



Kwitnąca wiecha kukurydzy

Fot. Monika Żurek

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 299 / 2023



Kwitnąca wiecha kukurydzy
Fot. Monika Żurek

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

Wpływ cytoplazm męskosterylnych na plonowanie i cechy agronomiczne odmian mieszańcowych kukurydzy

The influence of male-sterile cytoplasm on yields and agronomic traits of maize hybrids

Monika Żurek 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy

✉ m.zurek@ihar.edu.pl

Z uwagi na swą wysoką przydatność w produkcji nasiennej odmian mieszańcowych, cytoplazmatyczno-genowa męska sterylność jest obecnie zjawiskiem powszechnie wykorzystywanym w programach hodowlanych wielu gatunków roślin uprawnych. Jednym z najlepiej poznanych przykładów cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności u roślin jest system wykorzystywany w nasiennictwie odmian heterozyjnych kukurydzy, bazujący na interakcji genów jądrowych z cytoplazmą męskosterylną. Oprócz aspektów związanych z obniżeniem kosztów i pracochłonności produkcji nasiennej, w wykorzystaniu tego systemu upatruje się możliwości poprawy plonowania oraz cech agronomicznych odmian mieszańcowych kukurydzy. Niniejsza praca podsumowuje najważniejsze osiągnięcia w badaniach nad wpływem cytoplazm męskosterylnych na plonowanie i cechy agronomiczne odmian mieszańcowych kukurydzy, konfrontując je również z wynikami dotyczącymi innych gatunków.

Słowa kluczowe: cechy agronomiczne, cytoplazmatyczno-genowa męska sterylność, kukurydza (*Zea mays* L.), plonowanie

Due to its high usefulness in seed production of hybrid varieties, cytoplasmic-genic male sterility is a phenomenon commonly used in breeding programs of many species of crop plants. One of the best known examples of cytoplasmic-gene male sterility in plants is the system used in the seed production of heterosis maize varieties, based on the interaction of nuclear genes with male sterile cytoplasm. In addition to the aspects related to the reduction of the cost and labor intensity of seed production, the use of this system is seen as an opportunity to improve the yield and agronomic traits of maize hybrid varieties. This paper summarizes the most important achievements in research on the influence of male sterile cytoplasm on the yielding and agronomic features of maize hybrid varieties, also comparing them with the results of other species.

Key words: agronomic traits, cytoplasmic-genic male sterility, maize (*Zea mays* L.), yields

Wstęp

Hodowla odmian heterozyjnych kukurydzy konsekwentnie dąży do wykorzystania potencjału bujności mieszańców, skrócenia procesu hodowlanego (np. poprzez wykorzystanie linii podwojonych haploidów) oraz usprawnienia i ograniczenia kosztochłonności produkcji nasiennej (Wan i in., 2019). W przypadku produkcji nasiennej odmian mieszańcowych kukurydzy, zaimplementowanie systemu opartego na zjawisku cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności (CGMS), stwarza możliwość eliminacji procesu ręcznego lub mechanicznego ogławiania form matecznych, pozwalając na znaczną redukcję kosztów związanych z prowadzeniem plantacji nasiennych oraz zwiększenie czystości genetycznej wytwarzanych nasion pokolenia F_1 (Abidi i in., 2018a; 2018b). Brak konieczności ogławiania form matecznych eliminuje również straty związane z uszkodzeniami roślin (Wise i in., 1999; Czepak i in., 2019). Ponadto, liczne dane literaturowe sugerują istnienie wielu „wartości dodanych” identyfikowanych w odmianach heterozyjnych kukurydzy wyprodu-

kowanych z wykorzystaniem tego systemu (Sangoi i Salvador, 1996; Stamp i in., 2000; Kae-ser i in., 2003; Stevanovic i in., 2016; Jovanovic i in., 2018a i 2018b). Kompleksowe zrozumienie mechanizmów działania systemu CGMS oraz przywracania płodności przyczynia się do zwiększenia wykorzystania potencjału heterozji (bujności mieszańców), koniecznego dla sprostania wyzwaniu zwiększenia plonów roślin uprawnych (Kim i Zhang, 2017; Bohra i in., 2016; Abidi i in., 2018a).

Typy cytoplazm męskosterylnych w kukurydzy

Źródła męskiej sterylności są w przypadku kukurydzy bardzo dobrze scharakteryzowane. Można je podzielić na grupy/cytotypy pod względem reakcji na określone geny przywracające płodność, na grupy cms-C, cms-S i cms-T. Odrębny genom mitochondrialny reprezentujący każdy z cytotypów CMS został zsekwencjonowany (Allen i in., 2007), dzięki czemu męską sterylnością połączono z genem *urf13-T* w cms-T (Dewey i in., 1987), *atp6-C* w cms-C (Dewey i in., 1991)

oraz z kotransformowanym *orf355 / orf77* w cms-S (Zabala i in., 1997). W cytoplazmie T oraz C występuje męska sterylność typu sporofitycznego – w wyniku załamania się komórek tapetum, uniemożliwione bądź zaburzone jest uwalnianie pyłku. W tym typie sterylności to genotyp rośliny (sporofit) odgrywa decydującą rolę w produkcji normalnego, żywotnego pyłku. Cytoplazma S charakteryzuje się gametofitycznym typem sterylności – produkowany pyłek jest nieżywotny. W tym przypadku, genotyp pyłku decyduje o produkcji pyłku żywotnego bądź nie żywotnego (Gabay-Laughnan i Laughnan, 1994; Hanson i Bentolia, 2004). Z tego względu jeśli roślina z cytoplazmą S jest heterozygotą *Rf3rf3*, produkowany przez nią pyłek jest w połowie żywotny, a w połowie – abortowany (Gabay- Laughnan i Laughnan, 1994).

Wykorzystanie cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności w hodowli roślin

W celu wytworzenia kompletnego systemu produkcji nasiennej odmian mieszańcowych, opartego na cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności, konieczne jest uzyskanie następujących komponentów (Saxena i Hingane, 2015; Kim i Zhang, 2017):

- Linia mateczna „A” posiadająca cytoplazmę sterylną oraz recesywne allele jądrowych genów restorujących (*rf1rf*);
- Linia „B” dopełniająca sterylność linii „A” (tzw. dopełniacz) - linia ta posiada cytoplazmę normalną oraz recesywne allele jądrowych genów restorujących (*rf1rf*); potomstwo otrzymane ze skrzyżowania linii A × B będzie męskosterylne. Dopełniacz służy do rozmnażania linii męsko sterylnej;
- Linia ojcowska „R” posiadająca normalną cytoplazmę oraz dominujące allele jądrowych genów restorujących (*RfRf*); potomstwo otrzymane ze skrzyżowania linii matecznej „A” z linią ojcowską „R” będzie męsko płodne.

Zjawisko heterozji odgrywa kluczową rolę w wielu programach hodowli roślin. Potomstwo F_1 uzyskane w wyniku krzyżowania między dwiema (zwykle wsobnymi) liniami wykazuje lepsze plonowanie, wyższą odporność na choroby i niekorzystne oddziaływanie środowiska. Zjawisko nasilenia cech pozytywnych w pokoleniu F_1 określane jest mianem wigoru (bujności) mieszańców. W celu wytworzenia pokolenia F_1 , pyłek z linii ojcowskiej musi zostać użyty do zapłodnienia linii matecznej. Aby uniknąć samozapylenia linii matecznej, należy pozbawić ją możliwości produkcji pyłku poprzez usunięcie męskiego kwiatu (kastacja), lub zakłócając rozwój tych struktur. W przypadku kukurydzy, wiechy z linii matecznej można usuwać ręcznie lub mechanicznie. Jednakże procedury te mogą skutkować obniżeniem plonu nasion F_1 , związanym z uszkodzeniem rośliny

(Hunter i in., 1972; Wise i in., 1999). W badaniach przeprowadzonych przez Czepak z zespołem (2019) dowiedziono, że usunięcie liści, które często ma miejsce podczas mechanicznej kastacji roślin kukurydzy, negatywnie wpływa na liczbę ziaren w rzędzie, liczbę ziaren w kolbie oraz masę tyśiąca ziarniaków. Z uwagi na kluczowe znaczenie odmian heterozyjnych dla postępu biologicznego, we współczesnej hodowli roślin uprawnych, możliwość wyeliminowania mechanicznej kastacji linii matecznych, jaką daje wykorzystanie systemu CMS sprawiła, iż system ten stał się bardzo użytecznym narzędziem hodowlanym. Linie męsko-sterylne wykorzystywane są jako komponenty odmian mieszańcowych. Niezdolność do wytwarzania funkcjonalnego pyłku eliminuje konieczność przeprowadzenia ręcznej bądź mechanicznej kastacji, jak również jest gwarancją tego, iż otrzymane w wyniku krzyżowania nasiona, nie pochodzą z samozapylenia (Majewska-Sawka i Sadoch; 2003). Pierwszym udanym przykładem wykorzystania zjawiska CMS w hodowli odmian mieszańcowych była odmiana cebuli „Calred (California Hybrid Red no. 1)” wyhodowana w 1947 roku na Uniwersytecie w Kalifornii, w oparciu o źródło sterylności zidentyfikowane w odmianie „Italian Red 13-53” przez Jonesa i Emsweller’a w 1937 roku (Yen 1959; Duvick, 1959). Obecnie produkcja nasiennej odmian F_1 w oparciu o system CMS jest prowadzona w przypadku cebuli, buraków (cukrowego, jadalnego i pastewnego), słonecznika, rzepaku, sorgo, ryżu, żyta, tytoniu (Duvick, 1959; Budar i Pelletier 2001; Stojałowski i Łapiński, 2001; Horn i in., 2019). Intensywne prace badawczo-hodowlane prowadzone są również nad wykorzystaniem cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności opartej o cytoplazmę *Triticum timopheevi* w hodowli odmian mieszańcowych pszenżyta, jednakże sporym ograniczeniem w zastosowaniu systemu CMS w hodowli tego gatunku jest niska frekwencja genotypów dopełniających sterylność (Warzecha i Salak-Warzecha, 2006; Góral i in., 2009). Badania nad praktycznym wykorzystaniem systemu CMS, opartego o cytoplazmę sterylną Pampa, w produkcji nasiennej odmian mieszańcowych żyta ozimego prowadzone są od wielu lat w IHAR-PIB (Kolasińska, 2001, 2019).

Wpływ typu cytoplazmy na cechy użytkowe odmian mieszańcowych

Poznanie oddziaływania typu cytoplazmy na plonowanie i cechy agronomiczne może mieć duży wpływ na poprawę wydajności upraw, ponieważ cytoplazma jest dziedziczona przez potomstwo. Z uwagi na strategiczne znaczenie roślin zbożowych w zapewnieniu bezpieczeństwa żywnościowego, wykorzystanie zjawiska CGMS oraz związanych z nim „wartości dodanych” jest kluczowe dla zaspokojenia rosnącego popytu na żyw-

ność. W głównych gatunkach roślin zbożowych tj. kukurydzy, pszenicy, ryżu, sorgo oraz prosie przeprowadzono badania dotyczące wpływu cytoplazmy na różne cechy agronomiczne oraz plonowanie (Dhillon i in., 2008; Patel, 2013). Badania Hoffmanna i Rooneya (2013), wykazały że typ cytoplazmy nie ma istotnego wpływu na plonowanie i cechy jakościowe sorgo. Prace przeprowadzone przez Stojałowskiego i Łapińskiego (2001) nad wpływem różnych rodzajów cytoplazm sterylizujących na plonowanie oraz najważniejsze właściwości rolnicze mieszańców żyta, nie wykazały istotnych różnic pomiędzy cytoplazmami. W badaniach przeprowadzonych przez Góral (2001) wynika, że niektóre formy mieszańcowe pszenżyta ozimego uzyskane z wykorzystaniem systemu cms, bazującego na cytoplazmie *T. timotheevi*, wykazały wzrost plonu ziarna w zakresie 10-20%.

Gospodarka azotowa

Azot jako składnik wielu enzymów, aminokwasów, hormonów oraz chlorofilu, jest najważniejszym pierwiastkiem plonotwórczym (Martins i in., 2008). We wczesnych fazach rozwojowych organów generatywnych kukurydzy, rozwijająca się wiecha (męski organ generatywny) rywalizuje o składniki odżywcze z kolbą (organ żeński). Rozwój wiechy może dominować nad rozwojem kolby, wpływając negatywnie na plon ziarna, na trzy sposoby: cieniuąc górne liście, konkurując o zasoby oraz modyfikując dostarczanie regulatorów wzrostu (głównie auksyn) (Seyedin i in., 1980). Stopień współzawodnictwa o zasoby pomiędzy rozwojem wiechy i kolby jest uwarunkowany zasobnością środowiska w którym znajduje się roślina. W warunkach optymalnego zaopatrzenia w zasoby (woda, światło, składniki odżywcze) konkurencja ta nie jest wyraźna. W przypadku wystąpienia warunków stresowych (większe zagęszczenie roślin, stres suszy) wzrasta dominacja wierzchołkowa, kosztem rozwoju kolby. Stąd, wykorzystanie zjawiska męskiej sterility może pozwolić na wyeliminowanie konkurencyjności wiechy względem kolby w warunkach stresowych (Sangoi i Salvador, 1996). Pojedyncza roślina kukurydzy w czasie pylenia wyrzuca około 14 do 50 milionów ziaren pyłku, co odpowiada minimum 100 000 ziaren pyłku na zapłodnione ziarno. Nadprodukcja pyłku jest procesem wyczerpującym dla rośliny, gdyż wymaga od niej dużych nakładów energii i składników odżywczych przekazywanych do męskich organów generatywnych. Rośliny męskosterylne z uwagi na brak ubytków w zasobach związanych z wytwarzaniem pyłku mogą spożytkować, zaoszczędzone w ten sposób, energię i zasoby na żeńskie organy generatywne. W roślinach męskosterylnych wyczerpujący proces produkcji pyłku zostaje przerwany na wczesnym etapie, co znajduje odzwierciedlenie w pozytywnym wpływie na plon ziarna (Fox i in., 2017). Zapotrzebowanie na azot jest w roślinach

męskosterylnych niższe o 10-30 kg ha⁻¹ niż w przypadku roślin męskopłodnych. Pozwala to na bardziej efektywne wykorzystanie tego składnika przez rozwijającą się kolbę, co skutkuje lepszym zawiązywaniem i wypełnianiem ziaren, a także pozytywnie wpływa na ich ilość w kolbie (Jovanović i in., 2018a). Badania przeprowadzone przez Jovanović z zespołem (2018b) wykazały, że wyższa liczba ziaren w rzędzie obserwowana była w liniach wsobnych z cytoplazmą C, niż w ich odpowiednikach z cytoplazmą S. Zwiększone przekazywanie azotu do kolby oraz lepsze jego wykorzystanie w warunkach niedoboru, zostało zaobserwowane również w badaniach nad mutantem kukurydzy *Ms44*, charakteryzującym się genowym typem sterility (Fox i in., 2017).

Akumulacja suchej masy/wpływ na plonowanie

Z uwagi na szerokie zastosowanie cytoplazmy typu T w hodowli kukurydzy w latach 60. i 70. ubiegłego wieku, istnieje wiele doniesień literaturowych z tamtego okresu, dotyczących badań nad wpływem tego typu cytoplazmy na plon ziarna kukurydzy. Wyniki tych badań są bardzo niejednoznaczne bądź sprzeczne w odniesieniu do wpływu cytoplazmy na plonowanie kukurydzy. Podsumowanie wczesnych badań nad wpływem cytoplazmy sterylnej na plon przedstawiono w tabeli 1.

Badania przeprowadzone przez Kaeser i in. (2003) wykazały pozytywny wpływ cytoplazmy sterylnej na plonowanie mieszańców, zwłaszcza flint × dent. Sangoi i Salvador (1996) nie zaobserwowali istotnych różnic pomiędzy odmianą sterylną (cytoplazma S) zapyloną płodnym analogiem, a jej płodnym analogiem, w plonie ziarna i cechach morfologicznych roślin. W badaniach Feil i in. (2003) odmiana sterylna (Silpro) zapyłona swoim płodnym analogiem (zapylenie izogeniczne) uzyskała o 7,6% wyższy plon ziarna niż jej płodna wersja. Ta sama odmiana, zapyłona pyłkiem odmian niespokrewnionych plonowała 12-21% wyżej niż jej płodny analog. Jednakże odmiana sterylna zapyłona płodnym analogiem wytwarzała nasiona o większej masie. W badaniach przeprowadzonych przez Stevanovic z zespołem (2016) zaobserwowano wzrost plonu w obiektach z cytoplazmą C i S, w porównaniu do ich analogów z cytoplazmą normalną. Porównując obiekty z cytoplazmą C i S, wyższy pozytywny efekt zaobserwowano w przypadku obiektów z cytoplazmą C. Sangoi i Salvador (1998) zaobserwowali nieznaczny, nieistotny statystycznie, wzrost plonów obiektów z cytoplazmą S w porównaniu do ich analogów z cytoplazmą normalną. W badaniach nad różnymi cytoliniami, przeprowadzonych przez Calugar z zespołem (2018), potwierdzono wpływ cytoplazmy na masę kolby, oraz liczbę ziaren w rzędzie. Pozytywny efekt wpływu cytoplazmy, uzależniony był w dużym stopniu od źródła cytoplazmy.

Tabela 1
Table 1

Zbiornicze zestawienie wyników historycznych badań nad wpływem cytoplazmy sterylnej na plonowanie odmian mieszańcowych kukurydzy
Summary of the results of historical studies on the influence of sterile cytoplasm on the yielding of maize hybrid varieties

Wpływ cytoplazmy sterylnej na plon Effect of sterile cytoplasm on yield	Uwagi Comments	Autor Author
Pozytywny Positive	badania prowadzone w warunkach zwiększonej obsady roślin studies conducted in conditions of increased plant density	Chinwuba i in., 1961
	badania dotyczyły odmiany mieszańcowej typu single-cross z cytoplazmą T; standardowe warunki uprawy studies concerned a single-cross hybrid variety with T cytoplasm; standard growing conditions	Sanford i in., 1965
	badania prowadzone w warunkach niedoboru wody i azotu tests conducted in conditions of water and nitrogen deficiency	Bruce i in., 1966
Negatywny Negative	męskosterylna odmiana mieszańcowa z cytoplazmą T plonowała gorzej od analogicznej odmiany o przywróconej płodności male sterile hybrid variety with T cytoplasm yielded worse than the analogous variety with restored fertility	Stringfield, 1958
	męskosterylna odmiana mieszańcowa z cytoplazmą T plonowała gorzej od analogicznej odmiany z cytoplazmą normalną male sterile hybrid cultivar with T cytoplasm yielded worse than the same cultivar with normal cytoplasm	Noble i Russell, 1963
Brak efektu No effect	badania dotyczyły odmiany typu single-cross the study concerned a single-cross variety	Rogers i Edwardson, 1952
	badania dotyczyły odmian mieszańcowych z cms-T oraz cms-S the research concerned hybrid varieties with cms-T and cms-S	Duvick 1958
	badania dotyczyły odmian typu double-cross i three-way cross z cms-T the tests concerned double-cross and three-way cross variants with cms-T	Everett, 1960

Analizując wpływ typu cytoplazmy na plonowanie odmian mieszańcowych kukurydzy, należy wziąć pod uwagę również warunki termiczne oraz dostępność wody w sezonie wegetacyjnym. Badania przeprowadzone przez Miku i Partas (1990) wykazały, że w latach „suchych” odmiany mieszańcowa z cytoplazmą C plonowały o 6% wyżej niż ich odpowiedniki z normalną cytoplazmą. W latach ze sprzyjającymi warunkami pogodowymi, różnica w plonowaniu wyniosła 1,5%, ale była ona nieistotna statystycznie.

Plus-hybrid system

Badania przeprowadzone przez Weingartnera i in. (2002; 2004) nad wpływem męskiej sterylności i efektu „xenui” (efektu zapylacza w roku zapyłania) na plonowanie i jakość ziarna mieszańców kukurydzy, a także badania przeprowadzone przez Stamp z zespołem (2000), które wykazały pozytywny wpływ cytoplazmy T na plonowanie mieszańców, doprowadziły do stworzenia koncepcji nazwanej „Plus-hybrid system”. W hodowli kukurydzy nieustannie poszukuje się wzrostu zarówno plonu ziarna, jak i poprawy jego jakości. System Plus-hybrid reprezentuje jedną z prób osiągnięcia tych celów. Założenia tego systemu opierają się na dwóch głównych tezach: (I) mieszańce sterylne często plonują wyżej niż ich płodne odpowiedniki, zwłaszcza jeśli zostaną zapyłone pyłkiem pochodzącym od niespokrewnionych zapylaczy, (II) genetycznie odległe źródło pyłku wywiera bezpo-

średni, pozytywny efekt (tzw. efekt xenui) na endosperm ziarniaka skutkujący wzrostem wagi ziarniaka. Efekt xenui tłumaczony jest jako bezpośredni lub natychmiastowy wpływ pyłku na nasiona i owoce. Efekt ten obejmuje różnice w wielkości, kształcie, kolorze, czasie rozwoju i składzie chemicznym nasion i owoców, powstałych w wyniku zapłodnienia genetycznie różnymi ziarnami pyłku (Kahrman i in., 2017). System Plus-hybrid odnosi się do komercyjnej produkcji dwóch mieszańców w mieszaninie, z których jeden jest męskosterylny, a drugi pełni rolę płodnego zapylacza. Potencjalna mieszanka Plus-hybrid składa się z 75-80% sterylnego mieszańca i 20-25% płodnego (Vancetovic i in., 2012; Jovanović i in., 2018a). Badania nad tym systemem rozpoczęły się pod koniec XX wieku, serią mikro-testów i większych prób polowych w kilku lokalizacjach i krajach. Najlepsze kombinacje Plus-hybrid osiągały istotnie wyższą wydajność ziarna, niż ich części składowe, bez obniżenia jego parametrów jakościowych. W systemie Plus-hybrid istotnym czynnikiem jest również wydajność pylenia. Z tego powodu jako płodny komponent mieszaniny, należy wybierać odmianę produkującą dużą ilość pyłku w możliwie jak najdłuższym czasie. Stwierdzono również że im większa odległość genetyczna pomiędzy mieszańcami połączonymi w mieszaninie, tym oczekiwany efekt Plus-hybrid był wyższy. Badania przeprowadzone przez Feil i in. (2003) oraz Bozinović i in. (2010) potwierdziły, że największy wzrost

plonów uzyskano, zapylając wersję sterylną odmiany, odległym genetycznie zapylaczem. Jednakże efekt ten nie jest prostym wynikiem skumulowania skutków indywidualnych CMS oraz xenii. Bozinović (2015) sugeruje wykorzystanie w systemie *Plus-hybrid* genotypów o nieco gorszej wydajności, a nie nowoczesnych hybryd o wyższej wydajności. W badaniach przeprowadzonych przez Vulchinkov z zespołem (2014) zaproponowano zastosowanie 50%-60% odmiany sterylnej w mieszaninie wysiewanej w systemie *Plus-hybrid*. Ponadto podkreślono konieczność prawidłowego doboru odmian pod względem wczesności (liczba FAO) oraz odległości genetycznej. W badaniach przeprowadzonych przez Bulant i in. (2000) wykazano efekt zjawiska xenii, skutkujący 11-13% wzrostem masy ziarniaka pochodzącego z zapylenia obcym pyłkiem w stosunku do ziarniaka pochodzącego z samozapylenia (Bulant i in., 2000). Badania przeprowadzone przez Bozinović in. (2012) wykazały wpływ efektu xenii na masę 1000 ziarniaków oraz zawartość tłuszczu i skrobi w ziarniaku. Odmienne wyniki uzyskano w badaniach Sulewskiej z zespołem (2014), prowadzonych na 8 polskich odmianach kukurydzy. W badaniach tych, prowadzonych w celu oceny wpływu efektu xenii na parametry jakościowe ziarna, zastosowano dwa warianty: (I) rośliny badanych odmian zapylane były w sposób kontrolowany (ręczne zapylenia wsobne); (II) rośliny zapylane swobodnie, w sposób niekontrolowany (zapylenia krzyżowe). W ziarnie uzyskanym z obydwu wariantów porównywano masę tysiąca ziarniaków, gęstość ziarna w stanie zsypanym (masę hektolitra) oraz skład chemiczny ziarna. Wykazano, że ziarno

uzyskane z samozapylonych kolb charakteryzowało się wyższą masą tysiąca ziarniaków oraz wyższą masą hektolitra, a także zawierało więcej białka. Autorzy wskazują również na wpływ ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej odmian na efekt heterozji.

Podsumowanie

Rozwój badań nad wpływem typu cytoplazmy na plonowanie odmian mieszańcowych kukurydzy został przerwany w latach 70-tych ubiegłego wieku, z powodu ujawnienia się podatności cytoplazmy T na Southern Corn Leaf Blight Race-T. Do tematyki tej powrócono dopiero w roku 2000, w kontekście cytoplazmy C i systemu Plus-Hybrid (Stamp i in., 2000). Poznanie oddziaływania typu cytoplazmy na plonowanie i cechy agronomiczne może potencjalnie wpływać na poprawę wydajności upraw, ponieważ cytoplazma jest dziedziczona przez potomstwo (Abidi i in., 2018 b). Z uwagi na brak wydatku energii oraz składników pokarmowych związanych z wyrzutem pylników, rośliny męskosterylne mają możliwość efektywniejszego gospodarowania zasobami, a co się z tym wiąże – lepszego plonowania. Transport składników pokarmowych ukierunkowany jest w ich przypadku na rozwój kolby. Sytuacja ta powinna, przynajmniej teoretycznie, jednoznacznie wiązać wykorzystanie form męskosterylnych w produkcji nasiennej, z wyższym plonowaniem oraz efektywniejszym zawiązywaniem nasion. Jednakże wyniki literaturowe nie potwierdzają jednoznacznie pozytywnego wpływu typu cytoplazmy na plonowanie mieszańców (Duvick, 1958; Noble i Russel, 1963; Sanford i in., 1965).

Literatura

- Abidi, I., Ali, G., Dar, Z., Wani, S. H., Dar, S. A., Gazal, A. (2018a). Genetic studies on CMS/FR system in maize (*Zea mays* L.) for hybrid production under temperate climate conditions. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 7(3):1029-1034
- Abidi, I., Ali, G., Dar, Z., Wani, S. H., Iqbal, A. M., Gazal, A. (2018b). Staining techniques to ascertain CMS/FR system in maize (*Zea mays* L.) for hybrid development. *Journal of AgriSearch* 5(3): 169-174; DOI: <https://doi.org/10.21921/jas.5.3.5>
- Allen, J. O., Fauron, C. M., Minx, P., Roark, L., Oddiraju, S., Lin, G. N., Meyer, L., Sun, H., Kim, K., Wang, C., Du, F., Xu, D., Gibson, M., Cifrese, J., Clifton, S. W., Neton, K. J. (2007). Comparison among two fertile and three male-sterile mitochondrial genomes of maize. *Genetics*, 177(2): 1173-1193, DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.107.073312>
- Bohra, A., Jhra, U. C., Adhimoolam, P., Bisht, D., Singh, N. P. (2016). Cytoplasmic male sterility (CMS) in hybrid breeding of field crops. *Plant Cell Rep*, 35: 967-993, DOI: <https://doi.org/10.1007/s00299-016-1949-3>
- Bozinović, S., Prodanović, S., Vancetović, J., Nikolić, A., Ristić, D., Kostadinović, M., Ignjatović, D. (2015). Individual and combined (Plus-hybrid) effect of cytoplasmic male sterility and xenia on maize grain yield. *Chilean Journal of Agricultural Research* 75(2): 160-167
- Bozinović, S., Vancetović, J., Babić, M., Filipović, M., Delić, N. (2010). The Plus-Hybrid effect on the grain yield of two ZP maize hybrids. *Genetika*, 42(3), 475-484
- Bozinović, S., Vancetović, J., Prodanović, S., Camdzija, Z., Stevanović, M., Grcić, N., Crevar, M. (2012). Different xenia effect on sterile and fertile versions of hybrids in maize. Third International Scientific Symposium "Agrosym". Jahornia 2012
- Bruce, R.R., Sanford, J. O., Myhre, D. L. (1966). Soil water and nitrogen influence on growth and fruiting of a cytoplasmic male-sterile corn hybrid and its fertile counterpart. *Aron. J.* 58: 631-634
- Budar, F., Pelletier, G. (2001) Male sterility in plants: occurrence, determinism, significance and use. C.R. Acad. Sci. Paris, Sciences de la vie / Life Sciences 324: 543-550
- Bulant, C., Gallais, A., Matthys-Rochon, E., Prioul, J. L. (2000). Xenia effects in maize with normal endosperm: II. Kernel growth and enzyme activities during grain filling. *Crop Sci.* 40:182-189
- Calugar, R. E., Has, V. V., Varga, A., Vana, C. D., Copandean, A., Has, I. (2018). The role of cytoplasmic diversification on some productivity traits of maize. *Euphytica* 214:90, DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2171-x>
- Chinwuba, P. M., Grogan, C. O., Zuber, M. S. (1961). Interaction of detasseling, sterility and spacing on yields of maize hybrids. *Crop Sci.* 1: 279-281

- Czepak, M.P., Kliemann, M., Schmidt, O., Araujo, R.N., de Sousa Oliveira, V., Junior, L. M. B., Zanalá, A. G. B., Santos, K. T. H., dos Santos J. S. H., Santos G. P., Schmidt, E. R. (2019). Effect of Artificial Detasseling and Defoliation on Maize Seed Production. *International Journal of Plant & Soil Science*, 28, 4: 1-9. DOI: <https://doi.org/10.9734/ijps/2019/v28i430114>
- Dewey, R.E., Timothy, D.H., Levings, III C.S. (1987). A mitochondrial protein associated with cytoplasmic male sterility in the T cytoplasm of maize. *Proc. Natl. acad. Sci. USA*, 48, 5374-5378
- Dewey, R. E., Timothy, D. H., Levings, III C. S. (1991). Chimeric mitochondrial genes expressed in the C male-sterile cytoplasm of maize. *Curr. Genet.* 20(6): 475-482
- Dhillon, M. K., Sharma, H. C., Smith, C. M. (2008). Implications of cytoplasmic male-sterility systems for development and deployment of pest resistant hybrids in cereals. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources* 3(68): 1-16
- Duvick, D. N. (1958). Yields and other agronomic characteristics of cytoplasmically pollen sterile corn hybrids, compared to their normal counterparts. *Agron. J.* 50: 121-125
- Duvick, D.N (1959). The use of cytoplasmic male sterility in hybrid seed production. *Economic Botany* 13(3): 167-195
- Everett, H. L. (1960). Effect of cytoplasm and Rf gene in maize. *Agron. J.* 52: 215-216
- Feil, B., Weingartner, U., Stamp, P. (2003). Controlling the release of pollen from genetically modified maize and increasing its grain yield by growing mixtures of male-sterile and male-fertile plants. *Euphytica* 130: 163-165
- Fox, T., De Bruin, J., Haug Collet, K., Trimmell, M., Clapp, J., Leonard, A., Li, B., Sclaro, E., Collinson, S., Glassman, K., Miller, M., Schussler, J., Dolan, D., Liu, L., Gho, C., Albertsten, M., Loussaert, D., Shen, B. (2017). A single point mutation in *Ms44* results in dominant male sterility and improves nitrogen use efficiency in maize. *Plant Biotechnology Journal* 15: 942-952
- Gabay-Laughnan, S., Laughnan, J. R. (1994). Male sterility and restorer genes in maize. W: Freeling M., Walbot V. (red.) *The maize handbook*, (419-423), Nowy York, Springer-Verlag
- Góral, H. (2001). Mieszanie F1 pszenżyta ozimego z cytoplazmą *Triticum timopheevi*. *Biul. IHAR* 220: 81-90
- Góral, H., Pojmaj M. S., Pojmaj R., Burczy M. (2009). Otrzymywanie nasion mieszańcowych pszenżyta ozimego w siewie pasowym linii cms i restorera oraz w mieszaninach tych form. *Biul. IHAR* 252: 163-168
- Hanson, M. R., Bentolia, S. (2004). Interactions of mitochondrial and nuclear genes that affect male gametophyte development. *Plant Cell* 16: 154-160
- Hofmann, L. Jr., Rooney, W. L. (2013). Cytoplasm has no effect on the yield and quality of biomass sorghum hybrids. *Journal of Sustainable Bioenergy Systems*, 3: 129-134, DOI: <http://dx.doi.org/10.4236/jsbs.2013.32018>
- Horn, R., Radanovic, A., Fuhrmann, L., Sprycha, Y., Hamrit, S., Jockovic, M., Miladinovic, D., Jonsen, C. (2019). Development and validation of markers for the fertility restorer gene *Rf1* in sunflower. *Int J Mol Sci.* 20(6):1260. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms20061260>
- Hunter, R. B., Mortimore, C. G., Kannenberg, L. W. (1972). Inbred maize performance following tassel and leaf removal. *Agronomy Journal*, 65(3): 471-472
- Jovanović, S. V., Todorović, G. N., Kresović, B. J., Secanski, M. D., Strabanović, R. T., Stanisavljević, R. S., Postić, D. Z. (2018a). Effects of cytoplasmic male sterility on maize hybrids yield. *Agriculture & Food*, 6: 65-72
- Jovanović, S. V., Todorović, G., Kresović, B., Simić, B., Strbanović, R., Stanisavljević, R., Postić, D. (2018b). Effects of different types of cytoplasm on the number of kernels per row of maize inbred lines. Conference: 53 hrvatski i 13 međunarodni simpozij agronoma, Vodice, 18-23 luty 2018.
- Kaesar, O., Weingartner, U., Camp, K.-H., Chowchong, S., Stamp, P. (2003). Impact of different cms type on grain yield of dent x flint hybrids of maize (*Zea mays* L.). *Maydica* 48: 15-20
- Kahriman, F., Serment, M., Haslak, M., Kang, M. S. (2017). Pollen effect (xenia) for evaluation breeding materials in maize. *Genetika*, 49(1): 217-234
- Kim, Y., Zhang, D. (2017). Review: Molecular control of male fertility for crop hybrid breeding. *Trends in Plant Science*, 23(1): 53-63, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.10.001>
- Kolasińska, I. (2001). Przywracanie płodności pyłku u mieszańców żyta CMS-Pampa x restorer. *Biul. IHAR*, 218-219: 341-349
- Kolasińska, I. (2019). Efekty nowego program hodowli restorerów dla CMS-Pampa u żyta ozimego. *Biul. IHAR*, 285: 153-154
- Majewska-Sawka, A., Sadoch, Z. (2003). Cytoplazmatyczna męska sterylność roślin- mechanizmy biologiczne i molekularne. *Problemy Nauk Biologicznych*, Tom 52, Nr 4 (261): 413-423
- Martins, A. O., Camprostrini, E., Magalhaes, P. C., Guimaraes, L. J. M., Ozanan, F., Duraes, M., Marriel, I. E., Netto, A. T. (2008). Nitrogen-use efficiency of maize genotypes in contrasting environments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 291-298
- Miku, V. E., Partas, E. C. (1990). The effect of C male sterile cytoplasm on morphological and agronomic traits of corn hybrids. *Maize Genet. Coop. Newsl.* 64:95-96
- Noble, S. W., Russell, W. A. (1963). Effects of male-sterile cytoplasm and pollen fertility restorer genes on performance of hybrid corn. *Crop Sci.* 3: 92-96
- Patel, J. B. (2013). Effect of alien cytoplasm on yield and yield components: A review. *AGRES – An International e-Journal*, 2(4): 413-427
- Rogers, J. S., Edwardson, J. R. (1952). The utilization of cytoplasmic male-sterile inbreds in the production of corn hybrids. *Agron. J.*, 44: 8-13
- Sanford, J. O., Grogan, H. V., Jordan, H. V., Sarvella, P. A. (1965). Influence of male-sterility on nitrogen utilization in corn, *Zea mays* L. *Agron. J.* 57: 580-583
- Sangoi, L., Salvador, R. (1996). Agronomic performance of male-sterile and fertile maize genotypes at two plant populations. *Ciencia Rural*, Santa Maria, vol.26 (3): 377-383
- Sangoi, L., Salvador, R. (1998). Effect of maize plant detasseling on grain yield, tolerance of high plant density and drought stress. *Pesq. Agropec. Bras.* 33(5): 677-684
- Saxena, K. B., Hingane, A. J. (2015). Male sterility systems in major field crops and their potential role in crop improvement. W: Bahadur B. (red), *Plant Biology and Biotechnology: Volume I: Plant Diversity, Organization, Function and Improvement*; Springer India, DOI https://doi.org/10.1007/978-81-322-2286-6_25
- Seyedin, N., Lamotte, C. E., Anderson, I. C. (1980). Auxin levels in tassels of maize cultivars differing in tolerance to high population densities. *Can. J. Plant Sci.*, 60: 1427-1430
- Stamp, P., Chowchong, S., Menzi, M., Weingartner, U., Kaesar, O. (2000). Increase in the yield of cytoplasmic male sterile maize revisited. *Crop Sci*, vol. 40(6): 1586-1587, DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.4061586x>

- Stevanovic, M., Camdzija, Z., Pavlov, J., Markovic, K., Vancetovic, J., Mladenovic-Drinic, S., Filipovic, M. (2016). The application of protein markers in conversion of maize inbred lines to the cytoplasmic male sterility basis. *Genetika*, 48(2): 691-698, DOI: <https://doi.org/10.2298/GENSRI1602691S>
- Stojałowski, S., Łapiński, M. (2001). Wpływ różnych źródeł cytoplazmy wywołującej męską jałowość na właściwości rolnicze mieszańców żyta (*Secale cereale* L.). *Biul IHAR*, 220: 179-189
- Stringfield, G. H. (1958). Fertility restoration and yields in maize. *Agron. J.*, 50: 215-218
- Sulewska, H., Adamczyk, J., Cygert, H., Rogacki, J., Szymańska, G., Smiatacz, K., Panasiwicz, K., Tomaszuk, K. (2014). A comparison of controlled self-pollination and open pollination results based on maize grain quality. *Spanish Journal of Agricultural research* 12(2): 495-500; DOI: <http://dx.doi.org/10.5424/sjar/2014122-4970>
- Vancetovic, J., Bozinovic, S., Ignjatovic-Micic, D., Markovic, K. (2012). Plus- Hybrid System in maize (*Zea mays* L.) production: a new approach combining the effect of cytoplasmic male sterility and xenia for grain yield increase and nutritional improvement. W: Jimenez-Lopez J. C. (red) Maize: Cultivation, uses and health benefits. Nova Science Publishers, Inc. ISBN: 978-1-62081-514-4, s.: 15-6
- Vulchinkov, S., Valkova, V., Ilchorska D., Vulchinkova, P. (2014). Maize hybrids testing in system „Plus”. *Agricultural Science and Technology*, 6(4): 409 – 412
- Wan, X., Wu, S., Li, Z., Dong, Z., An, X., Ma, B., Tian, Y., Li, J. (2019). Maize genic male-sterility genes and their applications in hybrid breeding: progress and perspectives. *Mol. Plant*. 12: 321-342, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2019.01.014>
- Warzecha, R., Salak-Warzecha, K. (2006). Progress in CMS development for hybrid triticale. Proceedings of the 6th International Triticale Symposium, Stellenbosch, South Africa, 3-7 September, 2006
- Weingartner, U., Camp, K.-H., Stamp, P. (2004). Impact of male sterility and xenia on grain quality traits of maize. *Europ. J. Agronomy*, 21: 239-247
- Weingartner, U., Prest, T. J., Camp, K.-H., Stamp, P. (2002). The Plus-Hybrid System: a method to increase grain yield by combined cytoplasmic male sterility and xenia. *Maydica* 47: 127-134
- Wise, R. P., Bronson, C. R., Schnable, P. S., Horner, H. T. (1999). The Genetics, pathology, and molecular biology of T-cytoplasm male sterility in maize. *Botany Publication and Papers*, 60.
- Yen, D. E. (1959). Pollen sterility in pukekohe longkeeper onions. *New Zealand Journal of Agriculture research*, 2 (3): 605-612, DOI: <https://doi.org/10.1080/00288233.1959.10418038>
- Zabala, G., Gabay-Laughnan, S., Laughnan, J. R. (1997). The nuclear gene Rf3 affects the expression of the mitochondrial chimeric sequence R implicated in S-type male sterility in maize. *Genetics* 147: 847-860

Parametry selekcyjne w hodowli nowych odmian pszenicy w aspekcie produkcji żywności funkcjonalnej

Selection parameters in breeding of the new wheat cultivars in the aspect of functional food production

Wioletta Monika Dynkowska  , Małgorzata Renata Cyran 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Biochemii i Biotechnologii

✉ w.dynkowska@ihar.edu.pl

Ziarno pszenicy, podstawowego zboża chlebowego na świecie, jest ważnym źródłem błonnika pokarmowego i przeciwutleniającego w diecie współczesnego człowieka. Systematyczny wzrost zainteresowania konsumentów żywnością funkcjonalną w Polsce, która może być istotnym elementem profilaktyki i leczenia chorób cywilizacyjnych, zwraca uwagę na potrzebę hodowli polskich odmian pszenicy rekomendowanych do produkcji takiej żywności. Ziarno 46 linii pszenicy ozimej zostało ocenione pod względem lepkości ekstraktu wodnego, zawartości substancji fenolowych oraz ilości i składu błonnika pokarmowego. Stwierdzono niewielką grupę genotypów, które charakteryzowały się wysoką lepkością ekstraktu ziarna, podstawowego parametru warunkującego, między innymi, spadek poziomu glukozy i cholesterolu we krwi po spożyciu produktów zbożowych. Wykazano dodatnią korelację ($r = 0,83$) pomiędzy lepkością ekstraktu ziarna a zawartością arabinoksylianów rozpuszczalnych. Jakkolwiek w wielu przypadkach obserwowano wysoką lepkość ekstraktu ziarna przy niskiej koncentracji arabinoksylianów w ekstrakcie, co wskazywało na nadrzędne znaczenie cech strukturalnych tych polisacharydów w odniesieniu do poziomu lepkości. Szczególnie istotna jest długość łańcucha polisacharydowego (masa cząsteczkowa), którą szacowano pośrednio jako lepkość ekstraktu ziarna przypadającą na jednostkę masy arabinoksylianów rozpuszczalnych. Spośród ocenianych form pszenicy tylko dwie z nich wykazywały wysoką lepkość ekstraktu ziarna oraz wysoką koncentrację związków fenolowych. Genotypy, które łączą w sobie wysoki potencjał lepki i przeciwutleniający oraz charakteryzują się zwiększonym udziałem rozpuszczalnych polisacharydów błonnika pokarmowego, powinny stanowić punkt wyjścia do hodowli nowych odmian pszenicy przeznaczonych do produkcji żywności funkcjonalnej.

Słowa kluczowe: arabinoksyliany błonnika pokarmowego, błonnik pokarmowy, lepkość ekstraktu ziarna, polisacharydy nieskrobiowe, pszenica ozima, związki fenolowe ogółem

Wheat grain, a principal bread cereal in the world, represents a substantial source of dietary fiber and antioxidants in the modern human diet. A recent systematic increase in consumer attention paid to functional food, being an important element in preventing and treatment of civilization diseases, is observed in Poland. This points to a need for the breeding of new wheat cultivars recommended for functional food production. Grains of 46 winter wheat lines were evaluated with respect to their water extract viscosity, total phenolics content and the amount and composition of dietary fiber. A small number of lines were characterized by high grain extract viscosity, a primary factor that controls, among others, a decrease in glucose and cholesterol levels after consumption of cereal-based products. The grain extract viscosity was positively correlated with soluble arabinoxylan content ($r = 0,83$). However, in many cases, high extract viscosity genotypes had markedly lower content of these polysaccharides, indicating paramount importance of their structural characteristics for viscosity level. Especially significant is the length of polysaccharide chain (molecular weight) that was assessed indirectly as grain extract viscosity per unit mass of arabinoxylans. Amongst wheat lines studied, only two of them exhibited both high grain extract viscosity and high concentration of phenolic compounds. Genotypes, combining high viscous potential with high antioxidant capacity as well as increased share of soluble dietary fiber polysaccharides, should represent the starting material for the breeding of new wheat cultivars designed for production of functional food.

Key words: dietary fiber, dietary fiber arabinoxylans, grain extract viscosity, nonstarch polysaccharides, total phenolic components, winter wheat

Wstęp

Gwałtowny skok technologiczny obserwowany na przestrzeni ostatnich lat w wielu gałęziach przemysłu spowodował negatywne zmiany stylu życia ludzi. Nadmierne tempo życia, któremu nieodłącznie towarzyszy napięcie nerwowe, wynikający z nich stres, mała aktywność fizyczna, ponadto nieracjonalne odżywianie a także hałas

i skażenie środowiska są głównym powodem stale rosnącej liczby zachorowań na tzw. choroby cywilizacyjne. Do najważniejszych chorób cywilizacyjnych występujących w Polsce należą choroby układu krążenia (nadciśnienie tętnicze, choroba niedokrwienna serca), cukrzyca, nadwaga i otyłość oraz nowotwory. Stanowią one przyczynę ponad 80% wszystkich zgonów.

Ziarno pszenicy zawiera 12,1-13,8% błonnika pokarmowego, który charakteryzuje się znacznie niższym poziomem frakcji rozpuszczalnej (1,3-2,5%) w odniesieniu do koncentracji tego składnika w ziarnie żyta, jęczmienia i owsa (Knudsen, 1997; Nyman i in., 1984). Błonnik pokarmowy to roślinne składniki żywności, które nie ulegają procesom trawienia w górnych odcinkach przewodu pokarmowego człowieka, a dzięki swoim specyficznym właściwościom fizykochemicznym wpływają na warunki trawienia i absorpcji pozostałych składników (Cummings, 1984; Ikegami i in., 1983; Maina i in., 2021). W dolnych odcinkach przewodu pokarmowego składniki błonnika podlegają degradacji pod wpływem enzymów syntetyzowanych przez zasiedlającą mikroflorę bakteryjną (Cyran i in., 1995; Elia i Cummings, 2007). Pod względem chemicznym błonnik pokarmowy pierwotnie został zdefiniowany jako suma polisacharydów niecelulozowych, głównie arabinoksylianów i β -glukanów, celulozy i ligniny, występujących w roślinnych ścianach komórkowych (Englyst i Cummings, 1984; Fraś i in., 2018).

W ziarnie pszenicy, żyta i pszenżyta dominującymi polisacharydami błonnika pokarmowego są arabinoksyliany, zawierające w łańcuchu głównym reszty ksylozy (β -D-ksylopiranozy) połączone wiązaniami 1 \rightarrow 4 glikozydowymi. Reszty ksylozy mogą zawierać boczne podstawniki arabinozy (α -L-arabinofuranozy) w pozycji O-3 (reszty z jednym podstawnikiem) oraz w pozycji O-2 i O-3 (reszty z dwoma podstawnikami arabinozy) (Izydorczyk i Biliaderis, 1995). Populacje ogólne arabinoksylianów obecne w ziarnie zbóż zbudowane są z licznych podfrakcji o różnych masach cząsteczkowych i różnym stopniu podstawienia głównego łańcucha arabinozą (Cyran i Saulnier, 2012; Izydorczyk i Biliaderis, 1994). Polisacharydy te posiadają zdolność do tworzenia roztworów o wysokiej lepkości przy niewielkim stężeniu, wykazują znaczną wodochłonność, mogą także tworzyć żele w wyniku oksydacyjnego sieciowania w obecności peroksydazy i nadtlenu wodoru (Izydorczyk i in., 1991b).

Jedną z najważniejszych cech produktów zbożowych w kontekście żywności funkcjonalnej jest lepkość ekstraktu, warunkująca ich zdolność do podnoszenia lepkości treści pokarmowej w jelicie cienkim człowieka. Cecha ta jest determinowana głównie zawartością rozpuszczalnych arabinoksylianów (pszenica, żyto) (Cyran i Dynkowska, 2014; Martinant i in., 1999) lub β -glukanów (owies, jęczmień) w ziarnie oraz wielkością ich mas cząsteczkowych (Regand i in., 2011). Należy podkreślić, że zdegradowane polisacharydy błonnika o niskich masach cząsteczkowych nie zapewniają wysokiej lepkości ekstraktu ziarna (Cyran i in., 2012), a tym samym nie mogą kontrolować poziomu lepkości w jelicie cienkim człowieka. Wysoka lepkość treści pokarmowej działa nega-

tywnie na aktywność enzymów trawiennych oraz inicjuje tworzenie lepkiej warstwy przylegającej do błon śluzowych, która fizycznie blokuje wchłanianie substancji odżywczych. Zwiększoną lepkość w świetle jelita cienkiego uważa się za podstawowy element mechanizmu, który prowadzi do obniżenia poziomu cholesterolu i glukozy we krwi a także sorpcji wtórnej kwasów żółciowych po spożyciu produktów zbożowych, co w konsekwencji zmniejsza ryzyko i wspomaga leczenie chorób serca, cukrzycy i otyłości (Chen i in., 2020; Jenkins i in., 1978; 2004; Lu i in., 2004).

Nadprodukcja reaktywnych form tlenu i azotu w organizmie człowieka, określana mianem stresu oksydacyjnego i nitrozacyjnego, jest jedną z głównych przyczyn choroby nowotworowej, potęgowanych napięciem nerwowym, używkami, nieprawidłowym żywieniem oraz skażeniem środowiska. Reaktywne formy tych pierwiastków, występujące głównie w postaci wolnych rodników, uszkadzają tkanki organizmu poprzez degradację podstawowych biopolimerów komórek, DNA, białek i lipidów (Pisoschi i Pop, 2015). Są one także przyczyną wzmoczonego procesu starzenia oraz chorób związanych, między innymi, z nieprawidłowym funkcjonowaniem układu krwionośnego (choroba niedokrwienności serca i cukrzyca) oraz układu nerwowego (choroba Alzheimera i Parkinsona) (Willcox i in., 2004). Ziarno zbóż zawiera szereg substancji wykazujących właściwości przeciwutleniające (Zielinski i in., 2012), wśród których podstawową grupę stanowią związki fenolowe, głównie kwasy fenolowe i dimery kwasu ferulowego (Dynkowska i in., 2015), które mogą chronić tkanki organizmu człowieka przed destrukcją oksydacyjną. W ostatnich latach wykazano, że związki fenolowe w formie związanej estrowo z polimerami ściany komórkowej wykazują silniejsze działanie antyoksydacyjne niż substancje te występujące w formie niezwiązanej (Cyran i in., 2021)

Celem badań była ocena zdolności ziarna wybranych form pszenicy do tworzenia lepkich roztworów, zawartości substancji fenolowych ogółem i składników błonnika pokarmowego oraz wskazanie parametrów selekcyjnych i najlepszych form wyjściowych do hodowli nowych odmian pszenicy odpowiednich do produkcji żywności funkcjonalnej.

Material i metody

Materiałem do badań było dojrzałe ziarno wyselekcjonowanych form pszenicy ozimej (46 linii i jedna odmiana wzorcowa Tonacja, dostarczona z SHR Strzelce) pochodzące z doświadczeń poltekowych ze zbiorów w 2013 roku w stacjach hodowli roślin zlokalizowanych w ośmiu miejscowościach (Strzelce, Polanowice, Antoniny, Nagrodowice, Choryń, Dębina, Laski i Modzurów; (tab. 1).

Tabela 1
Table 1Linie pszenicy użyte w badaniach wraz z lokalizacją
Wheat lines used in study along with the location

Nr No.	Lokalizacja Localization	Linie pszenicy Wheat lines	Ilość Amount
1	SHR Antoniny	AND 462/09, AND 143/10, AND 371/10, AND 479/09, AND 242/10, AND 446/10	6
2	HR Choryń	C 386/10, C 3634/10, C 3739/10	3
3	HR Dębina	DD 139/10, DD 280/10, DD 327/10	3
4	HR Laski	DL 338/10/4/6, DL 414/10, DL 428/10	3
5	HR Modzurów	DM 3927/10, DM 2566/11, DM 3411/12	3
6	HR Nagradowice	NAD 10085, NAD 11017, NAD 11061, NAD 11070, NAD 11099, NAD 11100	6
7	HR Polanowice	POB 0113, POB 0213, POB 0313, POB 0413, POB 0513, POB 0613, POB 0713, POB 0813, POB 0913, POB 1013	10
8	SHR Strzelce	STH 104, STH 121, STH 1140, STH 0167, STH 106, STH 188, STH 1107, STH 1124, STH 1144, STH 0179, STH 160, STH 176, Tonacja (wz.)	13

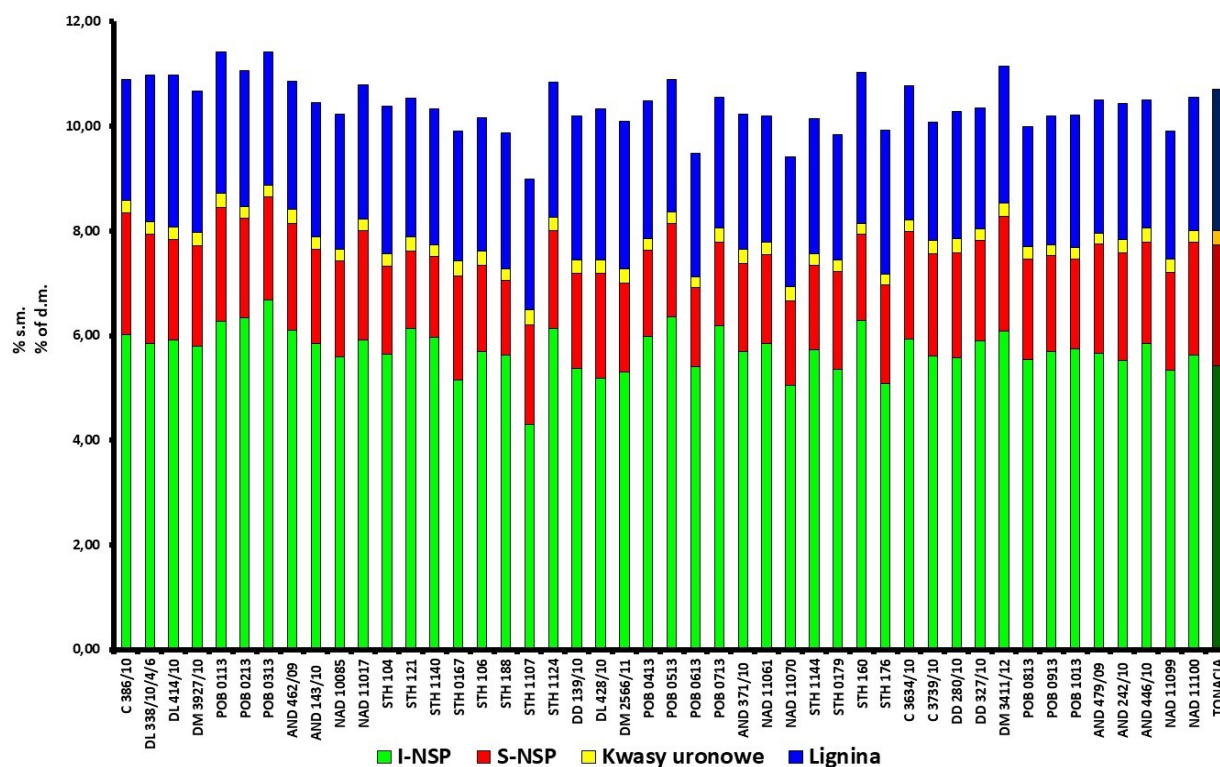
Próby ziarna zostały zmielone przy użyciu młynka laboratoryjnego Cyclotec 1093 firmy FOSS, stosując sito o wielkości oczek 0,5 mm. Pomiar lepkości ekstraktu wodnego ziarna wykonano przy pomocy wiskozymetru Brookfield LVDV-II+ z opcją stożek/płytkę w temperaturze 30°C, stosując do ekstrakcji proporcję naważki próby do ilości wody 1:3 (w/v) (Cyran i Ceglińska, 2011). Zawartość błonnika pokarmowego oznaczano metodą enzymatyczno-chemiczną według Theander i in. (1995), określaną metodą Uppsalską (Uppsala dietary fiber method, AACC method 32-25.01), w której ogólny błonnik pokarmowy jest sumą polisacharydów nieskrobiowych (polisacharydy niecelulozowe + celuloza), kwasów uronowych i ligniny Klasona (TDF = NCP + Celuloza + UA + lignina Klasona). Celulozę i polisacharydy niecelulozowe oznaczano metodą chromatografii gazowej po kompletnym wytrawieniu skrobi i białka, stosując hydrolizę z α -amylazą, amyloglukozydazą i proteazą (Megazyme) i rozdzieleniu frakcji rozpuszczalnej od nierozpuszczalnej. Frakcje polisacharydowe zostały poddane hydrolizie kwasowej a powstałe monosacharydy upochodnione do lotnych octanów alditoli (Englyst i Cummings, 1984). Analizę chromatograficzną wykonano w systemie chromatografii gazowej Agilent (7890A Serie GC Custom), stosując kolumnę kapilarną (DB-23, 30 m, 0,25 mm, i.d., 0,25 μ m f.d.) i wodór jako gaz nośny (Cyran i Dynkowska, 2014). Zawartość arabinoksylianów frakcji rozpuszczalnej błonnika pokarmowego korygowano na obecność arabinozy obecnej w arabinogalaktanach (Izydorczyk i in., 1991a). Ligninę Klasona oznaczano według Theander i in. (1995), metodą grawimetryczną po wytrawieniu prób 12M kwasem siarkowym (VI). Kwasy uronowe analizowano metodą kolorymetryczną Scotta (Scott, 1979), z zastosowaniem 3,5-dimetylofenolu jako chromofora. Związki

fenolowe ogółem oznaczano metodą kolorymetryczną z użyciem odczynnika Folin-Ciocalteu'a (Liyana-Pathirana i Shahidi, 2006) w ekstrakcie metanolowym (Dynkowska i in., 2015). Zawartość suchej masy szacowano na podstawie ubytku masy próby po wysuszeniu w piecu o temperaturze 105°C. Powyższe analizy wykonano w trzech powtórzeniach. Obliczono wartości średnich i odchyłeń standardowych oraz współczynniki zmienności i korelacji liniowej Pearsona.

Wyniki i dyskusja

Zawartość i skład frakcyjny błonnika pokarmowego

Udział błonnika rozpuszczalnego w jego frakcji ogólnej wynosił średnio 17,92% i wahał się od 14,19% do 21,50% (rys. 1). Współczynnik zmienności tego parametru wynosił 10,28%. Bardziej zróżnicowana była ekstrahowalność, czyli procentowy udział arabinoksylianów rozpuszczalnych we frakcji całkowitej tych polisacharydów (CV=15%), które stanowiły średnio 16,22% a zakres zmienności wynosił od 11,85 do 21,89% (tab. 2). Jednak tylko trzy linie, NAD 11017, STH 0167 i STH 1107, charakteryzowały się najwyższym, co najmniej 20% udziałem tych polisacharydów w ich frakcji ogólnej. Z punktu widzenia profilaktyki i leczenia chorób cywilizacyjnych, powszechnie zaleca się zwiększenie dziennego spożycia błonnika pokarmowego nawet do 25–38 g/osobę (Jenkins i in., 2004). Stąd zwiększenie poziomu błonnika ogólnego w ziarnie jest pożądane. Jednak większe znaczenie ma udział frakcji rozpuszczalnej błonnika, z uwagi na różny stopień fermentacji poszczególnych składników błonnika w okrężnicy i korzystny wpływ produktów fermentacji na metabolizm przewodu pokarmowego człowieka (Cummings, 1984; Dynkowska, 2020).



Rys. 1. Zawartość błonnika pokarmowego ogółem (% s.m.), z uwzględnieniem podziału na jego frakcję rozpuszczalną (S-NS), nierozpuszczalną (I-NSP), kwasy uronowe oraz ligninę Klasona.

Fig. 1. The dietary fiber content (% of d.m.) including the division into its soluble fraction (S-NSP), insoluble fraction (I-NSP), uronic acids and Klason lignin.

Rozpuszczalne polisacharydy niecelulozowe ziarna zbóż, głównie arabinoksylany i β -glukany, prawie całkowicie ulegają fermentacji pod wpływem mikroflory zasiedlającej jelito grube. Stopień degradacji bakteryjnej nierozpuszczalnych polisacharydów błonnika jest znacznie niższy i wynosi 15-44% w przypadku całościarnego chleba pszennego oraz 72-85% w przypadku hemicelulozy i celulozy pochodzących z diety składającej się z owoców i warzyw (Southgate i Durbin, 1970). Jest on ściśle powiązany ze strukturą tych polisacharydów i stopniem powiązania z innymi składnikami błonnika. Czysta celuloza mikrokryształiczna, zmielona w młynku kulowym lub traktowana alkalicznie jest degradowana odpowiednio w 9, 13 i 20% (Hsu i Penner, 1989). Lignina jest w niewielkim stopniu fermentowana przez mikroflorę jelitową (0-5%). Stopień lignifikacji materiałów roślinnych jest jednym z głównych czynników utrudniających ich fermentację (Cook i Sellin, 1998).

Stopień fermentacji bakteryjnej błonnika pokarmowego w dolnych odcinkach przewodu pokarmowego człowieka warunkuje ilość powstających krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (SCFA, short-chain fatty acids), głównych produktów fermentacji błonnika, takich jak kwas octowy, propionowy i masłowy (Cook i Sellin, 1998; Henningsson i in., 2001; Lattimer i Haub, 2010). Kwa-

sy te, szczególnie kwas masłowy, stanowią źródło energii dla komórek nabłonka jelita grubego, ale przed wszystkim wpływają na rozwój jego prawidłowych komórek, kolonocytów, przyczyniając się do eliminacji komórek zdeformowanych, prowadzących do licznych schorzeń układu pokarmowego, między innymi do nowotworów (Cook i Sellin, 1998; Cummings i in., 1987). Kumulacja tych kwasów w jelicie grubym powoduje spadek pH treści pokarmowej, który hamuje rozwój patogenów i bakterii gnilnych, zapewniając rozwój odpowiedniej mikroflory jelitowej. Taka populacja mikroorganizmów bytujących w jelitach jest niezbędna do zapewnienia prawidłowego metabolizmu przewodu pokarmowego człowieka, między innymi poprzez syntezę substancji chroniących przed patogenami, rozkład dostarczanych z pożywieniem toksyn i substancji rakotwórczych, syntezę mikroelementów oraz pozytywny wpływ na budowę końcowego odcinka przewodu pokarmowego (Stachowicz i Kiersztan, 2013).

Zdolność do tworzenia roztworów o wysokiej lepkości i aktywność przeciwutleniająca

Szczególnie ważnym parametrem ziarna zbóż, w kontekście efektów fizjologicznych obserwowanych w organizmie człowieka po spożyciu produktów zbożowych, jest poziom polisacharydów rozpuszczalnych, głównie arabinoksylanów dominujących w ziarnie pszenicy, żyta i pszenżyta.

Tabela 2
Table 2

Zawartość rozpuszczalnej frakcji arabinoksylianów (S-AX; % s.m.), stopień arabinozylacji (Ara/Xyl), ekstrahowalność (%) oraz zawartość tych polimerów w całkowitej frakcji polisacharydów nieskrobiowych (S-AX; % w T-NSP)
The soluble arabinoxylan content (S-AX; % of d.m.), arabinosylation degree (Ara/Xyl), extractability (%) and the amount of these polymers in total non-starch polysaccharides (S-AX; % of TDF)

Nr No.	Nazwa próby Sample	S-AX (% s.m.) S-AX (% of d.m.)	Ara/Xyl	Ekstrahowalność (%) Extractability (%)	S-AX (% w T-NSP) S-AX (% w T-NSP)
1	C 386/10	1,22	0,51	19,15	11,19
2	DL 338/10/4/6	0,99	0,48	16,53	9,00
3	DL 414/10	0,82	0,49	13,95	7,45
4	DM 3927/10	0,84	0,55	14,56	7,85
5	POB 0113	1,04	0,55	16,22	9,12
6	POB 0213	0,83	0,51	13,41	7,48
7	POB 0313	0,89	0,52	13,63	7,81
8	AND 462/09	0,95	0,46	15,55	8,72
9	AND 143/10	0,84	0,52	14,74	8,00
10	NAD 10085	0,97	0,53	17,08	9,51
11	NAD 11017	1,21	0,5	20,00	11,20
12	STH 104	0,8	0,52	14,79	7,69
13	STH 121	0,78	0,53	12,72	7,43
14	STH 1140	0,81	0,48	13,68	7,86
15	STH 0167	1,2	0,49	21,43	12,12
16	STH 106	0,88	0,5	15,15	8,63
17	STH 188	0,66	0,54	11,85	6,67
18	STH 1107	1,04	0,56	21,89	11,56
19	STH 1124	1,02	0,51	16,11	9,44
20	DD 139/10	0,92	0,5	16,49	9,02
21	DL 428/10	1,07	0,49	19,53	10,39
22	DM 2566/11	0,83	0,51	15,40	8,22
23	POB 0413	0,78	0,52	13,00	7,43
24	POB 0513	0,88	0,52	13,71	8,07
25	POB 0613	0,69	0,56	12,59	7,26
26	POB 0713	0,81	0,52	12,84	7,64
27	AND 371/10	0,85	0,53	14,41	8,33
28	NAD 11061	0,89	0,51	14,78	8,73
29	NAD 11070	0,9	0,54	16,82	9,57
30	STH 1144	0,89	0,56	15,19	8,81
31	STH 0179	0,98	0,49	17,47	10,00
32	STH 160	0,85	0,54	13,24	7,73
33	STH 176	1,05	0,56	18,85	10,61
34	C 3634/10	1,22	0,57	18,86	11,30
35	C 3739/10	1,13	0,54	18,56	11,19
36	DD 280/10	1,1	0,57	18,52	10,68
37	DD 327/10	1,05	0,54	16,72	10,10
38	DM 3411/12	1,28	0,52	19,19	11,43
39	POB 0813	1,08	0,48	18,03	10,80
40	POB 0913	0,94	0,52	15,67	9,22
41	POB 1013	0,89	0,53	14,83	8,73
42	AND 479/09	1,15	0,5	18,73	10,95
43	AND 242/10	1,02	0,49	17,26	9,81
44	AND 446/10	0,94	0,45	15,41	8,95
45	NAD 11099	0,9	0,52	16,10	9,09
46	NAD 11100	1,14	0,49	18,63	10,86
47	TONACJA	1,11	0,53	18,94	10,37
	Wartość średnia Mean	0,96	0,52	16,22	9,23
	Odchylenie standardowe Standard deviation	0,15	0,03	2,47	1,42
	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variation (%)	15	5	15	15
	Zakres zmienności Range of variation	0,66–1,28	0,45–0,57	11,85–21,89	6,67–12,12

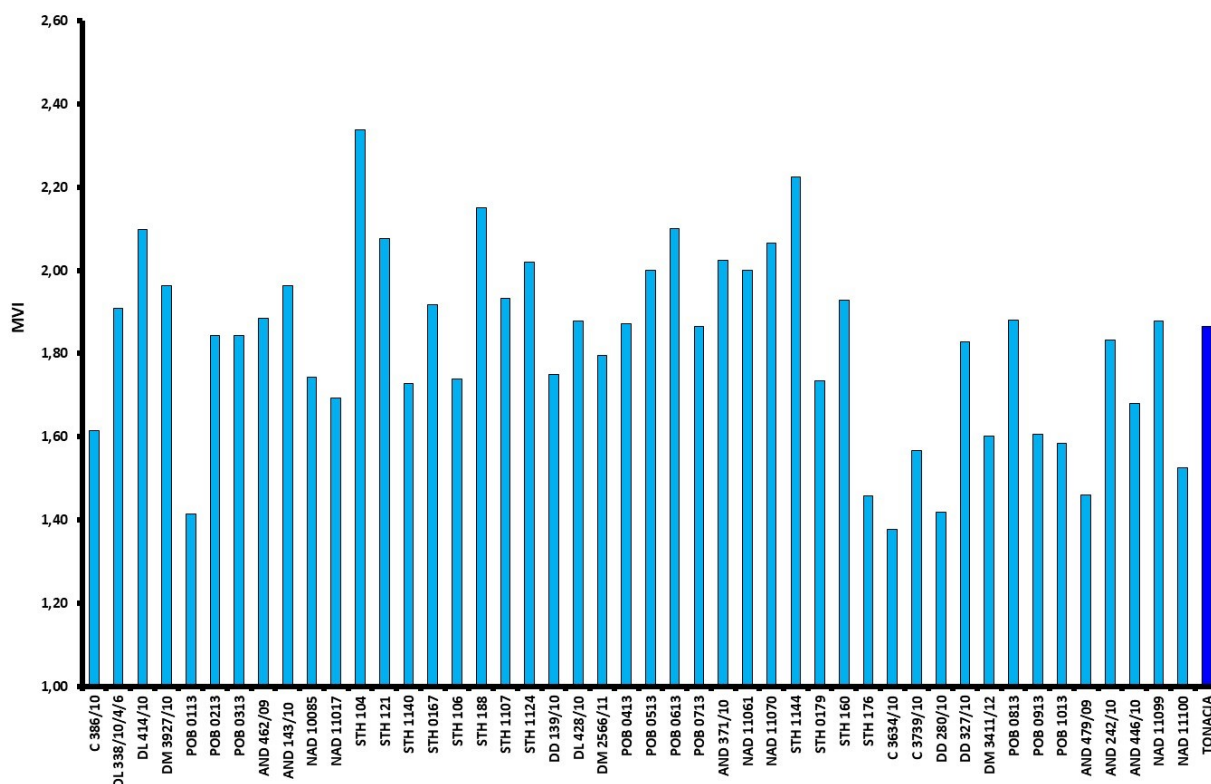
Polisacharydy te nie tylko stanowią podstawowy substrat fermentacji bakteryjnej w dolnych odcinkach przewodu pokarmowego, ale przede wszystkim warunkują wzrost lepkości treści pokarmowej w górnych odcinkach przewodu pokarmowego a w konsekwencji spadek poziomu glukozy i cholesterolu we krwi, niezbędny w profilaktyce i leczeniu chorób serca i cukrzycy (Jenkins i in., 1978; 2004). W badaniach wykazano, że lepkość różnych typów błonnika pokarmowego dodanego do posiłku ludzi jest pozytywnie skorelowana ze spadkiem poziomu glukozy we krwi (Chen i in., 2020; Jenkins i in., 1978).

w górnych odcinkach przewodu pokarmowego a w konsekwencji spadek poziomu glukozy i cholesterolu we krwi, niezbędny w profilaktyce i leczeniu chorób serca i cukrzycy (Jenkins i in., 1978; 2004). W badaniach wykazano, że lepkość różnych typów błonnika pokarmowego dodanego do posiłku ludzi jest pozytywnie skorelowana ze spadkiem poziomu glukozy we krwi (Chen i in., 2020; Jenkins i in., 1978).

Powszechnie uważa się, że wysoka lepkość ekstraktu wodnego ziarna jest proporcjonalna do wzrostu lepkości treści pokarmowej jelita cienie-

go po spożyciu produktów zbożowych. Za tę cechę odpowiedzialna jest zawartość arabinoksylianów frakcji rozpuszczalnej, co w szczególności sposób odzwierciedlone jest w ziarnie żyta (Boros i in., 1993). Zależność wartości lepkości wodnych ekstraktów mąki pszenic od zawartości arabinoksylianów rozpuszczalnych w ziarnie badanych pszenic pokazuje wartość współczynnika korelacji Pearsona $r = 0,83$ (dla $n = 47$; $p = 0,05$). Ekstrahowalność tych polimerów również w dużej mierze decydowała o wartości lepkości ($r = 0,71$).

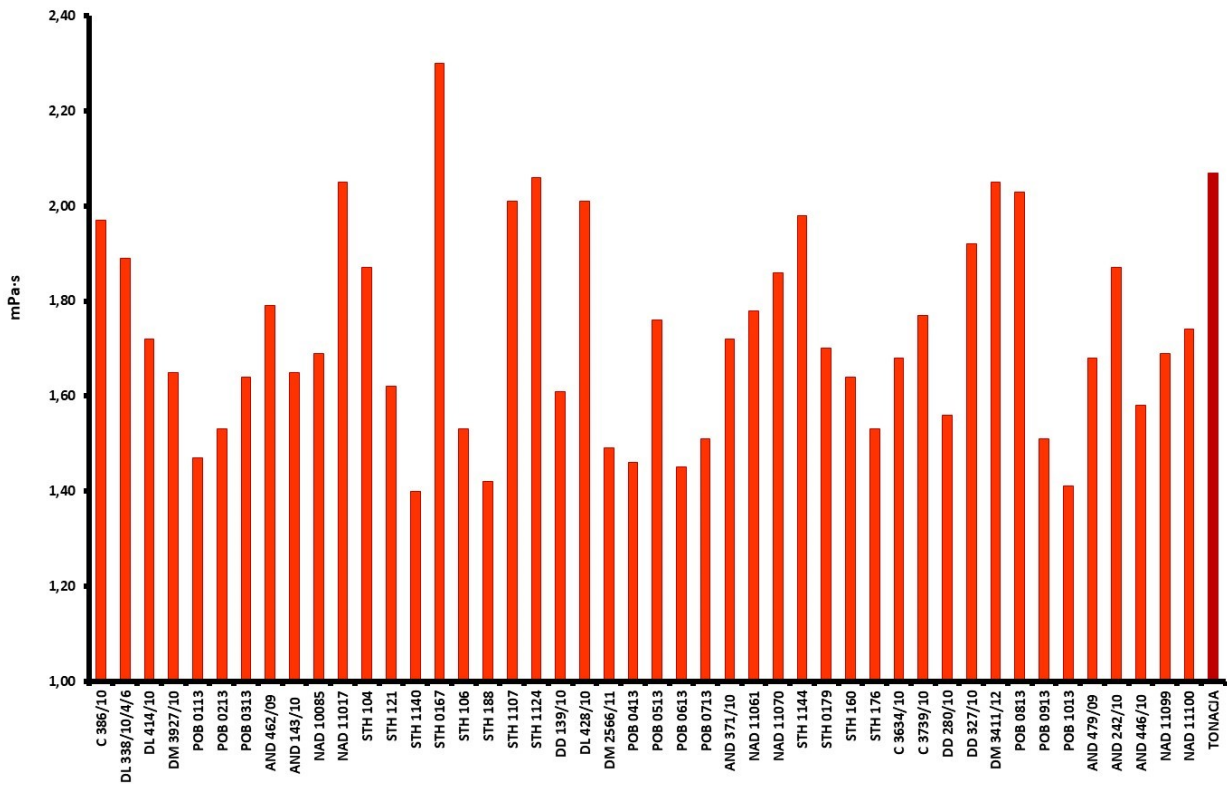
Obliczono indeks masy cząsteczkowej, który wyraża się ilorazem lepkości ekstraktu ziarna do zawartości arabinoksylianów rozpuszczalnych. Określa on lepkość ekstraktu ziarna przypadającą na jednostkę masy arabinoksylianów, której zróżnicowanie pośrednio obrazuje różnice w średniej długości łańcucha tych polisacharydów (średniej masie cząsteczkowej). Wartość tego parametru zmieniała się w zakresie od 1,38 do 2,34 (rys. 2). Najniższą wartość indeksu masy cząsteczkowej wykazała linia C 3634/10 przy równocześnie wysokiej zawartości rozpuszczalnego arabinoksylianu (1,22% s.m.) ale o stosunkowo niskiej lepkości (1,68 mPa·s), w porównaniu z formą wzorcową



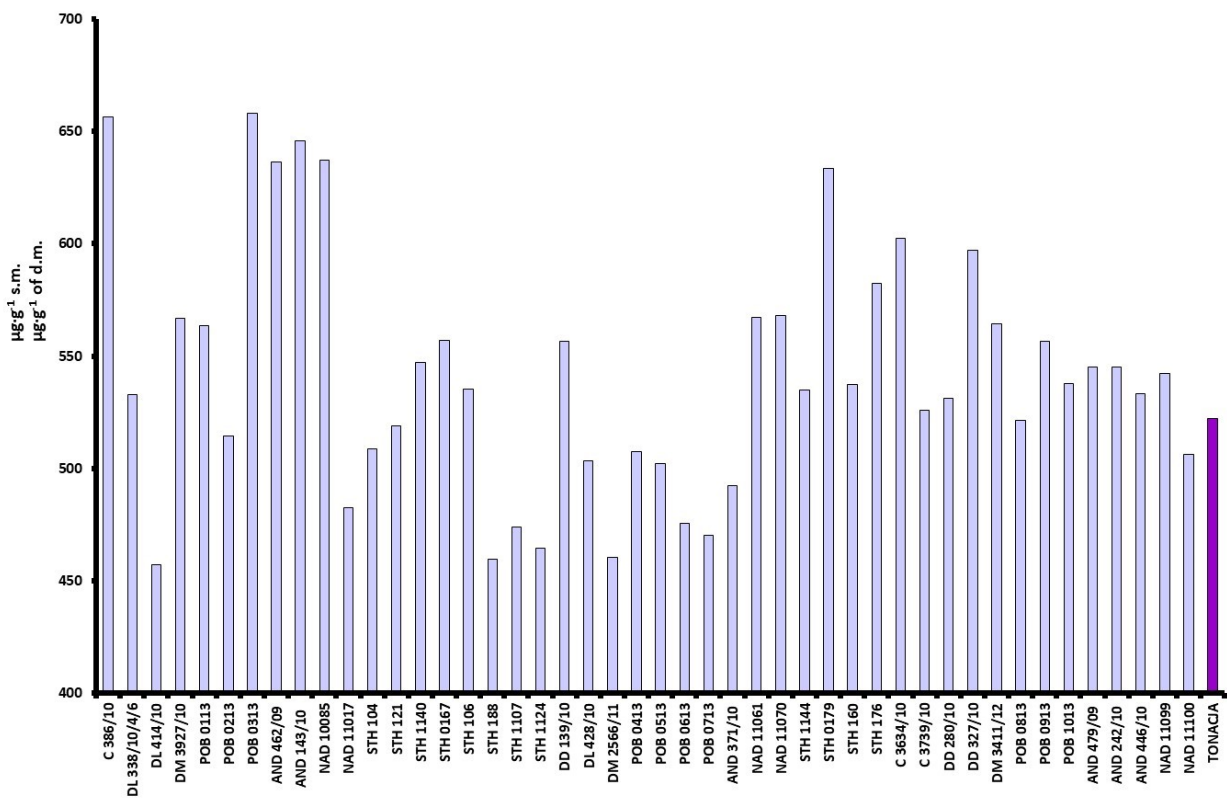
Rys. 2. Indeks masy cząsteczkowej frakcji rozpuszczalnej arabinoksylianów.
Fig. 2. The molecular weight index of soluble fraction of arabinoxylan.

Tonacja (2,07 mPa·s). Taka zależność sugeruje, że forma ta może odznaczać się arabinoksylianem o bardzo niskiej masie cząsteczkowej, lub/ oraz wysoką aktywnością endoksylianazy degradującej arabinoksyliany. Zastosowane w pracy warunki pomiaru lepkości umożliwiają hydrolityczne dzia-

łanie enzymów ziarna (godzinna ekstrakcja rozdrobnionego materiału), które degradują polisacharydy błonnika pokarmowego. Dlatego uzyskane wartości lepkości uwzględniają również wpływ zarówno endoksylianaz endogennych, jak i tych zasocjowanych na powierzchni ziarna, na masę



Rys. 3. Lepkość ekstraktu wodnego (mPa·s).
Fig. 3. Water extract viscosity (mPa·s).



Rys. 4. Zawartość substancji fenolowych (µg·g⁻¹ s.m.).
Fig. 4. Phenolic compounds content (µg·g⁻¹ of d.m.).

cząsteczkową arabinoksylianów obecnych w ekstrakcie (rys. 3). W przypadku linii STH 188 odnotowano wysoką wartość indeksu masy cząsteczkowej, który wynosi 2,15. Forma ta wykazywała się jednak niższą wartością lepkości (1,42 mPa·s) i najniższą zawartością rozpuszczalnego arabinoksylianu (0,66% s.m.).

Zawartość substancji fenolowych w badanych liniach pszenicy ozimej zawierała się w przedziale 457–658 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ s.m. (rys. 4), a współczynnik zmienności tej frakcji związków wynosił 10%. W przypadku ziarna pszenicy głównymi substancjami fenolowymi są kwasy fenolowe, przede wszystkim pochodne kwasu hydroksycynamonowego: kwas ferulowy, p-kumarowy i synapowy, a także dehydrodimery kwasu ferulowego (Hernández i in., 2011), oraz aldehydy, w szczególności wanilina. Mniejszy udział stanowią pochodne kwasu benzoowego (kwas p-hydroksybenzoowy, kawowy, wanilinowy, syringowy). Zawartość kwasu ferulowego w kwasach fenolowych ogółem określono na 70-90% (Żilić, 2016). Jako substancje o działaniu antyoksydacyjnym (Zieliński i in., 2012), związki fenolowe są pożądanym elementem codziennej diety (Mateo Anson i in., 2010). Szczególną ich rolę wykazano w przeciwdziałaniu chorobom układu krwionośnego, oddechowego oraz zapobieganiu otyłości (Dynkowska, 2019; Gammoh i in., 2017).

Polisacharydy niecelulozowe frakcji nierozpuszczalnej błonnika pokarmowego

Pozostałe niecelulozowe polisacharydy błonnika pokarmowego były zbudowane z mannozy, galaktozy i glukozy. W sumie stanowiły one ok. 13,25% tej frakcji. Polisacharydy te stanowią substrat do degradacji bakteryjnej w dolnych odcinkach przewodu pokarmowego człowieka, których produktami są krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe. W przypadku hemiceluloz ziarna pszenicy

i żyta, ich podstawowe jednostki budulcowe, arabinoza i ksyloza są w różnym stopniu degradowane (Cyran i in., 1995). Stopień degradacji ksylozy obecnej w głównym łańcuchu jest wyższy (68-73%), niż arabinozy występującej w postaci bocznych podstawników (48-56%), co odzwierciedla podstawowy mechanizm degradacji bakteryjnej tych polisacharydów, poprzez niepodstawione fragmenty łańcucha ksylanu. Ponadto wyższa koncentracja błonnika pokarmowego w ziarnie wpływa na zwiększony stopień degradacji tych cukrów, co może tłumaczyć wzrost liczby bakterii jelitowych stymulowany wyższą koncentracją substratów do fermentacji w jelicie grubym. Stopień degradacji pozostałych komponentów hemiceluloz, mannozy i galaktozy, wynosi odpowiednio 67-87% i 43-50%. Natomiast hemicelulozy zbudowane z glukozy praktycznie ulegają całkowitej degradacji (99%).

Wnioski

1. Indeks masy cząsteczkowej arabinoksylianów rozpuszczalnych, obliczony na podstawie pomiaru lepkości ekstraktu ziarna i zawartości tych polisacharydów, może być dobrym wskaźnikiem źródeł wysokocząsteczkowych arabinoksylianów.
2. Istnieje konieczność zwrócenia szczególnej uwagi na nieliczne genotypy o pożądanej charakterystyce fizykochemicznej w kontekście produkcji żywności funkcjonalnej, które łączą w sobie (1) wysoką lepkość ekstraktu ziarna, warunkowaną wysoką koncentracją arabinoksylianów rozpuszczalnych o wysokich masach cząsteczkowych, (2) wysoki udział arabinoksylianów rozpuszczalnych we frakcji błonnika pokarmowego oraz (3) wysoką zawartość przeciwutleniaczy.

Podziękowania

Autorki składają serdeczne podziękowania hodowcom ze stacji Hodowli Roślin w Strzelcach, Polanowicach, Antoninach, Nagradowicach, Choryni, Dębinie, Laskach i Modzurowie za udostępnienie ziarna materiałów hodowlanych pszenicy do analiz fizyko-chemicznych.

Literatura

- Boros, D., Marquardt, R. R., Słomiński, B. A., Guenter, W. 1993. Extract viscosity as an indirect assay for water-soluble pentosan content in rye. *Cereal Chemistry*, 70 (5): 575–580.
- Chen, M., Guo, L., Nsor-Atindana, J., H. Goff, D., Zhang, W., Mao, J., Zhong, F. 2020. The effect of viscous soluble dietary fiber on nutrient digestion and metabolic responses I: In vitro digestion process. *Food Hydrocolloids*, 107: 105971, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2020.105971>

Praca została wykonana w ramach Programu Wieloletniego 2015-2020 realizowanego przez IHAR-PIB – "Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju", finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi z budżetu w roku 2015.

- Cook, S. I., Sellin, J. H. 1998. Review article: short chain fatty acids in health and disease. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics*, 12 (6): 499–507, DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2036.1998.00337.x>
- Cummings, J. H., Pomare, E. W., Branch, H. W. J., Naylor, E., Macfarlane, G. T. 1987. Short chain fatty acids in human large intestine, portal, hepatic and venous blood. *Gut*, 28: 122–123, DOI: <https://doi.org/10.1136/gut.28.10.1221>

- Cummings, J. H. 1984. Constipation, dietary fibre and the control of large bowel function. *Postgraduate Medical Journal*, 60: 811–819, DOI: <https://doi.org/10.1136/pgmj.60.709.811>
- Cyran, M. R., Dynkowska, W. M. 2014. Mode of endosperm and wholemeal arabinoxylans solubilisation during rye breadmaking: Genotypic diversity in the level, substitution degree and macromolecular characteristics. *Food Chemistry*, 145: 356–364, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2013.07.093>
- Cyran, M. R., Dynkowska, W. M., Ceglińska, A., Bonikowski, R. 2021. Improving rye bread antioxidant capacity by bread-making methodology: Contribution of phosphate-buffered saline- and methanol-soluble phenolic phytochemicals with different molecular profiles. *Journal of Cereal Science*, 100 (5): 103262, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103262>
- Cyran, M. R., Rakowska, M., Wasilewko, J., Buraczewska, L. 1995. Degradation of dietary fibre polysaccharides of rye in the intestinal tract of growing pigs used as a model animal for studying digestion in humans. *Journal of Animal and Feed Sciences*. 4 (3): 217–227, DOI: <https://doi.org/10.22358/jafs/69795/1995>
- Cyran, M. R., & Saulnier, L. (2012). Macromolecular structure of water-extractable arabinoxylans in endosperm and wholemeal rye breads as factor controlling their extract viscosities. *Food Chemistry*, 131 (2), 667–676, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.09.054>
- Cyran, M. R., Ceglińska, A. 2011. Genetic variation in the extract viscosity of rye (*Secale cereale* L.) bread made from endosperm and wholemeal flour: impact of high-molecular-weight arabinoxylan, starch and protein. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 91(3), 469–479, DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.4208>
- Cyran, M. R., Ceglińska, A., Kolasińska, I. 2012. Depolymerization degree of water-extractable arabinoxylans in rye bread: characteristics of inbred lines used for breeding of bread cultivars. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 60 (35): 8720–8730. DOI: <https://doi.org/10.1021/jf301573v>
- Dynkowska, W. M. 2019. Rye (*Secale cereale* L.) phenolic compounds as health-related factors. *Plant Breeding and Seed Science*, 79: 9–24, DOI: <https://doi.org/10.37317/pbss-2019-0002>
- Dynkowska, W. M. 2020. Rye (*Secale cereale* L.) arabinoxylans: molecular structure, physicochemical properties and their resulting pro-health effects. *Plant Breeding and Seed Science*, 81: 13–32, DOI: <https://doi.org/10.37317/pbss-2020-0002>
- Dynkowska, W. M., Cyran, M. R., Ceglińska, A. 2015. Soluble and cell wall-bound phenolic acids and ferulic acid dehydromers in rye flour and five bread model systems: Insight into mechanisms of improved availability. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 95 (5): 1103–1115, DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.7007>
- Elia, M., Cummings, J.H. 2007. Physiological aspects of energy metabolism and gastrointestinal effects of carbohydrates. *European Journal of Clinical Nutrition*, 61 (12): Suppl 1: 40–74, DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.ejcn.1602938>
- Englyst, H. N., Cummings, J. H. 1984. Simplified method for the measurement of total non-starch polysaccharides by gas-liquid chromatography of constituent sugars as alditol acetates. *Analyst*, 109 (7): 937–942, DOI: <https://doi.org/10.1039/AN9840900937>
- Fraś, A., Gołębiowska, K., Gołębiowski, D., Boros, D. 2018. Dietary fibre in cereal grains - a review. *Plant Breeding and Seed Science*, 77: 43–53, DOI: <https://doi.org/10.37317/pbss-2018-0004>
- Gammoh, S., Alu'datt, M. H., Alhamad, M. N., Rababah, T., Ereifej, K., Almajwal, A., Ammari, Z., Al. Khateeb, W., Hussein, N. M. 2017. Characterization of phenolic compounds extracted from wheat protein fractions using high-performance liquid chromatography/liquid chromatography mass spectrometry in relation to anti-allergenic, anti-oxidant, anti-hypertension, and anti-diabetic properties. *International Journal of Food Properties*, 20 (10): 2383–2395, DOI: <https://doi.org/10.1080/10942912.2016.1238832>
- Henningsson, A., Bjorck, I., Nyman, M. 2001. Short-chain fatty acid formation at fermentation of indigestible carbohydrates. *Scandinavian Journal of Nutrition*, 45: 165–168, DOI: <https://doi.org/10.3402/fnr.v45i0.1801>
- Hernández, L., Afonso, D., Rodríguez, E. M., Díaz, C. 2011. Phenolic compounds in wheat grain cultivars. *Plant Foods for Human Nutrition*, 66 (4): 408–415, DOI: <https://doi.org/10.1007/s11310-011-0261-1>
- Hsu, J-C., Penner, M. H. 1989. Influence of cellulose structure on its digestibility in the rat. *The Journal of Nutrition*, 119 (6): 872–878, DOI: <https://doi.org/10.1093/jn/119.6.872>
- Ikegami, S., Tsuchihashi, N., Nagayama, S., Harada, H., Nishide, E., Innami, S. 1983. Effect of indigestible polysaccharides on function of digestion and absorption in rats. *Japan Society of Nutrition and Food Science*, 36 (3): 163–168.
- Izydorczyk, M. S., Biliaderis, C. G., Bushuk, W. 1991a. Comparison of the structure and composition of water-soluble pentosans from different wheat varieties. *Cereal Chemistry (USA)*, 68 (2): 139–144.
- Izydorczyk, M. S., Biliaderis, C. G., Bushuk, W. 1991b. Physical properties of water-soluble pentosans from different wheat varieties. *Cereal Chemistry*, 68 (2): 145–150.
- Izydorczyk, M. S., Biliaderis, C. G. 1994. Studies on the structure of wheat-endosperm arabinoxylans. *Carbohydrate Polymers*, 24 (1): 61–71, DOI: [https://doi.org/10.1016/0144-8617\(94\)90118-X](https://doi.org/10.1016/0144-8617(94)90118-X)
- Izydorczyk, M. S., Biliaderis, C. G. 1995. Cereal arabinoxylans: advances in structure and physicochemical properties. *Carbohydrate Polymers*, 28: 33–48, DOI: [https://doi.org/10.1016/0144-8617\(95\)00077-1](https://doi.org/10.1016/0144-8617(95)00077-1)
- Jenkins, D. J. A., Marchie, A., Augustin, L. S. A., Ros, E., Kendall, C. W. C. 2004. Viscous dietary fibre and metabolic effects. *Clinical Nutrition, Supplement*, 1 (2): 39–49, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2004.09.007>
- Jenkins, D. J., Wolever, T. M., Leeds, A. R., Gassull, M. A., Haisman, P., Dilawari, J., Goff, D. V., Metz, G. L., Alberti, K. G. 1978. Dietary fibres, fibre analogues, and glucose tolerance: importance of viscosity. *British Medical Journal*, 1 (6124): 1392–1394, DOI: <https://doi.org/10.1136/bmj.1.6124.1392>
- Knudsen, K. E. B. 1997. Carbohydrate and lignin contents of plant materials used in animal feeding. *Animal Feed Science Technology*, 67 (4): 319–338, DOI: [https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(97\)00009-6](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(97)00009-6)
- Lattimer, J. M., Haub, M. D. 2010. Effects of dietary fiber and its components on metabolic health. *Nutrients*, 2 (12): 1266–89, DOI: <https://doi.org/10.3390/nu2121266>
- Liyana-Pathirana, C. M., Shahidi, F. 2006. Importance of insoluble-bound phenolics to antioxidant properties of wheat. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 54 (4): 1256–1264, DOI: <https://doi.org/10.1021/jf052556h>
- Lu, Z. X., Walker, K. Z., Muir, J. G., O'Dea, K. 2004. Arabinoxylan fibre improves metabolic control in people with type II diabetes. *European Journal of Clinical Nutrition*, 58 (4): 621–628, DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.ejcn.1601857>

- Maina, N.H., Rieder, A., De Bondt, Y., Mäkelä-Salmi, N., Sahlström, S., Mattila, O., Lamothe, L.M., Nyström, L., Courtin, C.M., Katina, K., Poutanen, K. 2021. Process-induced changes in the quantity and characteristics of grain dietary fiber. *Foods*, 10: 2566, DOI: <https://doi.org/10.3390/foods10112566>
- Martinant, J. P., Billot, A., Bouguennec, A., Charmet, G., Saulnier, L., Branlard, G. 1999. Genetic and environmental variations in water-extractable arabinoxylans content and flour extract viscosity. *Journal of Cereal Science*, 30 (1): 45–48, DOI: <https://doi.org/10.1006/jcrs.1998.0259>
- Mateo Anson, N., Havenaar, R., Bast, A., Haenen, G. R. M. M. 2010. Antioxidant and anti-inflammatory capacity of bioaccessible compounds from wheat fractions after gastrointestinal digestion. *Journal of Cereal Science*, 51 (1): 110–114, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2009.10.005>
- Nyman, M., Siljestrom, M., Pedersen, B., Knudsen, K. E. B., Asp, N.-G., Johansson, C.-G., Eggum, B. O. 1984. Dietary fiber content and composition in six cereals at different extraction rates. *Cereal Chemistry*, 61 (1): 14–19.
- Pisoschi, A. M., Pop, A. 2015. The role of antioxidants in the chemistry of oxidative stress: A review. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 97 (5 June): 55–74, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2015.04.040>
- Regand, A., Chowdhury, Z., Tosh, S. M., Wolever, T. M. S., Wood, P. 2011. The molecular weight, solubility and viscosity of oat beta-glucan affect human glycemic response by modifying starch digestibility. *Food Chemistry*, 129 (2): 297–304, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.04.053>
- Scott, R. W. 1979. Colorimetric determination of hexuronic acids in plant materials. *Analytical Chemistry*, 51 (7): 936–941, DOI: <https://doi.org/10.1021/ac50043a036>
- Southgate, D. A. T., Durnin, J. V. G. A. 1970. Calorie conversion factors. An experimental reassessment of the factors used in the calculation of the energy value of human diets. *British Journal of Nutrition*, 24 (2): 517–535, DOI: <https://doi.org/10.1079/bjn19700050>
- Stachowicz, N., Kiersztan, A. 2013. Rola mikroflory jelitowej w patogenezie otyłości i cukrzycy. *Postepy Higieny i Medycyny Doswiadczalnej*, 67: 288–303.
- Theander, O., Aman, P., Westerlund, E., Andersson, R., Pettersson, D. 1995. Total dietary fiber determined as neutral sugar residues, uronic acid residues, and Klason lignin (the Uppsala method): collaborative study. *Journal of AOAC International*, 78 (4): 1030–1044.
- Willcox, J. K., Ash, S. L., Catignani, G. L. 2004. Antioxidants and prevention of chronic disease. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 44 (4): 275–295, DOI: <https://doi.org/10.1080/10408690490468489>
- Zielinski, H., Achremowicz, B., Przygodzka, M. 2012. Przewodzenie ziarniaków zbóż. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 1 (80): 5–26.
- Žilić, S. 2016. Phenolic compounds of wheat. Their content, antioxidant capacity and bioaccessibility. *MOJ Food Processing & Technology*, 2 (3): 85–89, DOI: <https://doi.org/10.15406/mojfpt.2016.02.00037>

Produktywność nowych odmian ziemniaka w uprawie ekologicznej i konwencjonalnej

Productivity of new potato cultivars under organic and conventional production system

Krystyna Zarzyńska 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Agronomii Ziemniaka, Jadwisin

✉ k.zarzyńska@ihar.edu.pl

Badania przeprowadzono w latach 2020-2022 w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Oddziale Jadwisin – centralna Polska. Celem badań była ocena produktywności kilku odmian ziemniaka uprawianych w dwóch systemach produkcji i oszacowanie ich przydatności do uprawy w systemie ekologicznym. Badaniom poddano sześć odmian ziemniaka należących do różnych grup wczesności. Oceniano wskaźniki produktywności roślin oraz plon bulw i jego strukturę. Stwierdzono istotne zróżnicowanie większości badanych cech w zależności od systemu produkcji i odmiany. W ekologicznym systemie uprawy wskaźniki te były znacznie mniejsze niż w systemie konwencjonalnym. Plon bulw odmian uprawianych w systemie ekologicznym był średnio o 51% mniejszy niż w systemie konwencjonalnym. Odnotowano również duże zdrobnienie plonu. Stwierdzono istotne różnice odmianowe. Najlepszymi parametrami plonu w systemie ekologicznym charakteryzowała się odmiana Jelly. Spośród badanych odmian można jeszcze polecać odmianę Gardena i Irmina.

Słowa kluczowe: *Solanum tuberosum*, system ekologiczny, system konwencjonalny, plon, genotyp

The research was carried out in the years 2020-2022 at the Institute of Plant Breeding and Acclimatization in the Jadwisin-central Poland Branch. The aim of the research was to evaluate the productivity of several potato varieties grown in two production systems and to assess their suitability for cultivation under organic system. Six potato cultivars belonging to different groups of earliness were tested. Plant productivity indices as well as tuber yield and its structure were assessed. Significant differentiation of both plant productivity indices and tuber yield and its structure depending on the production system and cultivar was found. In the organic cultivation system, these indicators were much lower than in the conventional. The tuber yield of cultivars grown in the organic system was 51% lower. A large diminution of the yield was also noted. Large varietal differences were found. The Jelly cultivar was characterized by the best yield parameters in the organic system. Among the tested varieties, Gardena and Irmina varieties can also be recommended.

Key words: *Solanum tuberosum*, organic system, conventional system, yield, genotype

Wstęp

Zainteresowanie rolnictwem ekologicznym na całym świecie rośnie o czym świadczy wartość sprzedaży detalicznej produktów ekologicznych, która wynosi ok 44,2 mld euro w Unii Europejskiej (UE) (Willer i in. 2022). Największy udział powierzchni użytków ekologicznych w całkowitej powierzchni użytków rolnych występuje w Austrii (26,5%), Estonii (22,4%), Szwecji (20,4%) i Wł-

szech (16%) (Willer i in., 2022). W Polsce udział ten wynosi obecnie 5,0%, czyli 560 000 ha. Europejski Zielony Ład zakłada między innymi: zapewnienie w ramach możliwości planety wystarczającą podaż niedrogiej i pełnowartościowej żywności, zmniejszenie o 50% korzystania z pestycydów i nawozów oraz sprzedaż środków anty-drobnoustrojowych, zwiększenie ilości gruntów przeznaczanych na rolnictwo ekologiczne, propagowanie bardziej zrównoważonej konsumpcji

żywności i zdrowe odżywianie. Komisja Europejska przedstawiła plan działania na rzecz rolnictwa ekologicznego w ramach strategii "Od pola do stołu". Wskazano w nim szereg działań służących zwiększeniu skali rolnictwa ekologicznego w UE. Główny cel to zwiększenie produkcji ekologicznej, tak by do 2030 r. zostało na nią przeznaczonych 25% gruntów rolnych. Państwa członkowskie UE są zachęcane do stworzenia krajowych planów rolnictwa ekologicznego. Cel, który Polska nakreśliła sobie w Krajowym Planie Strategicznym (KPS) dla Wspólnej Polityki Rolnej (WPR) do 2030 roku to 7%.

Jedną z roślin rolniczych, których udział w rolnictwie ekologicznym jest niewielki jest ziemniak. Powierzchnia ekologicznej uprawy ziemniaka w Polsce wynosi ok 2 tys. ha i stanowi 0,3% ogółu ekologicznych użytków rolnych. Ziemniak należy do trudnych gatunków w uprawie ekologicznej ze względu na duże zagrożenie ze strony agrofagów, a główne z nich to: chwasty, zaraza ziemniaka i stonka ziemniaczana.

Czynnikami, które w największym stopniu limitują poziom plonowania różnych roślin w systemie ekologicznym, są duże ograniczenia w stosowaniu pestycydów oraz występujący na niektórych glebach deficyt składników pokarmowych wskutek niestosowania nawozów mineralnych. Ograniczenia te mają wpływ na rozwój roślin a w konsekwencji na wielkość plonu bulw i jego strukturę (Frinckh i in., 2006; Kuś i Stalenga, 1998; Zarzyńska i Pietraszko, 2015; Zarzyńska i Jończyk, 2017). W konwencjonalnym systemie produkcji ziemniaka gdzie ochrona polega głównie na stosowaniu pestycydów, utrzymanie plantacji w stanie zadawalającym nie jest dużym problemem. O wiele gorzej wygląda sytuacja w przypadku produkcji ekologicznej, w której poza niewielkimi wyjątkami stosowanie środków chemicznych jest niedozwolone.

Jednym z ważnych czynników decydujących o powodzeniu uprawy ziemniaka w systemie ekologicznym jest właściwy dobór odmian.

Odmiana przydatna do uprawy ekologicznej powinna charakteryzować się takimi cechami jak: szybkie tempo wzrostu w początkowej fazie rozwoju (konkurencyjność w stosunku do chwastów), wysoka odporność na patogeny, niskie wymagania glebowe i nawozowe, dobra jakość plonu (Zarzyńska, 2006; Zarzyńska i Goliszewski, 2006; Zarzyńska, 2011; Zimnoch-Guzowska, 2008). Wszystkie te cechy trudno jest znaleźć w jednej odmianie ale należy poszukiwać takich, które posiadają ich najwięcej.

Celem pracy jest ocena produktywności nowych odmian ziemniaka w systemie ekologicznym i konwencjonalnym i na tej podstawie wytypowanie odmian o największej przydatności do uprawy ekologicznej. Produktywność uprawianych odmian ziemniaka przedstawiono głównie na podstawie zebranego plonu i jego strukturze.

Material i metody

Badania przeprowadzono w latach 2020-2022 w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Oddziale Jadwisin – centralna Polska na glebie lekkiej o składzie granulometrycznym piasku gliniastego lekkiego. Ziemniak uprawiany był w dwóch systemach produkcji: ekologicznym i konwencjonalnym. Płodozmian stosowany w systemie ekologicznym: ziemniak → jęczmień jary → mieszanka peluszkki z grochem pastewnym i żytem jarym → mieszanka łubinu żółtego i owsa → żyto z wsiewką seradeli.

Płodozmian stosowany w systemie konwencjonalnym: ziemniak → pszenica jara → pszenica ozima → łubin.

Oba systemy produkcji różniły się nawożeniem, sposobem zwalczania chwastów oraz metodami ochrony przed chorobami i szkodnikami (tab. 1).

Tabela 1
Table 1

Zabiegi agrotechniczne w systemie ekologicznym i konwencjonalnym
Agonomic inputs in organic and conventional systems

Zabiegi agrotechniczne Crop production practice	System ekologiczny Organic system	System konwencjonalny Conventional system
Nawożenie Fertilization	Obornik / manure – 28 t·ha ⁻¹ + gorczyca jako poplon / mustard as a catch crop	4-5 t przyoranej słomy / plowed straw + 1 kg azotu mineralnego/100 kg słomy / minearal nitrogen per 100 kg straw N: 100 kg·ha ⁻¹ ; P: 53 kg·ha ⁻¹ ; K: 150 kg·ha ⁻¹
Zwalczanie chwastów Weed control	Tylko mechaniczne / Only mechanical	Mechaniczne / mechanical + herbicydy / herbicides Linurex – 1,8 g·ha ⁻¹ , Titus + Trend – 60 g·ha ⁻¹ + 0,5 dm ³ ·ha ⁻¹
Ochrona przed stonką ziemniaczaną Colorado potato beetle control	Biologiczny insektycyd / biological insecticide Spin Tor 240 SC (Spinosad) 2 razy w sezonie / 2 times pre season – 0,15 dm ³ ·ha ⁻¹	Chemiczne insektycydy / chemical insecticides Actara – 2 razy w sezonie / 2 times per season 60 g·ha ⁻¹ , Apacz – 40 g·ha ⁻¹
Ochrona przed zarazą ziemniaka Late blight control	Fungicydy miedziowe / Copper fungicides Miedzian 50 WP – 3 kg·ha ⁻¹ – 2 razy w sezonie / 2 times per season	Chemiczne fungicydy / chemical fungicides Ridomil – 2 dm ³ ·ha ⁻¹ , Revus – 0,6 dm ³ ·ha ⁻¹ , Ranman – 0,2 dm ³ ·ha ⁻¹ , Altima – 0,4 dm ³ ·ha ⁻¹

Badaniami objęto sześć odmian ziemniaka z różnych grup wczesności. Wszystkie odmiany były sadzone w tym samym czasie tj. ok. 23 kwietnia w rozstawie 75 cm × 33,3 cm w trzech powtórzeniach. Główną charakterystykę odmian podano w tabeli 2.

W pełni rozwoju roślin tj. ok. 30 czerwca na odmianach wczesnych i ok. 15 lipca na odmianach późniejszych wykonano analizę wybranych parametrów morfologiczno-fizjologicznych roślin tj: wysokość, masa nadziemna, powierzchnia asymilacyjna, wskaźnik LAI oraz zawartość chlorofilu w liściach SPAD. Badania przeprowadzono na 12 roślinach tj. po 4 rośliny w 3 powtórzeniach.

Po zbiorze oceniono plon i jego strukturę tj. udział w plonie bulw o średnicy: <35 mm, 35 mm - 60 mm i >60 mm.

Dane dotyczące warunków atmosferycznych panujących w latach badań podano w tabeli 3.

Analizy statystyczne wyników przeprowadzono za pomocą analizy wariancji z wykorzystaniem programu Statistica (StatSoft, Polska). Istotność źródeł zmienności testowano testem Fishera-Snedecora, a istotność różnic testem Tukeya. Jak wynika z danych przedstawionych w tabeli 3. Warunki atmosferyczne panujące w latach badań były zbliżone. Jedynie w roku 2021 odnotowano zwiększoną ilość opadów.

Tabela 2
Table 2

Charakterystyka odmian ziemniaka uprawianego w latach 2020-2022
Characteristics of potato cultivars evaluated in organic and conventional production systems during 2020-2022

Odmiana Cultivar	Wczesność Earliness	Odporność na <i>Phytophthora infestans</i> Resistance to <i>Phytophthora infestans</i> *
Bohun	bardzo wczesna / very early	3
Pogoria	bardzo wczesna / very early	3
Ismena	wczesna / early	3
Irmia	średnio wczesna / medium early	4
Gardena	średnio wczesna / medium early	7
Jelly	średnio późna / medium late	5

* 9 – pełna odporność / full resistance, 1 – brak odporności / no resistance

Tabela 3
Table 3

Suma miesięcznych opadów (O) i średnia miesięcznych temperatur (T) podczas okresu wegetacji w latach 2014-2016, Jadwisin
Total monthly rainfall (O) and mean monthly temperatures (T) during the vegetative growth period in the years 2014-2016, Jadwisin

Rok / Year	Miesiąc / Month											
	IV		V		VI		VII		VIII		IX	
	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)	O (mm)	T (°C)
2020	5,6	8,8	65,3	11,6	113,8	18,7	40,4	19	120,7	20,1	51,8	15,5
2021	37,8	6,9	69,5	12,7	97,2	20,1	124,2	21,9	120,4	17,2	37,5	13,5
2022	34,1	6,9	35,9	13,6	66	19,3	107,3	20,8	25	21,8	50	12

Wyniki

Istotność zróżnicowania badanych czynników

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie większości badanych cech w zależności głównie od systemu produkcji i odmiany. System produkcji wpływał istotnie na wszystkie badane parametry z wyjątkiem udziału w plonie bulw średniej wielkości (35 mm - 60 mm). Odmiana w sposób udowodniony statystycznie decydowała o wysokości roślin, wskaźni-

ku zieloności liści SPAD, plonie ogólnym bulw i udziale bulw o średnicy <35 mm i 35 mm - 60 mm. Brak istotności odnotowano w przypadku masy nadziemnej, wskaźnika LAI, i udziału bulw największych. Lata badań istotnie różnicowały następujące cechy: wysokość roślin, masę nadziemną, wskaźnik SPAD, udział bulw najmniejszych i największych. Nie miały natomiast wpływu na takie cechy jak: wskaźnika LAI, plon ogólny bulw i udział bulw średniej wielkości (tab. 4). Nie stwierdzono istotności współdziałania badanych czynników.

Tabela 4
Table 4

Istotność zróżnicowania badanych parametrów Significance of tested parameters			
Badane cechy Tested parameter	System produkcji Crop production system	Odmiana Cultivar	Rok Year
Wysokość roślin / Plant height	**	*	*
Masa nadziemna / Aboveground mass	**	-	*
LAI	**	-	-
SPAD	*	**	*
Plon ogólny bulw / Total yield of tubers	**	*	-
Udział bulw małych / Small tubers proportion (<35 mm)	**	*	*
Udział bulw średnich / Medium tubers proportion (35 - 60 mm)	-	**	-
Udział bulw dużych / Large tubers proportion (>60 mm)	**	-	*

** istotne przy/significant at $\alpha \leq 0,01$; * istotne przy/significant at $\alpha \leq 0,05$; - nieistotne/insignificant

Zróżnicowanie wskaźników produktywności roślin w zależności od systemu produkcji i odmiany

Rozwój roślin w systemie ekologicznym był znacznie słabszy niż w systemie konwencjonalnym, o czym świadczą wartości wskaźników morfologiczno-fizjologicznych. Średnio dla odmian wysokość roślin w systemie ekologicznym wynosiła 28,7 cm a w systemie konwencjonalnym 51,4 cm. Największe różnice na korzyść systemu konwencjonalnego wystąpiły u odmian: Bohun, Ismena i Irmina. Masa nadziemna roślin była ponad dwukrotnie większa u roślin rosnących w systemie konwencjonalnym i wynosiła odpowiednio

350,8 g i 897,8 g. Największe różnice dotyczyły również odmian: Bohun, Ismena i Irmina. Wartość wskaźnika pokrycia gleby przez listowie (LAI) była o 36% większa w systemie konwencjonalnym niż w ekologicznym. Średnio dla systemów produkcji największym wskaźnikiem LAI charakteryzowały się odmiany Gardena i Ismena a największe różnice między systemami odnotowano u odmian Bohun i Ismena. Wskaźnik zieloności liści SPAD był niższy w systemie ekologicznym niż w konwencjonalnym i wynosił odpowiednio 33,2 i 35,2. Największym wskaźnikiem SPAD niezależnie od systemu produkcji charakteryzowała się odmiana Jelly (tab. 5).

Tabela 5
Table 5

Wskaźniki produktywności roślin w zależności od systemu produkcji i odmiany (średnio dla lat badań 2020-2022) Indicators of plant productivity depending on production system and cultivar (mean for 2020-2022)

Odmiana Cultivar	System produkcji Production system	Wysokość Height (cm)	Masa nadziemna Aboveground mass (g)	LAI	SPAD
Bohun	Ekologiczny / Organic	27,4 ab	304,7 a	1,47 ab	31,2 a
	Konwencjonalny / Conventional	54,3 ab	1000,8 ab	2,48 ab	33,2 ab
Pogoria	Ekologiczny / Organic	25 a	385,6 a	1,85 ab	32,6 a
	Konwencjonalny / Conventional	29,4 ab	6334,4 ab	2,19 ab	33,8 ab
Ismena	Ekologiczny / Organic	22,5 a	278,4 a	1,23 a	31,2 a
	Konwencjonalny / Conventional	50,5 ab	996,7 ab	3,18 b	33,2 ab
Irmina	Ekologiczny / Organic	37,9 ab	334,2 a	1,52 ab	32,2 a
	Konwencjonalny / Conventional	79,1 b	1131,9 b	2,78 ab	35,6 ab
Gardena	Ekologiczny / Organic	20,2 a	437,8 ab	1,96 ab	32,8 ab
	Konwencjonalny / Conventional	31,7 ab	689,6 ab	2,74 ab	33,2 ab
Jelly	Ekologiczny / Organic	39,4 ab	363,9 a	1,93 ab	37,8 ab
	Konwencjonalny / Conventional	63,2 ab	934,4 ab	2,22 ab	39,8 b
Średnio	Ekologiczny / Organic	28,7 A	350,8 A	1,66 A	33,2 A
	Konwencjonalny / Conventional	51,4 B	897,8 B	2,60 B	35,2 B

Zróźnicowanie plonu bulw i jego struktury w zależności od systemu produkcji i odmiany

Zróźnicowanie wskaźników rozwojowych roślin między systemem ekologicznym i konwencjonalnym miało swoje odbicie w plonie bulw i jego strukturze. Plon bulw pochodzący z systemu ekologicznego był ponad dwukrotnie niższy w porównaniu z plonem pochodzącym z systemu konwencjonalnego i wynosił odpowiednio 26,6 t·ha⁻¹ i 54,2 t·ha⁻¹. Najwyższym plonem w systemie ekologicznym charakteryzowały się odmiany Bohun i Jelly, najniższym zaś odmiany Ismena i Gardena. W systemie konwencjonalnym najwyższy plon wydały odmiany Bohun i Irmina. Najniżej plonowała odmiana Ismena (tab. 6). Średnio dla obu systemów produkcji największy plon uzyskano z odmiany Bohun a najmniejszy z odmiany Ismena (tab. 7). Najniższy spadek plonu pomiędzy dwoma systemami stwierdzono

u odmian Pogoria i Jelly a najwyższy u odmiany Gardena (tab. 7). Uprawa w systemie ekologicznym wpłynęła nie tylko na zmniejszenie plonu ogólnego ale spowodowała również duże jego zdrobnienie. Jak wynika z danych zawartych w tabeli 6 udział bulw najmniejszych tj. o średnicy <35 mm odnotowano w systemie ekologicznym 10,2% a w systemie konwencjonalnym stanowił on 4,2%. Udział bulw średniej wielkości wynosił odpowiednio 84,5% i 65,2%. Największe różnice dotyczyły udziału bulw dużych tj. o średnicy >60 mm. W systemie ekologicznym udział w plonie tej wielkości bulw wynosił tylko 5,3% a w systemie konwencjonalnym aż 30,6% (tab. 6). Największym spadkiem udziału bulw dużych w stosunku do systemu konwencjonalnego charakteryzowały się odmiany Bohun i Jelly. Najmniejszy spadek odnotowano u odmiany Gardena (tab. 7).

Tabela 6
Table 6

Plon bulw i jego struktura w zależności od systemu produkcji i odmiany, (średnio dla lat 2020–2022)
Tuber yield and its structure depending on production system and cultivar, (mean for years 2020–2022)

Odmiana Cultivar	System produkcji Production system	Plon ogólny Total yield (t·ha ⁻¹)	Udział bulw małych Share of small tubers (<35 mm)	Udział bulw średnich Share of medium tubers (35 mm - 60 mm)	Udział bulw dużych Share of large tubers (>60 mm)
Bohun	Ekologiczny / Organic	31,9 abcd	17,5 b	80,6 bc	1,6 a
	Konwencjonalny / Conventional	54,2 e	6,3 ab	71,9 abc	21,8 ab
Pogoria	Ekologiczny / Organic	28,3 ab	6,1 ab	87,0 c	6,9 a
	Konwencjonalny / Conventional	44,1 cde	3,8 a	55,8 ab	40,5 b
Ismena	Ekologiczny / Organic	19,2 a	9,6 ab	86,1 c	4,3 a
	Konwencjonalny / Conventional	33,1 abcd	3,8 a	69,8 abc	26,4 ab
Irmina	Ekologiczny / Organic	27,8 ab	14,0 ab	79,9 bc	6,1 a
	Konwencjonalny / Conventional	52,3 de	3,7 a	65,7 abc	30,6 ab
Gardena	Ekologiczny / Organic	22,1 ab	10,2 ab	81,4 bc	8,1 a
	Konwencjonalny / Conventional	46,1 de	5,3 ab	73,2 abc	21,5 ab
Jelly	Ekologiczny / Organic	30,2 abc	3,7 a	91,7 c	4,6 a
	Konwencjonalny / Conventional	47,7 de	2,3 a	54,6 a	43,1 b
Średnio	Ekologiczny / Organic	26,6 A	10,2 A	84,5 B	5,3 A
	Konwencjonalny / Conventional	54,2 B	4,2 A	65,2 A	30,6 B

Podsumowując przedstawione dane podjęto próbę wytypowania spośród badanych odmian najbardziej przydatnych do ekologicznego systemu produkcji. Biorąc pod uwagę wielkość plonu, do uprawy w systemie ekologicznym należałoby wytypować odmiany Bohun

i Jelly. Uwzględniając natomiast strukturę plonu odmiana Bohun nie może być polecana do uprawy ekologicznej ze względu na zbyt duże zdrobnienie plonu. Spośród pozostałych odmian dość dobrymi parametrami wyróżniały się odmiany Gardena i Irmina.

Plonowanie odmian (średnio dla systemu produkcji) i zmiany w wielkości plonu w stosunku do systemu konwencjonalnego
Cultivar yielding (mean for production system) and changes in relation to conventional system

Odmiana Cultivar	Średni plon dla odmiany Average yield (t/ha)	Spadek plonu ogólnego w stosunku do systemu konwencjonalnego Decrease in total yield compared to the conventional system (%)	Spadek udziału bulw dużych w stosunku do systemu konwencjonalnego Decrease in large tubers proportion in relation to the conventional system (%)
Bohun	43,0 c	41,1	92,1
Pogoria	36,2 ab	35,8	83,0
Ismena	26,2 a	42,0	83,7
Irmına	40,0 bc	46,8	80,1
Gardena	34,1 ab	52,1	62,3
Jelly	39,0 bc	36,7	89,3

Dyskusja

Liczne badania i praktyka wskazują, że ekologiczny system produkcji daje niższe, bardziej zmienne plony niż systemy wykorzystujące nawozy syntetyczne i chemiczne środki ochrony roślin. Jednak różnica w plonach między tymi systemami jest zależna od gatunku rośliny, przy czym rośliny okopowe wykazują większe zróżnicowanie niż zboża. Plony ziemniaka uprawianego w systemie ekologicznym są od 10% do 50% niższe niż w systemie konwencjonalnym. Niektórzy autorzy wykazują nawet większe różnice dochodzące do 70% (Palmer i in., 2013; Ponisio i in., 2015; Wilbois i Schmidt, 2019; Zarzyńska i Pietraszko, 2015). Podkreśla się również dużą zmienność plonowania w latach. Bardzo dużą rolę odgrywa tu rozwój zarazy ziemniaka, która powoduje największe straty w plonie. Analiza przebiegu pogody na przestrzeni lat potwierdza zasadę, że lata tzw. „zarazowe”, tzn. z dużą ilością opadów, są latami wysokich plonów ziemniaków. Dotyczy to szczególnie upraw konwencjonalnych, w których możliwe jest stosowanie pestycydów i nawozów mineralnych. W uprawach ekologicznych sytuacja jest bardziej skomplikowana. Dlatego też, plonowanie roślin w systemie ekologicznym jest mocniej uzależnione od warunków klimatycznych niż w systemie konwencjonalnym. W przedstawionych badaniach nie udowodniono wpływu tego czynnika na wielkość plonu. Dość zbliżone warunki atmosferyczne panujące w analizowanych latach nie miały istotnego wpływu na wielkość plonu bulw. Wpływ lat badań odnotowano natomiast w stosunku do struktury plonu. Największe zmiany dotyczyły udziału bulw najmniejszych (<35 mm) i największych (>60 mm). Generalnie, wystąpiło duże zdrobnienie plonu co potwierdzają nasze wcześniejsze badania (Zarzyńska i Goliśzewski, 2015; Zarzyńska i Jończyk, 2017).

Jak już podkreślano, dobór odmian do uprawy ekologicznej jest czynnikiem w dużym stopniu decydującym o jej powodzeniu. Dużą rangę przy-

pisuje się cechom morfologicznym roślin. Odmiany uprawiane w systemie ekologicznym powinny charakteryzować się szybkim tempem wzrostu w początkowej fazie rozwoju i dużą masą nadziemną roślin co ma ścisły związek z wielkością zachwaszczenia (Haase i in., 2002; Lapwood 1997; Phillips in., 2015; Skrabule i in., 2005; Zarzyńska 2006). Z punktu widzenia walki z chwastami najbardziej przydatne są odmiany o największej masie nadziemnej, najlepiej przykrywające glebę. Spśród badanych odmian największym wskaźnikiem pokrycia gleby przez listowie charakteryzowała się odmiana Gardena. Bardzo ważną cechą jest wysoka odporność na patogeny ale również wysoka plenność. Odmiany nisko plonujące w produkcji konwencjonalnej dają na ogół niskie plony w produkcji ekologicznej a poziom opłacalności uprawy takich odmian jest bardzo mały (Ierna i Parisi, 2014; Kopel 2001; Kuś i Stalenga, 1998; Sawicka i Kuś, 2000; Smith i in., 2008). Spośród badanych odmian w systemie ekologicznym najwyższe plonowały odmiany Bohun Jelly i odmiany te miały najniższe spadki plonu w porównaniu z systemem konwencjonalnym. Niestety u odmian tych zanotowano największy spadek udziału bulw dużych, szczególnie u odmiany Bohun która charakteryzowała się dużym zdrobnieniem plonu w systemie ekologicznym.

Dużą nadzieję pokłada się w odmianie Gardena. Jest to odmiana szczególnie dedykowana do uprawy ekologicznej ze względu na jej wysoką odporność na organizm grzybopodobny *Phytophthora infestans*, powodujący zarazę ziemniaka. W prowadzonych badaniach wydała ona jeden z niższych plonów ale spowodowane było to głównie złą jakością sadzeniaków w jednym roku badań. Generalnie odmiana ta daje wysoki plon o dużych bulwach i na pewno nie można jej przekreślać jako odmiany przydatnej do uprawy ekologicznej, szczególnie w latach o dużym nasileniu zarazy ziemniaka. Podsumowując, za najbardziej przydatne do uprawy

wy ekologicznej można uznać odmiany: Jelly, Irmina i Gardena. Odmiana Jelly nie jest wprawdzie nową odmianą ale nie była dotychczas testowana pod względem przydatności do uprawy ekologicznej.

Wnioski

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie zarówno wskaźników produktywności roślin jak i plonu bulw i jego struktury w zależności od systemu produkcji.
2. W ekologicznym systemie uprawy wskaźniki produktywności roślin były znacznie niższe niż w systemie konwencjonalnym. Naj-

większe różnice dotyczyły masy nadziemnej roślin.

3. Plon bulw odmian uprawianych w systemie ekologicznym był o 51% mniejszy niż w systemie konwencjonalnym. Odnotowano również istotny spadek udziału bulw dużych.
4. Stwierdzono duże różnice odmianowe. Najlepszymi parametrami plonu w systemie ekologicznym charakteryzowała się odmiana Jelly. Spośród badanych odmian można jeszcze polecać do uprawy ekologicznej odmiany Gardena i Irmina.

Literatura

- Finckh, M.R.; Schulte-Geldermann, E.; Bruns, C. 2006. Challenges to organic potato farming: Disease and nutrient management. *Potato Res.* 49, 27–42.
- Haase, T., Schuler, C., Kolsch, E., Heb J. 2002. The influence of variety, stand density and tuber seed size on yield and grading of potatoes (*Solanum tuberosum* L.) in organic farming. In: Wenzel G. and Wulfert I. (eds) Potatoes today and tomorrow. 15th triennial conference of EAPR. WPR communication GmbH and co KG, Hamburg, Germany, 106.
- Ierna, A., Parisi, B. 2014. Crop growth and tuber yield of early potato crop under organic and conventional farming. *Sci Hortic.* 165, 260–265.
- Koppel, M. 2001. Selection of potato varieties for organic growing In: Abstracts of conference papers, EAPR Pathology section meeting. Bonin, Poland. 73–74.
- Kuś J., Stalenga J. 1998. Plonowanie kilku odmian ziemniaka uprawianych w systemach ekologicznym i integrowanym. *Rocz. AR w Poznaniu CCCVII*: 126–131.
- Lapwood, D. H. 1997. Factors affecting the field infection of potato tubers of different cultivars by blight (*Phytophthora infestans*). *Ann Appl Biol.* 85, 23–42.
- Parliament, the Council, the European Economic and Social Committee and the Committee of the Regions. Pathway to a Healthy Planet for all. EU action plan: 'Towards zero pollution for air, water and soil', Brussels, 12.05.2021.
- Palmer, M.W.; Cooper, J.; Tétard-Jones, C.; Średnicka-Tober, D.; Barański, M.; Eyre, M.; Shotton, P.N.; Volakakis, N.; Cakmak, I.; Ozturk, L.; et al. 2013. The influence of organic and conventional fertilisation and crop protection practices, preceding crop, harvest year and weather conditions on yield and quality of potato (*Solanum tuberosum*) in a long-term management trial. *Eur J Agron.* 49, 83–92.
- Phillips, SL, Shaw, MW, Wolfe, MS. 2015. The effect of potato variety mixture on epidemic of late blight in relation to plot size and level of resistance. *Ann App Biol.* 147, 245–252.
- Ponisio, L.C.; M'Gonigle, L.K.; Mace, K.C.; Palomino, J.; de Valpine, P.; Kremen, C. 2015. Diversification practices reduce organic to conventional yield gap. *Proc Royal Soc B.* 282, 20141396.
- Sawicka B., Kuś J. 2000. Yield and potato tuber quality in relation to crop production system. *Pamiętnik Puławski.* 120: 379-389.
- Skrabule, I., Gaile Z., Vigovskis J. 2005. Optimizing agricultural output production: theory and praxis. Evaluation of potato varieties for organic farming. *Latvian J Agron.* 348, 57–66.
- Smith, R.G.; Gross, K.L.; Robertson, G.P. 2008. Effects of crop diversity on agroecosystem function: Crop yield response. *Ecosystems.* 11, 355–366.
- Wilbois, K.-P.; Schmidt, J.E. 2019. Reframing the Debate Surrounding the Yield Gap between Organic and Conventional Farming. *Agronomy.* 9, 82. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy9020082>
- Willer H, Trávníček J, Meier C and Schlatter B (eds). 2022. The World of Organic Agriculture. Statistics and Emerging Trends. Research Institute of Organic Agriculture FiBL.
- Zarzyńska K. 2006. Cechy odmian ziemniaka przydatne w uprawie ekologicznej. W: Ziemniak soppżywczy i przemysłowy oraz jego przetwarzanie. Jakość polskich odmian ziemniaka ich szansą na wspólnym rynku europejskim. Materiały IV Konferencji Naukowej, Szklarska Poręba: 46–54.
- Zarzyńska K., Golszewski W. 2006. Rola odmiany w ekologicznej uprawie ziemniaka. *J Res Appl Agric Eng.* 51(2), 214–219.
- Zarzyńska K. 2011. Porównanie wybranych polskich i zagranicznych odmian ziemniaka w uprawie ekologicznej *J Res Appl Agric Eng.* 56(4), 208–212.
- Zarzyńska, K., Golszewski, W. 2015. Cultivar differentiation of potato plant production in organic and integrated systems. *Fragm Agron.* 32(3), 113–120.
- Zarzyńska, K., Pietraszko, M. 2015. Influence of climatic conditions on development and yield of potato plants growing under organic and conventional systems in Poland. *Am J Potato Res.* 92, 511–517 DOI 10.1007/s12230-015-9465
- Zarzyńska K. , Jończyk K. 2017. Yield and commercial tuber quality of potatoes grown under two crop production systems in different environmental conditions. *J Res Appl Agric Eng.* 62 (4), 211-215.
- Zimnoch-Guzowska E. 2008. Demand for low input varieties, Breeding and adaptation of potatoes, EAPR, EUCARPIA, 1.

Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia jarego włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego w roku 2022

Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) of spring barley varieties from the Post-registration Variety Testing program in 2022

Jerzy H. Czembor  , Elżbieta Czembor , Aneta Kisiela , Elżbieta Wnuk 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie

 j.h.czembor@ihar.edu.pl

Mączniak prawdziwy zbóż i traw (MP) powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*), oprócz innych chorób jak np. plamistość siatkowa jęczmienia (*Pyrenophora teres*), należy do najważniejszych pod względem gospodarczym chorób jęczmienia. Dlatego podejmowane są badania mające na celu określenie uwarunkowań genetycznych odporności na tego patogenu odmian wprowadzonych do Krajowego Rejestru genami specyficznymi. W przeprowadzonych badaniach uwzględniono 52 odmiany jęczmienia jarego włączone do Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku. Z uwagi na efektywność genów specyficznych warunkujących odporność roślin już we wczesnych stadiach ich rozwoju, testy fitopatologiczne wykonano w stadium siewki. Stwierdzono, że odporność 32 odmian (61.5% badanych) uwarunkowana była genem *mlo5*, a objawy porażenia oceniano jako 0(4) lub genem *mlo5* powiązaniem z innymi genami dominującymi (objawy porażenia na wybrane izolaty z zestawu różnicującego oceniano jako 0). Odporność 5 odmian była uwarunkowana genem dominującym *Mla3* oraz innymi dominującymi genami dopełniającymi w tym *Mlk* (Magnus, MHR Filar, MHR Krajan, Poemat, RGT Gagarin). Odporność odmiany Bente i Sting uwarunkowana była genem *Sl-1*. W przypadku odmiany Kakadu postulowano, że jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* powiązaniem z innymi genami dopełniającymi. Gen *Sl-1* warunkuje odporność na większość patotypów mączniaka prawdziwego zbóż i traw występujących obecnie w populacji *Bgh* na terenie Polski.

Słowa kluczowe: *Blumeria graminis*, jęczmień jary, mączniak prawdziwy zbóż i traw, PDO, specyficzne geny odporności, odmiany

Powdery mildew of cereals and grasses caused by the fungus *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*), in addition to other diseases such as e.g. net blotch (*Pyrenophora teres* f. sp. *teres*), is one of the most important diseases of barley in economic terms. Therefore, this research was conducted to describe resistance to *Bgh* postulate introduced into the National Register with genes of specific resistance. In the presented study 52 varieties of spring barley were investigated which were included in the Post-registration Variety Testing program (PDO) conducted by the Research Centre for Cultivar Testing (COBORU) in 2022. Because specific resistance genes are effective in the early stages of plant development, phytopathological tests were performed at the seedling stage. Resistance of 32 cultivars (61.5% of the tested) was found to be determined by the *mlo5* gene and symptoms were scored as 0(4) or by the *mlo5* gene associated with other dominant genes (when the symptoms of infection by selected isolates belong to a differential set were scored as 0). The resistance of five cultivars was determined by the *Mla3* gene and other genes, including *Mlk* (Magnus, MHR Filar, MHR Krajan, Poemat, RGT Gagarin). The resistance of Bente and Sting cultivars was determined by the *Sl-1* gene. In the case of the Kakadu variety, it was postulated that its resistance was determined by the *Sl-1* gene associated with other genes. The *Sl-1* gene determines resistance to most pathotypes of powdery mildew present in the *Bgh* population in Poland.

Keywords: *Blumeria graminis*, powdery mildew, PDO, specific resistance genes, spring barley, cultivars

Wstęp

Jęczmień (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* Spenn.) jest czwartą rośliną uprawną na świecie, po pszenicy, kukurydzy i ryżu, pod względem powierzchni uprawy. Prawie połowa światowej powierzchni upraw jęczmienia znajduje się w Europie, gdzie jest drugą po pszenicy rośliną uprawną (FAOSTAT, 2022). Gatunek ten uprawiany jest na cele paszowe, browarne i spożywcze (Geng i in., 2022, Lukinac i Jukić, 2022, Kępińska-Pacelik i Biel, 2021). Mączniak prawdziwy zbóż i traw

(MP) powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* D.C. f. sp. *hordei* (Marchal) (*Bgh*), występuje powszechnie w głównych rejonach uprawy jęczmienia na całym świecie. Rozwojowi choroby sprzyja temperatura ok. 20°C i duża wilgotność powietrza – powyżej 80%. Na rozwój *Bgh* wpływają również takie czynniki jak odporność odmian, warunki glebowe, nawożenie azotem i gęstość siewu. Patogen ten ogranicza rozwój roślin poprzez porażanie liści, pochwy liściowych, źdźbeł i kłosów co powoduje ich zasychanie i zmniejszenie ich powierzchni fotosyntetycznej. W przypad-

ku infekcji roślin w stadium siewki lub krzewienia, choroba może powodować straty w plonie sięgające 25%, natomiast przy infekcji w późniejszych stadiach rozwoju roślin straty sięgają średnio ok. 10%. Obecność efektywnych genów odporności w roślinach nie tylko chroni uprawiane odmiany ale ogranicza wytwarzanie inokulum i rozprzestrzeniania się patogenu na większe obszary przeciwdziałając powstawaniu epifitoz.

Aby zapobiec stratom powodowanym przez MP wykorzystuje się zaprawy nasienne, fungicydy oraz właściwą agrotechnikę. Uprawa odmian odpornych lub tolerancyjnych jest najbardziej przyjazną środowisku metodą kontroli występowania tej choroby (Lamichhane i in., 2018). Ochrona chemiczna jest metodą efektywną i szybką w zastosowaniu, jednak może powodować efekty uboczne w postaci negatywnego wpływu na środowisko naturalne i zdrowie człowieka.

Odporność jęczmienia na MP uwarunkowana jest zarówno genami specyficznymi jak i niespecyficznymi (Ge i in., 2021, Brown i Wulff, 2022, Czembor i in., 2022, Czembor i in., 2011, 2012, 2013, 2016, Hoseinzadeh, 2019). Geny specyficzne są efektywne zarówno w stadium siewki jak i rośliny dorosłej, natomiast odporność uwarunkowana wieloma genami niespecyficznymi odpowiada za odporność w stadium rośliny dorosłej. Odporność uwarunkowana wieloma genami niespecyficznymi jest bardziej trwała i trudniejsza do przełamania przez pojawiające się w populacji *Bgh* nowe patotypy. Jest to ważne, ponieważ populacja tego patogenu jest bardzo dynamiczna i uprawa odmiany z efektywnym specyficznym genem odporności na większych obszarach powoduje, że pojawiają się patotypy wirulentne w stosunku do tego genu (Dreiseitl, 2011, 2013, 2017, 2019, 2020, Gacek i in., 2004, Hovmöller, 2000, Kush i in., 2023). Dlatego należy dążyć do tego aby w genomie odmiany połączyć zarówno geny specyficzne jak i niespecyficzne. W warunkach klimatycznych Europy środkowej, w tym Polski, geny specyficzne zabezpieczają przed porażeniem roślin w okresie wiosennym, gdy są one efektywne w początkowych fazach rozwoju oraz zabezpieczają przed przejściem choroby z roślin ozimych na formy jare (Dreiseitl, 2020).

Prace nad poszukiwaniem źródeł odporności jęczmienia na MP, które są wprowadzane do odmian komercyjnych, prowadzono już w latach trzydziestych XX w. gdy intensyfikacja uprawy tego gatunku na terenie Niemiec (intensywne nawożenie i większa gęstość siewu) spowodowała załamanie odporności uprawianych tam odmian i doprowadziła do epifitozy. Prace te były i nadal są prowadzone równoległe z monitorowaniem populacji patogenu pod względem jego wirulencji.

Geny odporności identyfikowane są w gatunkach *H. vulgare* L. (*H. vulgare* subsp. *vulgare* i *H.*

vulgare subsp. *spontaneum*), *H. bulbosum* L. oraz *H. laevigatum*. Hodowcy wykorzystują w programach hodowlanych wiele genów odporności a zwłaszcza te, zidentyfikowane w locus *Mla* na chromosomie 1 (*Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12*, *Mla13*) oraz geny *MLk*, *MLg*, *MLLa*, *MLh*, *MLra*. Opisane specyficzne geny odporności, których źródłem jest dziki jęczmień to, *Mla16-Mla21*, *Mla25-Mla29*, *Mla32*, *MlaLv*, *Mlf*, *Mlj*, *mlt*, *ML(Ro)*, *ML(Ve)* (Dreiseitl, 2020) Jednak wiele z tych genów utraciło już swoją efektywność względem populacji MP występującej w Europie. Wyjątkiem są geny odporności *Mlo* i *ML(La)*, które uważane są za przykład odporności trwałej jęczmienia na MP. Gen odporności *ML(La)*, którego źródłem jest *H. laevigatum*, był efektywny ponad 10 lat pomimo, że wykorzystywano go na szeroką skalę.

Odporność *Mlo* nabrała bardzo dużego znaczenia w latach dziewięćdziesiątych XX w. (Czembor, 2000, Czembor i Czembor, 2003a,b,c, 2021a,b). Jest ona powszechnie używana w programach hodowlanych jęczmienia prowadzonych przez wszystkie znaczące firmy hodowlane w Europie. Nie jest ona odpornością rasowo-specyficzną i jest uwarunkowana jednym genem recesywnym. Mimo, że odmiany z tą odpornością uprawiane są od 30 lat na dużym areale w Europie, to dotychczas nie stwierdzono obecności w populacji *Bgh* patotypów posiadających gen wirulencji komplementarny do tej odporności (Jørgensen, 1992; Hovmöller i in., 2000, Dreiseitl, 2020).

W Polsce od lat 70. ubiegłego wieku dużą uwagę przywiązuje się do hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka prawdziwego. Celem prezentowanych prac było uzupełnienie charakterystyki odmian badanych w ramach programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w warunkach polowych o informacje dotyczące obecności w tych odmianach specyficznych genów odporności w oparciu o wyniki testów fitopatologicznych na siewkach przy użyciu zestawu różnicującego.

Materiały i metody

Materiał roślinny

Specyficzne geny odporności na mączniaka prawdziwego powodowanego przez *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*) identyfikowano w kolekcji 52 odmian jęczmienia jarego włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku. Były to odmiany wprowadzone do Krajowego Rejestru w okresie 05.02.2015-17.02.2023.

Zestaw izolatów różnicujących odmiany pod względem uwarunkowań genetycznych odporności na *Bgh*

W badaniach wykorzystano kolekcję 36 izolatów *Bgh*, które były wirulentne lub awirulentne w stosunku do genów odporności obecnych w zestawie różnicującym 38 linii i odmian (tab. 1). Były to linie izogeniczne Pallas opracowane przez Kolstera i in. (1986), reprezentujące geny, które identyfikowano już od lat 30-tych i wykorzystywano w hodowli jęczmienia od lat sześćdziesiątych (głównie w locus *Mla*, *Mla1*, *Mla3*, *Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12*). Są one mało efektywne w stosunku do patotypów *Bgh* dominujących obecnie w populacji *Bgh* na terenie Polski, a które wciąż są obecne w formach ozimych lub jarych. Zestaw linii izogenicznych Pallas został uzupełniony o odmiany dla których sukcesywnie określano nowe geny odporności i które są również wykorzystywane we współczesnych programach hodowlanych. Dla każdego genu odporności przypisany został swoisty tylko dla niego układ wirulencji i awirulencji izolatów.

Testy odpornościowe

Identyfikację specyficznych genów odporności obecnych w odmianach prowadzono w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowym Instytucie Badawczym w Radzikowie warunkach szklarniowych (długość dnia 16 h, temp. 16°C-22°C) w okresie zimowym 2022-2023. Odmiany i linie zestawu różnicującego oraz badane odmiany wysiewano do multiplatów (5 siewek na genotyp). Izolaty namnażano na siewkach podatnej odmiany Manchuria CI 2330. Zakażenia sztuczne prowadzono strząsając zarodniki konidialne każdego izolatu osobno nad siewkami odmian i linii Pallas zestawu różnicującego oraz odmian włączonych do doświadczeń rejestrowych i porejestrowych w fazie 2 w pełni rozwiniętego liścia. W trakcie wszystkich testów siewki podatnej odmiany Manchuria CI 2330 stanowiły kontrolę. Po 8–10 dniach od zakażeń sztucznych oceniano stopień porażenia roślin w uaktualnionej pięciostopniowej skali Mainsa i Dietza (1930) w której 0 = brak widocznych objawów porażenia; 1 = niewielkie nekrozy, 2 = nekrozy powiększają się, chlorozy, niewielkie zarodnikowanie; 3 = chlorozy, grzybnia rozwinięta lecz słabo zarodnikująca; 4 = dobrze rozwinięta i zarodnikująca grzybnia, uzupełnionej o stopień 0(4) charakteryzujący reakcję odmian z genem *mlo* (Czembor i Czembor, 2001).

Postulowanie genów warunkujących odporność odmian na mączniaka prawdziwego

Postulowanie obecności genów odporności prowadzono zgodnie z hipotezą „gen na gen” na podstawie porównania reakcji badanych odmian z reakcjami odmian i linii różnicujących dla których w genomie stwierdzono obecność znanego genu odporności. Rośliny o reakcji 0–1 klasyfiko-

wano jako odporne. Rośliny o reakcji 2-4 jako podatne. Ocena 0(4) świadczyła o obecności genu *mlo*. Pierwszym etapem było zdefiniowanie i wyeliminowanie genów odporności nieobecnych w badanych odmianach. Wystąpienie reakcji zgodnej z danym izolatem (oceny 3 i 4) oznaczało, że odmiana nie posiadała alleli odporności dla których izolata był awirulentny (Flor, 1971).

Wyniki

W kolekcji odmian włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) stwierdzono odporność *Mlo* w 32 (61.5%) badanych odmianach, a objawy porażenia oceniano jako 0(4) (tab. 2). Odporność typu *Mlo* wybranych odmian powiązana była również z innymi genami odporności. W tych przypadkach reakcję na porażenie przez wybrane izolaty oceniano na 0, co oznaczało brak objawów choroby, podobnie jak u odmian Oberek i Podarek w zestawie odmian różnicujących. Odporność odmian Mecenas i Schiwago uwarunkowana była genami *Ml(St1)* i *Ml(St2)*, które były wspomagane przez inne geny odporności. Odmiana Bente, została włączona zarówno do zestawu różnicującego, jak i była włączona do PDO. Odporność odmiany Bente i Sting uwarunkowana była bardzo efektywnym genem *Sl-1*. Dla odmiany Kakadu stwierdzono, że potencjalnie jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* powiązany z innymi genami.

Genem dominującym warunkującym odporność 5 odmian (Magnus, MHR Filar, MHR Krawan, Poemat, RGT Gagarin) był *Mla3*. Jego obecność w tych odmianach była powiązana z innymi nieznanymi genami oraz *Mlk* co zapewniało, że ich odporność była bardziej efektywna w stosunku do zestawu izolatów różnicujących.

Dyskusja

Odporność jęczmienia na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (MP) powodowanego przez *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*), należy do grupy ważnych gospodarczo cech warunkujących wielkość plonu ziarna oraz jego jakość (Czembor i in., 2018, 2022, Dreiseitl, 2020, Czembor i Czembor, 2022). Sprzyjającymi warunkami dla rozwoju *Bgh* są temperatury poniżej 20°C oraz wysoka wilgotność powietrza. Pomimo ocieplającego się klimatu, takie warunki występują okresowo również w Polsce (Michalska, 2011). Wynika to z faktu, że na wzrost średniej rocznej temperatury o ok. 1°C mają wpływ głównie temperatury lipca i sierpnia, a nie temperatury w okresie wiosennym gdy rośliny jęczmienia są w fazie krzewienia czy strzelania w źdźbło. Są one wówczas szczególnie są podatne na infekcję przez *Bgh*. Uprawa odmian odpornych na MP jest ważna zarówno dla rolnictwa ekologicznego, konwencjonalnego a także intensywnego. Postęp biologiczny w podnoszeniu odporności roślin uprawnych na patogeny i szkodniki jest podstawą spełnienia zaleceń

Tabela 1

Table 1

Reakcje odpornościowe zestawu różnicującego linii izogenicznych Pallas i odmian o znanych specyficznych genach odporności na zakażenie zestawem różnicującym 36 izolatów *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*
Resistance reactions of barley Pallas near-isogenic lines differential set and cultivars with known resistance genes after inoculation with 36 isolates of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Lp.	Źródło pochodzenia / Source of origin	Linie izogeniczne i odmiany / Near isogenic lines, cultivars	Geny odporności / resistance genes	Zestaw izolatów Bgh (1–15) / Bgh isolates set (1–15)														
				Bgh 19-64	Bgh 19-65	Bgh 20-19	Bgh 20-20	Bgh 19-19	Bgh 20-31	Bgh 11/R	Bgh 12/R	Bgh 20-32	Bgh 19-33	Bgh 20-28	Bgh 20-33	Bgh 22-1	Bgh 22-2	Bgh 22-3
1	Helis Hanna (CI 1017)	Pallas - standard	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
2	Algerian CI 1179	P01	<i>Mla1</i>	4	4	0	4	4	0	4	4	1	0	4	0	4	4	
3	Ricardo CI 6303	P02	<i>Mla3</i>	4	1	4	0	4	1	4	4	4	0	1	1	1	4	
4	<i>H. santonum</i> (Voldagsen 8141/44)	P03	<i>Mla6, Mla14</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	4	4	4	
5	Lyallpur 3645, Kwan	P04	<i>Mla 7, Mlk</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	0	4	4	
6	Lyallpur 3645, Long Glumes	P06	<i>Mla7, MILG2</i>	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	
7	Monte Cristo (CI 1017), Kwan	P07	<i>Mla9, Mlk</i>	0	2	0	0	0	0	4	4	0	3	0	0	0	3	
8	Monte Cristo (CI 1017), Kwan	P08A	<i>Mla9, Mlk</i>	0	2	1	0	0	0	4	4	0	2	0	0	0	3	
9	Monte Cristo (CI 1017)	P08B	<i>Mla9</i>	0	2	0	0	0	0	4	4	0	4	0	0	4	3	
10	Iso 12	P09	<i>Mla10, MIDu2</i>	2	4	2	4	2	2	4	0	4	4	4	2	4	4	
11	Arabische	P10	<i>Mla 12, Mla(Em 2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	3	4	4	4	
12	Rupee (CI 16155)	P11	<i>Mla 13, Mla(Ru 3), Mla(Ru 4)</i>	0	2	4	4	0	0	4	0	0	4	0	0	4	4	
13	HOR 1657	P12	<i>Mla22</i>	4	4	4	3	4	4	3	4	0	0	0	2	4	4	
14	HOR1402	P13	<i>Mla23</i>	1	3	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	1	4	
15	Ragusa	P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	
16	Rupee (CI 16155)	P15	<i>MI(Ru2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	
17	Kwan	P17	<i>Mlk</i>	4	2	2	1	-	3	4	2	2	4	2	2	3	2	
18	Nigrinudum	P18	<i>Mlm</i>	4	4	3	4	4	4	4	3	2	4	4	4	4	1	
19	Nigrate	P19	<i>Mlp</i>	4	3	3	4	-	4	4	4	2	-	2	2	4	3	
20	Atlas CI 4118	P20	<i>Mlat</i>	3	3	3	4	2	3	2	2	2	2	2	2	2	4	
21	Goldfoil CI 928 (Hilde)	-	<i>Mlg</i>	4	4	4	4	-	2	4	-	4	4	4	4	-	-	
21	Weihenstephan 127422 CI 13125	P21	<i>Mlg, MI(CP)</i>	4	4	0	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	
22	Mutant Carlsberg II R 5678	P22	<i>mlo5</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	
23	<i>H. laevigatum</i>	P23	<i>MI(La)</i>	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	3	4	4	
24	Hauters	P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	
25	Benedicte	Benedicte	<i>Mla9, MI(IM9)</i>	4	4	0	3	4	0	4	3	0	0	3	0	4	4	
26	Lenka	Lenka	<i>Mla13, MI(Ab)</i>	0	4	4	4	4	0	4	0	0	4	0	0	3	4	
27	Oberek	Oberek	<i>MI(Ab)</i>	4	4	4	4	-	4	0	-	2	4	4	4	2	2	
28	Gunnar	Gunnar	<i>Mla3, MI(Tu2)</i>	0	0	4	0	0	0+3	1	0	0	0	0	0	0	4	
29	Steffi	Steffi	<i>MI(Si1), I(Si2)</i>	4	4	4	4	4	3	4	4	4	0	4	4	4	4	
30	Triumph	Triumph	<i>Mla7, MI(Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
31	Borwina	Borwina	<i>MI(Bw)</i>	4	4	4	4	4	1	4	4	3	4	4	3	4	4	
32	Iron	Iron	<i>I-B-53</i>	4	4	0	0	0	4	4	4	4	0	4	4	4	4	
33	Souleyka	Souleyka	<i>Lv</i>	1	4	4	0	0	-	4	4	0	1	2	4	4	4	
34	Galleon	Galleon	<i>MI(Ga)</i>	2	4	4	2	2	3	2	2	2	2	3	3	4	3	
35	Bgh 255	Bgh 255	<i>Mor</i>	1	1	2	3	0	2	4	4	1	1	2	1	2	4	
36	Bgh 173	Bgh 173	<i>mr</i>	0	0	3	2	2	0	3	0	-	0	-	-	2	2	
37	Bgh 569	Bgh 569	<i>569</i>	1	1	1	1	1	1	3	2	2	1	2	2	2	2	
38	Bgh 5317	Bgh 5317	<i>5317</i>	4	0	2	2	0	0	0	0	2	2	1	0	0	2	
39	Bgh 39408	Bgh 39408	<i>39408</i>	4	0	3	2	3	3	4	4	2	2	2	2	3	4	
40	Bente	Bente	<i>SI-1</i>	2	1	0	1	4	1	0	0	2	0	2	1	1	0	
41	Salome	Salome	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	
42	Rubinek	Rubinek	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	

Tabela 1 C.d.
Table 1 Cont.

Lp.	Linie izogeniczne i odmiany / Near isogenic lines, cultivars	Geny odporności / resistance genes	Zestaw izolatów Bgh (16–36) / Bgh isolates set (16–36)																				
			Bgh 22-4	Bgh 22-5	Bgh 22-6	Bgh 22-7	Bgh 22-8	Bgh 22-9	Bgh 22-10	Bgh 22-11	Bgh 22-12	Bgh 22-13	Bgh 22-14	Bgh 22-15	Bgh 22-16	Bgh 22-17	Bgh 22-18	Bgh 22-19	Bgh 22-20	Bgh 22-21	Bgh 22-22	Bgh 22-23	Bgh 22-24
1	Pallas - standard	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
2	P01	<i>Mla1</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
3	P02	<i>Mla3</i>	3	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	1	4	4	2	4	4	4	4	4
4	P03	<i>Mla6, Mla14</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
5	P04	<i>Mla 7, Mlk</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
6	P06	<i>Mla7, MILG2</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
7	P07	<i>Mla9, Mlk</i>	1	1	2	1	1	0	2	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
8	P08A	<i>Mla9, Mlk</i>	1	4	4	1	2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
9	P08B	<i>Mla9</i>	4	4	4	4	3	0	4	4	4	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
10	P09	<i>Mla10, MIDu2</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	2	4	4	4	4	4
11	Arabische	<i>Mla 12, Mla(Em 2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
12	P11	<i>Mla 13, MI (Ru 3), Mla (Ru 4)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	4
13	P12	<i>Mla22</i>	4	4	4	4	4	1	4	4	4	4	2	0	4	0	2	4	2	2	2	4	4
14	P13	<i>Mla23</i>	2	2	4	4	1	2	4	2	2	4	1	2	4	2	2	2	2	2	3	2	2
15	P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
16	P15	<i>MI(Ru2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
17	P17	<i>Mlk</i>	2	4	4	4	3	4	4	4	4	1	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
18	P18	<i>Mlm</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	3	3	3	4	4	4	4	2
19	P19	<i>Mlp</i>	4	3	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
20	P20	<i>Mlat</i>	2	2	4	2	2	2	4	2	4	4	3	2	4	3	3	2	2	3	3	4	2
21	-	<i>Mlg</i>	-	-	-	-	-	-	4	4	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	P21	<i>Mlg, MI (CP)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
22	P22	<i>mlo5</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)
23	P23	<i>MI(La)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
24	P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
25	Benedicte	<i>Mla9, MI (IM9)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
26	Lenka	<i>Mla13, MI (Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	4
27	Oberek	<i>MI(Ab)</i>	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	3	0	3	4	4	4	4	4	4	4
28	Gunnar	<i>Mla3, MI (Tu2)</i>	2	1	2	1	3	2	4	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	2	2	1
29	Steffi	<i>MI(St1), I (St2)</i>	4	4	4	4	4	4	1	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
30	Triumph	<i>Mla7, MI (Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
31	Borwina	<i>MI(Bw)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
32	Iron	<i>I-B-53</i>	3	4	4	4	2	4	4	4	4	4	2	2	2	2	4	2	2	0	0	4	4
33	Souleyka	<i>Lv</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
34	Galleon	<i>MIGa</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
35	Bgh 255	<i>Mor</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
36	Bgh 173	<i>mr</i>	2	0	2	0	0	4	4	4	0	4	0	0	0	3	4	0	0	0	0	0	0
37	Bgh 569	<i>569</i>	1	1	2	2	2	0	4	2	2	2	1	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2
38	Bgh 5317	<i>5317</i>	0	1	1	0	0	1	3	0	0	3	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0
39	Bgh 39408	<i>39408</i>	3	3	3	4	1	4	0	4	2	4	4	4	4	4	4	2	2	4	3	3	4
40	Bente	<i>SI-1</i>	0	1	2	1	2	1	0	1	2	1	2	4	2	4	2	4	2	2	2	2	1
41	Salome	<i>mlo, +?</i>	0	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0	0(4)	0(4)
42	Rubinek	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)

Tabela 2
Table 2

Reakcje odpornościowe na zakażenie zestawem różnicującym 36 izolatów *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* odmian jęczmienia jarego, dla których nie postulowano obecności genu *mlo5* oraz lista odmian, których odporność uwarunkowana była genem *mlo5*

Resistance reactions after inoculation with differential set of 36 *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* isolates cultivars for which the presence of resistance gene *mlo5* was not postulated, and a list of varieties for which the presence of the *mlo5* gene was postulated

Lp.	Nazwa odmiany	Zestaw izolatów Bgh (1–18) / Bgh isolates set (1–18)															Postulowane geny odporności			
		Bgh 19-04	Bgh 19-65	Bgh 20-19	Bgh 20-20	Bgh 19-19	Bgh 20-31	Bgh 11/R	Bgh 12/R	Bgh 20-32	Bgh 19-35	Bgh 20-28	Bgh 20-35	Bgh 22-1	Bgh 22-2	Bgh 22-3		Bgh 22-4	Bgh 22-5	Bgh 22-6
1	LG Flamenco	4	0	0	0	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	2	4	?
2	Tilmor	3	0	4	2	0	4	4	4	2	4	4	4	0	3	0	3	0	4	?
3	Mariola	3	0	3	0	0	3	4	0	3	3	3	3	4	3	0	3	0	2	?
4	Pasjonat	3	0	0	0	4	4	4	4	3	3	3	3	1	4	4	3	0	4	?
5	Burbon	3	0	4	0	4	3	4	4	3	3	4	4	4	3	4	4	0	4	?
6	Loxton	4	0	0	0	4	4	4	4	4	3	3	3	2	3	4	4	4	4	?
7	LG Belcanto	3	0	0	0	4	4	3	4	4	3	3	3	2	3	4	4	0	4	?
8	KWS Premis	3	0	0	2	4	4	3	4	3	3	3	3	4	3	4	4	0	4	?
9	LG Rumba	3	0	0	0	4	4	3	4	3	3	4	4	2	4	4	4	2	4	?
10	Mecenas	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
11	Schiwago	3	0	3	3	4	4	4	4	4	0	4	3	2	4	4	4	0	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
12	Magnus	4	1	4	1	1	2	4	0	4	4	4	4	0	4	2	4	2	2	<i>Mla3</i> , +?
13	MHR Filar	4	0	3	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
14	MHR Krajan	4	0	3	0	0	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
15	Poemat	4	0	4	0	1	4	4	0	2	4	4	4	0	4	2	3	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
16	RGT Gagarin	3	0	4	0	2	4	3	4	3	0	3	3	1	0	4	4	1	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
17	Bente	2	1	0	1	4	1	0	0	2	0	2	1	1	1	0	0	1	2	<i>Sl-1</i>
18	Sting	1	1	0	1	2	2	1	0	2	0	1	1	4	1	0	1	1	3	<i>Sl-1</i>
19	Kakadu	1	1	0	1	1	3	3	0	1	1	0	0	4	0	1	-	1	0	<i>Sl-1</i> , ?
20	Trofeum	2	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	3	?
21–52	KWS Vermont, Etoile, Rezus, Avatar, Jovita, Rekrut, RGT Planet, Radek, KWS Harris, Farmer, MHR Fajter, Pilote, Runner, Brandon, Forman, KWS Fantex, Adwokat, Amidala, Brigitta, Feedway, Avus, KWS Jessie, Laser, Wirtuoz, Bizon, Florence, Cecha, Amaretto, Lexy, Masimo, Ismena																		<i>mlo 5</i>	
Lp.	Nazwa odmiany	Zestaw izolatów Bgh (19–36) / Bgh isolates set (19–36)															Postulowane geny odporności			
		Bgh 22-7	Bgh 22-8	Bgh 22-9	Bgh 22-10	Bgh 22-11	Bgh 22-12	Bgh 22-13	Bgh 22-14	Bgh 22-15	Bgh 22-16	Bgh 22-17	Bgh 22-18	Bgh 22-19	Bgh 22-20	Bgh 22-21		Bgh 22-22	Bgh 22-23	Bgh 22-24
1	LG Flamenco	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	0	4	4	4	4	?
2	Tilmor	4	0	0	0	3	0	3	4	4	0	0	4	0	4	4	4	4	4	?
3	Mariola	3	0	0	0	3	2	3	4	3	0	0	4	0	4	4	4	4	4	?
4	Pasjonat	3	0	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	?
5	Burbon	4	0	4	4	3	4	3	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
6	Loxton	4	0	4	4	3	4	3	4	4	3	3	4	4	4	4	4	4	2	?
7	LG Belcanto	4	4	4	4	4	4	3	4	4	3	3	4	0	4	4	4	4	4	?
8	KWS Premis	4	4	4	0	3	4	4	4	0	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
9	LG Rumba	4	3	2	4	3	4	3	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
10	Mecenas	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	2	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
11	Schiwago	4	4	4	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
12	Magnus	4	4	0	2	4	4	4	2	4	0	4	4	0	4	4	4	2	4	<i>Mla3</i> , +?
13	MHR Filar	4	4	4	4	4	4	0	2	0	0	0	1	4	2	2	0	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
14	MHR Krajan	4	4	4	4	3	4	0	2	0	0	2	1	2	1	0	2	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
15	Poemat	4	4	0	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	2	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
16	RGT Gagarin	4	4	4	4	4	4	0	2	4	3	0	0	0	2	1	0	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
17	Bente	1	2	1	0	1	2	1	2	4	2	4	2	4	2	2	2	2	1	<i>Sl-1</i>
18	Sting	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	4	0	2	2	2	1	0	0	<i>Sl-1</i>
19	Kakadu	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	1	1	1	<i>Sl-1</i> , ?
20	Trofeum	4	0	0	0	3	2	3	3	0	4	0	4	4	2	2	3	2	1	?
21–52	KWS Vermont, Etoile, Rezus, Avatar, Jovita, Rekrut, RGT Planet, Radek, KWS Harris, Farmer, MHR Fajter, Pilote, Runner, Brandon, Forman, KWS Fantex, Adwokat, Amidala, Brigitta, Feedway, Avus, KWS Jessie, Laser, Wirtuoz, Bizon, Florence, Cecha, Amaretto, Lexy, Masimo, Ismena																		<i>mlo 5</i>	

Unii Europejskiej dotyczących Integrowanej Ochrony Roślin z dnia 1 stycznia 2014 roku. Wykorzystanie w produkcji odmian odpornych oraz tolerancyjnych równoległe z adekwatnymi metodami technologii uprawy ogranicza rozprzestrzenianie się organizmów szkodliwych oraz umożliwia ochronę ważnych organizmów pożytecznych, stwarza również warunki do ich powszechniejszego występowania (Dreiseitl, 2020).

W charakterystyce odmian jęczmienia wpisanych do Krajowego Rejestru uwzględnia się, obok innych ważnych gospodarczo cech, również odporność na MP. W warunkach polowych określana jest w stadium rośliny dorosłej i jest uwarunkowana zazwyczaj poligenicznie, natomiast w stadium siewki uzyskuje się informacje o uwarunkowaniach odporności genami głównymi, specyficznymi, w stosunku do wybranych patotypów grzyba niezależnie od stadium rozwoju rośliny.

Obecność specyficznych genów odporności w odmianach wprowadzanych do produkcji określana jest w Polsce już od lat 70-tych (Czembor 1972, 1976), a obecnie określa się ją w sposób systematyczny dla odmian włączonych do doświadczeń rejestrowych lub porejestrowych (Czembor 2003, 2008, Czembor i Czembor 1998, 2001, Czembor i in. 2011, 2012, 2013, 2016). Dlatego, w bieżących badaniach, które są kontynuacją prac prowadzonych w poprzednich latach, uwzględniono 52 odmiany wprowadzone do Krajowego Rejestru w okresie 05.02.2015-17.02.2023. Na podstawie uzyskanych wyników reakcji na zakażenie zestawem 36 izolatów *Bgh* wirulentnych lub awirulentnych do znanych genów odporności w zestawie odmian różnicujących stwierdzono, że podobnie jak w latach poprzednich w kolekcji odmian włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku wciąż dominowały odmiany, których odporność uwarunkowana była genem *mlo* w kombinacjach z innymi genami dominującymi. Gen *mlo* jest genem recesywnym, niespecyficznym, a jego obecność warunkuje charakterystyczną reakcję obronną rośliny na porażenie ocenianą jako 0(4). Jest on zlokalizowany w locus *mlo* na chromosomie 4H i koduje białko błonowe MLO (mildew resistance locus) sygnalizacji komórkowej (Piffanelli i in. 2002, Czembor i Czembor 2003a, b, c). Odmiany których odporność uwarunkowana jest tym genem są uprawiane na szeroką skalę w Niemczech, Holandii i Danii już od lat osiemdziesiątych, a do polskich odmian komercyjnych został on wprowadzany pod koniec lat osiemdziesiątych. Gen ten wciąż warunkuje odporność na wszystkie znane dotychczas patotypy występujące w populacji *Bgh* w Europie. Jego obecność stwierdzono jedynie w grupie form jarych jęczmienia. Rozpoczęto realizację progra-

mów hodowlanych, których efektem będzie wprowadzenie genu *mlo* do genomu jęczmienia ozimego. Obecnie bardzo efektywny jest nowy gen, którego obecność została określona m.in. dla odmiany Bente (Dreiseitl, 2022). Odmiana ta była również w kolekcji odmian włączonych do programu PDO w 2022 roku, a uzyskane wyniki ocen tej odmiany umożliwiły stwierdzenie dodatkowo obecności tego genu w genomie 2 innych odmian, Sting, Kakadu. Ponieważ pojawianie się nowych patotypów w populacji jest ściśle związane z uwarunkowaniami genetycznymi odmian uprawianych na dużych powierzchniach, należy brać pod uwagę, że i ten gen straci swoją efektywność w wyniku dużej presji selekcyjnej na populację *Bgh* (Dreiseitl, 2020).

Podstawą uzyskania postępu w hodowli jęczmienia dla odporności na *Bgh* jest wykorzystanie w programach hodowlanych nowych efektywnych źródeł odporności, dla których określona jest obecność genów specyficznych i niespecyficznych oraz zachowanie bioróżnorodności funkcjonalnej tego gatunku poprzez uprawę odmian zróżnicowanych genetycznie (Dreiseitl, 2020, Czembor i Czembor, 2021a, b, 2022, Piechota i in., 2019, 2020). Bardzo ważną rolę pełnią nowoczesne technologie pozwalające na określenie podłoża genetycznego odporności na *Bgh* oraz skrócenie cykli hodowlanych (Czembor i Czembor, 2022, Piechota i in. 2017). Coraz większe znaczenie mają nowoczesne technologie IT umożliwiające budowę specjalnych platform zapewniających analizę danych molekularnych i wizualizację uzyskanych wyników (m. in. Czembor i Czembor 2023).

Wnioski

1. Odporność większości badanych odmian jęczmienia jarego (61,5%) włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku uwarunkowana była tylko genem *mlo5* lub genem *mlo5* w kombinacjach z innymi genami dominującymi.
2. W genomie odmian zagranicznych Bente i Sting stwierdzono obecność nowego, efektywnego genu *Sl-1*. Dla odmiany Kakadu stwierdzono, że jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* i wspomagana innymi genami.

Podziękowanie

Autorzy składają podziękowanie Pani mgr inż. Joannie Starzyńskiej z Pracowni WGO Roślin Zbożowych, Zakład Badania i Oceny Wartości Gospodarczej Odmian, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych za udostępnienie prób nasion do badań.

Literatura

- Brown, J.K.M., Wulff, B.B.H. (2022). Diversifying the menu for crop powdery mildew resistance. *Cell*, 185(5), 761–763. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.02.003>
- Czembor, H.J. (1972). Studia nad dziedziczeniem się odporności jęczmienia na mączniaka (*Erysiphe graminis* D.C. f.sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim. i Nasien.*, 16, 5, 403–411. (praca doktorska)
- Czembor, H.J. (1976). Źródła odporności na mączniaka jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *Hordei*. *Hod. Rośl. Aklim. i Nasien.*, 5(20), 467–490. (praca habilitacyjna)
- Czembor, J.H., Czembor, H.J. (1998). Powdery mildew resistance in cultivars of spring barley from Polish Register. *Plant Breed Seed Sci.*, 42(2), 87–89.
- Czembor, J.H. (2000). Resistance to powdery mildew in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from Egypt. *Plant Genet Resour Newsl.*, 123, 52–60.
- Czembor, H.J. (2008). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w latach 2004–2006. *Biul. IHAR*, 248, 33–42.
- Czembor, H.J., Czembor, J.H. (2001). Resistance to powdery mildew in barley cultivars and breeding lines included in 1998–2000 Polish registration trials. *Plant Breed. Seed Sci.*, 45(1), 21–41.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003a). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part I. Genetics, phenotype, mechanism and molecular investigations. *Biul. IHAR*, 230, 335–354.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003b). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part II. Sources of resistance and their use in barley breeding. *Biul. IHAR*, 230, 355–374.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003c). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) Part III. Durability of resistance. *Biul. IHAR*, 230, 375–386.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2021a). Mlo Resistance to Powdery Mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in Barley Landraces Collected in Yemen. *Agronomy*, 11(8), 1582. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11081582>
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2021b). Sources of Resistance to Powdery Mildew in Barley Landraces from Turkey. *Agriculture*, 11(10), 1017. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture11101017>
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2022). Genome-Wide Association Study of Agronomic Traits in European Spring Barley from Polish Gene Bank. *Agronomy*, 12(9), 2135. <https://doi.org/10.3390/agronomy12092135>
- Czembor, J.H., Czembor, E., Krystek, M., Pukacki, J. (2023). AgroGenome, Interactive Genomic-Based Web Server Developed Based on Data Collected for Accessions Stored in Polish Genebank. *Agriculture*, 13(1), 193. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13010193>
- Czembor, J.H., Czembor, E., Suchecki, R., Watson-Haigh, N. S. (2022). Genome-wide association study for powdery mildew and rusts adult plant resistance in European spring barley from Polish Gene Bank. *Agronomy*, 12(1), 7. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12010007>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Czembor, H. (2016). Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2013. *Biul. IHAR*, 280, 3–12. <https://doi.org/10.37317/biul-2016-0001>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Czembor, H. J. (2018). Barley genetic resources in plant breeding and research 1998–2018. *Biul. IHAR*, 283, 149–150. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2018-0070>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Smolińska, K. (2019). Interaction between powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) resistance determined by *mlo* gene and economical value characteristics in winter barley. *Biul. IHAR*, 286, 101–103. DOI: <https://10.37317/biul-2019-0022>
- Czembor, H.J., Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Domeradzka, O. (2011). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2010. *Biul. IHAR*, 260/261, 219–227. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2011-0036>
- Czembor, H.J., Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Domeradzka, O. (2012). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2011. *Biul. IHAR*, 265, 23–33. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2012-0036>
- Czembor, J.H., Doraczyńska, O., Pietrusińska, A., Czembor, H. J. (2013). Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) in barley cultivars included to registration trials in Poland in 2012. *Biul. IHAR*, 268, 35–45. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2013-0030>
- Czembor, E., Kaczmarek, Z., Pilarczyk, W., Mańkowski, D., Czembor, J.H. (2022). Simulating Spring Barley Yield under Moderate Input Management System in Poland. *Agriculture*, 12(8), 1091. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture12081091>
- Dreiseitl, A. (2011). Differences in powdery mildew epidemics in spring and winter barley based on 30-year variety trials. *Ann. Appl. Biol.*, 59, 49–57. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2011.00474.x>
- Dreiseitl, A. (2013). Genes for resistance to powdery mildew in European winter barley cultivars registered in the Czech Republic and Slovakia to 2010. *Plant Breed.*, 132, 558–562. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.12108>
- Dreiseitl, A. (2017). Genes for resistance to powdery mildew in European barley cultivars registered in the Czech Republic from 2011 to 2015. *Plant Breed.*, 136, 351–356. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.12471>
- Dreiseitl, A. (2019). Great pathotype diversity and reduced virulence complexity in a Central European population of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in 2015–2017. *Eur. J. Plant Pathol.*, 53, 801–811. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1593-6>
- Dreiseitl, A. (2020). Specific resistance of barley to powdery mildew, its use and beyond. A concise critical review. *Genes*, 11, 971. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes11090971>
- Dreiseitl, A. (2022). Powdery Mildew Resistance Genes in European Barley Cultivars Registered in the Czech Republic from 2016 to 2020. *Genes*, 13(7), 1274 <https://doi.org/10.3390/genes13071274>
- Dreiseitl, A., Jørgensen, J.H. (2000). Powdery mildew resistance in Czech and Slovak barley cultivars. *Plant Breed.*, 119, 203–209. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2000.00473.x>
- FAOSTAT. (2022). <https://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/>
- Flor, H.H. (1971). Current status of the gene-for-gene concept. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 9, 275–296.
- Gacek, E., Bilinski, Z. R., Czembor, H.J., Czembor, J.H. (2004). Pathogenicity of barley powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in Poland during 1993–1996. *Biul. IHAR*, 231, 365–376.

- Ge, C., Wentzel, E., Ellwood, S.R., Souza, N.D., Chen, K., Oliver, R.P. (2021). Adult resistance genes to barley powdery mildew confer basal penetration resistance associated with broad-spectrum resistance. *Plant Genome*, 14(3), e20129. DOI: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20129>
- Geng, L., Li, M., Zhang, G., Ye, L. (2022). Barley, A Potential Cereal for Producing Healthy and Functional Foods. *Food Qual. Saf.*, 6, 1–13.
- Hoseinzadeh, P., Zhou, R., Mascher, M., Himmelbach, A., Niks, R.E., Schweizer, P., Stein, N. (2019). High Resolution Genetic and Physical Mapping of a Major Powdery Mildew Resistance Locus in Barley. *Front Plant Sci.*, 10, 146. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00146>
- Hovmøller, M.S., Caffier, V., Jalli, M., Andersen, O., Besenhofer, G., Czembor, J.H., Dreiseitl, A., Flath, K., Fleck, A., Heinrics, F., Jönsson, R., Limpert, E., Mercer, P., Plesnik, S., Rashal, I., Skinnes, H., Slater, S., Vronska, O. (2000). The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery 1993-1999. *Agronomie*, 20(7), 729–744. DOI: <https://doi.org/10.1051/agro:2000172>
- Jørgensen, J. H. (1992). Discovery, characterisation and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. *Euphytica*, 63, 141–152. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00023919>
- Kępińska-Pacelik, J., Biel, W. (2021). Wartość odżywcza zbóż niechlebowych i możliwość ich wykorzystania w przemyśle. *Przemysł Spożywczy*, 75, 20–27.
- Kolster, P., Munk, L., Stolen, O., Lohde, J. (1986). Near-isogenic barley lines with genes for resistance to powdery mildew. *Crop Sci.*, 26, 903–907. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1986.0011183X002600050014x>
- Kusch, S., Qian, J., Loos, A., Kümmel, F., Spanu, P. D., Panstruga, R. (2023). Long-term and rapid evolution in powdery mildew fungi. *Mol Ecol.*, 2. DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.16909>
- Lukinac, J., Jukić, M. (2022). Barley in the Production of Cereal-Based Products. *Plants*, 11, 3519. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11243519>
- Mains, E.B., Dietz, S.M. (1930). Physiologic forms of barley mildew, *Erysiphe graminis hordei* Marchal. *Phytopathol.*, 20, 229–239.
- Michalska, B. (2011). Tendencje zmian temperatury powietrza w Polsce, *Prace i Studia Geograficzne*, 47, 67–75.
- Piffanelli, P., Zhou, F., Casais, C., Orme, J., Jarosch, B., Schaffrath, U., Collins, N. C., Panstruga, R., Schulze-Lefert, (2002). The Barley MLO Modulator of Defense and Cell Death Is Responsive to Biotic and Abiotic Stress Stimuli. *Plant Physiol.*, 129, 1076–1085. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.010954>
- Piechota, U., Pietrusińska, A., Smolińska, K., Czembor, J.H. (2017). Nowoczesne technologie genotypowania wykorzystywane do analizy zmienności w obrębie kolekcji zgromadzonych w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie (IHAR – PIB). *Agronomy Sci.*, 72(4), 67–76. DOI: <https://doi.org/10.24326/as.2017.4.7>
- Piechota, U., Czembor, P.C., Czembor, J.H. (2020). Evaluating barley landraces collected in North Africa and the Middle East for powdery mildew infection at seedling and adult plant stages. *Cereal Res Comm.*, 48, 179–185. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42976-020-00021-4>
- Piechota, U., Czembor, P.C., Słowacki, P., Czembor, J.H. (2019). Identifying a novel powdery mildew resistance gene in a barley landrace from Morocco. *J Appl Genet.*, 60(3), 243–254. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00505-y>

Septorioza plew – choroba pszenicy i pszenżyta powodowana przez grzyb *Parastagonospora nodorum*

Septoria nodorum blotch – the disease of wheat and triticale caused by *Parastagonospora nodorum* fungus

Lidia Kowalska , Tomasz Góral  

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

 t.goral@ihar.edu.pl

Parastagonospora nodorum to nekrotroficzny grzyb o wąskim zakresie roślin żywicielskich, który powoduje septoriozę plew zbóż, głównie pszenicy i pszenżyta. Infekcje wywołane przez *P. nodorum* obserwowane są na siewkach, jednak mają największy wpływ na rośliny dojrzałe. Patogen redukuje powierzchnię asymilacyjną zielonych organów roślin, tym samym ogranicza wzrost i plonowanie powodując straty do 30, a w przypadku genotypów wrażliwych nawet do 50%. Infekcje wywołane przez *P. nodorum* występujące na kłosie, obniżają jakość ziarna. Istnieje pilna potrzeba wprowadzenia genetycznej odporności roślin na septoriozę plew. Wskazują na to doniesienia literaturowe opisujące wysoki potencjał ewolucyjny *P. nodorum* oraz jego podwyższoną odporność na fungicydy, a także przyspieszone rozprzestrzenianie się choroby w warunkach nowoczesnego rolnictwa; stosowania wysokich dawek azotu oraz uproszczonych metod agrotechnicznych. W pracy tej podsumowano aktualne informacje na temat struktury populacji *P. nodorum* oraz specjalizacji pasożytniczej patogenu. Następnie dokonano przeglądu postępów w genetyce odporności żywiciela na patogen oraz nekrotroficzne efekторы białkowe, wytwarzane przez *P. nodorum* podczas infekcji.

Słowa kluczowe: septorioza plew, efektor białkowy, pszenica, pszenżyto, odporność

Parastagonospora nodorum is a necrotrophic fungal pathogen with a narrow host range that causes Septoria nodorum blotch, mainly of wheat and triticale. Although infections caused by *P. nodorum* are commonly observed on seedlings, they have the greatest effect on adult plants. The pathogen reduces the assimilation area of green plant organs, thus limiting crop growth and yield, causing losses in 31-50% yield. Infections caused by *P. nodorum* can also affect the ear, resulting in glume blotch, directly affecting grain quality. There is an urgent need to introduce genetic resistance of plants to Septoria nodorum blotch in many regions of wheat and triticale cultivation. This is supported by reports of *P. nodorum* high evolutionary potential, its fungicide resistance, as well as the increasing use of nitrogen and simplified cultivation. This review summarizes current information on *P. nodorum* population structure and its parasitic specialization. The recent advances in the genetics of host resistance to the pathogen and the necrotrophic protein effectors produced by *P. nodorum* during infection were reviewed.

Keywords: Septoria nodorum blotch, protein effector, wheat, triticale, resistance

Występowanie i znaczenie grzybów wywołujących septoriozy

Do kompleksu septorioz występujących w Polsce zaliczamy następujące patogeny:

- *Zymoseptoria tritici* (Desm.), sprawcę septoriozy paskowanej liści pszenicy
- *Parastagonospora avenae* (A. B. Frank), sprawcę septoriozy liści
- *Parastagonospora nodorum* (Berk.), (Quaedvlieg, Verkley & Crous.), sprawcę septoriozy plew.

Powyższe grzyby klasyfikowane były wcześniej w rodzaju *Septoria* (*Parastagonospora nodorum* = *Septoria nodorum*, *Zymoseptoria tritici* = *Septoria tritici*, *Parastagonospora avenae* = *Septoria avenae*) (Solomon i in., 2006, Quaedvlieg i in., 2013). Z tego względu choroby, które powodowały przyjęło się nazywać septoriozami. Podobnie nazwy chorób zachowały się w języku angielskim (septorioza plew = *Septoria nodorum*

blotch, skrót SNB; septorioza liści = *Septoria tritici* blotch).

Dominującym gatunkiem powodującym septoriozy liści pszenżyta w Polsce jest *P. nodorum* (Bartosiak i in., 2021). Na pszenicy dominuje gatunek *Z. tritici*. Natomiast grzyb *P. avenae* f. sp. *triticea* występuje z dużo mniejszą częstotliwością na obu zbożach.

Septorioza plew odnotowywana jest głównie na pszenicy i pszenżycie, jednak można zaobserwować ją również na jęczmieniu i innych gatunkach z rodziny *Poaceae* (Solomon i in., 2006, Zhang i Nan, 2018). Choroba występuje głównie w krajach klimatu umiarkowanego. Duże znaczenie odgrywa w zachodniej i środkowej Europie, w centralnym i wschodnim rejonie Stanów Zjednoczonych, w Meksyku, w południowej i północnej części Ameryki Południowej, a także południowej Afryce oraz zachodniej części Australii.

Septorioza plew uważana była za chorobę występującą powszechnie, ale nigdy o znaczeniu epi-

demiologicznym. Wprowadzenie w rolnictwie odmian wysokoplonujących, karłowatych i półkarłowatych oraz podatnych na efekторы białkowe produkowane przez patogen przyczyniło się do wzrostu nasilenia choroby na większości obszarów uprawy pszenicy na świecie (Faris i in., 2010). Dodatkowo zmiany agrotechniczne związane ze stosowaniem wysokich dawek azotu oraz uproszczoną uprawą (pozostawianie ścierniska) wpłynęły na intensyfikację jej rozwoju (Oliver i in., 2012).

Charakterystyka patogenu *Parastagonospora nodorum*

Pozycja systematyczna grzyba

Przy zastosowaniu technik molekularnych dostarczono solidnych podstaw do filogenetycznej klasyfikacji *Parastagonospora nodorum* (Cunfer i Ueng, 1999) (Tabela 1). Analizy molekularne regionu ITS (ang. Internal Transcribed Spacer) potwierdziły systematykę patogenu (McDonald i in., 2012, Quaedvlieg i in., 2013).

Tabela 1
Table 1

Stanowisko taksonomiczne *Parastagonospora nodorum*
Taxonomy of *Parastagonospora nodorum*

Kategoria taksonomiczna Taxonomic rank	Nazwa Name
Domena / Domain	Eukarionty / Eukaryota
Królestwo / Kingdom	<i>Fungi</i> – grzyby / fungi
Podkrólestwo / Subkingdom	<i>Dikarya</i>
Typ / Phylum	<i>Ascomycota</i> – workowce / ascomycetes
Klasa / Class	<i>Dothideomycetes</i>
Rząd / Order	<i>Pleosporales</i>
Rodzina / Family	<i>Phaeosporiaceae</i>

Cykl rozwojowy patogenu

Grzyb *Parastagonospora nodorum* rozmnaża się zarówno bezpłciowo (wegetatywnie) jak i płciowo. Głównym celem rozmnażania wegetatywnego jest szybki wzrost populacji, ważny dla epidemicznego rozwoju choroby. Natomiast cykl rozmnażania płciowego umożliwia wymianę materiału genetycznego co jest jednym z głównych mechanizmów zmienności i ewolucji gatunku. *P. nodorum* jest gatunkiem heterotalicznym, dlatego też rozmnażanie płciowe zachodzi, kiedy dwa szczepy należą do uzupełniających się typów kojarzeniowych (Halama i Lacoste, 1991). Grzyb wytwarza owocniki stadium doskonałego (pseudotecja), w których tworzą się zarodniki workowe (askospory). Mutacje genotypu powstające zarówno na drodze rozmnażania bezpłciowego jak i płciowego wpływają na zmianę cech fenotypowych powodując modyfikację zdolności patogenicznych lub wirulencji. Przyczyniają się do wysokiego potencjału ewolucyjnego, skutkując

różnorodnością genetyczną w populacji patogenu (Sommerhalder i in., 2010).

Grzyb zimuje na resztkach poźniowych w postaci piknidiów oraz w mniejszym stopniu w postaci pseudotecjów i grzybni (Mehra i in., 2018). Może zimować również w okrywie owocownasiennej porażonych ziarniaków zbóż i traw, na siewkach zbóż porażonych jesienią oraz na obumarłych chwastach stając się źródłem zakażenia nowych roślin. Źródłem infekcji dla *P. nodorum* mogą być resztki poźniowe, askospory przenoszone przez wiatr na duże odległości lub zainfekowane ziarno (Eyal i in., 1987; Shah i in., 1995). Zarodniki kiełkują na siewkach lub na liściach w dolnej części łanu. Po skielkowaniu zarodników, patogen wytwarza apresoria i penetruje roślinę przez aparaty szparkowe lub niszczy tkankę liścia enzymatycznie (Karjalainen i Lounatmaa, 1986). W korzystnych warunkach rozwój choroby następuje po 7-14 dniach. Penetrowane komórki obumierają a wokół miejsca infekcji zaczynają tworzyć się nekrotyczne zmiany. Kilka dni po infekcji na powierzchni zainfekowanej tkanki powstają piknidia uwalniające zarodniki konidialne. Konidia kiełkują w wilgotnych warunkach w temperaturze 5-37°C. Są one rozprzestrzeniane w polu przez krople deszczu powodując wtórne infekcje przez cały sezon wegetacyjny (Brennan, 1985). Według Vereeta i Hoffmana (1990) zakażenie górnych części rośliny (kłos, liść flagowy, liść podflagowy) zależy od stopnia porażenia niższych partii. Porażenie niekoniecznie musi przenosić się od najniższej położonych części roślin do kłosa. Nie wielki deszcz o intensywności 0,7 mm/h jest wystarczający do rozprzestrzeniania się choroby.

Szkodliwość patogenu

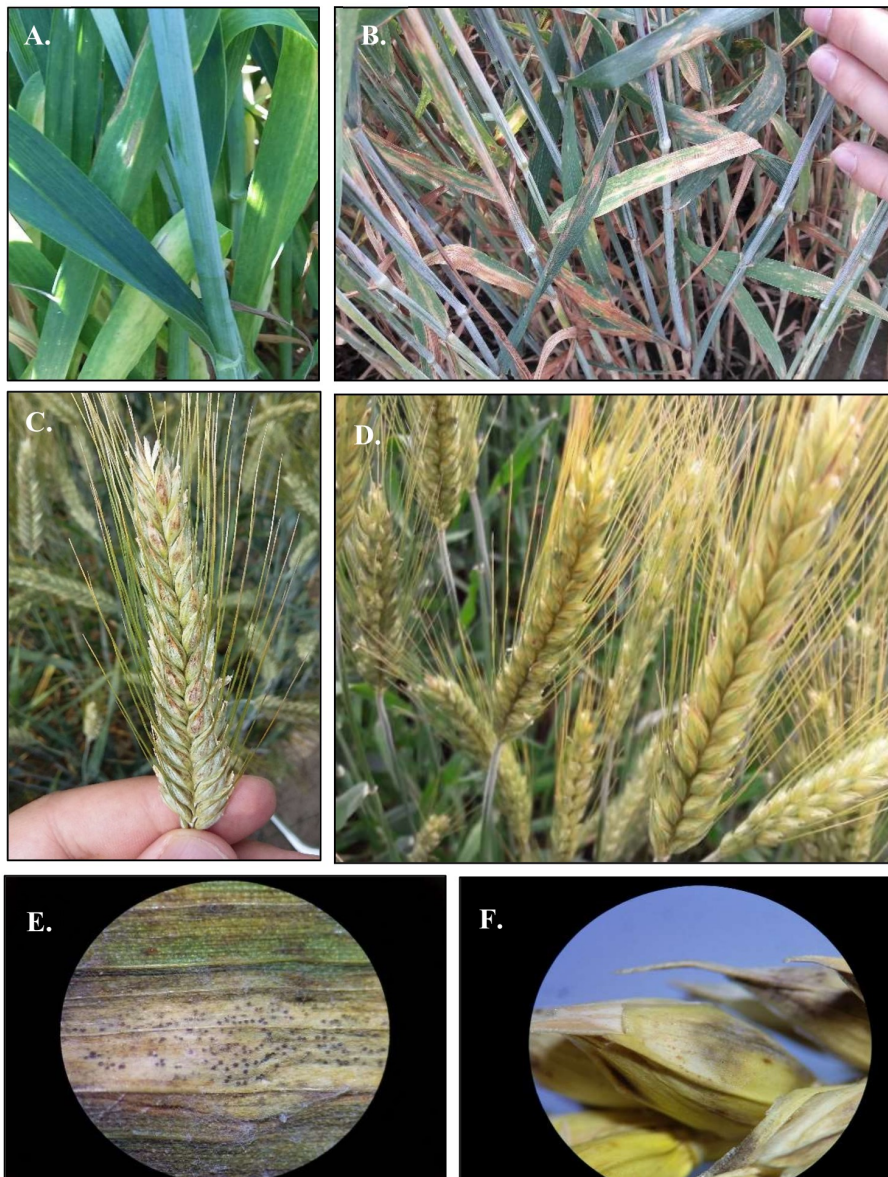
Szkodliwe oddziaływanie patogenu na roślinę polega głównie na redukcji procesów fotosyntezy na skutek niszczenia aparatu asymilacyjnego. *P. nodorum* indukuje degradację chlorofilu w zielonych częściach rośliny (liściach, kłosach i dokłosiu) wywołując nekrozy prowadzące do przedwczesnego starzenia i zamierania zaatakowanych tkanek. Straty plonów spowodowane przez *P. nodorum* w uprawach pszenżyta i pszenicy są zróżnicowane. Septorioza plew, w przypadku dużych nasileń choroby, powoduje spadek plonu od 30 do 50% u odmian podatnych (Bhathal i in., 2003; Eyal i in., 1987). W badaniach Bhathala i in. (2003) zauważono, że stopień porażenia przez patogen liścia flagowego lub podflagowego jest wskaźnikiem strat w plonie, wyjaśniającym ponad 80% zmienności w plonowaniu. Znaczne straty w plonach spowodowanych przez septoriozę plew zaobserwowano w latach wilgotnych, z intensywnymi opadami deszczu występującymi pomiędzy fazą zapylenia a fazą dojrzałości pełnej roślin (Nelson i in., 1976). Wykazano również, że wrażliwość roślin na efekторы białkowe produkowane

przez *P. nodorum* wpływa na patogeniczność izolatów grzyba powodując zwiększenie nasilenia choroby w warunkach polowych (Friesen i in., 2012). Prócz efektorów białkowych, zidentyfikowanych w XXI w., grzyb wytwarza także fitotoksyny poznane w XX w. (septoryna, ochracyna), które wpływają na redukcję wzrostu siewki, zaburzają przebieg procesów życiowych porażonej rośliny poprzez indukują zmian w procesach oddychowych rośliny (żywiciela) (Eyal i in., 1987).

Objawy choroby

Pierwsze symptomy septoriozy plew można zaobserwować już na siewkach, jednak są one wyraźniejsze na roślinach starszych (Rys. 1). Pierwszymi objawami są chlorotyczne zmiany pojawia-

jące się na źdźbłach, liściach, pochwach liściowych oraz na plewkach zbóż (Bergstrom, 2010). Najwcześniej objawy zauważane są na najniżej położonych liściach, głównie na tych, które mają kontakt z glebą (Wiese, 1978). Następnie patogen przenosi się na górne liście, dokłose i kłos. Plamy początkowo mają żółtozieloną barwę, następnie brązowieją, powiększają się i przybierają kształt bardziej owalny, soczewkowaty. Wewnątrz plam zauważalne są nekrozy, otoczone chlorotyczną obwódką. Plamy rozszerzają się i przybierają nieregularne kształty. Starsze plamy są jasnobrązowe, zlewają się i mogą obejmować także pochwy liściowe. Na powierzchni plam mogą pojawiać się szaro-brunatne piknidia, z których w czasie wil-



Rys. 1. Objawy septoriozy plew. A. Objawy na liściach we wczesnych fazach rozwojowych zbóż; B. Objawy na liściach w warunkach polowych; C. Objawy na kłosie w warunkach polowych; D. Objawy na kłosach we wczesnej fazie rozwojowej patogenu; E. Piknidia *P. nodorum* na liściu; F. Piknidia *P. nodorum* na plewkach.

Zdjęcia wykonane przez Sławomira Bartosiaka z dawnego Zakładu Fitopatologii IHAR-PIB.

Fig. 1. Symptoms of SNB. A. Symptoms on leaves in the early stages of cereals development; B. Symptoms on leaves in field conditions; C. Symptoms on the spike in field conditions; D. Symptoms on the spikes in the early stage of the pathogen development; E. *P. nodorum* pycnidia on the leaf; F. *P. nodorum* on glumes.

Photos taken by Sławomir Bartosiak from the former Department of Phytopathology of IHAR-PIB.

gotnej pogody wydostają się różowe lub cieliste kropelki galaretowatej masy zawierające zarodniki grzyba (Wiese, 1977). Porażone blaszki liściowe zasychają a niekiedy dochodzi też do zamierania całej rośliny.

P. nodorum poraża również kłosa co powoduje infekcję ziarna. Czarnobrunatne nekrotyczne plamki na plewkach zaczynają pojawiać się po wykłoszeniu pszenicy lub w późniejszych fazach rozwoju roślin. Ciemne nekrozy powiększają się, zajmując najpierw górną a następnie dolną część plewek. Nekrozy mogą występować również na dokłosiu. Silnie porażone kłosa w łanie mają barwę brązową z odcieniem fioletu. W końcowej fazie dojrzewania na plewkach rozwijają się piknidia. Istotnym czynnikiem rozwoju septoriozy plew są czynniki pogodowe.

Sposób pasożytowania i specjalizacja pasożytnicza *P. nodorum*

Parastgonospora nodorum jest patogenem nekrotroficznym, pasożytuje na martwych tkankach. Infekcja, patrząc z biochemicznego punktu widzenia, rozpoczyna się od indukcji autofagii w zielonych tkankach rośliny żywicielskiej, prowadzącej do ich zamierania (Lenz i in., 2011). Niespecyficzne metody indukcji autofagii są związane z wydzielaniem przez patogen enzymów hydrolitycznych w celu nadtrawienia komórek roślinnych. W związku z tym zjawiskiem, w roku 2020 zaproponowano rozszerzenie klasyfikacji patogenów grzybowych z uwzględnieniem aktywności enzymów hydrolitycznych wydzielanych w czasie patogenez. *P. nodorum* zaliczono do grupy określonej jako polimertrofy, czyli patogenów wydzielających szereg hydrolaz: peptydaz i glikohydrolaz, umożliwiających enzymatyczną degradację komórek gospodarza (Hane i in., 2020). Enzymy glikohydrolityczne powodują degradację polimerów cukrowych ścian komórkowych a proteiny – białek i dlatego oligocukry i cukry proste a także peptydy i aminokwasy wchodzą bezpośrednio w szlaki metaboliczne grzyba.

Przez wiele lat uważano, że *P. nodorum* wykorzystuje jedynie niespecyficzne metody indukcji śmierci komórek roślinnych (Lenz i in., 2011). Rozwój technik badawczych pozwolił na odkrycie specyficznych i selektywnych wobec gospodarza efektorów nekrotroficznych wytwarzanych przez *P. nodorum* (NEs ang. necrotrophic effectors), które zostały zidentyfikowane jako toksyny białkowe (HSTs ang. host selective toxins) (Oliver i in., 2012). Po raz pierwszy nekrotroficzne efekторы ułatwiające rozwój choroby opisano w 1933 roku (Tanaka, 1933). Efektorami, w ogólnym sensie, mogą być zarówno białka oraz metabolity wytwarzane przez patogenne dla roślin grzyby, strukturalnie złożone i zróżnicowane chemicznie. Uważa się, że około 20 nekrotroficznych gatunków grzy-

bów wytwarza toksyny selektywne wobec gospodarza (Wolpert i in., 2002).

Białkowe efekторы indukujące powstawanie nekroz (NE), przyczyniają się do zróżnicowania agresywności *P. nodorum*. Zakażenie następuje tylko wtedy, gdy specyficzne geny wrażliwości gospodarza (S, ang. susceptibility) reagują na obecność NE kodowanego przez geny patogenu, przeważnie w reakcjach gen-na-gen. Zidentyfikowano dziewięć genów S u gospodarza i osiem genów NE u patogenu, które biorą udział w dziewięciu następujących interakcjach: (i) *Tsn1*-SnToxA; (ii) *Snn1*-SnTox1; (iii) *Snn2*-SnTox2; (iv) *Snn3B1*-SnTox3; (v) *Snn3D1*-SnTox3 (vi) *Snn4*-SnTox4; (vii) *Snn6*-SnTox6; (viii) *Snn7*-SnTox7; (ix) *Tsn1*-SnToxA. Później wykazano, że nowy NE nazwany SnTox267 reprezentuje trzy wcześniej scharakteryzowane NE, mianowicie SnTox2, SnTox6 i SnTox7, stąd nazwa SnTox267 (Richards i in., 2021; Gupta i in., 2023).

Interakcje pomiędzy grzybem-nekrotrofem a rośliną żywicielską są złożone i coraz dokładniej poznawane. Na przykład, Richards i in. (2021) wykorzystując techniki: sekwencjonowania całego genomu, mapowania asocjacyjnego a także mutanty z uszkodzonymi genami oraz transformanty z genami o wzmocnionej funkcji, testy zjadliwości, bioinformatykę oraz ilościowy PCR stwierdzili, że toksyny SnTox2, SnTox6 i SnTox7, opisane, jako oddziałujące niezależnie na geny wrażliwości gospodarza, *Snn2*, *Snn6* i *Snn7*, są w rzeczywistości jednym efektorom SnTox267 indukującym odpowiedzi kodowane przez te trzy geny i w ten sposób wywołującym programowaną śmierć komórki (PCD). Efektor ten działa w sposób odwrotny niż typowe w patogenezie indukowanej przez grzyby biotroficzne oddziaływanie „gen na gen”, w której do indukcji odporności potrzebne są produkty białkowe genów *R* (ang. resistance), jeśli taki gen występuje w genomie rośliny-gospodarza. Patogeneza wywoływana przez grzyby nekrotroficzne, odwrotnie do biotrofów, rozwija się szybciej, gdy w genomie roślinnym występują geny wrażliwości *S* (ang. susceptibility). I tak, produkty białkowe genów roślinnych *Snn2* i *Snn6* indukowały programowaną śmierć komórki (PCD) na szlaku zależnym od światła, natomiast *Snn7* działał niezależnie od światła. Toksyna SnTox267 występowała w przeszło 20 różnych izoformach w populacjach *P. nodorum* różniących się pod względem zjadliwości, co Richards i in. (2021) skomentowali jako wskaźnik przystosowania się patogenu do lokalnych presji selekcyjnych. Delecja genu kodującego SnTox267 powodowała zwiększenie ekspresji genów efektorowych kodujących SnToxA, SnTox1 oraz SnTox3. Komplementarne działanie genów *Snn2* i *Snn6* skomentowano jako potencjalną funkcję w modelu ochronnym lub wabika a zależność indukowanej reakcji

rośliny od światła jako udział chloroplastów w interakcji grzyb – roślina żywicielska.

Pośród powyższych dziewięciu interakcji, szczegółowym badaniom poddano następujące: *Tsn1*-SnToxA, *Snn1*-SnTox1 i *Snn3-D1*-SnTox3. Wszystkie geny S i geny NE biorące udział w tych interakcjach zostały sklonowane i scharakteryzowane; determinują one przeważającą część zakażeń pszenicy przez *P. nodorum*. Ponadto sklonowa-

no geny NE *SnToxA*, *SnTox5* oraz *SnTox267* (Gupta i in., 2023) W tabeli 2 zestawiono procentowy udział genotypów pszenicy z genami wrażliwości na nekrotroficzne efekторы białkowe: SnToxA, SnTox1 i SnTox3, szeroko rozpowszechnione w populacji *P. nodorum*. Ze względu na szerokie rozprzestrzenienie genów wrażliwości na te toksyny w materiałach hodowlanych pszenicy

Tabela 2
Table 2

Procentowy udział genotypów pszenicy wrażliwych na nekrotroficzne efekторы białkowe SnToxA, SnTox1 i SnTox3 wytwarzane przez izolaty *P. nodorum*
Share (%) of wheat genotypes sensitive to necrotrophic protein effectors SnToxA, SnTox1 and SnTox3 produced by *P. nodorum* isolates

Region / Region	Udział genotypów podatnych na SnToxA Share of genotypes sensitivity to SnToxA (%)	Udział genotypów podatnych na SnTox1 Share of genotypes sensitivity to SnTox1 (%)	Udział genotypów podatnych na SnTox3 Share of genotypes sensitivity to SnTox3 (%)	Literatura References
Australia	63	71,7	91,3	Tan i in., 2014
Australia	55,9	brak	86,7	Waters i in., 2011
Kanada / Canada	69,2	80,7	76,9	Hafez i in., 2020
Norwegia / Norway	67,9	46,1	47,9	Lin i in., 2020b
Norwegia / Norway	69	53	76	Ruud i in., 2018
Północna i Południowa Dakota, Minnesota / North and South Dakota, Minnesota	96	100	62	Richards i in., 2019
Wschodnie USA / Eastern USA	4	88	52	Richards i in., 2019
Żyzny Półksiężyc / Fertile Crescent	95	97	72	Ghaderi i in., 2020
Europa Europe	12	89	67	McDonald i in., 2013
Światowa kolekcja / World collection	18	26	22	McDonald i in., 2013

efekторы te są głównymi czynnikami indukującymi nasilenie septoriozy plew.

Zlokalizowano i sklonowano trzy geny S (*Tsn1*, *Snn1* i *Snn3-D1*) oraz pięć genów NE (*SnToxA*, *SnTox1*, *SnTox3*, *SnTox5*, *SnTox267*), umożliwiając badanie mechanizmów interakcji pomiędzy produktami genów wrażliwości a NE na poziomie molekularnym. Klonowanie genów z organizmów o dużych i złożonych genomach jest procedurą trudną czym można tłumaczyć różnice w ilości sklonowanych genów pszenicy w porównaniu z *P. nodorum*. Wykazano podobieństwo sklonowanych dotychczas genów wrażliwości gospodarza na nekrotroficzne efekторы (NE) *P. nodorum* do genów receptorów wchodzących w skład systemów odporności PTI (ang. pathogen triggered immunity), aktywowanej przez cząsteczkę PAMP (ang. pathogen-associated molecular pattern), o określonej strukturze, pochodząca z organizmu patogenego oraz ETI (ang. effector triggered immunity). Sekwencja genu *Tsn1*, o długości 10 581 par zasad (bp) na chromosomie 5BL, koduje typowe dla oddziaływań patogen-roślina,

transmembranowe białko sygnałowe S/TPK-NBS-LRR, kinazę serynowo/tyrozynową (S/TPK) z motywem bogatym w powtórzenia leucyny (LRR), które bardzo często w patogenie indukują procesy programowanej śmierci komórki (Gupta i in., 2023 oraz literatura tam cytowana, John i in., 2016). Produkt genu *Tsn1* ma budowę charakterystyczną dla receptorów biorących udział w systemie odpowiedzi typu ETI (Faris i in., 2010). W locus *Snn1*, o długości 13 045 bp na chromosomie 1 BS, znajdują się również sekwencje enzymów sygnałowych, kinaz białkowych związanych ze ścianą komórkową (WAK, ang. wall associated kinases; WALK, ang. wall associated like-kinases (Gupta i in., 2023, Wang i in., 2023). Kinazy te są podobne do kinaz PRR (ang. pattern recognition receptor) z receptorami rozpoznającymi określony wzorzec molekularny obcej bądź własnej cząsteczki, zidentyfikowanymi w odpowiedzi typu PTI (Hetman i Kowalczyk, 2018, Shi i in., 2016b). W locus *Snn3*, o długości 1 977 bp na chromosomie 5 DS, jest kodowana kinaza pirogronianowa (PKMSP), o aktywności zależnej od

światła (Gupta i in., 2023, i literatura tam cytowana). W tabeli 3 przedstawiono charakterystykę genów pszenicy odpowiedzialnych za podatność roślin na nekrotroficzne efekторы wytwarzane przez *P. nodorum*.

Mechanizm biochemiczny patogenezы *P. nodorum* jest dwuetapowy. Kiedy NE, specyficzny efektor białkowy wytwarzany przez patogen *P. nodorum*, zostaje rozpoznany przez kinazę transmembranową kodowaną w genomie roślin-

Tabela 3
Table 3

Charakterystyka interakcji gen-NE w patosystemie *P. nodorum* – pszenica w stadium siewki na podstawie Peters Haugrud i in. (2022)
Characteristics of gene-NE interaction in the *P. nodorum* – wheat pathosystem at the seedling stage based on Peters Haugrud et al. (2022)

Gen Gene	Efektor białkowy Necrotrophic effector	Chromosom Chromosome	Linia różnicująca Differential line	Literatura References
<i>Tsn1</i>	SnToxA	5BL	Bg261	Friesen i in., 2006 Faris i Friesen, 2009 Faris i in., 2010
<i>Snn1</i>	SnTox1	1BS	Chinese Spring, W-7984	Liu i in., 2004a Liu i in., 2004b Liu i in., 2012 Shi i in., 2016b
<i>Snn2</i>	SnTox2	2DS	BG223	Friesen i in., 2007 Zhang i in., 2009 Richards i in., 2021
<i>Snn3-B1</i>	SnTox3	5BS	BG220	Friesen i in., 2008b Liu i in., 2009 Shi i in., 2016a
<i>Snn3-B2</i>	SnTox3	5BS	brak n/a	Peters Haugrud i in., 2022
<i>Snn3-D1</i>	SnTox3	5DS	LDN2377	Zhang i in., 2011 Zhang i in., 2021
<i>Snn4</i>	SnTox4	1AS	AF89	Abeysekara i in., 2009
<i>Snn5</i>	SnTox5	4BL	LP29	Friesen i in., 2012 Sharma i in., 2019 Kariyawasam i in., 2022
<i>Snn6</i>	SnTox6	6AL	ITMI37	Gao i in., 2015 Richards i in., 2021
<i>Snn7</i>	SnTox7	2DL	CTm208	Shi i in., 2015 Richards i in., 2021

nym, następuje pierwszy etap odpowiedzi obronnej rośliny, aktywacja odporności typu PTI, prowadząca do powstawania nekroz w miejscu ataku patogenu. Jeśli *P. nodorum* przezwycięży ten mechanizm i rozprzestrzeni się dalej, to roślina aktywuje drugą linię obrony, ETI (ang. effector triggered immunity), w odpowiedzi na toksyny wydzielane przez patogen. Toksyna SnTox3 hamuje odpowiedź typu PTI, w tym wytwarzanie ROS i odpowiedzi obronne zależne od kwasu salicylowego (SA) poprzez zmiany szlaków zależnych od etylenu, w roślinach zakażonych. W skutek tego zmianie ulega aktywność enzymów warunkujących potencjał redoks w komórkach, tłumiąc wybuch oksydacyjny i tworząc w ten sposób sprzyjające warunki do rozwoju patogenu. Zmiany w szlaku sygnalizacyjnym etylenu wpływają na sygnalizację zależną od cytokinin, i indukowany przez nie tzw. wybuch oksydacyjny a także zależną od SA odpowiedź obronną. Toksyna SnTox3 hamuje biosyntezę, moduluje metabolizm i aktywuje oksydacyjną degradację cytokinin w sposób zależny i niezależny od etylenu we wczesnych stadiach infekcji, co sugeruje kluczową rolę cyto-

kinin w regulacji odporności roślin (Veselova i in., 2021). NE (efektory białkowe indukujące powstawanie nekroz) wytwarzane przez *P. nodorum* uważane są za czynnik wirulencji tzn. wpływają na stopień rozwoju choroby. Pomimo, że nie determinują żywicieli (nie są czynnikami patogenności), to są selektywne dla infekowanych roślin (gospodarzy) ze względu na specyficzność genotypową (Friesen i in., 2012). Podczas infekcji NE oddziałują z produktami dominujących genów podatności gospodarza (*S*) (Friesen i Faris, 2012), indukując mechanizm podatności warunkowanej efektem (ETS ang. effector-triggered susceptibility) (Liu i in., 2009). Powoduje to programowaną śmierć komórek gospodarza i tym samym rozwój choroby. W wielu pracach wykazano, że efekторы białkowe *P. nodorum* hamują odpowiedź obronną gospodarza (Breen i in., 2016; Liu i in., 2016; McDonald i Solomon, 2018).

W badaniach nad mutantem *P. nodorum* pozbawionym genów kodujących efekторы indukujące nekrozę wykazano, że mutant jest jedynie mniej patogeniczny (Tan i in., 2015). Pozwoliło to na odkrycie, że *P. nodorum* wytwarza lotne związ-

ki organiczne VOCs (ang. volatile organic compounds), które wywołują odpowiedź w roślinie żywicielskiej (np. zahamowanie wzrostu) a także oddziałują na inne mikroorganizmy, np. hamują rozwój bakterii wiążących azot (np. *Sphingobacterium multivorum*) oraz spowalniają wzrost innych izolatów tego samego patogenu (Muria-Gonzalez i in., 2020).

P. nodorum poprzez procesy ewolucyjne nabył zdolność do produkcji unikalnych efektorów indukujących reakcje nadwrażliwości roślin, prowadzące do uruchomienia programowanej śmierci komórki PCD, (ang. programmed cell death) a przez to do zwiększenia podatności na patogen. Światowa populacja *P. nodorum* jest zróżnicowana geograficznie pod względem obecności genów kodujących trzy najlepiej poznane efekторы. Większość izolatów *P. nodorum* posiada zdolność wytwarzania wielu efektorów białkowych. Podczas porażenia roślin interakcje efektorów i genów gospodarza nakładają się i mogą mieć charakter addytywny (gdy dwie kompatybilne interakcje prowadzą do większego porażenia rośliny), nieaddytywny (rośliny nie są bardziej porażone niż w przypadku pojedynczego NE) i epistatyczny (jedna kompatybilna interakcja hamuje działanie drugiej). W Europie izolaty *P. nodorum* najczęściej posiadają geny *Tox1* oraz *Tox3*, przy czym najczęstszą grupą są izolaty posiadające oba geny *Tox1* i *Tox3* (Mc Donald i in., 2013).

Charakterystyka efektora białkowego SnTox3

Efektor SnTox3, jest toksyną białkowa indukującą powstawanie nekroz w tkankach infekowanej rośliny. Jest to niewielkie białko o masie cząsteczkowej 25,3 kDa i strukturze stabilizowanej przez trzy mostki dwusiarczkowe powstające pomiędzy atomami siarki cysteiny. Do wywołania zmian nekrotycznych konieczny jest co najmniej jeden mostek S-S (Liu i in., 2009). Zmiany nekrotyczne w tkankach gospodarza powstają w przypadku dominującej formy genu wrażliwości na tę toksynę *Snn3*, u rośliny-gospodarza (Friesen i in., 2012). Doświadczenia transformacyjne wykazały, że gen *SnTox3* kodujący syntezę białkowego efektora SnTox3 w genomie patogenu, wprowadzony do niepatogenicznego szczepu *P. nodorum* czyni go patogennym dla rośliny posiadającej dominujący gen wrażliwości *Snn3* (Liu i in., 2009). U pszenicy odkryto dwie homologiczne formy genu *Snn3* na krótkim ramieniu chromosomu 5B (*Snn3-B1*) oraz na krótkim ramieniu chromosomu 5D (*Snn3-D1*). Wykazano, że rośliny posiadające geny *Snn3-B1* oraz/lub *Snn3-D1* różnią się stopniem wrażliwości na efektor SnTox3 co skutkuje różnym stopniem porażenia przez *P. nodorum* (Zhang i in., 2011). Po infiltracji liści roztworem SnTox3 genotypów wrażliwych można zaobserwować dwa główne typy wrażliwości: typ 2, reakcja chloro-

tyczna bez zaniku tkanki i przeciwna reakcja, typu 3, reakcja nekrotyczna z całkowitym zanikiem tkanki (Friesen i Faris, 2012). Reakcji typu 1 polegającej na słabej mozaikowej chlorozie nie zaobserwowano. Typy reakcji wywoływane przez SnTox3 u podatnych gospodarzy mogą w różnym stopniu wpływać na odporność na izolaty *P. nodorum* produkujące ten efektor (Ruud i in., 2018). Po wnikięciu do komórki gospodarza, efektor wchodzi w bezpośrednią interakcję z wieloma białkami roślinnymi indukowanymi w odpowiedzi na stres, w tym patogenezę (PR-1, ang. pathogenesis related proteins), co wpływa na tempo rozwoju choroby (Breen i in., 2016). Badania *in vitro* nad metabolizmem pszenicy poddanej działaniu efektora SnTox3 wykazały, że białko to indukuje odpowiedź tożsamy z reakcjami poprzednio zidentyfikowanymi jako mechanizmy odpornościowe. Analizy zmian transkryptomu i metabolomu wrażliwych genotypów wykazały całkowite załamanie transkrypcji i translacji białek biorących udział w fazie jasnej fotosyntezy (Winterberg i in., 2014).

Osiem do trzynastu procent zmienności w odporności pszenicy na *P. nodorum* jest warunkowana genem *Snn3* (Friesen i in., 2012). W zachodniej Australii 90% przebadanych odmian pszenicy posiada gen *Snn3*, odpowiedzialny za wrażliwość na SnTox3 (Waters i in., 2011; Zhang i in., 2011). W badaniach Watersa i współautorów (2011) udowodniono również, że wrażliwość odmian pszenicy na SnTox3 ma większy wpływ na podatność na septoriozę plew niż wrażliwość na SnToxA. Również w polskich odmianach wykazano wysoką podatność na działanie tego efektora (Arseniuk i in., 2019; Arseniuk, 2021). W Norwegii na podstawie badan 157 odmian pszenicy jarej podatność na SnTox3 wykazało 55% badanych odmian (Ruud i in. 2018), W Wielkiej Brytanii, 42 % z kolekcji 457 elitarnych linii hodowlanych było podatnych na SnTox3 a jedynie 25 % linii było niewrażliwych; sześć z tych linii zostało zarejestrowanych jako odmiany w 2017 roku (Downie i in., 2018). Badania australijskie na 46 liniach wykazały odporność 4 linii (Tan i in., 2014) późniejsze badania wykazały 61% odmian wrażliwych na SnToxA oraz 90% na SnTox3 (Oliver i in., 2012; Waters i in., 2011) (Tabela 2).

Odporność roślin na septoriozę plew

Uważa się, że istnieją dwa typy odporności/podatności na *P. nodorum*. Jest to odporność warunkowana poligenicznie (Fried i Meister, 1987; Bostwick i in., 1993; Du i in., 1999) oraz odporność warunkowana pojedynczymi genami zgodnie z odwróconym modelem 'gen na gen', w którym wrażliwość na chorobę warunkowana jest dominującym genem wrażliwości w genomie gospodarza (Friesen i in., 2012).

W pierwszych badaniach dla pszenicy wykazano, że w niektórych środowiskach odporność na

septoriozę plew jest kontrolowana przez pojedyncze geny (Frecha, 1973), jednak obecnie w wielu pracach odporność roślin na septoriozę plew określana jest jako ilościowa, nieswoista, warunkowana poligenicznie. Odporność ilościowa QDR (ang. Quantitative Disease Resistance) powoduje ograniczenie objawów chorobowych a nie całkowity brak choroby. Przełamanie odporności jest mniej prawdopodobne, ponieważ jest ona wynikiem działania kilku genów – loci odporności ilościowej (QRL ang. Quantitative Resistance Loci) o mniejszych i częściowych efektach. QDR warunkuje odporność na wiele izolatów, powodując mniejszą częstotliwość wystąpienia nowych wariantów genetycznych patogenu (Poland i in., 2009). Odporność na septoriozę plew jest dziedziczona ilościowo i addytywnie (Nelson i Gates, 1982; Wicki i in., 1999) co utrudnia hodowlę odpornościową dla septoriozy plew. Rejony genomu, które zawierają geny związane z określoną cechą ilościową określane są jako loci cech ilościowych (QTL ang. Quantitative Trait Loci). Identyfikowanie tych rejonów stało się możliwe dzięki mapom genetycznym, których konstrukcja opiera się o markery molekularne.

Na podstawie mapowania asocjacyjnego wykazano silną zależność wrażliwości pszenicy na NE z podatnością roślin na septoriozę plew. Jednak istnieje wiele genów niezwiązanych z wrażliwością na efekторы białkowe. Prawie na każdym chromosomie pszenicy zidentyfikowano QTL-e wyjaśniające ponad 10% zmienności fenotypowej: 1A, 1B, 2A, 2B, 2D, 3A, 3B, 4A, 4B, 5A, 5B, 5D, 6A, 6B, 7A, 7B, 7D (Czembor i in., 2003, 2019; Arseniuk i in., 2004; Liu i in., 2004a, 2004b, 2012, 2015; Aguilar i in., 2005; Friesen i in., 2007, 2009; Shankar i in., 2008; Adhikari i in., 2011; Francki i in., 2011, 2020; Abeysekara i in., 2012; Lu i Lillemo, 2014; Cockram i in., 2015; Phan i in. 2016, 2018; Ruud i in., 2017, 2019; Singh i in., 2019; Hu i in., 2019; Halder i in., 2019; Ballini i in., 2020; Lin i in., 2020a, 2021).

Oprócz dominujących genów wrażliwości (*S*, ang. susceptibility) na *P.nodorum* zidentyfikowano liczne QTL-e odporności na septoriozę plew. Wspomagana markerami eliminacja genów *S* za pomocą konwencjonalnych metod hodowlanych oraz usuwanie genów *S* za pomocą technik edycji genów to dwie skuteczne strategie nowoczesnych metod hodowli odpornościowej (Peters Haugrud i in., 2022).

Pszenżyto przez długi czas uznawane było za źródło genów odporności na choroby grzybowe pochodzące z genomu żytniego, co dawało możliwość przenoszenia genów odporności do pszenicy metodami klasycznych krzyżowań (Kuleung i in., 2004). W badaniach Reszki i wsp. (2007) zidentyfikowano trzy QTL-e zlokalizowane na chromosomach 4B, 5B i 6A. QTL-e na 5B i 6A znajdowały się w podobnej lokalizacji jak dla pszenicy. Jed-

nak obecnie wiele odmian pszenżyta wykazuje wysoką podatność na septoriozę plew.

Wprowadzenie odporności na septoriozę plew jest złożone i sprawia wiele trudności. W licznych badaniach wykazano, że odporność jest zależna od stadium rozwojowego rośliny (Rosielle i Brown, 1980; Fried i Meister, 1987; Bostwick i in., 1993; Czembor i in., 2003, 2019; Shankar i in., 2008). Doświadczenia dla pszenicy pozwoliły na wnioskowanie, że geny, które kontrolują częściową odporność w stadium siewki nie wpływają na odporność roślin dojrzałych. W pracy Czembora i in. (2003) dla populacji mapującej Liwilla × Begra zidentyfikowano 4 QTL-e dla okresu latencji i inkubacji oraz dla odporności na porażenie septoriozą plew w stadium siewki na chromosomach 2B, 3B, 5B i 5D. Jednak nie zidentyfikowano tych QTL-i u roślin dorosłych tej samej populacji mapującej (Czembor i in., 2019). Podobne wnioski zostały wyciągnięte z mapowania asocjacyjnego z wykorzystaniem populacji podwojonych haploidów 6HRWSN125 × WAWHT2074. QTL-e odporności plew na *P. nodorum* nie pokrywały się z QTL-ami odporności wykrytymi w stadium siewki (Shankar i in., 2008). W roku 2005 wykazano istnienie jednego wspólnego QTLa warunkującego odporność na *P. nodorum* liści i kłosów, zlokalizowany na chromosomie 2B. QTL ten związany był również z innymi cechami morfologicznymi pszenicy, takimi jak termin kłoszenia i długość kłosów (Aguilar i in., 2005). W późniejszych pracach stwierdzono, że QTL odporności na liściu jedynie kolokował z QTL-em odporności na kłosie (Lin i in., 2020a).

Dodatkowo wykazano, że odporność na *P. nodorum* zarówno plew jak i liści jest warunkowana środowiskowo (Fried i Meister, 1987; Wicki i in., 1999; Aguilar i in., 2005; Ruud i Lillemo, 2018; Czembor i in., 2019; Ruud i in., 2019; Francki i in., 2020; Lin i in., 2020a). Nadal zbyt mało wiadomo na temat różnorodności działania genów odporności roślin. Odmiana odporna w jednej części świata może okazać się podatna na porażenie w innym regionie ze względu na różnice genotypowe patogenu oraz odmienne warunki środowiskowe.

Pomimo wielu trudności, hodowla odpornościowa ma ogromne znaczenie. Uprawa odmian odpornych lub tolerancyjnych na patogeny wpływa na ograniczenie zużycia środków ochrony roślin jednocześnie obniżając koszty produkcji. Shankar i in. (2021) wykazali, że odporność częściowa pszenicy na septoriozę plew ogranicza straty ilości i jakości plonu ziarna w warunkach sprzyjających rozwojowi *P. nodorum*. Autorzy ci zaobserwowali, że częściowa odporność komercyjnych odmian pszenicy zmniejszyła straty plonu o 40-60% w stosunku do strat obserwowanych u odmian podatnych. W pracy Loughman i in. (1999) stwierdzono, że odmiany częściowo odpor-

ne przyczyniły się wzrostu względnej masy ziarna o 25% w porównaniu z odmianami podatnymi. W Australii zrealizowano krajowy program mający na celu wyeliminowanie genów wrażliwości na SnToxA i SnTox3 ze względu na powszechne występowanie podatności odmian pszenicy na te nekrotroficzne efekторы (Oliver i in., 2012). W ciągu trzech lat udział powierzchni występowania pszenicy podatnej na SnToxA w Australii spadł z 30,4 do 16,9% a zysk finansowy oszacowano na 50 milionów AUD (Vleeshouwers i Oliver, 2014).

Metody ograniczenia występowania septoriozy plew

Zwalczanie septoriozy plew najczęściej obejmuje stosowanie środków ochrony roślin. Zabieg należy wykonać pod koniec strzelania roślin w źdźbło lub na początku kłoszenia, jeśli objawy wystąpiły na górnych liściach. Przy braku porażenia liści zabieg wykonywany jest przy pierwszych objawach septoriozy plew na kłosach (Tratwal i in., 2017). Skuteczność i ilość stosowanych fungicydów ściśle zależy od pojawienia się askospor (Shankar i in., 2021). W ostatnich latach w Europie zalecano stosowanie chinonowych inhibitorów zewnętrznych (QoIs), takich jak azoksystrobina i trifloksystrobina; inhibitorów demetylacji (DMIs), takich jak epikonazol, tebukonazol, propikonazol i protiokonazol oraz dehydrogenaz bursztynianowych (SDHIs) takich jak biksafen (Ficke i in., 2018). Jednakże odnotowuje się wzrost odporności w populacji *P. nodorum* na kilka fungicydów na skutek powtarzających się mutacji. W badaniach Blixt i in. (2009) wykazano przełamanie odporności przez szwedzkie patotypy *P. nodorum* na azoksystrobinę. W pracy Peever i in. (1994) już w 1994r. zaobserwowano spadek wrażliwości patogenu na propikonazol. Był on spowodowany mutacjami w genie CYP51, powodującymi spadek wrażliwości *P. nodorum* na fungicydy z grupy DMI (Pereira i in., 2017). Dodatkowo propikonazol został wycofany przez Komisję Europejską zgodnie z 4 rozporządzeniem wykonawczym Komisji (UE) 2018/1865 z 28 listopada 2018 r. a jego termin zużycia upłynął 19 marca 2020. Potencjalna utrata skutecznych fungicydów oraz wzrost cen środków ochrony roślin podkreślają potrzebę zwalczania choroby za pomocą innych, bardziej zrównoważonych metod.

Istotną rolę w zapobieganiu rozprzestrzeniania się septoriozy plew odgrywają metody agrotechniczne. Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego jest jednym ze sposobów ograniczenia występowania choroby. Niestety, kwalifikowane nasiona pszenicy i pszenżyta ozimego wymieniane są przez rolników w Polsce co 12-14 lat, co wpływa nie tylko na plon ziarna, ale również na zdrowotność (Woś i Strzembicka, 2011; Oleksiak, 2013). Bardzo często wysiewane są nasiona porażone przez szereg patogenów stając się źródłem

infekcji pierwotnej. Zainfekowany materiał siewny może zapoczątkować epidemię w wielu ogniskach na nieporażonym polu (Shah i in., 1995; Shah i Bergstrom, 2000). Shah i in. (1995) wykazali, że nawet słabo porażone nasiona (<1% i <0,5%) mogą zapoczątkować epidemię septoriozy plew. Natomiast w pracach Luke i in. (1986) zaobserwowano, że do wywołania silnego porażenia roślin przez septoriozę plew wystarczy ok 10% porażonych nasion. Celem ograniczenia rozwoju choroby stosuje się zaprawianie nasion (Brodal, 1993). Bardzo ważne jest również przestrzeganie zmianowania. Najlepszym przedplonem są uprawy, które nie są żywicielami dla patogenu, np. rzepak lub ziemniaki (Lillemo i Dieseth, 2011). Innym sposobem ograniczenia występowania septoriozy plew jest dokładne przyoranie resztek poźniwnych oraz zwalczanie samosiewów co pozwala na ograniczenie źródeł inokulum pierwotnego oraz zmniejszenie liczby potencjalnych gospodarzy patogenu. Zabiegi agrotechniczne ograniczają występowanie choroby, jednak askospor mogą być również rozprzestrzeniane przez wiatr, powodując rozwój septoriozy plew w późniejszym terminie (Arseniuk i in., 1998; Bathgate i Loughman, 2001; Sommerhalder i in., 2010).

Obecnie plantatorzy zbóż nastawieni na zysk nie zawsze stosują się do w/w wskazówek. Dodatkowo w nowoczesnym rolnictwie stosuje się uprawę uproszczoną celem ograniczenia erozji gleb. Wysoka norma siewu i związana z tym większa gęstość roślin ma szczególne znaczenie w warunkach częstych opadów atmosferycznych, gdyż zarodniki *P. nodorum* przenosząc się z kroplami deszczu, łatwo osiągają sąsiadujące rośliny (Korbas i in., 2011; McDonald i Stukenbrock, 2016). Ponadto stosuje się pozostawienie słomy co sprzyja rozprzestrzenianiu się septoriozy plew (Mehra i in., 2015; Ficke i in., 2018).

Znacznie korzystniejszym sposobem ograniczenia występowania septoriozy plew jest hodowla odpornościowa. Rolnicy coraz częściej zwracają uwagę nie tylko na wartości gospodarcze odmian, ale również na ich odporność na czynniki biotyczne i abiotyczne. Pomimo tego, że nakłady finansowe ponoszone podczas wyprowadzenia odmian odpornych na choroby są wysokie, ich uprawa jest tania i w pełni skuteczna (Kryczyński, 2002). Przykładem mogą być duńskie uprawy pszenicy w których odnotowano zysk finansowy 20€ na hektar po wprowadzeniu odmian odpornych. Przyczyną zysku było ograniczenie fungicydów poprzez zastosowanie dawki mniejszej o 50% (Jørgensen i in. 2008). Również w przypadku septoriozy plew istotną rolę w ograniczaniu porażania zbóż odgrywa uprawa odmian o podwyższonej odporności (Cowger i Murphy, 2007; Mehra i in., 2016). Niestety do tej pory nie udało się wyhodować odmiany pszenicy całkowicie odpornej na działanie *P. nodorum* (Aguilar i in., 2005). Z uwa-

gi na wzrastające znaczenie septoriozy plew należy podjąć kroki, które przyczynią się do podwyższenia jakości ziarna i ograniczenia strat w wysokości plonu. Przy zastosowaniu tradycyjnych technik hodowli roślin, materiał hodowlany jest prowadzony przez wiele generacji, przy odpowiednio dużej populacji roślin. Celem zwiększenia postępu hodowlanego wprowadza się nowe metody biotechnologiczne, między innymi androgenezę lub somatyczną embriogenezę. Koszty związane z ochroną roślin fungicydami i zabiegami agrotechnicznymi są wysokie. Zastosowanie metod somatycznej embriogenezy i androgenozy może przyczynić się do wyprowadzenia linii pszenicy i pszenżyta ozimego o podwyższonej odporności na septoriozę plew, co jest ekonomiczną i ekolo-

giczną alternatywą. Metody te służą do kreowania zmienności genetycznej, które są podstawą hodowli twórczej oraz pozwalają skrócić cykle hodowlane (Śnieżko, 1991; Arseniuk i Walczewski, 2014).

Włączenie do uprawy odmian zbóż o podwyższonej odporności na *P. nodorum* jest działaniem pro-ekologicznym, dodatkowo obniżającym koszty produkcji zbóż. Nowe techniki oceny materiałów hodowlanych zwiększą efektywność selekcji genotypów, obniżając koszty wytwarzania nowych odmian. Zastosowanie nieoczyszczonego filtratu *P. nodorum*, zawierającego efektor białkowy do selekcji pszenicy i pszenżyta jest jedną z nowych metod (Walczewski 2020).

Literatura

- Abeyssekara, N.S., Faris, J.D., Chao, S., McClean, P.E., Friesen, T.L., 2012. Whole-genome QTL analysis of *Stagonospora nodorum* blotch resistance and validation of the SnTox4–*Snn4* interaction in hexaploid wheat. *Phytopathology* 102(1), 94–104. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-11-0040>
- Abeyssekara, N.S., Friesen, T.L., Keller, B., Faris, J.D., 2009. Identification and characterization of a novel host-toxin interaction in the wheat-*Stagonospora nodorum* pathosystem. *Theor. Appl. Genet.* 120, 117–126. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1163-6>
- Adhikari, T.B., Jackson, E.W., Gurung, S., Hansen, J.M., Bonman, J.M., 2011. Association mapping of quantitative resistance to *Phaeosphaeria nodorum* in spring wheat landraces from the USDA National Small Grains Collection. *Phytopathology* 101(11), 1301–1310. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-11-0076>
- Aguilar, V., Stamp, P., Winzeler, M., Winzeler, H., Schachermayr, G., Keller, B., Zanette S., Messmer, M.M., 2005. Inheritance of field resistance to *Stagonospora nodorum* leaf and glume blotch and correlations with other morphological traits in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) *Theor. Appl. Genet.* 111, 325–336. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-2025-5>
- Arseniuk, E., 2019. Recent developments in triticale breeding research and production-an overview. *Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics*, 5(2), 68–73.
- Arseniuk, E., 2021. Toksyny białkowe *Parastagonospora nodorum* i ich związek z patogenicznością oraz odpornością pszenżyta i pszenicy na septoriozę liści i plew (SNB). *Biul. IHAR* 295, 55–62. <https://doi.org/10.37317/biul-2021-00PB>
- Arseniuk, E., Czembor, P.C., Czaplicki, A., Song, Q., Cregan, P.B., Hoffman, D.L., Ueng, P.P., 2004. QTL controlling partial resistance to *Stagonospora nodorum* leaf blotch in winter wheat cultivar Alba. *Euphytica* 137(2), 225–231. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000041589.47544.de>
- Arseniuk, E., Góral, T., Scharen, A.L., 1998. Seasonal patterns of spore dispersal of *Phaeosphaeria* spp. And *Stagonospora* spp. *Plant Dis.* 82, 187–194. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.2.187>
- Arseniuk, E., Walczewski, J., 2014. Effect of dihaploid technology on resistance of winter wheat and winter triticale to *Stagonospora nodorum* blotch. In: Behl R.K., Arseniuk E. (ed.) *Proceedings of the international conference on biotechnology and plant breeding perspectives towards food security and sustainability*. IHAR-PIB Radzikow, Poland. Agrobios (International), New Delhi, pp 32–329
- Ballini, E., Tavaud, M., Ducasse, A., Sanchez, D., Paux, E., Kitt, J., Charret, G., Audigeos, D., Roumet, P., David, J., Morel, J. B., 2020. Genome wide association mapping for resistance to multiple fungal pathogens in a panel issued from a broad composite cross-population of tetraploid wheat *Triticum turgidum*. *Euphytica* 216(6), 1–17. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02631-9>
- Bartosiak, S.F., Arseniuk, E., Szechyńska-Hebda, M., Bartosiak, E., 2021. Monitoring of natural occurrence and severity of leaf and glume blotch diseases of winter wheat and winter triticale incited by necrotrophic fungi *Parastagonospora* spp. and *Zymoseptoria tritici*. *Agronomy* 11, 967. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050967>
- Bathgate, J.A., Loughman, R., 2001. Ascospores are a source of inoculum of *Phaeosphaeria nodorum*, *P. avenaria* f. sp. *avenaria* and *Mycosphaerella graminicola* in Western Australia. *Australas. Plant Pathol.* 30, 317–322. <https://doi.org/10.1071/AP01043>
- Bergstrom, G.C., 2010. *Stagonospora nodorum* blotch and *Stagonospora avenae* blotch. *Compendium of Wheat Diseases and Pests*, 75–77.
- Bhathal, J.S., Loughman, R., Speijers J., 2003. Yield reduction in wheat in relation to leaf disease from yellow (tan) spot and *Septoria nodorum* blotch. *Eur. J. Plant Pathol.* 109, 435–443. <https://doi.org/10.1023/A:1024277420773>
- Blixt, E., Djurle, A., Yuen, J., Olson, Å., 2009. Fungicide sensitivity in Swedish isolates of *Phaeosphaeria nodorum*. *Plant Pathol.* 58, 655–664. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2009.02041.x>
- Bostwick, D.E., Ohm, H.W., Samer, G., 1993. Inheritance of *Septoria glume blotch* resistance in wheat. *Crop Sci.* 33, 439–443. <https://doi.org/10.2135/cropsci1993.0011183X003300030005x>

- Breen, S., Williams, S.J., Winterberg, B., Kobe, B., Solomon, P.S., 2016. Wheat PR-1 proteins are targeted by necrotrophic pathogen effector proteins. *Plant J.* 88, 13–25. <https://doi.org/10.1111/tpj.13228>
- Brennan, R. M., 1985. Dispersal of *Septoria nodorum* pycnidiospores by simulated raindrops in still air. *J. Phytopath.* 112, 281-290. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1985.tb00805.x>
- Brodal, G., 1993. Fungicide treatment of cereal seeds according to need in the Nordic countries. Proceedings Crop Protection in Northern Britain 1993, Dundee University, 23-25 marca 1993. The Association for Crop Protection in Northern Britain, ss. 7-16.
- Chooi, Y.-H., Krill, C., Barrow, R.A., Chen, S., Trengove, R., Oliver, R.P., Solomon, P.S., 2015a. An *In planta*-expressed polyketide synthase produces (R)-mellein in the wheat pathogen *Parastagonospora nodorum*. *Appl. Environ. Microbiol.* 81, 177–186. <https://doi.org/10.1128/AEM.02745-14>
- Chooi, Y.-H., Muria-Gonzalez, M.J., Mead, O.L., Solomon, P.S., 2015b. *SnPKS19* encodes the polyketide synthase for alternariol mycotoxin biosynthesis in the wheat pathogen *Parastagonospora nodorum*. *Appl. Environ. Microbiol.* 81, 5309–5317. <https://doi.org/10.1128/AEM.00278-15>
- Chooi, Y.-H., Muria-Gonzalez, M.J., Solomon, P.S., 2014. A genome-wide survey of the secondary metabolite biosynthesis genes in the wheat pathogen *Parastagonospora nodorum*. *Mycology* 5, 192–206. <https://doi.org/10.1080/21501203.2014.928386>
- Chooi, Y.-H., Zhang, G., Hu, J., Muria-Gonzalez, M.J., Tran, P.N., Pettitt, A., i in., 2017. Functional genomics-guided discovery of a light-activated phytotoxin in the wheat pathogen *Parastagonospora nodorum* via pathway activation. *Environ. Microbiol.* 19, 1975–1986. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13711>
- Cockram, J., Scuderi, A., Barber, T., Furuki, E., Gardner, K.A., Gosman, N., Kowalczyk, R., Phan, H.P., Rose, G.A., Tan, K.-C., Oliver, R.P., Mackay, I.J., 2015. Fine-mapping the wheat *Snn1* locus conferring sensitivity to the *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effector SnTox1 using an eight founder multiparent advanced generation inter-cross population. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 5(11), 2257-2266. <https://doi.org/10.1534/g3.115.021584>
- Cowger, C., Murphy, J.P., 2007. Artificial inoculation of wheat for selecting resistance to *Stagonospora nodorum* blotch. *Plant Dis.* 91, 539-545. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-5-0539>
- Cunfer, B.M., Ueng, P.P., 1999. Taxonomy and identification of *Septoria* and *Stagonospora* species on small-grain cereals. *Annu. Rev. Phytopathol.* 37, 267–284. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.37.1.267>
- Czembor, P.C., Arseniuk, E., Czaplicki, A., Song, Q., Cregan, P.B., Ueng, P.P., 2003. QTL mapping of partial resistance in winter wheat to *Stagonospora nodorum* blotch. *Genome* 46(4), 546-554. <https://doi.org/10.1139/g03-036>
- Czembor, P., Arseniuk, E., Radecka-Janusik, M., Piechota, U., Słowacki, P., 2019. Quantitative trait loci analysis of adult plant resistance to *Parastagonospora nodorum* blotch in winter wheat cv. Liwilla (*Triticum aestivum* L.). *Eur. J. Plant Path.* 155, 1001–1016. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01829-5>
- Downie, R.C., Bouvet, L., Furuki, E., Gosman, N., Gardner, K.A., Mackay, I.J. i in., 2018. Assessing European wheat sensitivities to *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effectors and fine-mapping the *Snn3-B1* locus conferring sensitivity to the effector SnTox3. *Front. Plant Sci.* 9, 881. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00881>
- Downie, R.C., Lin, M., Corsi, B., Ficke, A., Lillemo, M., Oliver, R.P., Phan, H.T.T., Tan, K.C., Cockram, J., 2021. *Septoria nodorum* blotch of wheat: Disease management and resistance breeding in the face of shifting disease dynamics and a changing environment. *Phytopathology* 111, 906–920. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-20-0280-RVW>
- Du, C.G., Nelson, L.R., McDaniel, M.E., 1999. Diallel analysis of gene effects conditioning resistance to *Stagonospora nodorum* (Berk.) in wheat. *Crop Sci.* 39, 686–690. <https://doi.org/10.2135/cropsci1999.0011183X003900020014x>
- Eyal, Z., Scharen, A.L., Prescott, J.M., Van Ginkel, M., 1987. The *Septoria* diseases of wheat. Concepts and methods of disease management. CIMMYT, Mexico, 52 strony.
- Faris, J.D., Friesen, T.L., 2009. Reevaluation of a tetraploid wheat population indicates that the *Tsn1-ToxA* interaction is the only factor governing *Stagonospora nodorum* blotch susceptibility. *Phytopathology* 99(8), 906-912. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-8-0906>
- Faris, J.D., Zhang, Z., Lu, H., Lu, S., Reddy, L., Cloutier, S., Fellers, J.P., Meinhardt, S.W., Rasmussen, J.B., Xu, S.S., Oliver, R.P., Simons, K.J., Friesen, T.L., 2010. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 107, 13544–13549. <https://doi.org/10.1073/pnas.1004090107>
- Ficke, A., Cowger, C., Bergstrom, G., Brodal, G., 2018. Understanding yield loss and pathogen biology to improve disease management: *Septoria nodorum* blotch – A case study in wheat. *Plant Dis.* 102, 696–707. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-17-1375-FE>
- Flor, H.H., 1956. The complementary genic system in flax and flax rust. *Adv. Genet.* 8, 29- 54.
- Francki, M.G., Shankar, M., Walker, E., Loughman, R., Golzar, H., Ohm, H., 2011. New quantitative trait loci in wheat for flag leaf resistance to *Stagonospora nodorum* blotch. *Phytopathology* 101(11), 1278-1284. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-11-0054>
- Francki, M.G., Walker, E., McMullan, C.J., Morris, W.G., 2020. Multilocation evaluation of global wheat lines reveal multiple QTL for adult plant resistance to *Septoria nodorum* blotch (SNB) detected in specific environments and in response to different isolates. *Front. Plant Sci.* 11, 771. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00771>
- Frecha, J.H., 1973. The inheritance of resistance to *Septoria nodorum* in wheat. *Boletín Genético* 8, 29–30.
- Fried, P.M., Meister, E., 1987. Inheritance of leaf and head resistance of winter wheat to *Septoria nodorum* in a diallel cross. *Phytopathology* 77, 1371-1375.
- Friesen, T.L., Faris, J.D., 2012. Characterization of plant-fungal interactions involving necrotrophic effector-producing plant pathogens. *Methods Mol. Biol.* 835, 191–207. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-501-5_12
- Friesen, T.L., Chu, C.G., Liu, Z.H., Xu, S.S., Halley, S., Faris, J.D., 2009. Host-selective toxins produced by *Stagonospora nodorum* confer disease susceptibility in adult wheat plants under field conditions. *Theor. Appl. Genet.* 118, 1489-1497. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-0997-2>
- Friesen, T.L., Chu, C., Xu, S.S., Faris, J.D., 2012. SnTox5-*Snn5*: A novel *Stagonospora nodorum* effector-wheat gene interaction and its relationship with the SnToxA-*Tsn1* and SnTox3-*Snn3-B1* interactions. *Mol. Plant Pathol.* 13, 1101–1109. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2012.00819.x>

- Gao, Y., Faris, J.D., Liu, Z., Kim, Y.M., Syme, R.A., Oliver, R.P., i in., 2015. Identification and characterization of the SnTox6-*Snn6* interaction in the *Parastagonospora nodorum*-wheat pathosystem. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 28, 615–625. <https://doi.org/10.1094/MPMI-12-14-0396-R>
- Ghaderi, F., Sharifnabi, B., Javan-Nikkhah, M., Brunner, P.C., McDonald, B.A., 2020. SnToxA, SnTox1, and SnTox3 originated in *Parastagonospora nodorum* in the Fertile Crescent. *Plant Pathol* 69, 1482–1491. <https://doi.org/10.1111/ppa.13233>
- Gupta, P.K., Vasistha, N.K., Singh, S., Joshi, A.K., 2023. Genetics and breeding for resistance against four leaf spot diseases in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Front. Plant Sci.* 14:1023824. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1023824>
- Hafez, M., Gourlie, R., Despins, T., Turkington, T.K., Friesen, T.L., Aboukhaddour, R., 2020. *Parastagonospora nodorum* and related species in western Canada: genetic variability and effector genes. *Phytopathology* 110, 1946–1958. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-20-0207-R>
- Halama, P., Lacoste, L., 1991. Déterminisme de la reproduction sexuée de *Phaeosphaeria* (*Leptosphaeria*) *nodorum*, agent de la septoriose du blé. I. Hétérothallisme et rôle des microspores. *Can. J. Bot.* 69, 95-99. <https://doi.org/10.1139/b91-013>
- Halder, J., Zhang, J., Ali, S., Sidhu, J.S., Gill, H.S., Talukder, S.K., Kleinjan, J., Turnipseed, B., Sehgal, S.K., 2019. Mining and genomic characterization of resistance to tan spot, *Stagonospora nodorum* blotch (SNB), and Fusarium head blight in Watkins core collection of wheat landraces. *BMC Plant Biol.* 19(1), 1-15. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2093-3>
- Hane, J.K., Paxman, J., Jones, D.A.B., Oliver, R.P., de Wit, P., 2020. “CATASTrophy,” a genom 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>
- Hetman, A., Kowalczyk, S., 2018. Membrane receptors recognizing MAMP/PAMP and DAMP molecules that activate first line of defence in plant immune system (In Polish with English Abstract: Receptory błonowe wiążące cząsteczki typu MAMP/PAMP i DAMP aktywujące pierwszą linię obrony lokalnej układu odpornościowego roślin). *Post Bioch.* 64, 29-45.
- Hu, W., He, X., Dreisigacker, S., Sansaloni, C.P., Juliana, P., Singh, P.K., 2019. A wheat chromosome 5AL region confers seedling resistance to both tan spot and *Septoria nodorum* blotch in two mapping populations. *Crop J.* 7 (6), 809-818. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.05.004>
- John, E., Lopez-Ruiz, F., Rybak, K., Mousley, C.J., Oliver, R.P., Tan, K.-C., 2016. Dissecting the role of histidine kinase and HOG1 mitogen-activated protein kinase signalling in stress tolerance and pathogenicity of *Parastagonospora nodorum* on wheat. *Microbiology* 162, 1023-1036. <https://doi.org/10.1099/mic.0.000280>
- Jørgensen, L.N., Clark, B., Marga, J., Antichi, G.D., Góral, T., Schepers, P.H., Lucas, P., Rolland, B., Gouache, D., Hornok, L., 2008., Using Cultivar Resistance to Reduce Fungicide Input in Wheat. ENDURE Wheat Case Study – Guide Number 1. [dostęp na stronie: http://www.endure-network.eu/endure_publications/endure_publications2].
- Kariyawasam, G.K., Richards, J.K., Wyatt, N.A., Running, K.L., Xu, S.S., Liu, Z., Borowicz, P., Faris, J.D., Friesen, T.L., 2022. The *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effector SnTox5 targets the wheat gene *Snn5* and facilitates entry into the leaf mesophyll. *New Phytol.* 233 (1), 409-426. <https://doi.org/10.1111/nph.17602>
- Karjalainen, R., Lounatmaa, K., 1986. Ultrastructure of penetration and colonization of wheat leaves by *Septoria nodorum*. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 29, 263-270. [https://doi.org/10.1016/S0048-4059\(86\)80026-1](https://doi.org/10.1016/S0048-4059(86)80026-1)
- Katoch, S., Sharma, V., Sharma, D., Salwan, R., Rana, S.K., 2022. Biology and molecular interactions of *Parastagonospora nodorum* blotch of wheat. *Planta*, 255(1), 1–18. <https://doi.org/10.1007/s00425-021-03796-w>
- Kesselmeier, J., Staudt, M., 1999. Biogenic volatile organic compounds (VOC): an overview on emission, physiology and ecology. *J. Atmos. Chem.* 33, 23–88. <https://doi.org/10.1023/A:1006127516791>
- Korbas, M., Horoszkiewicz-Janka, J., Jajor, E., Głazek, M., 2011. Integrowana metoda ograniczenia sprawców chorób. W: *Metodyka integrowanej ochrony pszenżyta oziemego i jarego*. IOR — PIB Poznań: 111 — 159.
- Kourelis, J., van der Hoorn, R.A.L., 2018. Defended to the nines: 25 years of resistance gene cloning identifies nine mechanism for R protein function. *Plant Cell* 30, 285-299. <https://doi.org/10.1105/tpc.17.00579>
- Kryczyński, S., 2002. Podstawy fitopatologii. Fundacja Rozwój SGGW. Warszawa. Wyd. II.
- Kuleung, C., Baenziger, P.S., Dweikat, I., 2004. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale. *Theor. Appl. Genet.* 108, 1147–1150. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1532-5>
- Lenz, H.D., Haller, E., Melzer, E., Kober, K., Wurster, K., Stahl, M., Bassham, D.C., Vierstra, R.D., Parker, J.E., Bautor, J., Molina, A., Escudero, V., Shindo, T., van der Hoorn, R.A.L., Gust, A.A., Nürnberger, T., 2011. Autophagy differentially controls plant basal immunity to biotrophic and necrotrophic pathogens. *Plant J.* 66, 818–830. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2011.04546.x>
- Lema-Rumińska, J., Kulus, D., 2012. Induction of somatic embryogenesis in *Astrophytum asterias* (Zucc.) Lem. In the aspect of light conditions and auxin 2,4-D concentrations. *Acta Sci. Pol. – Hort. Cult.* 11(4), 77-87.
- Li, H., Hu, J., Wei, H., Solomon, P.S., Vuong, D., Lacey, E., i in., 2018. Chemical ecogenomics-guided discovery of phytotoxic α -pyrones from the fungal wheat pathogen *Parastagonospora nodorum*. *Org. Lett.* 20, 6148–6152. <https://doi.org/10.1021/acs.orglett.8b02617>
- Lillemo, M., Dieseth, J. A., 2011. Wheat breeding in Norway. W: Angus W., Bonjean A.P., van Ginkel M. (red), *The World Wheat Book: A history of wheat breeding*, 2, ss. 45-79.
- Lin, M., Corsi, B., Ficke, A., Tan, K.C., Cockram, J., Lillemo, M., 2020a. Genetic mapping using a wheat multi-founder population reveals a locus on chromosome 2A controlling resistance to both leaf and glume blotch caused by the necrotrophic fungal pathogen *Parastagonospora nodorum*. *Theor. Appl. Genet.* 133(3), 785–808. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03507-w>
- Lin, M., Ficke, A., Cockram, J., Lillemo, M., 2020b. Genetic Structure of the Norwegian *Parastagonospora nodorum* Population. *Front. Microbiol.* 11, 1280. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01280>
- Lin, M., Stadlmeier, M., Mohler, V., Tan, K.C., Ficke, A., Cockram, J., Lillemo, M., 2021. Identification and cross-validation of genetic loci conferring resistance to *Septoria nodorum* blotch using a German multi-founder winter wheat population. *Theor. Appl. Genet.* 134(1), 125-142. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03686-x>
- Liu, Z., El-Basyoni, I., Kariyawasam, G., Zhang, G., Fritz, A., Hansen, J., Marais, F., Friskop, A., Chao, S., Akhunov, E., Baenziger, P.S., 2015. Evaluation and association mapping of resistance to tan spot and *Stagonospora nodorum* blotch in adapted winter wheat germplasm. *Plant Dis.* 99(10), 1333-1341. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-14-1131-RE>

- Liu, Z., Faris, J.D., Oliver, R.P., Tan, K.-C., Solomon, P.S., McDonald, M.C., McDonald, B.A., Nunez, A., Lu, S., Rasmussen, J.B., Friesen, T.L., 2009. SnTox3 acts in effector triggered susceptibility to induce disease on wheat carrying the *Snn3* gene. *PLoS Pathog.* 5 (9), e1000581. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000581>
- Liu Z., Gao Y., Kim Y.M., Faris J.D., Shelver W.L., de Wit P.J., Xu S.S., Friesen T.L., 2016. SnTox1, a *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effector, is a dual-function protein that facilitates infection while protecting from wheat-produced chitinases. *New Phytol.* 211(3), 1052-64. <https://doi.org/10.1111/nph.13959>
- Liu Z., Zhang Z., Faris J.D., Oliver R.P., Syme R., McDonald M.C., McDonald B.A., Solomon P.S., Lu S., Shelver W.L., 2012. The cysteine rich necrotrophic effector SnTox1 produced by *Stagonospora nodorum* triggers susceptibility of wheat lines harboring *Snn1*. *PLoS Pathog.* 8: e1002467. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002467>
- Loughman R., Wilson R.E., Goss I.M., Foster D.T. Murphy N.E.A., 1999. Varieties and advanced lines resistant to Septoria diseases of wheat in Western Australia. W: van Ginkel M., McNab A., Krupinsky J. (red.) *Septoria and Stagonospora Diseases of Cereals: A Compilation of Global Research*. Mexico, D.F.: CIMMYT, pp. 145–147.
- Lu S., Faris J.D., Sherwood R., Friesen T.L., Edwards, M.C., 2014. A dimeric PR-1-type pathogenesis-related protein interacts with ToxA and potentially mediates ToxA-induced necrosis in sensitive wheat. *Mol. Plant Pathol.* 15, 650–663. <https://doi.org/10.1111/mpp.12122>
- Lu Q., Lillemo M., 2014. Molecular mapping of adult plant resistance to *Parastagonospora nodorum* leaf blotch in bread wheat lines ‘Shanghai-3/Catbird’ and ‘Naxos’. *Theor. App. Genet.* 127(12), 2635-2644. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2404-x>
- Luke H.H., Barnett R.D., Pfahler P.L., 1986. Development of Septoria nodorum blotch on wheat from infected and treated seed. *Plant Dis.* 70, 252-254. <https://doi.org/10.1094/PD-70-252>
- McDonald, M.C., Razavi, M., Friesen, T.L., Brunner, P.C., McDonald, B.A., 2012. Phylogenetic and population genetic analyses of *Phaeosphaeria nodorum* and its close relatives indicate cryptic species and an origin in the Fertile Crescent. *Fungal Genet. Biol.* 49, 882–895. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2012.08.001>
- McDonald M.C., Oliver R.P., Friesen T.L., Brunner P.C., McDonald B.A., 2013. Global diversity and distribution of three necrotrophic effectors in *Phaeosphaeria nodorum* and related species. *New Phytol.* 199, 241–251. <https://doi.org/10.1111/nph.12257>
- McDonald B.A., Stukenbrock E.H., 2016. Rapid emergence of pathogens in agroecosystems: global threats to agricultural sustainability and food security. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B* 371(1709), 20160026. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0026>
- Mehra L., Adhikari U., Cowger C., Ojiambo P.S., 2018. Septoria nodorum blotch of wheat. *PeerJ Preprints* 6, e27039v2. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.27039v2>
- Mehra L.K., Cowger C., Gross K., Ojiambo P.S., 2016. Predicting pre-planting risk of *Stagonospora nodorum* blotch in winter wheat using machine learning models. *Front. Plant Sci.* 7, 390. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00390>
- Mehra L.K., Cowger C., Weisz R., Ojiambo P.S., 2015. Quantifying the effects of wheat residue on severity of *Stagonospora nodorum* blotch and yield in winter wheat. *Phytopathology* 105(11):1417–1426. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-15-0080-R>
- Muria-Gonzalez M.J., Chooi Y.-H., Breen S., Solomon P.S., 2015. The past, present and future of secondary metabolite research in the Dothideomycetes. *Mol. Plant Pathol.* 16, 92–107. <https://doi.org/10.1111/mpp.12162>
- Muria-Gonzalez M.J., Yeng Y., Breen S., Mead O., Wang C., Chooi Y.-H., Barrow R.A., Solomon P.S., 2020. Volatile Molecules Secreted by the Wheat Pathogen *Parastagonospora nodorum* Are Involved in Development and Phytotoxicity. *Front. Microbiol.* 11, 466. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00466>
- Nelson L.R., Gates C.E., 1982. Genetics of host plant resistance of wheat to *Septoria nodorum*. *Crop Sci.* 22:771–773. <https://doi.org/10.2135/cropsci1982.0011183X002200040017x>
- Nelson L.R., Holmes M.R., Cunfer B.M., 1976. Multiple regression accounting for wheat yield reduction by *Septoria nodorum* and other pathogens. *Phytopathology* 66, 1375–1379.
- Oleksiak, T., 2013. Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego a plonowanie zbóż ozimych. *Biul. IHAR* 268, 87-99. <https://doi.org/10.37317/biul-2013-0035>
- Oliver R.P., Friesen T.L., Faris J.D., Solomon P.S., 2012. *Stagonospora nodorum*: from pathology to genomics and host resistance. *Annual Review of Phytopathology* 50, 23–43. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-081211-173019>
- Oliver R.P., Lichtenzveig J., Tan K.C., Waters O., Rybak K., Lawrence J., Friesen T., Burgess P., 2014. Absence of detectable yield penalty associated with insensitivity to *Pleosporales* necrotrophic effectors in wheat grown in the West Australian wheat belt. *Plant Pathol.* 63, 1027–1032. <https://doi.org/10.1111/ppa.12191>
- Pereira D.A., McDonald B.A., Brunner P.C., 2017. Mutations in the CYP51 gene reduce DMI sensitivity in *Parastagonospora nodorum* populations in Europe and China. *Pest Manag. Sci.* 73, 1503–1510. <https://doi.org/10.1002/ps.4486>
- Peever T.L., Brants A., Bergstrom G.C., Milgroom M.G., 1994. Selection for decreased sensitivity to propiconazole in experimental field populations of *Stagonospora nodorum* (syn. *Septoria nodorum*). *Canadian Journal of Plant Pathology* 16, 109–117. <https://doi.org/10.1080/07060669409500767>
- Peters Haugrud A.R., Zhang Z., Friesen T.L., Faris J.D., 2022. Genetics of resistance to *Stagonospora nodorum* blotch in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 135, 3685–3707. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04036-9>
- Phan H.T., Rybak K., Bertazzoni S., Furuki E., Dinglasan E., Hickey L.T., Oliver R.P., Tan, K.C., 2018. Novel sources of resistance to Septoria nodorum blotch in the Vavilov wheat collection identified by genome-wide association studies. *Theoretical and Applied Genetics*, 131(6), 1223–1238. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3073-y>
- Phan H.T., Rybak K., Furuki E., Breen S., Solomon P.S., Oliver R.P., i in., 2016. Differential effector gene expression underpins epistasis in a plant fungal disease. *The Plant Journal*. 87, 343–54. <https://doi.org/10.1111/tpl.13203>
- Poland J.A., Balint-Kurti P.J., Wisser R.J., Pratt R.C., Nelson R.J., 2009. Shades of gray: the world of quantitative disease resistance. *Trends in plant science*, 14(1), 21-29. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2008.10.006>
- Quaedvlieg, W., Verkley, G.J.M., Shin, H.D., Barreto, R.W., Alfenas, A.C., Swart, W.J., Groenewald, J.Z., Crous, P.W., 2013. Sizing up *Septoria*. *Stud. Mycol.* 75, 307–390. <https://doi.org/10.3114/SIM0017>
- Reddy L., Friesen T.L., Meinhardt S.W., Chao S., Faris J.D., 2008. Genomic analysis of the *Snn1* locus on wheat chromosome arm 1bs and the identification of candidate genes. *Plant Genome* 1, 55–66. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2008.03.0181>

- Reszka E., Song Q., Arseniuk E., Cregan P.B., Ueng P.P., 2007. The QTL controlling partial resistance to *Stagonospora nodorum* blotch disease in winter triticale Bogo. *Plant Pathology Bulletin*, 16(3), 161-167.
- Richards J.K., Kariyawasam G., Seneviratne S., Wyatt N.A., Xu S.S., Liu Z., i in., 2021. A triple threat: the *Parastagonospora nodorum* SnTox267 effector exploits three distinct host genetic factors to cause disease in wheat. *New Phytol.* 233(1), 427-442. <https://doi.org/10.1111/nph.17601>
- Richards J.K., Stukenbrock E.H., Carpenter J., Liu Z., Cowger C. i. in., 2019. Local adaptation drives the diversification of effectors in the fungal wheat pathogen *Parastagonospora nodorum* in the United States. *PLoS Genet.* 15(10):e1008223. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008223>
- Rosielle A.A., Brown A.G.P., 1980. Selection for resistance to *Septoria nodorum* in wheat. *Euphytica*, 29, 337-346. <https://doi.org/10.1007/BF00025132>
- Ruud A.K., Dieseth J.A., Ficke A., Furuki E., Phan H.T.T., Oliver R.P., Tan K.C., 2019. Genome-wide association mapping of resistance to *Septoria nodorum* leaf blotch in a Nordic spring wheat collection. *The Plant Genome* 12, 3. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2018.12.0105>
- Ruud A.K., Dieseth J.A., Lillemo M., 2018. Effects of three *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effectors on spring wheat under Norwegian field conditions. *Crop Sci.* 58, 159-168. <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.05.0281>
- Ruud A.K., Lillemo M., 2018. Diseases affecting wheat: *Septoria nodorum* blotch. In: *Integrated disease management of wheat and barley*. Oliver, R. (Ed.). Burleigh Dodds Science Publishing, Cambridge, UK, 109-144. <https://doi.org/10.1201/9780429201219>
- Ruud, A.K., Windju, S., Belova, T., Friesen, T.L., Lillemo M., 2017. Mapping of SnTox3-*Snn3* as a major determinant of field susceptibility to *Septoria nodorum* leaf blotch in the SHA3/CBRD × Naxos population. *Theor. Appl. Genet.* 130, 1361-1374. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2893-5>
- Shah D.A., Bergstrom G.C., 2000. Temperature dependent seed transmission of *Stagonospora nodorum* in wheat. *Eur. J. Plant Pathol.* 106, 837-842. <https://doi.org/10.1023/A:1008723823196>
- Shah D.A., Bergstrom G.C., Ueng, P.P., 1995. Initiation of *Septoria nodorum* blotch epidemics in winter wheat by seedborne *Stagonospora nodorum*. *Phytopathology* 85, 452-457. <https://doi.org/10.1094/Phyto-85-452>
- Shankar M., Reeves K., Bradley J., Varischetti R., Loughman R., 2021. Effect of varietal resistance on the yield loss function of wheat to *nodorum* blotch. *Plant Pathol* 70, 745-759. <https://doi.org/10.1111/ppa.13317>
- Shankar M., Walker E., Golzar H., Loughman R., Wilson R.E., Francki M.G., 2008. Quantitative trait loci for seedling and adult plant resistance to *Stagonospora nodorum* in wheat. *Phytopathology* 98(8), 886-893. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-8-0886>
- Sharma J. S., Running K. L., Xu S. S., Zhang Q., Peters Haugrud A. R., Sharma S., McClean P.E., Faris, J. D., 2019. Genetic analysis of threshability and other spike traits in the evolution of cultivated emmer to fully domesticated durum wheat. *Molec. Genet. Genomics* 294 (3), 757-771. <https://doi.org/10.1007/s00438-019-01544-0>
- Shi G., Friesen T.L., Saini J., Xu S.S., Rasmussen J.B., Faris J.D., 2015. The Wheat *Snn7* Gene Confers Susceptibility on Recognition of the *Parastagonospora nodorum* Necrotrophic Effector SnTox7. *Plant Genome* 8 plantgenome2015.02.0007. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2015.02.0007>
- Shi G., Zhang Z., Friesen T.L., Bansal U., Cloutier S., Wicker T., Rasmussen J.B., Faris J.D., 2016a. Marker development, saturation mapping, and high-resolution mapping of the *Septoria nodorum* blotch susceptibility gene *Snn3-B1* in wheat. *Molec. Genet. Genomics* 291(1), 107-119. <https://doi.org/10.1007/s00438-015-1091-x>
- Shi G., Zhang Z., Friesen T.L., Raats D., Fahima T., Brueggeman, R.S., Lu S., Trick H.N., Liu Z., Chao W.s., 2016b. The hijacking of a receptor kinase-driven pathway by a wheat fungal pathogen leads to disease. *Sci. Adv.* 2, e1600822. <https://doi.org/10.1126/sciadv.1600822>
- Singh B., Mehta S., Aggarwal S.K., Tiwari M., Bhuyan S.I., Bhatia S., Islam M.A.s, 2019. Barley, disease resistance and molecular breeding approaches. W: Wani S.H. (red.) *Disease resistance in crop plants*. Springer Nature, Switzerland. ss. 261-299.
- Solomon P.S., Lowe R.G.T., Tan K.C., Waters O.D.C., Oliver R.P., 2006. *Stagonospora nodorum*: cause of *Stagonospora nodorum* blotch of wheat. *Molec. Plant Pathol.* 7 (3), 147-156. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2006.00326.x>
- Sommerhalder, R.J., McDonald, B.A., Mascher, F., Zhan, J., 2010. Sexual recombinants make a significant contribution to epidemics caused by the wheat pathogen *Phaeosphaeria nodorum*. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-100-9-0855>
- Śnieżko R., 1991. Pylniki i pyłek w hodowli *in vitro*. *Wiadomości Botaniczne*, 35(1).
- Tan K.-C., Oliver R.P., 2017. Regulation of proteinaceous effector expression in phytopathogenic fungi. *PLoS Pathog.* 13(4), e1006241. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006241>
- Tan K.-C., Phan,H.T.T., Rybak K., John E., Chooi Y.H., Solomon P.S., i in., 2015. Functional redundancy of necrotrophic effectors – consequences for exploitation for breeding. *Front. Plant Sci.* 6, 501. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00501>
- Tan K.-C., Waters O., Rybak K., Antoni E., Furuki E., Oliver R., 2014. Sensitivity to three *Parastagonospora nodorum* necrotrophic effectors in current Australian wheat cultivars and the presence of further fungal effectors. *Crop Pasture Sci.* 65 (2), 150-158. <https://doi.org/10.1071/CP13443>
- Tanaka S., 1933. Studies on black spot disease of the Japanese pear (*Pirus serotina* Rehd.). *Memoirs of the College of Agriculture, Kyoto Imperial University* 28, 1-31.
- Tratwal A., Strażyński P., Mrówczyński M., 2017. *Poradnik Sygnalizatora Ochrony Zbóż*; Instytut Ochrony Roślin—PIB: Poznań, Polska.
- Vleeshouwers V.G.A.A., Oliver R.P., 2014. Effectors as tools in disease resistance breeding against Biotrophic, hemibiotrophic and necrotrophic plant pathogens. *Mol. Plant-Microbe Interact.* 27, 196-206. <https://doi.org/10.1094/MPMI-10-13-0313-IA>
- Vereet J.A., Hoffman G.M., 1990. A biologically oriented threshold decision model for control of epidemics of *Septoria nodorum* in wheat. *Plant Dis.* 74, 731-738. <https://doi.org/10.1094/PD-74-0731>
- Veselova S.V., Nuzhnaya T.V., Burkhanova G.F., Rumyantsev S.D., Khusnutdinova E.K., Maksimov I.V., 2021. Ethylene-cytokinin interaction determines early defense response of wheat against *Stagonospora nodorum* Berk. *Biomolecules* 11(2), 174. <https://doi.org/10.3390/biom11020174>
- Walczewski J., 2020. Prosta metoda selekcji materiałów hodowlanych pszenicy i pszenżyta z wykorzystaniem nieoczyszczonego filtratu zawierającego efektor Tox3. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 290, 9-14. <https://doi.org/10.37317/biul-2020-0012>

- Wang, Z.; Ma, Y.; Chen, M.; Da, L.; Su, Z.; Zhang, Z.; Liu, X., 2023. Comparative genomics analysis of WAK/WAKL family in Rosaceae identify candidate WAKs involved in the resistance to *Botrytis cinerea*. *BMC Genomics* 24, <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09371-9>
- Waters O.D.C., Lichtenzweig J., Rybak K., Friesen T.L., Oliver R.P., 2011. Prevalence and importance of sensitivity to the *Stagonospora nodorum* necrotrophic effector SnTox3 in current Western Australian wheat cultivars. *Crop Pasture Sci.* 62, 556-562. <https://doi.org/10.1071/CP11004>
- Wicki W., Winzeler M., Schmid J.E., Stamp P., Messmer M., 1999. Inheritance of resistance to leaf and glume blotch caused by *Septoria nodorum* Berk. in winter wheat. *Theor. Appl. Genet.* 99, 1265-1272. <https://doi.org/10.1007/s001220051332>
- Wiese M.V., 1978. Compendium of wheat diseases. *Soil Science* 126(3), 190.
- Winterberg B., Du Fall L.A., Song X., Pascovici D., Care N., Molloy M., Ohms S., Solomon P.S., 2014. The necrotrophic effector protein SnTox3 re-programs metabolism and elicits a strong defence response in susceptible wheat leaves. *BMC Plant Biol.* 14, 215. <https://doi.org/10.1186/s12870-014-0215-5>
- Wolpert T.J., Dunkle L.D., Ciuffetti L.M., 2002. Host-selective toxins and avirulence determinants: what's in a name? *Annu. Rev. Phytopathol.* 40(1), 251-285. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.40.011402.114210>
- Woś H., Strzembicka A., 2011. Znaczenie hodowli odpornościowej w integrowanej ochronie pszenżyta. W: *Metodyka integrowanej ochrony pszenżyta ozimego i jarego*. IOR — PIB Poznań: 27 — 49.
- Zhang Z., Friesen T.L., Simons K.J., Xu S.S., Fari, J.D., 2009. Development, identification, and validation of markers for marker-assisted selection against the *Stagonospora nodorum* toxin sensitivity genes *Tsn1* and *Snn2* in wheat. *Mol. Breeding* 23(1), 35-49. <https://doi.org/10.1007/s11032-008-9211-5>
- Zhang Z., Friesen T.L., Xu S.S., Shi G., Liu Z., Rasmussen J.B., Faris J.D., 2011. Two putatively homoeologous wheat genes mediate recognition of SnTox3 to confer effector-triggered susceptibility to *Stagonospora nodorum*. *Plant J.* 65, 27-38. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2010.04407.x>
- Zhang Y., Nan Z., 2018. First report of leaf blotch caused by *Parastagonospora nodorum* on *Leymus chinensis* (Chinese Rye Grass) in China. *Plant Dis.* 102.12, 2661. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-18-0926-PDN>
- Zhang Z., Running K.L., Seneviratne S., Peters Haugrud A. R., Szabo-Hever A., Shi G., Brueggeman R., Xu S.S., Friesen T.L., Faris J.D., 2021. A protein kinase-major sperm protein gene hijacked by a necrotrophic fungal pathogen triggers disease susceptibility in wheat. *Plant J.* 106(3), 720-732. <https://doi.org/10.1111/tpj.15194>

Application of the detached-leaf technique to evaluate the pathogenicity of isolates of fungi *Ascochyta fabae* and *Botrytis fabae* to faba bean

Zastosowanie metody odciętych liści do oceny patogeniczności izolatów grzybów *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae* wobec bobiku

Tomasz Góral 

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

✉ t.goral@ihar.edu.pl

The most important diseases of the faba bean include Ascochyta blight caused by the fungus *Ascochyta fabae* and chocolate spot caused by the fungus *Botrytis fabae*. The pathogenicity of isolates of *A. fabae* and *B. fabae* was investigated against six cultivars of faba bean. The technique of detached leaves was used. The leaves were inoculated with pycnidial and conidial spores of the pathogens tested. After incubation, the sizes of the necrotic spots produced by the pathogens were determined. Significant variation in the pathogenicity of isolates of both fungi was found. The varieties showed differential resistance to Ascochyta blight and chocolate spot. The variation in resistance of cultivars to chocolate spot was lower than resistance to Ascochyta blight. The possibility of using the ImageJ image analysis software to measure the surface of necrotic lesions was described.

Keywords: Ascochyta blight, chocolate spot, image analysis, resistance, *Vicia faba*

Do najważniejszych chorób bobiku należą askochytoza powodowana przez grzyb *Ascochyta fabae* oraz czekoladowa plamistość powodowana przez grzyb *Botrytis fabae*. Przebadano patogeniczność izolatów *A. fabae* i *B. fabae* wobec sześciu odmian bobiku. Zastosowano technikę odciętych liści. Liście inokulowano zarodnikami pycnidialnymi i konidialnymi badanych patogenów. Po inkubacji określano rozmiary plam nekrotycznych wytwarzanych przez patogeny. Stwierdzono istotne zróżnicowanie patogeniczności izolatów obu grzybów. Odmiany wykazały zróżnicowaną odporność na askochytozę i czekoladową plamistość. Zróżnicowanie odporności odmian na czekoladową plamistość było mniejsze niż odporności na askochytozę. Opisano możliwość wykorzystania programu do analizy obrazu ImageJ do pomiaru powierzchni plam nekrotycznych.

Słowa kluczowe: analiza obrazu, askochytoza, czekoladowa plamistość, odporność, *Vicia faba*

Introduction

Faba (field, horse) bean (*Vicia faba* L. ssp. *minor*) is a grain legume crop (Fouad et al., 2013). It is cultivated for seeds with a high protein content (25–30%) and can be a raw material for producing protein animal feed (Grela and Czech, 2019). An additional advantage of faba bean cultivation is improving the soil structure by loosening it and enriching it with organic matter. Thanks to faba bean cultivation, the soil is enriched with nitrogen assimilated by rhizobia bacteria. This is particularly important in organic farming, where artificial nitrogen fertilizers are not used.

The area of faba bean cultivation in Poland was approximately 35,000 hectares in 2022 (Panek 2022). In the last ten years, it has increased almost four times. This area is lower than that of lupins, field peas, and soybeans. This is mainly due to the high soil requirements of faba bean and the high water needs during the period from the formation of buds to the formation of pods. Faba bean is also strongly affected by pests (aphids, pea

leaf weevil, broadbean weevil) and pathogens causing fungal diseases. Two fungal diseases, Ascochyta blight, and chocolate spot, pose a significant threat to the growth of faba bean crops. Ascochyta blight is caused by the fungus *Ascochyta fabae* Speg (teleomorph *Didymella fabae* Jellis & Punith), while chocolate spot is caused by the fungus *Botrytis fabae* Sard. (Díaz-Ruiz et al., 2009; Kaur et al., 2014; Zakrzewska, 2004, 1988). Ascochyta blight is a common disease in faba bean crops, causing yield losses of up to 90% in susceptible cultivars when environmental conditions favor disease development (Hanounik and Robertson, 1989). The fungus infects all above-ground parts of plants, including seeds (Sillero et al., 2010).

The resistance of faba bean to Ascochyta blight (*A. fabae*) is a complex trait. It is controlled by single main genes and polygenically (Avila et al., 2004; Kohpina et al., 2000a; Ondřej and Huňady, 2007; Román et al., 2003; Sillero et al., 2010). Genes associated with resistance of both leaves and stems have also been identified, as well

as groups of genes that determine resistance of leaves or stems only (Kharrat et al., 2006). Furthermore, the presence of resistance QTL effective against various isolates of *A. fabae* was found, but also QTL effective only against single isolates (Avila et al., 2004). This indicates the need for a broad spectrum of *A. fabae* isolates to test the resistance of the faba bean. Therefore, some researchers have suggested the existence of races of the pathogen, but this is not fully documented (Díaz-Ruiz et al., 2009; Tivoli et al., 2006). Rather, in the *A. fabae* population, pathogenicity groups are identified according to the severity of disease symptoms caused by isolates on a set of cultivars with different resistance (Blake et al., 2022). Sexual reproduction allows the emergence of new combinations of virulence, which is associated with the possibility that the pathogen responds to the selection exerted by the introduction of host resistance genes (Ozkilinc et al., 2015; Rubiales and Trapero-Casas, 2002).

This level of specialization is not observed in *B. fabae* causing chocolate spot. The degree of resistance of faba bean to this disease is low and only a few sources of resistance have been identified (Gela et al., 2022; Sillero et al., 2010).

Testing the resistance of faba bean to *Ascochyta* blight and chocolate spot is laborious and requires the creation of appropriate provocative conditions for the development of these diseases (Zakrzewska, 2004, 1988). Acceleration of the selection process of resistant genotypes can be achieved using the technique of detached leaves (Herath et al., 2001; Kohpina et al., 2000b; Tivoli et al., 2006). In the case of *Ascochyta* blight, it should be considered that the reaction of leaves and stems to infection with *A. fabae* can vary (Avila et al., 2004). Therefore, Kohpina et al. (2000b) also propose using stem fragments to obtain more reliable results showing the resistance of faba bean genotypes to *Ascochyta* blight. The complexity of faba bean reaction to *Ascochyta* blight shows that the correlation between laboratory and field results is not always high. This is due to the above-mentioned different resistance of leaves and stems to *A. fabae* infection and the fact that the fungus also infects pods (Zakrzewska, 2004). The development of the disease under field conditions is also influenced by the length of the stem and the type of inflorescence (Jellis et al., 1985; Pritchard et al., 1989; Zakrzewska, 2004). In the case of the chocolate spot, there was satisfactory concordance between detached leaf tests and field tests (Zaki, 2010). This concordance was lowest for genotypes with moderate resistance to the disease (Bouhassan et al., 2004; Tivoli et al., 2006; Villegas-Fernández et al., 2011).

The research aimed to study the pathogenicity of *A. fabae* and *B. fabae* isolates and the resistance of faba bean cultivars to diseases caused by these

pathogens using the detached-leaf technique. The possibility of using image analysis software for a precise and automated assessment of the severity of the above diseases on detached faba bean leaves was also tested.

Material and methods

The pathogenicity of *Ascochyta fabae* and *Botrytis fabae* isolates to faba bean cultivars was evaluated. Six cultivars of faba bean were used in the research: Bobas – traditional cultivar, high in tannin; Albus, Amulet, Kasztelan – traditional, low-tannin cultivars; Granit, Optimal – determinate (SK), high tannin cultivars. Faba bean seeds were obtained from breeding companies (Albus, Amulet, Granit, Kasztelan – Hodowla Roślin Strzelce; Bobas, Optimal – DANKO Hodowla Roślin).

The isolates of *A. fabae* and *B. fabae* were obtained from leaves showing symptoms of *Ascochyta* blight and chocolate spot and from seeds with disease symptoms (Table 1). Isolates are stored in the collection of the IHAR-PIB Department of Applied Biology.

To obtain spores, *A. fabae*, and *B. fabae* were cultured in a medium of PDA (potato glucose agar) (Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Germany) with the addition of faba bean meal (Zakrzewska, 2004). The dishes were irradiated with UV light (black light, 360 nm) in a 12/12h cycle to stimulate sporulation (Fig. 1). The surface of the dishes on which the sporulation of fungi was observed was washed with distilled water. The resulting suspension was filtered through gauze to remove mycelium fragments. The suspension concentration of pycnidiospores of *A. fabae* was established at 100,000 spores per milliliter and the conidiospores of *B. fabae* at 500,000 spores per milliliter. Measurements of spore concentration were made using a Thoma hematology chamber. The same concentrations of spores were adjusted for all isolates tested from both species.

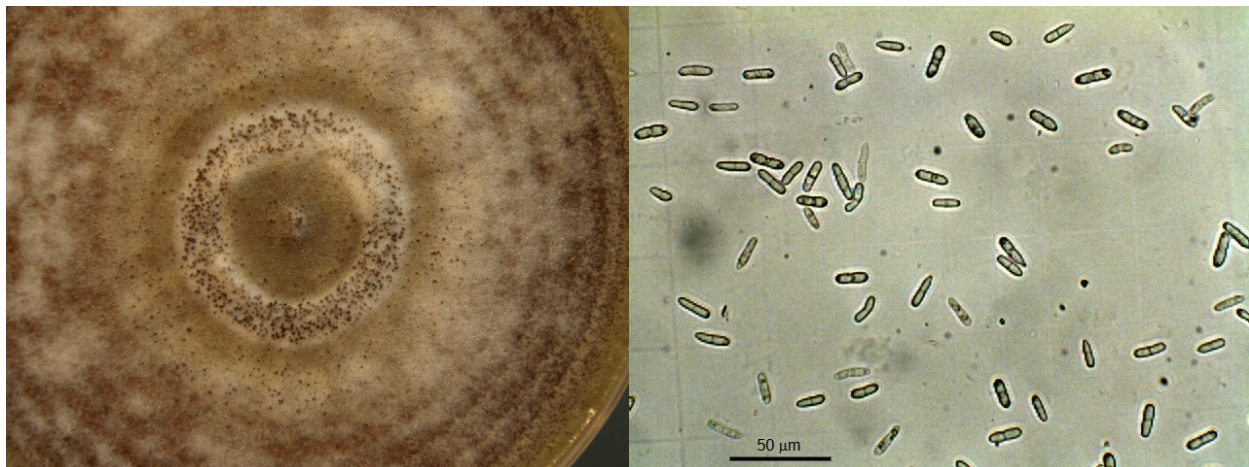
The detached leaf assay was used to assess the pathogenicity of isolates and resistance of cultivars (Walentyn-Góral and Góral, 2011; Góral and Walentyn-Góral, 2012). Sterilized faba bean leaves were placed in 12.5 × 12.5 cm square Petri dishes (Bionovo, Legnica, Poland). The medium was water agar (Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Germany) supplemented with 100 mg of benzimidazole (Merck Life Science Sp. z oo, Poznań, Poland) per liter. Each leaflet was inoculated with a drop (50 µl) of either *A. fabae* or *B. fabae* spore suspension. The drop was placed in the middle of the leaflet in a place punctured with a needle. Four to five leaflets were inoculated on each leaf. Plates with leaves were incubated in a culture chamber (Sanyo Electric, Moriguchi, Japan) at 20°C. The duration of the day was 12 h. After the symptoms appeared, necrotic lesions' size was measured five times (7, 10, 14, 16, and 21 days post-inoculation).

Table 1
Tabela 1List of isolates of *Ascochyta fabae* and *Botrytis fabae*
Lista izolatów *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae*

Species Gatunek	Isolate Izolat	Source Źródło	Cultivar Odmiana	Isolation year Rok izolacji
<i>A. fabae</i>	AF 5-1	seeds / nasiona	Titus	*
<i>A. fabae</i>	AF 5-2	seeds / nasiona	Titus	*
<i>A. fabae</i>	AF 6-1	seeds / nasiona	Amulet	2009
<i>A. fabae</i>	AF 6-2	seeds / nasiona	Amulet	2009
<i>A. fabae</i>	AF 7-1	leaves / liście	Kasztelan	2012
<i>A. fabae</i>	AF 7-3	leaves / liście	Granit	2012
<i>A. fabae</i>	AF 8-1	leaves / liście	Bobas	2013
<i>A. fabae</i>	AF 8-2	leaves / liście	Amulet	2013
<i>A. fabae</i>	AF 15-1	seeds / nasiona	Albus	2017
<i>A. fabae</i>	AF 15-4	seeds / nasiona	Granit	2017
<i>B. fabae</i>	BF 1	leaves / liście	Optimal	2017
<i>B. fabae</i>	BF 2	leaves / liście	Optimal	2017
<i>B. fabae</i>	BF 3	leaves / liście	Granit	2017
<i>B. fabae</i>	BF 4	leaves / liście	Granit	2017

* – seed stored in refrigerator, collected in 2004

* – nasiona przechowywane w zamrażarce, zebrane w roku 2004

Fig. 1. Isolate of *Ascochyta fabae* growing on a PDA medium with faba bean seed meal (left); pycnidiospores of *A. fabae* (right)Rys. 1. Izolat *Ascochyta fabae* rosnący na pożywce PDA z mączką z nasion bobiku (z lewej); pycnidiospory *A. fabae* (z prawej)

The average area of the lesion was calculated for each leaf. Photographs of the infected leaves were taken at 21 dpi. For each pathogen, two infection experiments were performed in two replications.

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 mean area of necrotic lesions produced by *A. fabae* and *B. fabae* (XLSTAT: ANOVA procedure). The factors were: isolate, cultivar, and date of measurement. Fisher's NIR multiple comparison test was used to compare the means for cultivars and isolates.

In selected images, the area of the lesions was measured using ImageJ (<https://imagej.net>)

(National Institutes of Health, Bethesda, MD, United States and the Laboratory for Optical and Computational Instrumentation, University of Wisconsin, Madison, WI, USA) (Scheider et al., 2012). This work aimed to verify the possibility of using image analysis to assess the size of necrotic lesions on faba bean leaves.

After opening the leaf image (TIFF, GIF, JPEG, BMP, and others), initial image adjustments were made (e.g. *Image > Adjust > Brightness/Contrast, Image > Adjust > Color balance*). The measurement scale of the image was then determined to obtain the actual area of the measured necrotic lesion (*Analyze > Set Scale*). A necrotic lesion was marked and its area was measured using the *Image > Adjust > Color Threshold* com-

mand. The highlighted area was outlined using the *Wand Tool* command (icon in the ImageJ icon bar). Options of *Wand Tool* can be modified using the command *Edit > Options > Wand Tool*. The area of the selected area was calculated using the *Analyze > Analyze Particles* command. The process can be automated by recording a macro including the above commands (*Plugins > Macros > Record*).

Results and Discussion

All tested isolates of *A. fabae* and *B. fabae* showed pathogenicity towards the faba bean cultivars. Symptoms in the form of necroses appeared about seven days after inoculation. Then necroses increased, in some cases covering the entire surface of a single leaflet (Fig. 2). The area of necrosis produced by *B. fabae* was on average three

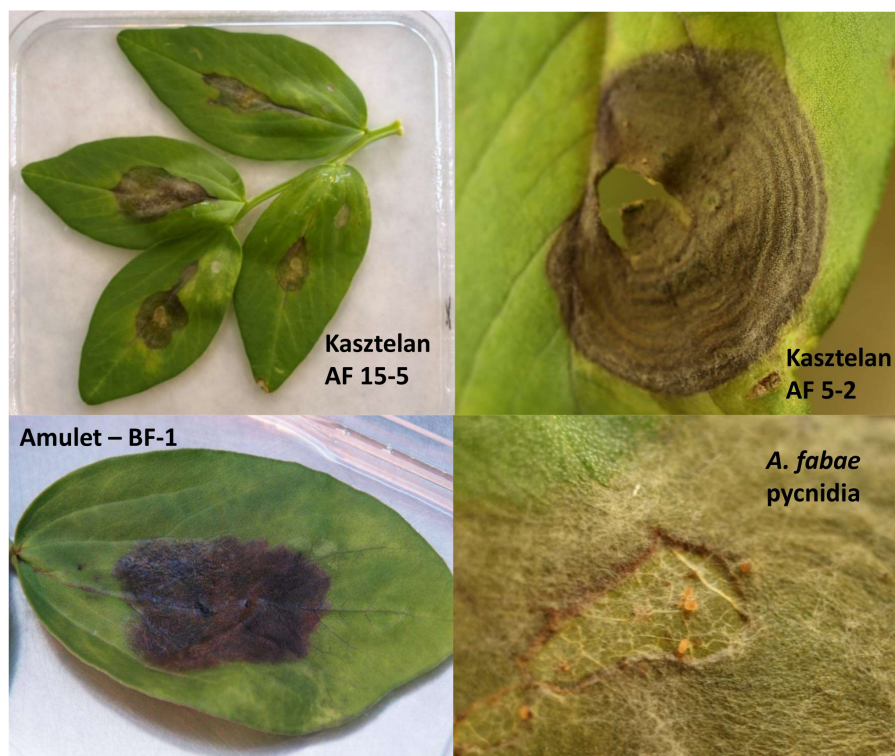


Fig. 2. A. Necrotic lesions on faba bean leaves (cultivar Kasztelan) caused by *A. fabae* isolate AF15-5 after point inoculation with pycnidiospores; B. Necrotic lesion on faba bean cultivar Kasztelan with formatting pycnidia of *A. fabae*, isolate AF5-2; C. Necrotic lesion on faba bean leaves (cultivar Amulet) caused by *B. fabae* after point inoculation with conidiospores; D. Pycnidia of *A. fabae* on a faba bean leaves releasing pycnidiospores.

Rys. 2. A. Plamy nekrotyczne na liściu bobiku (odmiana Kasztelan) powstałe na skutek inokulacji punktowej zarodnikami grzyba *A. fabae*, izolat AF 15-5; B. Plama nekrotyczna na liściu bobiku odmiany Kasztelan z tworzącymi się piknidiami grzyba *A. fabae*, izolat AF 5-2; C. Plama nekrotyczna na liściu bobiku (odmiana Amulet) powstała na skutek inokulacji punktowej zarodnikami grzyba *B. fabae*, izolat BF-1; D. Piknidia grzyba *A. fabae* na liściu bobiku uwalniające piknidiospory.

times larger than that caused by *A. fabae*. In necrotic lesions produced on leaves inoculated with *A. fabae*, pycnidia, releasing pycnidiospores were formed (Fig. 2D).

The pathogenicity of *A. fabae* isolates varied (Table 2, Fig. 3). Two groups of isolates were distinguished according to the size of the necrotic lesions. The first included four highly pathogenic isolates: 15-4, 15-1, 7-3, and 8-2. The highest pathogenicity was shown by isolates 15-4 and 15-1 obtained in 2015 from infected faba bean seeds from a field experiment in Radzików, Central Poland. Isolates 7-3 and 8-2 were obtained from infected leaves collected in 2012 and 2013. The second group included six isolates with significantly lower pathogenicity. The differences between them were not statistically significant. *A. fabae*

isolates show a wide variation in aggressiveness toward field beans (Blake et al., 2022). This is because *A. fabae* is a heterothallic species and the presence of two mating types MAT-1 and MAT-2 is required for the formation of pseudothecia and ascospores (Kaiser et al., 2007).

Faba bean cultivars used for the investigation differed statistically significantly in terms of resistance to *Ascochyta* blight caused by four isolates with the highest pathogenicity (Tab. 3, Fig. 4). The Bobas cultivar showed the highest resistance. However, it did not differ significantly from the Optimal (SK) cultivar.

Albus was the most susceptible cultivar. Kasztelan, Granit (SK), and Amulet cultivars were less susceptible and did not differ significantly. The determinate cultivars of faba bean Granit and

Table 2
Tabela 2
Analysis of variance of area of necrotic lesions produced by *A. fabae* and *B. fabae* isolates on six cultivars of faba bean
Analiza wariancji powierzchni plam nekrotycznych wytwarzanych przez izolaty *A. fabae* i *B. fabae* na sześciu odmianach bobiku

Source of variation Źródło zmienności	<i>Ascochyta fabae</i> (10 isolates / 10 izolatów)		<i>Botrytis fabae</i> (4 isolates / 4 izolaty)	
	F	Pr > F	F	Pr > F
Cultivar / Odmiana	10,037	0,000	3,570	0,005
Isolate / Izolat	19,557	0,000	55,716	0,000
Date / Termin	62,114	0,000	153,423	0,000
Cultivar × isolate Odmiana × Izolat	1,971	0,001	3,723	0,000
Cultivar × experiment Odmiana × date	2,137	0,064	0,857	0,576
Izolate × experiment Izolat × date	6,801	0,000	10,649	0,000

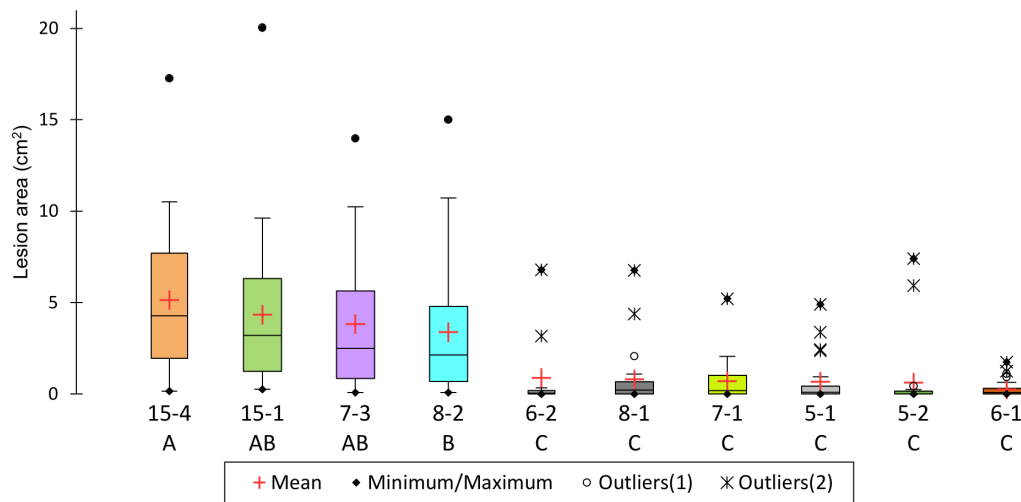


Fig. 3. Pathogenicity of isolates of *A. fabae* towards six faba bean cultivars evaluated using detached leaves technique. Isolates marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)
Rys. 3. Zróżnicowanie agresywności izolatów *A. fabae* wobec sześciu odmian bobiku określone z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Izolaty oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Table 3
Tabela 3
Analysis of variance of area of necrotic lesions produced by *A. fabae* and *B. fabae* isolates on six cultivars of faba bean
Analiza wariancji powierzchni plam nekrotycznych wytwarzanych przez izolaty *A. fabae* i *B. fabae* na sześciu odmianach bobiku

Source of variation Źródło zmienności	<i>Ascochyta fabae</i> (4 isolates / 4 izolatów)		<i>Botrytis fabae</i> (2 isolates / 2 izolaty)	
	F	Pr > F	F	Pr > F
Cultivar / Odmiana	6,963	0,000	2,634	0,036
Isolate / Izolat	1,223	0,309	0,183	0,670
Date / Termin	58,043	0,000	110,024	0,000
Cultivar × Isolate Odmiana × Izolat	1,177	0,314	6,116	0,000
Cultivar × Date Odmiana × Termin	1,817	0,123	0,711	0,710
Izolate × Date Izolat × Termin	0,089	0,966	0,492	0,615

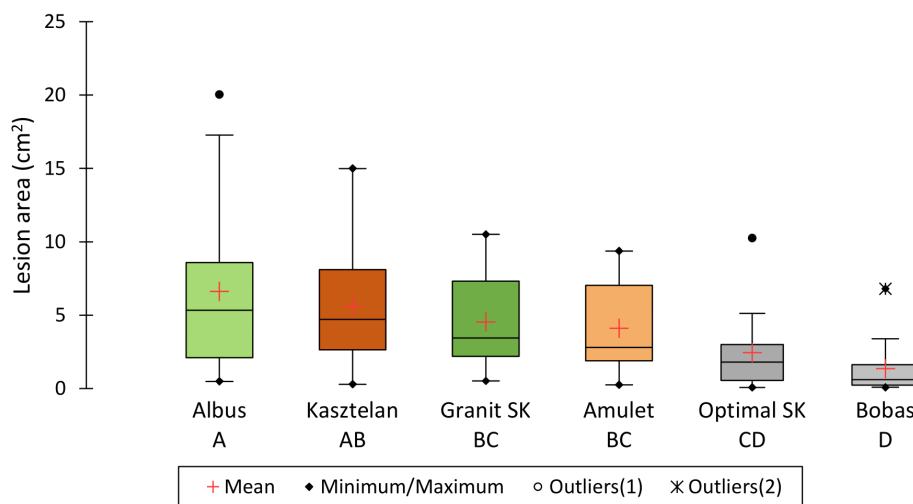


Fig. 4. Resistance of fabae bean cultivars to 4 isolates of *A. fabae* evaluated using detached leaves technique. Cultivars marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)
Rys. 4. Odporność odmian bobiku na porażenie 4 izolatami *A. fabae* określona z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Odmiany oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Optimal showed medium or low susceptibility to infection of detached leaves with *Ascochyta* blight. Meanwhile, under natural infection conditions in the field, they were most severely affected by *Ascochyta* blight (Boros et al. 2014; T. Góral, unpublished). Similar results were obtained by Zakrzewska (2004) comparing the resistance of traditional forms and determinate forms of faba bean after inoculation with *A. fabae* in several years of field experiments. The results may suggest that there is no direct influence of the gene determining the terminal inflorescence (*Vf_TFL1*) on the resistance of faba bean to *Ascochyta* blight (Avila et al., 2007). The increased susceptibility of determinate cultivars to *Ascochyta* blight in field conditions is somewhat due to the much shorter

stem length of these cultivars (about 30-40 cm according to COBORU data) (Jellis et al., 1985; Pritchard et al., 1989; Zakrzewska, 2004).

The isolates of *B. fabae* also varied (Table 1, Fig. 5). Two groups of isolates were distinguished according to the size of the necrotic lesions. The first included two isolates with high pathogenicity: BF 3, and BF 1. The second group had two isolates with significantly lower pathogenicity: BF 2 and BF 4. The differences between the isolates in both groups were not statistically significant.

The faba bean cultivars differed statistically significantly in terms of resistance to chocolate spot caused by the two isolates with the highest pathogenicity (Table 2, Fig. 6). The cultivars Optimal (SK) and Kasztelan showed the highest re-

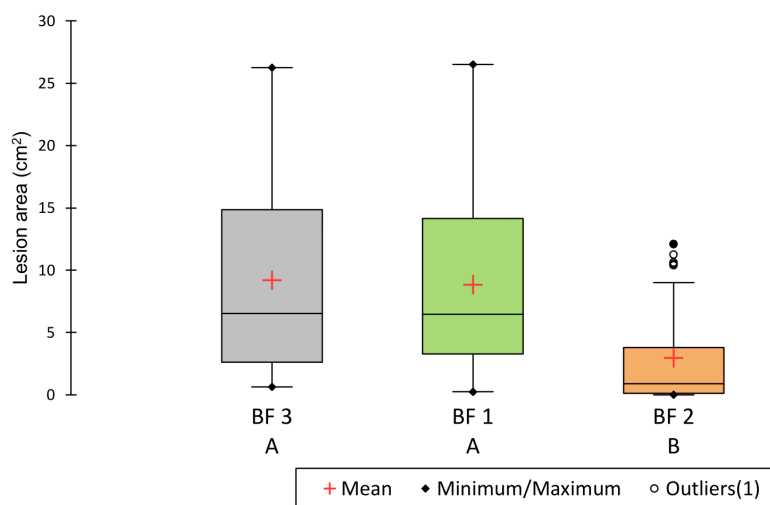


Fig. 5. Pathogenicity of isolates of *B. fabae* towards six faba bean cultivars evaluated using detached leaves technique. Isolates marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)
Rys. 5. Zróżnicowanie agresywności izolatów *B. fabae* wobec sześciu odmian bobiku określone z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Izolaty oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

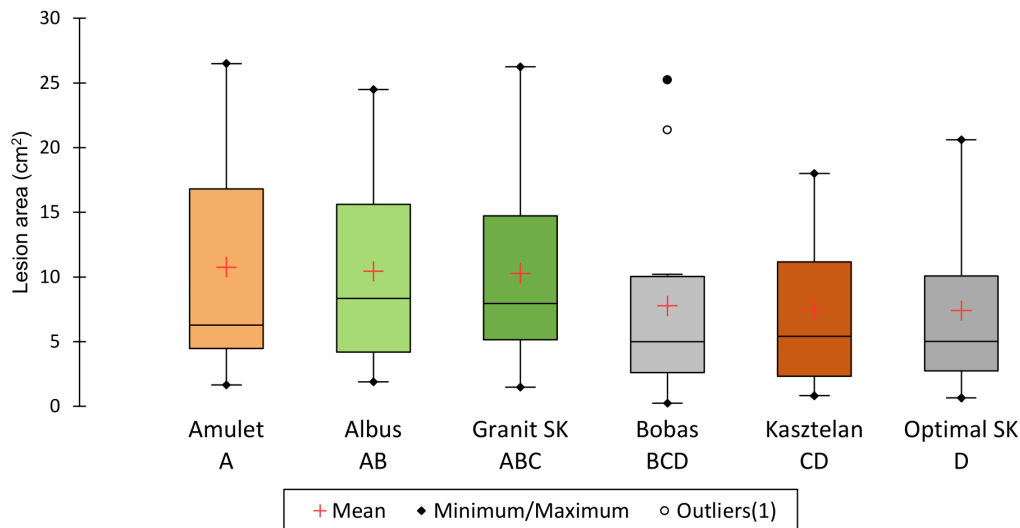


Fig. 6. Resistance of fabae bean cultivars to 2 isolates of *B. fabae* evaluated using detached leaves technique. Cultivars marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)

Rys. 6. Odporność odmian bobiku na porażenie 2 izolatami *B. fabae* określona z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Odmiany oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

sistance, the cultivars Amulet and Albus the lowest. However, the variation in cultivar resistance to chocolate spot was lower than that observed for *Ascochyta* blight (Table 2). This was also confirmed by several years of observations of the occurrence of chocolate spot in field conditions in Radzików (Boros et al. 2014; T. Góral, unpublished). In years with high severity of chocolate spot, most cultivars were affected similarly. Only determinate cultivars stood out, in which the severity of the disease (assessed as the degree of leaf infection on the entire plant) was greater. The results of published studies also show slight variation in the resistance of faba bean genotypes to chocolate spot (Sillero et al., 2010). The problem in resistance breeding is the lack of good sources of resistance to this disease. Most of the identified resistant genotypes come from the Andean regions of South America and are not adapted to European conditions (Bond et al., 1994; Maalouf et al., 2016).

Figure 7 shows the successive stages of measuring the area of necrotic lesions described in the Material and Methods chapter. The defined measurement process is only an example of using the ImageJ program. It can be modified with extensive software options, adapting them to your needs (Abd-El-Haliem, 2012; Mutka et al., 2015). Stewart et al. (2016) developed a macro for the ImageJ program to assess the severity of *Septoria* blight (caused by *Zymoseptoria tritici*) in wheat leaves. For each leaf, the macro enabled measurement of the total leaf area, total necrosis area, number of pycnidia, average size of pycnidia, and the pycnidia gray value. The latter feature indicates the intensity of melanin production by isolates of *Z. trit-*

ici, a compound that plays an essential role in the pathogen's virulence (Lendenmann et al., 2014). Elliott et al. (2022) compared image analysis methods using ImageJ and machine learning to assess cassava *Xanthomonas* infection. The authors found that both ways accurately distinguished and quantified the different types of lesions caused by *Xanthomonas* on cassava leaves. The ImageJ method was more helpful in analyzing smaller datasets because it required the user to create a mask for each image.

Obtaining precise measurements requires unifying the photos taken of leaves with disease symptoms. The methodology is described, for example, in the work of Bartosiak (2020) on the assessment of leaf infection of wheat seedlings inoculated with the *Parastagonospora nodorum* fungus. Bartosiak (2020) also proposes automating disease symptom assessment using Python language applications in his work. It is an application specially developed to evaluate leaf damage and makes the work faster and easier than the rather complicated ImageJ program. Similarly, Alheeti et al. (2021) indicated that the use of ImageJ to assess leaf infection by two fungal pathogens is more laborious than the Leaf Doctor application (free application for iPhone) (Pethybridge and Nelson, 2015). The development of plug-ins for ImageJ may be a solution to this problem. An example is an HTPheno plugin developed at the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) (<http://htpheno.ipk-gatersleben.de/>) (Hartmann et al., 2011). This plug-in can be used for automated image analysis in high-throughput plant phenotyping.

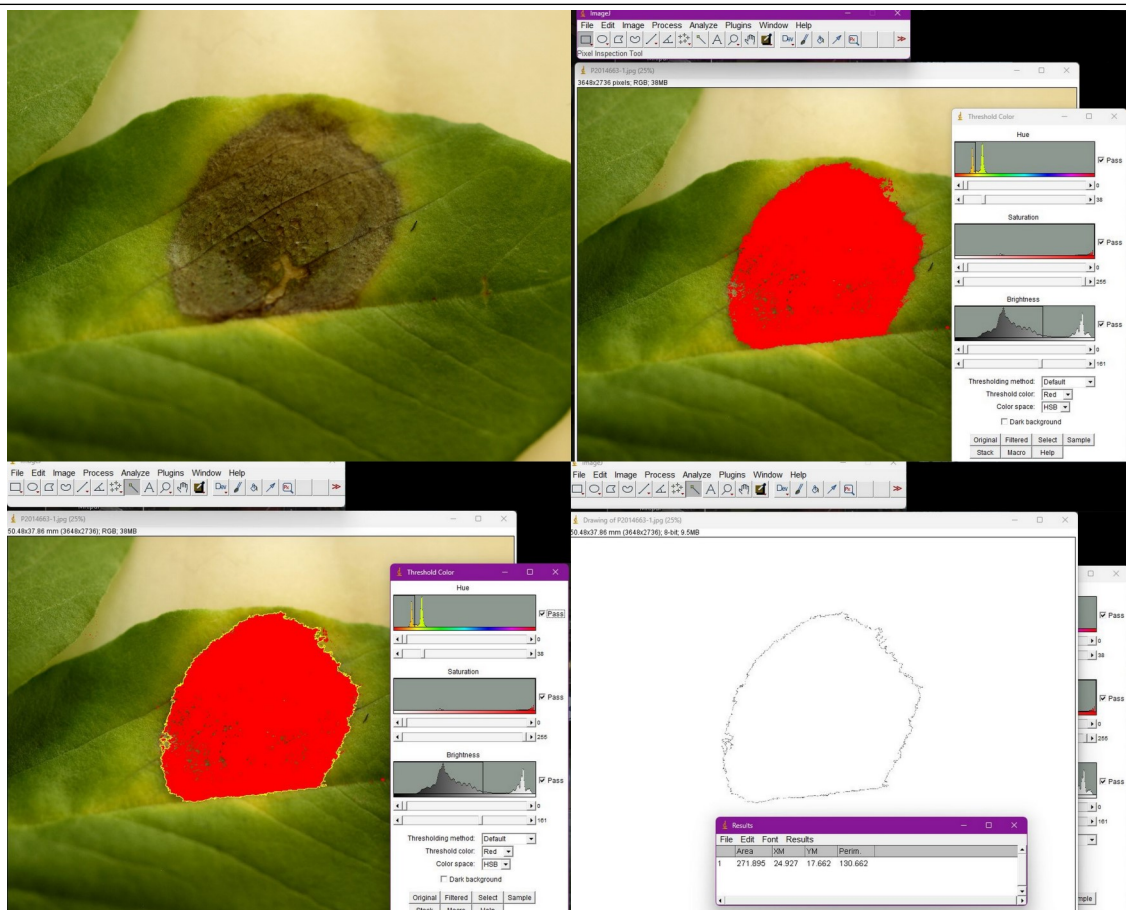


Fig. 7. Necrotic area measurement using ImageJ software. A. Necrotic lesion on faba bean leaf caused by *A. fabae*; B. Highlighting necrotic lesion; C. Outline of the highlighted area; D. Measuring the area of the lesion.
Rys. 7. Pomiar powierzchni plamy nekrotycznej przy użyciu programu ImageJ. A. Nekroza na liściu bobiku spowodowana przez grzyb *A. fabae*; B. Wyróżnianie obszaru plamy; C. Obrys wyróżnionego obszaru; D. Pomiar powierzchni plamy

Summary of results

- 1) The variation in the pathogenicity of *A. fabae* and *B. fabae* isolates towards the studied faba bean cultivars was statistically significant.
- 2) Faba bean cultivars showed statistically significant differences in resistance to Ascochyta blight (*A. fabae*) and chocolate spot (*B. fabae*).
- 3) The results of the analysis of variance showed that the variation in the resistance of the cultivars to the chocolate spot was lower than that of the resistance to Ascochyta blight.

- 4) The image analyses show the usefulness of the ImageJ software for assessing leaf infection by faba bean pathogens.

The research was carried out under the Multianual Programme "Creating Scientific Foundations for Biological Progress and Protection of Plant Genetic Resources as a Source of Innovation and Support for Sustainable Agriculture and Food Security of the Country" financed by the Ministry of Agriculture and Rural Development, implemented at IHAR-PIB in 2015-2020.

References

Abd-El-Haliem, A., 2012. An unbiased method for the quantitation of disease phenotypes using a custom-built macro plugin for the program ImageJ. In: Bolton, M., Thomma, B. (eds) *Plant Fungal Pathogens. Methods in Molecular Biology*, vol 835. Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-501-5_41

Alheeti, A.A.M., Farhan, M.A., Al-Saad, L.A., Theer, R.M., 2021. Evaluation of the performance of ImageJ, Leaf Doctor applications, and visual assessments in measuring severity of two leaf spot diseases. *IOP Conf. Ser. Earth Environ. Sci.* 761. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/761/1/012030>

Avila, C.M., Satovic, Z., Sillero, J.C., Rubiales, D., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2004. Isolate and organ-specific QTLs for ascochyta blight resistance in faba bean (*Vicia faba* L). *Theor. Appl. Genet.* 108, 1071–1078. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1514-7>

Avila, C.M., Atienza, S.G., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2007. Development of a new diagnostic marker for growth habit selection in faba bean (*Vicia faba* L.) breeding. *Theor. Appl. Genet.* 115, 1075–1082. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0633-y>

- Bartosiak, S., 2020. Automatyzacja oceny objawów chorobowych septorioz zbóż z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu w języku programowania Python. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 31–35. <https://doi.org/10.37317/BIUL-2020-0019>
- Blake, S.N., Lee, R.C., Russ, M.H., Farquharson, E.A., Rose, J.A., Herdina, Goonetilleke, S.N., Farfan-Caceres, L.M., Debler, J.W., Syme, R.A., Davidson, J.A., 2022. Phenotypic and Genotypic Diversity of *Ascochyta fabae* Populations in Southern Australia. *Front. Plant Sci.* 13, 2185. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.918211>
- Bond, D.A., Jellis, G.J., Rowland, G.G., Le Guen, J., Robertson, L.D., Khalil, S.A., Li-Juan, L., 1994. Present status and future strategy in breeding faba beans (*Vicia faba* L.) for resistance to biotic and abiotic stresses, w: Muehlbauer, F.J., Kaiser, W.J. (Red.), *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes*. Current Plant Science and Biotechnology in Agriculture, vol 19. Springer, Dordrecht, Dodrecht, ss. 592–616. https://doi.org/10.1007/978-94-011-0798-3_36
- Boros L., Góral T., Walentyn-Góral D., Wawer A., Borucka K. 2014. Śledzenie zmian patogeniczności w populacjach ważnych gospodarzo grzybów roślin strączkowych (*Mycosphaerella pinodes*, *Ascochyta fabae*, *Botrytis fabae*, *Fusarium* sp.) – sprawców zgorzelowej plamistości grochu i bobiku. (W:) *Ulepszanie Roślin dla Zrównoważonych AgroEkoSystemów, Wysokiej Jakości Żywności i Produkcji Roślinnej na Cele Nieżywnościowe*. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR. Red. Edward Arseniuk, Nr 48: 313-322. (całość 408 s.).
- Bouhassan, A., Sadiki, M., Tivoli, B., 2004. Evaluation of a collection of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes originating from the Maghreb for resistance to chocolate spot (*Botrytis fabae*) by assessment in the field and laboratory. *Euphytica* 135, 55–62. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000009540.98531.4d>
- Díaz-Ruiz, R., Satovic, Z., Ávila, C.M., Alfaro, C.M., Gutierrez, M. V., Torres, A.M., Román, B., 2009. Confirmation of QTLs controlling *Ascochyta fabae* resistance in different generations of faba bean (*Vicia faba* L.). *Crop Pasture Sci.* 60, 353–361. <https://doi.org/10.1071/CP08190>
- Elliott, K., Berry, J.C., Kim, H., Bart, R.S., 2022. A comparison of ImageJ and machine learning based image analysis methods to measure cassava bacterial blight disease severity. *Plant Methods* 18, 1–12. <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00906-x>
- Fouad, M., Mohammed, N., Aladdin, H., Ahmed, A., Xuxiao, Z., Shiyang, B., Tao, Y., 2013. Faba Bean, w: Singh, M., Upadhyaya, H.D., Bisht, I.S. (Red.), *Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement*. Elsevier, London, ss. 113–136. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-397935-3.00005-0>
- Gela, T.S., Bruce, M., Chang, W., Stoddard, F.L., Schulman, A.H., Vandenberg, A., Khazaei, H., 2022. Genomic regions associated with chocolate spot (*Botrytis fabae* Sard.) resistance in faba bean (*Vicia faba* L.). *Mol. Breed.* 42, 1–10. <https://doi.org/10.1007/S11032-022-01307-7/FIGURES/3>
- Góral T, Walentyn-Góral D. 2012. Using detached leaf technique for assessment of pathogenicity of *Ascochyta fabae* Speg. isolates to faba bean (*Vicia faba* L.). *Proceedings Book of the IIIrd International Ascochyta Workshop*, 22–26 April. Cordoba, Spain, p. 84.
- Grela, E.R., Czech, A., 2019. Pasze alternatywne w odniesieniu do soi genetycznie modyfikowanej w żywieniu zwierząt. *Wiadomości Zootech.* 2, 66–77.
- Hanounik, S.B., Robertson, L.D., 1989. Resistance in *Vicia faba* germ plasm to blight caused by *Ascochyta fabae*. *Plant Dis.* 73, 202. <https://doi.org/10.1094/PD-73-0202>
- Hartmann, A., Czauderna, T., Hoffmann, R., Stein, N., Schreiber, F., 2011. HTPPheno: An image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping. *BMC Bioinformatics* 12. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-148>
- Herath, I.H.M.H.B., Stoddard, F.L., Marshall, D.R., 2001. Evaluating faba beans for rust resistance using detached leaves. *Euphytica* 117, 47–57. <https://doi.org/10.1023/A:1004071916288>
- Jellis, G.J., Lockwood, G., Aubury, R.G., 1985. Phenotypic influences on the incidence of infection by *Ascochyta fabae* in spring varieties of faba beans (*Vicia faba*). *Plant Pathol.* 34, 347–352. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1985.tb01371.x>
- Kaiser, W.J., Wang, B.C., Rogers, J.D., 2007. *Ascochyta fabae* and *A. lentis*: Host Specificity, Teleomorphs (*Didymella*), Hybrid Analysis, and Taxonomic Status. *Plant Dis.* 81, 809–816. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.7.809>
- Kaur, S., Kimber, R.B.E., Cogan, N.O.I., Materne, M., Forster, J.W., Paull, J.G., 2014. SNP discovery and high-density genetic mapping in faba bean (*Vicia faba* L.) permits identification of QTLs for ascochyta blight resistance. *Plant Sci.* 217–218, 47–55. <https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2013.11.014>
- Kharrat, M., Le Guen, J., Tivoli, B., 2006. Genetics of resistance to 3 isolates of *Ascochyta fabae* on Faba bean (*Vicia faba* L.) in controlled conditions. *Euphytica* 151, 49–61. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9127-2>
- Kohpina, S., Knight, R., Stoddard, F.L., 2000a. Genetics of resistance to ascochyta blight in two populations of faba bean. *Euphytica* 112, 101–107. <https://doi.org/10.1023/A:1003853126862>
- Kohpina, S., Knight, R., Stoddard, F.L., 2000b. Evaluating faba beans for resistance to ascochyta blight using detached organs. *Aust. J. Exp. Agric.* 40, 707–713. <https://doi.org/10.1071/EA99168>
- Lendenmann, M.H., Croll, D., Stewart, E.L., McDonald, B.A., 2014. Quantitative trait locus mapping of melanization in the plant pathogenic fungus *Zymoseptoria tritici*. *G3 Genes, Genomes, Genet.* 4, 2519–2533. <https://doi.org/10.1534/g3.114.015289>
- Maalouf, F., Ahmed, S., Shaaban, K., Bassam, B., Nawar, F., Singh, M., Amri, A., 2016. New faba bean germplasm with multiple resistances to *Ascochyta* blight, chocolate spot and rust diseases. *Euphytica* 211, 157–167. <https://doi.org/10.1007/S10681-016-1726-Y/TABLES/6>
- Mutka, A.M., Bart, R.S., Avni, A., Tör, M., Danforth, D., 2015. Image-based phenotyping of plant disease symptoms. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00734>
- Ondřej, M., Huňady, I., 2007. Faba bean (*Vicia faba* L.) breeding for resistance to anthracnose (*Ascochyta fabae* Speg.) in the Czech Republic. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 43, 61–68.
- Ozkilinc, H., Thomas, K., Abang, M., Peever, T.L., 2015. Population structure and reproductive mode of *Didymella fabae* in Syria. *Plant Pathol.* 64, 1110–1119. <https://doi.org/10.1111/ppa.12359>
- Panek J. 2022. Co uprawia się w Polsce? Struktura zasiewów 2022. <https://terazpole.pl/wokol-pola/co-uprawia-sie-w-polsce-struktura-zasiewow-2022/>
- Pethybridge, S.J., Nelson, S.C., 2015. Leaf doctor: A new portable application for quantifying plant disease severity. *Plant Dis.* 99, 1310–1316. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-15-0319-RE>
- Pritchard, P.R., Rowe, P.S., Rossall, S., 1989. A comparison of infection of resistant and susceptible lines of field bean (*Vicia faba*) by *Ascochyta fabae*. *Plant Pathol.* 38, 266–270. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1989.tb02142.x>

- Román, B., Satovic, Z., Avila, C.M., Rubiales, D., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2003. Locating genes associated with *Ascochyta fabae* resistance in *Vicia faba*. *Aust. J. Agric. Res.* 54, 85–90. <https://doi.org/10.1071/AR02034>
- Rubiales, D., Trapero-Casas, A., 2002. Occurrence of *Didymella fabae*, the Teleomorph of *Ascochyta fabae*, on Faba Bean Straw in Spain. *J. Phytopathol.* 150, 1–3.
- Schneider, C. A., Rasband, W. S., Eliceiri, K. W., 2012. NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods* 9(7), 671–675. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2089>
- Sillero, J.C., Villegas-Fernández, A.M., Thomas, J., Rojas-Molina, M.M., Emeran, A. A., Fernández-Aparicio, M., Rubiales, D., 2010. Faba bean breeding for disease resistance. *F. Crop. Res.* 115, 297–307. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2009.09.012>
- Stewart, E.L., Hagerty, C.H., Mikaberidze, A., Mundt, C.C., Zhong, Z., McDonald, B.A., 2016. An improved method for measuring quantitative resistance to the wheat pathogen *Zymoseptoria tritici* using high-throughput automated image analysis. *Phytopathology* 106, 782–788. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-16-0018-R>
- Tivoli, B., Baranger, A., Avila, C.M., Banniza, S., Barbeti, M., Chen, W., Davidson, J., Lindeck, K., Kharrat, M., Rubiales, D., Sadiki, M., Sillero, J.C., Sweetingham, M., Muehlbauer, F.J., 2006. Screening techniques and sources of resistance to foliar diseases caused by major necrotrophic fungi in grain legumes. *Euphytica* 147, 223–253. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-3131-4>
- Villegas-Fernández, A. M., Sillero, J.C., Rubiales, D., 2011. Screening faba bean for chocolate spot resistance: evaluation methods and effects of age of host tissue and temperature. *Eur. J. Plant Pathol.* 132, 443–453. <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9889-9>
- Walentyn-Góral D., Góral T. 2011. Ocena patogeniczności izolatów *Ascochyta fabae* Speg. wobec bobiku (*Vicia faba* L.) metodą odciętych liści [Evaluation of pathogenicity of *Ascochyta fabae* Speg. isolates to faba bean (*Vicia faba* L.) using detached-leaf technique]. *Materiały Sympozjum Naukowego "Fitopatologia: zdrowe rośliny – zdrowi ludzie"*, Bydgoszcz, 20-22 września 2011, str. 416-417.
- Zaki, K.I., 2010. Evaluation of Some Faba Bean Genotypes for Resistance to chocolate spot. *Egypt. J. Phytopathology* 38, 25–43.
- Zakrzewska, E., 2004. Reaction of morphological types of faba bean to infection with *Ascochyta fabae* Speg. and *Botrytis fabae* Sard. *Plant Breed. Seed Sci.* 49, 3–17.
- Zakrzewska, E., 1988. Variability in the resistance of *Vicia faba* L. to *Ascochyta fabae* Speg. *Hod. Roślin, Aklim. i Nasienn.* 32, 311–317.

Zastosowanie metody odciętych liści do oceny patogeniczności izolatów grzybów *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae* wobec bobiku

Application of the detached-leaf technique to evaluate the pathogenicity of isolates of fungi *Ascochyta fabae* and *Botrytis fabae* to faba bean

Tomasz Góral 

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

✉ t.goral@ihar.edu.pl

Do najważniejszych chorób bobiku należą askochytoza powodowana przez grzyb *Ascochyta fabae* oraz czekoladowa plamistość powodowana przez grzyb *Botrytis fabae*. Przebadano patogeniczność izolatów *A. fabae* i *B. fabae* wobec sześciu odmian bobiku. Zastosowano technikę odciętych liści. Liście inokulowano zarodnikami pycnidialnymi i konidialnymi badanych patogenów. Po inkubacji określano rozmiary plam nekrotycznych wytwarzanych przez patogeny. Stwierdzono istotne zróżnicowanie patogeniczności izolatów obu grzybów. Odmiany wykazały zróżnicowaną odporność na askochytozę i czekoladową plamistość. Zróżnicowanie odporności odmian na czekoladową plamistość było mniejsze niż odporności na askochytozę. Opisano możliwość wykorzystania programu do analizy obrazu ImageJ do pomiaru powierzchni plam nekrotycznych.

Słowa kluczowe: analiza obrazu, askochytoza, czekoladowa plamistość, odporność, *Vicia faba*

The most important diseases of the faba bean include Ascochyta blight caused by the fungus *Ascochyta fabae* and chocolate spot caused by the fungus *Botrytis fabae*. The pathogenicity of isolates of *A. fabae* and *B. fabae* was investigated against six cultivars of faba bean. The technique of detached leaves was used. The leaves were inoculated with pycnidial and conidial spores of the pathogens tested. After incubation, the sizes of the necrotic spots produced by the pathogens were determined. Significant variation in the pathogenicity of isolates of both fungi was found. The varieties showed differential resistance to Ascochyta blight and chocolate spot. The variation in resistance of cultivars to chocolate spot was lower than resistance to Ascochyta blight. The possibility of using the ImageJ image analysis software to measure the surface of necrotic lesions was described.

Keywords: Ascochyta blight, chocolate spot, image analysis, resistance, *Vicia faba*

Wstęp

Bobik (*Vicia faba* L. ssp. *minor*) należy do bobowatych grubonasiennych (Fouad i in., 2013). Uprawiany jest na nasiona, które mają wysoką zawartość białka (25-30%) i mogą stanowić surowiec do produkcji białkowych pasz dla zwierząt (Grela i Czech, 2019). Dodatkową zaletą uprawy bobiku jest poprawa struktury gleby poprzez jej rozluźnianie oraz wzbogacanie w substancję organiczną. Dzięki uprawie bobiku gleba wzbogacana jest w azot asymilowany przez bakterie brodawkowate. Ma to szczególne znaczenie w uprawie ekologicznej, w której nie stosuje się sztucznych nawozów azotowych.

Powierzchnia uprawy bobiku w Polsce wynosiła ok. 35 tys. hektarów w roku 2022 (Panek 2022). W ostatnich 10 latach wzrosła prawie 4-krotnie. Powierzchnia ta jest niższa niż powierzchnia uprawy łubinów, grochu siewnego i soi. Wynika to przede wszystkim z wysokich wymagań bobiku co do warunków glebowych oraz dużych potrzeb wodnych w okresie od two-

żenia pąków do wykształcania strąków. Bobik jest również silnie porażany przez szkodniki (mszyce, oprzędziki, strąkowiec bobowy) i patogeny wywołujące choroby grzybowe. Największe znaczenie w uprawach bobiku mają askochytoza powodowana przez grzyb *Ascochyta fabae* Speg. (teleomorfa *Didymella fabae* Jellis & Punith) oraz czekoladowa plamistość powodowana przez grzyb *Botrytis fabae* Sard. (Díaz-Ruiz i in., 2009; Kaur i in., 2014; Zakrzewska, 2004, 1988). Askochytoza jest powszechną chorobą w uprawach bobiku powodując straty plonu do 90% u wrażliwych odmian, gdy warunki środowiskowe sprzyjają rozwojowi choroby (Hanounik i Robertson, 1989). Grzyb infekuje wszystkie nadziemne części roślin, w tym nasiona (Sillero i in., 2010).

Odporność bobiku na askochytozę (*A. fabae*) jest cechą złożoną. Jest on kontrolowana zarówno przez pojedyncze geny główne, jak i poligenicznie (Avila i in., 2004; Kohpina i in., 2000a; Ondřej i Huňady, 2007; Román i in., 2003; Sillero i in., 2010). Zidentyfikowano również geny związane z odpornością zarówno liści, jaki i łodyg, a także

grupy genów determinujące odporność jedynie liści lub łodyg (Kharrat i in., 2006). Dodatkowo stwierdzono obecność QTL odporności efektywnych przeciwko różnym izolatom *A. fabae*, ale także QTL efektywne tylko wobec pojedynczych izolatów (Avila i in., 2004). Wskazuje to na potrzebę stosowania szerokiego spektrum izolatów *A. fabae* do testowania odporności bobiku. W związku z powyższym niektórzy badacze sugerują istnienie ras patogenu, jednakże nie jest to w pełni udokumentowane (Díaz-Ruiz i in., 2009; Tivoli i in., 2006). W populacji *A. fabae* identyfikuje się raczej grupy patogeniczności w zależności od nasilenia objawów choroby powodowanej przez izolaty na zestawie odmian o zróżnicowanej odporności (Blake i in., 2022). Rozmnażanie płciowe pozwala na powstanie nowych kombinacji wirulencji, co wiąże się z możliwością reakcji patogenu na selekcję wywieraną przez wprowadzenie genów oporności gospodarza (Ozkilinc i in., 2015; Rubiales i Trapero-Casas, 2002).

W przypadku *B. fabae* wywołującego czekoladową plamistość nie obserwuje się tego poziomu specjalizacji. Stopień odporności bobiku na tę chorobę jest niski i zidentyfikowano jedynie nieliczne źródła odporności (Gela i in., 2022; Sillero i in., 2010).

Badanie odporności bobiku na askochytozę i czekoladową plamistość jest pracochłonne i wymaga stworzenia odpowiednich warunków prowokacyjnych dla rozwoju tych chorób (Zakrzewska, 2004, 1988). Przyspieszenie procesu selekcji genotypów odpornych można uzyskać wykorzystując technikę odciętych liści (Herath i in., 2001; Kohpina i in., 2000b; Tivoli i in., 2006). W przypadku askochytozy bobiku należy brać pod uwagę, że reakcja liści i łodyg na infekcję grzybem *A. fabae* może być różna (Avila i in., 2004). W związku z tym Kohpina i in., (2000b) proponują używanie również fragmentów łodyg w celu uzyskania bardziej wiarygodnych wyników pokazujących odporność genotypów bobiku na askochytozę. Ze złożoności reakcji bobiku na askochytozę wynika, że korelacja wyników uzyskanych w warunkach laboratoryjnych i polowych nie zawsze jest wysoka. Wpływa na to wspomniana powyżej różna odporność liści oraz łodyg na infekcję *A. fabae*, ale także fakt, że grzyb poraża również strąki (Zakrzewska, 2004). Na rozwój choroby w warunkach polowych wpływ ma również długość łodygi oraz typ kwiatostanu (Jellis i in., 1985; Pritchard i in., 1989; Zakrzewska, 2004). W przypadku czekoladowej plamistości uzyskiwano zadowalającą zgodność wyników testów na odciętych liściach i testów w warunkach polowych (Zaki, 2010). Zgodność ta była najmniejsza dla genotypów o średniej odporności na tę chorobę (Bouhassan i in., 2004; Tivoli i in., 2006; Villegas-Fernández i in., 2011).

Celem pracy było przebadanie patogeniczności izolatów *A. fabae* i *B. fabae* oraz odporności odmian bobiku na choroby powodowane przez te patogeny z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Testowano również możliwość wykorzystania oprogramowania do analizy obrazu do precyzyjnej i zautomatyzowanej oceny nasilenia powyższych chorób na odciętych liściach bobiku.

Material i metody

Przeprowadzono ocenę patogeniczności izolatów grzybów *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae* wobec odmian bobiku. Do badań zastosowano sześć odmian bobiku: Bobas – odmiana tradycyjna, wysokotaninowa; Albus, Amulet, Kasztelan – odmiany tradycyjne, niskotaninowe; Granit, Optimal – odmiany samokończące, wysokotaninowe. Nasiona bobiku uzyskano z firm hodowlanych (Albus, Amulet, Granit, Kasztelan – Hodowla Roślin Strzelce; Bobas, Optimal – DANKO Hodowla Roślin).

Izolaty *A. fabae* i *B. fabae* zostały uzyskane z liści wykazujących objawy askochytozy i czekoladowej plamistości oraz z nasion z objawami porażenia (Tabela 1). Izolaty przechowywane są w kolekcji Zakładu Biologii Stosowanej IHAR-PIB.

W celu uzyskania zarodników grzyby *A. fabae* i *B. fabae* hodowane były na pożywce z PDA (agar glukozowo-ziemniaczany) (Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Niemcy) z dodatkiem mączki z nasion bobiku (Zakrzewska, 2004). Szalki nasświetlane były światłem UV (black light, 360 nm) w cyklu 12/12h w celu stymulacji zarodnikowania (Rys. 1). Powierzchnię szalek, na których obserwowano zarodnikowanie grzybów, zmywano wodą destylowaną. Powstałą zawiesinę filtrowano przez gazę w celu usunięcia fragmentów grzybni. Stężenie zawiesiny ploidiospor *A. fabae* ustalono na 100 000 zarodników w 1 mililitrze, natomiast konidiospor *B. fabae* na 500 000 zarodników w 1 mililitrze. Pomiar stężenia zarodników wykonano za pomocą komory hematologicznej Thoma (Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Niemcy). Dla wszystkich badanych izolatów obu gatunków ustalono takie same stężenia zarodników.

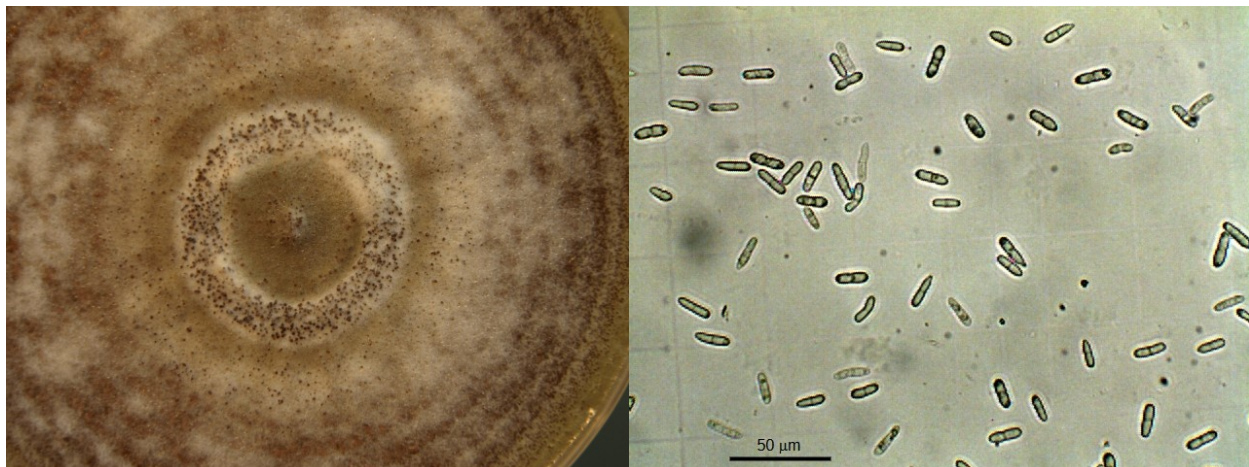
Do oceny patogeniczności izolatów i odporności odmian zastosowano metodę odciętych liści (Walentyn-Góral i Góral, 2011; Góral i Walentyn-Góral, 2012). Wysterylizowane liście bobiku umieszczano na kwadratowych szalkach Petriego o wymiarze 12,5 × 12,5 cm (Bionovo, Legnica, Polska). Pożywkę stanowił agar wodny (Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Niemcy) z dodatkiem 100 mg benzimidazolu (Merck Life Science Sp. z o.o., Poznań, Polska) na litr. Każdy z listków inokulowano kroplą (50 ml) zawiesiny zarodników *A. fabae* lub *B. fabae*. Kroplę umieszczano na środku listka w miejscu nakłutym igłą. Na każdym

Tabela 1
Table 1Lista izolatów *Ascochyta fabae* i *Botrytis fabae*
List of isolates of *Ascochyta fabae* and *Botrytis fabae*

Gatunek Species	Izolat Isolate	Źródło Source	Odmiana Cultivar	Rok izolacji Isolation year
<i>A. fabae</i>	AF 5-1	nasiona / seeds	Titus	*
<i>A. fabae</i>	AF 5-2	nasiona / seeds	Titus	*
<i>A. fabae</i>	AF 6-1	nasiona / seeds	Amulet	2009
<i>A. fabae</i>	AF 6-2	nasiona / seeds	Amulet	2009
<i>A. fabae</i>	AF 7-1	liście / leaves	Kasztelan	2012
<i>A. fabae</i>	AF 7-3	liście / leaves	Granit	2012
<i>A. fabae</i>	AF 8-1	liście / leaves	Bobas	2013
<i>A. fabae</i>	AF 8-2	liście / leaves	Amulet	2013
<i>A. fabae</i>	AF 15-1	nasiona / seeds	Albus	2017
<i>A. fabae</i>	AF 15-4	nasiona / seeds	Granit	2017
<i>B. fabae</i>	BF 1	liście / leaves	Optimal	2017
<i>B. fabae</i>	BF 2	liście / leaves	Optimal	2017
<i>B. fabae</i>	BF 3	liście / leaves	Granit	2017
<i>B. fabae</i>	BF 4	liście / leaves	Granit	2017

* – nasiona przechowywane w zamrażarce, zebrane w roku 2004

* – seed stored in refrigerator, collected in 2004

Rys. 1. Izolat *Ascochyta fabae* rosnący na pożywce PDA z mączką z nasion bobiku (z lewej); pycnidiospory *A. fabae* (z prawej)Fig. 1. Isolate of *Ascochyta fabae* growing on a PDA medium with faba bean seed meal (left); pycnidiospores of *A. fabae* (right)

liściu inokulowano 4-5 listków. Szalki z liśćmi inkubowane były w komorze hodowlanej (Sanyo Electric, Moriguchi, Japonia) w temperaturze 20°C. Długość dnia wynosiła 12h. Po pojawieniu się objawów wykonano pomiary wielkości plam nekrotycznych w 5 terminach (7, 10, 14, 16, 21 dni po inokulacji). Wyliczono średnią powierzchnię plamy dla każdego liścia. W terminie 21 dpi wykonano zdjęcia porażonych liści. Dla każdego z patogenów przeprowadzono dwa doświadczenia infekcyjne w dwóch powtórzeniach.

Analiza statystyczna została wykonana za pomocą pakietu XLSTAT Life Science (Version 2021.3.1.1177, Lumivero, Denver, CO, USA).

Przeprowadzono analizę wariancji dla średniej powierzchni plam nekrotycznych powodowanych przez *A. fabae* i *B. fabae* (procedura XLSTAT: ANOVA). Czynniki stanowiły: izolat, odmiana oraz termin pomiaru. Średnie dla odmian i izolatów porównywano testem wielokrotnych porównań NIR Fishera.

Na wybranych zdjęciach dokonano pomiaru powierzchni plam za pomocą programu do analizy obrazu ImageJ (<https://imagej.net>) (National Institutes of Health, Bethesda, MD, Stany Zjednoczone. oraz the Laboratory for Optical and Computational Instrumentation, University of Wisconsin, Madison, WI, Stany Zjednoczone) (Scheider i in.,

2012). Celem tych pracy było sprawdzenie możliwości wykorzystania analizy obrazu do oceny wielkości plam nekrotycznych na liściach bobiku.

Po otwarciu obrazu liścia (format TIFF, GIF, JPEG, BMP i inne) przeprowadzono wstępne korekty obrazu (np. *Image > Adjust > Brightness/Contrast*, *Image > Adjust > Color Balance*). Następnie określono skalę pomiarową obrazu w celu uzyskania rzeczywistej powierzchni mierzonej plamy nekrotycznej (*Analyze > Set Scale*). Zaznaczono plamę nekrotyczną, której powierzchnię mierzono za pomocą polecenia *Image > Adjust > Color Threshold*. Wyróżniony obszar obrysowano używając polecenia *Wand Tool* (ikona na pasku ikon programu ImageJ). Opcje *Wand Tool* można modyfikować poleceniem *Edit > Options > Wand Tool*. Powierzchnię zaznaczonego obszaru obliczono używając polecenia *Analyze > Analyze Particles*. Cały proces można zautomatyzować nagrywając makro obejmujące powyższe polecenia (*Plugins > Macros > Record*).

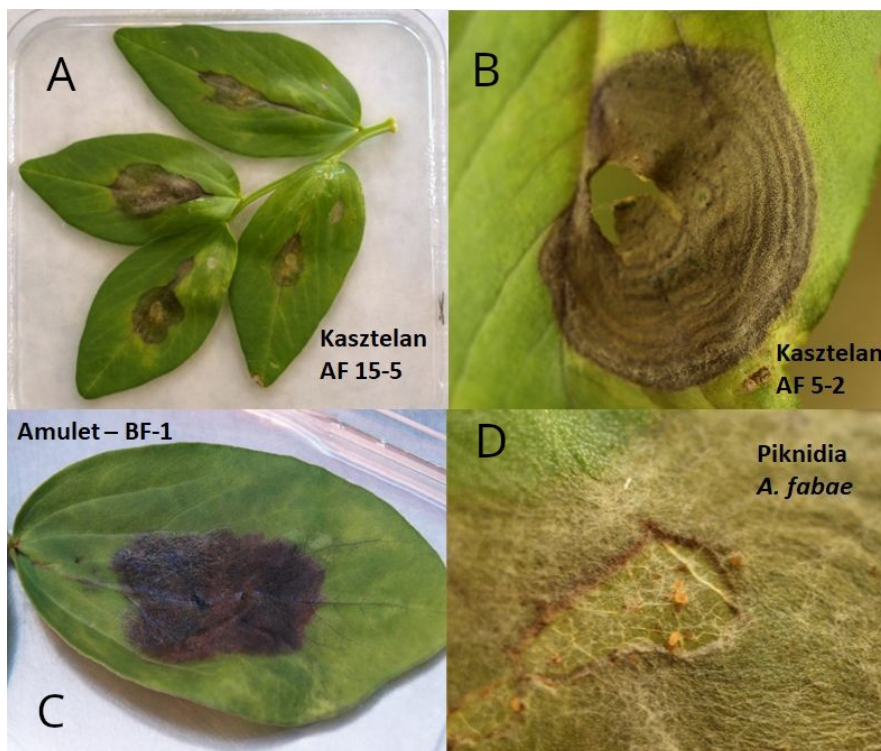
Wyniki i Dyskusja

Wszystkie badane izolaty *A. fabae*, *B. fabae* wykazały patogeniczność wobec badanych odmian bobiku. Objawy w postaci nekroz pojawiały się około 7 dni po inokulacji. Następnie nekrozy powiększały się, w niektórych przypadkach obejmując całą powierzchnię pojedynczego listka

(Rys. 2). Powierzchnia nekroz wywarzanych przez *B. fabae* była przeciętnie 3-krotnie większa niż powodowanych przez *A. fabae*. Na plamach nekrotycznych powstałych na liściach inokulowanych *A. fabae* tworzyły się piknidia, uwalniające zarodniki piknidialne (rys. 2D).

Patogeniczność izolatów *A. fabae* była zróżnicowana (Tab. 2, Rys. 3). Na podstawie wielkości plam nekrotycznych wyróżnione zostały dwie grupy izolatów. Pierwsza obejmowała 4 izolaty o wysokiej patogeniczności: 15-4, 15-1, 7-3, 8-2. Najwyższą patogeniczność wykazały izolaty 15-4 i 15-1 uzyskane w roku 2015 z porażonych nasion bobiku z doświadczenia polowego w Radzikowie. Izolaty 7-3 i 8-2 uzyskano z porażonych liści zebranych w latach 2012 i 2013. Druga grupa obejmowała 6 izolatów o istotnie niższej patogeniczności, Różnice między nimi nie były istotne statystycznie. Izolaty *A. fabae* cechują się dużym zróżnicowaniem agresywności wobec bobiku (Blake i in., 2022). Wiąże się to z faktem, że *A. fabae* jest gatunkiem heterotalicznym i do wytworzenia się pseudotecjów i zarodników workowych wymagana jest obecność dwóch typów kojarzeniowych MAT-1 i MAT-2 (Kaiser i in., 2007).

Odmiany bobiku wykorzystane do badań na odciętych liściach różniły się istotnie statystycznie



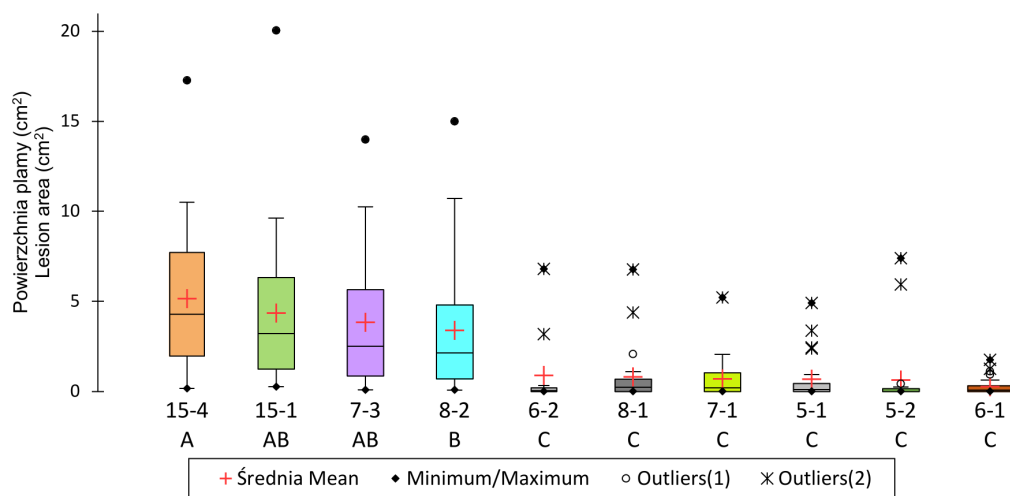
Rys. 2. A. Plamy nekrotyczne na liściu bobiku (odmiana Kasztelan) powstałe na skutek inokulacji punktowej zarodnikami grzyba *A. fabae*, izolat AF 15-5; B. Plama nekrotyczna na liściu bobiku odmiany Kasztelan z tworzącymi się piknidiami grzyba *A. fabae*, izolat AF 5-2; C. Plama nekrotyczna na liściu bobiku (odmiana Amulet) powstała na skutek inokulacji punktowej zarodnikami grzyba *B. fabae*, izolat BF-1; D. Piknidia grzyba *A. fabae* na liściu bobiku uwalniające piknidiospory.

Fig. 2. A. Necrotic lesions on faba bean leaves (cultivar Kasztelan) caused by *A. fabae* isolate AF15-5 after point inoculation with pycnidiospores; B. Necrotic lesion on faba bean cultivar Kasztelan with forming pycnidia of *A. fabae*, isolate AF5-2; C. Necrotic lesion on faba bean leaves (cultivar Amulet) caused by *B. fabae* after point inoculation with conidiospores; D. Pycnidia of *A. fabae* on a faba bean leaves releasing pycnidiospores.

Tabela 2
Table 2

Analiza wariancji powierzchni plam nekrotycznych wytwarzanych przez izolaty *A. fabae* i *B. fabae* na sześciu odmianach bobiku
Analysis of variance of area of necrotic lesions produced by *A. fabae* and *B. fabae* isolates on six cultivars of faba bean

Źródło zmienności Source of variation	<i>Ascochyta fabae</i> (10 izolatów / 10 isolates)		<i>Botrytis fabae</i> (4 izolaty / 4 isolates)	
	F	Pr > F	F	Pr > F
Odmiana / Cultivar	10,037	0,000	3,570	0,005
Izolat / Isolate	19,557	0,000	55,716	0,000
Termin / Date	62,114	0,000	153,423	0,000
Odmiana × Izolat Cultivar × isolate	1,971	0,001	3,723	0,000
Odmiana × date Cultivar × experiment	2,137	0,064	0,857	0,576
Izolat × date Isolate × experiment	6,801	0,000	10,649	0,000



Rys. 3. Zróżnicowanie agresywności izolatów *A. fabae* wobec sześciu odmian bobiku określone z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Izolaty oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Fig. 3. Pathogenicity of isolates of *A. fabae* towards six faba bean cultivars evaluated using detached leaves technique. Isolates marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)

pod względem odporności na askochytozę powodowaną przez 4 izolaty o najwyższej patogeniczności (Tab. 3, Rys. 4). Najwyższą odporność wykazała odmiana Bobas. Z tym że nie różniła się ona istotnie od odmiany Optimal (SK).

Najbardziej podatna była odmiana Albus. Odmiany Kasztelan, Granit (SK) i Amulet były mniej podatne i nie różniły się istotnie. Odmiany samokończące bobiku Granit i Optimal wykazały średnią lub niską podatność na porażenie odciętych liści askochytozą. Tymczasem w warunkach naturalnej infekcji w polu były one najsilniej porażane askochytozą bobiku (Boros i in. 2014; T. Góral niepublikowane). Podobne wyniki uzyskała Zakrzewska (2004) porównując odporność form tradycyjnych i samokończących form bobiku po inokulacji *A. fabae* w kilkuletnich doświadczeniach polowych. Otrzymane wyniki mogą sugerować, że nie ma bezpośredniego wpływu genu determinującego kwiatostan szczytowy (*Vf_TFL1*) na odpor-

ność bobiku na askochytozę (Avila i in., 2007). Zwiększona podatność odmian samokończących na askochytozę w warunkach polowych wynika raczej ze znacznie mniejszej długości łodygi tych odmian (około 30-40 cm wg danych COBORU) (Jellis i in., 1985; Pritchard i in., 1989; Zakrzewska, 2004).

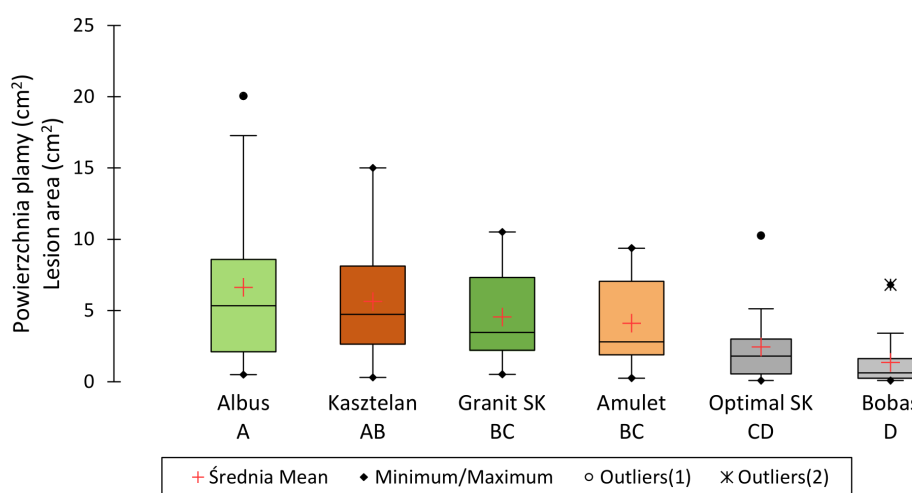
Patogeniczność izolatów *B. fabae* była również zróżnicowana (Tab. 1, Rys. 5). Na podstawie wielkości plam nekrotycznych wyróżnione zostały dwie grupy izolatów. Pierwsza obejmowała 2 izolaty o wysokiej patogeniczności: BF 3, BF 1. Druga grupa obejmowała 2 izolaty o istotnie niższej patogeniczności: BF 2 i BF 4. Różnice między izolatami w obu grupach nie były istotne statystycznie.

Odmiany bobiku różniły się istotnie statystycznie pod względem odporności na czekoladową plamistość powodowaną przez dwa izolaty o najwyższej patogeniczności (Tab. 2, Rys. 6).

Tabela 3
Table 3

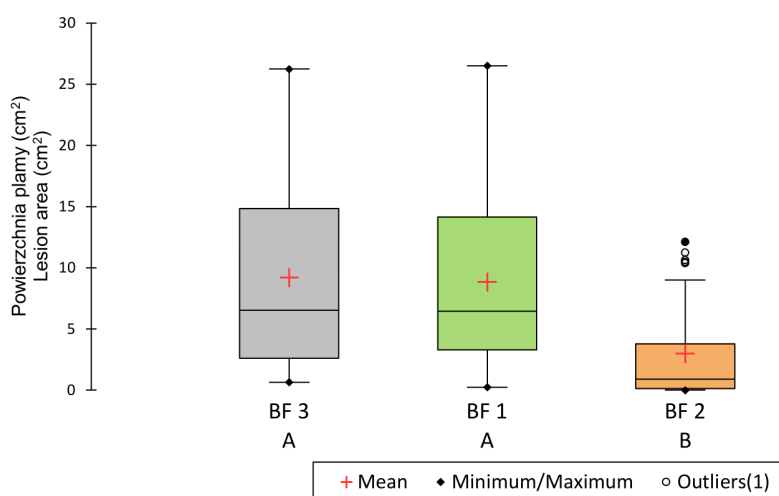
Analiza wariancji powierzchni plam nekrotycznych wytwarzanych przez izolaty *A. fabae* i *B. fabae* na sześciu odmianach bobiku
Analysis of variance of area of necrotic lesions produced by *A. fabae* and *B. fabae* isolates on six cultivars of faba bean

Źródło zmienności Source of variation	<i>Ascochyta fabae</i> (4 izolatów / 4 isolates)		<i>Botrytis fabae</i> (2 izolaty / 2 isolates)	
	F	Pr > F	F	Pr > F
Odmiana / Cultivar	6,963	0,000	2,634	0,036
Izolat / Isolate	1,223	0,309	0,183	0,670
Termin / Date	58,043	0,000	110,024	0,000
Odmiana × Izolat Cultivar × Isolate	1,177	0,314	6,116	0,000
Odmiana × Termin Cultivar × Date	1,817	0,123	0,711	0,710
Izolat × Termin Isolate × Date	0,089	0,966	0,492	0,615



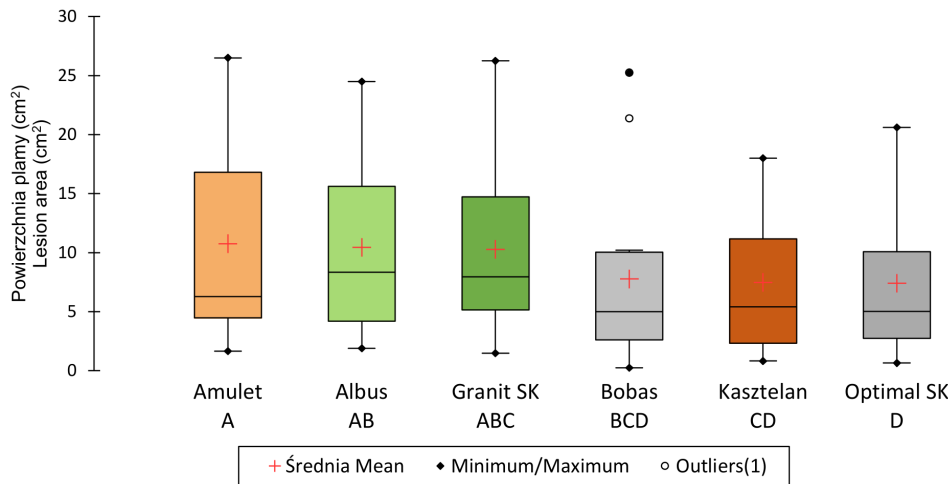
Rys. 4. Odporność odmian bobiku na porażenie 4 izolatami *A. fabae* określona z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Odmiany oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Fig. 4. Resistance of fabae bean cultivars to 4 isolates of *A. fabae* evaluated using detached leaves technique. Cultivars marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)



Rys. 5. Zróznicowanie agresywności izolatów *B. fabae* wobec sześciu odmian bobiku określone z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Izolaty oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIR Fishera)

Fig. 5. Pathogenicity of isolates of *B. fabae* towards six faba bean cultivars evaluated using detached leaves technique. Isolates marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)



Rys. 6. Odporność odmian bobiku na porażenie 2 izolatami *B. fabae* określona z wykorzystaniem techniki odciętych liści. Odmiany oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie statystycznie dla $\alpha = 0,05$ (analiza wariancji, test NIRA Fishera)

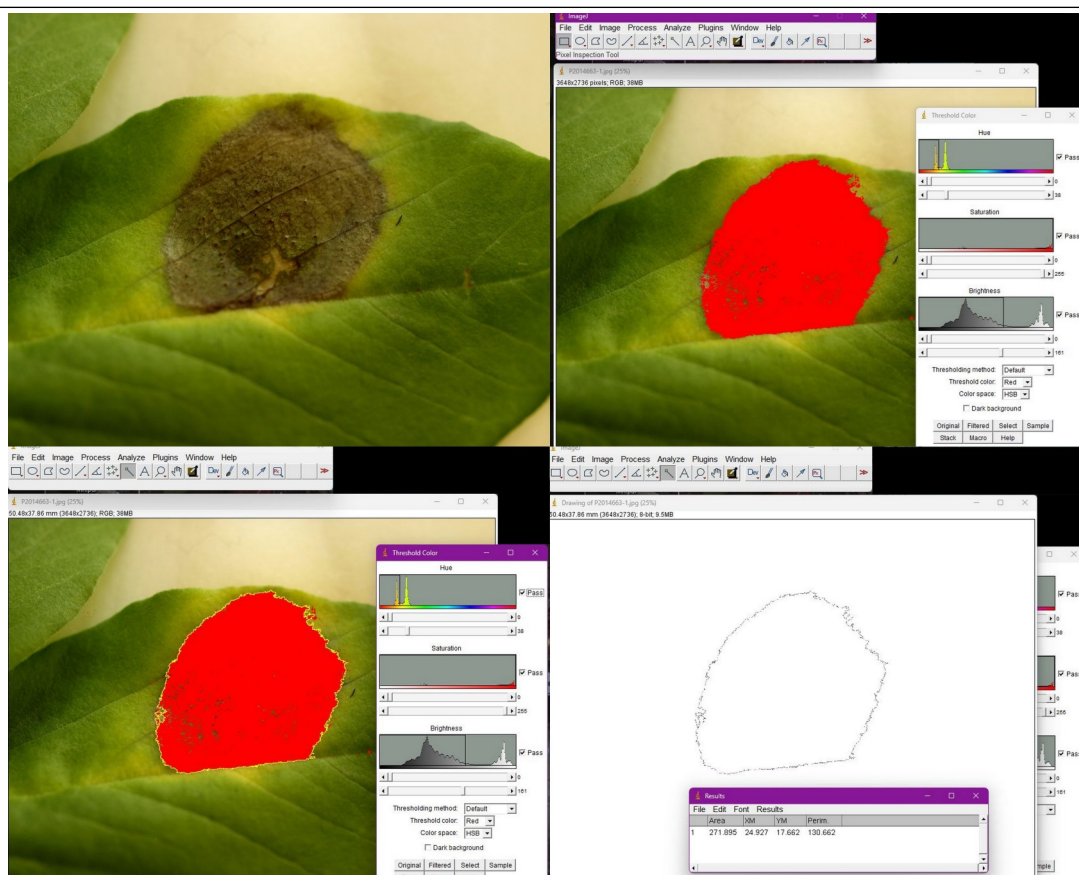
Fig. 6. Resistance of fabae bean cultivars to 2 isolates of *B. fabae* evaluated using detached leaves technique. Cultivars marked with the same letter are not significantly different at $\alpha = 0.05$ (analysis of variance, Fisher's LSD test)

Najwyższą odporność wykazały odmiany Optimal (SK) i Kasztelan, najniższą – odmiany Amulet i Albus. Zróznicowanie odporności odmian na czekoladową plamistość było jednakże niższe niż obserwowane dla askochytozy (Tab. 2). Potwierdzają to również kilkuletnie obserwacje występowania czekoladowej plamistości w warunkach polowych w Radzikowie (Boros i in. 2014; T. Góral niepublikowane). W latach o dużym nasileniu czekoladowej plamistości większość odmian porażana była w podobnym stopniu. Wyróżniały się jedynie odmiany samokończące, na których nasilenie choroby (oceniane jako stopień porażenia liści na całej roślinie) było wyższe. Wyniki publikowanych badań również pokazują, że istnieje małe zróżnicowanie odporności genotypów bobiku na czekoladową plamistość (Sillero i in., 2010). Problemem w hodowli odpornościowej jest brak dobrych źródeł odporności bobiku na tę chorobę. Większość zidentyfikowanych genotypów odpornych pochodzi z andyjskich regionów Ameryki Południowej i nie jest dostosowana na warunków europejskich (Bond i in., 1994; Maalouf i in., 2016).

Na rysunku 7 przedstawiono kolejne etapy pomiaru powierzchni plamy nekrotycznej opisane w rozdziale Materiał i Metody. Opisany proces pomiaru stanowi jedynie przykład wykorzystania programu ImageJ. Można go modyfikować wykorzystując rozbudowane opcje oprogramowania, dostosowując je do własnych potrzeb (Abd-El-Haliem, 2012; Mutka i in., 2015). Stewart i in. (2016) opracowali makro do programu ImageJ do oceny nasilenia septoriozy paskowanej (sprawca *Zymoseptoria tritici*) na liściach pszenicy. Dla każdego liścia makro umożliwiało pomiar całkowitej powierzchni liścia, całkowitej powierzchni nekrozy, liczby piknidiów, średnią wielkość pikni-

dium oraz tzw. odcień szarości piknidium. Ta ostatnia cecha oznacza intensywność produkcji melaniny przez izolaty *Z. tritici*, który to związek pełni istotną rolę dla wirulencji patogenu (Lendenmann i in., 2014). Elliott i in. (2022) porównywali metody analizy obrazu za pomocą ImageJ oraz uczenia maszynowego do oceny porażenia manioku przez bakterię *Xanthomonas*. Autorzy stwierdzili, że obie metody precyzyjnie rozróżniały i określały ilościowo różne typy zmian powodowanych przez *Xanthomonas* na liściach manioku. Metoda ImageJ była bardziej przydatna do analizy mniejszych zestawów danych, ponieważ wymagała tworzenia przez użytkownika maski dla każdego obrazu.

Uzyskanie precyzyjnych pomiarów wymaga ujednolicenia wykonywanych zdjęć liści z objawami chorobowymi. Metodyka opisana jest na przykład w pracy Bartosiaka (2020), dotyczącej oceny porażenia liści siewek pszenicy inokulowanej grzybem *Parastagonospora nodorum*. W swojej pracy Bartosiak (2020) proponuje również automatyzację oceny objawów chorobowych za pomocą aplikacji w języku Python. Jest to aplikacja stworzona specjalnie do celów oceny porażenia liści i przyspiesza oraz ułatwia pracę w porównaniu do dość skomplikowanego programu ImageJ. Podobnie Alheeti i in. (2021) wskazali, że użycie ImageJ do oceny porażenia liści przez dwa patogeny grzybowe jest bardziej pracochłonne niż porównywanej przez autorów aplikacji Leaf Doctor (darmowa aplikacja na iPhone'a) (Pethybridge i Nelson, 2015). Rozwiązaniem tego problemu może być opracowywanie wtyczek (plug-in) do programu ImageJ. Przykładem jest wtyczka HTPheno opracowana w Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) (<http://htpheno.ipk-gatersleben.de/>) (Hartmann i in.,



Rys. 7. Pomiar powierzchni plamy nekrotycznej przy użyciu programu ImageJ. A. Nekroza na liściu bobiku spowodowana przez grzyb *A. fabae*; B. Wyróżnianie obszaru plamy; C. Obrys wyróżnionego obszaru; D. Pomiar powierzchni plamy

Fig. 7. Necrotic area measurement using ImageJ software. A. Necrotic lesion on faba bean leaf caused by *A. fabae*; B. Highlighting necrotic lesion; C. Outline of the highlighted area; D. Measuring the area of the lesion.

2011). Wtyczka to może być wykorzystywana do zautomatyzowanej analizy obrazu w wysokowydajnym fenotypowaniu roślin.

Podsumowanie wyników

- 1) Zróżnicowanie patogeniczności izolatów *A. fabae* i *B. fabae* wobec badanych odmian bobiku było istotne statystycznie.
- 2) Odmiany bobiku wykazały istotną statystycznie zróżnicowaną odporność na askochytozę (*A. fabae*) i czekoladową plamistość (*B. fabae*).
- 3) Wyniki analizy wariancji pokazały, że zróżnicowanie odporności odmian na czekoladową plamistość było mniejsze niż odporności na askochytozę.

Literatura

Abd-El-Haliem, A., 2012. An unbiased method for the quantitation of disease phenotypes using a custom-built macro plugin for the program ImageJ. In: Bolton, M., Thomma, B. (eds) Plant Fungal Pathogens. Methods in Molecular Biology, vol 835. Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-501-5_41

- 4) Wykonane analizy obrazu pokazują przydatność oprogramowania ImageJ do oceny porażenia liści przez grzyby patogeniczne dla bobiku.

Badania zrealizowano w ramach Programu Wieloletniego „Tworzenie Naukowych Podstaw Postępu Biologicznego i Ochrony Roślinnych Zasobów Genowych jako Źródło Innowacji i Wspierania Zrównoważonego Rolnictwa i Bezpieczeństwa Żywnościowego Kraju” finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, realizowanego w IHAR-PIB w latach 2015-2020.

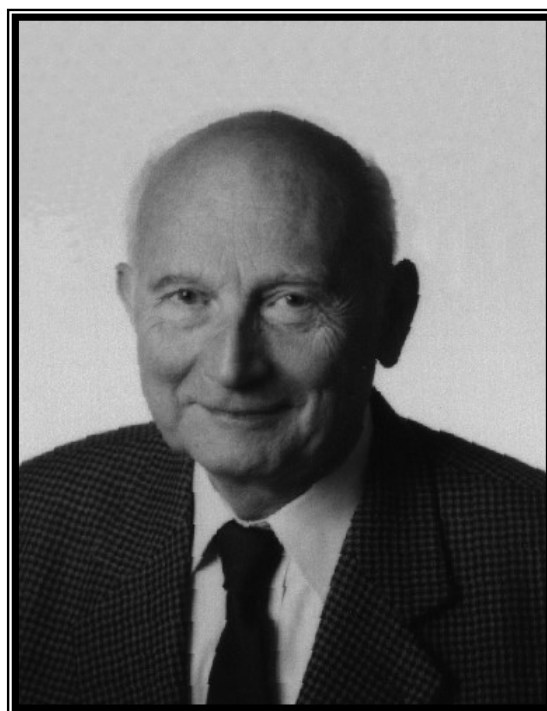
Alheeti, A.A.M., Farhan, M.A., Al-Saad, L.A., Theer, R.M., 2021. Evaluation of the performance of ImageJ, Leaf Doctor applications, and visual assessments in measuring severity of two leaf spot diseases. IOP Conf. Ser. Earth Environ. Sci. 761. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/761/1/012030>

- Avila, C.M., Satovic, Z., Sillero, J.C., Rubiales, D., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2004. Isolate and organ-specific QTLs for ascochyta blight resistance in faba bean (*Vicia faba* L.). *Theor. Appl. Genet.* 108, 1071–1078. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1514-7>
- Avila, C.M., Atienza, S.G., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2007. Development of a new diagnostic marker for growth habit selection in faba bean (*Vicia faba* L.) breeding. *Theor. Appl. Genet.* 115, 1075–1082. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0633-y>
- Bartosiak, S., 2020. Automatyzacja oceny objawów chorobowych septoriozy zbóż z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu w języku programowania Python. *Biul. Inst. Hod. i Aklim. Roślin* 31–35. <https://doi.org/10.37317/BIUL-2020-0019>
- Blake, S.N., Lee, R.C., Russ, M.H., Farquharson, E.A., Rose, J.A., Herdina, Goonetilleke, S.N., Farfan-Caceres, L.M., Debler, J.W., Syme, R.A., Davidson, J.A., 2022. Phenotypic and Genotypic Diversity of *Ascochyta fabae* Populations in Southern Australia. *Front. Plant Sci.* 13, 2185. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.918211>
- Bond, D.A., Jellis, G.J., Rowland, G.G., Le Guen, J., Robertson, L.D., Khalil, S.A., Li-Juan, L., 1994. Present status and future strategy in breeding faba beans (*Vicia faba* L.) for resistance to biotic and abiotic stresses, w: Muehlbauer, F.J., Kaiser, W.J. (Red.), *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes*. Current Plant Science and Biotechnology in Agriculture, vol 19. Springer, Dordrecht, Dodrecht, ss. 592–616. https://doi.org/10.1007/978-94-011-0798-3_36
- Boros L., Góral T., Walentyn-Góral D., Wawer A., Borucka K. 2014. Śledzenie zmian patogeniczności w populacjach ważnych gospodarczo grzybów roślin strączkowych (*Mycosphaerella pinodes*, *Ascochyta fabae*, *Botrytis fabae*, *Fusarium* sp.) – sprawców zgorzelowej plamistości grochu i bobiku. (W:) *Ulepszanie Roślin dla Zrównoważonych AgroEkoSystemów, Wysokiej Jakości Żywności i Produkcji Roślinnej na Cele Nieżywnościowe*. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR. Red. Edward Arseniuk, Nr 48: 313-322. (całość 408 s.).
- Bouhassan, A., Sadiki, M., Tivoli, B., 2004. Evaluation of a collection of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes originating from the Maghreb for resistance to chocolate spot (*Botrytis fabae*) by assessment in the field and laboratory. *Euphytica* 135, 55–62. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000009540.98531.4d>
- Díaz-Ruiz, R., Satovic, Z., Ávila, C.M., Alfaro, C.M., Gutierrez, M. V., Torres, A.M., Román, B., 2009. Confirmation of QTLs controlling *Ascochyta fabae* resistance in different generations of faba bean (*Vicia faba* L.). *Crop Pasture Sci.* 60, 353–361. <https://doi.org/10.1071/CP08190>
- Elliott, K., Berry, J.C., Kim, H., Bart, R.S., 2022. A comparison of ImageJ and machine learning based image analysis methods to measure cassava bacterial blight disease severity. *Plant Methods* 18, 1–12. <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00906-x>
- Fouad, M., Mohammed, N., Aladdin, H., Ahmed, A., Xuxiao, Z., Shiyang, B., Tao, Y., 2013. Faba Bean, w: Singh, M., Upadhyaya, H.D., Bisht, I.S. (Red.), *Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement*. Elsevier, London, ss. 113–136. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-397935-3.00005-0>
- Gela, T.S., Bruce, M., Chang, W., Stoddard, F.L., Schulman, A.H., Vandenberg, A., Khaza'i, H., 2022. Genomic regions associated with chocolate spot (*Botrytis fabae* Sard.) resistance in faba bean (*Vicia faba* L.). *Mol. Breed.* 42, 1–10. <https://doi.org/10.1007/S11032-022-01307-7/FIGURES/3>
- Góral T, Walentyn-Góral D. 2012. Using detached leaf technique for assessment of pathogenicity of *Ascochyta fabae* Speg. isolates to faba bean (*Vicia faba* L.). *Proceedings Book of the IIIrd International Ascochyta Workshop*, 22–26 April. Cordoba, Spain, p. 84.
- Grela, E.R., Czech, A., 2019. Pasze alternatywne w odniesieniu do soi genetycznie modyfikowanej w żywieniu zwierząt. *Wiadomości Zootech.* 2, 66–77.
- Hanounik, S.B., Robertson, L.D., 1989. Resistance in *Vicia faba* germ plasm to blight caused by *Ascochyta fabae*. *Plant Dis.* 73, 202. <https://doi.org/10.1094/PD-73-0202>
- Hartmann, A., Czaundera, T., Hoffmann, R., Stein, N., Schreiber, F., 2011. HTPPheno: An image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping. *BMC Bioinformatics* 12. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-148>
- Herath, I.H.M.H.B., Stoddard, F.L., Marshall, D.R., 2001. Evaluating faba beans for rust resistance using detached leaves. *Euphytica* 117, 47–57. <https://doi.org/10.1023/A:1004071916288>
- Jellis, G.J., Lockwood, G., Aubury, R.G., 1985. Phenotypic influences on the incidence of infection by *Ascochyta fabae* in spring varieties of faba beans (*Vicia faba*). *Plant Pathol.* 34, 347–352. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1985.tb01371.x>
- Kaiser, W.J., Wang, B.C., Rogers, J.D., 2007. *Ascochyta fabae* and *A. lentis*: Host Specificity, Teleomorphs (*Didymella*), Hybrid Analysis, and Taxonomic Status. *Plant Dis.* 81, 809–816. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.7.809>
- Kaur, S., Kimber, R.B.E., Cogan, N.O.I., Materne, M., Forster, J.W., Paull, J.G., 2014. SNP discovery and high-density genetic mapping in faba bean (*Vicia faba* L.) permits identification of QTLs for ascochyta blight resistance. *Plant Sci.* 217–218, 47–55. <https://doi.org/10.1016/J.PLANTSCI.2013.11.014>
- Kharrat, M., Le Guen, J., Tivoli, B., 2006. Genetics of resistance to 3 isolates of *Ascochyta fabae* on Faba bean (*Vicia faba* L.) in controlled conditions. *Euphytica* 151, 49–61. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9127-2>
- Kohpina, S., Knight, R., Stoddard, F.L., 2000a. Genetics of resistance to ascochyta blight in two populations of faba bean. *Euphytica* 112, 101–107. <https://doi.org/10.1023/A:1003853126862>
- Kohpina, S., Knight, R., Stoddard, F.L., 2000b. Evaluating faba beans for resistance to ascochyta blight using detached organs. *Aust. J. Exp. Agric.* 40, 707–713. <https://doi.org/10.1071/EA99168>
- Lendenmann, M.H., Croll, D., Stewart, E.L., McDonald, B.A., 2014. Quantitative trait locus mapping of melanization in the plant pathogenic fungus *Zymoseptoria tritici*. *G3 Genes, Genomes, Genet.* 4, 2519–2533. <https://doi.org/10.1534/g3.114.015289>
- Maalouf, F., Ahmed, S., Shaaban, K., Bassam, B., Nawar, F., Singh, M., Amri, A., 2016. New faba bean germplasm with multiple resistances to Ascochyta blight, chocolate spot and rust diseases. *Euphytica* 211, 157–167. <https://doi.org/10.1007/S10681-016-1726-Y/TABLES/6>
- Mutka, A.M., Bart, R.S., Avni, A., Tör, M., Danforth, D., 2015. Image-based phenotyping of plant disease symptoms. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00734>
- Ondřej, M., Huňady, I., 2007. Faba bean (*Vicia faba* L.) breeding for resistance to anthracnose (*Ascochyta fabae* Speg.) in the Czech Republic. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 43, 61–68.
- Ozkilinc, H., Thomas, K., Abang, M., Peever, T.L., 2015. Population structure and reproductive mode of *Didymella fabae* in Syria. *Plant Pathol.* 64, 1110–1119. <https://doi.org/10.1111/ppa.12359>

- Panek J. 2022. Co uprawia się w Polsce? Struktura zasiewów 2022. <https://terazpole.pl/wokol-pola/co-uprawia-sie-w-polsce-struktura-zasiewow-2022/>
- Pethybridge, S.J., Nelson, S.C., 2015. Leaf doctor: A new portable application for quantifying plant disease severity. *Plant Dis.* 99, 1310–1316. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-15-0319-RE>
- Pritchard, P.R., Rowe, P.S., Rossall, S., 1989. A comparison of infection of resistant and susceptible lines of field bean (*Vicia faba*) by *Ascochyta fabae*. *Plant Pathol.* 38, 266–270. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1989.tb02142.x>
- Román, B., Satovic, Z., Avila, C.M., Rubiales, D., Moreno, M.T., Torres, A.M., 2003. Locating genes associated with *Ascochyta fabae* resistance in *Vicia faba*. *Aust. J. Agric. Res.* 54, 85–90. <https://doi.org/10.1071/AR02034>
- Rubiales, D., Trapero-Casas, A., 2002. Occurrence of *Didymella fabae*, the Teleomorph of *Ascochyta fabae*, on Faba Bean Straw in Spain. *J. Phytopathol.* 150, 1–3.
- Schneider, C. A., Rasband, W. S., Eliceiri, K. W., 2012. NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods* 9(7), 671–675. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2089>
- Sillero, J.C., Villegas-Fernández, A.M., Thomas, J., Rojas-Molina, M.M., Emeran, A. A., Fernández-Aparicio, M., Rubiales, D., 2010. Faba bean breeding for disease resistance. *F. Crop. Res.* 115, 297–307. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2009.09.012>
- Stewart, E.L., Hagerty, C.H., Mikaberidze, A., Mundt, C.C., Zhong, Z., McDonald, B.A., 2016. An improved method for measuring quantitative resistance to the wheat pathogen *Zymoseptoria tritici* using high-throughput automated image analysis. *Phytopathology* 106, 782–788. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-16-0018-R>
- Tivoli, B., Baranger, A., Avila, C.M., Banniza, S., Barbetti, M., Chen, W., Davidson, J., Lindeck, K., Kharrat, M., Rubiales, D., Sadiki, M., Sillero, J.C., Sweetingham, M., Muehlbauer, F.J., 2006. Screening techniques and sources of resistance to foliar diseases caused by major necrotrophic fungi in grain legumes. *Euphytica* 147, 223–253. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-3131-4>
- Villegas-Fernández, A. M., Sillero, J.C., Rubiales, D., 2011. Screening faba bean for chocolate spot resistance: evaluation methods and effects of age of host tissue and temperature. *Eur. J. Plant Pathol.* 132, 443–453. <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9889-9>
- Walentyn-Góral D., Góral T. 2011. Ocena patogeniczności izolatów *Ascochyta fabae* Speg. wobec bobiku (*Vicia faba* L.) metodą odciętych liści [Evaluation of pathogenicity of *Ascochyta fabae* Speg. isolates to faba bean (*Vicia faba* L.) using detached-leaf technique]. Materiały Sympozjum Naukowego "Fitopatologia: zdrowe rośliny – zdrowi ludzie", Bydgoszcz, 20-22 września 2011, str. 416-417.
- Zaki, K.I., 2010. Evaluation of Some Faba Bean Genotypes for Resistance to chocolate spot. *Egypt. J. Phytopathology* 38, 25–43.
- Zakrzewska, E., 2004. Reaction of morphological types of faba bean to infection with *Ascochyta fabae* Speg. and *Botrytis fabae* Sard. *Plant Breed. Seed Sci.* 49, 3–17.
- Zakrzewska, E., 1988. Variability in the resistance of *Vicia faba* L. to *Ascochyta fabae* Speg. *Hod. Roślin, Aklim. i Nasienn.* 32, 311–317.

Prof. dr hab. Jan Krzymański (1929-2023)

Twórca Polskiej Szkoły Badań i Hodowli Roślin Oleistych



Profesor dr hab. Jan Krzymański zmarł 6 lutego 2023 r. w wieku 93 lat. Odejście Profesora nappełniło wielkim smutkiem Jego uczniów, współpracowników, przyjaciół i bliskich. Pozostawił po sobie najlepsze wspomnienia.

Profesor Jan Krzymański urodził się 21 maja 1929 roku w Poznaniu, całe życie związany był z tym miastem. W 1952 roku ukończył studia na Wydziale Matematyki, Fizyki i Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu uzyskując tytuł magistra filozofii w zakresie chemii. Na tym samym Wydziale w 1961 roku uzyskał stopień doktora nauk przyrodniczych. Stopień doktora habilitowanego został nadany Profesorowi przez Radę Naukową IHAR w 1970 roku na podstawie pracy pt. „Genetyczne możliwości ulepszania składu chemicznego nasion rzepaku ozimego”. Tytuł profesora nadzwyczajnego otrzymał w 1976 roku, a tytuł profesora zwyczajnego w 1982 roku.

Pracę w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Zakładzie Roślin Oleistych w Poznaniu (późniejsze nazwy Oddział Poznańsko-Gorzowski, Oddział Poznański) rozpoczął 1 marca 1952 roku, gdzie pracował do czasu przejścia na emeryturę w 1999 r., kolejno na stanowiskach: starszy asystent, adiunkt, docent, profesor nadzwyczajny, profesor zwyczajny, pełniąc funkcje kierownika laboratorium chemicznego, zakładu, oddziału.

Działalność naukową w Instytucie Profesor Jan Krzymański rozpoczął od rozwinięcia badań nad metodami analiz chemicznych i instrumentalnych materiałów roślinnych i ich adaptacją do badań roślin oleistych. Następnie Profesor rozszerzył swój zakres zainteresowań o genetykę i hodowlę roślin; rozpoczął badania nad dziedziczeniem i odziedziczalnością najważniejszych cech jakościowych rzepaku, co stworzyło teoretyczne podstawy do podjęcia prac nad otrzymaniem rzepaku ozimego o ulepszonym składzie oleju i śruty poekstrakcyjnej. Profesor zajmował się badaniami i hodowlą także innych roślin oleistych jak mak, len, gorczyca biała.

Przełomem w Jego karierze był pobyt na stypendium FAO w Canada Agriculture Research Station w Saskatoon (1966/67), gdzie korzystając z nowoczesnej aparatury odkrył, że polska odmiana rzepaku jarego Bronowski może być źródłem niskiej zawartości glukozyolanów, niepożądanych związków siarkowych w nasionach rzepaku; wcześniej (1961) odkrył, że odmiana ta charakteryzuje się obniżoną zawartością kwasu erukowego w oleju nasion rzepaku. W tym samym czasie dr Baldur Stefansson

z University of Manitoba w Kanadzie wyselekcjonował zeroerukową linię z jarej odmiany rzepaku Liho (1961). Oba te odkrycia dały podstawę do hodowli **podwójnie ulepszonych** odmian rzepaku (syn. **Canola**) pozbawionych kwasu erukowego w oleju, szkodliwego z punktu widzenia diety człowieka oraz o istotnie obniżonej zawartości glukozyolanów w nasionach, które znacznie ograniczały przydatność poekstrakcyjnej śruty rzepakowej jako paszy wysokobiałkowej w żywieniu zwierząt hodowlanych. Obaj odkrywcy Profesor Jan Krzymański i dr Baldur Stefansson nazywani są **ojcami rzepaku typu "Canola"**, bowiem dzięki ich badaniom w świecie pojawiła się nowa wartościowa roślina uprawna. Odkryte genetyczne źródła niskiej zawartości kwasu erukowego i glukozyolanów zostały wykorzystane do hodowli odmian rzepaku ozimego i jarego na całym świecie, przyczyniły się do rozwoju hodowli i uprawy rzepaku. Dzięki tym odkryciom rzepak z rośliny o marginalnym znaczeniu stał się jedną z najważniejszych roślin oleistych w świecie. Dzisiaj jest to druga po soi oleista roślina uprawna pod względem znaczenia gospodarczego w świecie, a najważniejsza w Europie. Ponadto oba źródła genetyczne tych ważnych cech jakościowych jako jedyne są wykorzystywane także w hodowli innych gatunków z rodzaju *Brassica*.

Profesor Jan Krzymański jako organizator badań i hodowli

W 1971 r. Ministerstwo Rolnictwa ze względu na wzrost znaczenia rzepaku dla polskiego rolnictwa powołało Resortowy Zespół Badawczy, którego celem było wyhodowanie nowych plennych odmian rzepaku ozimego o niskiej zawartości kwasu erukowego w oleju i glukozyolanów w śrucie oraz opracowanie ich agrotechniki. Kierownictwo tego Zespołu powierzono prof. Krzymańskiemu (1971-1973). Badania rozwinięte przez Profesora były kontynuowane w Rządowym Programie Rzepakowym (1974-1990) i podproblemie Rośliny Oleiste (1991-2000), którymi Profesor również kierował. Profesor ciągle rozwijał nowe kierunki badawcze, skupił wokół siebie liczne grono naukowców z różnych ośrodków badawczych, uczelni, hodowców, specjalistów przemysłu tłuszczowego i utworzył w ten sposób zespół, którym kierował, a wyniki tych badań przyczyniły się, że w Polsce podobnie, jak w innych krajach, rzepak stał się ważną gospodarczo rośliną oleistą, dzisiaj jesteśmy w europejskiej czołówce producentów rzepaku. Dzięki znajomości problematyki badawczej związanej z rzepakiem Profesor stworzył zespół naukowców i techników liczący 289 osób, podczas gdy początkowo był to zespół liczący tylko 24 pracowników IHAR w Poznaniu. Tak liczny zespół złożony ze specjalistów różnych dziedzin i dyscyplin pozwolił na rozwinięcie badań nie tylko w zakresie genetyki i hodowli, ale także agronomii, agrofizyki, biotechnologii, biometrii, biologii molekularnej, inżynierii genetycznej, fizjologii roślin, fitopatologii, ochrony przed patogenami, metod chemicznej i instrumentalnej oceny materiałów roślinnych i produktów pochodzących z roślin oleistych, biologicznej oceny produktów otrzymywanych w wyniku przerobu roślin oleistych. W większości ośrodków badawczych i hodowlanych, które nawiązały współpracę w ramach programów kierowanych przez Profesora Krzymańskiego, tematyka roślin oleistych, zwłaszcza rzepaku ozimego pozostała i nadal jest rozwijana. Stąd uważam za uprawnione nazwanie Profesora „**Twórcą polskiej szkoły badań i hodowli roślin oleistych**”.

Profesor kierował licznymi projektami i tematami badawczymi. Dzięki inicjatywie Profesora zostały rozwinięte nowe kierunki badań nad rzepakiem, jak badania nad heterozją, ulepszaniem jakości śruty rzepakowej poprzez obniżanie zawartości związków antyżywnościowych, wytwarzanie genotypów o różnych proporcjach kwasów tłuszczowych w oleju. Profesor zawsze promował nowe tendencje w badaniach dzięki czemu w Oddziale Poznańskim rozwijały się prace z zakresu genetyki molekularnej i biotechnologii.

Obiektem zainteresowań Profesora był nie tylko rzepak, ale także mak, len, gorczyca biała. Dzięki pracom badawczym i hodowlanym, którymi kierował powstały odmiany maku o bardzo wysokiej zawartości morfiny dla potrzeb przemysłu farmaceutycznego. Prace hodowlane prowadzone nad makiem niskomorfinowym, praktycznie bezmorfinowym zaowocowały pięcioma odmianami wpisanymi do rejestru odmian, cztery z nich to odmiany unikatowe posiadające markery fenotypowe, barwę i kształt płatków korony odróżniające te odmiany od tradycyjnych. Dużo pracy Profesor poświęcił ulepszeniu gorczycy białej w celu wyhodowania gorczycy o jakości takiej jak rzepak podwójnie ulepszony, co zaowocowało dwoma odmianami: jedną niskoerukową oraz pierwszą odmianą podwójnie ulepszoną.

Aktywność w środowisku naukowym

Profesor był bardzo aktywny w środowisku naukowym, był członkiem rad naukowych sześciu instytutów: IHAR (1968-2001), Instytutu Przemysłu Tłuszczowego (1968-1983), Instytutu Genetyki Roślin PAN (1975-1999), Instytutu Ochrony Roślin (1985-1989), Instytutu Roślin Włóknistych i Przetworów Zielarskich (1985-1989), Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (1990-1992); przez 35 lat był członkiem Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin PAN, członkiem Rady Hodowców Roślin Uprawnych przy Ministrze Rolnictwa i Gospodarki Żywnościowej (1994-1997). Działał także w stowarzyszeniach branżowych: w Związku Twórców Odmian Roślin Uprawnych (od 1988) jako członek zarządu, prezes

i wiceprezes oraz był członkiem honorowym Polskiego Stowarzyszenia Producentów Oleju i Krajowego Zrzeszenia Producentów Rzepaku i Roślin Białkowych. Należał do stowarzyszeń naukowych krajowych (PTG) i międzynarodowych (EUCARPIA).

Znacząca była także działalność międzynarodowa Profesora. Był jednym z twórców i aktywnym członkiem (od 1975 r.) Międzynarodowej Grupy Doradczej ds. Badań nad Rzepakiem (GCIRC – Groupe Consultatif International de Recherche sur le Colza, obecna nazwa Global Council for Innovation in Rapeseed and Canola), jako członek zarządu, prezes, wiceprezes, a po przejściu na emeryturę jako członek honorowy. Działał na rzecz rozwoju badań i hodowli rzepaku w Europie Środkowej, brał udział i przewodniczył trójstronnej współpracy między Polską, Czechosłowacją i NRD. Był ekspertem ds. hodowli maku na Tasmanii jako członek International Working Group of Experts on *Papaver bracteatum* (1974-1983). Wielokrotnie konsultował prace badawcze i programy hodowli rzepaku podwójnie ulepszanego w Chinach. Profesor dbał o kontakty i wymianę doświadczeń z innymi ośrodkami badań nad rzepakiem: we Francji, w Chinach, Kanadzie, Holandii, Niemczech, Rosji, Szwecji, Ukrainie.

Profesor kierując dużym resortowym zespołem badawczym widział potrzebę stworzenia forum wymiany informacji i dyskusji naukowych. Organizował konferencje krajowe i międzynarodowe. Najważniejsza była cykliczna konferencja Rośliny Oleiste, która stała się forum wymiany naukowej wszystkich dyscyplin wiedzy związanych z roślinami oleistymi. Uczestnikami jej byli nie tylko naukowcy i hodowcy z Polski, ale także z innych krajów europejskich, Kanady.

W 1987 r. zorganizował w Poznaniu 7. Międzynarodowy Kongres Rzepakowy, który zgromadził ponad 700 uczestników z całego świata.

Stworzył czasopismo *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, które było dwujęzycznym (polski/angielski) rocznikiem naukowym (1990-2016) promującym szeroki zakres badań nad roślinami oleistymi. Zainicjował także cykl innych wydawnictw adresowanych do praktyki rolniczej, uważał bowiem, że nowe generacje odmian roślin oleistych powinny być kierowane do uprawy wraz ze szczegółową informacją o ich jakości oraz instrukcją technologii uprawy. W sumie przy dużym wsparciu merytorycznym Profesora wydano 11 edycji monografii: „Rzepak ozimy”, „Rzepak jary”, „Len oleisty”, „Mak”, „Gorczyce”.

Twórca i nauczyciel

Zakres zainteresowań Profesora był tak duży, że nie sposób wymienić wszystkie Jego zasługi dla nauki, hodowli i rolnictwa. Naukowy dorobek to ponad 280 prac naukowych i popularno-naukowych opublikowanych w czasopismach krajowych i zagranicznych. Działalności Profesora towarzyszyła idea wiązania badań podstawowych z praktyką hodowlaną. Profesor był współtwórcą 22 odmian rzepaku ozimego, jednej odmiany rzepaku jarego, 8 odmian maku, 2 odmian gorczycy białej.

Profesor bardzo dbał o rozwój naukowy swoich współpracowników. Pod Jego kierunkiem zostało wykonanych kilka prac magisterskich, 9 prac doktorskich, czterech współpracowników uzyskało habilitację, dwie osoby otrzymały tytuł profesora.

Był recenzentem 18 prac doktorskich oraz 13 prac habilitacyjnych, wykonał dwie recenzje dorobku dla uzyskania stanowiska profesora uczelnianego oraz 8 recenzji dla uzyskania tytułu profesora. Każdy doktorat był zaprojektowany tak aby zapewnić rozwój nowego kierunku badań w Oddziale. Autorzy tych prac z wdzięcznością wspominają uwagi i dyskusje z Profesorem, które zaowocowały ulepszeniem prac i ich pomyślnym zakończeniem, a także przyczyniły się do rozwoju naukowego doktorantów i habilitantów. Profesor był wymagający, ale chętnie dzielił się swą wszechstronną wiedzą.

Nagrody i wyróżnienia

Szeroka i efektywna działalność Profesora była doceniana i wyróżniana nagrodami i medalami. Profesor Jan Krzymański za swoje zasługi odznaczony został m.in. Złotym i Srebrnym Krzyżem Zasługi, Krzyżem Kawalerskim Orderu Odrodzenia Polski, Krzyżem Komandorskim Orderu Odrodzenia Polski. Za wybitny wkład w ulepszanie rzepaku został uhonorowany medalem GCIRC (Międzynarodowej Grupy Doradczej ds. Badań nad Rzepakiem)– International Award for Research in Rapeseed (2003) oraz Medalem im. Oczapowskiego (2005).

Kierowany przez Profesora zespół problemowy do spraw roślin oleistych uzyskał wiele nagród m.in. Państwową Nagrodę Zespołową Drugiego Stopnia „Za wyhodowanie podwójnie ulepszonych odmian rzepaku ozimego” (1988).

Zespół pracujący pod kierunkiem Profesora nad ulepszeniem maku otrzymał Nagrodę Ministra Rolnictwa i Przemysłu Spożywczego „Za wprowadzenie do produkcji dwóch nowych niskomorfinowych odmian maku z markerem morfologicznym płatków kwiatowych” oraz Złoty Medal Polagra za niskomorfinową odmianę Mieszko z markerem fenotypowym kwiatu (2000).

Uczestniczył także w pracach zespołu, który otrzymał Nagrodę Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi za osiągnięcia w zakresie wdrażania postępu w rolnictwie za „Wytworzenie i wdrożenie do uprawy nowych typów odmian rzepaku ozimego – mieszańców złożonych” (2003)

Trudno zawrzeć na kilku stronach tak bogate i owocne życie człowieka, jedynie posługując się łacińskim przysłowiem można podsumować *Scientia potestas est* (Wiedza to potęga). Profesor był znakomitym naukowcem o szerokiej rozpoznawalności w kraju i świecie. Spuścizna Jego myśli naukowej jest wielka.

Profesor Jan Krzymański na emeryturę przeszedł po blisko 50 latach pracy poświęconych roślinom oleistym. Praca nad tymi roślinami obok ukochanej rodziny była najważniejszą pasją Jego życia. Po przejściu na emeryturę w dalszym ciągu interesował się pracami Oddziału, dzielił się aktualną wiedzą naukową z zakresu roślin oleistych, dyskutował, z wielką życzliwością udzielał porad młodszym pracownikom naukowym.

W czasie, kiedy już nie mógł przychodzić do Instytutu, bo brakowało mu sił, niejednokrotnie w rozmowach telefonicznych pytał mnie o każdego pracownika, o każdy problem, wskazywał co jeszcze należy zbadać w roślinach oleistych, zwłaszcza w rzepaku. Bardzo żałował, że już osobiście nie może zaangażować się w rozwiązywanie problemów, ale miał wielką pasję badacza i w czasie jednej z ostatnich rozmów telefonicznych zaproponował żebyśmy jeszcze wspólnie napisali pracę na temat prozdrowotnych wartości oleju rzepakowego, aby podkreślić wagę prac nad tą rośliną dla społeczeństwa, a nawet przysłał mi materiały, które zdołał zgromadzić w tym celu.

Osobiście jestem wdzięczna Profesorowi za odegranie roli przewodnika w mojej pracy naukowej, za stawiane wymagania, za kierowanie rozwojem naukowym.

Był prawdziwym uczonym, mądrym i dostojnym, a zarazem Człowiekiem o niespotykanej wrażliwości, otwartym na innych. Jego skromna, szlachetna osoba, pełna pasji dla nauki i hodowli pozostanie na zawsze w mojej pamięci.

Poznań, 2023 r.

Iwona Bartkowiak-Broda

Dr Krystyna Grzelak (1934-2023)



Doktor Krystyna Grzelak urodziła się w Warszawie w roku 1934. Tu w wieku 10 lat przeżyła Powstanie Warszawskie w dzielnicy Wola, skąd wraz z rodziną została wypędzona do obozu przejściowego w Pruszkowie. Po wojnie powróciła do Warszawy, którą umiłowała. Tu mieszkała, uczyła się, studiowała, pracowała (dojeżdżała do Radzikowa) i zajmowała działalnością społeczną. Tu spędziła całe swoje życie.

Po ukończeniu XVI Liceum Ogólnokształcącego im. Stefanii Sempołowskiej, studiowała biologię, a następnie na SGGW w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa pod kierunkiem prof. dr Jadwigi Lekczyńskiej wykonała pracę magisterską dotyczącą oceny wartości siewnej nasion. W roku 1955 podjęła pracę w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin. Była jednym z pierwszych pracowników Zakładu Metodyki Oceny Nasion, kierowanym przez wiele lat przez mgr Stanisławę Świrską. Doktor Krystyna Grzelak początkowo pracowała na stanowisku asystenta, potem adiunkta, pełniła funkcje Kierownika Pracowni Zdrowotności Nasion oraz Kierownika Zakładu.

W 1975 roku dr Krystyna Grzelak obroniła pracę doktorską pod kierunkiem prof. Stanisława Starzyckiego, ówczesnego dyrektora Instytutu pt. „Mikoflora i wartość siewna nasion koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.)”. Dysertacja zapoczątkowała cykl badań nad florą grzybową nasion różnych roślin uprawnych i specyfiką biologiczną poszczególnych gatunków grzybów. Koniczyna czerwona należała do Jej ulubionych gatunków roślin i chętnie zadawała zagadkowe pytanie o dziecieliinę wymienioną w Inwokacji w „Panu Tadeuszu” Adama Mickiewicza.

Po uzyskaniu stopnia doktora brała udział w programie badawczym w Seed Laboratory of the Washington State University, Department of Agronomy. W roku 1984 odbyła staż naukowy w tym samym laboratorium u prof. dr Jamesa Maguire’a, gdzie uczestniczyła w badaniach nad biologią nasion pszenicy i soi oraz wykrywaniem patogenów (*Phoma lingam*, *Albugo candida*) przenoszonych przez nasiona.

Prace badawcze prowadzone przez dr Krystynę Grzelak w IHAR dotyczyły zdrowotności nasion roślin strączkowych, występowania grzybów z rodzaju *Ascochyta* na nasionach grochu, zdrowotności nasion zbóż tj. pszenżyta (*Fusarium* spp.), jęczmienia (*Drechslera* spp, *Ustilago nuda*), pszenicy (*Fusarium* spp., *Parastagonospora nodorum*), zdrowotności nasion traw (*Ustilago perennans*) oraz metod wykrywania patogenów przenoszonych przez nasiona. Dr Krystyna Grzelak zastosowała i wprowadziła do krajowych laboratoriów nasiennych metodę doświetlania kultur grzybów promieniami bliskiego

ultrafioletu – NUV, w celu wywołania zarodnikowania i ułatwienia identyfikacji patogenów przenoszonych przez nasiona.

Była współautorką opracowania *Polska bibliografia mikroflory nasion*. Kolejne wydanie tego cennego źródła informacji jest zamieszczone na stronie internetowej Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego. Opracowanie obejmuje artykuły z lat 1980-2000 opublikowane w kraju, zarówno w czasopiśmie poświęconych fitopatologii, jak i nasiennictwu.

Jako kierownik Zakładu Metodyki Oceny Jakości Materiału Siewnego, prowadziła ogólnokrajowy problem badawczy pt: „Nasiennictwo i Nasionoznawstwo” grupujący tematykę badania nasion ze wszystkich ośrodków naukowych w Polsce.

Dr Krystyna Grzelak należała do Międzynarodowego Związku Oceny Nasion ISTA i była członkiem Komitetu Zdrowotności Nasion. W roku 1985 powierzono Jej zorganizowanie po raz pierwszy w Polsce międzynarodowego seminarium patologii nasion z uczestnikami i wykładowcami z różnych krajów. We współpracy z prof. dr K. Niemyskim tłumaczyła i upowszechniała w kraju *Międzynarodowe Przepisy Oceny Nasion ISTA* dotyczące metodyki oceny wartości siewnej nasion.

Ponadto dr Krystyna Grzelak była współautorką opracowania *Seed pathology and seed health testing in Poland* dotyczącego badań, praktyki i kształcenia w tej dziedzinie. Uczestniczyła w międzynarodowych badaniach dotyczących metod wykrywania grzybów w nasionach, które były koordynowane przez ISTA i FAO. Doktor Krystyna Grzelak była autorką szeregu publikacji na temat metod identyfikacji grzybów patogenicznych w materiale siewnym zbóż, warzyw, buraka cukrowego i pastewnego.

Przez cały czas aktywności zawodowej współpracowała z Polskim Komitetem Normalizacyjnym w zakresie opracowania norm metodycznych i jakościowych dotyczących materiału siewnego roślin rolniczych, warzywnych i kwaciarskich.

Z tytułu sprawowania opieki metodycznej i nadzoru nad krajowymi laboratoriami oceny nasion dr Krystyna Grzelak kierowała organizacją szkoleń dla pracowników stacji oceny nasion i laboratoriów działających przy centralach nasiennych. W tej dziedzinie współpracowała z Inspekcją Nasienną, a szczególnie z dyrektorem Bernardem Michalikiem. Współpraca ta była bardzo owocna dla obu stron.

Dla doktor Krystyny Grzelak szczególnie umiłowaną dziedziną była zdrowotność nasion. W Polskim Towarzystwie Fitopatologicznym założyła Sekcję Chorób Nasion. W ramach działalności Sekcji Chorób Nasion, której była przewodniczącą w latach 1983-1994 organizowała w oddziale warszawskim PTFit. coroczne seminaria dotyczące mikroorganizmów przenoszonych przez nasiona, mikrobioty występującej na nasionach różnych gatunków roślin uprawnych i wykrywania patogenów na nasionach. Ponadto była członkiem Polskiego Towarzystwa Botanicznego i pracowała jako sekretarz sekcji mikologicznej. Poza dużą aktywnością zawodową była wyjątkową działaczką społeczną w związkach zawodowych. Za pracę i działalność na rzecz nauki oraz działalność społeczną została odznaczona: Srebrnym Krzyżem Zasługi (1979), Odznaką Zasłużony Działacz Związkowy (1980), Złotym Krzyżem Zasługi (1987).

Po przejściu na emeryturę w 1995 roku podjęła działalność w Towarzystwie Przyjaciół Warszawy oddział *Stare Miasto*, gdzie założyła *Koło Mazowsze* skupiające emerytów IHAR. W comiesięcznych spotkaniach organizowanych w siedzibie przy Rynku Starego Miasta uczestniczyło wielu byłych pracowników i sympatyków Instytutu. Jako prezes oddziału *Stare Miasto* była m. in. jurorką w konkursie „Warszawa w zieleni i kwiatach”. Za działalność społeczną została odznaczona przez wojewodę mazowieckiego medalem „Pro Mazovia” oraz wieloma dyplomami.

Dr Krystyna Grzelak była osobą wrażliwą, życzliwą i pogodną, zawsze chętną do pomocy zarówno duchowej, jak i fizycznej. Pozostawiła w smutku dwie córki, pięcioro wnuków i dziewięcioro prawnuków.

Swoje wspomnienia dotyczące pracy w Instytucie, opublikowała w Biuletynie IHAR nr 263/2012.

Piękno i znaczenie starych sadów tradycyjnych (esej filozoficzno-rzeczowy)

The beauty and importance of old traditional orchards
(philosophical essay)

Wiesław Mądry¹⁾
Barbara Roszkowska-Mądra²⁾

¹⁾ Instytut Rolnictwa, Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

²⁾ Katedra Nauk o Przedsiębiorstwie, Wydział Ekonomii i Finansów, Uniwersytet w Białymstoku

Przeszłość – jest to dziś, tylko cokolwiek dalej ...

Cyprian Kamil Norwid

Wstęp

Ogrody w pobliżu zagród wiejskich istniały od najdawniejszych czasów. Przez stulecia ogród przydomowy miał wyłącznie użytkowy charakter: dostarczał pożywienia, przypraw i leków. Od przełomu XIX i XX wieku przydomowy ogród chłopski składał się z niewielkiego ogródka ozdobnego przed domem, warzywnika i niedużego sadu. W celu założenia sadu przydomowego siewki dziko rosnących drzew owocowych zbierano na miedzach i zaszczepiano szlachetnym materiałem,

który docierał na wieś przez ogrody klasztorne i dworskie. Od przełomu dwóch ostatnich wieków, wraz z ogólnym znaczącym rozwojem przemysłu i rolnictwa oraz wzrostem zamożności materialnej i kulturalnej społeczeństwa, także na wsi, zakładano coraz większe chłopskie i drobnoszlacheckie oraz dworskie sady przydomowe o bogatszej różnorodności odmian. Przez dziesięciolecia te tradycyjne sady harmonijnie wtapiały się w różnorodną i malowniczą krajobrazy wiejskie w Polsce i Europie, stanowiąc bardzo ważny składnik tej przestrzeni. Współtworzyły one jedyne w swo-



Rys. 1. Zdjęcie autorów eseju, wykonane w jesieni 2022 roku, w prawie wiekowym sadzie rodzinnym W. Mądrego we wsi Szydłów Kolonia w powiecie piotrkowskim (na pierwszym planie znajduje się 70-letnie drzewo odmiany jabłoni Bancroft, dalej jest grube 80-letnie drzewo odmiany jabłoni Szara Reneta, zaś z prawej strony są 50-letnie drzewa śliw Węgierki Zwykłej)

Fig. 1. Photos taken by Authors of the essay, taken in the autumn of 2022, in the nearly century-old family orchard of W. Mądry in the village of Szydłów Kolonia in the Piotrków district (in the foreground there is a 70-year-old Bancroft apple tree, then there is a thick 80-year-old Szara Reneta apple tree and on the right are 50-year-old Węgierka Zwykła plum trees)

im rodzaju, skromne ale urokliwe piękno obszarów wiejskich. Profesor Szczepan Pieniążek (1913-2008), wielki uczoney i reformator polskiego sadownictwa, pisze w swojej książce, że *Drzewa owocowe, czy to okryte kwiatem czy uginające się pod ciężarem owoców, od zarania ludzkości stanowiły symbol piękna, dobra i bogactwa.*

Piękno sadu tradycyjnego

Sad tradycyjny, jako dzieło Stwórcy, posługującego się także talentem i ręką człowieka, działa pozytywnie na nasze zmysły i wyobraźnię. Budzi on zachwyt o każdej porze roku i dnia oraz zadumę, będąc także wielce nam użyteczny. Fragmenty

taryczne przykłady widoku sadów tradycyjnych obrazują przedstawione zdjęcia.

Wiosną drzewa owocowe są przepełnione obfitością białego i różowego kwiecia, emanującego subtelnym zapachem, wabiącym pracowite pszczoły i inne owady. W końcu lata i w jesieni okazałe drzewa, skąpane promieniami gorącego słońca, ozdobione są żółcią i czerwienią oraz coraz bardziej wyczuwalnym zapachem dojrzewających owoców i żółknących liści, które opadając wirują, jakby z godnością i wdzięcznością żegnały się z drzewem, które je stworzyło i wykarmiło. Ten corocznie powtarzający się magiczny spektakl na tych samych drzewach, jest swoistą, niepojętą do końca, emanacją majestatu periodycznego od-



Rys. 2. Zdjęcia autorów eseju, wykonane w jesieni 2022 roku, w prawie wiekowym sadzie rodzinnym W. Mądrego we wsi Sztyłów Kolonia w powiecie piotrkowskim (na obu zdjęciach pokazano 70-letnie drzewo odmiany gruszy Bera Bosca; na lewym zdjęciu drzewo jest w fazie dojrzewania owoców w końcu września, zaś na prawym zdjęciu, drzewo jest w postaci bezlistnej na początku listopada)
Fig. 2. Photos taken by Authors of the essay, taken in the autumn of 2022, in the nearly century-old family orchard of W. Mądry in the village of Sztyłów Kolonia in the Piotrków district (both photos show a 70-year-old Bera Bosca pear tree; on the left photo the tree is in the fruit ripening phase at the end September, while on the right photo, the tree is leafless in early November)

radzania się i przemijania życia, połączone nicią ciągłości jego trwania.

Zima jest też zjawiskowa w starym sadzie – uwidacznia ona w pełnej krasie majestatyczną i monumentalną architekturę pni, konarów i gałęzi pojedynczych drzew, które składają się na zachwycający obraz zimowego, tylko pozornie uśpionego, krajobrazu przyrodniczego. Mróz artysta dokonuje cudu w całej przyrodzie, szczególnie zaś w sadzie. Od późnej jesieni i zimą na niektórych bezlistnych drzewach jabłoni i grusz można podziwiać wciąż wiszące dojrzałe owoce, które mienią się królewskim złotem lub czerwienią, jakby porozwieszane bombki na choince. Chcąc zilustrować to unikalne piękno starych sadów i licznych drzew owocowych, posadzonych dawno temu przy domostwach, posłużymy się załączonymi niżej zdjęciami. Zdjęcia te zostały wykonane

przez autorów eseju w dniu 13 listopada 2022 roku w przepięknej, zabytkowej wsi Białowieża, leżącej nad rzeką Narewka, pośród wiekowych dębów, wiązów i lip, tuż u wrót majestatycznej i jedynej w Europie takiej, Puszczy Białowieskiej. W Białowieży wszystko jest zabytkiem: rody ludzi wielu narodowości (Polaków, Rusinów – głównie Białorusinów, Żydów, Niemców i innych), osiedlanych i żyjących tu od czasów króla Władysława Jagiełły aż do dzisiaj, ich dziedzictwo myśli, kultury i czynu, w tym również architektury budownictwa, a także sędziwe i dostojne, jakże urodziwe drzewa leśne i owocowe. Tutaj, niespotykane gdzie indziej, kunszt i wysmakowane piękno powstałej dawno temu unikalnej architektury drewnianej, dopełniane są licznymi, pozostającymi wciąż w dobrej kondycji, starymi jabłoniemi, gruszkami i wiśniami lokalnych odmian, bardzo



Rys. 3. Białowieża, ponad 100-letni zamieszkały dom przy ul. Tropinka, stojący obok 200-letniej lipy z jemiolą (na lewym zdjęciu dom z lipą i zciekawionym Wiesławem Mądrym, autorem eseju; na prawym zdjęciu zbliżenie samego domu)

Fig. 3. Białowieża, over 100-year-old inhabited house at ul. Tropinka, standing next to a 200-year-old linden tree with mistletoe (on the left photo a house with a linden tree and the curious Wiesław Mądry, the author of the essay; on the right photo a close-up of the house itself)

odpornych na mróz i wiosenne przymrozki oraz choroby.

Szczególnie urokliwe w starych sadach i rosnące w różnych miejscach na wsiach są stare polne grusze, niegdyś tak popularne, znikają z sadów, wiejskich dróg, a zwłaszcza miedz. W krajobrazie Polski spotyka się je coraz rzadziej. Niestety, widok żniwiarzy odpoczywających na miedzy pod gruszą odszedł już w przeszłość. A szkoda i żal ... Pod dziką gruszą miło się wypoczywa. Drzewo daje przyjemny cień, a jego aura jest przyjazna dla człowieka. Na szczęście w Polsce, w krajobrazie wsi, polne grusze można jeszcze wciąż zobaczyć i zachwycić się bez miary tymi często sędziwymi, ale nadal w dobrej kondycji, pomnikami przyrody

i świadkami historii. Jakże wzruszająco jawi się teraz groteskowy opis półwiecznego procesu sądowego (zjawiska typowego dla polskiej szlachty) o dziką gruszę na miedzy pomiędzy rodami szlacheckimi Rzędzianów i Jaworskich we wsi Rzędziany na Podlasiu k. Białegostoku, przedstawiony przez H. Sienkiewicza w powieści *Ogniem i mieczem*.

Sad tradycyjny jest uprawą złożoną ze stosunkowo małej liczby wysokopiennych drzew owocowych starych odmian, zwykle należących do kilku gatunków, posadzonych w dużych rozstawach, na silnie rosnących podkładkach. Taki sad systematycznie kształtuje i utrzuca na długi czas unikalny i cenny ekosystem rolniczy, żyjący w har-



Rys. 4. Białowieża, stara jabłoń z zasiedloną na niej jemiolą

Fig. 4. Białowieża, an old apple tree with mistletoe inhabited on it



Rys. 5. Białowieża, jedyna stara jabłoń w byłym przydomowym ogrodzie (w dalszej perspektywie widać drewniane, zabytkowe budynki gospodarskie)

Fig. 5. Białowieża, the only old apple tree in the former home garden (in the further perspective you can see wooden, historic farm buildings)



Rys. 6. Białowieża, jedyna stara jabłoń w byłym przydomowym ogrodzie (obok niej widać drewniany, zabytkowy budynek gospodarczy)

Fig. 6. Białowieża, the only old apple tree in the former home garden (next to it you can see a wooden, historic farm building)

monii i równowadze, w którym rozwija się nieprzebrane bogactwo flory i fauny, zarówno w glebie, na jej powierzchni, jak i w pniach oraz koronach drzew. We wnętrzu tych koron starych rozłożystych drzew wytwarzane jest specyficzne środowisko i mikroklimat. Sprzyjają one schronieniu i gnieźdzeniu się tam wielu gatunków ptaków i innej bogatej fauny (podobnie, jak w lasach i terenach zadrzewionych).

Stan obecny sadów tradycyjnych i zadania dla społeczeństwa

Niestety, w ciągu ostatnich kilkudziesięciu lat liczba tych cennych agro-ekosystemów, jakie tworzą sady tradycyjne, zmniejszyła się drastycznie. Wszystko wskazuje na to, że jest to trend nieodwracalny. Na szczęście my ludzie, żyjący współcześnie w Polsce możemy wciąż podziwiać wszędzie w naszej Ojczyźnie te ocalałe jeszcze, nieliczne sady tradycyjne, które trwają długo (czasami już prawie 100 lat) w formie niezmięnionej od ich posadzenia i są żywym, dostojnym, choć naznaczonym czasem świadkiem historii, budzącym pamiętne wspomnienia o naszych przodkach i nas samych. Podróżując po kraju, nasze wrażliwe oko zauważy je w całej Polsce, głównie we wsiach najbardziej pielęgnujących etos oraz tradycje wiejskie i rolnicze, na Mazowszu, Ziemi Łódzkiej, Lubelszczyźnie, Małopolsce, Śląsku, Podkarpaciu, Podlasiu, w tym na Ziemi Augustowskiej, Suwalszczyźnie i Wileńszczyźnie oraz pozostałych kresach wschodnich II Rzeczypospolitej, i gdzie indziej też. Świadczą one jak najlepiej o naszych przodkach, o ich nowoczesności oraz ambitnej i sprawdzającej się dalekowzrocznej wizji gospodarowania i stylu życia w tamtych czasach, a także



Rys. 7. Białowieża, stara jabłoń z dużą liczbą wiszących na niej czerwonych owoców w przydomowym ogrodzie (w dalszej perspektywie widać drewniane, zabytkowe budynki gospodarskie)

Fig. 7. Białowieża, an old apple tree with a large number of red fruits hanging on it in a home garden (in the further perspective you can see wooden, historic farm buildings)



Rys. 8. Białowieża, stara jabłoń z dużą liczbą wiszących na niej żółtych złocistych owoców w przydomowym ogrodzie (obok widać drewniany, zabytkowy, odnowiony dom mieszkalny)

Fig. 8. Białowieża, an old apple tree with a large number of yellow golden fruits hanging on it in a home garden (next to it you can see a wooden, historic, renovated residential house)

o ich wrażliwości na piękno przyrody i rozumieniu jej znaczenia. Wszystkie te przymioty sprzyjały podejmowaniu przez dawne pokolenia rolników obowiązku pełnienia także nieomal artystycznej roli kustosza tego powierzonego piękna. Rola ta obejmowała też prestiżowe zakładanie tradycyjnych sadów przydomowych. Te owocujące wciąż rodzime sady tradycyjne (niczym sędziwe gaje

oliwne w Grecji), choć przecież leciwe i zadziwiająco będące stale w dobrej kondycji, są także świadectwem przywiązania kolejnych pokoleń przed nami i nas samych do etosu i tradycji wiejskiej, a przez to, do wytrwałości w szanowaniu dziedzictwa swojej lokalnej Ojczyzny.

My współcześni, pomni wspaniałej spuścizny starych sadów tradycyjnych, stanowiącej niemałe zadanie dla nas, co mamy teraz robić z tym dziedzictwem po naszych przodkach, zarówno ci odpowiedzialni, związani bezpośrednio lub pośrednio z rolnictwem i wsią, jak i ci, co nigdy nie mieli bliskiego kontaktu z taką rzeczywistością. Po pierwsze, jak każdy dar, przyjmijmy go z pokorą i zachwytem oraz wdzięcznością, szacunkiem i pamięcią dla przodków oraz ich chwalebnej myśli i czynów. Po drugie, doceniajmy, zachowujmy i korzystajmy z tego daru jak najrozumniej i cieszymy się nim jak najdłużej w otrzymanej postaci. I po trzecie, jak najroztropniej rozwijajmy i wzbogacajmy treść i sens tej spuścizny, biorąc udział w procesie ciągłości pokoleń – czynmy to nowocześnie wedle obecnej wiedzy, idei, dążeń i potrzeb, tak, aby to dziedzictwo trwało wiecznie i służyło nam dobrze. Z optymizmem i nadzieją należy przyjąć obecne idee, kształtowane przez nowe kierunki nauki, polityki gospodarczej (zwłaszcza tej unijnej, dotyczącej zachowania i kształtowania bioróżnorodności w krajobrazie wiejskim) oraz praktyki rolniczej i społecznej, w których jawi się dobra przyszłość dla zakładania sadów tradycyjnych, może nie w dawnej postaci (wszak nie wchodzimy dwa razy do tej samej wody), ale w formie ochrony wartości i piękna dawnej bioróżnorodności sadów, wraz z efektywnym przyrodniczo i ekonomicznie wykorzystaniem po nowemu starych odmian drzew i krzewów owocowych, bo one na to, bez wątpienia, zasługują.

Co najważniejsze, obserwujemy powrót do sadzenia starych odmian we współczesnych sadach. Wierzmy, że nie tylko my, ale także nasze dzieci i wnukowie będą mogli smakować owoców i przetworów, o zdecydowanie lepszym smaku od tych z supermarketów. Wielu młodych nie zna niezwykłego smaku owoców dawnych odmian jabłoni, grusz czy śliw, a warto dać im poznać to rozkoszne doświadczenie. Aby tak się stało, powinniśmy wszyscy starać się dbać o realizację trzech wyżej wymienionych zadań. Jednakże, najpierw starajmy się poznać najpopularniejsze stare odmiany jabłoni, grusz, śliw i innych gatunków. Kiedyś były one przez naszych przodków wybrane, sprawdzone i uznane za najlepsze dla rodzimych warunków przyrodniczo-gospodarczych. Spełniały oczekiwania zarówno rolników i sadowników, jak i wybrednych konsumentów na wsiach i miastach. Stare odmiany drzew owocowych są bardziej odporne lub tolerancyjne na choroby, szkodniki i mrozy. Dzięki temu, nie wymagają one tak wielu zabiegów pielęgnacyjnych, zwłaszcza chemicznej ochrony roślin.

By trafić na nasz stół, nie muszą być wielokrotnie opryskiwane środkami chemicznymi, dlatego spożywanie ich przez człowieka jest bardzo korzystne dla zdrowia.

Refleksja z konkluzją

My, autorzy tego eseju, pracujący przez lata naukowo na rzecz odkrywania, poznania, ukazowania i skutecznego zachowania nieprzebranej różnorodności biologicznej na obszarach wiejskich i w samym rolnictwie, a także zachwycający się każdego dnia i przy każdej okazji tym niepojętym, cudownym i 'spełniającym swe zadanie' (te trzy ostatnie słowa pochodzą z wiersza ks. Jana Twardowskiego) dziełem stworzenia świata, zachęcamy wszystkich, coraz liczniejszych zwolenników i entuzjastów zdrowego żywienia oraz wrażliwych na piękno przyrody i tradycyjnego krajobrazu wiejskiego, aby przyczyniali się do renesansu starych odmian drzew i krzewów owocowych. Ta myśl dotyczy także starych odmian roślin rolniczych, w tym roślin warzywnych. Przez swoją postawę, presję na rynek owoców i zorganizowaną aktywność społeczną, takie osoby mogą zrobić wiele (wspólnie ze specjalistami) dla dbałości o relikty starych sadów, jako wciąż żywego muzeum różnorodności biologicznej oraz pomników przyrody, które upamiętniają dzieło poprzednich pokoleń. Takie myślenie i działanie byłoby siłą wzmagającą rychły powrót starych, może już zapomnianych, wspaniałych odmian drzew owocowych do naszych sadów, zarówno towarowych, jak i amatorskich. Każdy, kto chciałby przybliżyć sobie te stare odmiany może znaleźć bez trudu przystępną i atrakcyjną wiedzę na ten temat. Najlepiej byłoby skorzystać z narzędzi informatycznych – te są dostępne i całkiem skuteczne w znajdowaniu wiedzy o starych odmianach drzew i krzewów owocowych. Polecamy ją wszystkim zainteresowanym. My już to uczyniliśmy. Studiowanie i rozważanie historii oraz opisów starych odmian drzew owocowych na podstawie różnych bogatych źródeł w internetowych bazach danych, przygotowanych przez fachowców z różnych zaangażowanych instytucji polskich, bardzo nas ubogaciło w zakresie intelektualnym, duchowym i merytorycznym. Pokładamy głęboką nadzieję, że każdy czytelnik tego tekstu, który ma wrażliwość na bioróżnorodność, piękno i moc przyrody oraz wykazuje zrozumienie jej bezcennej wartości dla człowieka (a każdy z ludzi ma taką wrażliwość i miłość do przyrody, zadaną przez Stwórcę i wykształconą przez ewolucję – nazywana jest ona biofilia), zainteresuje się poznawaniem starych odmian drzew owocowych. Jest duża szansa na to, że u takich osób zaowocuje to bardziej humanistycznym i roztropnym myśleniem oraz postępowaniem na chwałę Boga i człowieka, w dzisiejszym, coraz bardziej zunifikowanym i konsumpcyjnym świecie.



SPIS TREŚCI
TABLE OF CONTENTS

Autor / Tytuł Author / Title	Strony / Pages	
	od / from	do / to
MONIKA ŻUREK Wpływ cytoplazm męskosterylnych na plonowanie i cechy agronomiczne odmian mieszańcowych kukurydzy The influence of male-sterile cytoplasm on yields and agronomic traits of maize hybrids	3	9
WIOLETTA MONIKA DYNKOWSKA, MAŁGORZATA RENATA CYRAN Parametry selekcyjne w hodowli nowych odmian pszenicy w aspekcie produkcji żywności funkcjonalnej Selection parameters in breeding of the new wheat cultivars in the aspect of functional food production	11	20
KRYSTYNA ZARZYŃSKA Produktywność nowych odmian ziemniaka w uprawie ekologicznej i konwencjonalnej Productivity of new potato cultivars under organic and conventional production system	21	27
JERZY H. CZEMBOR, ELŻBIETA CZEMBOR, ANETA KISIELA, ELŻBIETA WNUK Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) odmian jęczmienia jarego włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego w roku 2022 Resistance to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) of spring barley varieties from the Post-registration Variety Testing program in 2022	29	37
LIDIA KOWALSKA, TOMASZ GÓRAL Septorioza plew – choroba pszenicy i pszenżyta powodowana przez grzyb <i>Parastagonospora nodorum</i> Septoria nodorum blotch – the disease of wheat and triticale caused by <i>Parastagonospora nodorum</i> fungus	39	53
TOMASZ GÓRAL Application of the detached-leaf technique to evaluate the pathogenicity of isolates of fungi <i>Ascochyta fabae</i> and <i>Botrytis fabae</i> wobec bobiku Zastosowanie metody odciętych liści do oceny patogeniczności izolatów grzybów <i>Ascochyta fabae</i> i <i>Botrytis fabae</i> to faba bean	55	64
IWONA BARTKOWIAK-BRODA <i>Wspomnienie</i> — Profesor dr hab. Jan Krzymański <i>Memory</i> — Professor dr hab. Jan Krzymański	75	78
ELŻBIETA MAŁUSZYŃSKA <i>Wspomnienie</i> — Dr Krystyna Grzelak <i>Memory</i> — Dr Krystyna Grzelak	79	80
WIESŁAW MĄDRY, BARBARA ROSZKOWSKA-MĄDRA <i>List do Redakcji</i> — Piękno i znaczenie starych sadów tradycyjnych (esej filozoficzno-rzeczowy) <i>Letter to Editor</i> — The beauty and importance of old traditional orchards (philosophical essay)	81	85