotoksyną fuzaryjną deoksyniwalenolem (DON) Po infekcji grzyb rozwija się w zakażonym kwiatku przerastając następnie do innych kwiatków w kło-

sku (Kang i Buchenauer, 2000; Kazan i in., 2012; Ribichich i in., 2000). Następnie poprzez osadkę kłosową grzyb rozprzestrzenia się na kolejne kłoski (Dweba i in., 2017; Ma i in., 2013). W przypadku silnego porażenia następuje zamieranie kłosa powyżej miejsca infekcji (Buerstmayr i in., 2002; Lemmens i in., 2004).

Obraz choroby jest inny u jęczmienia, u którego przerastanie grzybnii do sąsiednich kłosek jest ograniczone i objawy choroby występują na pojedynczych kłoskach (Janssen i in., 2018). Grzyb przerasta do sąsiednich kłosek nie penetrując osadki kłosowej (Sallam i in., 2023). U owsa, ze względu na luźną budowę wiechy objawy choroby występują na pojedynczych kłosach (Tekle i in., 2011). Grzyb kolonizuje również rozwijający się ziarniak powodując jego uszkodzenia o różnym nasileniu (Miller i in., 2004). Może to być uszkodzenie zarodka (ziarniak nie rozwija się), obniżenie masy ziarniaków, ich pomarszczenie, osłabienie siły kiełkowania oraz zasiedlenie ziarniaków przez *Fusarium* spp. (Argyris i in., 2003). Wytwarzane w procesie patogenezы mykotoksyny (DON, niwalenol, zearaleon, toksyny T-2 i HT-2, moniliformina i wiele innych) gromadzą się w tkankach kłosa oraz w ziarniakach.

W przypadku dużego nasilenia fuzarioza kłosów może powodować spadki plonu ziarna, u pszenicy dochodzące do 35% w przypadku infekcji powodowanej przez *F. culmorum* (Snijders i Perkowski, 1990). Gatunek *F. graminearum* redukuje plon ziarna pszenicy twardej o 32% a masę 1000 ziarniaków o 34% (Wong i in., 1992). W Holandii plony pszenicy były silnie powiązane z nasileniem fuzariozy kłosa co wskazuje, że grzyby *Fusarium* spp. były zagrożeniem dla upraw pszenicy (Daamen i in. 1991). Obserwowano średni spadek plonu do 60% u podatnych odmian pszenicy zakażanych sztucznie izolatami *F. culmorum* i *F. graminearum* (stosowanymi oddzielnie) (Mesterhazy i Bartok, 1993). W badaniach rodów hodowlanych pszenicy ozimej fuzarioza kłosów po sztucznym zakażeniu *F. culmorum* powodowała redukcję plonu ziarna w zakresie od 0 do 55%, w zależności od odporności rodu (Góral i in., 2017). Jednakże szkodliwość fuzariozy kłosów polega przede wszystkim na obniżeniu jakości ziarna pomimo braku istotnego spadku plonu (Dweba i in., 2017). Zainfekowane ziarniaki, nawet wyglądające na zdrowe, mogą być skażone mykotoksynami (Cowger i Arrellano, 2010; Del Ponte i in., 2007).



Rys. 1. Objawy fuzariozy kłosów na (od lewej) pszenicy twardej, pszenicy zwyczajnej i pszenżycie (fot. T. Góral).
Fig. 1. Symptoms of *Fusarium* head blight on (from left) durum wheat, bread wheat and triticale (photo T. Góral)

Nasilenie fuzariozy kłosów zależy przede wszystkim od warunków pogodowych podczas kwitnienia a także innych czynników agrotechnicznych, takich jak odporność odmian, sposób uprawy gleby, przedplon i inne (Klem i in., 2007; Marzec-Schmidt i in., 2021; West i in., 2012). Na zawartość mykotoksyn w ziarnie wpływ mają także warunki pogodowe po kwitnieniu do momentu zbiorów ziarna (Cowger i in., 2009). Interakcja genotypu ze środowiskiem odgrywa istotną rolę w układzie pasożytniczym *Fusarium* – pszenica. Dlatego też, uszeregowania genotypów pod

względem odporności mogą się różnić w znacznym stopniu w różnych latach badań. Stabilność ekspresji odporności w różnych środowiskach zależy od poziomu odporności genotypu. Wysoko odporne genotypy (np. posiadające gen *Fhb1*) generalnie wykazują mniejszą zmienność środowiskową niż genotypy średnio wrażliwe na fuzariozę kłosów. Odporność na fuzariozę kłosów jest odpornością niespecyficzną zarówno na poziomie izolatów jaki i gatunków *Fusarium* (Mesterhazy i in., 2005; van Eeuwijk i in., 1995).



Rys. 2. Objawy fuzariozy kłosów (wiech) na (od lewej) życie, jęczmieniu i owsie (fot. T. Góral).
Fig. 2. Symptoms of Fusarium head blight on (from left) rye, barley and oats (photo T. Góral).



Rys. 3. Objawy fuzariozy kłosów na (od lewej) orkiszu, płaskurce i samopszy (fot. T. Góral).
Fig. 3. Symptoms of Fusarium head blight on (from left) spelt, emmer and einkorn (photo T. Góral).

Gatunki *Fusarium* powodujące fuzariozę kłosów

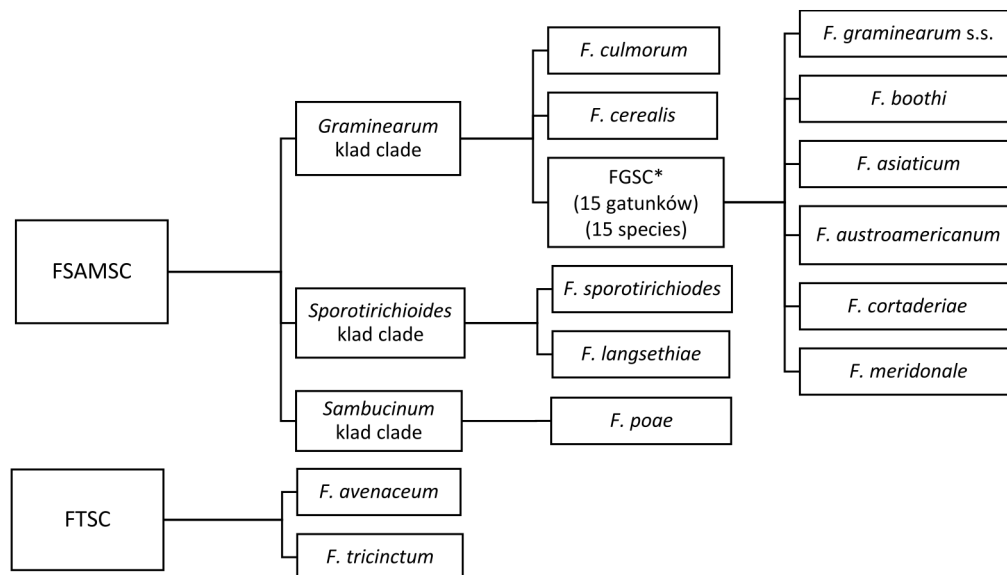
Głównymi sprawcami fuzariozy kłosów są następujące gatunki *Fusarium*: *F. culmorum*, *F. graminearum* i *F. avenaceum* (Bilska i in., 2018; Bottalico, 1998; Bottalico i Perrone, 2002; Góral i in., 2021; Iwaniuk i in. 2018; Kuzdraliński i in. 2018). Dominacja danego gatunku jest uzależniona od jego wymagań termicznych. *F. culmorum* przeważa głównie w regionach o chłodnym klimacie (Niemcy, Holandia, Skandynawia, Polska), podczas gdy *F. graminearum* dominuje w regionach o cieplejszym klimacie (np. południowa Europa, Stany Zjednoczone).

Badania z zastosowaniem technik molekularnych na kolekcji izolatów *F. graminearum* pokazały, że gatunek ten jest w rzeczywistości kompleksem gatunkowym *F. graminearum* species complex (FGSC). Do tej pory wyróżniono w

FGSC 16 odrębnych gatunków (O'Donnell i in., 2000; Sarver i in., 2011; Starkey i in., 2007; Ward i in., 2008). W kompleksie FGSC najczęściej występującym gatunkiem jest *F. graminearum* sensu stricto. W Europie *F. graminearum* s.s. jest gatunkiem dominującym (Amarasinghe i in., 2019; Bilska i in., 2018; Talas i in., 2011). Stwierdzono obecność jedynie pojedynczych izolatów innych gatunków (*F. boothii*, *F. cortaderiae*), co pokazano w analizie wpływu klimatu na rozmieszczenie gatunków FGSC wykonanej przez Backhouse (2014) oraz analizie bibliograficznej Del Ponte i in. (2022). W Ameryce Północnej również dominuje *F. graminearum* s.s., natomiast w Ameryce Południowej stwierdzono znaczny udział *F. meridionale* (Astolfi i in., 2012). We wschodniej Azji udział w kompleksie FGSC *F. asiaticum* jest podobny jak *F. graminearum* s.s., natomiast w południowej Afryce znacząca jest obecność gatunku *F. boothii* (Boutigny i in., 2011). Należy dodać, że

gatunki z kompleksu FGSC oraz *F. culmorum* są blisko spokrewnione i wchodzi w skład *F. sambucinum* species complex (FSAMSC) (O'Donnell i in., 2013) (Rys. 4). Do FSAMSC należą również *F. cerealis*, *F. langsethiae*, *F. poae* i *F. sporotrichioides*. Gatunki *F. avenaceum* wraz z *F. tricinctum*

należą natomiast do *F. tricinctum* species complex (Laraba i in., 2022). Występujący również na kłosach zbóż gatunek *F. equiseti* należy do *F. incarnatum-F. equiseti* species complex (O'Donnell i in., 2013).



Rys. 4. Drzewo filogenetyczne kompleksów gatunkowych *Fusarium sambucinum* species complex (FSAMSC) oraz *F. tricinctum* species complex (FTSC). Uwzględniono jedynie najważniejsze gatunki powodujące fuzariozę kłosów zbóż. FGSC – *F. graminearum* species complex; * - pokazano najczęściej występujące gatunki kompleksu FGSC.

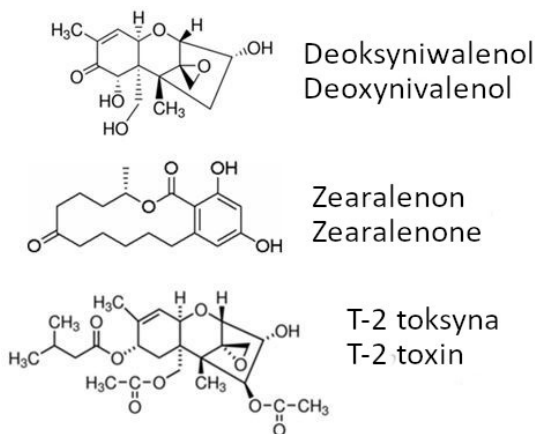
Fig. 4. Phylogenetic tree of the *Fusarium sambucinum* species complex (FSAMSC) and *F. tricinctum* species complex (FTSC). Only the most important species causing FHB in cereals were included. FGSC – *F. graminearum* species complex; * - the most common species of the FGSC complex.

W ostatnich latach obserwuje się wzrost znaczenia gatunku *F. graminearum* s.s. jako sprawcy fuzariozy kłosów w środkowej i północnej Europie (Bilska i in., 2018; Góral i in., 2021; Parikka i in., 2012; Yli-Mattila i in., 2013). Następuje natomiast spadek znaczenia gatunku *F. culmorum*. Zmianę tę publikowane badania wyjaśniają jako skutek ocieplenia klimatu (*F. graminearum* s.s. potrzebuje wyższej temperatury do rozwoju) oraz znacznym wzrostem powierzchni uprawy kukurydzy w środkowej i północnej Europie (Jennings i in., 2004; Vaughan i in., 2016; West i in., 2012; Xu i in., 2005). *F. graminearum* s.s. jest jednym z głównych (wraz z *F. verticillioides*) sprawców fuzariozy kolb kukurydzy (Munkvold, 2003). Resztki poźniwe kukurydzy – duże fragmenty nierozdrobnionych łodyg i kolb są miejscem dla rozwoju i przetrwania grzybów z rodzaju *Fusarium* (Maiorano i in., 2008). Są one głównym źródłem inokulum pierwotnego *F. graminearum* s.s. porażającego kłosa pszenicy.

Toksyny wytwarzane przez *Fusarium*

Grzyby rodzaju *Fusarium* porażające zboża posiadają zdolność do wytwarzania trichotecenów z grupy A (np. toksyny T-2 i HT-2) oraz z grupy B (np. deoksyniwalenol=DON, niwalenol), monili-

forminy, zearalenonu (ZEN), enniatyn, bewerycyny i wielu innych toksyn (Tab. 1, Rys. 5).



Rys. 5. Najważniejsze toksyny tworzone przez *Fusarium* występujące w ziarnie pszenicy.

Fig. 5. Main *Fusarium* toxins contaminating wheat grain.

Trichoteceny mają silne toksyczne działanie wobec ludzi i zwierząt, takie jak podrażnienia skóry, wymioty, biegunka, osłabienie łaknienia, krwotoki, zaburzenia neurologiczne, poronienia, a nawet mogą prowadzić do śmierci (Escrivá i in., 2015; Placinta i in., 1999). Długotrwałe spożywanie DON-u i zbliżonych związków zmniejsza od-

Tabela 1
Table 1Toksyny wytwarzane przez gatunki *Fusarium* występując na pszenicy (według Munkvold, 2017)
Mycotoxins produced by *Fusarium* species infecting wheat (based on Munkvold, 2017)

Gatunek <i>Fusarium</i> <i>Fusarium</i> species	Wytwarzane toksyny Toxins produced
<i>F. graminearum</i> species complex (chemotypy: 3ADON, 15ADON, NIV)	DON, 3AcDON, 15AcDON, NIV, ZEN, FUZ, NX
<i>F. culmorum</i> (chem. 3ADON, NIV)	DON, 3AcDON, NIV, ZEN, FUZ, ENN, NX
<i>F. avenaceum</i>	MON, ENN, FUZ, BEA
<i>F. cerealis</i>	NIV, FUZ
<i>F. poae</i>	NIV, FUS-X, DAS, MAS, BEA, ENN
<i>F. sporotrichioides</i>	T-2, HT-2, NEO, DAS, BEA, ENN, MON
<i>F. langsethiae</i>	T-2, HT-2, DAS, NEO
<i>F. tricinctum</i>	ENN, MON, FUZ
<i>F. equiseti</i>	ZEN, BEA, MON, DAS, FUCH

Skróty nazw mykotoksyn: DON – deoksyniwalenol i jego pochodne 3AcDON, 15AcDON; NIV – niwalenol; FUS-X – fuzarenon-X; ZEN – zearalenon; FUZ – fuzaryny C; ENN – enniatyny; BEA – bowerycyna; T-2 – toksyna T-2, jej pochodna: HT-2 toksyna, NEO – neosolaniol; DAS – diacetokyscirpenol; MAS – monoacetokyscirpenol; NX – toksyny NX (trichoteceny z grupy A) (Schiwek i in., 2022; Varga i in., 2015); FUCH - fuzarochromanon

Abbreviations of mycotoxin names: DON – deoxynivalenol and derivatives 3AcDON, 15AcDON; NIV – nivalenol; FUS-X – fusarenon-X; ZEN – zearalenone; FUZ – fusarins C; ENN – enniatins; BEA – beauvericin; T-2 – T-2 toxin, derivative: HT-2 toxin, NEO – neosolaniol; DAS – diacetoxyscirpenol; MAS – monoacetoxyscirpenol; NX – NX toxins (type A trichothecenes) (Schiwek i in., 2022; Varga i in., 2015); FUCH - fusarochromanone

porność na choroby i osłabia system immunologiczny. Fumonizyny są silnie toksyczne i rakotwórcze. DON jest jedną z głównych mykotoksyn wytwarzanych przez gatunki *F. graminearum* i *F. culmorum*. Jest to najczęściej występująca mykotoksyną w ziarnie zbóż, szkodliwa zarówno dla roślin jak i dla zwierząt i ludzi (Ji i in., 2019; Latham i in., 2023).

W grupie gatunków wytwarzających trichoteceny typu B zidentyfikowano trzy genotypy trichotecenowe (chemotypy) (Alexander i in., 2011; Miller i in., 1991). Chemotyp jest to grupa izolatów *Fusarium* o podobnym profilu wytwarzanych toksyn z grupy trichotecenów. Izolaty chemotypu NIV mogą wytwarzać NIV i jego acetylowaną pochodną. Izolaty chemotypu DON mogą wytwarzać DON i jego acetylowane pochodne (3-acetyl DON i 15-acetyl DON). W ramach chemotypu DON obecne są dwa warianty: izolaty 3ADON wytwarzają DON i 3AcDON, a izolaty 15ADON wytwarzają DON i 15AcDON. Wszystkie trzy chemotypy wykryto u *F. graminearum* s.s. (Starkey i in., 2007). U *F. culmorum* zidentyfikowano tylko chemotypy 3ADON i NIV (Quarta i in., 2005; Tóth i in., 2004).

Wyniki badań wskazują, że izolaty chemotypu NIV są mniej agresywne wobec pszenicy niż izolaty chemotypu DON (3ADON, 15ADON) (Liu i in., 2017; Miedaner i Reinbrecht, 2001; Muthomi i in., 2000). Jednakże Goswami i Kistler (2005) stwierdzili, że agresywność izolatów FGSC nie zależała od rodzaju wytwarzanej toksyny (DON versus NIV). Na ich agresywność wpływała głównie ilość wytwarzanych toksyn. Autorzy uważają, że jest to kluczowy czynnik decydujący o agresywności izolatów wobec pszenicy. Podob-

ne wnioski można znaleźć w artykule Qu i in. (2008) dotyczącym agresywności izolatów FGSC. W artykule opublikowanym przez Maier i in. (2006) pokazano, że rozwój fuzariozy na kłosach pszenicy był wolniejszy, a objawy były słabsze dla izolatu wytwarzającego NIV w porównaniu z izolatami wytwarzającymi DON. Jednak obie toksyny były kluczowe dla infekcji kłosa, ponieważ izolaty (DON i NIV) z wyłączonym genem *Tri5* nie rozprzestrzeniały się poza inokulowane punkto-wo kłoski. Gen *Tri5* jest pierwszym genem w cyklu syntezy trichotecenów i koduje enzym syntazę trichodieniu (Foroud i in., 2019). W warunkach polowych Mesterhazy i in. (1999) porównali agresywność izolatów *F. culmorum* NIV oraz zestawu izolatów wytwarzających DON i nie stwierdzili różnic w nasileniu objawów fuzariozy kłosów i produkcji trichotecenów. Carter i in. (2002) nie znaleźli różnic w agresywności izolatów FGSC wytwarzających DON i NIV (zidentyfikowanych później jako *F. asiaticum*) wobec pszenicy. Co ciekawe, izolaty NIV były bardziej agresywne wobec kukurydzy niż izolaty DON. Wyniki te potwierdzają badania Machado i in. (2022), którzy porównywali agresywność wobec kukurydzy izolatów *F. graminearum* s.s. oraz *F. meridionale* (gatunki z kompleksu FGSC). Izolaty *F. meridionale* tworzące NIV była bardziej agresywne wobec kukurydzy niż *F. graminearum* s.s wytwarzające DON.

DON i NIV są czynnikami agresywności *Fusarium* wobec pszenicy. Wprowadzone w czystej postaci do kłosów pszenicy powodują objawy podobne do objawów fuzariozy kłosów (Gunupuru i in., 2017; Lemmens i in., 2008; Proctor i in., 2002). Stwierdzono różnice w mechanizmie de-

toksycacji obu toksyn. Lemmens i in. (2008) zasugerowali, że różne geny w klastrze genów *Fhb1* mogą być zaangażowane w odporność na te toksyny. NIV jest mniej toksyczny dla roślin pszenicy niż DON (Eudes i in., 2000; Foroud i in., 2012). Natomiast NIV jest bardziej toksyczny dla ludzi i zwierząt (Escrivá i in., 2015). Ilości NIV wykryte w produktach rolnych są niższe niż ilości DON, ale obie mykotoksyny mogą współwystępować i stanowić zagrożenie dla konsumentów, gdy ich całkowita ilość przekracza maksymalne limity dla DON (Alassane-Kpembé i in., 2017).

W związku ze stwierdzoną szkodliwością toksyn tworzonych przez grzyby z rodzaju *Fusarium*, w wielu krajach świata przyjęto limity zawartości tych toksyn w żywności i paszach. W Unii Europejskiej limity reguluje Rozporządzeniu Komisji (WE) NR 1126/2007 z dnia 28 września 2007 r. (<https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PL/TXT/PDF/?uri=CELEX:32007R1126>). Dopuszczalną zawartość DON w nieprzetworzonej pszenicy twardej, owsie i kukurydzy ustalono na 1,75 mg/kg ziarna, a w innych nieprzetworzonych zbożach na 1,25 mg·kg⁻¹. W przypadku ZEN limity te wynoszą 0,10 mg·kg⁻¹ ziarna zbóż innego niż kukurydza i 0,20 mg·kg⁻¹ ziarna kukurydzy. Zawartość mykotoksyn w ziarnie zbóż dla celów paszowych podana jest w Zaleceniu Komisji z dnia 17 sierpnia 2006 r. w sprawie obecności deoksynivalenolu, zearalenonu, ochratoksyny A, T-2 i HT-2 oraz fumonizyn w produktach przeznaczonych do żywienia zwierząt (2006/576/WE). Ilości te nie powinny przekraczać 8,00 mg·kg⁻¹ DON w ziarnie (5,00 mg·kg⁻¹ w całej paszy), oraz 2,00 mg·kg⁻¹ ZEN w ziarnie. W przypadku świń normy są znacznie niższe ze względu na większą wrażliwość tych zwierząt na mykotoksyny (Accensi i in., 2006; Minervini i in., 2008). Trwają prace nad ustaleniem limitów dla trichotecenów z grupy A (T-2 toksyna, HT-2 toksyna). Wstępnie zalecane maksymalne dopuszczalne stężenia sumy T-2 toksyny i toksyny HT-2 dla pszenicy nie powinny przekraczać 0,10 mg/kg ziarna, a w pszenicy przeznaczonej do bezpośredniej konsumpcji lub w produktach z mielonego ziarna – 0,05 mg·kg⁻¹. Dla makaronów wartość ta wynosi 0,025 mg·kg⁻¹ [Zalecenie Komisji z dnia 27 marca 2013 r. w sprawie obecności toksyn T-2 i HT-2 w zbożach i produktach zbożowych (2013/165/UE)].

Metody zwalczania fuzariozy kłosów

Do zwalczania fuzariozy kłosów zbóż można stosować fungicydy specjalnie dedykowane dla tej choroby. Jednakże badania pokazały, że nawet najlepsze substancje aktywne nie są w pełni efektywne w zwalczaniu tej choroby (Dweba i in., 2017; Gromadzka i in., 2012; Haidukowski i in., 2005; Mesterházy i in., 2003; Tini i in., 2020). Dotyczy to zwłaszcza redukcji zawartości trichotecenów (DON, NIV) w ziarnie (Ioos i in., 2005).

Istotnym problemem w przypadku fuzariozy kłosów jest odpowiedni termin zastosowania zabiegu fungicydowego. Zalecanym terminem oprysku jest okres od kwitnienia pszenicy do dojrzałości wodnej ziarna (Freije i Wise, 2015; Mesterházy i in., 2018; Nakajima, 2010). Stosowanie fungicydów w innych terminach znacznie obniża efektywność zwalczania choroby i wzrost skażenia ziarna mykotoksynami. Pojawiają się również doniesienia o pojawieniu się szczepów *Fusarium* odpornych na substancje czynne fungicydów takie jak bezymidazole (karbendazym) i triazole (tebukonazol) (Chen i Zhou, 2009; Duan i in., 2019; Spolti i in., 2014). Substancje czynne z grupy strobiluryn (QoI = quinone outside inhibitors) są powszechnie stosowane w fungicydach stosowanych do zwalczania chorób grzybowych roślin uprawnych np. azoksystrobina. Stosowanie tych substancji jest jednakże mało efektywne w zwalczaniu fuzariozy kłosów (Hallen-Adams et al., 2011; Mesterházy et al., 2003). Stwierdzono również, że strobiluryny mogą stymulować produkcję DON poprzez zwiększanie ekspresji genów *Tri5* i *Tri6* (geny szlaku biosyntezy trichotecenów) (Duan et al., 2020). Odporność grzybów z rodzaju *Fusarium* na substancje czynne fungicydów oraz wycofywanie niektórych grup substancji z użytku stwarza potrzebę opracowania nowych substancji zwalczających grzyby *Fusarium* i produkcję toksyn. Przykładem badań może być praca Liu i in. (2015) dotycząca podjednostek enzymu syntazy kwasu acetylohydroksylowego (AHAS) specyficznych dla *F. graminearum*. Wyłączenie genów je kodujących powodowało osłabienie wzrostu grzybni, zmniejszenie wirulencji wobec pszenicy oraz produkcji DON u *F. graminearum*. W pracy Hu i in. (2023) przedstawiono potencjalne możliwości wykorzystania wenturycydyny A substancji pochodzącej z bakterii *Streptomyces pratensis*. Substancja ta zmniejszała nasilenie fuzariozy kłosów a także hamowała biosyntezę DON. Stan badań nad metodami zwalczania fuzariozy kłosów przedstawiono w pracy przeglądowej Moonjely i in. (2023).

Biorąc pod uwagę powyższe oraz wprowadzanie od 2014 roku w Polsce systemu integrowanej ochrony roślin (dyrektywa 2009/128/WE oraz rozporządzenie nr 1107/2009), uprawa genetycznie odpornych odmian jest najbardziej ekonomicznym sposobem zwalczania fuzariozy kłosa. Wielu hodowców zaczyna dostrzegać konieczność włączenia odporności na fuzariozę kłosa do swojego materiału hodowlanego. Zmienność genetyczna odporności na fuzariozę kłosa jest dobrze udokumentowana u pszenicy i gatunków pokrewnych. Nieznane jest źródło odporności pełnej tzn. jak dotąd u żadnego z badanych genotypów pszenicy nie zaobserwowano całkowitej odporności, jednakże liczne wysoko odporne genotypy zostały zidentyfikowane i opisane. Są to pszenice jare pochodzące z Chin (Sumai 3, linie Ning, linie Wu-

han, linie CJ, Wangshuibai), Japonii (Nobeokabozu-Komugi, Shinchunaga) i Brazylii (Frontana, Encruzilhada) (Jia i in., 2018; Jiang i in., 2006; Kubo i in., 2013; Saharan, 2020; Yang i in., 2006). W populacji pszenicy ozimej zmienność odporności na fuzariozę kłosów jest mniejsza, jednakże możliwe jest zidentyfikowanie genotypów o podwyższonej odporności, takich jak np. Arina, Praag 8, Bence, Ringo Star, linie SVP (Góral, 2005; Mesterházy i in., 2018, Snijders, 1990a). W przypadku pszenicy ozimej podwyższona odporność wynika z obecności licznych genów niskim efekcie czego przykładem jest odmiana Arina (Draeger i in., 2007).

Hodowla pszenicy ozimej w kierunku odporności na fuzariozę kłosa jest z wielu powodów trudnym zadaniem. Najodporniejsze genotypy mają egzotyczne pochodzenie i wiele niekorzystnych cech agronomicznych, odporność na fuzariozę jest odpornością typu oligogenicznego lub poligenicznego (Buerstmayr i in., 2019; Mesterházy, 2014). Selekcja pod względem odporności podlega silnym wpływom warunków środowiska (stopień prażenia kłosów i ziarniaków oraz zawartość toksyn zależą od warunków pogodowych), jest pracochłonna i kosztowna (metodyka inokulacji, ocena porażenia kłosów i ziarniaków, analizy zawartości toksyn) (György i in., 2020; Mesterházy et al., 2020; Miedaner et al., 2001; Steiner et al., 2017; Wang et al., 2021).

Chińska odmiana pszenicy Sumai 3 i genotypy jej pokrewne charakteryzują się wysoką, stabilną odpornością na fuzariozę kłosa. Niestety odmiana ta ma wiele cech negatywnych (niski plon, podatność na wyleganie, osypywanie ziarna) pod względem agronomicznym (Kosová i in., 2009; Steiner i in. 2017; Zhang and Mergoum, 2007). Istniejące sprzężenia genów odporności z genami warunkującym te cechy powodują, że hodowcy europejscy dość niechętnie włączają ją do programów hodowlanych pszenicy (Buerstmayr i in. 2019).

Liczba komercyjnych odmian z genem *Fhb1* jest ograniczona. Gen ten znajduje się głównie w odmianach pszenicy jarej uprawianych w Stanach Zjednoczonych, Kanadzie i Chinach (Buerstmayr i in., 2019; Hao i in., 2020). Jak podają Steiner i in. (2017) 50% odmian pszenicy jarej z programu hodowlanego Uniwersytetu w Minnesocie zawierało gen *Fhb1*. Od roku 1999 ponad 20 odmian pszenicy jarej z genem *Fhb1* pochodzącym z Sumai 3 zostało zarejestrowanych w Stanach Zjednoczonych i Kanadzie (Buerstmayr i in. 2019). Genu tego brak jednakże w odmianach pszenicy ozimej, zarówno europejskich jak i chińskich (Li et al., 2019). Jedyna europejska odmiana ozima z *Fhb1* Jaceo (Francja) została wycofana z rynku (Steiner i in., 2017; Zhu i in., 2019). Obecnie w uprawie jest jedna odmiana pszenicy ozimej z genem *Fhb1* MS INTA 416 wyhodowana

i uprawiana w Argentynie (Bainotti i in., 2017). W związku z tym konieczne jest również tworzenie materiałów wyjściowych dla hodowli, aby bardziej zaawansowane formy pszenicy ozimej były odporne na fuzariozę kłosów. Jednak przy użyciu konwencjonalnych technik krzyżowania proces ten może być bardzo powolny. Selekcja wspomagana markerami (MAS) przyspieszyła proces wprowadzania genów odporności z egzotycznych źródeł (Anderson, 2007). Wyniki, które dotychczas zostały opublikowane, pokazują, że ta metoda selekcji jest skuteczna w selekcji genu *Fhb1* zlokalizowanego na krótkim ramieniu chromosomu 3B (Hu i in., 2023; Radecka-Janusik i in., 2022).

Alternatywą może być zastosowanie zidentyfikowanych, europejskich źródeł odporności posiadających geny o niskim efekcie (Holzapfel i in., 2008). Przykładowo wyhodowana przez rumuńskich hodowców odmiana pszenicy ozimej Fundulea 210R jest wysoko odporna na fuzariozę kłosów i nie posiada w rodowodzie chińskich źródeł odporności (Shen i in., 2003). Kumuluje ona odporność pochodzącą z odmiany NS 732 z dawnej Jugosławii oraz odmiany amerykańskiej Amigo (Ittu i in., 2001). Podobnie odporność na fuzariozę kłosów wykazały linie SVP wytworzone w latach 90. w Holandii (Snijders, 1990b). W ich rodowodzie znajdują się jedynie europejskie odmiany pszenicy ozimej np. Marzotto, Dippes Triumph, Mironovskaja 808.

Pochodząca z Chin odmiana Sumai 3 i genotypy jej pokrewne są z sukcesem używane, jako źródła odporności w niektórych regionach uprawy pszenicy (Chiny, Kanada, Stany Zjednoczone), głównie pszenicy jarej. Konieczne jest znalezienie również innych genów odporności, w celu zapobieżenia uzależnieniu od kilku genów z jednego źródła. Co więcej poziom odporności na fuzariozę kłosa nie jest na tyle wysoki, żeby zabezpieczyć przed stratami w przypadku dużej presji chorobowej. Dlatego identyfikacja nowych źródeł odporności na fuzariozę kłosa jest niezbędna dla dalszej poprawy odporności pszenicy. Genotypy pszenicy o wysokiej odporności na fuzariozę kłosa zostały zidentyfikowane dzięki systematycznie prowadzonej ocenie kolekcji genotypów pszenicy (Góral i in., 2019, 2018; Ochodzki i in., 2021). Do identyfikacji genów (loci cech ilościowych QTL) odporności o niskim efekcie wykorzystana może być technika mapowania asocjacyjnego (GWAS) (Kollers i in., 2013; Mirdita i in., 2015). Genotypy ze zidentyfikowaną obecnością QTL warunkujących odporność na fuzariozę kłosów mogą być wykorzystane w programach hodowli odpornościowej.

Literatura

- Accensi, F., Pinton, P., Callu, P., Abella-Bourges, N., Guelfi, J.F., Grosjean, F., Oswald, I.P., 2006. Ingestion of low doses of deoxynivalenol does not affect hematological, biochemical, or immune responses of piglets. *J. Anim. Sci.* 84, 1935–1942. <https://doi.org/10.2527/jas.2005-355>
- Alassane-Kpembi, I., Puel, O., Pinton, P., Cossalter, A.M., Chou, T.C., Oswald, I.P., 2017. Co-exposure to low doses of the food contaminants deoxynivalenol and nivalenol has a synergistic inflammatory effect on intestinal explants. *Arch. Toxicol.* 91, 2677–2687. <https://doi.org/10.1007/s00204-016-1902-9>
- Alexander, N.J., McCormick, S.P., Waalwijk, C., van der Lee, T., Proctor, R.H., 2011. The genetic basis for 3-ADON and 15-ADON trichothecene chemotypes in *Fusarium*. *Fungal Genet. Biol.* 48, 485–495. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2011.01.003>
- Amarasinghe, C., Sharanowski, B., Dilantha Fernando, W.G., 2019. Molecular phylogenetic relationships, trichothecene chemotype diversity and aggressiveness of strains in a global collection of *Fusarium graminearum* species. *Toxins* 11, 263. <https://doi.org/10.3390/toxins11050263>
- Anderson, J.A., 2007. Marker-assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat. *Int. J. Food Microbiol.* 119, 51–3. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2007.07.025>
- Argyris, J., Van Sanford, D., TeKrony, D., 2003. *Fusarium graminearum* infection during wheat seed development and its effect on seed quality. *Crop Sci.* 43, 1782–1788. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1782>
- Astolfi, P., Reynoso, M.M., Ramirez, M.L., Chulze, S.N., Alves, T.C.A., Tessmann, D.J., Del Ponte, E.M., 2012. Genetic population structure and trichothecene genotypes of *Fusarium graminearum* isolated from wheat in southern Brazil. *Plant Pathol.* 61, 289–295. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02515.x>
- Backhouse, D., 2014. Global distribution of *Fusarium graminearum*, *F. asiaticum* and *F. boothii* from wheat in relation to climate. *Eur. J. Plant Pathol.* 139, 161–173. <https://doi.org/10.1007/S10658-013-0374-5/FIGURES/3>
- Bainotti, C.T., Lewis, S., Campos, P., Alberione, E., Salines, N., Gomez, D., Frascina, J., Salines, J., Formica, M.B., Donaire, G., Vanzetti, L.S., Lombardo, L., Nisi, M.M., Cuniberti, M.B., Mir, L., Conde, M.B., Helguera, M., 2017. MS INTA 416: A new Argentinean wheat cultivar carrying *Fhb1* and *Lr47* resistance genes. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 17, 274–280. <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n3e42>
- Bakker, M.G., Brown, D.W., Kelly, A.C., Kim, H.S., Kurtzman, C.P., McCormick, S.P., O'Donnell, K.L., Proctor, R.H., Vaughan, M.M., Ward, T.J., 2018. *Fusarium* mycotoxins: a trans-disciplinary overview. *Can. J. Plant Pathol.* 40, 161–171. <https://doi.org/10.1080/07060661.2018.1433720>
- Beccari, G., Arellano, C., Covarelli, L., Tini, F., Sulyok, M., Cowger, C., 2019. Effect of wheat infection timing on Fusarium head blight causal agents and secondary metabolites in grain. *Int. J. Food Microbiol.* 290, 214–225. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.10.014>
- Bilska, K., Jurczak, S., Kulik, T., Ropelewska, E., Olszewski, J., Żelechowski, M., Zapotoczny, P., 2018. Species composition and trichothecene genotype profiling of *Fusarium* field isolates recovered from wheat in Poland. *Toxins* 10, 325. <https://doi.org/10.3390/toxins10080325>
- Bottalico, A., 1998. *Fusarium* diseases of cereals: Species complex and related mycotoxin profiles, in Europe. *J. Plant Pathol.* 80, 85–103. <https://doi.org/10.4454/jpp.v80i2.807>
- Bottalico, A., Perrone, G., 2002. Toxigenic *Fusarium* species and mycotoxins associated with head blight in small-grain cereals in Europe. *Eur. J. Plant Pathol.* 108, 611–624. <https://doi.org/10.1023/A:1020635214971>
- Boutigny, A.-L., Ward, T.J., Van Coller, G.J., Flett, B., Lamprecht, S.C., O'Donnell, K., Viljoen, A., 2011. Analysis of the *Fusarium graminearum* species complex from wheat, barley and maize in South Africa provides evidence of species-specific differences in host preference. *Fungal Genet. Biol.* 48, 914–920. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2011.05.005>
- Buerstmayr, H., Lemmens, M., Hartl, L., Doldi, L., Steiner, B., Stierschneider, M., Ruckebauer, P., 2002. Molecular mapping of QTLs for Fusarium head blight resistance in spring wheat. I. Resistance to fungal spread (type II resistance). *Theor. Appl. Genet.* 104, 84–91. <https://doi.org/10.1007/s001220200009>
- Buerstmayr, M., Steiner, B., Buerstmayr, H., 2019. Breeding for Fusarium head blight resistance in wheat – Progress and challenges. *Plant Breed.* 1–26. https://doi.org/10.1007/978-94-017-3674-9_45
- Carter, J.P., Rezanoor, H.N., Holden, D., Desjardins, A.E., Plattner, R.D., Nicholson, P., 2002. Variation in pathogenicity associated with the genetic diversity of *Fusarium graminearum*. *Eur. J. Plant Pathol.* 108, 573–583. <https://doi.org/10.1023/A:1019921203161>
- Chen, Y., Zhou, M.-G., 2009. Characterization of *Fusarium graminearum* isolates resistant to both carbendazim and a new fungicide JS399-19. *Phytopathology* 99, 441–6. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-4-0441>
- Cowger, C., Arellano, C., 2010. Plump kernels with high deoxynivalenol linked to late *Gibberella zeae* infection and marginal disease conditions in winter wheat. *Phytopathology* 100, 719–28. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-100-7-0719>
- Cowger, C., Patton-Ozkurt, J., Brown-Guedira, G., Perugini, L., 2009. Post-anthesis moisture increased Fusarium head blight and deoxynivalenol levels in North Carolina winter wheat. *Phytopathology* 99, 320–7. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-4-0320>
- Daamen R.A., Langerak C.J., Stol W., 1991. Surveys of cereal diseases and pests in the Netherlands. 3. *Monographella nivalis* and *Fusarium* spp. in winter wheat fields and seed lots. *Neth. J. Pl. Path.* 97, 105–114.
- Del Ponte, E.M., Fernandes, J.M.C., Bergstrom, G.C., 2007. Influence of growth stage on Fusarium head blight and deoxynivalenol production in wheat. *J. Phytopathol.* 155, 577–581. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2007.01281.x>
- Del Ponte, E.M., Moreira, G.M., Ward, T.J., O'Donnell, K., Nicolli, C.P., Machado, F.J., Duffeck, M.R., Alves, K.S., Tessmann, D.J., Waalwijk, C., van der Lee, Theo, Zhang, H., Chulze, S.N., Stenglein, S.A., Pan, D., Vero, S., Vaillancourt, L.J., Schmale, D.G., Esker, P.D., Morretti, A., Logrieco, A.F., Kistler, H.C., Bergstrom, G.C., Viljoen, A., Rose, L.J., van Coller, G.J., Lee, Theresa, 2022. *Fusarium graminearum* species complex: a bibliographic analysis and web-accessible database for global mapping of species and trichothecene toxin chemotypes. *Phytopathology* 112, 741–751. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-21-0277-RVW>
- Draeger, R., Gosman, N., Steed, A., Chandler, E., Thomsett, M., Srinivasachary, Schondelmaier, J., Buerstmayr, H., Lemmens, M., Schmolke, M., Mesterhazy, A., Nicholson, P., 2007. Identification of QTLs for resistance to Fusarium head blight, DON accumulation and associated traits in the winter wheat variety Arina. *Theor. Appl. Genet.* 115, 617–625. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0592-3>

- Duan, Y., Tao, X., Zhao, H., Xiao, X., Li, M., Wang, J., Zhou, M., 2019. Activity of demethylation inhibitor fungicide metconazole on Chinese *Fusarium graminearum* species complex and its application in carbendazim-resistance management of fusarium head blight in wheat. *Plant Dis.* 103, 929–937. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-18-1592-RE>
- Duan, Y., Lu, F., Zhou, Z., Zhao, H., Zhang, J., Mao, Y., Li, M., Wang, J., Zhou, M., 2020. Quinone outside inhibitors affect DON biosynthesis, mitochondrial structure and toxosome formation in *Fusarium graminearum*. *J. Hazard. Mater.* 398, 122908. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.122908>
- Dweba, C.C., Figlan, S., Shimelis, H.A., Motaung, T.E., Sydenham, S., Mwadzingeni, L., Tsilo, T.J., 2017. Fusarium head blight of wheat: Pathogenesis and control strategies. *Crop Prot.* 91, 114–122. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2016.10.002>
- Escrivá, L., Font, G., Manyes, L., 2015. In vivo toxicity studies of *Fusarium* mycotoxins in the last decade: A review. *Food Chem. Toxicol.* <https://doi.org/10.1016/j.fct.2015.02.005>
- Eudes, F., Comeau, A., Collin, S.R., 2000. Phytotoxicité de huit mycotoxines associées à la fusariose de l'épi chez le blé. *Can. J. Plant Pathol.* 22, 286–292. <https://doi.org/10.1080/07060660009500477>
- Foroud, N.A., Baines, D., Gagkaeva, T.Y., Thakor, N., Badea, A., Steiner, B., Bürstmayr, M., Bürstmayr, H., 2019. *Trichothecenes* in cereal grains - An update. *Toxins* 11, 634. <https://doi.org/10.3390/toxins11110634>
- Foroud, N.A., McCormick, S.P., MacMillan, T., Badea, A., Kendra, D.F., Ellis, B.E., Eudes, F., 2012. Greenhouse studies reveal increased aggressiveness of emergent Canadian *Fusarium graminearum* chemotypes in wheat. *Plant Dis.* 96, 1271–1279. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-11-0863-RE>
- Freije, A.N., Wise, K.A., 2015. Impact of *Fusarium graminearum* inoculum availability and fungicide application timing on Fusarium head blight in wheat. *Crop Prot.* 77, 139–147. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.07.016>
- Góral, T., 2005. Źródła odporności pszenicy na fuzariozę kłosa powodowaną przez *Fusarium culmorum* (W. G. Smith) Sacc. *Biul. IHAR* 235, 115–131.
- Góral, T., Ochodzki, P., 2017. Fusarium head blight resistance and mycotoxin profiles of four Triticum species genotypes. *Phytopathol. Mediterr.* 56, 175–186. https://doi.org/10.14601/phytopathol_mediterr-20288
- Góral, T., Ochodzki, P., Nielsen, L.K., Walentyn-Góral, D., 2021. Species of the genus *Fusarium* and *Fusarium* toxins in the grain of winter and spring wheat in Poland. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 296, 25–42. <https://doi.org/10.37317/biul-2021-0011>
- Góral, T., Wiśniewska, H., Czembor, P., Ochodzki, P., Radecka-Janusik, M., Majka, M., Przetakiewicz, J., 2019. Poszukiwanie oraz wykorzystanie markerów fenotypowych, metabolicznych i molekularnych do badania typów odporności na fuzariozę kłosów u form pszenicy o zróżnicowanej podatności. *Biul. IHAR* 286, 13–20.
- Góral, T., Wiśniewska, H., Ochodzki, P., Walentyn-Góral, D., Grzeszczak, I., Belter, J., Majka, M., Bogacki, J., Drzazga, T., Ługowska, B., Matysik, P., Witkowski, E., Rubrycki, K., Woźna-Pawlak, U., 2017. Fuzarioza kłosów oraz akumulacja toksyn fuzaryjnych w ziarnie rodów hodowlanych pszenicy ozimej. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 282, 17–39. <https://doi.org/10.37317/biul-2017-0012>
- Goswami, R.S., Kistler, H.C., 2005. Pathogenicity and in planta mycotoxin accumulation among members of the *Fusarium graminearum* species complex on wheat and rice. *Phytopathology* 95, 1397–1404. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-95-1397>
- Goswami, R.S., Kistler, H.C., 2004. Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crops. *Mol. Plant Pathol.* 5, 515–525. <https://doi.org/10.1111/J.1364-3703.2004.00252.X>
- Gromadzka, K., Lenc, L., Sadowski, C., Baturo-Ciesniewska, a., Chełkowski, J., Goliński, P., Bocianowski, J., 2012. Effects of fungicidal protection programs on the development of Fusarium head blight and the accumulation of mycotoxins in winter wheat. *Cereal Res. Commun.* 40, 518–531. <https://doi.org/10.1556/CRC.2012.0019>
- Gunupuru, L.R., Perochon, A., Doohan, F.M., 2017. Deoxynivalenol resistance as a component of FHB resistance. *Trop. Plant Pathol.* 42, 175–183. <https://doi.org/10.1007/s40858-017-0147-3>
- György, A., Tóth, B., Varga, M., Mesterhazy, A., 2020. Methodical considerations and resistance evaluation against *Fusarium graminearum* and *F. culmorum* head blight in wheat. part 3. Susceptibility window and resistance expression. *Microorganisms* 8, 627. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8050627>
- Haidukowski, M., Pascale, M., Perrone, G., Pancaldi, D., Campagna, C., Visconti, A., 2005. Effect of fungicides on the development of Fusarium head blight, yield and deoxynivalenol accumulation in wheat inoculated under field conditions with *Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum*. *J. Sci. Food Agric.* 85, 191–198. <https://doi.org/10.1002/jsfa.1965>
- Haile, J.K., N'Diaye, A., Walkowiak, S., Nilsen, K.T., Clarke, J.M., Kutcher, H.R., Steiner, B., Buerstmayr, H., Pozniak, C.J., 2019. Fusarium head blight in durum wheat: recent status, breeding directions, and future research prospects. *Phytopathology* 109, 1664–1675. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-19-0095-RVW>
- Hallen-Adams, H.E., Wenner, N., Kulda, G.A., Trail, F., 2011. Deoxynivalenol biosynthesis-related gene expression during wheat kernel colonization by *Fusarium graminearum*. *Phytopathology* 101, 1091–6. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-11-0023>
- Hao, Y., Rasheed, A., Zhu, Z., Wulff, B.B.H., He, Z., 2020. Harnessing wheat Fhb1 for Fusarium resistance. *Trends Plant Sci.* <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2019.10.006>
- Holzappel, J., Voss, H.-H., Miedaner, S., Korzun, V., Häberle, J., Schweizer, G., Mohler, V., Zimmermann, G., Hartl, L., 2008. Inheritance of resistance to Fusarium head blight in three European winter wheat populations. *Theor. Appl. Genet.* 117, 1119–28. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0850-z>
- Hu, W.J., Fu, L.P., Gao, D.R., Li, D.S., Liao, S., Lu, C.B., 2023. Marker-assisted selection to pyramid Fusarium head blight resistance loci *Fhb1* and *Fhb2* in the high-quality soft wheat cultivar Yangmai 15. *J. Integr. Agric.* 22, 360–370. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.08.057>
- Ioos, R., Belhadj, A., Menez, M., Faure, A., 2005. The effects of fungicides on *Fusarium* spp. and *Microdochium nivale* and their associated trichothecene mycotoxins in French naturally-infected cereal grains. *Crop Prot.* 24, 894–902. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2005.01.014>
- Ittu, M., Saulescu, N.N., Ittu, G., 2001. Progress in breeding for scab resistance in Romania on wheat. 183–187. W: National Fusarium Head Blight Forum Proceedings, Cincinnati, KY, USA, 8–10 grudnia 2001.
- Iwaniuk, P., Konecki, R., Snarska, K., Łozowicka, B., 2018. Quantitative evaluation of *Fusarium* species and crop quality traits in wheat varieties of northeastern Poland. *J. Plant Prot. Res.* 58, 413–419. <https://doi.org/10.24425/jppr.2018.125882>
- Janssen, E.M., Liu, C., Van Der Fels-Klerx, H.J., 2018. *Fusarium* infection and trichothecenes in barley and its comparison with wheat. *World Mycotoxin J.* 11, 33–46. <https://doi.org/10.3920/WMJ2017.2255>

- Jennings, P., Coates, M.E., Turner, J.A., Chandler, E.A., Nicholson, P., 2004. Determination of deoxynivalenol and nivalenol chemotypes of *Fusarium culmorum* isolates from England and Wales by PCR assay. *Plant Pathol.* 53, 182–190. <https://doi.org/10.1111/j.0032-0862.2004.00985.x>
- Ji, F., He, D., Olaniran, A.O., Mokoena, M.P., Xu, J., Shi, J., 2019. Occurrence, toxicity, production and detection of *Fusarium* mycotoxin: a review. *Food Prod. Process. Nutr.* 1, 1–14. <https://doi.org/10.1186/s43014-019-0007-2>
- Jia, H., Zhou, J., Xue, S., Li, G., Yan, H., Ran, C., Zhang, Y., Shi, J., Jia, L., Wang, X., Luo, J., Ma, Z., 2018. A journey to understand wheat *Fusarium* head blight resistance in the Chinese wheat landrace Wangshuibai. *Crop J.* 6, 48–59. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.09.006>
- Jiang, G.L., Huang, D.C., Shen, Q.Q., Yang, Z.L., Lu, W., Shi, J., Zhu, H., Chen, Z., Ward, R., 2006. Registration of wheat germplasm CJ W14 and CJ 9306 highly resistant to *Fusarium* head blight. *Crop Sci.* 46, 2326–2328.
- Kang, Z., Buchenauer, H., 2000. Cytology and ultrastructure of the infection of wheat spikes by *Fusarium culmorum*. *Mycol. Res.* 104, 1083–1093.
- Kazan, K., Gardiner, D.M., 2018. *Fusarium* crown rot caused by *Fusarium pseudograminearum* in cereal crops: recent progress and future prospects. *Mol. Plant Pathol.* 19, 1547–1562. <https://doi.org/10.1111/MPP.12639>
- Kazan, K., Gardiner, D.M., Manners, J.M., 2012. On the trail of a cereal killer: Recent advances in *Fusarium graminearum* pathogenomics and host resistance. *Mol. Plant Pathol.* 13, 399–413. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00762.x>
- Klem, K., Vánová, M., Hajšlová, J., Lancová, K., Sehnalová, M., 2007. A neural network model for prediction of deoxynivalenol content in wheat grain based on weather data and preceding crop. *Plant, Soil Environ.* 53, 421–429.
- Kollers, S., Rodemann, B., Ling, J., Korzun, V., Ebmeyer, E., Argillier, O., Hinze, M., Plieske, J., Kulosa, D., Ganal, M.W., Röder, M.S., 2013. Whole genome association mapping of *Fusarium* head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS One* 8, e57500. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057500>
- Kosová, K., Chrpová, J., Šíp, V., 2009. Cereal resistance to *Fusarium* head blight and possibilities of its improvement through breeding. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 45, 87–105. <https://doi.org/10.17221/63/2009-cjgpb>
- Kubo, K., Kawada, N., Fujita, M., 2013. Evaluation of *Fusarium* head blight resistance in wheat and the development of a new variety by integrating type I and II resistance. *Jircas.Affrc.Go.Jp* 47, 9–19.
- Kuzdraliński, A., Nowak, M., Szczerba, H., Dudziak, K., Muszyńska, M., Leśniowska-Nowak, J., 2017. The composition of *Fusarium* species in wheat husks and grains in south-eastern Poland. *J. Integr. Agric.* 16, 1530–1536. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(16\)61552-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61552-6)
- Lacey, J., Bateman, G.L., Mirocha, C.J., 1999. Effects of infection time and moisture on development of ear blight and deoxynivalenol production by *Fusarium* spp. in wheat. *Ann. Appl. Biol.* 134, 277–283. <https://doi.org/10.1111/J.1744-7348.1999.TB05265.X>
- Langevin, F., Eudes, F., Comeau, A., 2004. Effect of trichothecenes produced by *Fusarium graminearum* during *Fusarium* head blight development in six cereal species. *Eur. J. Plant Pathol.* 110, 735–746. <https://doi.org/10.1023/B:EJPP.0000041568.31778.ad>
- Laraba, I., Busman, M., Geiser, D.M., O'Donnell, K., 2022. Phylogenetic diversity and mycotoxin potential of emergent phytopathogens within the *Fusarium tricinctum* species complex. *Phytopathology* 112, 1284–1298. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-21-0394-R>
- Latham, R.L., Boyle, J.T., Barbano, A., Loveman, W.G., Brown, N.A., 2023. Diverse mycotoxin threats to safe food and feed cereals. *Essays Biochem.* <https://doi.org/10.1042/EBC20220221>
- Lemmens, M., Buerstmayr, H., Krska, R., Schuhmacher, R., Grausgruber, H., Ruckebauer, P., 2004. The effect of inoculation treatment and long-term application of moisture on *Fusarium* head blight symptoms and deoxynivalenol contamination in wheat grains. *Eur. J. Plant Pathol.* 110, 299–308. <https://doi.org/10.1023/B:EJPP.0000019801.89902.2a>
- Lemmens, M., Koutnik, A., Steiner, B., Buerstmayr, H., Berthiller, F., Schuhmacher, R., Maier, F., Schäfer, W., 2008. Investigations on the ability of *Fhb1* to protect wheat against nivalenol and deoxynivalenol. *Cereal Res. Commun.* 36, 429–435. <https://doi.org/10.1556/CRC.36.2008.Suppl.B.36>
- Li, T., Zhang, H., Huang, Y., Su, Z., Deng, Y., Liu, H., Mai, C., Yu, G., Li, Huili, Yu, L., Zhu, T., Yang, L., Li, Hongjie, Zhou, Y., 2019. Effects of the *Fhb1* gene on *Fusarium* head blight resistance and agronomic traits of winter wheat. *Crop J.* 7, 799–808. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.03.005>
- Liu, X., Han, Q., Xu, J., Wang, J., Shi, J., 2015. Acetylhydroxyacid synthase FgHv2 and FgHv6 are involved in BCAA biosynthesis, mycelial and conidial morphogenesis, and full virulence in *Fusarium graminearum*. *Sci. Rep.* 5, 16315. <https://doi.org/10.1038/srep16315>
- Liu, Y.Y., Sun, H.Y., Li, W., Xia, Y.L., Deng, Y.Y., Zhang, A.X., Chen, H.G., 2017. Fitness of three chemotypes of *Fusarium graminearum* species complex in major winter wheat-producing areas of China. *PLoS One* 12. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174040>
- Ma, L.-J., Geiser, D.M., Proctor, R.H., Rooney, A.P., O'Donnell, K., Trail, F., Gardiner, D.M., Manners, J.M., Kazan, K., 2013. *Fusarium* pathogenomics. *Annu. Rev. Microbiol.* 67, 399–416. <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-092412-155650>
- Machado, F.J., de Barros, A. V., McMaster, N., Schmale, D.G., Vaillancourt, L.J., Del Ponte, E.M., 2022. Aggressiveness and mycotoxin production by *Fusarium meridionale* compared with *F. graminearum* on maize ears and stalks in the field. *Phytopathology* 112, 271–277. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-21-0149-R>
- Maier, F.J., Miedaner, T., Haderl, B., Felk, A., Salomon, S., Lemmens, M., Kassner, H., Schäfer, W., 2006. Involvement of trichothecenes in fusarioses of wheat, barley and maize evaluated by gene disruption of the trichodiene synthase (*Tri5*) gene in three field isolates of different chemotype and virulence. *Mol. Plant Pathol.* 7, 449–461. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2006.00351.x>
- Maiorano, A., Blandino, M., Reyneri, A., Vanara, F., 2008. Effects of maize residues on the *Fusarium* spp. infection and deoxynivalenol (DON) contamination of wheat grain. *Crop Prot.* 27, 182–188. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2007.05.004>
- Marzec-Schmidt, K., Börjesson, T., Supronienė, S., Jędrzycka, M., Janavičienė, S., Góral, T., Karlsson, I., Kochiėru, Y., Ochodzki, P., Mankevičienė, A., Piikki, K., 2021. Modelling the effects of weather conditions on cereal grain contamination with deoxynivalenol in the Baltic Sea region. *Toxins* 13, 737. <https://doi.org/10.3390/toxins13110737>
- Mesterházy, Á., 2014. Breeding for resistance to *Fusarium* head blight in wheat. w: *Mycotoxin Reduction in Grain Chains: A Practical Guide*, Leslie J.F., Logrieco A.F. (Red.), Wiley, Hoboken, NJ, ss. 189–208. <https://doi.org/10.1002/9781118832790.CH13>

- Mesterhazy A., Bartok T., 1993. Resistance and pathogenicity influencing toxin (DON) contamination of wheat varieties following *Fusarium* infection. *Hod. Rośl. Aklim. Nasien.* (Special Edition) 37, 9-16.
- Mesterházy, Á., Bartók, T., Kászonyi, G., Varga, M., Tóth, B., Varga, J., 2005. Common resistance to different *Fusarium* spp. causing Fusarium head blight in wheat. *Eur. J. Plant Pathol.* 112, 267–281. <https://doi.org/10.1007/s10658-005-2853-9>
- Mesterházy, Á., Bartók, T., Lamper, C., 2003. Influence of wheat cultivar, species of *Fusarium*, and isolate aggressiveness on the efficacy of fungicides for control of Fusarium head blight. *Plant Dis.* 87, 1107–1115. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.9.1107>
- Mesterhazy, A., Bartok, T., Mirocha, C.G., Komoroczy, R., 1999. Nature of wheat resistance to Fusarium head blight and the role of deoxynivalenol for breeding. *Plant Breed.* 118, 97–110. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.1999.118002097.x>
- Mesterházy, Á., György, A., Lehoczki-Krsjak, S., Tóth, B., Varga, M., 2018. The role of adapted and non-adapted resistance sources in breeding resistance of winter wheat to Fusarium head blight and deoxynivalenol contamination. *World Mycotoxin J.* 11, 539–557. <https://doi.org/10.3920/wmj2017.2297>
- Mesterhazy, A., Gyorgy, A., Varga, M., Toth, B., 2020. Methodical considerations and resistance evaluation against *F. graminearum* and *F. culmorum* head blight in wheat. The influence of mixture of isolates on aggressiveness and resistance expression. *Microorg.* 8, 1036. <https://doi.org/10.3390/microorganismS8071036>
- Mesterházy, Varga, M., Tóth, B., Kótai, C., Bartók, T., Véha, A., Acs, K., Vágvölgyi, C., Lehoczki-Krsjak, S., 2018. Reduction of deoxynivalenol (DON) contamination by improved fungicide use in wheat. Part 1. Dependence on epidemic severity and resistance level in small plot tests with artificial inoculation. *Eur. J. Plant Pathol.* 151, 39–55. <https://doi.org/10.1007/s10658-017-1350-2>
- Miedaner, T., Reinbrecht, C., 2001. Trichothecene content of rye and wheat genotypes inoculated with a deoxynivalenol- and a nivalenol-producing isolate of *Fusarium culmorum*. *J. Phytopathol.* 149, 245–251. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2001.00608.x>
- Miedaner, T., Reinbrecht, C., Lauber, U., Schollenberger, M., Geiger, H.H., 2001. Effects of genotype and genotype-environment interaction on deoxynivalenol accumulation and resistance to Fusarium head blight in rye, triticale, and wheat. *Plant Breed.* 120, 97–105. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2001.00580.x>
- Miller, J.D., Greenhalgh, R., Wang, Y., Lu, M., 1991. Trichothecene chemotypes of three *Fusarium* species. *Mycologia* 82, 121–130.
- Miller, S.S., Chabot, D.M.P., Ouellet, T., Harris, L.J., Fedak, G., 2004. Use of a *Fusarium graminearum* strain transformed with green fluorescent protein to study infection in wheat (*Triticum aestivum*). *Can. J. Plant Pathol.* 26, 453–463. <https://doi.org/10.1080/07060660409507165>
- Minervini, F., Dell'Aquila, M.E., Aquila, M.E.D., 2008. Zeaxalenone and reproductive function in farm animals. *Int. J. Mol. Sci.* 9, 2570–84. <https://doi.org/10.3390/ijms9122570>
- Mirdita, V., He, S., Zhao, Y., Korzun, V., Bothe, R., Ebmeyer, E., Reif, J.C., Jiang, Y., 2015. Potential and limits of whole genome prediction of resistance to Fusarium head blight and Septoria tritici blotch in a vast Central European elite winter wheat population. *Theor. Appl. Genet.* 128, 2471–2481. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2602-1>
- Moonjely, S., Ebert, M., Paton-Glassbrook, D., Noel, Z.A., Roze, L., Shay, R., Watkins, T., Trail, F., 2023. Update on the state of research to manage Fusarium head blight. *Fungal Genet. Biol.* 169, 103829. <https://doi.org/10.1016/J.FGB.2023.103829>
- Munkvold, G.P., 2017. *Fusarium* Species and Their Associated Mycotoxins, w: Moretti, A., Susca, A. (Red.), *Mycotoxigenic Fungi: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology.* Humana Press, New York, NY, ss. 51–105. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6707-0>
- Munkvold, G.P., 2003. Epidemiology of *Fusarium* diseases and their mycotoxins in maize ears. *Eur. J. Plant Pathol.* 109, 705–713. <https://doi.org/10.1023/A:1026078324268>
- Muthomi, J., Schütze, A., Dehne, H.-W., Mutitu, E.W., Oerke, E.-C., 2000. Characterization of *Fusarium culmorum* isolates by mycotoxin production and aggressiveness to winter wheat. *J. Plant Dis. Prot.* 107, 113–123.
- Nakajima, T., 2010. Fungicides application against Fusarium head blight in wheat and barley for ensuring food safety, w: Carisse, O. (Red.), *Fungicides.* InTech Europe, Rijeka, Croatia, ss. 140–156. <https://doi.org/10.5772/13680>
- O'Donnell, K., Kistler, H.C., Tacke, B.K., Casper, H.H., 2000. Gene genealogies reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of *Fusarium graminearum*, the fungus causing wheat scab. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 97, 7905–7910. <https://doi.org/10.1073/pnas.130193297>
- O'Donnell, K., Rooney, A.P., Proctor, R.H., Brown, D.W., McCormick, S.P., Ward, T.J., Frandsen, R.J.N., Lysøe, E., Rehner, S.A., Aoki, T., Robert, V.A.R.G., Crous, P.W., Groenewald, J.Z., Kang, S., Geiser, D.M., 2013. Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important fusaria. *Fungal Genet. Biol.* 52, 20–31. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2012.12.004>
- Ochodzki, P., Twardawska, A., Wiśniewska, H., Góral, T., 2021. Resistance to Fusarium head blight, kernel damage, and concentrations of *Fusarium* mycotoxins in the grain of winter wheat lines. *Agronomy* 11, 1690. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY11091690>
- Oliver, R.E., Cai, X., Friesen, T.L., Halley, S., Stack, R.W., Xu, S.S., 2008. Evaluation of Fusarium head blight resistance in tetraploid wheat (*Triticum turgidum* L.). *Crop Sci.* 48, 213. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.03.0129>
- Parikka, P., Hakala, K., Tiilikkala, K., 2012. Expected shifts in *Fusarium* species' composition on cereal grain in Northern Europe due to climatic change. *Food Addit. Contam. Part A. Chem. Anal. Control. Expo. Risk Assess.* 29, 1543–55. <https://doi.org/10.1080/19440049.2012.680613>
- Placinta, C.M., D'Mello, J.P.F., MacDonald, A.M.C., 1999. A review of worldwide contamination of cereal grains and animal feed with *Fusarium* mycotoxins. *Anim. Feed Sci. Technol.* 78, 21–37. [https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(98\)00278-8](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(98)00278-8)
- Prat, N., Buerstmayr, M., Steiner, B., Robert, O., Buerstmayr, H., 2014. Current knowledge on resistance to Fusarium head blight in tetraploid wheat. *Mol. Breed.* 34, 1689–1699. <https://doi.org/10.1007/s11032-014-0184-2>
- Proctor, R.H., Desjardins, a. E., McCormick, S.P., Plattner, R.D., Alexander, N.J., Brown, D.W., 2002. Genetic analysis of the role of trichothecene and fumonisin mycotoxins in the virulence of *Fusarium*. *Eur. J. Plant Pathol.* 108, 691–698. <https://doi.org/10.1023/A:1020637832371>

- Qu, B., Li, H.P., Zhang, J.B., Huang, T., Carter, J., Liao, Y.C., Nicholson, P., 2008. Comparison of genetic diversity and pathogenicity of *Fusarium* head blight pathogens from China and Europe by SSCP and seedling assays on wheat. *Plant Pathol.* 57, 642–651. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01824.x>
- Quarta, A., Mita, G., Haidukowski, M., Santino, A., Mulè, G., Visconti, A., 2005. Assessment of trichothecene chemotypes of *Fusarium culmorum* occurring in Europe. *Food Addit. Contam.* 22, 309–315. <https://doi.org/10.1080/02652030500058361>
- Radecka-Janusik, M., Piechota, U., Piaskowska, D., Góral, T., Czembor, P., 2022. Evaluation of *Fusarium* head blight resistance effects by haplotype-based genome-wide association study in winter wheat lines derived by marker backcrossing approach. *Int. J. Mol. Sci.* 23, 14233. <https://doi.org/10.3390/IJMS232214233>
- Reis, E.M., Boareto, C., Danelli, A.L.D., Zoldan, S.M., 2016. Anthesis, the infectious process and disease progress curves for *Fusarium* head blight in wheat. *Summa Phytopathol.* 42, 134–139. <https://doi.org/10.1590/0100-5405/2075>
- Ribichich, K.F., Lopez, S.E., Vegetti, A.C., 2000. Histopathological spikelet changes produced by *Fusarium graminearum* in susceptible and resistant wheat cultivars. *Plant Dis.* 84, 794–802. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.7.794>
- Saharan, M.S., 2020. Current status of resistant source to *Fusarium* head blight disease of wheat: a review. *Indian Phytopathol.* 73, 3–9. <https://doi.org/10.1007/s42360-019-00186-x>
- Sallam, A.H., Haas, M., Huang, Y., Tandukar, Z., Muehlbauer, G., Smith, K., Steffenson, B.J., 2023. Meta-analysis of the genetics of resistance to FHB in barley and considerations for breeding. *Crop Sci.* in press. <https://doi.org/10.1111/pbr.13121>
- Sarver, B.A.J., Ward, T.J., Gale, L.R., Broz, K., Corby Kistler, H., Aoki, T., Nicholson, P., Carter, J., O'Donnell, K., 2011. Novel *Fusarium* head blight pathogens from Nepal and Louisiana revealed by multilocus genealogical concordance. *Fungal Genet. Biol.* 48, 1096–1107. <https://doi.org/10.1016/J.FGB.2011.09.002>
- Savary, S., Ficke, A., Aubertot, J.N., Hollier, C., 2012. Crop losses due to diseases and their implications for global food production losses and food security. *Food Secur.* 4, 519–537. <https://doi.org/10.1007/s12571-012-0200-5>
- Schiwek, S., Alhoussein, M., Rodemann, C., Budragchaa, T., Beule, L., von Tiedemann, A., Karlovsky, P., 2022. *Fusarium culmorum* produces NX-2 toxin simultaneously with deoxynivalenol and 3-acetyl-deoxynivalenol or nivalenol. *Toxins* 14. <https://doi.org/10.3390/toxins14070456>
- Shen, X., Ittu, M., Ohm, H.W., 2003. Quantitative trait loci conditioning resistance to *Fusarium* head blight in wheat line F201R. *Crop Sci.* 43, 850–857. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.0850>
- Skinnes, H., Semagn, K., Tarkegne, Y., Marøy, A.G., Bjørnstad, Å., 2010. The inheritance of anther extrusion in hexaploid wheat and its relationship to *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol content. *Plant Breed.* 129, 149–155. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01731.x>
- Snijders, C.H.A., 1990a. Genetic variation for resistance to *Fusarium* head blight in bread wheat. *Euphytica* 50, 171–179. <https://doi.org/10.1007/BF00023642>
- Snijders, C.H.A., 1990b. Diallel analysis of resistance to head blight caused by *Fusarium culmorum* in winter wheat. *Euphytica* 50, 1–9. <https://doi.org/10.1007/BF00023154>
- Snijders, C.H.A., Perkowski, J., 1990. Effects of head blight caused by *Fusarium culmorum* on toxin content and weight of wheat kernels. *Phytopathology* 80, 566–570. <https://doi.org/10.1094/Phyto-80-566>
- Spolti, P., Del Ponte, E.M., Dong, Y., Cummings, J.A., Bergstrom, G.C., 2014. Triazole sensitivity in a contemporary population of *Fusarium graminearum* from New York wheat and competitiveness of a tebuconazole-resistant isolate. *Plant Dis.* 98, 607–613. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-13-1051-RE>
- Starkey, D.E., Ward, T.J., Aoki, T., Gale, L.R., Kistler, H.C., Geiser, D.M., Suga, H., Tóth, B., Varga, J., O'Donnell, K., 2007. Global molecular surveillance reveals novel *Fusarium* head blight species and trichothecene toxin diversity. *Fungal Genet. Biol.* 44, 1191–204. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2007.03.001>
- Steiner, B., Buerstmayr, M., Michel, S., Schweiger, W., Lemmens, M., Buerstmayr, H., 2017. Breeding strategies and advances in line selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat. *Trop. Plant Pathol.* 42, 165–174. <https://doi.org/10.1007/s40858-017-0127-7>
- Strange, R.N., Smith, H., 1971. A fungal growth stimulant in anthers which predisposes wheat to attack by *Fusarium graminearum*. *Physiol. Plant Pathol.* 1, 141–150. [https://doi.org/10.1016/0048-4059\(71\)90023-3](https://doi.org/10.1016/0048-4059(71)90023-3)
- Talas, F., Parzies, H.K., Miedaner, T., 2011. Diversity in genetic structure and chemotype composition of *Fusarium graminearum* sensu stricto populations causing wheat head blight in individual fields in Germany. *Eur. J. Plant Pathol.* 131, 39–48. <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9785-3>
- Tekle, S., Dill-Macky, R., Skinnes, H., Tronsmo, A.M., Bjørnstad, Å., 2011. Infection process of *Fusarium graminearum* in oats (*Avena sativa* L.). *Eur. J. Plant Pathol.* 132, 431–442. <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9888-x>
- Tini, F., Beccari, G., Onofri, A., Ciavatta, E., Gardiner, D.M., Covarelli, L., 2020. Fungicides may have differential efficacies towards the main causal agents of *Fusarium* head blight of wheat. *Pest Manag. Sci.* 76, 3738–3748. <https://doi.org/10.1002/ps.5923>
- Tóth, B., Mesterházy, Á., Nicholson, P., Téren, J., Varga, J., 2004. mycotoxin production and molecular variability of European and American isolates of *Fusarium culmorum*. *Eur. J. Plant Pathol.* 110, 587–599. <https://doi.org/10.1023/B:EJPP.0000032398.74570.ab>
- van Eeuwijk, F.A., Mesterházy, A., Kling, C.I., Ruckebauer, P., Saur, L., Buerstmayr, H., Lemmens, M., Keizer, L.C.P., Maurin, N., Snijders, C.H.A., 1995. Assessing non-specificity of resistance in wheat to head blight caused by inoculation with European strains of *Fusarium culmorum*, *F. graminearum* and *F. nivale* using a multiplicative model for interaction. *Theor. Appl. Genet.* 90, 221–228. <https://doi.org/10.1007/BF00222205>
- Varga, E., Wiesenberger, G., Hametner, C., Ward, T.J., Dong, Y., Schöfbeck, D., McCormick, S., Broz, K., Stückler, R., Schuhmacher, R., Krška, R., Kistler, H.C., Berthiller, F., Adam, G., 2015. New tricks of an old enemy: Isolates of *Fusarium graminearum* produce a type A trichothecene mycotoxin. *Environ. Microbiol.* 17, 2588–2600. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12718>
- Vaughan, M., Backhouse, D., Del Ponte, E.M., 2016. Climate change impacts on the ecology of *Fusarium graminearum* species complex and susceptibility of wheat to *Fusarium* head blight: A review. *World Mycotoxin J.* 9, 685–700. <https://doi.org/10.3920/WMJ2016.2053>

- Ward, T.J., Clear, R.M., Rooney, A.P., O'Donnell, K., Gaba, D., Patrick, S., Starkey, D.E., Gilbert, J., Geiser, D.M., Nowicki, T.W., 2008. An adaptive evolutionary shift in *Fusarium* head blight pathogen populations is driving the rapid spread of more toxigenic *Fusarium graminearum* in North America. *Fungal Genet. Biol.* 45, 473–84. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2007.10.003>
- West, J.S., Holdgate, S., Townsend, J.A., Edwards, S.G., Jennings, P., Fitt, B.D.L., 2012. Impacts of changing climate and agronomic factors on *Fusarium* ear blight of wheat in the UK. *Fungal Ecol.* 5, 53–61. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2011.03.003>
- Wong, L.S.L., Tekauz, A., Leisle, D., Abramson, D., McKenzie, R.I.H., 1992. Prevalence, distribution, and importance of *Fusarium* head blight in wheat in Manitoba. *Can. J. Plant Pathol.* 14, 233–238.
- Xu, X.M., Parry, D.W., Nicholson, P., Thomsett, M. a., Simpson, D., Edwards, S.G., Cooke, B.M., Doohan, F.M., Brennan, J.M., Moretti, a., Tocco, G., Mule, G., Hornok, L., Giczey, G., Tatnell, J., 2005. Predominance and association of pathogenic fungi causing *Fusarium* ear blight in wheat in four European countries. *Eur. J. Plant Pathol.* 112, 143–154. <https://doi.org/10.1007/s10658-005-2446-7>
- Yli-Mattila, T., Rämö, S., Hietaniemi, V., Hussien, T., Carlobos-Lopez, A.L., Cumagun, C.J.R., 2013. Molecular quantification and genetic diversity of toxigenic *Fusarium* species in northern Europe as compared to those in southern Europe. *Microorganisms* 1, 162–174. <https://doi.org/10.3390/microorganisms101016>
- Yang, Z., Gilbert, J., Procuier, J.D., 2006. Genetic diversity of resistance genes controlling *Fusarium* head blight with simple sequence repeat markers in thirty-six wheat accessions from east Asian origin. *Euphytica* 148, 345–352. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-9047-6>
- Wang, R., Hua, C., Hu, Y., Li, L., Sun, Z., Li, T., 2021. Two different inoculation methods unveiled the relative independence of DON accumulation in wheat kernels from disease severity on spike after infection by *Fusarium* head blight. *Toxins* 13, 353. <https://doi.org/10.3390/toxins13050353>
- Zhang, G., Mergoum, M., 2007. Molecular mapping of kernel shattering and its association with *Fusarium* head blight resistance in a Sumai3 derived population. *Theor. Appl. Genet.* 115, 757–766. <https://doi.org/10.1007/S00122-007-0606-1>
- Zhu, Z., Hao, Y., Mergoum, M., Bai, G., Humphreys, G., Cloutier, S., Xia, X., He, Z., 2019. Breeding wheat for resistance to *Fusarium* head blight in the Global North: China, USA, and Canada. *Crop J.* <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.06.003>

Fuzarioza kłosów pszenicy. Część 2. Geny oraz loci cech ilościowych (QTL) kontrolujące odporność pszenicy oraz mechanizmy ich działania

Fusarium head blight of wheat. Part 2. Genes and QTLs of wheat resistance and resistance mechanisms

Tomasz Góral 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, 05-870 Błonie

[✉t.goral@ihar.edu.pl](mailto:t.goral@ihar.edu.pl)

Fuzarioza kłosów jest chorobą powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Choroba występuje na wszystkich zbożach uprawianych w Polsce. Największe szkody powoduje w uprawach pszenicy zwyczajnej. Szkodliwość fuzariozy kłosów wynika przede wszystkim z zanieczyszczenia ziarna wtórnymi metabolitami *Fusarium* – mykotoksynami. Mają one szkodliwe działanie dla ludzi i zwierząt w przypadku spożycia żywności lub paszy je zawierającej. W drugiej części pracy przedstawiono zagadnienia związane z odpornością pszenicy na fuzariozę kłosów. Scharakteryzowano typy odporności na chorobę. Opisano zidentyfikowane dotychczas geny odporności lub loci cech ilościowych powiązane z odpornością. Dla najważniejszych genów odporności przedstawiono dotychczas zidentyfikowane mechanizmy ich działania.

Słowa kluczowe: *Fusarium*, fuzarioza kłosów, loci cech ilościowych, *Triticum*, mykotoksyny, odporność

Fusarium head blight is a disease caused by fungi of the genus *Fusarium*. The disease affects all cereals grown in Poland. The greatest damage is caused to bread wheat crops. The harmfulness of Fusarium head blight results primarily from grain contamination with secondary *Fusarium* metabolites – mycotoxins. They are harmful to humans and animals when food or feed containing them is consumed. The second part of the paper presents issues related to the resistance of wheat to Fusarium head blight. Types of resistance to the disease are characterized. Resistance genes or quantitative traits loci associated with resistance identified so far are described. For the most important resistance genes, the mechanisms of their action identified so far are presented.

Keywords: *Fusarium*, Fusarium head blight, mycotoxins, quantitative traits loci, *Triticum*, resistance

Odporność na fuzariozę kłosów jest określana jako pozioma lub rasowo-niespecyficzna (Miedaner, 1997). Stąd odporność na porażenie różnymi izolatami *Fusarium* spp. a także i różnymi gatunkami takim jak *F. culmorum*, *F. graminearum* s.s. i *F. avenaceum* ma to samo podłoże genetyczne (van Eeuwijk i in., 1995). Izolaty, chemotypy (izolaty jednego gatunku o różnym profilu wytwarzanych toksyn) oraz gatunki *Fusarium* różnią się natomiast poziomem agresywności (Bai i in., 2002; Eudes i in., 2001; Langevin i in., 2004). Przykładem mogą być dwa powszechnie występujące na kłosach pszenicy gatunki: *F. graminearum* i *F. poae*. Pierwszy wytwarza głównie trichoteceny z grupy B oraz zearalenon, drugi głównie trichoteceny z grupy A oraz B. *F. graminearum* jest wysoce agresywny i powoduje porażenie kłosa i ziarniaków o dużym nasileniu. *F. poae* jest natomiast mało agresywny i powoduje jedynie słabe porażenie kłosa, różniące się od typowych objawów fuzariozy kłosów (Stenglein, 2009; Vogelgsang i in., 2008). Objawy porażenia przez *F. poae* to nekrotyczne plamy na plewkach lub nekrozy całych plewek. Brak, jak przypadku

innych gatunków *Fusarium*, objawów w postaci nekroz całych kłosków. Grzybnia *F. poae* występowała głównie w plewkach, natomiast w dużo mniejszych ilościach w ziarniakach (Doohan i in., 1998; Góral i in., 2021).

Odporność na fuzariozę kłosów ma złożoną etiologię. Zdefiniowano kilka typów tej odporności (Foroud i Eudes, 2009; Mesterhazy, 1995; Mesterházy, 2003). Zostały one opisane, jako: typ I - odporność na infekcję pierwotną; typ II – odporność rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie (Mesterházy i in., 2008; Schroeder i Christensen, 1963); typ III - odporność na uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* (Mesterhazy, 1995); typ IV - tolerancja na fuzariozę kłosów i toksyny (Wang i Miller, 1988); typ V - odporność na akumulację toksyn fuzaryjnych w ziarnie poprzez: 1 – chemiczną modyfikację toksyn (glikozylacja toksyn), 2 – blokowanie syntezy toksyn (tworzenie antyoksydantów blokujących szlak metaboliczny toksyn) (Boutigny i in., 2008; Foroud i in., 2019; Kluger i in., 2015).

Nasilenie porażenia kłosów obserwowane w warunkach polowych zależy od poziomu odpor-

ności typu I i II. Wysoki poziom odporności typu I jest istotny w przypadku silnej presji infekcyjnej *Fusarium* (Mesterházy i in., 2008). Z drugiej strony, niski poziom odporności typu II może skutkować silnym porażeniem kłosa mimo niskiej presji infekcyjnej (Mesterházy, 2020).

Na poziom odporności typu I wpływa typ kwitnienia zboża (Kubo i in., 2010; Lu i in., 2013; Skinnes i in., 2010). Dla pszenicy i pszenżyta opisano trzy typy: otwarte (chazmogamiczne), gdy wszystkie trzy pylniki wydostały się na zewnątrz kwiatu, zamknięte (klejstogamiczne), gdy wszystkie pylniki pozostały wewnątrz kwiatu oraz kwitnienie mieszane, gdy wewnątrz kwiatu pozostają jeden lub dwa pylniki (Kociuba i Kramek, 2004). W oparciu o opublikowane badania Kubo i in. (2103) można stwierdzić, że najsłabiej porażane były zarówno genotypy klejstogamiczne jak i chazmogamiczne, natomiast najsilniej genotypy o typie mieszanym kwitnienia. Jak tłumaczą autorzy, jeżeli pylniki pozostają ukryte w kwiatku, zarodniki *Fusarium* nie mogą łatwo do nich dotrzeć. Jeśli pylniki są częściowo wysunięte, zarodniki mogą bezpośrednio na nich osiadać i wykorzystywać pyłek do odżywiania po wykiełkowaniu. Jeżeli pylniki są całkowicie wysunięte i szybko wyrzucane, grzyb również może się na nich rozwijać; jednakże, ponieważ są oddalone od miejsca infekcji, może to skutkować zmniejszonym poziomem infekcji. Silniejsze porażenie genotypów o typie mieszanym kwitnienia można również wiązać z obecnością w pylnikach choliny i betainy glicynowej, które stymulują wzrost *Fusarium* (Engle i in., 2004).

We wczesnej fazie infekcji *F. graminearum* znajduje w fazie biotroficznej (do 72 godz. po infekcji), następnie przechodzi do fazy nekrotroficznej (Brown i in., 2010). Po około 5-7 dniach po infekcji patogen dociera do osadki kłosowej i roztęcza się w dół lub w górę kłosa. Z tym że dominuje wzrost *Fusarium* w dół kłosa i w tej części gromadzi się większość grzybnii i DNA grzyba (Alisaac i in., 2021; Miller i in., 2004). O liczbie zainfekowanych kłosek decyduje poziom odporności na rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie (typ II). Odporność ta związana jest z odpornością na fitotoksyczne działanie DON (Gunupuru i in., 2017). Zastosowanie tej toksyny do inokulacji kłosek dało objawy podobne do uzyskanych po inokulacji zawieszoną zarodnikami *Fusarium* (Lemmens i in., 2005). Izolaty *Fusarium* z zablokowanymi genami kodującymi produkcję trichotecenów wykazywały bardzo niską lub brak zdolności do rozprzestrzeniania się w kłosie (Bai i in., 2002; Dyer i in., 2005; Proctor i in., 1995). U podatnych genotypów zbóż (pszenica, pszenżyto, żyto) może występować zamieranie kłosa powyżej miejsca infekcji, będące reakcją na fitotoksyczne działanie DON (Lemmens i in., 2004; Zwart i in., 2008). Metoda badania tej odporności polega na

punktowej inokulacji pojedynczego kłosa w środku kłosa (Argyris i in., 2005; Bai i in., 2001; Jin i in., 1999). Ocenę przeprowadza się jednorazowo 21 dni po inokulacji określając liczbę kłosek z objawami bielenia (Bai i in., 2000; Horevaj i in., 2011; Miedaner i in., 2003).

Odporność typu III jest to odporność na uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium* które jest efektem porażenia kłosa. Poziom tej odporności ocenia się określając udział ziarniaków uszkodzonych przez *Fusarium* w próbie ziarna (Ackerman i in., 2022; Mesterházy i in., 2015; Schaafsma i in., 2004). Dokonuje się tego poprzez podział próby na frakcje: ziarniaki z objawami uszkodzenia przez *Fusarium* (pomarszczenie, przebarwienia – białe, różowe, pomarańczowe, karminowe) oraz ziarniaki wyglądające zdrowo (Argyris i in., 2003). Oblicza się procent liczby ziarniaków z objawami uszkodzenia w próbie. Odporność tę można również określać analizując zawartość ergosterolu w ziarnie (Lamper i in., 2000; Perkowski i in., 2007). Ergosterol to związek wchodzący w skład błon komórkowych grzybów. Jego zawartość wskazuje na ilość grzybnii obecnej w ziarniakach, czyli określa stopień ich zasiedlenia przez grzyby *Fusarium* (Abramson i in., 1998). Ilość grzybnii w ziarniakach można określić również poprzez pomiar zawartości DNA *Fusarium* w ziarnie za pomocą ilościowej reakcji PCR (Real-time qPCR) (Nicholson i in., 1998). Metoda ta jest bardziej precyzyjna, ponieważ pozwala określić zawartość jedynie grzybów *Fusarium* (lub wybranego gatunku *Fusarium*) w ziarnie. Do identyfikacji ziarniaków uszkodzonych przez *Fusarium* można stosować również technikę spektroskopii w podczerwieni (ang. near infrared spectroscopy, NIR) (Dowell i in., 1999; Peiris i in., 2010; Wegulo i Dowell, 2008). Jest to metoda nieniszcząca, niewymagająca specjalnego przygotowania materiału do analizy. Inną metodą nieniszcząca jest obrazowanie hiperspektralne polegające na rejestracji obrazu w wielu długościach fali elektromagnetycznej (> 100 pasm). Zdjęcia hiperspektralne ziarniaków podlegają analizie z wykorzystaniem wcześniej opracowanych algorytmów identyfikujących porażone ziarniaki (Ackerman i in., 2022; Alisaac i in., 2019; Barbedo i in., 2015; Shahin i Symons, 2011).

Odpornością typu IV określana jest tolerancja wobec fuzariozy kłosek (dokładnie: tolerancja wobec fuzariozy kłosek lub fitotoksycznych trichotecenów) (Mesterházy, 2020, 1995; Mesterházy i in., 1999) Występuje ona wtedy, gdy redukcja plonu jest niska mimo silnego porażenia kłosek lub genotypy porażone w podobnym stopniu różnią się istotnie spadkiem plonu ziarna. Jak podaje Mesterházy (2020) redukcja plonu jest powodowana po pierwsze spadkiem liczby ziarniaków w kłosie co występuje u bardzo podatnych genotypów. Po drugie dużą liczbą lekkich porażonych

ziarniaków, które są wywiewane podczas zbiorów. Po trzecie znaczną redukcję może spowodować występujące u niektórych genotypów zamieranie czubka kłosa powyżej miejsca infekcji tzw. wilting (Zwart i in., 2008).

Odporność typu V polega na obniżaniu fitotoksyczności mykotoksyn fuzaryjnych lub blokowanie ich syntezy przez roślinę. Obniżanie toksyczności odbywa się poprzez chemiczną modyfikację toksyn poddanych glikozylacji i wytworzenie związków nietoksycznych dla rośliny. Są to np. glukozyd 3-deoksyniwalenolu i glukozyd 4-zearalenonu (Bakker i in., 2018; Berthiller i in., 2009). W blokowaniu syntezy trichotecenów biorą udział obecne w roślinach związki o własnościach antyoksydacyjnych takich jak związki fenolowe, kwasy fenolowe, karotenoidy i peptydy (Boutigny i in., 2010; Ponts i in., 2011). Poziom tej odporności bada się określając zawartość toksyn fuzaryjnych w ziarnie włączając również toksyny ukryte (zmodyfikowane, 'masked'). Stosuje się różne metody takie jak testy immunoenzymatyczne lub bardziej precyzyjne techniki chromatograficzne (chromatografia gazowa, chromatografia cieczowa) w tym także z wykorzystaniem zaawansowanych detektorów, jakim są spektrometry masowe (Berthiller i in., 2013; Vendl i in., 2009).

Odporność pszenicy na fuzariozę kłosów jest cechą typu ilościowego i jest determinowana kilku - lub wielogenowo. U odmiany chińskiej Ning 7840 znaleziono dwa lub trzy geny odporności natomiast u brazylijskiej odmiany Frontana stwierdzono obecność, co najmniej trzech genów odporności (Bai i in., 1999; Singh i in., 1995). Wyniki badań z ostatnich lat wskazują, że w większości przypadków 2 lub 3 geny o dużym efekcie określają odporność determinując około 50-70% zmienności. Geny odporności były znajdowane na różnych chromosomach pszenicy. Większość prac dotyczy chińskiej odmiany pszenicy Sumai 3, która jest najczęściej używanym źródłem odporności na fuzariozę kłosa (Waldron i in., 1999). Geny odporności u Sumai 3 znaleziono na chromosomach 2B, 3B, 6B i 7A. Geny z chromosomów 3B i 7A wpływały także na redukcję akumulacji DON w ziarniakach (Buerstmayr i in., 2009).

Stosując techniki biologii molekularnej na każdym chromosomie pszenicy zidentyfikowano przynajmniej jeden locus cech ilościowych (QTL) związany z odpornością na fuzariozę kłosów (Buerstmayr i in., 2009). QTL-e wyjaśniające stosunkowo dużą zmienność w obrębie opisywanej cechy zlokalizowano na chromosomach 2D, 3A, 5AS, 7A, 1B, 3BS, 4B, 5B, 6BS. Wspomniane loci pochodzą ze źródeł azjatyckich jak np. Sumai 3, Wuhan 1 i Nyubai oraz z Brazylii – Frontana. Jednym z najbardziej efektywnych genów odporności na fuzariozę kłosów jest *Fhb1* (dawniej oznaczony, jako *Qfhs.ndsu-3BS*) pochodzący z odmiany Sumai 3, który w różnych badaniach

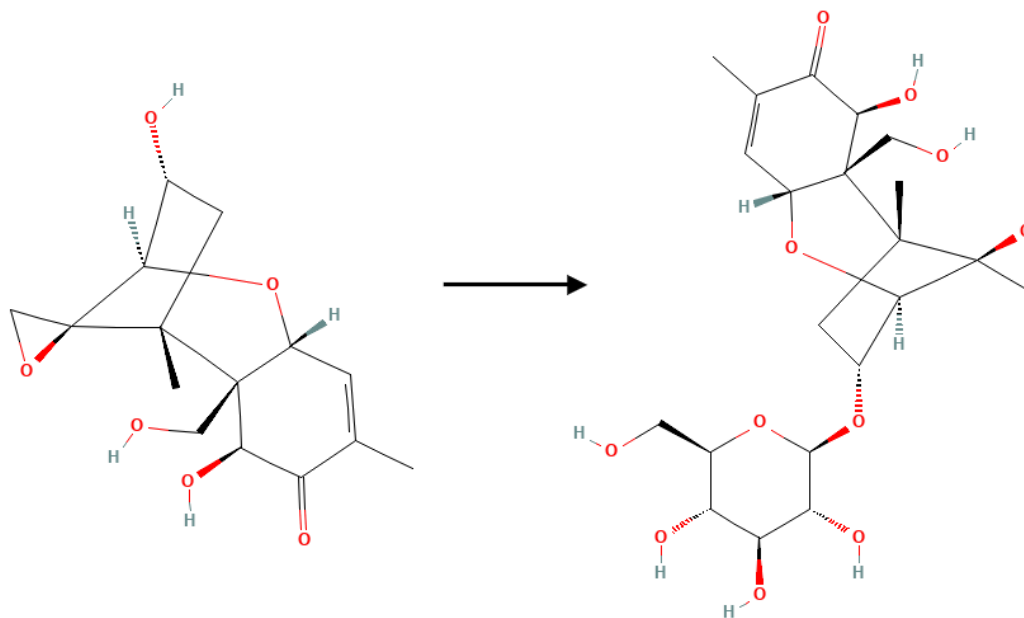
był w stanie wyjaśnić od 16% do 60% zmienności odnośnie rozprzestrzeniania się patogena w tkankach (typ odporności II) (Anderson i in., 2001). Znaleziony on został również w odmianach niespokrewnionych z Sumai 3, takich jak Wangshuibai i Nyubai. Inne loci odporności na fuzariozę kłosów o dużym efekcie zostały zmapowane i oznaczone jako geny: *Fhb2* pochodzący z Sumai 3 (chromosom 6B) (Cuthbert i in., 2007), *Fhb3* pochodzący *Leymus racemosus* (Qi i in., 2008), *Fhb4* pochodzący z odmian pszenicy jarej Wangshuibai (Xue i in., 2010), Wuhan 1 i in. (chromosom 4B), *Fhb5* pochodzący z odmian Wangshuibai, W14 i in. (chromosom 5A) (Xue i in., 2011), *Fhb6* pochodzący z *Elymus tsukushiensis* (Cainong i in., 2015); *Fhb7* pochodzący z *Thinopyrum ponticum* oraz *Fhb7AC* pochodzący z Sumai 3 (chromosom 7A) (Guo i in., 2015). W japońskiej odmianie Nobeokabouzu-komugi zidentyfikowano efektywne loci odporności na fuzariozę kłosów odmienne od tych obecnych w Sumai 3 (Kosaka i in., 2015). Pierwszy locus znajduje się na krótkim ramieniu chromosomu 2D (*QFhs.kibr-2D*) i jest związany z odpornością typu II oraz obniżoną akumulacją DON. Drugi umiejscowiony jest na chromosomie 3BS, jednak jest prawdopodobnie odmienny od obecnego w odmianie Sumai 3. Nowe loci odporności (*QFhs.nau-2DL* i *QFhs.nau-1AS*) o znacznym efekcie zostały zidentyfikowane w linii CJ9306 (Jiang i in., 2007b, 2007a). Są one związane przede wszystkim z odpornością na akumulację DON. W chińskiej linii AQ24788-83 zidentyfikowano na chromosomie 7D locus odporności na fuzariozę kłosów oznaczony jako *QFhb.cau-7DL* (Ren i in., 2018). QTL ten warunkuje odporność typu II i jego efekt jest porównywalny z efektem działania genu *Fhb1*. W chińskich odmianach Yangmai 4 i Yangmai 5 zidentyfikowano ostatnio nowe QTL odporności inne od znanych genów *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4* i *Fhb5* (Hu i in., 2023). Zlokalizowane one były na chromosomach 5A (*QFhb.Y4.5A*) oraz 2D (*QFhb.Y4.2D/QFhb.Y5.2D*). W odmianie Sumai 3 zidentyfikowano również QTL o dużym efekcie na długim ramieniu chromosomu 6B (Basnet i in., 2012). Został on oznaczony jako *Fhb_6BL* (Zhuang i in., 2013). Autorzy zidentyfikowali dwa geny *WFI_6BL1* i *WFI_6BL2* funkcjonalnie związane z *Fhb_6BL*, ale fizycznie zmapowane na chromosomach 7D i 5A.

Mimo identyfikacji licznych genów oraz QTL odporności, dotychczas jedynie *Fhb1* wykazał stabilny wpływ na odporność typu II, III i V w różnych środowiskach i dla różnych podłoży genetycznych (Li i in., 2008; Ma i in., 2020). W związku z tym jest to jedyny gen wykorzystywany w większym zakresie w praktycznej hodowli pszenicy, głównie jarej w Chinach, Kanadzie, Stanach Zjednoczonych. Odmiany/linie będące źródłem genu *Fhb1* posiadają wiele cech niekorzyst-

nych pod względem agronomicznym. Stosując techniki selekcji molekularnej można jednakże uzyskać odporne potomstwa pozbawione tych cech (Bakhsh i in., 2013; Salameh i in., 2011; von der Ohe i in., 2010). Jednakże zastosowanie genu *Fhb1* w komercyjnych odmianach pszenicy nie jest pozbawione problemów. Okazuje się, że nie wszystkie linie z *Fhb1* wykazują odporność na fuzariozę kłosów (Li i in., 2019a; Zheng i in., 2022). Ponadto wprowadzenie genu *Fhb1* nie przyniosło oczekiwanego zwiększenia odporności również u wielu podatnych genotypów, na przykład u niemieckiej odmiany ozimej Opus (von der Ohe i in., 2010), amerykańskich linii MN97695 i MN97045 (Pumphrey i in., 2007), francuskich odmian Apache i Orvantis, austriackiej odmiany P581 (Salameh i in., 2011) oraz chińskiej odmiany Lunxuan136 (Li i in., 2019b). Prawdopodobną przyczyną jest istnienie czynników genetycznych blokujących wpływ genu *Fhb1* na oporność na fuzariozę kłosów w genomie pszenicy. Odkrycie tych inhibitorów ma kluczowe znaczenie dla skutecznej hodowli w kierunku odporności na fuzariozę kłosów z wykorzystaniem znanych genów odporności.

Na podstawie badań nad fitotoksycznym działaniem DON przyjęto hipotezę, że podstawowym mechanizmem odporności pszenicy na tę toksynę jest tworzenie deoksyniwalenol-3-glukozydu (DON-3-Glc) (Rys. 1). Pochodna ta ma bardzo

słabe działanie fitotoksyczne w porównaniu do DON. Proporcja DON-3-Glc/DON była silnie dodatnio skorelowana z odpornością genotypów pszenicy na iniekcję DON do kłosów (Lemmens i in., 2005). Genotypy odporne (z genem *Fhb1*) przekształcały większość DON wprowadzonego do kłosów na DON-3-Glc. Odporność na DON jest powiązana z najważniejszym locus odporności (QTL) na fuzariozę kłosów *Fhb1* (*Qfhs.ndsu-3BS*) zidentyfikowanym w genomie pszenicy heksaploidalnej (Anderson i in., 2001; Liu i in., 2008). Postawiono hipotezę, że *Fhb1* koduje UDP-glikozylotransferazę lub reguluje ekspresję tego enzymu odpowiedzialnego za proces glikozylacji DON (Lemmens i in., 2005; Schweiger i in., 2010). Badania prowadzone w różnych ośrodkach doprowadziły do identyfikacji genów kodujących UDP-glikozylotransferazy których ekspresja była zwiększona po inokulacji *Fusarium* pszenicy (*TaUGT12887*), jęczmienia (*HvUGT13248*), *Arabidopsis thaliana* (*AtUGT73C5*) i *Brachypodium distachyon* (*Bradi2g04720.1 Bradi2g04760.1*) (Li i in., 2015; Poppenberger i in., 2003; Schweiger i in., 2013a, 2013b). *B. distachyon* to dziko rosnąca roczna trawa, endemiczna dla regionu śródziemnomorskiego i Bliskiego Wschodu, będąca rośliną modelową dla rodziny wiechlinowatych (*Poaceae*). Genom *B. distachyon* został zsekwenconowany w 2010 roku (International Brachypodium Initiative 2101).



Rys. 1. Deoksyniwalenol oraz deoksyniwalenol-3-glukozyd powstający na drodze glikozylacji deoksyniwalenolu.
Fig. 1. Deoxynivalenol and deoxynivalenol-3-glucoside produced by glycosylation of deoxynivalenol.

Przy użyciu standardowych technik detekcji DON nie były wykrywane jego pochodne glikozydowe. Stąd pochodne te zostały określone, jako ukryte lub zamaskowane mykotoksyny ('masked mycotoxins') (Berthiller i in., 2013). Ukryte mykotoksyny znaleziono u różnych zbóż w tym także

w kłosach podatnej na fuzariozę kłosów pszenicy twardej (Cirlini i in., 2013; Lemmens i in., 2016).

Znaczenie odporności na DON poprzez konwersję na DON-3-Glc jako głównego mechanizmu działania genu *Fhb1* zostało podważone w kolejnych badaniach wykorzystujących najnowsze

techniki badań metabolomicznych i proteomicznych. Gunnaiah i in. (2012) badając działanie genu *Fhb1* nie stwierdzili różnic w produkcji D3G pomiędzy liniami izogenicznymi z genem i bez genu *Fhb1*. Zwiększona odporność linii z genem *Fhb1* wynikała ze wzmocnienia konstrukcji ścian komórkowych poprzez osadzanie amidów kwasu hydroksycynamonowego, flawonoidów i związków fenolowych (Gunnaiah i in., 2012; Kage i in., 2017). Stwierdzono natomiast, że glikozylacja DON dominuje u odmiany Nobeokabouzu-komugi jako główny mechanizm odporności i jest prawdopodobnie związany z obecnością locus odporności na krótkim ramieniu chromosomu 2D (*QFhs.kibr-2D*) (Kosaka i in., 2015). Kolejne wyniki badań pokazują, że składnikiem locus odporności *Fhb1* jest gen *PFT* kodujący tworzenie białek-toksyn tworzących kanały w błonie komórkowej ('pore-forming toxin-like proteins') oraz aglutynin (Rawat i in., 2016). Produkty tego genu mogą mieć bezpośrednie działanie wobec grzybów powodując uszkodzenie ich błon komórkowych.

Badając reakcję na inokulację *F. graminearum* linii izogenicznych pszenicy zaobserwowano znacznie niższą reakcję nadwrażliwości (HSR) u linii z genem *Fhb1* (Eldakak i in., 2018). HSR jest głównym mechanizmem odporności wobec patogenów biotroficznych, jednakże w przypadku fuzariozy kłosów HSR wydaje się działać jako główny czynnik patogeniczności. Wzrost grzybów z rodzaju *Fusarium* (grzyby nekrotroficzne lub polimertroficzne wg. Hane i in. (2020)) odbywa się głównie dzięki wykorzystywaniu substancji odżywczych z martwych komórek, których śmierć powodowana jest przez HSR (Glazebrook, 2005). Stąd z badań proteomicznych patogenyzy fuzariozy kłosów wyniosowano, że działanie *Fhb1* polega przede wszystkim na redukcji reakcji nadwrażliwości lub osłabienia odpowiedzi komórek na infekcję.

Zhuang i in. (2013) zidentyfikowali gen *WFhb1_c1* funkcjonalnie związany z *Fhb1* i znajdujący się w locus tego QTL. Dokładna funkcja *WFhb1_c1* pozostaje nieznaną. Autorzy stwierdzili, że nie było homologii z żadnym znanym genem pszenicy i gen ten był bardzo zbliżony do inhibitora pektynowej esterazy metylowej u *Arabidopsis* (PMEI). Pektynowa esteraza metylowa powoduje de-estryfikację pektyn i tym samym osłabienie ścian komórkowych i zwiększenie ich podatności na enzymy pektolityczne grzybów (Volpi i in., 2011; Lionetti i in., 2015). Gdyby *WFhb1_c1* rzeczywiście kodował PMEI, infekcja pszenicy mogłaby być niższa, nie poprzez zwiększenie reakcji odpornościowej (zwiększenie ekspresji PMEI), ale poprzez znaczne zmniejszenie podatności w ciągu pierwszych 60 godzin po infekcji. W kolejnej pracy Paudel i in. (2020) badali reakcje linii blisko izogenicznych różniących się obecnością genu *Fhb1* oraz linii Sumai 3 z wyciszonym genem

WFhb1-1 (*WFhb1_c1*). Uzyskane wyniki wskazały, że *WFhb1-1* jest głównym genem oporności na fuzariozę kłosów u pszenicy, który może znacznie zmniejszyć zarówno nasilenie choroby, jak i akumulację DON nawet w przypadku silnej presji choroby.

W przypadku innych genów (QTL) badano jak dotąd jedynie *Fhb2* i *Fhb_6BL* (Dhokane i in., 2016); autorzy stwierdzili, że QTL *Fhb2* warunkujący odporność na rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie zawiera sześć genów odporności. Trzy z nich nadają odporność strukturalną poprzez wzmocnienie ściany komórkowej, zmniejszając rozprzestrzenianie się patogenu przez osadkę kłosową. Pozostałe trzy warunkują detoksykację DON, czynnika wirulencji, a tym samym zmniejsza się nasilenie choroby. Wyniki uzyskane przez Zhuang i in. (2013) sugerują, że gen *Fhb_6BL* ma udział w odporności poprzez szlak sygnalizacyjny jasmonianów a pszenica aktywuje swój mechanizm obronny w biotroficznej fazie procesu patogenyzy (Pritsch i in., 2000). Geny związane funkcjonalnie z *Fhb_6BL* czyli *WFI_6BL1* i *WFI_6BL2* kodują odpowiednio lipoksygenazę-13, kluczowy enzym w syntezie jasmonianów (Schaller i in., 2004) oraz białka z rodziny PR-4. Jasmoniany (kwas jasmonowy) odpowiadają za uruchomienie mechanizmów indukowanej odporności systemicznej na patogeny nekrotroficzne (Glazebrook, 2005). Białka PR-4 są to białka związane z patogenezą o aktywności antygrzybowej, należące do chitynaz (Byczkowski i in., 2009).

Na stopień porażenia pszenicy przez fuzariozę kłosów mają również znaczny wpływ cechy morfologiczne roślin. Są to: wysokość roślin, długość dokłosa, ościstość lub bezostność kłosa, zagęszczenie kłosów, sztywność kłosa (Mesterhazy, 1995). Wskazuje się na silne powiązanie wysokości roślin pszenicy z nasileniem fuzariozy kłosów (Handa i Ban, 2008; Spanic i in., 2011), co może głównie wynikać z różnic w mikroklimacie na poziomie kłosów w niskim i wysokim łanie pszenicy. Niektóre wyniki przeczą jednak tej tezie (Hilton i in., 1999; Yan i in., 2011). Dodatkowo stwierdzono genetyczne powiązanie podatności na fuzariozę kłosów z obecnością genów karłowatości *Rht1* (*Rht-B1*) i *Rht2* (*Rht-D1*) (Miedaner i Voss, 2008; Srinivasachary i in., 2009; Voss i in., 2008). Mechanizm tego zjawiska nie jest do końca wyjaśniony. Tłumaczy się go sprzężeniem genów *Rht* z genami warunkującymi podatność na fuzariozę kłosów lub plejotropowym fizjologicznym efektem działania tych genów zwiększającym podatność na fuzariozę kłosów. Obecność genów *Rht* ma wpływ również na typ kwitnienia pszenicy a tym samym na odporność typu I (He i in., 2016). Badania wskazują, że wzrostowi liczby pylników pozostających w kwiatach (mieszany typ kwitnienia) towarzyszy wzrost nasilenia fuzariozy kło-

sów (Buerstmayr i Buerstmayr, 2016). W związku z tym selekcja w kierunku kwitnienia całkowicie otwartego (lub całkowicie zamkniętego) wydaje się być obiecującą strategią mającą na celu zrównoważenie negatywnego wpływu alleli karłowatości *Rht1*. Selekcja pod kątem typu kwitnienia jest prostą i skuteczną strategią osiągnięcia pośredniej efektu selekcyjnego w kierunku poprawy odporności na fuzariozę kłosów, bez niepożądanych skutków ubocznych dla cech agronomicznych lub produkcyjnych (Akohe i in., 2022). W ostatnich

latach udało się zidentyfikować nowy gen karłowatości *Rht24*, którego obecność nie wpływa na odporność na fuzariozę kłosów (Herter i in., 2018; Miedaner i in., 2022). Gen ten nie powoduje również wzrostu udziału pylników pozostających w kwiatach u pszenicy (Akohe i in., 2022). Stanowi on więc obiecującą alternatywę dla genów *Rht1* i *Rht2* pozwalającą na wytworzenie wysokowydajnych krótkosłomych odmian pszenicy o małej podatności na fuzariozę kłosów.

Literatura

- Abramson, D., Gan, Z., Clear, R.M., Gilbert, J., Marquardt, R.R., 1998. Relationships among deoxynivalenol, ergosterol and *Fusarium* exoantigens in Canadian hard and soft wheat. *Int. J. Food Microbiol.* 45, 217–224. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(98\)00164-0](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(98)00164-0)
- Ackerman, A.J., Holmes, R., Gaskins, E., Jordan, K.E., Hicks, D.S., Fitzgerald, J., Griffey, C.A., Mason, R.E., Harrison, S.A., Murphy, J.P., Cowger, C., Boyles, R.E., 2022. Evaluation of methods for measuring *Fusarium*-damaged kernels wheat. *Agronomy* 12, 532. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY12020532/S1>
- Akohe, F., Koch, S., Plieske, J., Miedaner, T., 2022. Separation of the effects of two reduced height (*Rht*) genes and genomic background to select for less *Fusarium* head blight of short-strawed winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.* 2022 1, 1–24. <https://doi.org/10.1007/S00122-022-04219-4>
- Alisaac, E., Behmann, J., Rathgeb, A., Karlovsky, P., Dehne, H.-W., Mahlein, A.-K., 2019. Assessment of *Fusarium* infection and mycotoxin contamination of wheat kernels and flour using hyperspectral imaging. *Toxins* 11, 556. <https://doi.org/10.3390/toxins11100556>
- Alisaac, E., Rathgeb, A., Karlovsky, P., Mahlein, A.K., 2021. *Fusarium* head blight: Effect of infection timing on spread of *Fusarium graminearum* and spatial distribution of deoxynivalenol within wheat spikes. *Microorganisms* 9, 1–12. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9010079>
- Anderson, J.A., Stack, R.W., Liu, S., Waldron, B.L., Fjeld, A.D., Coyne, C., Moreno-Sevilla, B., Fetch, J.M., Song, Q.J., Cregan, P.B., Frohberg, R.C., 2001. DNA markers for *Fusarium* head blight resistance QTLs in two wheat populations. *Theor. Appl. Genet.* 102, 1164–1168. <https://doi.org/10.1007/s001220000509>
- Argyris, J., TeKrony, D., Hershman, D., VanSanford, D., Hall, M., Kennedy, B., Rucker, M., Edge, C., 2005. *Fusarium* head blight infection following point inoculation in the greenhouse compared with movement of *Fusarium graminearum* in seed and floral components. *Crop Sci.* 45, 626–634. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0626>
- Argyris, J., Van Sanford, D., TeKrony, D., 2003. *Fusarium graminearum* infection during wheat seed development and its effect on seed quality. *Crop Sci.* 43, 1782–1788. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1782>
- Bai, G., Kolb, F.L., Shaner, G., Domier, L.L., 1999. Amplified fragment length polymorphism markers linked to a major quantitative trait locus controlling scab resistance in wheat. *Phytopathology* 89, 343–348. <https://doi.org/10.1094/PHTO.1999.89.4.343>
- Bai, G.H., Desjardins, A.E., Plattner, R.D., 2002. Deoxynivalenol-nonproducing *Fusarium graminearum* causes initial infection, but does not cause disease spread in wheat spikes. *Mycopathologia* 153, 91–98. <https://doi.org/10.1023/A:1014419323550>
- Bai, G.H., Plattner, R., Desjardins, A., Kolb, F., Jones, S.S., 2001. Resistance to *Fusarium* head blight and deoxynivalenol accumulation in wheat. *Plant Breed.* 120, 1–6. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2001.00562.x>
- Bai, G.H., Shaner, G., Ohm, H., 2000. Inheritance of resistance to *Fusarium graminearum* in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 100, 1–8. <https://doi.org/10.1007/PL00002902>
- Bakhsh, A., Mengistu, N., Baenziger, P.S., Dweikat, I., Wegulo, S.N., Rose, D.J., Bai, G., Eskridge, K.M., 2013. Effect of *Fusarium* head blight resistance gene on agronomic and end-use quality traits of hard red winter wheat. *Crop Sci.* 53, 793. <https://doi.org/10.2135/cropsci2012.06.0364>
- Bakker, M.G., Brown, D.W., Kelly, A.C., Kim, H.S., Kurtzman, C.P., McCormick, S.P., O'Donnell, K.L., Proctor, R.H., Vaughan, M.M., Ward, T.J., 2018. *Fusarium* mycotoxins: a trans-disciplinary overview. *Can. J. Plant Pathol.* 40, 161–171. <https://doi.org/10.1080/07060661.2018.1433720>
- Barbedo, J.G.A., Tibola, C.S., Fernandes, J.M.C., 2015. Detecting *Fusarium* head blight in wheat kernels using hyperspectral imaging. *Biosyst. Eng.* 131, 65–76. <https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2015.01.003>
- Basnet, B. R., Glover, K.D., Ibrahim, A.M.H., Yen, Y., Chao, S., 2012. A QTL on chromosome 2DS of 'Sumai 3' increases susceptibility to *Fusarium* head blight in wheat. *Euphytica* 186, 91–101. <https://doi.org/10.1007/s10681-011-0495-x>
- Berthiller, F., Crews, C., Dall'Asta, C., Saeger, S. De, Haesaert, G., Karlovsky, P., Oswald, I.P., Seefelder, W., Speijers, G., Stroka, J., 2013. Masked mycotoxins: A review. *Mol. Nutr. Food Res.* 57, 165–186. <https://doi.org/10.1002/mnfr.201100764>
- Berthiller, F., Schuhmacher, R., Adam, G., Krska, R., 2009. Formation, determination and significance of masked and other conjugated mycotoxins. *Anal. Bioanal. Chem.* 395, 1243–52. <https://doi.org/10.1007/s00216-009-2874-x>
- Boutigny, A.-L., Atanasova-Pénichon, V., Benet, M., Barreau, C., Richard-Forget, F., 2010. Natural phenolic acids from wheat bran inhibit *Fusarium culmorum* trichothecene biosynthesis in vitro by repressing Tri gene expression. *Eur. J. Plant Pathol.* 127, 275–286. <https://doi.org/10.1007/s10658-010-9592-2>
- Boutigny, A.-L., Richard-Forget, F., Barreau, C., 2008. Natural mechanisms for cereal resistance to the accumulation of *Fusarium* trichothecenes. *Eur. J. Plant Pathol.* 121, 411–423. <https://doi.org/10.1007/s10658-007-9266-x>
- Brown, N.A., Urban, M., van de Meene, A.M.L., Hammond-Kosack, K.E., 2010. The infection biology of *Fusarium graminearum*: Defining the pathways of spikelet to spikelet colonisation in wheat ears. *Fungal Biol.* 114, 555–571. <https://doi.org/10.1016/J.FUNBIO.2010.04.006>

- Buerstmayr, H., Ban, T., Anderson, J.A., 2009. QTL mapping and marker-assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat: A review. *Plant Breed.* 128, 1–26. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2008.01550.x>
- Buerstmayr, M., Buerstmayr, H., 2016. The semidwarfing alleles *Rht-D1b* and *Rht-B1b* show marked differences in their associations with anther-retention in wheat heads and with Fusarium head blight susceptibility. *Phytopathology* 106, 1544–1552.
- Byczkowski, B., Macioszek, V.K., Kononowicz, A.K., 2009. Roślinne białka PR w odpowiedzi obronnej na atak grzybów nekrotroficznych. *Postępy Biol. Komórki* 36, 121–134.
- Cainong, J.C., Bockus, W.W., Feng, Y., Chen, P., Qi, L., Sehgal, S.K., Danilova, T. V., Koo, D.H., Friebe, B., Gill, B.S., 2015. Chromosome engineering, mapping, and transferring of resistance to Fusarium head blight disease from *Elymus tsukushiensis* into wheat. *Theor. Appl. Genet.* 128, 1019–1027. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2485-1>
- Cirlini, M., Generotti, S., Dall’Erta, A., Lancioni, P., Ferrazzano, G., Massi, A., Galaverna, G., Dall’Asta, C., 2013. Durum wheat (*Triticum durum* Desf.) lines show different abilities to form masked mycotoxins under greenhouse conditions. *Toxins (Basel)*. 6, 81–95. <https://doi.org/10.3390/toxins6010081>
- Cuthbert, P. a, Somers, D.J., Brulé-Babel, A., 2007. Mapping of *Fhb2* on chromosome 6BS: a gene controlling Fusarium head blight field resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 114, 429–37. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0439-3>
- Dhokane, D., Karre, S., Kushalappa, A.C., McCartney, C., 2016. Integrated metabolo-transcriptomics reveals Fusarium head blight candidate resistance genes in wheat QTL-*Fhb2*. *PLoS One* 11, 1–27. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155851>
- Doohan, F.M., Parry, D.W., Jenkinson, P., Nicholson, P., 1998. The use of species-specific PCR-based assays to analyse Fusarium ear blight of wheat. *Plant Pathol.* 47, 197–205. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1998.00218.x>
- Dowell, F.E., Ram, M.S., Seitz, L.M., 1999. Predicting scab, vomitoxin, and ergosterol in single wheat kernels using near-infrared spectroscopy. *Cereal Chem.* 76, 573–576. <https://doi.org/10.1094/CCHEM.1999.76.4.573>
- Dyer, R.B., Plattner, R.D., Kendra, D.F., Brown, D.W., 2005. *Fusarium graminearum* *TRI14* is required for high virulence and DON production on wheat but not for DON synthesis in vitro. *J. Agric. Food Chem.* 53, 9281–9287. <https://doi.org/10.1021/jf051441a>
- Eldakak, M., Das, A., Zhuang, Y., Rohila, J., Glover, K., Yen, Y., 2018. A quantitative proteomics view on the function of *Qfhl1*, a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat. *Pathogens* 7, 58. <https://doi.org/10.3390/pathogens7030058>
- Engle, J.S., Lipps, P.E., Graham, T.L., Boehm, M.J., 2004. Effects of choline, betaine, and wheat floral extracts on growth of *Fusarium graminearum*. *Plant Dis.* 88, 175–180. <https://doi.org/10.1094/pdis.2004.88.2.175>
- Eudes, F., Comeau, A., Rioux, S., Collin, J., 2001. Impact of trichothecenes on Fusarium head blight [*Fusarium graminearum*] development in spring wheat (*Triticum aestivum*). *Can. J. Plant Pathol.* 23, 318–322. <https://doi.org/10.1080/07060660109506948>
- Foroud, N.A., Baines, D., Gagkaeva, T.Y., Thakor, N., Badea, A., Steiner, B., Bürstmayr, M., Bürstmayr, H., 2019. Trichothecenes in cereal grains - An update. *Toxins (Basel)*. 11. <https://doi.org/10.3390/toxins11110634>
- Foroud, N.A., Eudes, F., 2009. Trichothecenes in cereal grains. *Int. J. Mol. Sci.* 10, 147–173. <https://doi.org/10.3390/ijms10010147>
- Glazebrook, J., 2005. Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and necrotrophic pathogens. *Annu. Rev. Phytopathol.* 43, 205–27. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.43.040204.135923>
- Góral, T., Ochodzki, P., Nielsen, L.K., Walentyn-Góral, D., 2021. Species of the genus *Fusarium* and *Fusarium* toxins in the grain of winter and spring wheat in Poland. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 296, 25–42. <https://doi.org/10.37317/biul-2021-0011>
- Gunnaiah, R., Kushalappa, A.C., Duggavathi, R., Fox, S., Somers, D.J., 2012. Integrated metabolo-proteomic approach to decipher the mechanisms by which wheat QTL (*Fhb1*) contributes to resistance against *Fusarium graminearum*. *PLoS One* 7, e40695. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040695>
- Gunupuru, L.R., Perochon, A., Doohan, F.M., 2017. Deoxynivalenol resistance as a component of FHB resistance. *Trop. Plant Pathol.* 42, 175–183. <https://doi.org/10.1007/s40858-017-0147-3>
- Guo, J., Zhang, X., Hou, Y., Cai, J., Shen, X., Zhou, T., Xu, H., Ohm, H.W., Wang, Hongwei, Li, A., Han, F., Wang, Honggang, Kong, L., 2015. High-density mapping of the major FHB resistance gene *Fhb7* derived from *Thinopyrum ponticum* and its pyramiding with *Fhb1* by marker-assisted selection. *Theor. Appl. Genet.* 128, 2301–2316. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2586-x>
- Handa, H., Ban, T., 2008. Relationship between plant height and Fusarium head blight resistance for the QTL on the wheat chromosome 2DS. W: *Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium*, 24-29 sierpnia 2008, Brisbane, Australia. Sydney University Pres, str. 744-746.
- Hane, J.K., Paxman, J., Jones, D.A.B., Oliver, R.P., de Wit, P., 2020. “CATAstrophy,” a genome-informed trophic classification of filamentous plant pathogens – how many different types of filamentous plant pathogens are there? *Front. Microbiol.* 10, 3088. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2019.03088/BIBTEX>
- He, X., Singh, P.K., Dreisigacker, S., Singh, S., Lillemo, M., Duveiller, E., 2016. Dwarfing genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b* are associated with both type I FHB susceptibility and low anther extrusion in two bread wheat populations. *PLoS One* 11, 1–14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0162499>
- Herter, C.P., Ebmeyer, E., Kollers, S., Korzun, V., Leiser, W.L., Würschum, T., Miedaner, T., 2018. *Rht24* reduces height in the winter wheat population ‘Solitär × Bussard’ without adverse effects on Fusarium head blight infection. *Theor. Appl. Genet.* 131, 1–10. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3076-8>
- Hilton, A.J., Jenkinson, P., Hollins, T.W., Parry, D.W., 1999. Relationship between cultivar height and severity of Fusarium ear blight in wheat. *Plant Pathol.* 48, 202–208. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1999.00339.x>
- Horevaj, P., Gale, L., Milus, E., 2011. Resistance in winter wheat lines to initial infection and spread within spikes by deoxynivalenol and nivalenol chemotypes of *Fusarium graminearum*. *Plant Dis.* 95, 31–37. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2010.09.012>
- Hu, W., Gao, D., Zhang, Y., Zheng, X., Lu, C., Wu, H., Xu, W., Cheng, S., Jia, J., 2023. Mapping quantitative trait loci for type II Fusarium head blight resistance in two wheat recombinant inbred line populations derived from Yangmai 4 and Yangmai 5. *Plant Dis.* 107, 422–430. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-22-1338-RE>
- International Brachypodium Initiative, 2010. Genome sequencing and analysis of the model grass *Brachypodium distachyon*. *Nature* 463, 763–768. <https://doi.org/10.1038/nature08747>

- Jiang, G.-L., Dong, Y., Shi, J., Ward, R.W., 2007a. QTL analysis of resistance to Fusarium head blight in the novel wheat germplasm CJ 9306. II. Resistance to deoxynivalenol accumulation and grain yield loss. *Theor. Appl. Genet.* 115, 1043–52. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0630-1>
- Jiang, G.-L., Shi, J., Ward, R.W., 2007b. QTL analysis of resistance to Fusarium head blight in the novel wheat germplasm CJ 9306. I. Resistance to fungal spread. *Theor. Appl. Genet.* 116, 3–13. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0641-y>
- Jin, Y., Zhang, X., Rudd, R., Rudd, J., 1999. A point inoculation method for evaluating scab resistance in wheat, w: Wagester, J.A., Ward, R., Hart, L.P., Hazen, S.P., Lewis, J., Borden, H. (Red.), 1999 National Fusarium Head Blight Forum. Michigan State University, East Lansing, MI, USA, s. 128.
- Kage, U., Karre, S., Kushalappa, A.C., McCartney, C., 2017. Identification and characterization of a Fusarium head blight resistance gene *TaACT* in wheat QTL-2DL. *Plant Biotechnol. J.* 15, 447–457. <https://doi.org/10.1111/pbi.12641>
- Kluger, B., Bueschl, C., Lemmens, M., Michlmayr, H., Malachova, A., Koutnik, A., Maloku, I., Berthiller, F., Adam, G., Krska, R., Schuhmacher, R., 2015. Biotransformation of the mycotoxin deoxynivalenol in *Fusarium* resistant and susceptible near isogenic wheat lines. *PLoS One* 10, e0119656. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0119656>
- Kociuba, W., Kramek, A., 2004. Analiza niektórych właściwości biologii kwitnienia pszenżyta przydatnych dla hodowli i reprodukcji odmian. *Ann. UMCS* 59, 115–122.
- Kosaka, A., Ban, T., Manickavelu, A., 2015. Genome-wide transcriptional profiling of wheat infected with *Fusarium graminearum*. *Genomics Data* 5, 260–262. <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2015.06.020>
- Kubo, K., Fujita, M., Kawada, N., Nakajima, T., Nakamura, K., Maejima, H., Ushiyama, T., Hatta, K., Matsunaka, H., 2013. Minor differences in anther extrusion affect resistance to Fusarium head blight in wheat. *J. Phytopathol.* 161, 308–314. <https://doi.org/10.1111/jph.12060>
- Kubo, K., Kawada, N., Fujita, M., Hatta, K., Oda, S., Nakajima, T., 2010. Effect of cleistogamy on Fusarium head blight resistance in wheat. *Breed. Sci.* 60, 405–411. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.60.405>
- Lamper, C., Teren, J., Bartok, T., Komoroczy, R., Mesterhazy, A., Sagi, F., 2000. Predicting DON contamination in *Fusarium*-infected wheat grains via determination of the ergosterol content. *Cereal Res. Commun.* 28, 337–344. <https://doi.org/10.1007/BF03543613/METRICS>
- Langevin, F., Eudes, F., Comeau, A., 2004. Effect of trichothecenes produced by *Fusarium graminearum* during Fusarium head blight development in six cereal species. *Eur. J. Plant Pathol.* 110, 735–746. <https://doi.org/10.1023/B:EJPP.0000041568.31778.ad>
- Lemmens, M., Buerstmayr, H., Krska, R., Schuhmacher, R., Grausgruber, H., Ruckebauer, P., 2004. The effect of inoculation treatment and long-term application of moisture on Fusarium head blight symptoms and deoxynivalenol contamination in wheat grains. *Eur. J. Plant Pathol.* 110, 299–308. <https://doi.org/10.1023/B:EJPP.0000019801.89902.2a>
- Lemmens, M., Scholz, U., Berthiller, F., Dall'Asta, C., Koutnik, A., Schuhmacher, R., Adam, G., Buerstmayr, H., Mesterházy, A., Krska, R., Ruckebauer, P., 2005. The ability to detoxify the mycotoxin deoxynivalenol colocalizes with a major quantitative trait locus for Fusarium head blight resistance in wheat. *Mol. Plant. Microbe Interact.* 18, 1318–1324. <https://doi.org/10.1094/MPMI-18-1318>
- Lemmens, M., Steiner, B., Sulyok, M., Nicholson, P., Mesterházy, A., Buerstmayr, H., 2016. Masked mycotoxins: does breeding for enhanced *Fusarium* head blight resistance result in more deoxynivalenol-3-glucoside in new wheat varieties? *World Mycotoxin J.* 9, 741–754. <https://doi.org/10.3920/WMJ2015.2029>
- Li, C., Zhu, H., Zhang, C., Lin, F., Xue, S., Cao, Y., Zhang, Z., Zhang, L., Ma, Z., 2008. Mapping QTLs associated with *Fusarium*-damaged kernels in the Nanda 2419 × Wangshuibai population. *Euphytica* 163, 185–191. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9626-9>
- Li, G., Zhou, J., Jia, H., Gao, Z., Fan, M., Luo, Y., Zhao, P., Xue, S., Li, N., Yuan, Y., Ma, S., Kong, Z., Jia, L., An, X., Jiang, G., Liu, W., Cao, W., Zhang, R., Fan, J., Xu, X., Liu, Y., Kong, Q., Zheng, S., Wang, Y., Qin, B., Cao, S., Ding, Y., Shi, J., Yan, H., Wang, X., Ran, C., Ma, Z., 2019. Mutation of a histidine-rich calcium-binding-protein gene in wheat confers resistance to Fusarium head blight. *Nat. Genet.* 2019 517 51, 1106–1112. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0426-7>
- Li, T., Zhang, H., Huang, Y., Su, Z., Deng, Y., Liu, H., Mai, C., Yu, G., Li, Huili, Yu, L., Zhu, T., Yang, L., Li, Hongjie, Zhou, Y., 2019. Effects of the *Fhb1* gene on Fusarium head blight resistance and agronomic traits of winter wheat. *Crop J.* 7, 799–808. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.03.005>
- Li, X., Shin, S., Heinen, S., Dill-Macky, R., Berthiller, F., Nersesian, N., Clemente, T., McCormick, S., Muehlbauer, G.J., 2015. Transgenic wheat expressing a barley UDP-glucosyltransferase detoxifies deoxynivalenol and provides high levels of resistance to *Fusarium graminearum*. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 28, 1237–1246.
- Lionetti, V., Giancaspro, A., Fabri, E., Giove, S.L., Reem, N., Zabolina, O.A., Blanco, A., Gadaleta, A., Bellincampi, D., 2015. Cell wall traits as potential resources to improve resistance of durum wheat against *Fusarium graminearum*. *BMC Plant Biol.* 15, 6. <https://doi.org/10.1186/s12870-014-0369-1>
- Liu, S.X., Pumphrey, M.O., Gill, B.S., Trick, H.N., Zhang, J., Dolezel, J., Chalhou, B., Anderson, J.A., 2008. Toward positional cloning of *Fhb1*, a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat. *Cereal Res. Commun.* 36, 195–201. <https://doi.org/10.1556/CRC.36.2008.Suppl.B.15>
- Lu, Q., Lillemo, M., Skinnes, H., He, X., Shi, J., Ji, F., Dong, Y., Bjørnstad, A., 2013. Anther extrusion and plant height are associated with Type I resistance to Fusarium head blight in bread wheat line ‘Shanghai-3/Catbird’. *Theor. Appl. Genet.* 126, 317–34. <https://doi.org/10.1007/s00122-012-1981-9>
- Ma, Z., Xie, Q., Li, G., Jia, H., Zhou, J., Kong, Z., Li, N., Yuan, Y., 2020. Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat Fusarium head blight. *Theor. Appl. Genet.* <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03525-8>
- Mesterházy, A., 2020. Updating the breeding philosophy of wheat to Fusarium head blight (FHB): resistance components, QTL identification, and phenotyping – a review. *Plants* 9, 1702. <https://doi.org/10.3390/plants9121702>
- Mesterházy, A., 1995. Types and components of resistance to Fusarium head blight of wheat. *Plant Breed.* 114, 377–386. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1995.tb00816.x>
- Mesterházy, A., 2003. Breeding wheat for Fusarium head blight resistance in Europe, w: Leonard, K., Bushnell, W.R. (Red.), *Fusarium head blight of wheat and barley*. American Phytopathological Society (APS Press), ss. 211–240.

- Mesterházy, Á., Bartók, T., Mirocha, C.G., Komoróczy, R., 1999. Nature of wheat resistance to Fusarium head blight and the role of deoxynivalenol for breeding. *Plant Breed.* 118, 97–110. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.1999.118002097.x>
- Mesterházy, Á., Lehoczki-Krsjak, S., Varga, M., Szabó-Hevér, Á., Tóth, B., Lemmens, M., 2015. Breeding for FHB Resistance via *Fusarium* damaged kernels and deoxynivalenol accumulation as well as inoculation methods in winter wheat. *Agric. Sci.* 06, 970–1002. <https://doi.org/10.4236/as.2015.69094>
- Mesterházy, Á., Tóth, B., Bartók, T., Varga, M., 2008. Breeding strategies against FHB in winter wheat and their relation to type I resistance. *Cereal Res. Commun.* 36, 37–43. <https://doi.org/10.1556/CRC.36.2008.Suppl.B.6>
- Miedaner, T., 1997. Breeding wheat and rye for resistance to *Fusarium* diseases. *Plant Breed.* 116, 201–220. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1997.tb00985.x>
- Miedaner, T., Lenhardt, M., Grehl, J., Gruner, P., Koch, S., 2022. Dwarfing gene *Rht24* does not affect Fusarium head blight resistance in a large European winter wheat diversity panel. *Euphytica* 218. <https://doi.org/10.1007/S10681-022-03028-6>
- Miedaner, T., Moldovan, M., Ittu, M., 2003. Comparison of spray and point inoculation to assess resistance to Fusarium head blight in a multi-environment wheat trial. *Phytopathology* 93, 1068–1072. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2003.93.9.1068>
- Miedaner, T., Voss, H.-H., 2008. Effect of dwarfing genes on Fusarium head blight resistance in two sets of near-isogenic lines of wheat and check cultivars. *Crop Sci.* 48, 2115. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.02.0107>
- Miller, S.S., Chabot, D.M.P., Ouellet, T., Harris, L.J., Fedak, G., 2004. Use of a *Fusarium graminearum* strain transformed with green fluorescent protein to study infection in wheat (*Triticum aestivum*). *Can. J. Plant Pathol.* 26, 453–463. <https://doi.org/10.1080/07060660409507165>
- Nicholson, P., Simpson, D.R., Weston, G., Rezanoor, H.N., Lees, A.K., Parry, D.W., Joyce, D., Centre, J.I., Lane, C., 1998. Detection and quantification of *Fusarium culmorum* and *Fusarium graminearum* in cereals using PCR assays. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 53, 17–37. <https://doi.org/10.1006/pmpp.1998.0170>
- Paudel, B., Zhuang, Y., Galla, A., Dahal, S., Qiu, Y., Ma, A., Raihan, T., Yen, Y., 2020. *WFhb1-1* plays an important role in resistance against Fusarium head blight in wheat. *Sci. Rep.* 10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-64777-9>
- Peiris, K.H.S., Pumphrey, M.O., Dong, Y., Maghirang, E.B., Berzonsky, W., Dowell, F.E., 2010. Near-infrared spectroscopic method for identification of Fusarium head blight damage and prediction of deoxynivalenol in single wheat kernels. *Cereal Chem.* 87, 511–517. <https://doi.org/10.1094/CCHEM-01-10-0006>
- Perkowski, J., Wiwart, M., Busko, M., Laskowska, M., Berthiller, F., Kandler, W., Krska, R., 2007. *Fusarium* toxins and total fungal biomass indicators in naturally contaminated wheat samples from north-eastern Poland in 2003. *Food Addit. Contam.* 24, 1292–1298. <https://doi.org/10.1080/02652030701416566>
- Ponts, N., Pinson-Gadais, L., Boutigny, A.-L., Barreau, C., Richard-Forget, F., 2011. Cinnamic-derived acids significantly affect *Fusarium graminearum* growth and in vitro synthesis of type B trichothecenes. *Phytopathology* 101, 929–934. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-10-0230>
- Poppenberger, B., Berthiller, F., Lucyshyn, D., Sieberer, T., Schuhmacher, R., Krska, R., Kuchler, K., Glössl, J., Luschnig, C., Adam, G., 2003. Detoxification of the *Fusarium* mycotoxin deoxynivalenol by a UDP-glucosyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. *J. Biol. Chem.* 278, 47905–47914. <https://doi.org/10.1074/jbc.M307552200>
- Pritsch, C., Muehlbauer, G.J., Bushnell, W.R., Somers, D.A., Vance, C.P., 2000. Fungal development and induction of defense response genes during early infection of wheat spikes by *Fusarium graminearum*. *Mol. Plant. Microbe Interact.* 13, 159–169. <https://doi.org/10.1094/MPMI.2000.13.2.159>
- Proctor, R.H., Hohn, T.M., McCormick, S.P., 1995. Reduced virulence of *Gibberella zeae* caused by disruption of a trichothecene toxin biosynthetic gene. *Mol. Plant. Microbe Interact.* 8, 593–601.
- Pumphrey, M.O., Bernardo, R., Anderson, J.A., 2007. Validating the *Fhb1* QTL for Fusarium head blight resistance in near-isogenic wheat lines developed from breeding populations. *Crop Sci.* 47, 200–206. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.03.0206>
- Qi, L.L., Pumphrey, M.O., Friebe, B., Chen, P.D., Gill, B.S., 2008. Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to Fusarium head blight disease of wheat. *Theor. Appl. Genet.* 117, 1155–1166. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0853-9>
- Rawat, N., Pumphrey, M.O., Liu, S., Zhang, X., Tiwari, V.K., Ando, K., Trick, H.N., Bockus, W.W., Akhunov, E., Anderson, J.A., Gill, B.S., 2016. Wheat *Fhb1* encodes a chimeric lectin with agglutinin domains and a pore-forming toxin-like domain conferring resistance to Fusarium head blight. *Nat. Genet.* 48, 1576–1580. <https://doi.org/10.1038/ng.3706>
- Ren, J., Wang, Z., Du, Z., Che, M., Zhang, Y., Quan, W., Wang, Y., Jiang, X., Zhang, Z., 2018. Detection and validation of a novel major QTL for resistance to Fusarium head blight from *Triticum aestivum* in the terminal region of chromosome 7DL. *Theor. Appl. Genet.* <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3213-4>
- Salameh, A., Buerstmayr, M., Steiner, B., Neumayer, A., Lemmens, M., Buerstmayr, H., 2011. Effects of introgression of two QTL for Fusarium head blight resistance from Asian spring wheat by marker-assisted backcrossing into European winter wheat on fusarium head blight resistance, yield and quality traits. *Mol. Breed.* 28, 485–494. <https://doi.org/10.1007/s11032-010-9498-x>
- Schaafsma, a W., Savard, M.E., Clear, R., Dexter, J., 2004. Methods and issues regarding detection of deoxynivalenol, Fusarium-damaged kernels, and Fusarium spp. in commercial grain in Canada. *Can. J. Plant Pathol. Can. Phytopathol.* 26, 443–452.
- Schaller, F., Schaller, A., Stintzi, A., 2004. Biosynthesis and metabolism of jasmonates. *J. Plant Growth Regul.* 23, 179–199. <https://doi.org/10.1007/s00344-004-0047-x>
- Schroeder, H.W., Christensen, J.J., 1963. Factors affecting resistance of wheat to scab caused by *Gibberella zeae*. *Phytopathology* 53, 831–838.
- Schweiger, W., Boddu, J., Shin, S., Poppenberger, B., Berthiller, F., Lemmens, M., Muehlbauer, G.J., Adam, G., 2010. Validation of a candidate deoxynivalenol-inactivating UDP-glucosyltransferase from barley by heterologous expression in yeast. *Mol. Plant. Microbe Interact.* 23, 977–986. <https://doi.org/10.1094/MPMI-23-7-0977>


- Schweiger, W., Pasquet, J.-C., Nussbaumer, T., Paris, M.P.K., Wiesenberger, G., Macadré, C., Ametz, C., Berthiller, F., Lemmens, M., Saindrenan, P., Mewes, H.-W., Mayer, K.F.X., Duffresne, M., Adam, G., 2013a. Functional characterization of two clusters of *Brachypodium distachyon* UDP-glycosyltransferases encoding putative deoxynivalenol detoxification genes. *Mol. Plant. Microbe. Interact.* 26. <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-12-0205-R>
- Schweiger, W., Steiner, B., Ametz, C., Siegwart, G., Wiesenberger, G., Berthiller, F., Lemmens, M., Jia, H., Adam, G., Muehlbauer, G.J., Kreil, D.P., Buerstmayr, H., 2013b. Transcriptomic characterization of two major *Fusarium* resistance quantitative trait loci (QTLs), *Fhb1* and *Qfhs.tfa-5A*, identifies novel candidate genes. *Mol. Plant Pathol.* 14, 772–85. <https://doi.org/10.1111/mpp.12048>
- Shahin, M.A., Symons, S.J., 2011. Detection of *Fusarium* damaged kernels in Canada Western Red Spring wheat using visible/near-infrared hyperspectral imaging and principal component analysis. *Comput. Electron. Agric.* 75, 107–112. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2010.10.004>
- Singh, R.P., Ma, H., Rajaram, S., 1995. Genetic analysis of resistance to scab in spring wheat cultivar Frontana. *Plant Dis.* 79, 238–240. <https://doi.org/10.1094/PD-79-0238>
- Skinnes, H., Semagn, K., Tarkegne, Y., Marøy, A.G., Bjørnstad, Å., 2010. The inheritance of anther extrusion in hexaploid wheat and its relationship to *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol content. *Plant Breed.* 129, 149–155. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01731.x>
- Spanic, V., Lemmens, M., Drezner, G., Dvojkovic, K., 2011. Interrelations between height of winter wheat genotypes and resistance to fusarium head blight (FHB). *Rom. Agric. Res.* 28, 43–48.
- Srinivasachary, Gosman, N., Steed, A., Hollins, T.W., Bayles, R., Jennings, P., Nicholson, P., 2009. Semi-dwarfing *Rht-B1* and *Rht-D1* loci of wheat differ significantly in their influence on resistance to *Fusarium* head blight. *Theor. Appl. Genet.* 118, 695–702. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0930-0>
- Stenglein, S.A., 2009. *Fusarium poae*: A pathogen that needs more attention. *J. Plant Pathol.* 91, 25–36. <https://doi.org/10.4454/jpp.v91i1.621>
- van Eeuwijk, F.A., Mesterhazy, A., Kling, C.I., Ruckebauer, P., Saur, L., Buerstmayr, H., Lemmens, M., Keizer, L.C.P., Maurin, N., Snijders, C.H.A., 1995. Assessing non-specificity of resistance in wheat to head blight caused by inoculation with European strains of *Fusarium culmorum*, *F. graminearum* and *F. nivale* using a multiplicative model for interaction. *Theor. Appl. Genet.* 90, 221–228. <https://doi.org/10.1007/BF00222205>
- Vendl, O., Berthiller, F., Crews, C., Krska, R., 2009. Simultaneous determination of deoxynivalenol, zearalenone, and their major masked metabolites in cereal-based food by LC-MS-MS. *Anal. Bioanal. Chem.* 395, 1347–54. <https://doi.org/10.1007/s00216-009-2873-y>
- Vogelgsang, S., Sulyok, M., Hecker, A., Jenny, E., Krska, R., Schuhmacher, R., Forrer, H.-R.R., 2008. Toxicogenicity and pathogenicity of *Fusarium poae* and *Fusarium avenaceum* on wheat. *Eur. J. Plant Pathol.* 122, 265–276. <https://doi.org/10.1007/s10658-008-9279-0>
- Volpi, C., Janni, M., Lionetti, V., Bellincampi, D., Favaron, F., D'Ovidio, R., 2011. The ectopic expression of a pectin methyl esterase inhibitor increases pectin methyl esterification and limits fungal diseases in wheat. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 24, 1012–1019. <https://doi.org/10.1094/MPMI-01-11-0021>
- von der Ohe, C., Ebmeyer, E., Korzun, V., Miedaner, T., 2010. Agronomic and quality performance of winter wheat backcross populations carrying non-adapted *Fusarium* head blight resistance QTL. *Crop Sci.* 50, 2283. <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.03.0135>
- Voss, H.-H., Holzappel, J., Hartl, L., Korzun, V., Rabenstein, F., Ebmeyer, E., Coester, H., Kempf, H., Miedaner, T., 2008. Effect of the *Rht-D1* dwarfing locus on *Fusarium* head blight rating in three segregating populations of winter wheat. *Plant Breed.* 127, 333–339. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2008.01518.x>
- Waldron, B.L., Moreno-Sevilla, B., Anderson, J. a., Stack, R.W., Froberg, R.C., 1999. RFLP mapping of QTL for *Fusarium* head blight resistance in wheat. *Crop Sci.* 39, 805–811.
- Wang, Y.Z., Miller, J.D., 1988. Effects of *Fusarium graminearum* metabolites on wheat tissue in relation to *Fusarium* head blight resistance. *J. Phytopathol.* 122, 118–125. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1988.tb00998.x>
- Wegulo, S.N., Dowell, F.E., 2008. Near-infrared versus visual sorting of *Fusarium*-damaged kernels in winter wheat 2003–2005. <https://doi.org/10.4141/CJPS0805>
- Xue, S., Li, G., Jia, H., Xu, F., Lin, F., Tang, M., Wang, Y., An, X., Xu, H., Zhang, L., Kong, Z., Ma, Z., 2010. Fine mapping *Fhb4*, a major QTL conditioning resistance to *Fusarium* infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 121, 147–156. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1298-5>
- Xue, S., Xu, F., Tang, M., Zhou, Y., Li, G., An, X., Lin, F., Xu, H., Jia, H., Zhang, L., Kong, Z., Ma, Z., 2011. Precise mapping *Fhb5*, a major QTL conditioning resistance to *Fusarium* infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 123, 1055–63. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1647-z>
- Yan, W., Li, H.B., Cai, S.B., Ma, H.X., Rebetzke, G.J., Liu, C.J., 2011. Effects of plant height on type I and type II resistance to *Fusarium* head blight in wheat. *Plant Pathol.* 60, 506–512. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02426.x>
- Zheng, N., Li, G., Zhang, K., Zheng, Hao, Yang, J., Yan, K., Shi, C., Su, Z., Chen, F., Wang, D., Zheng, Hongyuan, 2022. Analysis of *Fhb1* gene and resistance to *Fusarium* head blight in 3,177 diverse wheat accessions. *J. Cereal Sci.* 104. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103387>
- Zhuang, Y., Gala, A., Yen, Y., 2013. Identification of functional genic components of major *Fusarium* head blight resistance quantitative trait loci in wheat cultivar Sumai 3. *Mol. Plant. Microbe. Interact.* 26, 442–50. <https://doi.org/10.1094/mpmi-10-12-0235-r>
- Zwart, R.S., Muylle, H., Van Bockstaele, E., Roldán-Ruiz, I., 2008. Evaluation of genetic diversity of *Fusarium* head blight resistance in European winter wheat. *Theor. Appl. Genet.* 117, 813–28. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0822-3>

Udział genów szlaku biosyntezy cytokinin w determinacji wysokości plonu pszenicy

Contribution of cytokinin biosynthesis genes in determining wheat grain yield

Joanna Bocian  , Anna Nadolska-Orczyk 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

 j.bocian@ihar.edu.pl

Cytokiny to klasa fitohormonów powiązanych z kluczowymi procesami wzrostu i rozwoju roślin, w tym mającymi istotny wpływ na wysokość i cechy składowe plonu. Biosynteza cytokinin jest kontrolowana przez rodzinę genów *IPT* kodujących transferazę izopentenylową, która reguluje pierwszy, limitujący etap syntezy cytokinin. Wyróżnia się dwa rodzaje genów *IPT*: *ATP/ADP-IPT* i *tRNA-IPT*. W zależności od rodzaju genu *IPT*, kodowany enzym inicjuje odrębną ścieżkę syntezy. Każda ze ścieżek prowadzi do powstania odmiennego typu cytokinin o różnej funkcji. Analizując zawartość i skład cytokinin w roślinach dostrzeżono szczególne znaczenie *trans*- i *cis*-zeatyny w pierwszych stadiach rozwoju ziaren zbóż, kluczowych pod względem determinacji wysokości plonu. Te dwie formy cytokinin powstają w wyniku odrębnych ścieżek biosyntezy, a ich udział w rozwoju ziaren jest zależny od gatunku i genotypu. W niniejszej pracy przedstawiono znaczenie cytokinin i rodziny genów *IPT* w budowaniu potencjału plonotwórczego roślin. Podsumowano również wiedzę na temat poszczególnych genów *IPT* pszenicy oraz wzoru ich czasowo- i miejscowo-specyficznej ekspresji. W oparciu o te informacje oraz poznaną dotąd aktywność biologiczną cytokinin w poszczególnych organach roślin pszenicy i innych gatunków zbóż na różnych etapach rozwoju, wskazano na geny *IPT* o potencjalnie istotnym udziale w determinacji wysokości plonu pszenicy.

Słowa kluczowe: cytokiny; biosynteza cytokinin; rodzina genów *IPT*; plon ziarna; pszenica

Cytokinins are a class of phytohormones associated with key plant growth and development processes, including those with a significant influence on plant yield and yield components. Cytokinin biosynthesis is catalysed by isopentenyltransferase, an enzyme encoded by the *IPT* gene family members. There are two types of *IPT* genes: *ATP/ADP-IPT* and *tRNA-IPT*. Depending on the *IPT* gene, the encoded enzyme initiates a separate cytokinin biosynthesis pathway, ultimately determining the type of cytokinins produced and, consequently, their function. Both, *trans*- and *cis*-zeatin are of particular importance in the first stages of cereal grain development, which are crucial in determining grain yield. These two cytokinins are produced as a result of separate biosynthesis pathways, and their participation in grain development depends on the species and genotypes. This review presents the importance of cytokinins and the *IPT* gene family members in determining the yield potential of plants. We summarize the current status of knowledge on the wheat *IPT* genes and their spatio-temporal expression pattern. Based on this information and the known so far biological activity of cytokinins in individual organs of developing wheat and other cereal plants, *IPT* genes with a potentially significant role in determining wheat yield were indicated.

Keywords: cytokinins; cytokinin biosynthesis; *IPT* gene family; grain yield; wheat

Wprowadzenie

Jedną z obiecujących ścieżek do wykreowania wysokoplonujących odmian roślin odpornych na zmiany środowiska, jest wykorzystanie regulacji cech plonotwórczych przez fitohormony (Nguyen i in., 2020). Cytokiny są jedną z klas fitohormonów powiązanych z dużą liczbą kluczowych procesów wzrostu i rozwoju roślin oraz o udokumentowanym w licznych badaniach udziale w mechanizmach adaptacyjnych roślin do zmiennych warunków środowiska (Kieber i Schaller, 2018; Cortleven i in., 2018). Badania z ostatnich lat wskazują na istotny udział genów metabolizmu cytokinin w determinowaniu wielkości plonu zbóż. Jednym z pierwszych, opisanych loci cech ilościowych wpływających na wielkość i liczbę ziaren ryżu jest gen metabolizmu cytokinin, *OsCKX2*, kodujący enzym dehydrogenazę cytokinin, która degradowuje *trans*- i *cis*-zeatynę (*tZ*, *cZ*) oraz izopentenyloadeninę (*iP*) (Ashikari i in., 2005). Wpływ eks-

presji genów *CKX* na plonowanie potwierdził się w badaniach pszenicy, gdzie akumulacja cytokinin w ziarniakach pszenicy wynikająca z obecności haplotypu a genu *TaCKX6-D1*, charakteryzującego się obniżoną ekspresją, pozytywnie korelowała z ich masą (Zhang i in., 2012). W badaniach własnych wykazaliśmy bardzo duży wpływ genów *CKX*, na cechy plonotwórcze jęczmienia (Zalewski i in., 2010; Zalewski i in., 2012; Zalewski i in., 2014; Gasparis i in., 2019) i pszenicy (Jablonski i in., 2020; Jablonski i in., 2021a; Jablonski i in., 2021b).

W celu efektywnego wykorzystania w programach hodowlanych potencjału, jaki niesie ze sobą udział cytokinin w determinacji wysokości plonu, kluczowa jest wiedza na temat regulacji metabolizmu cytokinin na poziomie genetycznym (Nguyen i in., 2020). U pszenicy profile ekspresji i funkcje poszczególnych genów metabolizmu cytokinin są w znacznie mniejszym stopniu poznane niż u in-

nych gatunków zbóż. Spowodowane jest to utrudnieniami jakie niesie ze sobą złożoność heksaploidalnego genomu pszenicy ($2n=6x=42$, AABBDD). Prawie każdy z genów ma swoje homeologi, po jednym w każdym z trzech subgenomów A, B i D. Ponadto każdy z homeologów w danym locus może podlegać różnym genetycznym i epigenetycznym mechanizmom regulacji, specyficznym dla tkanki i fazy rozwoju rośliny (Khlestkina i in., 2008). W ciągu ostatnich kilku lat prace badawcze w tym obszarze znacznie przyspieszyły i dostępne są już pierwsze opracowania opisujące niektóre aspekty regulacji zawartości cytokinin u pszenicy (Song i in., 2012; Chen i in., 2020; Chen i in., 2021). W tej pracy podsumowana zostanie dostępna aktualnie wiedza dotycząca ekspresji genów *IPT* regulujących pierwszy etap biosyntezy cytokinin i ich potencjalnego wpływu na cechy związane z plonowaniem pszenicy.

Znaczenie cytokinin

Pierwszą cytokininę odkryto w latach 50. XX. wieku. Analizy funkcjonalne wykazały w tym czasie, że jest ona czynnikiem stymulującym podziały komórkowe (Miller i in., 1955). Obecnie znany jest udział tej grupy związków w regulacji szeregu innych procesów związanych z zarówno wegetatywnym jak i generatywnym rozwojem roślin. Cytokiny uczestniczą m.in. w różnicowaniu komórek, przełamują dominację wierzchołkową, promują formowanie pędów, regulują wielkość organów, opóźniają starzenie się liści, kontrolują przemiany rozwojowe takie jak kiełkowanie i kwitnienie, a także biorą udział w odpowiedzi roślin na stropy biotyczne i abiotyczne (Kieber i Schaller, 2014).

W komórkach merystemów cytokiny spełniają różne funkcje regulacyjne w zależności od organu rośliny. W merystemie wierzchołkowym pędu stymulują podziały komórkowe i przeciwdziałają dyferencjacji komórek, przez co przyczyniają się do zwiększania nadziemnej biomasy roślin (Sakamoto i in., 2006; Holst i in., 2011). Przeciwnie działają wykazują w merystemach korzeni, gdzie inicjując różnicowanie komórek, w konsekwencji negatywnie wpływają na architekturę i masę systemu korzeniowego (Dello Ioio i in., 2007; Werner i in., 2010; Ramireddy i in., 2018).

Cytokiny, regulując rozwój organów generatywnych, a tym samym determinując wielkość kwiatów, czas kwitnienia czy formowania załączków, rozwój i dojrzewanie nasion, mają bezpośredni wpływ na wielkość plonu roślin. Indywidualna masa ziaren zbóż determinowana jest liczbą komórek endospermy i poziomem ich wypełnienia. Cytokiny korzystnie wpływają na te cechy stymulując podziały komórkowe i wzmacniając transfer asymilatów do komórek endospermy (Rijavec i in., 2011; Terceros i in., 2020; Nguyen i in., 2021).

Regulacyjne właściwości cytokinin są wykorzystywane w odpowiedzi roślin na różnego rodzaju stropy środowiskowe, jak np. susza, zbyt silne nasłonecznienie, niska i wysoka temperatura czy niedobór/nadmiar składników pokarmowych w podłożu. Geny metabolizmu cytokinin dynamicznie reagują na zaistniałe warunki stresowe oraz na inne fitohormony (Cortleven i in., 2018).

Udział cytokinin w procesach rozwojowych i adaptacyjnych roślin potwierdzają analizy sekwencji promotorowych genów metabolizmu cytokinin przeprowadzonych u rzodkiewnika, ryżu i pszenicy. Wykazały one obecność motywów i elementów rozwojowo-regulatorowych oraz elementów *cis*-regulatorowych, powiązanych z odpowiedzią roślin na abiotyczne i biotyczne czynniki stresowe oraz z regulacją fitohormonalną (Ghosh i in., 2018; Shoaib i in., 2019; Iqbal i in., 2022).

Rodzaje i metabolizm cytokinin

Cytokiny występują u roślin w przynajmniej 32 formach (Kisiala i in., 2019), które różnią się pomiędzy sobą strukturą, biochemicznymi właściwościami, aktywnością biologiczną oraz możliwościami transportu pomiędzy organami rośliny (Durán-Medina i in., 2017; Nguyen i in., 2020). Właściwości te mogą być modulowane w wyniku reakcji enzymatycznych zmieniających formy cytokinin (Kieber i Schaller, 2014). Wszystkie związki należące do tej grupy fitohormonów to pochodne adeniny z łańcuchem bocznym w pozycji N⁶, mającym postać łańcucha izoprenowego lub aromatycznego. W roślinach wyższych znacznie powszechniej występują cytokiny izoprenowe, dlatego prowadzone badania pod względem funkcji i ścieżek metabolicznych cytokinin dotyczą w znacznej przewadze tej grupy (Kamada-Nobusada i Sakakibara, 2009; Hluska i in., 2021). Cytokiny izoprenowe można podzielić na cytokiny typu *tZ*, *cZ*, *iP* i dihydrozeatyny (*DZ*). Poszczególne typy różnią się pod względem obecności lub braku grupy hydroksylowej na końcu łańcucha izoprenowego oraz jej stereoizometrycznej pozycji (Kamada-Nobusada i Sakakibara, 2009). Metabolizm i aktywność biologiczna danych typów cytokinin są definiowane przez poszczególne modyfikacje łańcucha bocznego (Kiba i in., 2013; Hluska i in., 2021). Za aktywne biologicznie, czyli zdolne do efektywnego wiązania się z receptorami, uznawane są głównie cytokiny w formie wolnych zasad (Kieber i Schaller, 2014; Romanov i Schmölling, 2021), jednak istnieją również badania dokumentujące wiązanie się z receptorami w formie rybozydów (Jaworek i in., 2020; Matušková i in., 2023).

Homeostaza cytokinin w roślinie jest złożona i zależy głównie od enzymów odpowiadających za ich kluczowe szlaki metaboliczne, przede wszystkim biosyntezę, aktywację, inaktywację, reaktywację i degradację cytokinin (Nguyen i in., 2021).

Każda grupa enzymów kodowana jest przez odrębną rodzinę genów, a poszczególne geny w danej rodzinie mogą być funkcjonalnie scharakteryzowane w oparciu o czasowo-przestrzenny wzór ich ekspresji (Sakamoto i in., 2006). W ostatnich latach opublikowano wiele prac dotyczących genów metabolizmu cytokinin. Nguyen i in. (2021) podjęli temat biosyntezy cytokinin w różnych gatunkach roślin wyższych. Sakakibara (2021) opisał biosyntezę, aktywację i transport cytokinin, a Chen z zespołem omówili temat aktywacji cytokinin w różnych gatunkach roślin (Chen i in., 2022) oraz inaktywacji i reaktywacji (Chen i in., 2021) i degradacji (Chen i in., 2020) cytokinin w pszenicy.

Podobnie jak geny metabolizmu cytokinin ulegają czasowo-przestrzennej ekspresji, tak i poszczególne typy cytokinin mają charakterystyczne miejsca biosyntezy/gromadzenia w roślinie (Rijavec i in., 2011; Nguyen i in., 2021; Ptošková i in., 2022). Identyfikacja cytokinin w wiązках przewodzących, liściach i korzeniach umożliwiła zaobserwowanie zróżnicowanego transportu różnych typów cytokinin w różnych kierunkach. W soku floemowym dominowały cytokininy typu iP przemieszczane systemowo lub z pędów do korzeni, a w soku ksylemowym cytokininy typu tZ transportowane z korzeni do pędów (Corbesier i in., 2003; Hirose i in., 2008; Kudo i in., 2010; Ko i in., 2014; Osugi i in., 2017). Transport polarny poszczególnych typów cytokinin może być wyjaśniony zróżnicowanym powinowactwem do transporterów cytokinin zlokalizowanych w obrębie wiązki przewodzącej (Hirose i in., 2005; Hirose i in., 2008; Kang i in., 2017) oraz zróżnicowaną aktywnością enzymów kodowanych przez rodzinę genów metabolizmu cytokinin, *CYP735A*, w różnych organach roślin. Geny te kodują enzym przekształcający cytokininy typu iP do tZ poprzez dodanie grupy hydroksylowej na końcu łańcucha izopentenylowego. Wykazano, że geny *CYP735A* ulegają silnej ekspresji w korzeniu; natomiast w liściach ich poziom ekspresji był znacznie niższy lub niewykrywalny (Takei i in., 2004; Kiba i in., 2013). Występowanie w wiązках przewodzących poszczególnych typów cytokinin oraz zróżnicowanie ich form w obrębie danego typu mogą być różne w zależności od gatunku rośliny i warunków środowiska (Hirose i in., 2008; Osugi i in., 2017; Veselov i in., 2018).

Transferaza izopentenylowa

Pierwszym, kluczowym etapem biosyntezy cytokinin izoprenowych jest przyłączenie łańcucha izopentenylowego do cząsteczki ADP, ATP lub tRNA. Reakcję tę katalizuje enzym transferaza izopentenylowa. Wielokrotnie podejmowano próby wyizolowania i scharakteryzowania tego enzymu u roślin, jednak napotymano trudności ze względu na jego niską koncentrację i niestabilność

(Ghosh i in., 2018). Transferaza izopentenylowa kodowana jest przez rodzinę genów *IPT*, wśród których wyróżnia się dwie odrębne grupy: *ATP/ADP-IPT* i *tRNA-IPT*. Za biosyntezę *de novo* cytokinin typu iP, tZ i DZ odpowiadają geny *ATP/ADP-IPT*, które kodują enzym wykorzystujący preferencyjnie ATP lub ADP jako substraty. Geny *tRNA-IPT* są odpowiedzialne za biosyntezę cytokinin typu cZ, która odbywa się poprzez transfer grupy izopentenylowej do pozycji N⁶ adeniny w cząsteczce tRNA (Miyawaki i in., 2006; Kieber i Schaller, 2014).

W genomie pszenicy zidentyfikowano 9 podstawowych genów *IPT*, z których większość jest obecna we wszystkich trzech subgenomach A, B i D. Wyjątek stanowi *TaIPT4*, który występuje jedynie w genomie B (Shoaib i in., 2019; Wang i in., 2023). U diploidalnego rzodkiewnika, kukurydzy i ryżu zidentyfikowano podobną liczbę genów *IPT*, odpowiednio 9, 9 i 10 (Miyawaki i in., 2006; Brugière i in., 2008; Sakamoto i in., 2006). Większość składa się z jednego egzonu. Wyjątkami są *TaIPT10*, którego homeologi mają po dwa egzony oraz *TaIPT9*, mający w swojej sekwencji 11 egzonów. Długości sekwencji aminokwasowych kodowanych przez geny *TaIPT* wynoszą od 280 do 466 reszt. (Shoaib i in., 2019; Wang i in., 2023).

Wśród genów *IPT* rzodkiewnika, dwa z nich, *AtIPT2* i *AtIPT9* rozpoznano jako *tRNA-IPT*. Tę klasyfikację potwierdzają badania, w których u podwójnych mutantów *atipt2 9* stwierdzono spadek zawartości cZ w roślinach do niewykrywalnego poziomu. U pojedynczych mutantów *atipt2* i *atipt9* obserwowano obniżenie poziomu cZ w stosunku do osobników nietransformowanych. U żadnego z mutantów nie stwierdzono zmian w zawartości cytokinin typu iP i tZ. U mutantów *atipt9* i *atipt2 9* często występował efekt fenotypowy w postaci chloroz (Miyawaki i in., 2006). Obydwa geny ulegają ekspresji w całej roślinie, a najwyższy jej poziom obserwowano w tkankach merystematycznych. Zauważono również, że poziom ekspresji tych genów nie zmieniał się pomimo traktowania roślin solami mineralnymi zawierającymi różne stężenia azotu, auksynami i cytokinami, podczas gdy poziomy ekspresji wszystkich pozostałych genów *AtIPT* zmieniały się w odpowiedzi na przynajmniej jeden z wymienionych czynników (Miyawaki i in., 2004). Na podstawie przeprowadzonych analiz filogenetycznych sekwencji genów *IPT* pszenicy, rzodkiewnika, ryżu i kukurydzy można wnioskować, że u pszenicy do grupy genów *tRNA-IPT* należą geny *TaIPT9* i *TaIPT10* (Shoaib i in., 2019; Wang i in., 2023).

Występowanie dwóch odmiennie regulowanych ścieżek syntezy cytokinin, stwierdzona niska aktywność biologiczna cZ w porównaniu do iP i tZ oraz obserwacje wyniesione z badań na mutantach *atipt* rzodkiewnika przyczyniły się do wy-

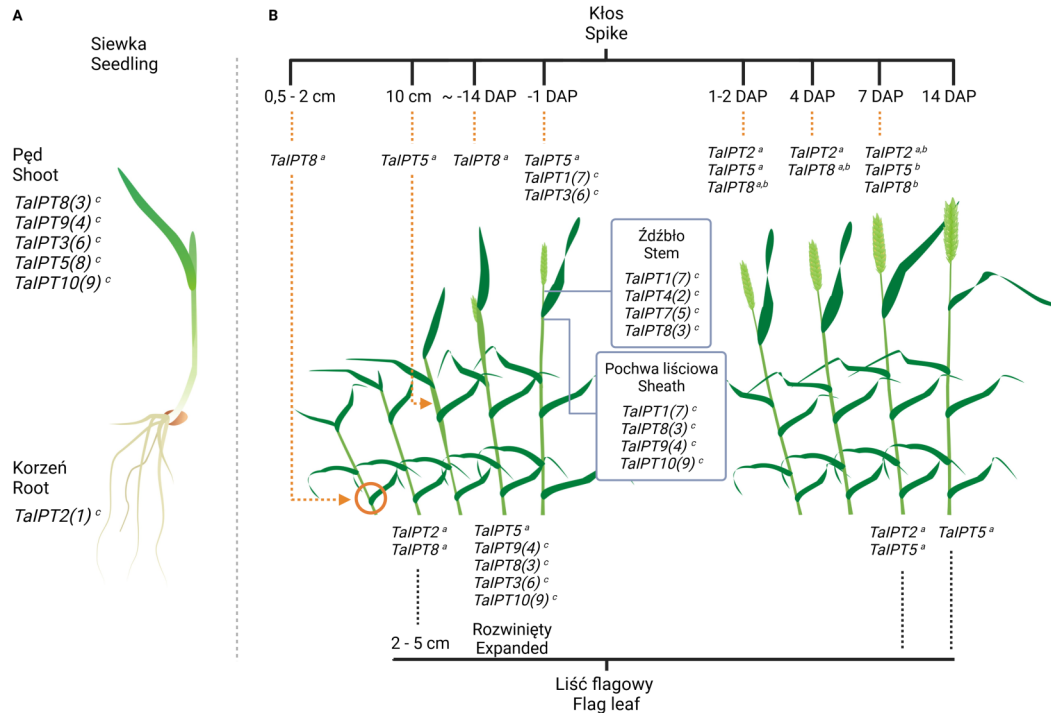
sunięcia hipotezy, że geny *ATP/ADP-IPT* i cytokininy typu *iP/tZ* mogą być powiązane z regulacją organogenezy i odpowiedzią na stresy środowiskowe, a geny *tRNA-IPT* oraz związane z nimi cytokininy typu *cZ* odgrywają głównie rolę genów metabolizmu podstawowego (Wang i in., 2020). Jednak *cZ* nie zawsze wykazuje niską aktywność biologiczną. Zaobserwowano zdarzenia, w których wiązała się z wybranymi receptorami cytokinin podobnie efektywnie jak pozostałe wolne zasady (Yonekura-Sakakibara i in., 2004; Choi i in., 2012). Preferencje receptorów do wiązania określonych form cytokinin różnią się pomiędzy gatunkami i poszczególnymi organami roślin (Spichal i in., 2004; Yonekura-Sakakibara i in., 2004; Stolz i in., 2011; Choi i in., 2012; Daudu i in., 2017). Wskazuje to na konieczność indywidualnego podejścia do gatunku i odpowiedniego doboru analizowanego materiału w badaniach dotyczących metabolizmu cytokinin.

Analizy poziomu ekspresji rodzin genów w różnych organach i tkankach rozwijających się roślin pozwalają na uzyskanie wstępnej ich charakterystyki i przypuszczalnej roli w rozwoju. Pierwsze i dotąd najbardziej obszerne badanie poziomu ekspresji genów *IPT* pszenicy wykonali Song i in. (2012). Sprawdzili poziom ekspresji pięciu genów *IPT* (*TaIPT2*, *TaIPT3*, *TaIPT5*, *TaIPT7* i *TaIPT8*) w rozwijających się kwiatostanach, liściach flagowych i dojrzewających ziarniakach. Specyficznym wzorem ekspresji w badanych tkankach wyróżniły się geny *TaIPT2*, *TaIPT5* i *TaIPT8*. Wszystkie trzy wykazywały wzmózoną ekspresję od momentu rozpoczęcia pylenia, a najwyższy poziom ekspresji obserwowano w 2 dniu po zapyleniu (DAP ang. days after pollination). Najbardziej gwałtowny i zarazem najwyższy skok poziomu ekspresji w porównaniu do pozostałych genów zaobserwowano dla genu *TaIPT2*. Jego wzmózona ekspresja utrzymywała się od rozpoczęcia pylenia do 7 DAP. Tak silna specyficzność względem jednego etapu rozwojowego sygnalizuje, że *TaIPT2* może pełnić szczególnie istotną rolę w pierwszych dniach rozwoju ziarna pszenicy. Potwierdzają to badania Nguyen i in. (2020), w których stwierdzono, że odmiany wysokoplonujące miały około 2-krotnie wyższy poziom ekspresji *TaIPT2* w ziarnach kłosów 1–2 DAP niż słabiej plonujące odmiany. Geny *TaIPT5* i *TaIPT8* dodatkowo wykazywały wzmózoną ekspresję podczas rozwoju kwiatostanu. Gen *TaIPT8* miał wyższy poziom ekspresji we wczesnej fazie rozwoju, kiedy kwiatostan był długości około 0,5–2 cm; gen *TaIPT5* ulegał wyższej ekspresji później, w kwiatostanie długości około 10 cm. Wzmózona ekspresja na tym etapie rozwoju wskazuje, że geny *TaIPT5* i *TaIPT8* mogą mieć dodatkowo wpływ na wielkość kłosów/ liczbę kłosków w kłosie, podczas gdy aktywność genów *IPT* w pierwszych dniach po zapyleniu prawdopodobnie przekłada

się na końcową liczbę ziaren, wspierając zapłodnienie oraz wielkość ziaren w wyniku stymulacji podziałów komórkowych przez cytokininy. Geny *TaIPT3* i *TaIPT7* miały bardzo niski poziom ekspresji w niemal wszystkich badanych próbkach, co sugeruje, że nie odgrywają one znaczącej roli w rozwoju generatywnym pszenicy (Song i in., 2012; Terceros i in., 2020). Graficzne przedstawienie specyfiki ekspresji genów *TaIPT* w określonych organach zaprezentowano na Rys. 1.

Wzmózona ekspresja genów *TaIPT* w rozwijających się ziarnach zbiega się w czasie z obserwowaną u nich akumulacją cytokinin. Nguyen i in. (2020) zbadali, że najwyższa, ogólna zawartość cytokinin występowała w ziarnach z kłosów 1–2 i 4 DAP, przy czym w kłosie 4 DAP wystąpiła najwyższa zawartość aktywnych cytokinin w formie wolnych zasad. Wśród nich, u wszystkich badanych odmian dominowały *tZ* i *cZ*. Podobne wyniki wskazujące na istotną rolę tych dwóch izomerów zeatyny na wczesnym etapie rozwoju ziaren uzyskano u ryżu (Takagi i in., 1989; Yang i in., 2002) i jęczmienia (Powell i in., 2013). Wczesne stadia rozwoju ziarna trwające od momentu pojawienia się liścia flagowego do 7 DAP to okres krytyczny w determinacji wysokości plonu zbóż (Terceros i in., 2020; Beznec i in., 2021). Zbiegają się one w czasie z etapem intensywnych podziałów komórkowych, wspomnianym w poprzednim akapicie, podczas którego determinowana jest liczba komórek endospermy (Yu i in., 2016) oraz z translokacją asymilatów z liści do rozwijających się nasion, rozpoczynającą się od momentu pylenia (Ma i in., 2023).

Jedna z trzech badanych przez Nguyen i in. (2020), wysokoplonujących odmian pszenicy różniła się znacząco od pozostałych składem i ogólną zawartością cytokinin. W stadium kłosa 4 DAP *tZ* występowała w ziarnach na bardzo niskim poziomie, natomiast zawartość *cZ* była niemal 2-krotnie wyższa niż u pozostałych odmian. Różniła się także istotnie zawartością kwasu absycynowego (ABA) – fitohormonu biorącego udział w odpowiedzi na stresy środowiskowe. W przypadku tej odmiany poziom ABA zaczął podnosić się na wcześniejszych etapach rozwoju ziarniaków niż u pozostałych odmian. Cytokininy biorą również udział w odpowiedzi roślin na stresy biotyczne i abiotyczne. Często w wyniku stresu dochodzi do negatywnej regulacji ekspresji genów *IPT* oraz wyraźnego spadku poziomu cytokinin (Cortleven i in., 2018; Pavlu i in., 2018). Możliwe, że podczas wzrostu badanych roślin zaistniał pewien czynnik stresowy, który w konsekwencji spowodował zahamowanie syntezy *tZ*. Rolę tej aktywnej cytokininy mogła przejąć *cZ*, dzięki czemu rośliny nie poniosły strat w plonie nasion (Nguyen i in., 2020). Na możliwość takiej adaptacji funkcji przez *cZ* w warunkach stresowych wskazał Schäfer i in. (2015).



Rys. 1. Ekspresja genów *TaIPT* w siewkach (A) oraz w kłosach i liściach flagowych w różnych fazach rozwoju rośliny pszenicy (B). Litery w indeksie górnym przy nazwach genów odnoszą do źródła informacji: Song i in., 2012 (a), Nguyen i in., 2020 (b), Wang i in., 2023 (c). Geny *TaIPT* zbadane przez Wang i in. (2023) zostały podane zgodnie z nazewnictwem stosowanym przez Song i in. (2012), Shoaib i in. (2019) i Nguyen i in. (2020). W nawiasach podano oryginalną numerację stosowaną przez autorów. Przygotowany w BioRender.com

Fig. 1. Expression of *TaIPT* genes in seedlings (A), spikes, and flag leaves at different stages of wheat plant growth (B). The superscript letters after gene names refer to the source: Song et al., 2012 (a), Nguyen et al., 2020 (b), Wang et al., 2023 (c). The *TaIPT* genes investigated by Wang et al. (2023) are named consistently with the names used by Song et al. (2012), Shoaib et al. (2019), and Nguyen et al. (2020). The names given by the authors are in parentheses. Created with BioRender.com

Modyfikacje genetyczne

Pozytywny wpływ cytokinin na plonowanie oraz ich udział w odpowiedzi roślin na stropy środowiskowe jest powodem, dla którego podejmuje się próby modyfikacji ich stężenia w roślinie poprzez egzogeniczną aplikację lub manipulację ich metabolizmem na poziomie genetycznym. Większość prowadzonych badań związanych z inaktywacją wybranych genów z rodziny *IPT* lub wprowadzaniem (poprzez transformację genetyczną) nowych genów *IPT* w celu ich nadekspresji w różnych gatunkach roślin przekładały się głównie na obserwowane efekty uwrażliwienia lub podniesienia tolerancji roślin na stropy środowiskowe (Nguyen i in., 2021). Badania u rzodkiewnika, ryżu i kukurydzy wykazały, że nadekspresja genów *IPT* w wyniku wprowadzenia nowego genu *IPT* do genomu, może podnieść tolerancję roślin na stropy osmotyczne i/lub opóźnić starzenie liści (Rivero i in., 2007; Peleg i in., 2011; Reguera i in., 2013; Décima Oneto i in., 2016; Song i in., 2022). Efekty nadekspresji wprowadzonego genu *IPT* są bardzo różne w zależności od zastosowanego promotora kontrolującego ich ekspresję. W badaniach, w których zastosowano promotory konstytutywne, często obserwowano systemiczny wzrost poziomu cytokinin i niecelowe zmiany wzrostu,

jak nadmierne rozgałęzianie czy hamowanie wzrostu korzeni (Jameson i in., 2016). Systemiczny wzrost poziomu cytokinin możliwy był także w przypadku zastosowania tkankowo-specyficznego promotora - obserwowano, że nadmiar cytokinin był transportowany do innych organów oddalonych od miejsca syntezy (Atkins i in., 2011). W badaniach dotyczących odporności na stropy środowiskowe zauważono, że w zależności od zastosowanego promotora w transgenicznym konstrukcie, a dokładniej od warunków jego aktywacji, podniesiona ekspresja *IPT* mogła powodować obniżenie lub też podniesienie zawartości ABA. Tym samym modyfikowała w różny sposób homeostazę hormonalną roślin (Nguyen i in., 2021).

Przeprowadzono również kilkakrotnie modyfikacje genetyczne pszenicy związane z genami *IPT*. Przykładem jest transgeniczna pszenica z wprowadzonym, metodą biolistyczną, genem *IPT* pochodzącym z *Agrobacterium tumefaciens* pod promotorem *SARK*, która wykazywała wyraźne niższą stratę plonu w warunkach suszy w porównaniu do osobników nie transformowanych (Bezruc i in., 2021). Joshi i in. (2019) wprowadzili do pszenicy gen *IPT* z *A. tumefaciens* pod tkankowo-specyficznym promotorem *AtMYB32xs*. Otrzymane rośliny miały opóźnione starzenie liści

oraz zwiększoną tolerancję na niedobór wody. Wang i in. (2023) wykorzystując system CRISPR-Cas9 dezaktywowali wszystkie homeologi genu *TaIPT8* (poprzednio *TaIPT5* u Song i in., 2012, Nguyen i in., 2020 i Shoaib i in., 2019) oraz uzyskali rośliny z nadekspresją genu *TaIPT8* warunkowaną stresem suszy (*PNAC48::TaIPT8*). W mutantach *taipt8* stwierdzono znaczący spadek poziomu *tZ*, podniesienie poziomu *cZ* oraz zwiększenie wrażliwości na stres suszy. W liniach transgenicznym z nadekspresją genu *TaIPT8* stwierdzono zwiększoną tolerancję na wystąpienie niedoboru wody. Przyniesione badania pokazują, że podniesiony poziom ekspresji genów *IPT* może mieć korzystny wpływ na tolerancję stresu suszy przez pszenicę.

Podsumowanie

Przedstawione w pracy przeglądowej badania pozwalają wysunąć wniosek, że modyfikacje genetyczne w obrębie rodziny genów *IPT* mogą wpłynąć na cechy związane z plonowaniem w warunkach normalnych i/lub w stresie suszy. Poprawa plonowania pszenicy może zostać osiągnięta

poprzez wprowadzenie dodatkowych kopii genów syntezy cytokinin, w szczególności *TaIPT2*, *TaIPT5* i *TaIPT8*, w celu wywołania nadekspresji i zwiększenia zawartości cytokinin (Song i in., 2012; Nguyen i in., 2020). Innym rozwiązaniem jest wybór do hodowli genotypów wykazujących wyższy poziom ekspresji wybranych genów biosyntezy cytokinin. Niezbędne są dalsze prace w kierunku analizy poziomu ekspresji genów *TaIPT1*, *TaIPT4*, *TaIPT9* i *TaIPT10*. Korzystne byłoby również wykonanie analiz korelacji pomiędzy czasowo- i miejscowo-specyficzną ekspresją poszczególnych genów *TaIPT* w różnych tkankach, a akumulowanym w tym czasie typem cytokininy.

Praca została opracowana w ramach grantu OPUS 19 nr: UMO2020/37/B/NZ9/00744 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki

Rys. 1. Przygotowano przy pomocy programu CorelDRAW II i BioRender.com

Literatura

- Atkins, C.A., Emery, R.N., Smith, P.M. (2011). Consequences of transforming narrow leafed lupin (*Lupinus angustifolius* [L.]) with an *IPT* gene under control of a flower-specific promoter. *Transgenic Res.* 20: 1321–1332. <https://doi.org/10.1007/s11248-011-9497-7>
- Beznec, A., Faccio, P., Miralles, D.J., i in. (2021) Stress-induced expression of *IPT* gene in transgenic wheat reduces grain yield penalty under drought. *J Genet Eng Biotechnol.* 19(1): 67. <https://doi.org/10.1186/s43141-021-00171-w>
- Brugière, N., Humbert, S., Rizzo, N., Bohn, J., Habben, J. E. (2008). A member of the maize isopentenyl transferase gene family, *Zea mays* isopentenyl transferase 2 (*ZmIPT2*), encodes a cytokinin biosynthetic enzyme expressed during kernel development. *Cytokinin biosynthesis in maize.* *Plant Mol. Biol.* 67(3): 215–229. <https://doi.org/10.1007/s11103-008-9312-x>
- Chen, L., Zhao, J., Song, J., Jameson, P.E. (2020). Cytokinin dehydrogenase: a genetic target for yield improvement in wheat. *Plant Biotechnol. J.* 18(3): 614–630. <https://doi.org/10.1111/pbi.13305>
- Chen, L., Zhao, J., Song, J., Jameson, P.E. (2021). Cytokinin glucosyl transferases, key regulators of cytokinin homeostasis, have potential value for wheat improvement. *Plant Biotechnol. J.* 19. <https://doi.org/10.1111/pbi.13595>
- Choi, J., Lee, J., Kim, K., Cho, M., Ryu, H., An, G., Hwang, I. (2012). Functional identification of *OsHk6* as a homotypic cytokinin receptor in rice with preferential affinity for iP. *Plant Cell Physiol.* 53: 1334–1343. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcs079>
- Corbesier, L., Prinsen, E., Jacquard, A., Lejeune, P., Onckelen, H., Périlleux, C., Bernier, G. (2003). Cytokinin levels in leaves, leaf exudate and shoot apical meristem of *Arabidopsis thaliana* during floral transition. *J. Exp. Bot.* 54: 2511–7. <https://doi.org/10.1093/jxb/erg276>
- Cortleven, A., Leuendorf, J.E., Frank, M., Pezzetta, D., Bolt, S., Schmülling, T. (2019). Cytokinin action in response to abiotic and biotic stresses in plants. *Plant Cell Environ.* 42(3): 998–1018. <https://doi.org/10.1111/pce.13494>
- Daudu, D., Allion, E., Liesecke, F., Papon, N., Courdavault, V., Dugé de Bernonville, T., Mélin, C., Oudin, A., Clastre, M., Lanoue, A., Courtois, M. (2017). CHASE-containing histidine kinase receptors in apple tree: from a common receptor structure to divergent cytokinin binding properties and specific functions. *Front. Plant Sci.* 8: 1614–1629. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01614>
- Décima Oneto, C.D., Otegui, M.E., Baroli, I., Beznec, A., Faccio, P., Bossio, E., Blumwald, E., Lewi, D. (2016). Water deficit stress tolerance in maize conferred by expression of an *isopentenyltransferase* (*IPT*) gene driven by a stress- and maturation-induced promoter. *J. Biotechnol.* 220: 66–77. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2016.01.014>
- Dello Ioio, R., Linhares, F. S., Scacchi, E., Casamitjana-Martinez, E., Heidstra, R., Costantino, P., Sabatini, S. (2007). Cytokinins determine *Arabidopsis* root-meristem size by controlling cell differentiation. *Curr. Biol.* 17(8): 678–682. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2007.02.047>
- Durán-Medina, Y., Díaz-Ramírez, D., Marsch-Martínez, N. (2017). Cytokinins on the move. *Front. Plant Sci.* 8: 146. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00146>
- Gasparis, S., Przyborowski, M., Kala, M., Nadolska-Orczyk, A. (2019). Knockout of the *HvCKX1* or *HvCKX3* Gene in Barley (*Hordeum vulgare* L.) by RNA-Guided Cas9 nuclease affects the regulation of cytokinin metabolism and root morphology. *Cells.* 8(8): 782. <https://doi.org/10.3390/cells8080782>
- Ghosh, A., Shah, M.N., Jui, Z.S., Saha, S.K., Fariha, K.A., Islam, T. (2018). Evolutionary variation and expression profiling of *Isopentenyl transferase* gene family in *Arabidopsis thaliana* L. and *Oryza sativa* L. *Plant Gene.* 15 (7): 15–27. <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2018.06.002>
- Hirose, N., Makita, N., Yamaya, T., Sakakibara, H. (2005). Functional characterization and expression analysis of a gene, *OsENT2*, encoding an equilibrative nucleoside transporter in rice suggest a function in cytokinin transport, *Plant Physiol.* 138: 196–206. <https://doi.org/10.1104/pp.105.060137>

- Hirose, N., Takei, K., Kuroha, T., Kamada-Nobusada, T., Hayashi, H., Sakakibara, H. (2008). Regulation of cytokinin biosynthesis, compartmentalization and translocation. *J. Exp. Bot.* 59: 75-83. <https://doi.org/10.1093/jxb/ern157>
- Hluska, T., Hlusková, L., Emery, R.J.N. (2021). The Hulks and the deadpools of the cytokinin universe: A dual strategy for cytokinin production, translocation, and signal transduction. *Biomolecules.* 11(2): 209. <https://doi.org/10.3390/biom11020209>
- Holst, K., Schmülling, T., Werner, T. (2011). Enhanced cytokinin degradation in leaf primordia of transgenic *Arabidopsis* plants reduces leaf size and shoot organ primordia formation. *J. plant physiol.* 168(12): 1328-1334. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2011.03.003>
- Iqbal, A., Bocian, J., Hameed, A., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2022). *Cis*-regulation by *NACs*: A promising frontier in wheat crop improvement. *Int. J. Mol. Sci.* 23(23): 15431. <https://doi.org/10.3390/ijms232315431>
- Jablonski, B., Bajguz, A., Bocian, J., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2021b). Genotype-dependent effect of silencing of *TaCKX1* and *TaCKX2* on phytohormone crosstalk and yield-related traits in wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 22(21): 11494. <https://doi.org/10.3390/ijms222111494>
- Jablonski, B., Ogonowska, H., Szala, K., Bajguz, A., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2020). Silencing of *TaCKX1* mediates expression of other *TaCKX* genes to increase yield parameters in wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 21(13): 4809. <https://doi.org/10.3390/ijms21134809>
- Jablonski, B., Szala, K., Przyborowski, M., Bajguz, A., Chmur, M., Gasparis, S., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2021a). *TaCKX2.2* genes coordinate expression of other *TaCKX* family members, regulate phytohormone content and yield-related traits of wheat. *Int. J. Mol. Sci.* 22(8): 4142. <https://doi.org/10.3390/ijms22084142>
- Jameson, P.E., Song, J. (2016). Cytokinin: a key driver of seed yield. *J. Exp. Bot.* 67: 593-606. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv461>
- Jaworek, P., Tarkowski, P., Hluska, T., Kouřil, Š., Vrobel, O., Nisler, J., Kopečný, D. (2019). Characterization of five CHASE-containing histidine kinase receptors from *Populus × canadensis* cv. *Robusta* sensing isoprenoid and aromatic cytokinins. *Planta.* 251(1): 1. <https://doi.org/10.1007/s00425-019-03297-x>
- Joshi, S., Choukmath, A., Isenegger, D., Panozzo, J., Spangenberg, G., Kant, S. (2019). Improved wheat growth and yield by delayed leaf senescence using developmentally regulated expression of a cytokinin biosynthesis gene. *Front. Plant Sci.* 10: 1285. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01285>
- Kamada-Nobusada, T., Sakakibara, H. (2009). Molecular basis for cytokinin biosynthesis. *Phytochemistry.* 70(4): 444-449. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2009.02.007>
- Kang, J., Lee, Y., Sakakibara, H., Martinoia, E. (2017). Cytokinin transporters: GO and STOP in signaling. *Trends Plant Sci.* 22(6): 455-461. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.03.003>
- Khlestkina, E.K., Röder, M.S., Salina, E.A. (2008). Relationship between homoeologous regulatory and structural genes in allopolyploid genome - a case study in bread wheat. *BMC Plant Biol.* 8: 88. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-8-88>
- Kiba, T., Takei, K., Kojima, M., Sakakibara, H. (2013). Side-chain modification of cytokinins controls shoot growth in *Arabidopsis*. *Dev. Cell.* 27: 452-61. <http://dx.doi.org/10.1016/j.devcel.2013.10.004>
- Kieber, J.J., Schaller, G.E. (2014). Cytokinins. *The Arabidopsis Book.* 12: e0168. <https://doi.org/10.1199/tab.0168>
- Kieber, J.J., Schaller, G.E. (2018). Cytokinin signaling in plant development. *Development* 145(4): dev149344. <https://doi.org/10.1242/dev.149344>
- Kisiala, A., Kambhampati, S., Stock, N.L., Aoki, M., Emery, R.N. (2019). Quantification of cytokinins using high-resolution accurate-mass orbitrap mass spectrometry and parallel reaction monitoring (PRM). *Anal. Chem.* 91: 15049-15056. <https://doi.org/10.1021/acs.analchem.9b03728>
- Ko, D., Kang, J., Kiba, T., Park, J., Kojima, M., Do, J., Kim, K. Y., Kwon, M., Endler, A., Song, W. Y., Martinoia, E., Sakakibara, H., Lee, Y. (2014). *Arabidopsis ABCG14* is essential for the root-to-shoot translocation of cytokinin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111(19): 7150-7155. <https://doi.org/10.1073/pnas.1321519111>
- Kudo, T., Kiba, T., Sakakibara, H. (2010). Metabolism and long-distance translocation of cytokinins. *J. Integr. Plant Biol.* 52(1): 53-60. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7909.2010.00898.x>
- Ma, B., Zhang, L., He, Z. (2023). Understanding the regulation of cereal grain filling: The way forward. *J. Integr. Plant Biol.* 65: 526-547. <https://doi.org/10.1111/jipb.13456>
- Matušková, V., Zatloukal, M., Pospíšil, T., Voller, J., Vylíčilová, H., Doležal, K., Strnad, M. (2023). From synthesis to the biological effect of isoprenoid 2'-deoxyribose and 2',3'-dideoxyribose cytokinin analogues. *Phytochemistry.* 205: 113481. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2022.113481>
- Miller, C.O., Skoog, F.K., Saltza, M.H., Strong, F.M. (1955). Kinetin, a division factor from deoxyribonucleic acid. *J. Am. Chem. Soc.* 77: 1392-1392. <https://doi.org/10.1021/ja01610a105>
- Miyawaki, K., Matsumoto-Kitano, M., Kakimoto, T. (2004). Expression of cytokinin biosynthetic isopentenyltransferase genes in *Arabidopsis*: tissue specificity and regulation by auxin, cytokinin, and nitrate. *Plant J.* 37: 128-138. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313X.2003.01945.x>
- Miyawaki, K., Tarkowski, P., Matsumoto-Kitano, M., Kato, T., Sato, S., Tarkowska, D., Tabata, S., Sandberg, G., Kakimoto, T. (2006). Roles of *Arabidopsis* ATP/ADP isopentenyltransferases and tRNA isopentenyltransferases in cytokinin biosynthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103(44): 16598-603. <https://doi.org/10.1073/pnas.0603522103>
- Nguyen, H.N., Lai, N., Kisiala, A.B., Emery, R.N. (2021). Isopentenyltransferases as master regulators of crop performance: their function, manipulation, and genetic potential for stress adaptation and yield improvement. *Plant Biotechnol. J.* 19(7): 1297-1313. <https://doi.org/10.1111/2Fpbi.13603>
- Nguyen, H.N., Perry, L., Kisiala, A., Olechowski, H., Emery, R.N. (2020). Cytokinin activity during early kernel development corresponds positively with yield potential and later stage ABA accumulation in field-grown wheat (*Triticum aestivum* L.). *Planta.* 252(5): 76. <https://doi.org/10.1007/s00425-020-03483-2>
- Osugi, A., Kojima, M., Takebayashi, Y., Ueda, N., Kiba, T., Sakakibara, H. (2017). Systemic transport of *trans*-zeatin and its precursor have differing roles in *Arabidopsis* shoots. *Nat. Plants.* 3: 17112. <https://doi.org/10.1038/nplants.2017.112>
- Pavlů, J., Novák, J., Koukalová, V., Luklová, M., Brzobohatý, B., Černý, M. (2018). Cytokinin at the crossroads of abiotic stress signalling pathways. *Int. J. Mol. Sci.* 19(8): 2450. <https://doi.org/10.3390/ijms19082450>

- Peleg, Z., Reguera, M., Tumimbang, E., Walia, H., Blumwald, E. (2011). Cytokinin-mediated source/sink modifications improve drought tolerance and increase grain yield in rice under water-stress. *Plant Biotechnol. J.* 9(7): 747-58. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2010.00584.x>
- Powell, A.F., Paleczny, A.R., Olechowski, H., Emery, R.N. (2013). Changes in cytokinin form and concentration in developing kernels correspond with variation in yield among field-grown barley cultivars. *Plant Physiol. Biochem.* 201364: 33-40. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2012.12.010>
- Ptošková, K., Szcóćwka, M., Jaworek, P., Tarkowska, D., Petřík, I., Pavlović, I., Novák, O., Thomas, S. G., Phillips, A. L., Hedden, P. (2022). Changes in the concentrations and transcripts for gibberellins and other hormones in a growing leaf and roots of wheat seedlings in response to water restriction. *BMC Plant Biol.* 22(1): 284. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03667-w>
- Ramireddy, E., Hosseini, S.A., Eggert, K., Gilland, S., Gnad, H., von Wirén, N., Schmülling, T. (2018). Root engineering in barley: increasing cytokinin degradation produces a larger root system, mineral enrichment in the shoot and improved drought tolerance. *Plant Physiol.* 177(3): 1078-1095. <https://doi.org/10.1104/pp.18.00199>
- Reguera, M., Peleg, Z., Abdel-Tawab, Y.M., Tumimbang, E.B., Delatorre, C.A., Blumwald, E. (2013). Stress-induced cytokinin synthesis increases drought tolerance through the coordinated regulation of carbon and nitrogen assimilation in rice. *Plant Physiol.* 163(4): 1609-1622. <https://doi.org/10.1104/pp.113.227702>
- Rijavec, T., Kovac, M., Kladnik, A., Chourey, P.S., Dermastia, M.A. (2009). Comparative study on the role of cytokinins in caryopsis development in the maize miniature seed mutant and its wild type. *J. Integr. Plant Biol.* 51: 840-849. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7909.2009.00863.x>
- Rivero, R.M., Kojima, M., Gepstein, A., Sakakibara, H., Mittler, R., Gepstein, S., Blumwald, E. (2007). Delayed leaf senescence induces extreme drought tolerance in a flowering plant. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104(49): 19631-19636. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709453104>
- Romanov, G. A., Schmülling, T. (2021). On the biological activity of cytokinin free bases and their ribosides. *Planta.* 255(1): 27. <https://doi.org/10.1007/s00425-021-03810-1>
- Sakakibara, H. (2021). Cytokinin biosynthesis and transport for systemic nitrogen signaling. *Plant J.* 105: 421-430. <https://doi.org/10.1111/tpj.15011>
- Sakamoto, T., Sakakibara H., Kojima M., Yamamoto Y., Nagasaki H., Inukai Y., Sato Y., Matsuoka M. (2006). Ectopic expression of *KNOTTED1-like* homeobox protein induces expression of cytokinin biosynthesis genes in rice. *Transgenic Res. Plant Physiol.* 142: 54-62. <https://doi.org/10.1104/pp.106.085811>
- Schäfer, M., Brütting, C., Meza-Canales, I.D., Großkinsky, D.K., Vankova, R., Baldwin, I.T., Meldau, S. (2015). The role of *cis*-zeatin-type cytokinins in plant growth regulation and mediating responses to environmental interactions. *J. Exp. Bot.* 66(16): 4873-4884. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv214>
- Shoib, M., Yang, W., Shan, Q., Sajjad, M., Zhang, A. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of new cytokinin metabolic genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *PeerJ.* 7: e6300. <https://doi.org/10.7717/peerj.6300>
- Song, J., Jiang, L., Jameson, P.E. (2012). Co-ordinate regulation of cytokinin gene family members during flag leaf and reproductive development in wheat. *BMC Plant Biol.* 12: 78. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-12-78>
- Song, Y., Li, C., Zhu, Y., Guo, P., Wang, Q., Zhang, L., Wang, Z., Di, H. (2022). Overexpression of *ZmIPT2* gene delays leaf senescence and improves grain yield in maize. *Front. Plant Sci.* 13: 963873. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.963873>
- Spichal, L., Rakova, N.Y., Riefler, M., Mizuno, T., Romanov, G.A., Strnad, M., Schmülling, T. (2004). Two cytokinin receptors of *Arabidopsis thaliana*, *CRE1/AHK4* and *AHK3*, differ in their ligand specificity in a bacterial assay. *Plant Cell Physiol.* 45: 1299-1305. <https://doi.org/10.1093/pcp/pch132>
- Stolz, A., Riefler, M., Lomin, S.N., Achazi, K., Romanov, G.A., Schmülling, T. (2011). The specificity of cytokinin signalling in *Arabidopsis thaliana* is mediated by differing ligand affinities and expression profiles of the receptors. *Plant J.* 67: 157-168. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2011.04584.x>
- Takagi, M., Yokota, T., Murofushi, N., Saka, H., Takahashi, N. (1989). Quantitative changes of free-base, riboside, ribotide and glucoside cytokinins in developing rice grains. *Plant Growth Regul.* 8: 349-364. <https://doi.org/10.1007/BF00024665>
- Takei, K., Yamaya, T., Sakakibara, H. (2004). *Arabidopsis CYP735A1* and *CYP735A2* encode cytokinin hydroxylases that catalyze the biosynthesis of *trans*-zeatin. *J. Biol. Chem.* 279(40): 41866-72. <http://dx.doi.org/10.1074/jbc.M406337200>
- Terceros, G.C., Resentini, F., Cucinotta, M., Manrique, S., Colombo, L., Mendes, M. A. (2020). The Importance of cytokinins during reproductive development in *Arabidopsis* and beyond. *Int. J. Mol. Sci.* 21(21): 8161. <https://doi.org/10.3390/ijms21218161>
- Veselov, S. Y., Timergalina, L. N., Akhiyarova, G. R., Kudoyarova, G. R., Korobova, A. V., Ivanov, I., Arkhipova, T. N., Prinsen, E. (2018). Study of cytokinin transport from shoots to roots of wheat plants is informed by a novel method of differential localization of free cytokinin bases or their ribosylated forms by means of their specific fixation. *Protoplasma.* 255(5): 1581-1594. <https://doi.org/10.1007/s00709-018-1248-7>
- Wang, N., Chen, J., Gao, Y., Zhou, Y., Chen, M., Xu, Z., Fang, Z., Ma, Y. (2023). Genomic analysis of isopentenyltransferase genes and functional characterization of *TaIPT8* indicates positive effects of cytokinins on drought tolerance in wheat. *Crop J.* 11(1): 46-56. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2022.04.010>
- Wang, X., Lin, S., Liu, D., Gan, L., McAvoy, R., Ding, J., Li, Y. (2020). Evolution and roles of cytokinin genes in angiosperms: Do ancient *IPTs* play housekeeping while non-ancient *IPTs* play regulatory roles? *Horticult. Res.* 7: 1-15. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0211-x>
- Werner, T., Nehnevajova, E., Köllmer, I., Novák, O., Strnad, M., Krämer, U., Schmülling, T. (2010). Root-specific reduction of cytokinin causes enhanced root growth, drought tolerance, and leaf mineral enrichment in *Arabidopsis* and tobacco. *Plant Cell.* 22: 3905-3920. <https://doi.org/10.1105/tpc.109.072694>
- Yang, J., Zhang, J., Huang, Z., Wang, Z., Zhu, Q., Liu, L. (2002). Correlation of cytokinin levels in the endosperms and roots with cell number and cell division activity during endosperm development in rice. *Ann. Bot.* 90(3): 369-377. <https://doi.org/10.1093/aob/mcfl98>

- Yonekura-Sakakibara, K., Kojima, M., Yamaya, T., Sakakibara, H. (2004). Molecular characterization of cytokinin-responsive histidine kinases in maize. Differential ligand preferences and response to *cis*-zeatin. *Plant Physiol.* 134: 1654–1661. <https://doi.org/10.1104/pp.103.037176>
- Yu, Y., Zhu, D., Ma, C., Cao, H., Wang, Y., Xu, Y., Zhang, W., Wen, Z. (2016). Transcriptome analysis reveals key differentially expressed genes involved in wheat grain development. *Crop J.* 4(2): 92-106. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2016.01.006>
- Zalewski, W., Galuszka, P., Gasparis, S., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2010). Silencing of the *HvCKX1* gene decreases the cytokinin oxidase/dehydrogenase level in barley and leads to higher plant productivity. *J. Exp. Bot.* 61(6): 1839–1851. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq052>
- Zalewski, W., Gasparis, S., Boczkowska, M., Rajchel, I. K., Kała, M., Orczyk, W., Nadolska-Orczyk, A. (2014). Expression patterns of *HvCKX* genes indicate their role in growth and reproductive development of barley. *PLoS One.* 9(12): e115729. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115729>
- Zalewski, W., Orczyk, W., Gasparis, S., Nadolska-Orczyk, A. (2012). *HvCKX2* gene silencing by biolistic or *Agrobacterium*-mediated transformation in barley leads to different phenotypes. *BMC Plant Biol.* 12: 206. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-12-206>
- Zhang, L., Zhao, Y.L., Gao, L.F., Zhao, G.Y., Zhou, R.H., Zhang, B.S., Jia, J.Z. (2012). *TaCKX6-D1* the ortholog of rice *OsCKX2*, is associated with grain weight in hexaploid wheat. *New Phytol.* 195(3): 574–584. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04194.x>

Deoxynivalenol content in wheat kernels showing various levels of damage caused by *Fusarium culmorum*

Zawartość deoksyniwalenolu w ziarniakach pszenicy wykazujących różne poziomy uszkodzeń spowodowanych przez *Fusarium culmorum*

Piotr Ochodzki , Tomasz Góral 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, 05-870 Błonie

[✉t.goral@ihar.edu.pl](mailto:t.goral@ihar.edu.pl)

The content of *Fusarium* toxin deoxynivalenol (DON) was investigated in the grain of four winter wheat cultivars that differ in susceptibility to *Fusarium* head blight. Wheat heads were inoculated with *Fusarium culmorum* spores. The degree of damage to the kernels by *Fusarium* was assessed, and then the grain samples were divided into the following fractions: healthy kernels, healthy shriveled kernels, normal-sized discolored kernels (white), and shriveled discolored kernels (white, red). The highest content of DON was found in the fraction of discolored, shriveled kernels, i.e. the most severely damaged by *Fusarium*. Depending on the cultivar, the DON content was 16 to 47 times higher than in the healthy kernel fraction. This fraction contained from 54 to 91% of the DON contained in the total grain sample. A significant content of DON was also found in discolored normal-sized kernels, the weight of which was similar to that of healthy kernels. The healthy kernel fraction was divided into two parts based on fluorescence under ultraviolet (UV) light. Kernels exhibiting fluorescence had three times higher DON content.

Keywords: *Fusarium* head blight, mycotoxins, grain, *Fusarium*-damaged kernels

Badano zawartość toksyny fuzaryjnej deoksyniwalenolu (DON) w ziarnie czterech odmian pszenicy ozimej różniących się podatnością na fuzariozę kłosów. Kłosa pszenicy inokulowane były zarodnikami *Fusarium culmorum*. Oceniano stopień uszkodzenia ziarniaków przez *Fusarium*, a następnie próby ziarna dzielono na frakcje: ziarniaki zdrowe, ziarniaki zdrowe pomarszczone, ziarniaki normalnej wielkości przebarwione (białe), ziarniaki przebarwione (białe, różowe) pomarszczone. Najwyższą zawartość DON stwierdzono we frakcji ziarniaków przebarwionych pomarszczonych czyli najsilniej uszkodzonych przez *Fusarium*. Była ona od 16 do 47 razy wyższa niż we frakcji ziarniaków zdrowych, zależnie od odmiany. W tej frakcji znajdowało się od 54 do 91% DON zawartego w całej próbce ziarna. Znaczną zawartość DON stwierdzono również w przebarwionych ziarniakach normalnej wielkości, których masa tysiąca ziarniaków była zbliżona do masy ziarniaków zdrowych. Frakcję ziarniaków zdrowych podzielono na dwie części na podstawie obserwacji fluorescencji w świetle UV. We frakcji ziarniaków wykazujących fluorescencję zawartość DON był trzykrotnie wyższa.

Słowa kluczowe: fuzarioza kłosów, mykotoksyny, ziarno, ziarniaki uszkodzone przez *Fusarium*

Introduction

Fusarium head blight (FHB) is a disease posing serious problems for wheat and barley crops worldwide (Goswami and Kistler, 2004). The disease is caused by several species of *Fusarium* fungi, including *Fusarium culmorum* and *F. graminearum* (Bottalico and Perrone, 2002). These fungi infect developing heads of wheat and cause the grain to become discolored and shriveled, reducing the yield and quality of the crop. FHB can cause significant yield losses and reduce grain quality by contamination with mycotoxins. The presence of mycotoxins produced by *Fusarium* species in infected grain can also pose a risk to human and animal health (Bakker et al., 2018). The most important mycotoxins in small-grain cereals are deoxynivalenol (DON), its acetyl derivatives 15-AcDON and 3-AcDON, and zearalenone (ZEN) (Ji et al., 2019).

The accumulation of *Fusarium* toxins in cereal grains depends on different factors. Genetic resistance to FHB, which is very complex, includes different types - resistance to initial head infection (type I), resistance to spread within the head (II), resistance to kernel infection (III), tolerance against FHB and trichothecenes (IV), and resistance to mycotoxins itself (V) (Mesterhazy, 1995; Foroud and Eudes, 2009). The last type also covers different mechanisms (Boutigny et al., 2008). It is divided into two classes, V-1 and V-2. Plants with type V-1 resistance can chemically alter trichothecenes, which causes the toxins to be degraded or detoxified. The genotypes with type V-2 resistance are capable of preventing the invasive fungus from synthesizing trichothecenes. The influence of climatic conditions during kernel development is also an important factor in the amount of mycotoxins in grain (Miedaner, 1997). Many published results show that there is a corre-

lation between the severity of *Fusarium*-infection of head or kernels and mycotoxin content in grain (Liu et al., 1997). *Fusarium* head and kernel infection results in a decrease in kernel size and weight. The accumulation of mycotoxins in kernels of different sizes was studied. It was found that the smallest kernels have a considerable share in total mycotoxin content in cereal grain (Dowell et al., 1999; Perkowski et al., 2003)

This work aimed to detect the above mycotoxins in fractions of wheat kernels showing different levels of *Fusarium* damage. The results determined which fraction is the main source of mycotoxins in grain samples from FHB-infected wheat cultivars.

Material and Methods

Field experiment

In 2020, four winter wheat cultivars were tested at PBAI-NRI Radzików for their resistance to *Fusarium* head blight (FHB). The cultivars Fregata and Turnia demonstrated a medium level of resistance, whereas Kampana and Muszelka were found to be susceptible (Góral and Walentyn-Góral, 2018). The field experiment was established as a randomized complete block design. Wheat cultivars were seeded in 1 m² plots in three replications and a control set. Until heading, all plots were treated with foliar fungicide Tilt Plus 400 EC.

Two isolates of *Fusarium culmorum* (KF 846, ZFR 112), producing deoxynivalenol in vitro (3ADON chemotype), were used for inoculum production (Góral et al., 2019; Ochodzki and Góral, 2006). These isolates were previously tested for aggressiveness to wheat and triticale and used for resistance screening under field conditions (Góral et al., 2013). Isolates were incubated with autoclaved wheat grain in glass flasks for about 4 weeks and next exposed to permanent UV for 4 to 7 days at 18°C. The mycelium-colonized grain was dried and stored in the refrigerator at 4°C until usage.

On the day of inoculation, the grain with *Fusarium* mycelium was suspended in tap water for 2 h and filtered to obtain conidial suspension. The suspensions of each of the isolates were combined and adjusted to 10⁶ spores/ml using a hemocytometer.

Heads of wheat plants were sprayed with a spore suspension at anthesis at a rate of 100 ml/m². Inoculations were performed individually on each plot at the beginning of the anthesis (BBCH 61) and repeated about 3 days later at full anthesis (BBCH 65) (Buerstmayr et al., 1999). At this stage wheat is the most sensitive for *Fusarium* head infection (György et al., 2020). The inoculations were carried out in the evening when the humidity levels were higher.

The disease was first rated at about 10 days after the last inoculation. Three ratings were done at 7-d intervals. *Fusarium* head blight index was scored based on the mean percentage of blighted spikelets per infected head (disease severity) and the percentage of infected heads per plot (disease incidence).

After ripening, 30 heads were harvested manually from each plot and threshed with a laboratory thresher at a low wind speed to prevent loss of low-weight infected kernels. Relative to control reductions of yield components (yield per head, 1000-kernel weight, specific kernel weight) were determined. Next wheat kernels were divided into four fractions according to the level of *Fusarium* damage (Argyris et al., 2003): a) 'healthy-looking' kernels (HL), b) 'shriveled healthy-looking kernels' (HLS), c) 'normal white' kernels (white discolored, normal size) (NW), d) 'white shriveled' kernels (pink or white discolored, shriveled, 'tombstone') (WS). Healthy-looking kernels were subsequently divided into two fractions emitting [UV(+)] or not emitting [UV(-)] light under ultraviolet (360 nm) lamp. Kernels from all fractions were counted and weighted.

Analysis of mycotoxins

Kernels from three replications of fractions were combined and ground in a coffee mill.

The content of the trichothecenes of B group (deoxynivalenol [DON], 3-acetyl deoxynivalenol [3Ac-DON], 15-acetyl deoxynivalenol, [15Ac-DON], nivalenol [NIV]) in the wheat grain was analyzed, using the technique of gas chromatography. Mycotoxins were extracted from 5 g of ground grains using 25 ml of an aqueous solution of acetonitrile (acetonitrile: water 84: 16). Samples were shaken on the laboratory shaker overnight, centrifuged (3000 rpm min⁻¹, 5 min.), and the extract was purified with MycoSep® 227 Trich+ columns (Romer Labs Inc., Union, MO). One microliter of the internal standard solution (chloralose) was added to 4 ml of purified extract. The solvent was evaporated to dryness in the air stream. Mycotoxins were derivatized to the trimethylsilyl derivatives using a derivatizing agent Sylon BTZ (BSA + TMCS + TMSI, 3: 2: 3, Supelco). After the dissolution of the sample in isooctane, the excess derivatizing agent was decomposed and removed with water. The organic layer was transferred to an autosampler vial and analyzed chromatographically with gas chromatograph SRI 8610C, with BGB-5MS column of 30 m in length, and an internal diameter of 0.25 mm.

Hydrogen was a carrier. Elution was carried out in the temperature gradient. Mycotoxin detection was carried out using an electron capture detector (ECD). Identification of individual compounds was made by comparing the retention

times of the pure standards of mycotoxins. The concentration of mycotoxins was established based on the calibration curve, using chloralose as the internal standard. The content of trichothecenes B was expressed as toxin weight (mg) per grain weight (kg).

The content of ZEN was determined using a quantitative direct and competitive enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) AgraQuant® Zearalenone 25-1000 (LOD 20 ppb, LOQ 25 ppb) (Romer Labs GmbH, Tulln, Austria). A 5 g ground sample was placed in a conical 50 mL Falcon centrifuge tube; then, 25 mL of the solvent (methanol–water 70:30 v/v) was added. The sample was extracted for 1 h on a shaker and then centrifuged (1620 g, 5 min). The obtained extract was analyzed with the ELISA method according to the procedure described by Romer Labs. The content of ZEN was expressed as toxin weight (mg) per grain weight (kg).

Statistical analysis

Statistical analysis was performed using the XLSTAT Life Science package (Version 2021.3.1.1177, Lumivero, Denver, CO, USA). An analysis of variance was performed on the FHB index, maximal FHB index, and reductions of GWH, TKW, and test weight (XLSTAT: ANOVA procedure). The factors were: cultivar and rating date. Fisher's NIR multiple comparison test was used to compare the means for cultivars. The significance of differences between fractions for TKW, DON, and 3Ac-DON content was tested using the Kruskal-Wallis nonparametric test (XLSTAT: Comparison of k-samples procedure).

Results

The weather conditions in Radzików in 2020 were favorable for the development of *Fusarium* head blight. During the inoculation in early June, the average temperature was 16°C (minimum 10.7°C, maximum 21.6°C). After the inoculation,

the average temperature increased to 20.6°C (minimum 15.4°C, maximum 26.4°C). The total precipitation in the first two decades of June was 50 mm. In the third decade, the precipitation was low, but it occurred frequently. Overall, there were only 7 rainless days in June. In July, the rainfall was very low (total precipitation 11.6 mm). There were 11 days with rainfall. The temperature was lower than in June after the inoculation and averaged 19.2°C (minimum 12.2°C, maximum 26.4°C).

Wheat cultivars differ in their phenotype. Cultivars Muszelka and Kampana had short straws, Fregata was average and Turnia was tall (Table 1). Cultivars Fregata and Muszelka were flowering 3-4 days later than Turnia and Kampana. The average FHB indexes for Fregata and Turnia were FHBi = 20.7 % and FHBi = 21.8 %, respectively, and did not differ significantly. Maximal FHBi was higher for Turnia cultivar. The average FHB indexes for cultivars Muszelka and Kampana were FHBi = 56.0 % and FHBi = 57.3 %, respectively, and did not differ significantly. Maximal FHBis did not differ significantly for these cultivars. Cultivars Muszelka and Kampana have about twofold higher head infected than Turnia and Fregata. Reductions of yield components were lowest for cultivar Fregata and somewhat higher for Turnia. Cultivar Muszelka exhibited the highest yield component reduction despite the head infection being similar to that for Kampana.

The TKW ranged from 17.0 g for white shriveled kernels of cultivar Muszelka at 53.4 g for normal white kernels of Turnia (Table 2). Normal white kernels of resistant cultivars Fregata and Turnia had higher weight than healthy-looking kernels. On average TKW was highest for cultivar Turnia (42.8 g) and the lowest for Muszelka (22.6 g).

The percentage of healthy-looking kernels (HL+HLS) was the highest for cultivar Fregata,

Table 1
Tabela 1
Characteristics of phenotype and reaction to FHB of four winter wheat cultivars
Charakterystyka fenotypu i reakcji na fuzarioza kłosów czterech odmian pszenicy ozimej

Cultivar Odmiana	Flowering date ¹ Termin kwitnienia ¹	Height Wysokość (cm)	Disease incidence (%)	Disease severity (%)	FHB index Indeks FK (%)	Maximal FHBi ² Maksymalny IFK (%)	GWH ³ Redukcja MZK ³ (%)	TKW ⁴ Redukcja MTZ ⁴ (%)	Test weight reduction Redukcja masy ob-jetnościowej (%)
Fregata	45.0	109.3	76.7	26.7	20.7 a	36.0 a	57.7 a	24.4 a	11.1 a
Turnia	42.0	114.7	76.7	27.5	21.8 a	40.0 a	58.2 a	29.7 a	16.1 a
Muszelka	42.0	89.3	80.0	70.0	56.0 b	72.0 b	80.2 b	50.6 b	33.1 b
Kampana	41.5	85.0	80.0	71.7	57.3 b	72.0 b	71.3 b	37.1 b	26.5 b

¹ - number of days from May 1; ² - third rating; ³ - GWH – grain weight per head; ⁴ - TKW – thousand kernel weight; values marked with the same letter are not significantly different at p = 0.05 (analysis of variance, Fisher's LSD test)

¹ - liczba dni od 1 maja; ² - trzecia ocena; ³ - MZK – masa ziarna w kłosie; ⁴ - MTZ – masa tysięcy ziarniaków; wartości oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla α = 0,05 (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Table 2
Tabela 2

Thousand kernel weight of kernel fractions showing different levels of *Fusarium* damage and their contribution to whole samples of grain of four winter wheat cultivars
Masa tysiąca ziarniaków frakcji ziaren wykazujących różne stopnie uszkodzenia przez *Fusarium* i ich udział w całych próbach ziarna czterech odmian pszenicy ozimej

	Fregata	Turnia	Muszelka	Kampana
Fraction Frakcja	Thousand kernels weight TKW (g) Masa tysiąca ziarniaków (g)			
HL	38.8	48.9	36.5	45.9
HLS	23.1	22.5	26.6	24.9
NW	43.2	53.4	29.7	41.2
WS	21.5	25.2	17.0	20.2
Mean TKW Średnia MTZ	36.3	42.8	22.6	26.0

Contribution of kernel fraction to the whole sample Udział frakcji w całej próbce									
Fraction Frakcja	% of kernels % ziarniaków	% weight % masy	% of kernels % ziarniaków	% weight % masy	% of kernels % ziarniaków	% weight % masy	% of kernels % ziarniaków	% weight % masy	
HL	77.3	82.5	61.1	69.8	8.9	14.3	14.1	23.9	
HLS	4.3	2.8	12.0	6.3	31.4	36.8	24.8	24.2	
NW	6.4	7.7	12.3	15.3	7.2	9.3	5.1	8.0	
WS	11.9	7.0	14.6	8.6	52.5	39.5	56.0	43.9	

HL – healthy looking, HLS - healthy looking shriveled, NW – normal white, WS – white shriveled
HL – zdrowe, HLS – zdrowe pomarszczone, NW – normalne białe, WS – białe pomarszczone

and lower for Turnia which had a higher share of shriveled (HLS) kernels. For cultivars Muszelka and Kampana share of HL+HLS kernels was similar, however, Muszelka had more shriveled kernels than Kampana. Normal white kernels were found mainly in the grain sample of cultivar Turnia. Their number was lower in samples of resistant cultivar Fregata and susceptible cultivars Kampana and Muszelka.

Chemical analysis revealed the presence of DON and 3Ac-DON in analyzed samples. No 15AcDON or NIV were detected. The average

content of DON in the grain of low-susceptible cultivars was 7.673 and 11.004 mg/kg (Table 3). It was 44.602 and 50.991 mg/kg in the grain of highly susceptible ones. Most mycotoxins (55-75%) were accumulated in kernels described as white shriveled (WS). The DON concentration in these kernels was 70.515-108.116 mg/kg (Figure 1). From 15 to 33% of the total DON amount was found in normal white (NW) kernels. The DON concentration in this fraction was 15.343-23.841 mg/kg. The rest of DON was detected in healthy-looking (HL) and shriveled healthy-looking (HLS)

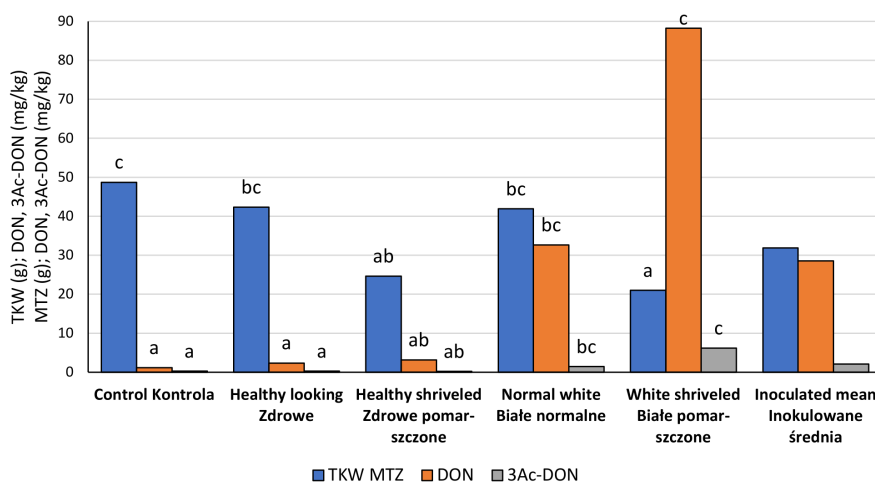


Figure 1. Average thousand kernel weight (TKW), DON, and 3Ac-DON content in the control grain and different fractions of the grain of four wheat cultivars inoculated with *F. culmorum*. Values marked with the same letter are not significantly different at $p = 0.05$ (Kruskal-Wallis test).

Rysunek 1. Średnia masa tysiąca ziaren (MTZ), zawartość DON i 3Ac-DON w ziarnie kontrolnym i różnych frakcjach ziarna czterech odmian pszenicy inokulowanych *F. culmorum*. Wartości oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (test Kruskala-Wallisa).

Table 3
Tabela 3The concentration of DON and 3Ac-DON in kernel fractions of four winter wheat cultivars
Zawartość DON i 3Ac-DON we frakcjach ziarniaków czterech odmian pszenicy ozimej

Sample description Opis próby	DON (mg/kg)	3Ac-DON (mg/kg)	DON/3Ac-DON ratio Współczynnik DON/3Ac-DON
Fregata control / kontrola	0.681	0	-
Fregata HL and HLS	0.921	0.161	5.9
Fregata NW	15.343	1.020	15.0
Fregata WS	81.424	4.653	17.5
Fregata inoculated – mean / inokulowane - średnia	7.673	0.533	14.4
Turnia control / kontrola	0.737	0.771	0.9
Turnia HL	1.600	0.622	2.6
Turnia HLS	2.722	0.233	12.0
Turnia NW	23.841	0.981	24.4
Turnia WS	70.515	4.593	15.4
Turnia inoculated – mean / inokulowane - średnia	11.004	0.990	11.1
Muszelka control / kontrola	1.630	0	-
Muszelka HL	2.321	0.073	33.1
Muszelka HLS	3.464	0.171	20.4
Muszelka NW	62.423	2.502	25.0
Muszelka WS	108.116	9.324	11.6
Muszelka inoculated – mean / inokulowane - średnia	50.991	4.037	12.7
Kampana control / kontrola	1.635	0.241	6.8
Kampana HL	4.633	0.127	38.6
Kampana HLS	3.210	0.112	29.2
Kampana NW	29.021	1.132	25.7
Kampana WS	92.957	6.174	15.1
Kampana inoculated – mean / inokulowane - średnia	44.602	2.821	15.8

HL – healthy looking, HLS – healthy looking shriveled, NW – normal white, WS – white shriveled
HL – zdrowe, HLS – zdrowe pomarszczone, NW – normalne białe, WS – białe pomarszczone

kernels. The content of acetylated derivatives of DON increased along with the increase in the level of kernel infection, from about 0.073-0.622 mg/kg in healthy grain (HL, HLS) to 0.981-2.502 mg/kg in NW kernels and 4.593-9.324 mg/kg in WS kernels.

The DON/3Ac-DON ratio was the lowest for WS kernels (14.9) where considerable amounts of 3Ac-DON were detected (Table 3). For the other fractions (HL, HLS, NW) ratios were similar amounting to 20.0, 20.5, and 22.5. respectively. However, for HL kernels the ratio was high for susceptible cultivars (35.9) and low for resistant (4.2). In the other fractions, the variability of the ratio was low.

ZEN was only detected in normal white kernels (NW) and white shriveled (WS) in inoculated samples, at levels of 0.070 mg/kg and 0.341-0.721 mg/kg, respectively. The level of ZEN in healthy-looking kernels (HL, HLS) was below the limit of detection.

In HL fractions of Fregata and Turnia, about 25% of kernels emitted light when exposed to a UV lamp (Table 4, Figure 2). The amount of DON in the UV(+) fraction was three times higher (3.148 mg/kg) than in the UV(-) fraction (0.706 mg/kg). In the UV(+) fraction of Fregata grain, the amount of 3Ac-DON was low. However, in the UV(+) fraction of Turnia, it was significantly higher.

Table 4
Tabela 4

The concentration of DON and 3Ac-DON in two fractions of healthy-looking kernels (HL) of Fregata and Turnia cultivars
Zawartość DON i 3Ac-DON w dwóch frakcjach zdrowych ziarniaków (HL) odmian Fregata i Turnia

Sample description Opis próby	Contribution to the whole sample (% weight) Udział w całej próbce (% masy)	DON (mg/kg)	3Ac-DON (mg/kg)	DON/3Ac-DON
Fregata HL UV(-)	79.1	0.371	0.144	2.6
Fregata HL UV(+)	20.9	3.014	0.241	12.5
Turnia HL UV(-)	75.0	1.040	0.522	2.0
Turnia HL UV(+)	25.0	3.282	0.915	3.6

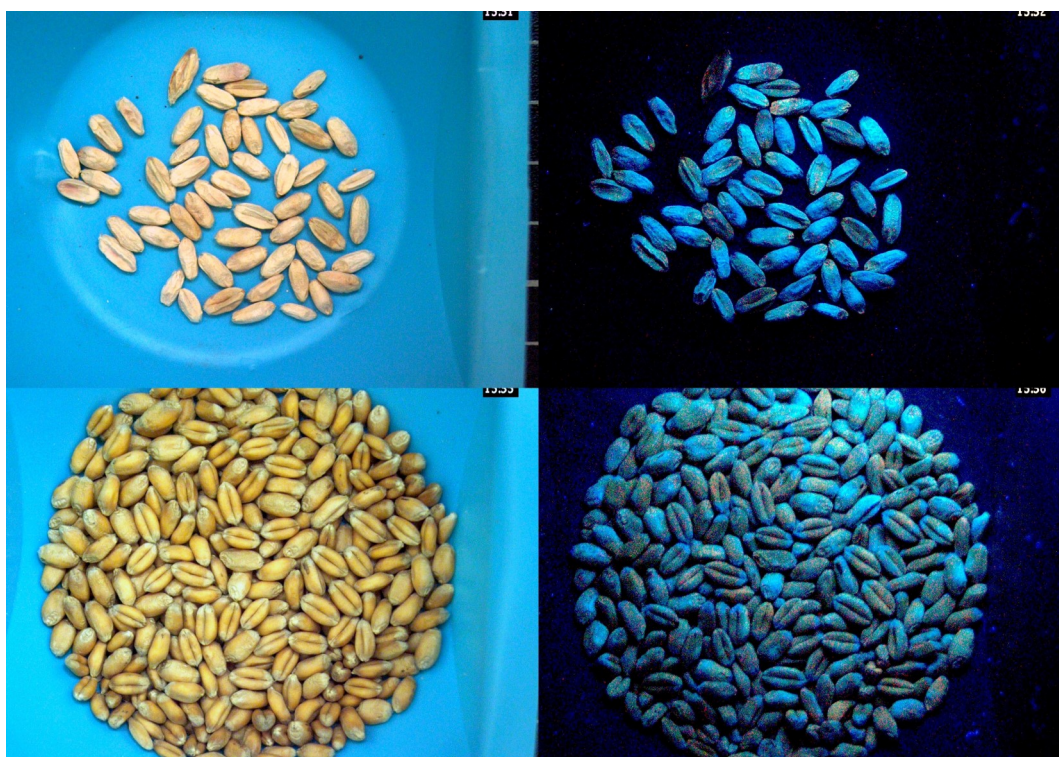


Fig. 2. Normal white kernels (NW) (top) and healthy-looking kernels (HL) (bottom) of the Turnia cultivar in visible and UV light

Rys. 2. Ziarniaki normalnej wielkości przebarwione (NW) (górze) i zdrowe ziarniaki (HL) (dół) odmiany Turnia w świetle widzialnym i świetle UV

Discussion

There was a significant variation in the severity of Fusarium head blight (FHB) between the two cultivar groups, leading to a marked difference in the level of kernel damage. This finally resulted in significant differences in the levels of DON and 3Ac-DON present. The data from the literature showed a correlation between the degree of infection of the heads and grains of triticale and wheat and the content of mycotoxins (Buerstmayr and Lemmens, 2015; Paul et al., 2006, 2005). This was confirmed by the author's research on winter wheat and triticale, in which higher correlations were obtained between the degree of kernel damage than the degree of head infection and the content of DON (Góral et al., 2019). For both cereals, the strength of the correlations varied depending

on the environment. However, this variability was more pronounced in triticale (Góral et al., 2021; Mesterházy et al., 1999).

The content of mycotoxins, especially DON, in the most severely damaged kernels, was similar to the values obtained during the growth of isolates of *F. culmorum* and *F. graminearum* used for inoculation in wheat as a solid medium (Ochodzki and Góral, 2006). This is in line with other reports, showing that the smallest kernels are the most contaminated with mycotoxins (Beyer et al., 2010). However, it is surprising that the 'normal white' kernels (NW) that also contained a high concentration of DON were also the heaviest among the fractions examined.

The kernels defined as healthy also contained mycotoxins at or above the maximum permitted level by the European Union (Anonymous, 2006).

It was the effect of a severe infection of the heads and kernels after inoculation with *Fusarium*. It was possible to separate this fraction into two subsamples according to the light emittance in UV light. About 20-25% of kernels emitted light and this subsample contained more than 3 mg/kg of DON. The remaining kernels contained much lower DON comparable to the DON amount in control kernels.

Our results showed that in a sample of grain obtained from FHB-infected cereal the most infected kernels are the main source of *Fusarium* toxins. In our experiment concentration of total DON and 3Ac-DON in healthy (or healthy-looking) kernels was 16-47 times lower than in visible damaged kernels. This fact can be used to reduce the contamination of the grain sample by removing infected kernels with the highest mycotoxin content. Brodal et al. (2020) investigated the possibility of reducing oat grain contamination with T-2 and HT-2 toxins, DON, and enniatins. Grain sorting consisted of removing the smallest grains. This resulted in a reduction in T-2/HT-2 content by 44%, DON by 24%, and enniatin by 44%. At the same time, it should be noted that the small reduction in the content of DON resulted from the fact that the fraction of large kernels contained significant amounts of this toxin. On average, in small cocci, the concentration of DON was twice as high. For T-2/HT-2 toxins, it was from 4 to 8, depending on the year of testing.

In their review paper, Cheli et al. (2013) investigated the effectiveness of different sorting methods in removing mycotoxins from wheat grains. For DON it was from 7 to 63%, for T-2 and HT-2 above 50%, and for ZEN from 7 to 40%. Manual sorting, size-based sorting, and gravity sorting were used. A paper published in 2018 by Peng et al. (2018) also reviewed the results of various studies and cleaning of wheat grain samples. In the case of DON, the mycotoxin removal efficiency was up to 89% using gravity separation (Tibola et al., 2016). For T-2/HT-2 toxins, this efficacy was up to 100, but scouring and polishing were also used in addition to sorting (Lancova et al., 2008). Interestingly, in this study, the efficiency of removing DON was lower (about 50%) than in the work cited above.

Schaarschmidt and Fauhl-Hassek (2018) presented another review. They summarized several papers on reducing the content of mycotoxins (DON, NIV, ZEN, T-2/HT2). A very wide variation in efficiency was observed for DON, ranging from 5% to almost 90%. The authors draw atten-

tion to the possibility of sorting kernels not only based on size and density but also based on discoloration of kernels damaged by *Fusarium*. For example, the cited paper (Neuhof et al., 2008) shows that most of the toxins (DON, NIV, ZEN) were found in the kernels defined as "red", which corresponds approximately to the WS fraction in this work. The authors also distinguished the "shrunken" (=HSW) and "white" (=NW) fractions. In both of these fractions, the toxin content was slightly higher than in the unsorted sample. Contrary to the results of our work, no high content of toxins was observed in the "white" fraction. It should be added, however, that the content of DON in the unsorted sample was 0.16 mg/kg (much below the limit of 1.25 mg/kg), while in our study it was 25.57 mg/kg.

The results suggest that sorting grain solely based on grain size and density may not effectively remove kernels contaminated with *Fusarium* mycotoxins. Some kernels may contain significant amounts of mycotoxins, despite no reduction in size or density according to this study's results. A possible solution to this problem involves utilizing infrared, visible light, and UV spectroscopy, as well as hyperspectral imaging (Alisaac et al., 2019; Kautzman et al., 2015; Nadimi et al., 2023; Ollier et al., 2018; Peiris et al., 2010; Siuda et al., 2006). These methods use variations in the coloration of kernels under the influence of *Fusarium* infection or differences in light reflectance between damaged (or toxin-contaminated) kernels and sound kernels. They can be used in the construction of real-time sorters of cereal kernels (Chavez et al., 2023; Delwiche, 2008; Pascale et al., 2022; Tatzer et al., 2005).

Conclusions

- 1) Different levels of DON were detected in grain fractions with varying degrees of *Fusarium* damage.
- 2) The highest concentration of DON was found in the most severely damaged (white shriveled kernels). This fraction contains 54% to 91% of the total DON present in the grain sample.
- 3) A significant amount of DON was found in discolored normal-sized kernels of similar thousand kernel weight to that of healthy kernels.
- 4) In a subset of healthy kernels, those emitting light under UV light had three times higher levels of DON compared to those not emitting.

References

- Alisaac, E., Behmann, J., Rathgeb, A., Karlovsky, P., Dehne, H.-W., Mahlein, A.-K., 2019. Assessment of *Fusarium* infection and mycotoxin contamination of wheat kernels and flour using hyperspectral imaging. *Toxins* 11, 556. <https://doi.org/10.3390/toxins11100556>
- Anonymous, 2006. Commission Regulation (EC) No 1881/2006 of 19 December 2006 setting maximum levels for certain contaminants in foodstuffs. *Off. J. Eur. Union* L364, 5–24.

- Argyris, J., Van Sanford, D., TeKrony, D., 2003. *Fusarium graminearum* infection during wheat seed development and its effect on seed quality. *Crop Sci.* 43, 1782–1788. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1782>
- Bakker, M.G., Brown, D.W., Kelly, A.C., Kim, H.S., Kurtzman, C.P., McCormick, S.P., O'Donnell, K.L., Proctor, R.H., Vaughan, M.M., Ward, T.J., 2018. *Fusarium* mycotoxins: a trans-disciplinary overview. *Can. J. Plant Pathol.* 40, 161–171. <https://doi.org/10.1080/07060661.2018.1433720>
- Beyer, M., Pogoda, F., Ronellenfisch, F.K., Hoffmann, L., Udelhoven, T., 2010. Estimating deoxynivalenol contents of wheat samples containing different levels of *Fusarium*-damaged kernels by diffuse reflectance spectrometry and partial least square regression. *Int. J. Food Microbiol.* 142, 370–4. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2010.07.016>
- Bottalico, A., Perrone, G., 2002. Toxigenic *Fusarium* species and mycotoxins associated with head blight in small-grain cereals in Europe. *Eur. J. Plant Pathol.* 108, 611–624. <https://doi.org/10.1023/a:1020635214971>
- Boutigny, A.-L., Richard-Forget, F., Barreau, C., 2008. Natural mechanisms for cereal resistance to the accumulation of *Fusarium* trichothecenes. *Eur. J. Plant Pathol.* 121, 411–423. <https://doi.org/10.1007/s10658-007-9266-x>
- Brodal, G., Aamot, H.U., Almvik, M., Hofgaard, I.S., 2020. Removal of small kernels reduces the content of *Fusarium* mycotoxins in oat grain. *Toxins* 12. <https://doi.org/10.3390/toxins12050346>
- Buerstmayr, H., Lemmens, M., 2015. Breeding healthy cereals: genetic improvement of *Fusarium* resistance and consequences for mycotoxins. *World Mycotoxin J.* 8, 591–602. <https://doi.org/10.3920/wmj2015.1889>
- Buerstmayr, H., Lemmens, M., Berlakovich, S., Ruckenbauer, P., 1999. Combining ability of resistance to head blight caused by *Fusarium culmorum* (W.G. Smith) in the F₁ of a seven parent diallel of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 110, 199–206. <https://doi.org/10.1023/a:1003757002052>
- Chavez, R.A., Opit, G., Opoku, B., Stasiewicz, M.J., 2023. Spectral kernel sorting based on high-risk visual features associated with mycotoxin contamination reduces aflatoxin and fumonisin contamination in maize from Ghana. *Food Control* 151, 109788. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2023.109788>
- Cheli, F., Pinotti, L., Rossi, L., Dell'Orto, V., 2013. Effect of milling procedures on mycotoxin distribution in wheat fractions: A review. *LWT - Food Sci. Technol.* 54, 307–314. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2013.05.040>
- Delwiche, S.R., 2008. High-speed bichromatic inspection of wheat kernels for mold and color class using high-power pulsed LEDs. *Sens. Instrum. Food Qual. Saf.* 2, 103–110. <https://doi.org/10.1007/s11694-008-9037-1>
- Dowell, F.E., Ram, M.S., Seitz, L.M., 1999. Predicting scab, vomitoxin, and ergosterol in single wheat kernels using near-infrared spectroscopy. *Cereal Chem.* 76, 573–576. <https://doi.org/10.1094/cchem.1999.76.4.573>
- Foroud, N.A., Eudes, F., 2009. Trichothecenes in cereal grains. *Int. J. Mol. Sci.* 10, 147–173. <https://doi.org/10.3390/ijms10010147>
- Góral, T., Walentyn-Góral, D., 2018. Zróżnicowanie podatności odmian pszenicy ozimej i jarej na fuzariozę kłosów badanych w latach 2009–2016. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 284, 3–11. <https://doi.org/10.37317/biul-2018-0001>
- Góral, T., Wiśniewska, H., Ochodzki, P., Nielsen, L.K., Walentyn-Góral, D., Stępień, Ł., 2019. Relationship between *Fusarium* head blight, kernel damage, concentration of *Fusarium* biomass, and *Fusarium* toxins in grain of winter wheat inoculated with *Fusarium culmorum*. *Toxins* 11, 2. <https://doi.org/10.3390/toxins11010002>
- Góral, T., Wiśniewska, H., Ochodzki, P., Twardawska, A., Walentyn-Góral, D., 2021. Resistance to *Fusarium* head blight, kernel damage, and concentration of *Fusarium* mycotoxins in grain of winter triticale (x *Triticosecale* Wittmack) lines. *Agronomy* 11, 16. <https://doi.org/10.3390/agronomy11010016>
- Góral, T., Wiśniewska, H., Ochodzki, P., Walentyn-Góral, D., Kwiatek, M., 2013. Reaction of winter triticale breeding lines to *Fusarium* head blight and accumulation of *Fusarium* metabolites in grain in two environments under drought conditions. *Cereal Res. Commun.* 41, 106–115. <https://doi.org/10.1556/crc.2012.0028>
- Goswami, R.S., Kistler, H.C., 2004. Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crops. *Mol. Plant Pathol.* 5, 515–525. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2004.00252.X>
- György, A., Tóth, B., Varga, M., Mesterhazy, A., 2020. Methodical considerations and resistance evaluation against *Fusarium graminearum* and *F. culmorum* head blight in wheat. part 3. Susceptibility window and resistance expression. *Microorganisms* 8. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8050627>
- Ji, F., He, D., Olaniran, A.O., Mokoena, M.P., Xu, J., Shi, J., 2019. Occurrence, toxicity, production and detection of *Fusarium* mycotoxin: a review. *Food Prod. Process. Nutr.* 1, 1–14. <https://doi.org/10.1186/s43014-019-0007-2>
- Kautzman, M.E., Wickstrom, M.L., Scott, T.A., 2015. The use of near-infrared transmittance kernel sorting technology to salvage high-quality grain from grain downgraded due to *Fusarium* damage. *Anim. Nutr.* 1, 41–46. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2015.02.007>
- Lancova, K., Hajslova, J., Kostelanska, M., Kohoutkova, J., Nedelnik, J., Moravcova, H., Vanova, M., 2008. Fate of trichothecene mycotoxins during the processing: milling and baking. *Food Addit. Contam. Part A. Chem. Anal. Control. Expo. Risk Assess.* 25, 650–659. <https://doi.org/10.1080/026520307016660536>
- Liu, W., Langseth, W., Skinnies, H., Elen, O.N., Sundheim, L., 1997. Comparison of visual head blight ratings, seed infection levels, and deoxynivalenol production for assessment of resistance in cereals inoculated with *Fusarium culmorum*. *Eur. J. Plant Pathol.* <https://doi.org/10.1023/A:1008693213656>
- Mesterhazy, A., 1995. Types and components of resistance to *Fusarium* head blight of wheat. *Plant Breed.* 114, 377–386. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1995.tb00816.x>
- Mesterházy, Á., Bartók, T., Mirocha, C.G., Komoróczy, R., 1999. Nature of wheat resistance to *Fusarium* head blight and the role of deoxynivalenol for breeding. *Plant Breed.* 118, 97–110. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.1999.118002097.x>
- Miedaner, T., 1997. Breeding wheat and rye for resistance to *Fusarium* diseases. *Plant Breed.* 116, 201–220. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1997.tb00985.x>
- Nadimi, M., Saccon, F.A.M., Elrewayny, A., Parcey, D., Sherif, S.S., Paliwal, J., 2023. Investigation of *Fusarium* damage in wheat using hyperspectral imaging: An independent component analysis approach. *J. Near Infrared Spectrosc.* <https://doi.org/10.1177/09670335231202258>
- Neuhof, T., Koch, M., Rasenko, T., Nehls, I., 2008. Distribution of trichothecenes, zearalenone, and ergosterol in a fractionated wheat harvest lot. *J. Agric. Food Chem.* 56, 7566–71. <https://doi.org/10.1021/jf800971q>
- Ochodzki, P., Góral, T., 2006. Production of mycotoxins by selected *Fusarium graminearum* and *F. culmorum* isolates cultured on rice and wheat, in: Conference Papers of 28. Mykotoxin-Workshop. Bydgoszcz, Poland, 29-31 May, p. 73.

- Ollier, M., Talle, V., Brisset, A.-L., Le Bihan, Z., Duerr, S., Lemmens, M., Goudemand, E., Robert, O., Hilbert, J.-L., Buerstmayr, H., 2018. Whitened kernel surface: A fast and reliable method for assessing *Fusarium* severity on cereal grains by digital picture analysis. *Plant Breed.* <https://doi.org/10.1111/pbr.12667>
- Pascale, M., Logrieco, A.F., Lippolis, V., De Girolamo, A., Cervellieri, S., Lattanzio, V.M.T., Ciasca, B., Vega, A., Reichel, M., Graeber, M., Slettengren, K., 2022. Industrial-scale cleaning solutions for the reduction of *Fusarium* toxins in maize. <https://doi.org/10.3390/toxins14110728>
- Paul, P.A., Lipps, P.E., Madden, L. V., 2006. Meta-analysis of regression coefficients for the relationship between *Fusarium* head blight and deoxynivalenol content of wheat. *Phytopathology* 96, 951–961. <https://doi.org/10.1094/phyto-96-0951>
- Paul, P.A., Lipps, P.E., Madden, L. V., 2005. Relationship between visual estimates of *Fusarium* head blight intensity and deoxynivalenol accumulation in harvested wheat grain: A meta-analysis. *Phytopathology* 95, 1225–1236. <https://doi.org/10.1094/phyto-95-1225>
- Peiris, K.H.S., Pumphrey, M.O., Dong, Y., Maghirang, E.B., Berzonsky, W., Dowell, F.E., 2010. Near-infrared spectroscopic method for identification of *Fusarium* head blight damage and prediction of deoxynivalenol in single wheat kernels. *Cereal Chem.* 87, 511–517. <https://doi.org/10.1094/cchem-01-10-0006>
- Peng, W.X., Marchal, J.L.M., van der Poel, A.F.B., 2018. Strategies to prevent and reduce mycotoxins for compound feed manufacturing. *Anim. Feed Sci. Technol.* 237, 129–153. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2018.01.017>
- Perkowski, J., Kiecana, I., Kaczmarek, Z., 2003. Natural occurrence and distribution of *Fusarium* toxins in contaminated barley cultivars. *Eur. J. Plant Pathol.* 109, 331–339. <https://doi.org/10.1023/A:1023547210060>
- Schaarschmidt, S., Fauhl-Hassek, C., 2018. The fate of mycotoxins during the processing of wheat for human consumption. *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.* 17, 556–593. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12338>
- Siuda, R., Balcerowska, G., Sadowski, C., 2006. Comparison of the usability of different spectral ranges within the near ultraviolet, visible and near-infrared ranges (UV-VIS-NIR) region for the determination of the content of scab-damaged component in blended samples of ground wheat. *Food Addit. Contam.* 23, 1201–1207. <https://doi.org/10.1080/02652030600699304>
- Tatzer, P., Wolf, M., Panner, T., 2005. Industrial application for inline material sorting using hyperspectral imaging in the NIR range. *Real-Time Imaging* 11, 99–107. <https://doi.org/10.1016/j.rti.2005.04.003>
- Tibola, C.S., Fernandes, J.M.C., Guarienti, E.M., 2016. Effect of cleaning, sorting and milling processes in wheat mycotoxin content. *Food Control* 60, 174–179. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.07.031>

Najnowsze doniesienia z zakresu biotechnologii i hodowli zbóż: CBB7 siódma konferencja Cereal Biotechnology and Breeding w Wernigerode, Niemcy

The latest news in the field of biotechnology and grain breeding: CBB7 – seventh Cereal Biotechnology and Breeding conference in Wernigerode, Germany

Krystyna Rybka 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB w Radzikowie

 k.rybka@ihar.edu.pl

W artykule omówiono wszystkie doniesienia ustne prezentowane na konferencji CBB7, poświęconej biotechnologii i hodowli zbóż, która odbyła się w pierwszej dekadzie listopada 2023 w Wernigerode, w Niemczech. Konferencji przewodniczył Profesor Andreas Börner, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) w Gatersleben, Niemcy, Prezes EUCARPIA a współprzewodniczącymi byli Węgrzy, Profesor János Pauk, Cereal Research Nonprofit Ltd. (Szeged) oraz Profesor Gábor Galiba, Agricultural Institute Centre for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). Konferencja obejmowała siedem bloków tematycznych: (1) Zasoby genetyczne dla ulepszenia roślin uprawnych, (2) Adaptacja środowiskowa, (3 i 4) Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikrobiom, (5) Poprawa wydajności i jakości plonu, (6) Bioinformatyka, genomika i edycja genomu, (7) Technologie fenotypowania, ogólnie oraz w ramach „Wheat Initiative” a także grupy roboczej ds. fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych (CEPPG – The Controlled Environment Plant Phenotyping Working Group). W artykule zebrano najnowszą bibliografię zespołów badawczych z których wywodzili się kolejni wykładowcy, w ramach poruszanych tematów (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

Słowa kluczowe: hodowla zbóż, plon, jakość, genetyka molekularna, genotypowanie, fenotypowanie

The article discusses all oral reports presented at the CBB7 conference on biotechnology and cereals breeding, which took place in the first decade of November 2023 in Wernigerode, Germany. The conference was chaired by Professor Andreas Börner, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Gatersleben, Germany, President of EUCARPIA and the co-chairs were Hungarians, Professor János Pauk, Cereal Research Nonprofit Ltd. (Szeged) and Professor Gábor Galiba, Agricultural Institute Center for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). The conference included seven thematic blocks: (1) Genetic resources for the improvement of crop plants, (2) Environmental adaptation, (3 and 4) Biotic response to stress and plant-microbiome interactions, (5) Improving yield and quality of crops, (6) Bioinformatics, genomics and genome editing, (7) Phenotyping technologies, in general and within the Wheat Initiative and the working group for plant phenotyping under controlled conditions (CEPPG – The Controlled Environment Plant Phenotyping working Group). The article collects the latest bibliography of the research teams presenting lectures during the conference, within the topics discussed (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

Keywords: cereal breeding, yield, quality, molecular genetics, genotyping, phenotyping

Wstęp

W pierwszej dekadzie listopada 2023 odbyły się w Wernigerode, w Niemczech, dwie konferencje zorganizowane przy współudziale Sekcji Zbóż EUCARPIA, Europejskiego Stowarzyszenia Badań nad Hodowlą Roślin: 7th CBB (Conference on Cereal Biotechnology and Breeding) oraz konferencja satelitarna 18th EWAC (europejska konferencja w ramach współpracy w zakresie genetyki zbóż). Konferencji przewodniczył Prezes EUCARPIA Profesor Andreas Börner, Instytut im. Leibniza (IPK) w Gatersleben, Niemcy, a współprzewodniczącymi byli Węgrzy, Profesor János Pauk, Cereal Research Non profit Ltd. (Szeged) oraz Profesor Gábor Galiba, Agricultural Institute Centre for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). Program obejmował szeroki zakres zagadnień z zakresu genetyki, hodowli i biotech-

nologii zbóż. Ostatni dzień konferencji był poświęcony zagadnieniu automatycznego fenotypowania roślin, głównie w warunkach kontrolowanych. Niniejszy artykuł zawiera przegląd wystąpień konferencyjnych oraz listę najnowszych publikacji naukowych (w tematyce wystąpienia) zespołów badawczych z których wywodzili się wykładowcy (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

W konferencji uczestniczyli naukowcy z 24 krajów, z całego świata: z Austrii, Bułgarii, Czech, Danii, Francji, Niemiec, Węgier, Włoch, Litwy, Holandii, Polski, Rumunii, Szwecji, Szwajcarii, Ukrainy i Wielkiej Brytanii, a także z Turcji, Izraela, Indii, Australii, Nowej Zelandii, Nigerii, Argentyny, USA i z Kanady. Z Polski przyjechali naukowcy z Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, ze Szczecina z Instytutu Technologiczno-

Przyrodniczego-PIB i Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego, z Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB w Radzikowie, z Poznania z Uniwersytetu Przyrodniczego oraz z Instytutu Genetyki Roślin PAN a także hodowcy z Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR oraz z Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o. Wygłoszono dziewięć półgodzinnych wykładów plenarnych oraz trzydzieści cztery dwudziestominutowe wykłady w ramach siedmiu sesji: (1) Zasoby genetyczne dla ulepszania roślin uprawnych, (2) Adaptacja środowiskowa, (3 i 4) Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikrobiom, (5) Poprawa wydajności i jakości plonu, (6) Bioinformatyka, genomika i edycja genomu, (7) Technologie fenotypowania, ogólnie oraz w ramach *Wheat Initiative* a także grupy roboczej ds. fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych (CEPPG-*The Controlled Environment Plant Phenotyping Working Group*). Sesja posterowa obejmowała trzydzieści plakatów.

Sesja 1. Zasoby genetyczne dla ulepszania roślin uprawnych (*Genetic Resources for Crop Improvement*)

Otwierający wykład plenarny, na zaproszenie Organizatorów, wygłosił Martin Mascher z Instytutu Genetyki Roślin i Badań Roślin Uprawnych im. Leibniza (IPK) w Gatersleben, pt.: „Pangenomika roślin uprawnych na przykładzie jęczmienia”. Pangenomika to relatywnie nowa dziedzina genetyki/biologii molekularnej, która rozwinęła się w związku z powstaniem technik sekwencjonowania nowej generacji (NGS, *next-generation sequencing*), zapewniających dużą przepustowość i szybkość procesu. Termin pangenom, dla określenia supergenomu bakteryjnego wprowadził Tettelin i wsp. (2005). Oznacza pełen zestaw genów danego gatunku, występujących w DNA wszystkich osobników poddanych sekwencjonowaniu (tzw. geny rdzeniowe) oraz genów zmiennych, obecnych w DNA niektórych osobników (Hurgobin i Edwards, 2017). Służy do wizualizacji podobieństw i różnic między blisko spokrewnionymi osobnikami, jest wykorzystywany w badaniach zmienności konkretnego genomu, ustalenia stopnia poziomego transferu genów (HGT, *horizontal gene transfer*), a także do zrozumienia różnic pomiędzy fenotypami (Snipen i Usery, 2010). Dr Mascher podsumował prace zespołu IPK: przedstawił reprezentatywny zestaw genów rdzeniowych dla pangenomu jęczmienia, składanie sekwencji referencyjnych w skali chromosomów oraz warianty strukturalne powiązane z cechami agronomicznymi (Mascher, 2023, Monat i in. 2019, Jayakodi i in. 2020, Jayakodi i in. 2021). Wykładowca wskazał również na konieczność opracowania interfejsów pangenomowych, zapewniających łatwy dostęp hodowcom i genetykom do metadanych sekwencji genomów wielu

osobników danego gatunku lub wyższej jednostki taksonomicznej.

Następnie István Molnár przedstawił prace w zakresie krzyżowań oddalonych pszenicy z dzikim żytem *Secale*, z *Agropyron* i z *Aegilops* wspomagane technikami molekularnymi i cytogenetycznymi, prowadzone w Centrum Badań Rolniczych w Martonvasar na Węgrzech oraz w Instytucie Botaniki Eksperymentalnej w Ołomuńcu w Czechach. W ramach prowadzonych prac zidentyfikowano wiele nowych linii z delecjami, translokacjami, addycjami i substytucjami chromosomów z dzikich gatunków, które charakteryzowały się, m.in. podniesioną odpornością na choroby oraz wyższym plonem. Wykładowca wykazał, że markerowanie DArTseq, które nie wymaga wstępnej informacji o sekwencji genomu, nadaje się do tworzenia map genetycznych o wysokiej rozdzielczości a w połączeniu z technikami GISH (*genomic in situ hybridization*) i FISH (*fluorescence in situ hybridization*) ułatwiło introgresję genów do pszenicy (Szakács i in. 2023, Molnar-Lang i in. 2015).

Martin Ganal, zaprezentował mikromacierze SNP (SNP-arrays) do genotypowania zbóż, zoptymalizowane przez zespół SGS Institut Fresenius GmbH z Gatersleben (SGS IF TG) (Ganal i in. 2023, Ganal i in. 2012).

Matías Schierenbeck z IPK omówił wyniki czteroletnich doświadczeń polowych realizowanych w IPK i w Narodowym Uniwersytecie La Plata w Argentynie zrealizowanych pod kątem oceny wpływu genów *Rht*, warunkujących karłowatość pszenicy, na wyrzucanie pylników i skuteczność krzyżowań, w aspekcie hodowli odmian hybrydowych. Wykazano ujemną korelację pomiędzy wysokością roślin (warunkowaną różnymi allelami *Rht*), a liczbą wyrzucanych pylników i ich długością, które są ważnymi cechami dla produkcji nasion hybrydowych. Wskazano, że w programach hodowli pszenicy hybrydowej należy szukać innych źródeł karłowatości/odporności na wyleganie, niż geny *Rht* (Schierenbeck i in. 2023).

Kilka wykładów dotyczyło wytwarzania podwojonych haploidów (DH) drogą kultur *in vitro*, na czym, w ostatnich latach opiera się hodowla wielu gatunków zbóż. Mimo rozwijających się metod z zastosowaniem markerów molekularnych oraz zautomatyzowanego fenotypowania, ciągle androgeniza indukowana *in vitro* jest najbardziej efektywną metodą biotechnologiczną stosowaną w praktycznej hodowli. Zastosowanie metod kultur *in vitro* w celu poprawy wydajności uzyskiwania linii podwojonych haploidów (DH) o zdefiniowanych cechach, zaprezentowała Pooja Satpathy (IPK), pokazując wyniki ukierunkowanej mutagenyzy jęczmienia prowadzonej w celu określenia warunków indukcji haploidów (Satpathy i in. 2021, Satpathy i in. 2023). Janusz Zimny z IHAR-PIB Radzików przedstawił wyniki wskazujące, że

możliwe jest utrwalenie i przenoszenie cechy zdolności do androgenyzy do elitarnych linii żyta (Zimny i in. 2023). Sekwencjonowanie RNA, pochodzącego z dwóch puli genotypów, o niskiej i wysokiej zdolności do androgenyzy, a następnie analiza uzyskanych transkryptomów pozwoliły na wytypowanie sekwencji odpowiedzialnych za badaną cechę. Janos Pauk przedstawił badania, które doprowadziły do wytworzenia dietetycznej pszenicy. Dieta FODMAP najczęściej zalecana jest pacjentom z zespołem jelita drażliwego (IBS). Polega na wyeliminowaniu produktów zawierających łatwo fermentujące i słabo wchłaniane węglowodany. FODMAP to skrót od „*Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols*”. Niski poziom fruktanów reprezentuje orkisz (*Triticum spelta*). Krzyżowania pszenicy zwyczajnej z orkiszem zakończono wyselekcjonowaniem 820 linii podwojonych haploidów, a z nich 16 linii o niskim poziomie fruktanów. Uzyskano w efekcie mąkę o bardzo dobrej wypiekowości, przydatną do wypieku chleba dietetycznego (FOOFMAP).

Sesję zakończyła Barno Rezaeva prezentując możliwość poprawy profilu kwasów tłuszczowych w odmianie uprawnej lnianki (*Camelina sativa* L.) metodami transformacji za pośrednictwem *Agrobacterium* i edycji genomu (Rezaeva i in. 2023).

Sesja 2. Adaptacja środowiskowa (*Environmental Adaptation*)

Sesję drugą rozpoczął, zaproszony przez organizatorów, Mesut Keser z ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*, <https://www.icarda.org/>) z Turcji prezentując Międzynarodowy Program Doskonalenia Pszenicy Ozimej (*International Winter Wheat Improvement Program*, IWWIP, <https://www.iwwip.org/>), wspólny program Turcji, Międzynarodowego Ośrodka Uszlachetniania Kukurydzy i Pszenicy (CIMMYT, hiszp.: *Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo*, <https://www.cimmyt.org/>) i ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*, <https://www.icarda.org/>) działający w Turcji od 1986 roku, a mający na celu opracowywanie materiałów wyjściowych do hodowli pszenicy ozimej i ich światową dystrybucję (Keser 2023, Morgounov i in. 2016).

Następnie Ildikó Karsai z Węgier zaprezentował wyniki mapowania asocjacyjnego parametrów związanych z plonowaniem pszenicy, rejestrowanych w warunkach polowych w pięciu fazach rozwojowych (od pojawienia się pierwszego kolanka do pełnego ukształtowania kłosa), i markerów SNP (Illumina) celem określenia wpływu genu wrażliwości na fotoperiod (PPD-D1) w adaptacji do warunków środowiskowych i tworzeniu plonu (Karsai i in. 2023, Horváth i in. 2023).

Roi Ben-David z Izraela, przedstawił prace prowadzone we współpracy z CIMMYT, dotyczące roli polisacharydów strukturalnych występujących w źdźbłach oraz cukrów rozpuszczalnych uczestniczących w wypełnianiu ziarna pszenicy w warunkach niedoboru wody i wysokiej temperatury (Blum 1998, Saint Pierre i in. 2010, Ntawuguranayo i in. 2023). Prelegent odwołał się do prac nestora badań nad suszą, Dr Abrahama Bluma z Izraela (<https://plantstress.com/abraham-blum/>).

Christian Hertig z IPK przedstawił wyniki badań dotyczących „speed breeding” oraz „speed vernalization”. Skrócenie czasu uzyskiwania kolejnych pokoleń w hodowli ssd (single seed descent) jest uzyskiwane przez wydłużenie czasu dziennej ekspozycji roślin na światło w połączeniu z wczesnym zbiorem nasion, aby skrócić cykl od nasiona do nasiona, co sprawdza się w hodowli gatunków długiego dnia (LD) lub u gatunków neutralnych pod względem fotoperiodu (Ghosh i in. 2018). Skrócenie czasu wernalizacji zbóż ozimych o dwa tygodnie osiągnięto prowadząc wernalizację w warunkach krótkiego dnia, w temp. +10°C, podczas gdy w standardowych warunkach słabego światła: 8/16 h dzień/noc, temp. +2/+4°C proces ten trwa osiem tygodni. Możliwe jest dalsze skrócenie wernalizacji poprzez różne metody kiełkowania nasion, jednakże podkreślono konieczność prowadzenia dalszych badań (Hertig i Kumlehn 2023, Cha i in. 2022).

Gábor Galiba, z Centrum Badań Rolniczych na Węgrzech, (*Eötvös Loránd Research Network*, ELKH, <https://www.earto.eu/member/elkh-eotvos-lorand-research-network/>) omówił wpływ różnych alleli genu karłowatości *Rht* na regulowaną światłem aklimatyzację do chłodu u pszenicy i jęczmienia (cold acclimation), natomiast Péter Borbély, z tego samego zespołu badawczego, zwrócił uwagę na specyficzną rolę światła niebieskiego w indukowanej światłem aklimatyzacji do chłodu u jęczmienia. Obydwa wystąpienia prezentowały różne aspekty opublikowanych ostatnio wyników (Borbély i in. 2023; Borbély i in. 2022, Ahres i in. 2023, Kovács i in. 2020, Ahres i in. 2021, Kameniarová i in. 2022, Kotilainen i in. 2020).

Guy Golan z IPK przedstawił wyniki badań szklarniowych nad wpływem interakcji między genotypem a środowiskiem na alokację biomasy do liści, łodyg, kłosów oraz ziarna, prowadzonych na rekombinowanych liniach pszenicy (*Triticum* spp.) uprawianych w świetle słonecznym oraz w świetle symulującym zacielenie w łanie, wskazując na możliwość selekcji w kierunku tolerancji na zacielenie w łanie w warunkach szklarniowych (Golan i in. 2023 a, Golan i in. 2023 b).

Pierwszy dzień zamknęła Cordelia Dravitzki, z Uniwersytetu w Melbourne w Australii przedsta-

wiając zmiany w wernalizacji i reakcji fotoperiodycznej australijskiej pszenicy na podstawie danych z ostatnich 130 lat. (Bloomfield i in. 2023, Dravitzki i in. 2023).

Sesje 3 i 4. Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikroby (*Biotic Stress Response and Plant-Microbe Interaction*)

Sesja trzecia, dotycząca stresów biotycznych obejmowała trzy wykłady, w tym dwa plenarne. Zaproszeni wykładowcy: Beat Keller, przedstawił prace międzynarodowego zespołu (Szwajcaria, Niemcy, Hiszpania) zrealizowane w celu ustalenia genomów referencyjnych pszenicy oraz mączniaka prawdziwego, jako podstawy do identyfikacji genów zaangażowanych w interakcje żywiciel-patogen, a także atlasu genów odporności pszenicy (Hafez i in. 2021)/atlasu genów awirulencji patogenów (McIntosh i in. 1992), obejmujących białka specyficznie rozpoznawane przez patogeny (Keller i in. 2023, Dracatos i in. 2023, Gaurav i in. 2023). Yvan Moëgne-Loccoz z Uniwersytetu w Lyonie we Francji omówił prace francusko-niemieckiego zespołu dotyczące wpływu zmian ewolucyjnych w genomie pszenicy na interakcje roślina-mikrobiom ryzofery (Gruet i in. 2023a, Gruet i in. 2023b). Dejana Pankovic przedstawiła możliwość podniesienia odporności na rdzę jęczmienia oraz plamistość siatkową jęczmienia wywoływanych przez *Puccinia hordei* oraz *Pyrenophora teres* f. *teres*, dzięki kondycjonowaniu roślin jęczmienia (*priming*) przez bakterie Gram-ujemne (np *Ensifer meliloti*), a dokładniej dzięki zjawisku *Quorum Sensing* i wytwarzaniem przez bakterie cząsteczek sygnałnych takich jak lakton N-acylo-L-homoseryny (AHL), które podnoszą odporność rośliny (gospodarza) na patogen (Pankovic i in. 2023, Matros i in. 2022).

Sesja 5. Poprawa wydajności i jakości plonu (*Yield and Quality Improvement*)

Sesję czwartą, poświęconą wielkości i jakości plonów pszenicy otworzył zaproszony przez organizatorów, Hans-Joachim Braun z CIMMYT, emerytowany dyrektor Globalnego Programu Pszenicy, wykładem na temat tego gatunku i perspektyw hodowli w warunkach zmieniającego się klimatu (Braun 2023). Twinkal Lapasiya, przedstawił prace zespołów z Uniwersytetu Heinrich Heine w Düsseldorfie oraz Julius Kühn Institute w Saitz, (Niemcy) nad lokalizacją QTLi rozmiaru liści u jęczmienia, z wykorzystaniem populacji wielodzicielskich (*multi-parent populations*) (Lapasiya i in. 2023, Gao i in. 2023, Shrestha i in. 2022).

Arianna Frittelli z Włoch przedstawiła wyniki zastosowania technologii TILLING (Rybka 2009) do supresji genu *TdMRP3* kodującego białko transporterowe kwasów fitynowych do wakuoli w ziarnie, które wpływa na zmniejszenie zawartości

kwasu fitynowego i zwiększa akumulację składników odżywczych w ziarnie pszenicy twardej (Frittelli i in. 2023 a, Frittelli i n. 2023 b).

Dorota Weigt z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu omówiła strategię zwiększania wydajności uzyskiwania zielonych roślin podwojonych haploidów na drodze androgenyzy przez wprowadzenie zmian epigenetycznych (demetylację DNA i acetylację histonów) za pomocą modyfikacji składu pożywki indukującej. Do pożywki dodawano: 5-azacytydynę, 5-aza-2'-deoksycytydynę, zebularynę bądź trichostatynę A, w stężeniach 2,5 μM bądź 5 μM , na okres 2 lub 7 dni. Materiał do badań stanowiły cztery genotypy pszenicy chlebowej. Pożywki grupy kontrolnej nie były modyfikowane. W zrealizowanym doświadczeniu zaobserwowano różnice genotypowe oraz stwierdzono, że niższe stężenie modyfikatora chemicznego w ośrodku indukcyjnym przy dłuższym czasie ekspozycji pozwalały uzyskać większą liczbę zielonych regenerantów (Weigt i in. 2023).

Sesja 6. Bioinformatyka, genomika i edycja genomu (*Bioinformatics and Genome Editing*)

W sesji bioinformatycznej wykład plenarny dotyczył walidacji przewidywania wariacji genomu między potomstwami pszenicy ozimej na podstawie symulacji komputerowych i danych eksperymentalnych, a wygłosiła go Claire Oget-Ebrad z INRAE, Francja (*France's National Research Institute for Agriculture, Food and Environment*, <https://www.inrae.fr/en>) (Oget-Ebrad et al. 2023).

Alf Ceplitis, Lantmännen Agriculture, Svalöv, Szwecja przedstawił nowy chip SNP (7K) dla owsa jako narzędzie do genotypowania w celach naukowych i hodowlanych (Ceplitis 2023, Kamal i in. 2022, Peng i in. 2022, Tinker i in. 2014).

Następnie Xianran Li z Departamentu Rolnictwa Stanów Zjednoczonych (USDA) przedstawił BRIDGEcereal: aplikację internetową usprawniającą przeszukiwanie baz danych pangénomów zbóż i ich wizualizację (<https://bridgereal.scinet.usda.gov/>). Aplikacja BRIDGEcereal (dla pszenicy, kukurydzy, ryżu, sorgo i jęczmienia) może mieć potencjalnie duże znaczenie w przezwyciężeniu problemów wynikających z ograniczeń związanych z mapowaniem i katalogowaniem krótkich, polimorficznych odczytów, szczególnie w przypadku dużych insercji i delecji przyczyniających się do zmian fenotypowych poprzez zmianę struktury lub ekspresji genów (Zhang i in. 2023 a, Zhang i in. 2023 b).

Robert Hoffie przedstawił wykorzystanie technologii ukierunkowanej mutagenyzy CRISPR/Cas9 do edycji genów wrażliwości na wirusa żółtej mozaiki jęczmienia, BaYMV (*Barley yellow mosaic virus*) oraz wirusa łagodnej mozaiki jęczmienia, BaMMV (*barley mild mosaic virus*), w jęczmieniu ozimym oraz jarym w celu wygene-

rowania nowych alleli odporności (Hoffie i in. 2023a, 2023b; Hoffie i in. 2021; Hisano i in. 2021). Natomiast Iris Hoffie przedstawiła możliwość podniesienia odporności na rdzę (*Puccinia striiformis* oraz *Puccinia triticina*), a także na mączniaka (*Blumeria graminis*) u pszenicy oraz jęczmienia metodą ukierunkowanej mutagenazy w obrębie genu *STP13* kodującego białko transportujące heksozy (Hoffie i Kumlehn 2023, Moore i in. 2015).

Sesja 7. Technologie fenotypowania (*Phenotyping Technologies*)

Sesja dotycząca fenotypowania pokazała jak duży postęp uczyniono w ostatnich latach w automatycznym badaniu roślin. W ramach Programu Ramowego UE, HORIZON 2020, sfinansowana została sieć EPPN 2020 (European Plant Phenotyping Network), w celu zapewnienia dostępu do najnowocześniejszych obiektów, technik i metod oraz do wiedzy na temat gromadzenia i przetwarzania danych. Do tej sieci należało 13 placówek naukowych: Forschungszentrum Jülich, Germany (koordynator); Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Germany; Helmholtz Zentrum München, Germany; Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Germany; Institut National de la Recherche Agronomique, France; University of Nottingham, United Kingdom; Aberyswyth University, United Kingdom; Wageningen University and Research, The Netherlands; Aarhus University, Denmark; Hungarian Academy of Sciences, Hungary;

Global Change Research Centre, Czech Republic; Australian Plant Phenomics Facility, Australia; Phenom-Networks, Israel oraz 1 korporacja: Keygene Inc., The Netherlands (Rybka 2017). Na obecnie omawianej konferencji, wyniki realizowanych doświadczeń przedstawiło wielu z ówczesnych konsorcjantów. Wiele prac prezentowali członkowie bardzo silnej badawczej *Plant Reproductive Biology* (PRB) z IPK- Gatersleben, kierowanej przez doktora Jochen'a Kumlehn'a. Badania podstawowe realizowane przez tę grupę dotyczą transgenezy i edycji genomu, obejmują również manipulacje na żywych komórkach roślinnych (<https://www.ipk-gatersleben.de/en/research/physiology-and-cell-biology/plant-reproductive-biology>). Wyniki badań podstawowych są wykorzystywane w programach aplikacyjnych nakierowanych na podniesienie produktywności roślin uprawnych (zarówno ilości jak i jakości plonu). Główne aspekty tych programów, to: rozmnażanie płciowe i bezpłciowe roślin, udomawianie roślin dzikich, modyfikacje interakcji roślina-patogen oraz poprawa cech plonotwórczych. Grupa PRB utworzyła platformę edycji genomu w IPK i jest odpowiedzialna za jej rozwój i sprawne funkcjonowanie. W czasie konferencji, członkowie grupy prezentowali wyniki badań nie tylko w ramach Sesji 7 lecz także w pozostałych sesjach, co zostało, sukcesywnie omówione. Wyniki prezentowane w ramach Sesji 7, dla przejrzystości, zestawiono w formie tabelarycznej (Tabela 1).

Tabela 1
Table 1

Zestawienie wykładów zaprezentowanych w ramach sesji *Phenotyping Technologies* i ich tematyka. W tabeli podano nazwisko wykładowcy, instytucję macierzystą, infrastrukturę do fenotypowania oraz najnowszą bibliografię zespołów, w ramach prezentowanego tematu (data dostępu 28.12.2023).

List of lectures presented during the *Phenotyping Technologies* session and their most important theses. The table includes the name of the lecturer, home institution, phenotyping facilities and the latest publications of the teams within the presented topic (access date 28/12/2023).

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Thomas Altmann	Mapowanie asocjacyjne populacji 382 genotypów <i>Arabidopsis</i> hodowanych w warunkach kontrolowanych przy stałym lub zmiennym natężeniu światła. QTL zidentyfikowane w stałych reżimach światła były związane ze wzrostem i fotosyntezą. QTL charakterystyczne dla zmiennego światła związane były z fitochromami i procesami fizjologicznymi dostosowania się <i>Arabidopsis</i> do zmieniającego się światła. Założono, że konieczne jest prowadzenie eksperymentów fitotronowych w symulowanych warunkach "quasi-naturalnej" fluktuacji światła i temperatury. Udowodniono to w doświadczeniu z kukurydzą. https://www.ipk-gatersleben.de/en/research/molecular-genetics/automated-plant-phenotyping	IPK, Germany; automated plant phenotyping systems (APP): A- small size plants, B- medium plants, C- tall plants https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Heuermann i in. 2023 a, Heuermann i in. 2023 b, Knoch i in. 2023, Shi i in. 2023, Meyer i in., 2023
Alan Pauls	Wykorzystanie infrastruktury Phenovator do identyfikacji oparzeń (tipburn) liści sadzonek sałaty (uprawianej w hydroponice, w warunkach deficytu jonów Ca ²⁺) na podstawie zdjęć RGB, i parametru fluorescencji chlorofilu Fv/Fm, charakteryzującego wydajność kwantową fotosystemu II. Niedobór wapnia indukuje powstawanie zmian na liściach sadzonek sałaty, analogicznych do tych, które pojawiają się na liściach sałaty w warunkach naturalnych tuż przed zbiorami. Niemożność selekcji we wczesnych fazach rozwojowych powoduje spadek jakości i wartości rynkowej roślin. Zaprezentowane podejście jest sposobem rozwiązania tego problemu.	Uniwersytet Wageningen, The Netherlands: system Phenovator. WUR (Wageningen University & Research, https://www.wur.nl/en/wageningen-university.htm)	Flood i in. 2016, Pauls i in. 2023

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Andreas Hund	Przedstawiono koncepcję i dotychczasowe osiągnięcia programu "Global wheat" w zakresie zastosowania metod uczenia maszynowego w celu wytrenowania algorytmów do analizy obrazów RGB pszenicy. Zostało zgromadzone ~40 000 zdjęć RGB zarejestrowanych przez platformy do fenotypowania w warunkach polowych na całym świecie, w różnych fazach rozwojowych i poziomach stosowanej agrotechniki. W oparciu o manualną klasyfikację i dostępne metainformacje zostanie wybrany zróżnicowany podzbiór ~4000 zdjęć w celu oznaczenia wszystkich istotnych cech obserwowalnych w łanie pszenicy. Zbiór danych posłuży jako publiczny punkt odniesienia do uczenia i walidacji algorytmów uczenia maszynowego.	międzynarodowe konsorcjum Global wheat http://www.global-wheat.com/	Hund i in. 2023, Anderegg i in. 2023, Dandriofosse i in. 2022, Serouart i in. 2022
Salar Shaaf	Przedstawiono najnowsze osiągnięcia wysokoprzepustowej analizy obrazów w doświadczeniu oceny reakcji jęczmienia na suszę. Badano podzbiór 400 genotypów, HEB-400 (Halle Exotic Barley) wybranych w ramach projektu BRACE (Barley Response and Adaptation Changing Environments), które zostały szczegółowo scharakteryzowane w różnych warunkach naturalnych oraz na platformach fenotypowania w warunkach kontrolowanych. W dzikich formach jęczmienia identyfikowano allele sprzężone z tolerancją na suszę. W infrastrukturze IPK, APP-B (do fenotypowania roślin średnich rozmiarów) suszę indukowano indywidualnie dla każdej rośliny w fazie BBCH31. Wykazano, że parametr „bioobjętość” uzyskany na podstawie obrazu RGB, jest potencjalnym wskaźnikiem zastępczym biomasy, ponieważ umożliwia wyraźne rozróżnienie profili fenotypowych roślin poddanych wpływowi suszy i może stanowić podstawę wykrywania QTLi związanych z procesem wzrostu roślin w warunkach niedoboru wody.	Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Germany IPK, Germany; Infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Shaaf i in. 2023, Shaaf i in. 2019
Tsu Wei Chen	Warunki środowiskowe determinują wielkość plonu w sposób zależny od faz rozwojowych. Ponieważ efekty te są połączone z fenologią specyficzną dla odmiany, badania oddziaływań ze środowiskiem różnych genotypów mogą dać sprzeczne wyniki dotyczące kluczowych faz rozwojowych wpływających na plon. Przedstawiono wyniki analiz interakcji między genotypem a środowiskiem (nasłonecznienie, temperatura i opady) a plonem ziarna pszenicy ozimej, które wykonano dla 220 genotypów w 81 oknach czasowych w trakcie wzrostu roślin w warunkach polowych. Reakcje wrażliwości na bodźce środowiskowe były widoczne dla krótkich okien czasowych. Wykazano, że dokładna analiza interakcji między fenologią roślin, plonem a zmianami parametrów pogodowych jest niezbędna w gromadzeniu kompleksowych informacji dla hodowli i modelowania upraw zbóż.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Chen i in. 2023, Wang i in. 2023, Sabir i in. 2023
Mateo Bozzoli	Omówiono projekt H2020 "InnoVar", który ma na celu zwiększenie i poprawę skuteczności i dokładności europejskich testów odmian roślin uprawnych oraz podejmowania decyzji przy wykorzystaniu zintegrowanego podejścia obejmującego genomikę, fenomikę i uczenie maszynowe. Zaprezentowano wyniki badań europejskich pszenic chlebowych oraz pszenic twardych (dwa zestawy po ok. 270 odmian) w doświadczeniach polowych w 13 lokalizacjach przez 3 lata (2020–2023). Rejestrowano 30 cech wg europejskiego protokołu rejestracji odmian DUS CPVO oraz dodatkowo, za pomocą UAV, odpowiedź na choroby i indeksy wegetacyjne. Równolegle wykonano genotypowanie przy użyciu chipów Illumina oraz Select SNP 90K. Fenotypowanie UAV wykonano w 9 kluczowych stadiach rozwojowych pszenicy, uzyskując ponad 20 wskaźników wegetacyjnych, które wykorzystano do oszacowania parametrów dynamicznych związanych z: pokryciem terenu, akumulacją biomasy, poborem azotu i zawartością chlorofilu, tempem starzenia. Uzyskane wyniki poddano analizie GWAS (https://www.h2020innovar.eu/promising-results-from-the-phenotyping-studies-in-innovar-dustrials/).	University of Bologna, Italy https://www.h2020innovar.eu/	Bozzoli i in. 2023, Sánchez i Akdemir 2021, Vranic i in. 2022, Rio i in. 2022, https://www.h2020innovar.eu/scientific-publications/
Dagmar van Dusschoten	Przedstawiono wyniki badań systemu korzeniowego 8 linii rodzicielskich pszenicy populacji NIAB MAGIC, we wczesnych fazach rozwojowych, przy użyciu rezonansu magnetycznego (MRI). Rejestrowano 4 obrazy dziennie. Określono ilościowo wyraźne różnice fenotypowe pod względem strukturalnym (np. kąt korzenia, długość korzeni i liczba) i czasowym (np. czas pojawiania się korzeni, wschodów pędów). Początkowy kąt korzenia może być ważny dla głębokości ukorzenia na późniejszych etapach, co może potencjalnie wpłynąć na profile głębokości pobierania wody przez korzenie.	Institute for Bio- and Geosciences Plant Sciences (IBG-2), Forschungszentrum Jülich, Germany https://www.fz-juelich.de/en/ibg/ibg-2	van Dusschoten i in. 2023, Giraud i in. 2023, Müllers i in. 2023,

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Mercy Appiah	Przedstawiono wyniki wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia poddanego działaniu suszy w celu lepszego zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych. Eksperyment prowadzono przy użyciu czterech odmian jarych jęczmienia na zautomatyzowanej platformie umożliwiającej automatyczny pomiar przepływu wody w systemie gleba-roślina-atmosfera. Badane odmiany różniły się sposobem gospodarowania wodą: od transpirujących w stopniu maksymalnym do minimalizujących transpirację w trakcie narastania suszy. Wywnioskowano, że optymalny ideotyp warunkujący stabilne plonowanie w warunkach zagrożenia umiarkowanymi suszami, powinien charakteryzować się dynamicznymi zmianami w wykorzystaniu wody, w połączeniu z tolerancją na suszę zapewniającą dobrą regenerację rośliny po ustąpieniu stresu. Prace zrealizował międzynarodowy zespół, którego liderem był R. P. Rötter z University of Göttingen.	University of Göttingen, Germany; Hebrew University of Jerusalem, Israel; University of Helsinki, Finland, Uniwersytet Śląski, Polska https://www.uni-goettingen.de/en/48115.html ; https://www.plant-ditech.com/ , https://www.helsinki.fi/en/infrastructures/national-plant-phenotyping/	Appiah i in. 2023 a, Appiah i in. 2023 b, Appiah i in. 2023 c
Ahossi Patrice Koua	Przedstawiono wyniki doświadczenia prowadzonego w celu zrozumienia podstaw efektywności wykorzystania azotu (NUE) przez pszenicę, w warunkach suszy. Doświadczenie realizowano z wykorzystaniem 200 odmian. Oceniano zmienność genetyczną cech związanych z efektywnością wykorzystania azotu oraz reakcją aparatu fotosyntetycznego na suszę w celu identyfikacji QTLi metodami GWAS. Zidentyfikowano 27 QTLi związanych z reakcją na suszę oraz 10 QTLi związanych z efektywnością wykorzystania azotu. Analiza haplotypów ujawniła dwa regiony na chromosomach 1B i 5A różniące badane materiały w warunkach niedoboru wody i azotu. Analiza in silico wskazała na gen kodujący białko szoku termicznego. Po walidacji markery molekularne znalezionych QTLi będzie można stosować jako markery diagnostyczne do badań przesiewowych w kierunku identyfikacji genotypów efektywnie wykorzystujących azot i tolerancyjnych na suszę u pszenicy.	University of Bonn, Germany https://www.aol.uni-bonn.de/en/research/phenet ; https://www.phenorob.de/index.html	Koua i in. 2023 a, Koua i in. 2023 b, Kambona i in. 2023 a, Kambona i in. 2023 b, Siddiqui i in. 2020
Fenotypowanie w ramach grupy roboczej CePPG (Controlled Environment Plant Phenotyping), fenotypowanie roślin w warunkach kontrolowanych	Fenotypowanie w ramach grupy roboczej CePPG (Controlled Environment Plant Phenotyping), fenotypowanie roślin w warunkach kontrolowanych	https://www.plant-phenotyping.org/index.php?index=682	https://www.plant-phenotyping.org/index.php?index=682
Eyal Fridman	Zaprezentowano wyniki doświadczeń prowadzonych w celu wyjaśnienia roli chloroplastów i mitochondriów w kontroli cyklu okołodobowych i ich związku z tolerancją roślin na stresy abiotyczne. Do realizacji doświadczeń na jęczmieniu wykorzystano platformę fenomiki SensyPAM w połączeniu z doświadczeniami polowymi. W oparciu o pangenom jęczmienia, zidentyfikowano loci zegara okołodobowego, które kontrolują utratę jego plastyczności w populacjach uprawnych, w porównaniu z dzikimi. Zidentyfikowano allele genomu chloroplastu, modulujące plastyczność zegara w jęczmieniu i ich powiązanie z allelami jądrowymi. Plejotropowy wpływ na kondycję roślin w warunkach polowych wskazał na konieczność opracowania zaawansowanej populacji mapującej dla przed-hodowlanej selekcji materiałów oraz modelowania fenomiki jęczmienia w różnych środowiskach.	System Phenome-network, Izrael https://phenome-networks.com/en/ ; https://www.sensypam.com/	Bdolach i in. 2023, Hübner i in. 2009, Prusty i in. 2021, Bdolach i in. 2019
Karin Köhl	Przedstawiono wyniki doświadczeń, w których oceniano w systemie zautomatyzowanym odpowiedzi ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> ssp. <i>tuberosum</i>) na suszę, szukając markerów fenotypowych tolerancji na niedobory wody. Testowaniu poddano 63 genotypy o zróżnicowanej odpowiedzi fenotypowej na suszę. Populacja walidacyjna obejmowała 13 genotypów z populacji testowej oraz 7 odmian spoza zbioru testowego. Skaner laserowy stale monitorował wzrost pędów, aby oszacować takie cechy jak wysokość rośliny, powierzchnia liści i ruch liści. Analiza statystyczna uzyskanych wyników wyróżniła powierzchnię liści, wysokość rośliny pod koniec wzrostu wegetatywnego i kąt liścia przed południem jako najważniejsze cechy przewidywania klasy tolerancji genotypów ziemniaka na suszę. Analiza regresji wielokrotnej danych pochodzących z bardziej zróżnicowanej genetycznie populacji walidacyjnej potwierdziła, że parametry powierzchni i położenia liści są predykcyjnymi cechami tolerancji ziemniaka na suszę.	Max Planck-Institute of Molecular Plant Physiology, Germany https://www.mpimp-golm.mpg.de/5692/facilities	Köhl i in. 2023 a, Köhl i in. 2023 b, Haas i in. 2020, Sprenger i in. 2018,

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Rongli Shi	Zautomatyzowaną platformę do fenotypowania części naziemnej i korzeni wykorzystano do oceny dynamiki wzrostu wegetatywnego korzeni i pędów pięciu linii wsobnych kukurydzy i czterech mieszańców, a także reakcji pięciu linii wsobnych na narastającą suszę. Wyniki wykazały, że większy (heterozja) wigor u mieszańców obserwowano zarówno w korzeniach i jak i pędach. W przypadku niedoboru wody dynamika wzrostu korzeni była wyższa niż pędów. Podczas gdy całkowita objętość korzeni uległa znacznemu zmniejszeniu w ciągu 10 dni od początku trwania suszy, szacowana objętość biologiczna pędów uległa znacznemu zmniejszeniu dopiero ok. 6 dni później. W ramach projektu DROMAMED wykorzystano wiele zautomatyzowanych, wysokowydajnych urządzeń do fenotypowania, aby zbadać mechanizmy fizjologiczne i morfologiczne związane z odpornością kukurydzy na suszę i stres związany z wysoką temperaturą w kontrolowanych warunkach środowiskowych. Do eksperymentów bezstresowych (kontrolnych) i stresowych (susza i upał) wykorzystano wybrany zestaw genotypów z obszaru Morza Śródziemnego. Fenotypowanie korzeni podzbioru tych linii przeprowadzono w systemie PhenoSphere Rhizotron. Na podstawie wyników tych badań wybrano podzbiór linii i przeprowadzono dalsze dokładne fenotypowanie w symulowanych warunkach terenowych w systemie PhenoSphere_PhenoCrane.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Shi i in. 2023 a, Shi i in. 2023 b, Narisetti i in. 2019
Ricardo Giehl	Przedstawiono wyniki doświadczenia realizowanego na zautomatyzowanej platformie ryzotronowej zainstalowanej w zautomatyzowanym fitotronie, PhenoSphere, w IPK, w celu poznania zmian strukturalnych (plastyczności) korzeni jęczmienia w zależności od czasowych i przestrzennych zmiany dostępności azotu w ryzofere. Manipulowano przestrzennym rozkładem N w ryzotronach, rejestrując trajektorie wzrostu oraz rozwój korzeni. Aby zbadać, które zmiany w architekturze korzeni są powiązane ze zwiększonym poborem azotu, znaczniki izotopowe rozmieszczono w określonych częściach ryzotronów, a ich stężenie oceniono w pędach. Stwierdzono, że korzenie jęczmienia wykazują silną, lokalną reakcję na obecność nawozu azotowego, zwiększając boczny rozwój korzeni mających bezpośredni kontakt z nawozem i zmniejszając rozgałęzienia korzeni w innych miejscach. Taki sposób realizacji doświadczenia jest obecnie stosowany do analizy architektury systemu korzeniowego i akumulacji N w genotypach jęczmienia z kolekcji Banku Genów z IPK. Jednorazowo screening można prowadzić na 200 osobnikach. Zidentyfikowano dużą zmienność fenotypową kilku cech korzeni, a w przypadku niektórych cech dynamicznych, takich jak wydłużenie korzenia nasiennego, wykryto dodatnią korelację z pozyskiwaniem azotu. Uzyskane wyniki pomogą w mapowaniu czynników genetycznych leżących u podstaw różnorodności fenotypowej systemów korzeniowych jęczmienia i ich reakcji na azot.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Giehl i in. 2023 a, Jia i in. 2023, Huang i in. 2023, Jia i in. 2022
Jasper Kröbmann	Przedstawiono dwa równoległe wykorzystywane systemy do fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych. Badano rośliny pszenicy w stadium siewki w aspekcie odporności na rdzę liści i tolerancji na suszę. System Macrobot to procedura oparta na rejestracji i interpretacji obrazów; system Plantarray (DiTech) służy do ilościowego określania wzorców transpiracji roślin w warunkach stresu. Oprócz objawów reakcji na stres, oznaczano również przyrost biomasy. Przedstawiono wstępne dane z realizowanego doświadczenia, które pozwalają na ocenę cech niemożliwych do pomiaru w warunkach polowych. Integracja tych systemów umożliwiła kompleksową ocenę badanych materiałów.	Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Resistance Research and Stress Tolerance, Quedlinburg, Germany https://www.julius-kuehn.de/en/	Kröbmann i in., 2023, Varekhina i in. 2022, Zetzsche i in. 2019, Beukert i in. 2021, Pfrieme i in. 2022, Lück i in. 2020

Podziękowania

Dziękuję Redaktorowi Wiodącemu oraz Szanownym Recenzentom za pracę włożoną w korektę mojego manuskryptu.

Udział w konferencji został sfinansowany przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, jako Dotacja Celowa dla IHAR-PIB, w Obszarze 3: Hodowla i nasiennictwo roślin uprawnych, Zadanie 3.5: Wyodrębnienie form roślin uprawnych o podniesionej odporności na okresowe niedobory wody.

Literatura

- Ahres, M., Pálmai, T., Gierczik, K., Dobrev, P., Vanková, R., Galiba, G. (2021). The Impact of Far-Red Light Supplementation on Hormonal Responses to Cold Acclimation in Barley. *Biomolecules*, 11, 450. <https://doi.org/10.3390/biom11030450>
- Ahres, M., Pálmai, T., Kovács, T., Kovács, L., Lacey, J., Vankova, R., Galiba, G., Borbély, P. (2023). The Effect of White Light Spectrum Modifications by Excess of Blue Light on the Frost Tolerance, Lipid- and Hormone Composition of Barley in the Early Pre-Hardening Phase. *Plants*, 12, 40. <https://doi.org/10.3390/plants12010040>
- Anderegg, J., Zenkl, R., Walter, A., Hund, A., McDonald, B.A. (2023). Combining High-Resolution Imaging, Deep Learning, and Dynamic Modeling to Separate Disease and Senescence in Wheat Canopies. *Plant Phenomics*, 5, 0053. <https://doi.org/10.34133/plantphenomics.0053>
- Appiah, M., Abdulai, I., Schulman, A., Moshelion, M., Dewi, E., Daszkowska-Golec, A., ..., Rötter, R. P. (2023 b). Drought response of water-conserving and non-conserving spring barley cultivars. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1247853. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1247853>
- Appiah, M., Abdulai, I., Schulman, A., Moshelion, M., Dewi, E., Daszkowska-Golec, A., ..., Rötter, R. P. (2023 a). Using high-throughput functional phenotyping to increase understanding of plasticity of drought response behavior in barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 67.
- Appiah, M., Bracho Mujica, G., Costa Resende Ferreira, N., Schulman, A., Rötter, R. P. (2023 c). Projected impacts of sowing date and cultivar choice on the timing of heat and drought stress in spring barley grown along a European transect. *Field Crops Research*, 291, 108768. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108768>
- Bdolach, E., Prusty, M. R., Faigenboim-Doron, A., Filichkin, T., Helgerson, L., Schmid, K. J., Greiner, S., Fridman, E. (2019). Thermal plasticity of the circadian clock is under nuclear and cytoplasmic control in wild barley. *Plant Cell Environ.*, 42, 3105–3120. <https://doi.org/10.1111/pce.13606>
- Bdolach, E., Prusty, M. R., Tiwari, L. D., Bodenheime, S., Doron-Feigenbaum, A., Yamamoto, E., Kashkush, K., Fridman, E. (2023). Phenomics of clock and growth plasticity in barley: a tango of two genomes. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 75.
- Beukert, U., Pfeiffer, N., Ebmeyer, E., Hinterberger, V., Lueck, S., Serfling, A., Ordon, F., Schulthess, A.W., Reif, J.C. (2021). Efficiency of a Seedling Phenotyping Strategy to Support European Wheat Breeding Focusing on Leaf Rust Resistance. *Biology*, 10, 628. <https://doi.org/10.3390/biology10070628>
- Bloomfield, M.T., Celestina, C., Hunt, J.R., Huth, N., Zheng, B., Brown, H., ..., Trevaskis, B. (2023). Vernalisation and photoperiod responses of diverse wheat genotypes. *Crop and Pasture Science*, 74, 405-422. <https://doi.org/10.1071/CP22213>
- Blum, A. (1998). Improving wheat grain filling under stress by stem reserve mobilisation. *Euphytica*, 100, 77–83. <https://doi.org/10.1023/A:1018303922482>
- Borbély, P., Gasperl, A., Pálmai, T., Ahres, M., Asghar, M.A., Galiba, G., Müller, M., Kocsy, G. (2022). Light Intensity- and Spectrum-Dependent Redox Regulation of Plant Metabolism. *Antioxidants*, 11, 1311. <https://doi.org/10.3390/antiox11071311>
- Borbély, P., Tahmasebi, Z., Pálmai, T., Ahres, M., Galiba, G. (2023). Evaluating the wavelength specific role of blue light in light-induced cold acclimation of barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 42-43.
- Bozzoli, M., Bruschi, M., Carvalho, H. F., Sánchez, J. I., Ruggeri, M., Meriggi, D., ..., Maccaferri, M. (2023). Remote sensing for plant breeding and variety characterization. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 68.
- Braun, H.-J. (2023). Wheat for 9 billion people. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 24.
- Ceplitis A. (2023). A new 7K SNP array for oats (*Avena sativa*) provides an efficient and informative genotyping tool for research and breeding. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 57.
- Cha, J.-K., O'Connor, K., Alahmad, S., Lee, J.-H., Dinglasan, E., Park, H., ..., Dixon, L. E. (2022). Speed vernalization to accelerate generation advance in winter cereal crops. *Molecular Plant*, 15, 1300-1309. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.06.012>
- Chen, T.-W. (2023). Combining models, standardized experimental setup and specialized protocols to achieve physiological phenotyping in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 69.
- Dandrifosse, S., Carlier, A., Dumont, B., Mercatoris, B. (2022). In-Field Wheat Reflectance: How to Reach the Organ Scale? *Sensors*, 22, 3342. <https://doi.org/10.3390/s22093342>
- Dracatos, P. M., Lu, J., Sánchez-Martín, J., Wulff, B. B. H. (2023). Resistance that stacks up: engineering rust and mildew disease control in the cereal crops wheat and barley. *Plant Biotechnology Journal*, 21, 1938-1951. <https://doi.org/10.1111/pbi.14106>
- Dravitzki, C., Fournier-Level, A., Celestina, C., Hyles, J., Zheng, B., Trevaskis, B., Hunt, J. (2023). Changes in Vernalisation and Photoperiod Response in Australian Wheat Over 130 years. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 44.
- Flood, P.J., Kruijer, W., Schnabel, S.K., van der Schoor, R., Jalink, H., Snel, J. F. H., Harbinson, J., Aarts, M. G. M. (2016). Phenomics for photosynthesis, growth and reflectance in *Arabidopsis thaliana* reveals circadian and long-term fluctuations in heritability. *Plant Methods* 12, 14 (2016). <https://doi.org/10.1186/s13007-016-0113-y>
- Frittelli, A., Botticella, E., Masci, S., Palombieri, S., Celletti, S., Fontanella, M. C., ..., Sestili F. (2023 a). Development and characterization of durum wheat lpa mutants by modulating the accumulation of phytic acid. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 54.
- Frittelli, A., Botticella, E., Palombieri, S., Masci, S., Celletti, S., Fontanella, M., ..., Sestili, F. (2023 b). The suppression of TdMRP3 genes reduces the phytic acid and increases the nutrient accumulation in durum wheat grain. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1079559, <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1079559>

- Ganal, M. W., Plieske, J., Gross, T., Polley, A., Grafahrend-Belau, E., Kulosa, D., Gnad, H. (2023). Optimized SNP arrays for genotyping cereals. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 32.
- Ganal, M. W., Polley, A., Graner, E. M., Plieske, J., Wieseke, R., Luerssen, H., Durstewitz, G. (2012). Large SNP arrays for genotyping in crop plants. *Journal of Biosciences*, 37(5), 821-8. <https://doi.org/10.1007/s12038-012-9225-3>
- Gao, Y., Stein, M., Oshana, L., Zhao, W., Matsubara, S., Stich, B. (2023). Exploring natural genetic variation in photosynthesis-related traits of barley in the field. *bioRxiv*, 2023.2012.2004.569890. <https://doi.org/10.1101/2023.12.04.569890>.
- Gaurav, K., Arora, S., Silva, P., Sánchez-Martín, J., Horsnell, R., Gao, L., ..., Wulff B. B. H. (2022). Population genomic analysis of *Aegilops tauschii* identifies targets for bread wheat improvement. *Nature Biotechnology*, 40, 422-431, <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01058-4>
- Ghosh, S., Watson, A., Gonzalez-Navarro, O., Ramirez-Gonzalez, R., Yanes, L., Mendoza-Suárez, M., ..., Hickey, L. T. (2018). Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nature Protocols*, 13, <https://doi.org/10.1038/s41596-018-0072-z>
- Giehl, R. F. H., Forster, M., Narisetti, N., Schnurbusch, T., Mascher, M., Gladilin, E., ..., von Wirén, N. 2023. Tracking dynamic root responses to nitrogen in barley with an automated rhizotron platform. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 76.
- Giraud, M., Le Gall, S., Harings, M., Javaux, M., Leitner, D., Meunier, F., ..., Schnepf, A. (2023). CPlantBox: a fully coupled modelling platform for the water and carbon fluxes in the soil–plant–atmosphere continuum, *in silico Plants*, 5(2), diad009. <https://doi.org/10.1093/insilicoplants/diad009>
- Golan, G., Abbai, R., Schnurbusch, T. (2023). Exploring the trade-off between individual fitness and community performance of wheat crops using simulated canopy shade. *Plant, Cell & Environment*, 46, 3144–3157. <https://doi.org/10.1111/pce.14499>
- Golan, G., Weiner, J., Zhao, Y., Schnurbusch, T. (2023). Agroecological genetics of allometry and allocation plasticity of wheat to light limitations. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 47.
- Gruet, C., Abrouk, D., Börner, A., Muller, D., Moënnelocoz, Y. (2023). Wheat genome architecture influences interactions with phytobeneficial microbial functional groups in the rhizosphere. *Plant, Cell & Environment*, 46, 1018-1032. <https://doi.org/10.1111/pce.14508>
- Gruet, C., Catry, A., Prigent-Combaret, C., Börner, A., Muller, D., Moënnelocoz, Y. (2023 a). Impact of wheat evolutionary history on interactions with microorganisms in the rhizosphere. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 28.
- Haas, M., Sprenger, H., Zuther, E., Peters, R., Seddig, S., Walther, D., ..., Köhl, K. (2020). Can Metabolite- and Transcript-Based Selection for Drought Tolerance in *Solanum tuberosum* Replace Selection on Yield in Arid Environments? *Frontiers in Plant Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01071>
- Hafeez, A.N., Arora, S., Ghosh, S., Gilbert, D., Bowden, R. L., Wulff, B. B. H. (2021). Creation and judicious application of a wheat resistance gene atlas. *Molecular Plant*, 14, 1053–1070.
- Hertig, C. W., Kumlehn, J. (2023). Accelerated induction of reproductive development in winter wheat to shorten the generation time in breeding programs. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 48.
- Heuermann, M. C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023 a). Natural plant growth and development achieved in the IPK PhenoSphere by dynamic environment simulation. *Nature Communications*, 14. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41332-4>
- Heuermann, M. C., Meyer, R. C., Junker, A., Knoch, D., Weigelt-Fischer, K., Tschiersch, H., ..., Altmann, T. (2023 b). Needs and opportunities of field-like environment simulation for indoor plant phenotyping and performance assessment. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 23.
- Hisano, H., Abe, F., Hoffie, R. E., Kumlehn, J. (2021). Targeted genome modifications in cereal crops. *Breeding Science*, 71, 405–416. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21019>
- Hoffie, I., Kumlehn, J. (2023). Generation of new allelic diversity for durable rust resistance of wheat and barley by editing *SUGAR TRANSPORT PROTEIN 13*. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 58-59.
- Hoffie, R. E., Habekuß, A., Perovic, D., Hoffie, I., Otto, I., Kumlehn, J. (2023). Targeted mutagenesis for virus resistance in barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 60.
- Hoffie, R. E., Perovic, D., Habekuß, A., Ordon, F., Kumlehn, J. (2023). Novel Resistance to the Bymovirus BaMMV established by Targeted Mutagenesis of the PDIL5-1 Susceptibility Gene in Barley. *Plant Biotechnology Journal*, 21(2), 331–341. <https://doi.org/10.1111/pbi.13948>
- Hoffie, R. E., Otto, I., Perovic, D., Budhagatapalli, N., Habekuß, A., Ordon, F., Kumlehn, J., Targeted Knock-out of Eukaryotic Translation Initiation Factor 4E Confers Bymovirus Resistance in Winter Barley. *Frontiers in Genome Editing*, 3, 784233. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2021.784233>
- Horváth, Á., Kiss, T., Berki, Z., Horváth, Á. D., Balla, K., Cseh, A., Veisz, O., Karsai, I. (2023). Effects of genetic components of plant development on yield-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under stress-free conditions. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1070410. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1070410>
- Huang, Y., Maurer, A., Giehl, R. F. H., Zhao, S., Golan, G., Thirulogachandar, V., ..., Schnurbusch, T. (2023). Dynamic phytomeric growth contributes to local adaptation in barley. *bioRxiv*, 2023.2006.2002.543309. <https://doi.org/10.1101/2023.06.02.543309>
- Hübner, S., Höffken, M., Oren, E., Haseneyer, G., Stein, N., Graner, A., Schmid, K., Fridman, E. (2009). Strong correlation of wild barley (*Hordeum spontaneum*) population structure with temperature and precipitation variation. *Mol Ecol.*, 7, 1523-1536. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04106.x>
- Hund, A., Andereg, J., Samatan, L. B., Chapman, S., Carlier, A., Chen, Z., ..., Zazueta, C. R. (2023). Global wheat full semantic segmentation dataset. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 70-71.
- Hurgobin, B., Edwards, D. (2017). SNP Discovery Using a Pangenome: Has the Single Reference Approach Become Obsolete? *Biology*, 6, 21. <https://doi.org/10.3390/biology6010021>

- Jayakodi, M., Padmarasu, S., Haberer, G., Bonthala, V. S., Gundlach, H., Monat, C., ..., Stein, N. (2020). The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature*, 588, 284–289. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>
- Jayakodi, M., Schreiber, M., Stein, N., Mascher, M. (2021). Building pan-genome infrastructures for crop plants and their use in association genetics. *DNA Research*, 28(1), 1–9. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa030>
- Jia, Z., Giehl, R. F. H., Hartmann, A., Estevez, J. M., Bennett, M. J., & von Wirén, N. (2023). A spatially concerted epidermal auxin signaling framework steers the root hair foraging response under low nitrogen. *Current Biology*, 33(18), 3926–3941.e3925. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.08.040>
- Jia, Z., Giehl, R. F. H., von Wirén, N. (2022). Nutrient-hormone relations: Driving root plasticity in plants. *Molecular Plant*, 15(1), 86–103. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.12.004>
- Kamal, N., Tsardakas Renhuldt, N., Bentzer, J., Gundlach, H., Haberer, G., Juhász, A., ..., Sirijovski, N. (2022). The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. *Nature*, 606, 113–119. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04732-y>
- Kambona, C.M., Koua, P.A., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Intergenerational and transgenerational effects of drought stress on winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Physiologia Plantarum*, 175(4), e13951. <https://doi.org/10.1111/ppl.13951>
- Kambona, C.M., Koua, P.A., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Stress memory and its regulation in plants experiencing recurrent drought conditions. *Theor Appl Genet*, 136, 26. <https://doi.org/10.1007/s00122-023-04313-1>
- Kameniarová, M., Černý, M., Novák, J., Ondrisková, V., Hrušková, L., Berka, M., Vankova, R., Brzobohatý, B. (2022). Light Quality Modulates Plant Cold Response and Freezing Tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 13, 887103. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.887103>
- Karsai, I., Horváth, A., Berki, Z., Horváth, H. D., Balla, K., Cseh, A., Kiss, T. (2023). Effect of PPD-D1, photoperiod sensitivity gene on yield related traits under stress-free conditions in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 49–50.
- Keller, B., Müller, M., Kunz, L., Carol, P., Yue, L., Herger, A., Sanchez-Martin, J. (2023). Molecular diversity in the resistance interactions of wheat and its fungal pathogens. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 25.
- Keser, M. (2023). Contribution of wheat landraces to wheat breeding and their current status in Türkiye. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 26.
- Knoch, D., Meyer, R. C., Heuermann, M. C., Riewe, D., Peleke, F. F., Szymański, J., ..., Altmann, T. (2023). Integrated multi-omics analyses and genome-wide association studies reveal prime candidate genes of metabolic and vegetative growth variation in canola. *Plant Journal*, <https://doi.org/10.1111/tbj.16524>
- Köhl, K. I., Aneley, G. M., Haas M. (2023 a). Can selection on phenotypic traits replace selection for yield in arid environments? 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 74.
- Köhl, K.I.; Aneley, G.M.; Haas, M. (2023 b). Finding Phenotypic Biomarkers for Drought Tolerance in *Solanum tuberosum*. *Agronomy*, 13, 1457. <https://doi.org/10.3390/agronomy13061457>
- Kotilainen, T., Aphalo, P. J., Brelsford, C. C., Böök, H., Devraj, S., Heikkilä, A., ..., Robson, T. M. (2020). Patterns in the spectral composition of sunlight and biologically meaningful spectral photon ratios as affected by atmospheric factors. *Agricultural and Forest Meteorology*, 291, 108041. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2020.108041>
- Koua, A. P., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Genome-wide scan and haplotype analysis identified candidate loci for nitrogen use efficiency under drought conditions in winter wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 73.
- Koua, A. P., Siddiqui, M. N., Heß, K., Klag, N., Kambona, C. M., Duarte-Delgado, D., ..., Ballvora, A. (2023). Genome-wide dissection and haplotype analysis identified candidate loci for nitrogen use efficiency under drought conditions in winter wheat. *The Plant Genome*, e20394, 1–20. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20394>
- Kovács, T., Ahres, M., Pálmai, T., Kovács, L., Uemura, M., Crosatti, C., Galiba, G. (2020). Decreased R:FR Ratio in Incident White Light Affects the Composition of Barley Leaf Lipidome and Freezing Tolerance in a Temperature-Dependent Manner. *Int. J. Mol. Sci.*, 21, 7557. <https://doi.org/10.3390/ijms21207557>
- Krößmann, J., Serfling, A., Stahl, A. 2023. Digital assessment of leaf rust resistance and water use in wheat (*Triticum aestivum* L.) at the seedling stage. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 79.
- Lapasiya, T., Gao, Y., Shrestha, A., Stich, B. (2023). Genetic analysis of flag leaf size diversity in a multi-parent population of barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 33.
- Lück, S., Strickert, M., Lorbeer, M., Melchert, F., Backhaus, A., Kiliav, D., ... Douchkov, D. (2020). “Macrobot”: An Automated Segmentation-Based System for Powdery Mildew Disease Quantification. *Plant Phenomics*, <https://doi.org/10.34133/2020/5839856>
- Mascher, M. (2023). Pangenomics in crop plants: the example of barley. [7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 24.](https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6_24)
- Matros, A., Schikora, A., Ordon, F., Wehner, G. (2023). QTL for induced resistance against leaf rust in barley. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1069087. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1069087>
- McIntosh, R. A., Wellings, C. R. and Park, R. F. (1992) *Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes*. Victoria, Australia: CSIRO Publishing.
- Meyer, R. C., Weigelt-Fischer, K., Tschiersch, H., Topali, G., Altschmied, L., Heuermann, M. C., ..., Altmann, T. (2023). Dynamic growth QTL action in diverse light environments: characterization of light regime-specific and stable QTL in *Arabidopsis*. *Journal of Experimental Botany*, 74(17), 5341–5362. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad222>
- Molnar-Lang, M., Ceoloni, C., Dolezel, J. (Ed.) (2015). *Alien Introgression in Wheat*. Cytogenetics, Molecular Biology, and Genomics. Springer International Publishing Switzerland, <https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6>
- Monat C, Schreiber M, Stein N, Mascher M. (2019). Prospects of pan-genomics in barley. *Theoretical and Applied genetics*, 132(3), 785–796. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3234-z>

- Moore, J. W., Herrera-Foessel, S., Lan, C., Schnippenkoetter, W., Ayliffe, M., Huerta-Espino, J., ..., Lagudah, E. (2015). A recently evolved hexose transporter variant confers resistance to multiple pathogens in wheat. *Nature Genetics*, 47, 1494–1498. <https://doi.org/10.1038/ng.3439>
- Morgounov, A., Keser, M., Kan, M., Küçükçongar, M., Özdemir, F., Gummadov, N., ..., Qualset, C. O. (2016). Wheat Landraces Currently Grown in Turkey: Distribution, Diversity, and Use. *Crop Science*, 56, 3112–3124. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.03.0192>
- Müllers, Y., Postma, J. A., Poorter, H., Dusschoten, D. (2023). Deep-water uptake under drought improved due to locally increased root conductivity in maize, but not in faba bean. *Plant, Cell & Environment*, 46, 2046–2060. <https://doi.org/10.1111/pce.14587>
- Narisetti, N., Henke, M., Seiler, C., Shi, R., Junker, A., Altmann, T., Gladilin, E. (2019). Semi-automated Root Image Analysis (saRIA). *Scientific Reports*, 9, 19674. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-55876-3>
- Ntawuguranayo, S., Zilberberg, M., Sadeh, R., Bonfil, D., Javier Piñera-Chavez, F., Reynolds, M. P., ..., Ben-David, R. (2023). Stem structural biomass and water-soluble carbohydrate's role in wheat grain filling under water deficit and high temperature. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 40–41.
- Oget-Ebrad, C., Heumez, E., Duchalais, L., Goudemand-Dugué, E., Oury, F.-X., Elsen, J.-M., Bouchet, S. (2023). Validation of cross progeny variance genomic prediction using simulations and experimental data in winter elite bread wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 30–31.
- Pankovic, D., Seiler, C., Marthe, A., Schikora, A., Matros, A., Wehner, G. (2023). Bacterial priming may facilitate enhanced resistance of barley to leaf rust and net blotch. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 52–53.
- Pauk, J., Markó, F., Ács, K., Bekes, F., Cseuz, L., Lantos, C. (2023). Integration of in vitro androgenesis in wheat breeding. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 63–64.
- Pauls, A., Spaninks, K., Offringa, R., Aarts, M. G. M. (2023). Predicting the unpredictable: A novel approach to screening for inner leaf tipburn. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 65.
- Peng, Y., Yan, H., Guo, L., Deng, C., Wang, C., Wang, Y., ..., Ren, C. (2022). Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat. *Nature Genetics*, 54, 1248–1258. <https://doi.org/10.1038/s41588-022-01127-7>
- Pfrieme, A.-K., Ruckwied, B., Habekuß, A., Will, T., Stahl, A., Pillen, K., Ordon, F. (2022). Identification and Validation of Quantitative Trait Loci for Wheat Dwarf Virus Resistance in Wheat (*Triticum* spp.). *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.828639>
- Prusty, M. R., Bdolach, E., Yamamoto, E., Tiwari, L. D., Silberman, R., Doron-Faigenbaum, A., ..., Fridman, E. (2021). Genetic loci mediating circadian clock output plasticity and crop productivity under barley domestication. *New Phytologist*, 230(5), 1787–1801. <https://doi.org/10.1111/nph.17284>
- Rezaeva, B., Otto, I., Bollmann, C., Kelly, A. A., Feussner, I., Kumlehn, J. (2023). Improvement of the fatty acid profile in a camelina cultivar facilitated by novel methods of plant regeneration, *Agrobacterium*-mediated transformation and genome editing. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 35.
- Rio, S., Akdemir, D., Carvalho, T., Sánchez, J. I. (2022). Assessment of genomic prediction reliability and optimization of experimental designs in multi-environment trials. *Theor Appl Genet*, 135, 405–419. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03972-2>
- Rybka, K. (2009). TILLING i FOX-hunting: nowe metody analizy funkcjonalnej genów *Postępy Biologii Komórki*, 36, 539–554. <http://ptbk.mol.uj.edu.pl/download/nagrody/update2014/2009-artikul.pdf>
- Rybka, K. (2018). Fenotypowanie roślin. Konferencja EPPN 2020 w Tartu/ Estonia [Eng. Plant phenotyping. The EPPN 2020 Conference in Tartu/ Estonia]. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* 282, 161–174. <https://doi.org/10.37317/biul-2017-0022>.
- Sabir, K., Rose, T., Wittkop, B., Stahl, A., Snowdon, R. J., Ballvora, A., ..., Chen, T.-W. (2023). Stage-specific genotype-by-environment interactions determine yield components in wheat. *Nat. Plants*, 9, 1688–1696. <https://doi.org/10.1038/s41477-023-01516-8>
- Saint Pierre, C., Trethowan, R.M., Reynolds, M. (2010). Stem solidness and its relationship to water-soluble carbohydrates: Association with wheat yield under water deficit. *Functional Plant Biology*, 37, 166. <https://doi.org/10.1071/FP09174>.
- Sánchez, J. I., Akdemir, D. (2021). Training Set Optimization for Sparse Phenotyping in Genomic Selection: A Conceptual Overview. *Frontiers in Plant Science*, 12, 715910. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.715910>
- Satpathy, P., Audije de la Fuente, S., Ott, V., Müller, A., Büchner, H., Daghma, D. E. S., Kumlehn, J. (2021). Generation of Doubled Haploid Barley by Interspecific Pollination with *Hordeum bulbosum*. *W: Segui-Simarro, J.M. (eds) Doubled Haploid Technology. Methods in Molecular Biology*, vol 2287. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1315-3_10
- Satpathy, P., Mirzakhmedov, M., Büchner, H., Chamas, S., Hoffie, I., Daghma, D. S., Kumlehn, J. (2023). Generation of haploidy inducers in barley by site-directed mutagenesis. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 15.
- Schierenbeck M., Alqudah, A. M., Lantos, E., Avogadro, E. G., Simón, M. R., Börner, A. (2023). Green Revolution Rht genes affected anther extrusion and floral traits related to cross pollination efficiency in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 36–37.
- Serouart, M., Madec, S., David, E., Velumani, K., Lopez Lozano, R., Weiss, M., Baret, F., (2022). SegVeg: Segmenting RGB Images into Green and Senescent Vegetation by Combining Deep and Shallow Methods. *Plant Phenomics* 2022, 2022/9803570. <https://doi.org/10.34133/2022/9803570>
- Shaaf, S., Bretani, G., Biswas, A., Fontana, I. M., Rossini, L. (2019). Genetics of barley tiller and leaf development. *J Integr Plant Biol*, 61, 226–256. <https://doi.org/10.1111/jipb.12757>
- Shaaf, S., Wichmann, P., Maurer, A., Pillen, K., Gladilin, E., Neumann K. (2023). Barley response to drought: current achievements based on high-throughput image analyses. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 74.

- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize reveals specific interaction patterns in inbreds and hybrids and in response to drought. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1233553. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1233553>
- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023 b). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize reveals specific interaction patterns in inbreds and hybrids and in response to drought. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1233553>
- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Narisetti, N., Gladilin, E., ..., Altmann, T. (2023 a). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 80.
- Shrestha, A., Cosenza, F., van Inghelandt, D., Wu, P. Y., Li, J., Casale, F. A., Weisweiler, M., Stich, B. (2022). The double round-robin population unravels the genetic architecture of grain size in barley. *Journal of Experimental Botany*, 73(22), 7344–7361. <https://doi.org/10.1093/jxb/erac369>.
- Siddiqui, M. N., Léon, J., Naz, A. A., Ballvora, A. (2020). Genetics and genomics of root system variation in adaptation to drought stress in cereal crops. *Journal of Experimental Botany*, 72(4), 1007–1019. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa487>
- Snipen, L., Ussery, D. W. (2010). Standard operating procedure for computing pangenome trees. *Standards in Genomic Sciences*, 2(1), 135–141. <https://doi.org/10.4056/sigs.38923>
- Sprenger, H., Erban, A., Seddig, S., Rudack, K., Thalhammer, A., Le, M.Q., ..., Hinch, D. K. (2018). Metabolite and transcript markers for the prediction of potato drought tolerance. *Plant Biotechnol J*, 16, 939–950. <https://doi.org/10.1111/pbi.12840>
- Szakács, E., Türkösi, E., Farkas, A., Ivanizs, L., Gaál, E., Kruppa, K., ..., Molnár, I. (2023). Genomics-assisted gene introgression from tertiary gene pool species into wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 34.
- Tettelin, H., Riley, D., Cattuto, C., Medini, D. (2008). Comparative genomics: the bacterial pan-genome. *Current Opinion in Microbiology*, 11(5), 472–477. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2008.09.006>
- Tinker, N. A., Chao, S., Lazo, G. R., Oliver, R. E., Huang, Y.-F., Poland, J. A., ..., Jackson, E. W. (2014). SNP Genotyping Array for Hexaploid Oat. *The Plant Genome*, 7, plantgenome2014.2003.0010. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2014.03.0010>
- van Dusschoten, D., Pflugfelder, D., Le Gall, S., Koller, R. (2023). Magnetic Resonance Imaging of early wheat seedlings and possible relevance for root water uptake. *7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 70.*
- Varekhina, A., Guerra, V., Stahl, A., Serfling, A. 2022. Identification of seedling resistance against leaf rust using innovative phenotyping methods. *Journal für Kulturpflanzen*, 74(11-12), 271–281. <https://doi.org/10.5073/JfK.2022.11-12.07>
- Vranic, M., Perochon, A., Benbow, H., Doohan, F. M. (2022). Comprehensive analysis of pathogen-responsive wheat NAC transcription factors: new candidates for crop improvement, *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 12(11), jkac247. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac247>
- Wang, T. C., Casadebaig, P., Chen, T.-W. (2023). More than 1000 genotypes are required to derive robust relationships between yield, yield stability and physiological parameters: a computational study on wheat crop. *Theoretical and Applied Genetics*, 136, 34. <https://doi.org/10.1007/s00122-023-04264-7>.
- Weigt, D., Szewczyk, K., Mikołajczyk, S., Tomkowiak, A., Zur, I., Nowicka, A. (2023). Impact of epigenetic factors on the induction of bread wheat microspore embryogenesis and plant regeneration. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 55–56.
- Zetzsche, H., Serfling, A., Ordon, F. (2019). Breeding Progress in Seedling Resistance against Various Races of Stripe and Leaf Rust in European Bread Wheat. *Crop Breeding, Genetics and Genomics*, 1(2), e190021. <https://doi.org/10.20900/cbpg20190021>
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguinet, K., ..., Li, X. (2023 a). BRIDGE-cereal: a webapp streamlining unsupervised learning to survey and graph indels from pangenomes. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 61–62.
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguinet, K., ..., Li, X. (2023 b). Streamline unsupervised machine learning to survey and graph indel-based haplotypes from pan-genomes. *Molecular Plant*, 16, 975–8. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.05.005>
- Zimny, J., Michalski, K., Oleszczuk, S. (2023). Can we perpetuate and transfer to valuable lines of rye the trait of androgenesis ability? 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 38–39.



LISTA RECENZENTÓW — 2023
LIST OF REVIEWERS—2023

Imię i nazwisko Recenzenta Reviewer first and last name	Afilacja Affiliation
Artyszak Arkadiusz	Instytut Rolnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Błaszczyk Lidia	Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
Bocianowski Jan	Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Czaplicki Sylwester	Wydział Nauk o Żywności, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Czembor Jerzy H.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Fraś Anna	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Gozdowski Dariusz	Instytut Rolnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Horoszkiewicz Joanna	Instytut Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu
Janicka Maria	Instytut Rolnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Jędrzycka Małgorzata	Instytut Genetyki Roślin – Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu
Kosmala Arkadiusz	Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk
Kowalska Jolanta	Instytut Ochrony Roślin – PIB w Poznaniu
Mirzwa-Mróż Ewa	Instytut Ogrodnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Okoń Sylwia	Wydział Agrobiotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Okorski Adam	Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Paczos-Grzęda Edyta	Wydział Agrobiotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Piechota Urszula	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Sulek Alicja	Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach
Szafrańska Anna	Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. prof. Wacława Dąbrowskiego – Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie
Tomaszewski Bartosz	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Tratwal Anna	Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu
Treder Krzysztof	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Wójcik-Gront Elżbieta	Instytut Rolnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Zalewska Ewa	Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Zarzecka Krystyna	Wydział Agrobiotechnologii i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny w Siedlcach
Zimny Janusz	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie



SPIS TREŚCI
TABLE OF CONTENTS

Autor / Tytuł Author / Title	Strony / Pages	
	od / from	do / to
DARIUSZ R. MAŃKOWSKI, MICHAŁ KWIATEK		
Wstęp Preface	3	4
MICHAŁ ROKICKI, MICHAŁ KWIATEK		
Wspomnienie - Prof. dr hab. Edward Arseniuk	5	6
Memories - Prof. dr hab. Edward Arseniuk	7	8
DAGMARA PACOŃ		
Wartość siewna ziarna zbóż The sowing value of cereal grains	9	16
GRZEGORZ ŻUREK, DANUTA MARTYNIAK, MONIKA ŻUREK		
Ocena przydatności słomy wybranych gatunków i odmian zbóż oraz traw wieloletnich do produkcji słomek do napojów Evaluation of the usefulness of straw from selected species and varieties of cereals and perennial grasses for the production of drinking straws	17	22
DARIUSZ R. MAŃKOWSKI, JANUSZ WĄTROBA		
Zmienne towarzyszące jako dodatkowe źródło zmienności w doświadczeniu Covariates as an additional source of variability in the experiment	23	32
TOMASZ GÓRAL		
Fuzarioza kłosów pszenicy. Część 1. Opis choroby i charakterystyka patogenów Fusarium head blight of wheat. Part 1. Disease description and characteristics of the pathogens	33	45
TOMASZ GÓRAL		
Fuzarioza kłosów pszenicy. Część 2. Geny oraz loci cech ilościowych (QTL) Fusarium head blight of wheat. Part 2. Genes and QTLs of wheat resistance and resistance mechanisms	47	56
JOANNA BOCIAN, ANNA NADOLSKA-ORCZYK		
Udział genów szlaku biosyntezy cytokinin w determinacji wysokości plonu pszenicy Contribution of cytokinin biosynthesis genes in determining wheat grain yield	57	65
PIOTR OCHODZKI, TOMASZ GÓRAL		
Deoxynivalenol content in wheat kernels showing various levels of damage caused by <i>Fusarium culmorum</i> Zawartość deoksyniwalenolu w ziarniakach pszenicy wykazujących różne poziomy uszkodzeń spowodowanych przez <i>Fusarium culmorum</i>	67	75
KRYSTYNA RYBKA		
Najnowsze doniesienia z zakresu biotechnologii i hodowli zbóż: CBB7 siódma konferencja Cereal Biotechnology and Breeding w Wernigerode, Niemcy The latest news in the field of biotechnology and grain breeding: CBB7 – seventh Cereal Biotechnology and Breeding conference in Wernigerode, Germany	77	89