

**BIULETYN** Nr 289/2020

ISSN 0373-7837

E-ISSN 2657-8913

---

**INSTYTUTU HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN**

---

**BULLETIN**

**OF PLANT BREEDING AND ACCLIMATIZATION INSTITUTE**



*Przegorzan węgierski. Fot. Aleksandra Pindor*

RADZIKÓW 2020  
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE



**BIULETYN  
INSTYTUTU HODOWLI  
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
NR 289/2020**



INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

Dyrektor: Prof. dr hab. Henryk Bujak

Komitety Redakcyjne

NAUKA

Redaktor Naczelny: Danuta Boros

Maja Boczkowska, Henryk J. Czembor, Anna Linkiewicz, Wiesław Mądry, Katarzyna Mikołajczyk,  
Sławomir Podlaski, Barbara Zagdańska

WDROŻENIA

Redaktor Tematyczny: Wojciech Nowacki

Józef Adamczyk, Karol Bujoczek, Andrzej Chodkowski, Wiesław Dzwonkowski, Edward Gacek, Piotr  
Kamiński, Karol Marciniak, Przemysław Matysik, Juliusz Młodecki, Jarosław Mostowski, Adam Stę-  
pień, Roman Warzecha, Sławomir Wróbel

KONFERENCJE

Redaktor Tematyczny: Magdalena Szechyńska-Hebda

Katarzyna Gacek, Wiesław Podyma

Czasopismo ukazuje się od 1951 roku

Redaktor techniczny i skład komputerowy: Aleksandra Pindor

---

# Potencjał produkcji biogazu wybranych traw wieloletnich z rodzaju stokłosa

The biogas potential of selected perennial grasses from genus bromus

Grzegorz Żurek <sup>1</sup>✉, Marcin Martyniak <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05–870 Błonie,

<sup>2</sup> Uniwersytet Warszawski, Wydział Zarządzania, Warszawa

✉ e-mail: g.zurek@ihar.edu.pl

W pracy zaprezentowano wyniki oceny plonowania oraz badań laboratoryjnych parametrów związanych z produkcją biogazu dwóch gatunków z rodzaju stokłosa (bezostna oraz obiedkowata) w porównaniu do tetraploidalnej odmiany życicy trwałej. Kiszonki przygotowano z całych roślin w fazie kłoszenia, w warunkach laboratoryjnych w rękawach foliowych. Biogazodochodowość oznaczano metodą eudiometryczną wg akredytowanej procedury badawczej implementowanej normy DIN 38 414-S8:1985. Wraz z analizą wyników przedstawiono możliwość wykorzystania badanych kiszonek jako alternatywnych substratów dla biogazowni rolniczych.

**Słowa kluczowe:** biogaz, kiszonka z traw, *Lolium perenne*, *Bromus catharticus*, *Bromus inermis*, stokłosa

The paper presents the results of the assessment of yield and laboratory tests of biogas parameters of two species of the genus Bromus, compared to the tetraploid perennial ryegrass. Silage was prepared from whole plants in the heading phase, using the laboratory method in plastic sleeves. Biogas yield was determined by the eudiometric method according to the accredited testing procedure of the implemented DIN 38 414-S8: 1985 standard. Along with the analysis of the results, the possibility of using the examined silage as alternative substrates for agricultural biogas plants was presented.

**Key words:** biogas, grass silage, *Lolium perenne*, *Bromus catharticus*, *Bromus inermis*, rescue grass, brome grass

## Wstęp

Aby zapewnić rozwój gospodarczy przyjazny środowisku, Unia Europejska wyznaczyła priorytety, w których zrównoważona polityka klimatyczna i energetyczna państw powinna się opierać m. in. na oszczędności energii oraz na rozwoju energii pozyskiwanej ze źródeł odnawialnych. Zgodnie z Dyrektywą 2009/28/WE biomasa „agro” może stanowić największe źródło surowców do produkcji bioenergii rozproszonej, szczególnie na obszarach o niskiej wartości rolniczej (gleby ubogie, wymagające rekultywacji, itp.), równocześnie przyczyniając się do ograniczenia importu biomasy z zagranicy. Nowe formy traw i inne rośliny energetyczne o dużym potencjale plonowania i przydatności do zakiszania mogą być czynnikiem aktywizującym koniunkturę polskiego rolnictwa, co łącznie ma duże znaczenie gospodarcze, ekonomiczne i ekologiczne. Biomasa roślinna, zwłaszcza traw, może stanowić największe potencjalne źródło czystej energii w kraju, Europie i na świecie. Jednym z najistotniejszych źródeł energii odnawialnej jest produkcja biogazu, dostarczająca dodatkowo korzyści

środowiskowych i mogąca zwiększyć dochody rolników (Oslaj i in. 2010). Ważnym elementem, warunkującym rozwój biogazowni jest możliwość zapewnienia stałego dopływu surowca, szczególnie pochodzenia roślinnego. Równocześnie biogazownie stanowią źródło energii na obszarach słabiej zurbanizowanych. Inwestycje związane z pozyskiwaniem biogazu są w grupie działań przewidzianych do realizacji dla poprawy bezpieczeństwa energetycznego kraju w Strategii na Rzecz Odpowiedzialnego Rozwoju do roku 2020. W wyniku realizacji planu stabilizacji cen żywności, chętnie wykorzystywane energetycznie rośliny takie jak kukurydza, zboża, czy buraki cukrowe w najbliższych latach będą sukcesywnie zastępowane alternatywną biomasą o wysokim plonowaniu i wysokim potencjale biogazowym np. sorgo (Matyka, Księżak 2012).

Możliwe jest również pozyskiwanie biomasy z upraw prowadzonych na nieużytkach lub gruntach o niskiej przydatności rolniczej, przy zastosowaniu wieloletnich gatunków traw o specyficznych predyspozycjach i zdolności do wykształcania biomasy, której parametry

technologiczne nie będą wymagały zmian w technologii eksploatacji instalacji biogazowych. Istnieje zatem konieczność przebadania różnych, również mniej popularnych, gatunków traw wieloletnich, dla uzyskania informacji o ich potencjalnej przydatności.

Spośród wielu gatunków traw wieloletnich przydatnych do uprawy w Polsce, istnieją takie, które spełniają podstawowe kryteria przydatności do uprawy na terenach o niskiej wartości rolniczej. Są to gatunki o opisanych w literaturze predyspozycjach do wzrostu i rozwoju również na gruntach o niskiej wartości rolniczej jak np. kostrzewa trzcinowata (*Festuca arundinacea* Schreb.), mozga trzcinowata (*Phalaris arundinacea* L.), perz wydłużony (*Elymus elongatus* (Host) Runemark), stokłosa bezostna (*Bromus inermis* Leyss.) czy stokłosa obiedkowata (*Bromus catharticus* Vahl.). O ile pierwsze z wymienionych powyżej gatunków posiadają już udokumentowane charakterystyki jakości biomasy, zarówno w procesie spalania jak i produkcji biogazu (Dickeduisberg i wsp. 2017; Mast i wsp. 2014; Lalak i wsp. 2016; Kulig i wsp. 2015; Martyniak i wsp. 2017; Żurek i Martyniak 2012; Przybysz i wsp. 2019) o tyle dwa ostatnie są znacznie słabiej rozpoznane pod tym kątem.

Stokłosa bezostna jest gatunkiem pospolitym na stanowiskach suchych, na przydrożach, nasypach, nasłonecznionych skarpach, o podłożu zasobnym w składniki mineralne oraz o odczynie obojętnym lub lekko zasadowym. Gatunek ten może być stosowany do obsiewu łąk i pastwisk na podłożu średnio żyznym, piaszczystym i mogącym okresowo przesycać. Z kolei stokłosa obiedkowata jest gatunkiem mniej popularnym, czasem stosowanym na cele pastewne. Gatunek ten odznacza się dobrą zimotrwałością oraz względnie wysoką odpornością na okresowe susze. Ma niewielkie wymagania glebowe. Gatunek ten może być zatem przydatny do produkcji biomasy na cele energetyczne. W dostępnej literaturze brak jest informacji o potencjale biogazowym tych gatunków.

Celem pracy było określenie wydajności biogazu i plonu metanu oraz dynamiki procesu fermentacji kiszzonek z dwóch wybranych gatunków traw wieloletnich z rodzaju stokłosa w ramach poszukiwania alternatywnych substratów dla biogazowni rolniczych.

## Material i Metody

Do badań wybrano dwa gatunki z rodzaju stokłosa: stokłosa obiedkowata (*Bromus catharticus* Vahl.), ród nr 19 oraz stokłosa bezostna (*Bromus inermis* Leyss), ród 1-Lin. Dla porównania

zastosowano odmianę pastewną, tetraploidalną 'Flinston' życicy trwałej (*Lolium perenne* L.).

Doświadczenie polowe z wymienionymi wyżej odmianami traw założono w układzie losowanych bloków w roku 2011 w DANKO Hodowla Roślin sp. z o.o., Zakład Hodowli Roślin Oddział w Szelejewie (woj. wielkopolskie) na średniozwięzłej glebie klasy IV. Gleba ta, określona jako glina piaszczysta, zawierała średnio 68,5% piasku, 28,5% pyłu oraz 3% ilu. Zawartość substancji organicznej wynosiła 1,1%, odczyn (pH) – 7,2. Zawartości makroelementów, wyrażone w mg/l gleby kształtowały się następująco: N ogólny – 25,8; P – 64,7; K – 95,3; Ca – 712,2 oraz Mg – 127,8.

Warunki pogodowe w latach realizacji doświadczenia były stosunkowo sprzyjające, zwłaszcza opady w miesiącach (czerwiec, lipiec i sierpień) były wysokie (tab. 1).

Wykonano niezbędne prace techniczne i pielęgnacyjne, m.in. przygotowanie stanowiska, uprawę gleby oraz wysiew nawozów mineralnych przedsięwzięcie w dawce 150 kg/ha (Polifoska (6:20:30) oraz wiosną i po każdym pokosie saletrę amonową 34% N w dawce 30 kg czystego składnika na ha.

Plony biomasy oceniano, kosząc poszczególne odmiany w fazie pełni kłoszenia (pierwszy pokos) oraz po 7 – 8 tygodniach odrostu (drugi pokos) oraz za każdy razem zbierając biomasę z powierzchni ok. 10 m<sup>2</sup>, w 3 – 4 punktach na powtórzenie. Koszenia wykonano kosiarką listwową o szerokości roboczej 90 cm na wysokość ok. 10 cm. Plony oceniano w latach 2012 i 2013.

Badania laboratoryjne wykonano w Laboratorium Badawczym Technologii i Biosystemów Rolniczych Instytutu Technologiczno-Przyrodniczego w Falentach oddział w Poznaniu, które posiadało akredytację polskiego Centrum Akredytacji (PCA) nr AB 116 w zakresie badań zawartości suchej masy, suchej masy organicznej i uzysku biogazu metoda eudiometryczną.

Kiszonki otrzymano z pobranych losowo, świeżo skoszonych części nadziemnych całych roślin w fazie kłoszenia. Kiszonki sporządzono metodą zaszczepiania preparatem Labacsil® firmy Sano. Sieczki o długości odcinków 2–3 cm, zamglawiano mieszaniną Labacsil® Acid i Labacsil® Bakterie zgodnie z instrukcją producenta w proporcji dla kiszonki z traw tj. 100 l wody: 10 kg granulatu Acid: 100 g liofilizatu Bakterii: 100 t sieczki trawy. Sieczkę z biomasy umieszczano w odpowietrzanych rękawach foliowych o pojemności 5 l i zagęszczano poprzez ubijanie. Proces zakiszania trwał 6 tygodni w temperaturze inkubacji 32°C, co symulowało warunki panujące we wnętrzu przyzmy.

Tabela 1

Table 1

Wartości średnich temperatur powietrza oraz miesięczne sumy opadów panujące w okresie realizacji doświadczenia na tle wartości z wielolecia.

Mean values of monthly air temperature and sum of monthly rainfalls during the vegetation season against the background of normal values.

Miesiąc / month	Rok / Year	Parametr:	
		temperatura / temperature [°C]	opad / rainfall [mm]
Marzec / March	2011	6,0	47,2
	2012	5,2	38,1
	1981 - 2000	3,6	37,8
Kwiecień / April	2011	9,1	44,0
	2012	9,6	22,0
	1981 - 2000	8,8	31,3
Maj / May	2011	13,4	13,6
	2012	15,7	23,4
	1981 - 2000	14,0	49,5
Czerwiec / June	2011	16,6	50,2
	2012	16,7	79,8
	1981 - 2000	16,6	56,8
Lipiec / July	2011	20,1	59,4
	2012	19,8	85,6
	1981 - 2000	18,9	75,7
Sierpień / August	2011	22,8	68,8
	2012	19,2	73,6
	1981 - 2000	18,3	60,8
Wrzesień / September	2011	15,2	29,8
	2012	15,9	32,8
	1981 - 2000	13,7	41,7
Średnia - suma za okres wegetacyjny	2011	14,7	313,0
	2012	14,6	355,3
	1981 - 2000	13,4	353,6

Analizy chemiczne przeprowadzone zostały w 4 powtórzeniach wg: PN-EN 12880, PN-EN 12879, PN-EN 12176:2001. Określenie wydajności biogazowej oraz charakterystykę dynamiki biogazowania próbek substratów przeprowadzono w oparciu o walidowaną i akredytowaną procedurę badawczą: PB-01/LBMPZ-2008/FM metodą DIN 38 414-S8:1985. Badania wykonano w termostatowanym zestawie eudiometrycznym o pojemności butli fermentacyjnej 1000 ml, w eudiometrach o pojemności 600 ml biogazu. Fermentację statyczną prowadzono w temperaturze  $37 \pm 0,1^\circ\text{C}$ , stosując standaryzowany, wygłodzony inokulat bakterii fermentacji metanowej z hodowli ciągłej w anaerostacie laboratoryjnym w ilości  $360 \pm 0,5$  g, oraz próbki

nierozdrabnianych kiszzonek traw o masie  $40 \pm 0,5$  g. Dla każdej kiszzoneki wykonano badanie w 3 powtórzeniach. Do obliczenia potencjału produkcji biogazu z badanych próbek (biogazodochodowość netto) zastosowano próbę kontrolną inokulatu o masie 400 g. Normalizację codziennych odczytów objętości gazu wykonano dla  $0^\circ\text{C}$  i 1013 hPa. Badanie zawartości metanu i stężenia zanieczyszczeń przeprowadzono wprost z eudiometrów analizatorem biogazu GA2000 firmy Geotechnical Instruments Ltd.

O istotności różnic pomiędzy średnimi wartościami cech wnioskowano z prawdopodobieństwem 95% w oparciu o analizy statystyczne zrealizowane za pomocą pakietu STATISTICA 12.0. Wartości NIR obliczono za pomocą testu Fishera.

Tabela 2  
Table 2

## Wyniki oceny plonowania zielonej i suchej masy badanych gatunków traw (średnie z 2 lat pomiarów)

## Results of green and dry matter yields estimation for tested grass species (means from two years)

Gatunek Species	Plony zielonej masy [Mg·ha <sup>-1</sup> ] Green forage yields [Mg·ha <sup>-1</sup> ] pokosy / cuts			Łączny plon suchej masy Total dry matter yield [Mg·ha <sup>-1</sup> ]
	1	2	1 + 2	
<i>Lolium perenne</i>	22,3	12,0	34,3	6,07 ± 0,9
<i>Bromus catharticus</i>	33,9	31,2	65,1	14,2 ± 2,1
<i>Bromus inermis</i>	23,7	17,9	41,6	8,4 ± 1,4
NIR/LSD (P<95%)	5,4	5,1	10,2	4,2

## Wyniki i Dyskusja

## Plony biomasy

Gatunkiem plonującym najwyżej, spośród badanych w niniejszej pracy, była stokłosa obiedkowata, której średnie plony z 2 lat obserwacji wynosiły ponad 14 ton suchej masy z ha (tab. 2). Bardzo istotny w kształtowaniu plonów tego gatunku był drugi pokos, stanowiący ok. 48% sumy pokosów. Jest to jedna z cech charakterystycznych tego gatunku (Falkowski, 1982).

W przypadku stokłosa bezostnej drugi pokos stanowił 43% całego plonu a dla życicy – 35%, w przypadku której otrzymano najniższe plony biomasy. Uzyskane w niniejszym doświadczeniu plony mieszczą się w przedziałach wartości uzyskiwanych np. w doświadczeniach porejestrowych COBORU, przez gatunki traw wieloletnich zbliżone pokrojem i potencjałem w produkcji biomasy do badanych w niniejszym doświadczeniu. Dla przykładu średni plon suchej masy 13 odmian kupkówki pospolitej z doświadczeń w roku 2012 wynosił 13,5 Mg ha<sup>-1</sup>, natomiast dla 6 odmian kostrzewy trzcinowej było to 12,9 Mg ha<sup>-1</sup>. Średnie plony 32 odmian życicy trwałej z lat 2010 – 2012 wyniosły natomiast 7,9 Mg·ha<sup>-1</sup> (COBORU, 2013). W badaniach Skrabka i wsp. (1979) uzyskano podobne wartości plonu suchej masy odmiany ‘Una’ stokłosa obiedkowatej – od 14 do 18 Mg ha<sup>-1</sup>, w zależności od poziomu nawożenia. Według tych samych autorów, badana równolegle odmiana ‘Brudzińska’ stokłosa bezostnej plonowała ok. 28% niżej niż stokłosa obiedkowata. Podobną zależność odnotowano w niniejszych badaniach, aczkolwiek skala zróżnicowania była większa.

## Analizy potencjału biogazowego kiszonek

Z porównania wyników analizy podstawowej wykonanej na próbkach zielonki i kiszonki (tab. 3) badanych roślin wynika, że najniższą zawartością

suchej masy (sm) i suchej masy organicznej (smo) charakteryzowały się zarówno świeża jak i kiszona tetraploidalna życica trwała (4x) var. Flinston. W przypadku zielonki było to 17,7 ± 0,3% suchej masy i 83,83 ± 2,51% suchej masy organicznej. Z kolei w kiszonce parametry te przyjęły wartości, odpowiednio: 14 ± 0,3% oraz 79,52 ± 2,39%.

Wyliczony ubytek materii organicznej w czasie kisznienia tej odmiany wyniósł 37 – 42 g·kg<sup>-1</sup>. Jednocześnie wszystkie uzyskane wyniki cechowało najniższe odchylenie standardowe, w porównaniu do pozostałych badanych odmian. Może to wskazywać na względnie największą jednorodność badanego materiału odmiany Flinston. Kiszonka z tego gatunku trawy charakteryzowała się dość zbitą i lekko mazistą konsystencją dając największy ubytek objętości i największą ilość odcieku soku kiszonkowego w stosunku do porównywanych gatunków.

Zielonka stokłosa obiedkowatej charakteryzowała się najwyższymi wynikami zawartości suchej masy (21,9±0,4%) oraz suchej masy organicznej (89,54±2,7%). W przypadku kiszonki było to, odpowiednio 19,1±0,4% oraz 87,38±2,62%. Stosunkowo wysokie odchylenie standardowe świadczy o relatywnie większej niejednorodności struktury materiału roślinnego. Jakościowo kiszonka była najbardziej sypka, o najmniejszych stratach objętości i odcieku, ubytek masy organicznej wynosił 28,0–29,2 g·kg<sup>-1</sup>.

Pośrednie wyniki uzyskano dla stokłosa bezostnej. Z zielonki o zawartości suchej masy 20,2 ± 0,4% i suchej masy organicznej 88,9 ± 2,7%, otrzymano kiszonkę o konsystencji lekko zwartej, łatwo rozpadającej się, o średnim ubytku objętości i stracie materii organicznej w zakresie 31,9 – 32,2 g·kg<sup>-1</sup>. Zawartość suchej masy kiszonki to 17,0±0,3% a suchej masy organicznej 86,86 ± 2,61%. Jest to kiszonka o najwyższym odczynie pH,



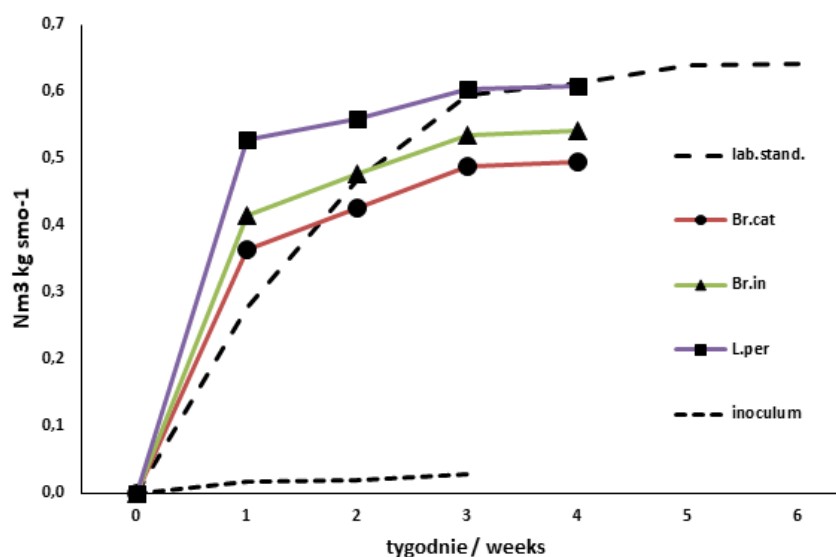
Tabela 3

Table 3

Wyniki analizy podstawowej próbek materiału organicznego zielonki oraz kiszonek badanych traw wieloletnich (średnie  $\pm$  błąd standardowy).

Results of basic analysis of green crop and silage made from tested grass species (mean  $\pm$  standard errors)

Gatunek/ Species	pH (H <sub>2</sub> O)	w % / in %			
		sucha masa dry matter	wilgotność moisture	sucha masa org. org. dry matter	popiół ash
Zielonka / Green forage					
<i>Lolium perenne</i>	6,16 $\pm$ 0,02	17,7 $\pm$ 0,3	82,3 $\pm$ 1,6	83,8 $\pm$ 2,5	16,17 $\pm$ 0,5
<i>Bromus carinatus</i>	6,52 $\pm$ 0,02	21,9 $\pm$ 0,4	78,0 $\pm$ 1,6	89,5 $\pm$ 2,7	10,5 $\pm$ 0,3
<i>Bromus inermis</i>	6,48 $\pm$ 0,02	20,2 $\pm$ 0,4	79,7 $\pm$ 1,6	88,9 $\pm$ 2,7	11,1 $\pm$ 0,3
Kiszonka / Silage					
<i>Lolium perenne</i>	4,90 $\pm$ 0,02	14,0 $\pm$ 0,3	86,0 $\pm$ 1,7	79,5 $\pm$ 2,4	20,5 $\pm$ 0,6
<i>Bromus carinatus</i>	4,98 $\pm$ 0,02	19,1 $\pm$ 0,4	80,9 $\pm$ 1,6	87,4 $\pm$ 2,6	12,6 $\pm$ 0,4
<i>Bromus inermis</i>	6,29 $\pm$ 0,02	17,0 $\pm$ 0,3	83,0 $\pm$ 1,7	86,9 $\pm$ 2,6	13,3 $\pm$ 0,4
NIR/LSD (P<95%)	0,38	2,5	4,50	5,2	6,1



Legenda: lab.stand. – standard laboratoryjny, Br.cat. – *Bromus catharticus*, Br.in – *Bromus inermis*, L.per – *Lolium perenne*.

Ryc. 1. Przebieg fermentacji biogazowej badanych kiszonek z traw wieloletnich w porównaniu ze standardem laboratoryjnym - kiszonka z kukurydzy o wydajności 0,642 Nm<sup>3</sup> kg smo<sup>-1</sup>.

Fig. 1. The course of methane fermentation of silages made from tested grass species as compared to laboratory standard – maize silage (0.642 Nm<sup>3</sup> kg dom<sup>-1</sup>).

który po 6 tygodniach kiszenia wynosił 6,29 i był niewiele bardziej kwasowy niż zielonka, której pH wynosiło 6,48.

Wyniki badań dotyczące uzysku biogazu wskazują na wysoki potencjał biogazotwórczy próbek kiszonki z badanych traw oraz zawartość metanu na średnim poziomie. Fermentacja trwała 4 tygodnie i charakteryzowała się bardzo stabilnym przebiegiem (ryc. 1).

W przeliczeniu na zawartość suchej masy organicznej najwyższy potencjał w zakresie produkcji

biogazu wynoszący 0,6119  $\pm$  0,0324 Nm<sup>3</sup> kg·smo<sup>-1</sup>, przy średnim stężeniu metanu 54,8% prezentowała kiszonka z życicy trwałej. Biomasa traw z rodzaju stokłosa wykazała niższy potencjał do produkcji biogazu, w zakresie od 0,4852  $\pm$  0,0257 Nm<sup>3</sup> kg·smo<sup>-1</sup> (stokłosa obiedkowata) do 0,5183  $\pm$  0,0275 Nm<sup>3</sup> kg·smo<sup>-1</sup> (stokłosa bezostna), z kolei stężenie metanu było niższe i nie przekraczało 50,5%.

Jak obrazuje wykres przebiegu fermentacji (rys. 1), dynamika procesu była przyspieszona

Tabela 4

Table 4

Średnie stężenia metanu i zanieczyszczeń biogazu w przebiegu fermentacji biogazowej próbek materiału organicznego badanych gatunków traw wieloletnich

Mean methane concentration and biogas impurities after fermentation of organic material samples of tested perennial grasses

Parametry jakościowe biogazu / Biogas quality parameters	<i>Lolium perenne</i>	<i>Bromus catharticus</i>	<i>Bromus inermis</i>	K0 - inoculat	NIR / LSD (P < 95%)
Uzysk biogazu [Nm <sup>3</sup> /kg smo] / Biogas yield [Nm <sup>3</sup> /kg odm]	0,612 ± 0,03	0,485 ± 0,026	0,518 ± 0,028	0,029 ± 0,001	68,2
CH <sub>4</sub> [%]	54,8	50,23	50,42	49,2	1,3
CO <sub>2</sub> [%]	36,1	38,33	41,18	43,82	2,5
O <sub>2</sub> [%]	0,43	0,13	2,38	2,38	1,1
H <sub>2</sub> S [mg kg <sup>-1</sup> ]	272	280	298	36	15,1
N <sub>2</sub> O [mg/m <sup>3</sup> ]	8,4	6,25	7,6	0,45	1,25
NH <sub>3</sub> [mg/m <sup>3</sup> ]	1,2	0,51	1,04	0,01*	0,91

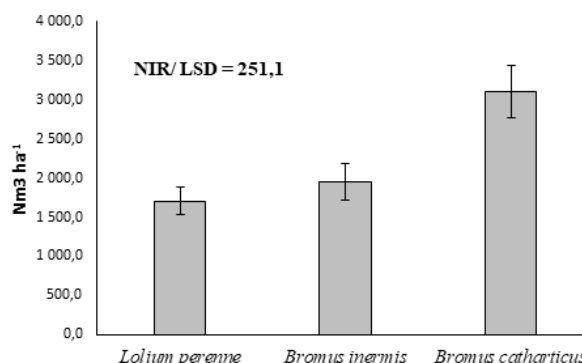
i wyprzedzająca w stosunku do standardu laboratoryjnego (kiszonka z kukurydzy), co było szczególnie wyraźne w przypadku życicy trwałej. Proces spowolniony ale wyprzedzający z równomiernym zgazowywaniem zaobserwowano dla kiszonki ze stokłosy bezostnej.

Badane próbki uległy fermentacji w czasie krótszym niż standard laboratoryjny. Po 3 tygodniach fermentacji uzyskano z nich już ponad 98% całej ilości biogazu, podczas gdy dla standardu laboratoryjnego było to 92,5%. Fakt ten może mieć znaczenie w kontekście ekonomiki wykorzystania fermentatora. Praktycznie, po upływie 3 tygodni od rozpoczęcia fermentacji kiszonki z badanych gatunków traw wieloletnich można dokonać kolejnego napełnienia zbiornika i zainicjować kolejny proces produkcji biogazu. Kiszonka z kukurydzy potrzebuje natomiast jeszcze ok. 2 tygodni aby zakończyć wygazowywanie. Zastosowanie kiszonki z traw takich jak te, które opisywane są w niniejszej pracy, zwiększa przepustowość komory fermentacyjnej, umożliwiając uzyskanie większej ilości biogazu w jednostce czasu.

W przypadku nowo budowanych biogazowni, skrócenie wygazowywania (tzw. retencji) biomasy, pozwala na wybudowanie komór fermentacyjnych o mniejszej pojemności całkowitej, co stanowi ewidentną oszczędność dla inwestora. Dlatego też przed podjęciem decyzji o wielkości mocy planowanej biogazowni należy bezwzględnie zasięgnąć informacji w kompetentnej placówce naukowo – badawczej co do składu biomasy optymalnej dla danego rodzaju gleby w lokalizacjach, z których mogłaby być kontraktowana biomasa, z równoczesnym uwzględnieniem optymalnych parametrów wygazowania (Łukaszek i wsp. 2011).

Uwzględniając uzyskane plony biomasy, ilości biogazu oraz oznaczoną w nim zawartość metanu można określić potencjalny plon metanu z jednostki powierzchni uprawy (rys. 2). Najwyższą wartość tej cechy stwierdzono dla stokłosy obiedkowanej – było to średnio 3104,1 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup> metanu. Dla pozostałych gatunków uzyskano mniejsze wartości – od 1951,3 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup> dla stokłosy bezostnej po 1706 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup> dla życicy trwałej (rys. 2).

Uzyskane wyniki wskazują na decydującą rolę plonu biomasy z jednostki powierzchni w kształtowaniu efektywności pozyskiwania metanu. Podobne wyniki uzyskali np. Ust'ak i wsp. (2013) dla życicy trwałej (1974,0 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>), w porównaniu do np. kupkówki (2555 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>) czy kostrzewy trzcinowej (2648 Nm<sup>3</sup>·ha<sup>-1</sup>). Wydajności biogazu z biomasy roślin łąkowych i traw zazwyczaj wahają się w granicach od ok. 0,460 do ponad 0,600 Nm<sup>3</sup> kg·smo<sup>-1</sup> (Matyka i Książak 2012; Mast i wsp. 2014).



Ryc. 2. Plon metanu z jednostki powierzchni uprawy badanych gatunków traw.

Fig. 2. Methane hectare yield for tested grass species.

Roślinami o relatywnie największych wartościach tej cechy, oprócz kukurydzy, są rośliny cyklu C4 fotosyntezy, takie jak sorgo czy gatunki z rodzaju miskantus (El Bassam, 2010; Purwin i wsp. 2014). Co ciekawe, również stokłosa obiedkowata uważana jest za gatunek wykazujący pewne cechy metaboliczne fotosyntezy typu C4 (Falkowski, 1982). W wypadku tego gatunku przekłada się to np. na wyrównane plonowanie w sezonie. Oprócz tego gatunek ten charakteryzuje się dużą ilością cukrów redukujących w okresie letnim oraz dużą zawartością celulozy, hemicelulozy i ligninu (Falkowski, 1982). W niniejszym opracowaniu dla gatunku tego stwierdzono relatywnie najniższą wartość produkcji biogazu z jednostki suchej masy organicznej a uzyskany wynik, związany z największym plonem metanu z jednostki powierzchni uprawy jest konsekwencją najwyższego plonu biomasy.

### Wnioski

1. Stwierdzono różnice w wydajności biogazowej badanych odmian traw z rodzaju stokłosa, z których w stosunku do standardu laboratoryjnego (kiszonka z kukurydzy,  $0,642 \text{ Nm}^3 \text{ kg} \cdot \text{smo}^{-1}$ ) uzyskano od ok. 20% do 29% mniej biogazu (odpowiednio,  $0,518 \text{ Nm}^3 \text{ kg} \cdot \text{smo}^{-1}$  – stokłosa bezostna,  $0,458 \text{ Nm}^3 \text{ kg} \cdot \text{smo}^{-1}$  – stokłosa obiedkowata).
2. Najwyższy plon metanu z jednostki powierzchni uprawy ( $3104,1 \text{ Nm}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \text{ CH}_4$ ) stwierdzono dla stokłosa obiedkowatej. Dla pozostałych badanych gatunków traw wartości tej cechy były znacznie niższe.
3. Czynnikiem determinującym ilość uzyskanego metanu z jednostki powierzchni uprawy badanych gatunków traw z rodzaju stokłosa był plon biomasy.
4. Kiszonka uzyskana ze stokłosa bezostnej charakteryzowała się znacznie przyspieszoną, w porównaniu do kukurydzy, dynamiką wygazowania. Cecha ta jest bardzo istotna w kontekście skrócenia procesu fermentacji.
5. Trawy wieloletnie, w tym również badane gatunki z rodzaju stokłosa, stanowią cenny surowiec dla biogazowni pozyskany z gleb o słabej wartości rolniczej.

### Literatura

COBORU. (2013). Wyniki porejestrowych doświadczeń odmianowych. Trawy pastewne 2012 (kostrzewa czerwona, kostrzewa łąkowa, kostrzewa trzcinowa, kupkówka pospolita, życica trwała). Nr. 100, Wyd. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, 65/2013, n.350 str. 1–80.

- Dickeduisberg M., Laser, H., Tonn, B., Isselstein, J. (2017). Tall wheatgrass (*Agropyron elongatum*) for biogas production: crop management more important for biomass and methane yield than grass provenance. *Industrial Crops and Products*, 97: 653–663.
- El Bassam, N. (2010). *Handbook of bioenergy crops*. Earthscan, 1–516.
- Falkowski, M. (1982). *Trawy Polskie*. PWRiL, Warszawa, s. 565.
- Kulig, R., Skonecki, S., Michałek, W., Martyniak, D., Piekarski, W., Różyło, R. (2015). The compaction process of *Andropogon gerardii* in terms of the production of ecological solid fuel. *Polish Journal of Environmental Studies*, 24 (6): 2473–2477.
- Lalak, J., Kasprzycka, A., Martyniak, D., Tys, J. (2017). Effect of biological treatment of *Agropyron elongatum* 'BAMAR' on biogas production by anaerobic digestion. *Bioresource Technology*, 200 (2016):194–200.
- Łukaszek, O., Łukaszek, W., Bartkiewicz, K. (2011). Polska technologia produkcji energii elektrycznej – aspekty ekonomiczne, techniczne i surowcowe. *Czysta Energia*, nr 7- 8/2011: 40–42.
- Martyniak D., Martyniak J. (2011). Perz wydłużony – źródłem taniej fitoenergii (bioenergii). *Czysta Energia* nr 7 – 8/2011: 20–21.
- Martyniak D., Żurek G., Prokopiuk K. (2017). Biomass yield and quality of wild populations of tall wheatgrass [*Elymus elongatus* (Host.) Runemark]. *Biomass & Bioenergy*, 10: 21–29.
- Mast, B., Lemmer, A., Oechsner, H., Reinhardt-Hanisch, A., Claupein, W., Graeff-Höninger, S., (2014). Methane yield potential of novel perennial biogascrops influenced by harvest date. *Ind. Crops Prod.* 58, 194–203.
- Matyka, M., Książak, J. (2012). Plonowanie wybranych gatunków roślin, wykorzystywanych do produkcji biogazu. *Probl. Inż. Roln. (I-III)*: 1 (75) s. 69–75.
- Purwin, C., Pysera, B., Fijałkowska, M., Tywoncuk, J. (2014). Efektywne metody konserwacji biomasy z celowych upraw energetycznych. W: Gołaszewski J. (red.) *Modelowe kompleksy agroenergetyczne: technologie pozyskania i kondycjonowania biomasy rolniczej i wodnej dla biogazowni i zgazowarki*. Wydawnictwo UW-M, Olsztyn, 396–415.
- Skrabka, H., Stachurska, A., Szuwalska, Z. (1979). Dynamika przyrostu masy i produktywność stokłosa bezostnej i stokłosa uniolowatej przy zróżnicowanym nawożeniu azotem w doświadczeniu polowym. Cz. I. Wskaźniki produktywności i plony. *Acta Agrobotanica*, vol. XXXII, (1): 53–68.
- StatSoft Inc. (2014). *STATISTICA (data analysis software system)*, version 12. [www.statsoft.com](http://www.statsoft.com).
- Przybysz, K., Małachowska, W., Martyniak, D., Boruszewski, P., Kalinowska, H., Przybysz, P. (2019). Production of Sugar Feedstocks for Fermentation Processes from Selected Fast Growing Grasses. *Energies*, 12, 3129.

- Ust'ak, S., Kohoutek, A., Muñoz, J., Odstračilova, V., Komárek, P., Nerušil, P., Němcová, P. (2013). Potential production of biogas of selected grassland species from renovated grasslands. *Grassland Science in Europe*, vol. 18: 572–574.
- Żurek, G., Martyniak, D. (2012). Energia odnawialna z biomasy traw wieloletnich – perspektywy i bariery. W: *Praca zbiorowa pod red. B. Mickiewicza, Najnowsze osiągnięcia z zakresu OZE wraz z przedstawieniem barier we wdrażaniu wyników badań do praktyki gospodarczej oraz sugestiami ich rozwiązań*. Wyd. Feniks, Koszalin: 145–159.

# Wpływ biostymulatorów na plon i jakość bulw ziemniaka uprawianego w warunkach suszy i wysokiej temperatury

The effect of biostimulators on the yield and quality of potato tubers grown in drought and high temperature conditions

Cezary Trawczyński

Zakład Agronomii Ziemniaka, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Jadwisinie,  
✉ c.trawczyński@ihar.edu.pl

W latach 2018 – 2019 przeprowadzono na glebie lekkiej badania polowe nad określeniem wpływu dolistnego dokarmiania roślin ziemniaka biostymulatorami: Krzemian (preparat krzemowy), Naturamin Plus i Naturamin WSP (preparaty aminokwasowe) na plon i jakość bulw ziemniaka. W każdym roku wykonywano dwa zabiegi dolistnego dokarmiania w fazach BBCH 19 i 39 (preparatami Naturamin Plus i Naturamin WSP) oraz 39 i 70 (preparatem Krzemian). Kontrolę stanowił obiekt bez dolistnego dokarmiania i stosowania wody. Nawożenie organiczne stanowiły przyorywane każdego roku: słoma z pszenżyta ozimego i zielona masa międzyplonu z gorczycy białej. Nawożenie mineralne stosowano w dawkach: 100 kg·ha<sup>-1</sup> N, 26,2 kg·ha<sup>-1</sup> P i 99,6 kg·ha<sup>-1</sup> K. Pod wpływem zastosowanych preparatów uzyskano w badaniach zbliżony przyrost plonu bulw, większy o 17,3% w porównaniu do kontroli. Większy przyrost plonu bulw pod wpływem preparatów uzyskano w 2018 roku, o mniejszym niedoborze opadów i wyższej temperaturze powietrza, niż w 2019 roku. Pod wpływem zastosowanych preparatów uzyskano istotny wzrost zawartości skrobi, suchej masy i witaminy C w bulwach, a preparat Krzemian spowodował obniżenie poziomu azotanów (V) w bulwach w porównaniu do obiektu kontrolnego.

**Słowa kluczowe:** biostymulatory, jakość bulw, plon, warunki pogodowe, ziemniak

In the years 2018 – 2019, field trials were carried out on light soil on the effect of foliar fertilization of potato plants with biostimulators: Krzemian (silicon preparation), Naturamin Plus and Naturamin WSP (amino acid preparations) with regard to the yield and quality of potato tubers. Each year, two foliar fertilization treatments were carried in BBCH 19 and 39 phases - Naturamin Plus and Naturamin WSP preparations, and 39 and 70 – silicate preparation. The control was without foliar fertilization, water being used instead. The soil was amended each year by incorporating through ploughing, straw from winter triticale and green intercrop from white mustard, while mineral fertilization was applied in the following doses: 100 kg·ha<sup>-1</sup> N, 26.2 kg·ha<sup>-1</sup> P and 99.6 kg·ha<sup>-1</sup> K. Under the influence of the preparations used in the studies, a similar increase in tuber yield was obtained, higher by 17.3% compared to the control. A greater increase in tuber yield under the influence of preparations was obtained in the year of 2018, with less rainfall deficiency and higher air temperature than in the year of 2019. Under the influence of the preparations used, a significant increase in the content of starch, dry matter and vitamin C in tubers was obtained, but the preparation of Krzemian caused a decrease in the level of nitrates (V) in tubers, compared to the control.

**Key words:** biostimulators, quality of tubers, yield, weather conditions, potato

## Wstęp

Zapobieganie niekorzystnemu przebiegowi pogody na vegetację roślin oraz aktywacja naturalnych systemów obronnych, stymulujących ich wzrost i rozwój powinny stanowić podstawę działań profilaktycznych w nowoczesnych, proekologicznych technologiach produkcji ziemniaka (Rykaczewska 2013, Sharma i in. 2014). Jednym ze sposobów poprawy kondycji roślin w warunkach niekorzystnego układu warunków pogodowych, a przez to uzyskiwania odpowiednio wysokiego plonu i właściwej jakości bulw może być dolistne dokarmianie roślin preparatami

zawierającymi związki bioaktywne i szybko przyswajalne formy składników pokarmowych (Erlchowski i Pawińska 2003, Trawczyński 2013, Wierzbowska i in. 2015). Stąd biostymulatory budzą coraz większe zainteresowanie producentów różnych gatunków roślin rolniczych, w tym ziemniaka. Produkty te poprzez rodzaj pochodzenia i wytwarzanie w różnych technologiach klasyfikuje się obecnie na kilka klas (Du Jardin 2015). Z uwagi na zróżnicowanie technologiczne i obecność w składzie różnych pierwiastków i substancji bioaktywnych działanie tych preparatów zależy może od specyfiki poszczególnych

gatunków roślin. Oznacza to, że w przypadku jednych gatunków może być korzystne, a w odniesieniu do innych nie przynosić pożądanych efektów, co wynikać może z wrażliwości roślin na określone cząsteczki bioaktywne (Ertani i in. 2011). Dlatego coraz szerszy asortyment pojawiających się na rynku produktów biostymulujących, skłania do oceny, szczególnie tych, o deklarowanym specyficznym i kompleksowym działaniu czy zawierających pierwiastki o nieokreślonych właściwościach. Jedną z takich grup stanowią biostymulatory aminokwasowe uzyskiwane w procesie hydrolizy enzymatycznej (Colla i in. 2015). Stymulować one mogą wzrost części nadziemnych oraz rozwój systemu korzeniowego, syntezę chlorofilu, wchłanianie substancji odżywczych z gleby czy metabolizm podstawowych pierwiastków (Popko i in. 2018)). Spośród pierwiastków działanie biostymulujące na różne gatunki roślin rolniczych może wykazywać zastosowany w odpowiedniej formie krzem (Mitani i Ma 2005, Raven 2003). W glebie występuje w postaci nieprzyswajalnej krzemionki, ale zastosowany w formie płynnej np. kwasu ortokrzemowego na rośliny impregnować może zewnętrzne komórki epidermy, wzmacniać ściany komórkowe, zwiększać ich sztywność i odporność na uszkodzenia mechaniczne (Sommer i in. 2006). Grubsza kutikula wysycona krzemem ograniczać może straty wody, a rośliny mniej porażane przez choroby grzybowe i szkodniki (Fauteuxi in. 2005, Romero-Aranda i in. 2006, Sacala 2009). Dotychczasowe badania potwierdziły korzystne oddziaływanie na plon i jakość krzemu w formie różnego rodzaju preparatów stosowanych na rośliny dwuliścienne, w tym okopowe (Artyszak i in. 2016) oraz warzywne (Górecki i Danielski-Busch 2009, Stamatakis i in. 2003, Ugrinović i in. 2011), co skłoniło do przeprowadzenia określonych badań w stosunku do ziemniaka. Dodatkowo w nawiązaniu do powyższych argumentów, silna zależność plonu i jakości bulw ziemniaka od warunków pogodowych predysponowała do przeprowadzenia określonych badań, szczególnie przy ekstremalnym ich układzie w okresie wegetacji roślin.

Stąd celem badań była ocena oddziaływania

na wielkość plonu i wybrane cechy jakości bulw nowych biostymulatorów aminokwasowych oraz krzemu, zastosowanych na rośliny ziemniaka uprawiane w latach z niedoborem opadów i wysoką temperaturą powietrza.

### Material i Metody

Badania polowe przeprowadzono w latach 2018 – 2019 w IHAR-PIB oddział w Jadwisinie (52°45' N, 21°63' E) na glebie zaliczanej do rzędu płowoziemnych, typu gleby płowe, podtypu gleby płowe opadowo glejowe (Marcinek i in. 2011). Gleba charakteryzowała się kwaśnym odczynem, wysoką zasobnością w przyswajalny fosfor, średnią w potas, mangan, cynk, miedź i bor oraz niską w magnez (tabela 1).

Doświadczenia zakładano w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Wielkość poletka wynosiła 18,6 m<sup>2</sup>. W badaniach zastosowano preparaty biostymulujące: Krzemian – z krzemem i mikroelementami oraz Naturamin Plus i Naturamin WSP – z zawartością aminokwasów pozyskanych z roślin wysokobiałkowych. Preparaty aminokwasowe: Naturamin Plus i Naturamin WSP zastosowano na rośliny ziemniaka w fazach BBCH 19 (zwieranie roślin ziemniaka w rzędach) i 39 (zwarcie roślin w międzyrzędziach), a preparat Krzemian w fazach BBCH 39 i 70 (po kwitnieniu roślin ziemniaka). Układ kombinacji był następujący: 1. Obiekt kontrolny – obiekt bez dolistnego dokarmiania i stosowania wody, 2. Krzemian – 0,8 l·ha<sup>-1</sup>, 3. Naturamin Plus – 1,5 l·ha<sup>-1</sup>, 4. Naturamin WSP – 0,5 kg·ha<sup>-1</sup>.

Skład zastosowanych w badaniach preparatów był następujący:

Krzemian – Si(OH) 4– 2,5%; Cu – 1,0%; Zn – 0,6%; B – 0,3%; Mo – 0,2%

Naturamin Plus – wolne aminokwasy – 32%; N – 6%; Fe – 1%; Mn – 0,6%; Zn – 0,2%; B – 0,1%; Cu – 0,1%; Mo – 0,047%

Naturamin WSP – wolne aminokwasy – 80%; N – 12,8%.

Do każdego zabiegu preparaty rozpuszczano w 300 l·ha<sup>-1</sup> wody.

Warunki pogodowe w okresie wegetacji

Tabela 1  
Table 1

Właściwości chemiczne gleby przed założeniem doświadczenia  
Soil chemical properties before planting of experiment

Lata Years	C organiczny % C organic %	pH w KCl pH in KCl	Zawartość mg·kg <sup>-1</sup> / Content mg·kg <sup>-1</sup>						
			P	K	Mg	Mn	Cu	Zn	B
2018	0,88	5,4	84	104	26	118	4,0	4,3	1,32
2019	0,66	5,2	75	100	22	91	5,2	4,9	0,94

oceniono na podstawie sumy opadów i średnich temperatur powietrza w porównaniu do sum i wartości średnich z wielolecia. W 2018 roku wszystkie miesiące wegetacji charakteryzowały się opadami poniżej sumy z wielolecia, a temperaturą powietrza znacznie powyżej średniej z wielolecia. Suma opadów za cały okres wegetacji w 2018 roku była mniejsza o 79,2 mm, a średnia temperatura powietrza większa o 3,5°C w stosunku do sumy i wartości średniej z wielolecia. Na podstawie układu warunków pogodowych 2018 rok określono jako suchy i bardzo ciepły. Z kolei w 2019 roku, w głównych miesiącach wegetacji zanotowano większy niż w 2018 roku niedobór opadów oraz temperaturę powietrza przekraczającą średnią z wielolecia. Deficyt opadów za cały okres wegetacji w 2019 roku wyniósł 135,6 mm, a temperatura powietrza większa była o 2,3°C w stosunku do średniej z wielolecia. Stąd 2019 rok scharakteryzowano jako bardzo suchy i ciepły (tabela 2).

Nawożenie organiczne stanowiła rozdrobniona i przyorywana po żniwach słoma pszenżyta ozimego w ilości około 5 t·ha<sup>-1</sup> z dodatkiem 1 kg N na 100 kg słomy oraz jesienią zielona masa międzyplonu ścierniskowego z gorczycy białej w ilości 15–16 t·ha<sup>-1</sup>. Nawożenie mineralne fosforem (superfosfat wzbogacony-17,4% P) i potasem (sól potasowa-49,8% K) w oparciu o zasobność gleby w przyswajalne formy tych składników stosowano wczesną wiosną przed rozpoczęciem zabiegów uprawowych w dawce 26,2 kg P·ha<sup>-1</sup> i 99,6 kg K·ha<sup>-1</sup>. Nawożenie mineralne azotem (saletrzak-27% N) stosowano wiosną przed sadzeniem bulw w dawce 100 kg N·ha<sup>-1</sup>.

Chwasty niszczone stosując do wschodów roślin ziemniaka 2-krotnie obsypnik z łańcuchami. Bezpośrednio przed wschodami, po ostatnim obredleniu zastosowano Linurex 500 SC w dawce

2 l·ha<sup>-1</sup> (2018 rok) oraz Proman 500 SC w dawce 4 l·ha<sup>-1</sup> (2019 rok), a po wschodach roślin ziemniaka w obydwu latach badań Titus 23 WG w dawce 60 g·ha<sup>-1</sup>. W okresie wegetacji 2018 roku zastosowano trzy zabiegi, a w 2019 roku dwa zabiegi przeciwko zarazie ziemniaka. Z kolei przeciwko stoncy w 2018 roku wykonano cztery, a w 2019 roku pięć zabiegów ochronnych.

Ziemniaki odmiany Oberon sadzono ręcznie w III dekadzie kwietnia w rozstawie 75 x 33 cm, a zbierano w III dekadzie września. Liczba roślin na poletku wynosiła 75. Podczas zbioru określono plon ogólny bulw z każdego poletka oraz pobierano 2 x 5-kilogramowe próby w celu określenia struktury plonu, udziału wagowego frakcji bulw o średnicy: poniżej 35 mm, 36 – 50 mm, 51 – 60 mm i powyżej 60 mm (Rozporządzenie 2003), procentowego udziału w plonie bulw z wadami wyglądu: zdeformowanych, zazielenionych, porażonych parchem zwykłym oraz składu chemicznego bulw: zawartości skrobi, azotanów, witaminy C i suchej masy. Zawartość skrobi oznaczono metodą Eversa (hydrolizę skrobi przeprowadzono we wrzącej łaźni wodnej, a następnie wytrącono białko przy pomocy kwasu fosforowo-wolframowego) z dokonaniem odczytów na automatycznym polarymetrze Pola-mat S. Azotany NO<sub>3</sub> (V) oznaczono metodą Griessa (z wykorzystaniem mieszaniny cynku i manganu przy redukcji azotanów do azotynów) z odczytem zawartości przy użyciu reflektometru RQ Flex Merck. Zawartość witaminy C określono jako sumę kwasu L-askorbinowego i dehydroaskorbinowego metodą Tillmansa za pomocą miareczkowania roztworem 2,6-dwuchlorofenoloindofenolu. Zawartość suchej masy oznaczono metodą 2-stopniowego suszenia, w temperaturze 60 i 105°C.

Wyniki doświadczeń opracowano statystycznie posługując się analizą wariancji. Analizę

Tabela 2  
Table 2

#### Warunki pogodowe w latach badań na podstawie stacji meteorologicznej w Jadwisinie

#### Weather conditions in the investigation years on the base meteorological station in Jadwisin

Year Rok	Miesiąc / Month						Suma / Średnia Sum / Mean
	IV	V	VI	VII	VIII	IX	
Suma opadów (mm) / Sum of rainfalls (mm)							
2018	21,7	43,4	41,0	75,2	60,6	30,9	272,8
2019	1,7	76,6	6,9	33,4	37,0	60,8	216,4
1967-2017	37,0	57,0	75,0	76,0	61,0	48,0	352,0
Średnia temperatura powietrza (°C) / Mean air temperature (°C)							
2018	13,2	17,6	19,1	21,2	20,8	15,8	18,0
2019	10,2	13,4	22,7	18,8	20,8	14,7	16,8
1967-2017	7,9	13,7	16,6	18,5	17,9	13,2	14,5

porównania średnich przeprowadzono z wykorzystaniem testu Tukeya na poziomie  $p=0,05$ . Celem określenia źródeł zmienności badanych cech w zmienności całkowitej przeprowadzono ocenę komponentów wariacyjnych wykorzystując program Anova. Procentowy udział poszczególnych komponentów wariacyjnych posłużył do oceny wpływu preparatu i badanych lat oraz ich współdziałania na zmienność plonu i określonych cech jakości bulw ziemniaka.

### Wyniki i Dyskusja

W badaniach uzyskano istotne zróżnicowanie plonu bulw pod wpływem zastosowanych preparatów biostymulujących w porównaniu do obiektu kontrolnego, bez dolistnego dokarmiania oraz pomiędzy latami (tabela 3). Niezależnie od badanych lat przyrost plonu bulw po zastosowaniu preparatu Naturamin WSP wyniósł 19%, preparatu Krzemian stanowił 16,9%, a pod wpływem preparatu Naturamin Plus uzyskano plon większy o 15,9% w stosunku do obiektu kontrolnego. Wcześniejsze badania własne wykazały wzrost plonu bulw, średnio w latach o 13,8% pod wpływem biostymulatorów aminokwasowych – tecamin (Trawczyński

2014). Inni badacze wykazali również korzystne, ale bardzo zróżnicowane, od 3 do 36% oddziaływanie na wielkość plonu bulw ziemniaka biostymulatorów z aminokwasami uzyskiwanych na bazie różnych produktów (Matysiak i Adamczewski 2010, Mystkowska 2017 i 2018, Prajapati i in. 2016, Röder i in. 2018, Sarhan 2011). W stosunku do działania krzemu wcześniejsze badania własne wykazały wzrost plonu bulw o 9% po zastosowaniu dolistnym preparatu z kalcytu morskiego, Herbagreen Basic zawierającego 7,99% tego pierwiastka (Trawczyński 2013). W odniesieniu do buraka cukrowego pod wpływem preparatu Herbagreen Basic zanotowano wzrost plonu korzeni średnio o 21% w porównaniu do obiektu kontrolnego (Artyszak i in. 2016). W badaniach holenderskich po zastosowaniu dolistnym kwasu krzemowego uzyskano przyrost plonu bulw o 6,5% w stosunku do obiektu kontrolnego (Laane 2017). W badaniach Crusciola i in. (2009) w warunkach stresu suszy po zastosowaniu krzemianu wapnia i magnezu wykazano wzrost plonu bulw o 11,4% w stosunku do obiektu kontrolnego. Z kolei Ryakhovskaya i in. (2016) po zastosowaniu preparatów krzemowych w różnej formie: płynnej, żelu jak i proszku stwierdzili przyrost plonu

Tabela 3  
Table 3

Wpływ dolistnego dokarmiania na plon bulw ( $t \cdot ha^{-1}$ ) i strukturę plonu (%)  
The effect of foliar fertilization on yield of tubers ( $t \cdot ha^{-1}$ ) and yield of structure (%)

Obiekt i lata Object and years	Plon bulw Yield of tubers	Udział frakcji bulw (mm) Share of tubers fraction (mm)			
		<35	36-50	51-60	>60
Obiekt kontrolny*	41,5 b	1 b	28 a	31 a	40 a
Krzemian	48,5 a	2 a	25 a	30 a	43 a
Naturamin Plus	48,1 a	1 b	27 a	31 a	41 a
Naturamin WSP	49,4 a	1 b	26 a	29 a	44 a
2018	52,9 a	1 b	29 a	36 a	34 b
2019	40,8 b	2 a	23 b	25 b	50 a
Obiekt kontrolny*/2018	46,6 b	1 b	29 a	36 ab	34 a
Krzemian/2018	54,8 a	2 a	29 a	33 b	36 a
Naturamin Plus/2018	54,5 a	1 b	30 a	38 a	31 a
Naturamin WSP/2018	55,8 a	1 b	27 a	37 a	35 a
Obiekt kontrolny*/2019	36,4 b	2 b	26 a	25 ab	47 b
Krzemian/2019	42,2 a	1 c	21 b	28 a	50 ba
Naturamin Plus/2019	41,6 a	3 a	22 b	25 ab	50 ba
Naturamin WSP/2019	43,1 a	3 a	22 b	21 b	54 a
Udział w wariancji całkowitej/ Share in total variance (%)					
Preparat/Formuła (1)	8,1	1,4	4,2	0,7	1,4
Lata/Years (2)	91,6	70,2	91,0	95,8	97,5
(1x2)	0,3	28,4	4,8	3,5	1,1

\*Control object; Średnie z tymi samymi literami nie różnią się istotnie / Means with the same letter do not differ significantly.



bulw od 10,7 do 20,3% w porównaniu do obiektu kontrolnego. Natomiast w badaniach Wróbla (2012) dolistny preparat krzemowy Actisil nie spowodował wzrostu plonu bulw ziemniaka w stosunku do obiektu kontrolnego. Na podstawie oceny komponentów wariancyjnych wykazano, że dominujący wpływ na zmienność plonu bulw miały warunki pogodowe w latach (91,6%), a udział preparatu stanowił tylko 8,1%. Podobnie, największy udział lat w gromadzeniu plonu bulw stwierdziła Sawicka i in. (2011). Niezależnie od obiektów z dolistnym dokarmianiem istotnie większy plon bulw uzyskano w 2018 roku, suchym i bardzo gorącym, niż w 2019 roku, bardzo suchym i mniej upalnym. Różnica w plonie bulw pomiędzy latami stanowiła 22,9%. Wskazywało to, że większy wpływ na plonowanie ziemniaka miały opady, niż temperatura powietrza w okresie wegetacji, co potwierdziła również Mystkowska (2018). Ogólnie korzystniejszy efekt dolistnego dokarmiania badanymi preparatami uzyskano w roku upalnym, ale z mniejszym deficytem opadów, co wyrażało się wzrostem od 1,7 do 2,6% w stosunku do roku z większym niedoborem opadów i mniej upalnym. Na ogół lepsze oddziaływanie preparatów biostymulujących na plonowanie stwierdza się w latach o niekorzystnym układzie warunków pogodowych w okresie wegetacji roślin, głównie związanych z nadmiarem lub niedoborem opadów oraz większą od średniej z wielolecia temperaturą powietrza (Artyszak i in. 2014, Mystkowska 2018, Trawczyński 2013 i 2014). Wierzbowska i in. (2015) wykazali w warunkach nadmiaru opadów i wysokiej temperatury powietrza wzrost plonu bulw pod wpływem zabiegów dolistnych biostymulatorami, średnio o 20% w porównaniu do obiektu kontrolnego. Podobnie Cwalina-Ambroziak i in. (2015) wykazali korzystne oddziaływanie biostymulatorów dolistnych na plon bulw w warunkach presji infekcyjnej zarazy ziemniaka wynikającej z nadmiaru opadów.

W badaniach stwierdzono mniejsze, w porównaniu do wielkości plonu zróżnicowanie frakcji bulw. Niezależnie od badanych lat pod wpływem dolistnego dokarmiania preparatami biostymulującymi w stosunku do obiektu kontrolnego wykazano tendencję malejącą frakcji bulw o średnicy 36–50 mm oraz tendencję wzrostu udziału w strukturze plonu bulw dużych, o średnicy powyżej 60 mm (tabela 3). Analizując współdziałanie wykazano, że tylko w drugim roku badań uzyskano istotnie mniej bulw frakcji 36–50 mm po zastosowaniu preparatów w porównaniu do obiektu kontrolnego oraz istotnie więcej bulw dużych, o średnicy powyżej 60 mm pod wpływem preparatu Naturamin WSP

w stosunku do obiektu kontrolnego. Natomiast istotne zróżnicowanie wszystkich frakcji bulw stwierdzono pomiędzy latami badań. W pierwszym roku badań, o mniejszym deficycie opadów uzyskano istotnie więcej bulw frakcji 36–50 mm oraz frakcji 51–60 mm, natomiast w roku o większym niedoborze opadów większy udział w strukturze plonu bulw dużych, o średnicy powyżej 60 mm. Wynikać to mogło z mniejszej ilości zawiązanych bulw w roku bardzo suchym i w efekcie końcowym dorastania bulw do większej średnicy. W dotychczas przeprowadzonych badaniach uzyskano korzystne oddziaływanie dolistnego dokarmiania preparatem krzemowym na strukturę plonu bulw głównie poprzez istotne zmniejszenie udziału frakcji bulw małych, o średnicy poniżej 30 mm (Wróbel 2012). Z kolei Głosek-Sobieraj i in. (2017) po zastosowaniu biostymulatorów dolistnych wykazali wzrost udziału w strukturze plonu bulw o średnicy 36–50 mm, a Baranowska i in. (2019) frakcji bulw o średnicy powyżej 50 mm. W przeprowadzonych badaniach, podobnie jak w stosunku do uzyskanego plonu bulw wykazano największy wpływ na strukturę plonu bulw warunków pogodowych w latach, który wahał się w zmienności całkowitej od 70,2% w przypadku bulw małych o średnicy poniżej 35 mm do 97,5% dla bulw o średnicy powyżej 60 mm. Udział preparatu w całkowitej zmienności największy był w stosunku do bulw o średnicy 36–50 mm, a współdziałania preparatu z latami w przypadku bulw o średnicy poniżej 35 mm.

Pod wpływem zastosowanych biostymulatorów, spośród ocenianych wad zewnętrznych istotne zróżnicowanie uzyskano tylko w stosunku do udziału w plonie bulw zdeformowanych (tabela 4). Średnio w latach, istotnie najmniejszy udział w plonie bulw zdeformowanych uzyskano po zastosowaniu biostymulatora Naturamin WSP oraz większą w porównaniu do pozostałych obiektów tendencję malejącą udziału sumy wad w plonie. Tendencję malejącą udziału w plonie bulw zdeformowanych i zazielenionych pod wpływem zastosowanych biostymulatorów aminokwasowych wykazano również we wcześniejszych badaniach własnych (Trawczyński 2014). Analizując oddziaływanie preparatów w poszczególnych latach wykazano tendencję malejącą sumy wad bulw w roku suchym oraz rosnącą w roku bardzo suchym w stosunku do obiektu kontrolnego. Niezależnie od zastosowanych biostymulatorów, w roku suchym uzyskano istotnie więcej bulw zazielenionych, natomiast w roku bardzo suchym bulw porażonych parchem zwykłym. Większy udział bulw zazielenionych wynikać mógł z większej masy uzyskanego plonu

## Wpływ dolistnego dokarmiania na udział w plonie bulw z wadami wyglądu (%)

## The effect of foliar fertilization on share in yield of tubers with defects (%)

Obiekt Object	Zdeformowane Deformations	Zazielenione Greenings	Parch zwykły Common scab	Suma wad Sum of defects
Obiekt kontrolny*	9,1 ba	3,0 a	2,5 a	14,6 a
Krzemian	10,2 a	3,0 a	2,4 a	15,6 a
Naturamin Plus	9,1 ba	3,6 a	2,4 a	15,1 a
Naturamin WSP	8,5 b	3,5 a	2,4 a	14,4 a
2018	8,9 a	4,0 a	2,2 b	15,1 a
2019	9,6 a	2,5 b	2,7 a	14,8 a
Obiekt kontrolny*/2018	10,1 a	3,3 b	2,5 a	15,9 a
Krzemian/2018	9,2 ba	3,9 ba	2,2 ba	15,3 a
Naturamin Plus/2018	8,0 b	4,6 ba	2,0 b	14,6 a
Naturamin WSP/2018	8,1 b	4,3 a	2,0 b	14,4 a
Obiekt kontrolny */2019	8,2 b	2,7 a	2,5 a	13,4 b
Krzemian/2019	11,3 a	2,1 b	2,6 a	16,0 a
Naturamin Plus/2019	10,2 ba	2,7 a	2,8 a	15,7 a
Naturamin WSP/2019	8,9 ba	2,7 a	2,8 a	14,4 ba
Udział w wariancji całkowitej / Share in total variance (%)				
Preparat/Formuła (1)	25	4,6	1,0	2,7
Lata/Years (2)	30	92,0	98,9	32,0
(1x2)	45	3,4	0,1	65,3

\*Control object; Średnie z tymi samymi literami nie różnią się istotnie / Means with the same letter do not differ significantly.

bulw w 2018 roku, a większy udział bulw porażonych parchem zwykłym z bardzo dużego niedoboru opadów w okresie tuberyzacji (czerwiec) w 2019 roku. Wykazano, że warunki pogodowe w latach najbardziej kształtowały zazielenienia i porażenie bulw parchem zwykłym, odpowiednio 92 i 98,9%, natomiast udział bulw zdeformowanych i sumę wad w plonie współdziałał lat z zastosowanymi biostymulatorami. Podobnie wysoki wpływ warunków meteorologicznych na udział w plonie bulw z wadami wyglądu, w tym zdeformowanych wykazały w badaniach Lutomińska i Jankowska (2012).

Analizując skład chemiczny bulw w stosunku do zastosowanych biostymulatorów wykazano istotne zróżnicowanie wszystkich składników w porównaniu do obiektu kontrolnego (tabela 5). Średnio w latach uzyskano istotnie większą zawartość skrobi w bulwach, szczególnie po zastosowaniu preparatów Naturamin Plus i Krzemian w stosunku do obiektu kontrolnego. Podobnie Mystkowska (2019) stwierdziła istotnie dodatni wpływ różnego rodzaju biostymulatorów dolistnych na zawartość skrobi w bulwach. Z kolei we wcześniejszych badaniach własnych nie wykazano zmian zawartości skrobi w bulwach po zastosowaniu biostymulatorów

aminokwasowych w porównaniu do obiektu kontrolnego (Trawczyński 2014). Zmiany zawartości skrobi w bulwach pod wpływem zastosowanych biostymulatorów zbieżne były z zawartością suchej masy (tabela 5). Niezależnie od badanych lat, wszystkie zastosowane biostymulatory przyczyniły się do istotnego wzrostu zawartości witaminy C w bulwach. Istotnie największy poziom tego składnika uzyskano po zastosowaniu preparatu Naturamin WSP (tabela 5). Z kolei pod wpływem preparatu Krzemian uzyskano istotne obniżenie poziomu azotanów w bulwach, zarówno w stosunku do obiektu kontrolnego, jak i pozostałych biostymulatorów. W badaniach Wróbla (2012) również wykazano istotne obniżenie zawartości azotanów (V) w bulwach po zastosowaniu preparatu krzemowego Actisil w stosunku do obiektu kontrolnego. Natomiast biostymulatory aminokwasowe przyczyniły się do większej zawartości azotanów (V) w bulwach w stosunku do obiektu kontrolnego (Trawczyński 2014). Istotne zróżnicowanie oznaczonych składników uzyskano również w stosunku do lat badań. Większy poziom skrobi i suchej masy uzyskano w 2019 roku, z większym niedoborem opadów i niższą temperaturą powietrza niż w 2018

Tabela 5  
Table 5Wpływ dolistnego dokarmiania na skład chemiczny bulw ziemniaka  
The effect of foliar fertilization on chemical composition of potato tubers

Obiekt Object	Skrobia Starch g·kg <sup>-1</sup>	Azotany (V) Nitrates (V) mg·kg <sup>-1</sup>	Witamina C Vitamin C mg·kg <sup>-1</sup>	Sucha masa Dry matter g·kg <sup>-1</sup>
Obiekt kontrolny*	122 c	94 b	227 d	188 c
Krzemian	132 a	82 c	236 b	198 a
Naturamin Plus	133 a	107 a	234 c	197 a
Naturamin WSP	126 b	108 a	240 a	191 b
2018	119 b	132 a	239 a	184 b
2019	138 a	63 b	230 b	203 a
Obiekt kontrolny */2018	119 a	108 b	231 d	184 a
Krzemian/2018	119 a	108 b	241 b	184 a
Naturamin Plus/2018	119 a	155 a	240 a	185 a
Naturamin WSP/2018	118 a	160 a	243 c	185 a
Obiekt kontrolny */2019	126 c	81 a	223 d	192 d
Krzemian/2019	146 a	56 b	231 b	213 a
Naturamin Plus/2019	146 a	59 b	229 c	209 b
Naturamin WSP/2019	134 b	57 b	238 a	198 c
Udział w wariancji całkowitej/ Share in total variance (%)				
Preparat/Formuła (1)	6,0	2,9	29,3	6,3
Lata/Years (2)	88,2	91,0	69,3	87,8
(1x2)	5,8	6,1	1,4	5,9

\*Control object; Średnie z tymi samymi literami nie różnią się istotnie / Means with the same letter do not differ significantly.

roku, natomiast odwrotną zależność w stosunku do zawartości azotanów i witaminy C w bulwach. Z badań różnych autorów również wynikało, że lata suche sprzyjały wzrostowi witaminy C w bulwach (Gąsiorowska i Zarzecka 2002, Kraska 2002, Mazurczyk i Lis 2004). Lata suche z większą temperaturą powietrza oddziaływały również korzystniej niż lata wilgotne i chłodne na gromadzenie suchej masy i skrobi w bulwach (Kołodziejczyk i Szmigiel 2012, Rymuza i in. 2015). Ekstremalnie wysokie temperatury jakie zanotowano w okresie wegetacji 2018 roku miały jednak istotnie ujemny wpływ na gromadzenie tych składników w bulwach w porównaniu do 2019 roku. Natomiast lata z niedoborem opadów i wysoką temperaturą powietrza mogą być przyczyną nadmiernego gromadzenia azotanów (V) w bulwach, o czym donosiły Grudzińska i Zgórska (2008). W przeprowadzonych badaniach wykazano, że szczególnie niekorzystny wpływ, poprzez istotny wzrost kumulacji azotanów (V) w bulwach miał suchy okres wegetacji z ekstremalnie wysoką temperaturą powietrza. Na podstawie analizy komponentów wariacyjnych wykazano, że w największym stopniu zawartość wszystkich składników, od 69,3% w przypadku zawartości witaminy

C do 91% w odniesieniu do poziomu azotanów (V) w bulwach kształtowały lata badań, natomiast największy udział preparatu zaznaczył się we wpływie na zawartość witaminy C w bulwach.

### Wnioski

1. Pod wpływem badanych biostymulatorów uzyskano istotny przyrost plonu oraz korzystniejsze oddziaływanie na zawartość składników pokarmowych w bulwach w porównaniu do obiektu kontrolnego.
2. Korzystniejszy efekt plonowania pod wpływem zastosowanych biostymulatorów uzyskano w pierwszym roku, o mniejszym deficycie opadów i większej temperaturze powietrza w porównaniu do drugiego roku badań.
3. Znacznie większy wpływ na kształtowanie wielkości plonu i cech jakości bulw miały warunki pogodowe w latach niż oddziaływanie preparatów.

### Literatura

Artyszak A., Gozdowski D., Kucińska K. 2014. The effect of foliar fertilization with marine calcite in sugar beet. *Plant Soil Environ.* 60: 413 — 417.

- Artyszak A., Gozdowski D., Kucińska K. 2016. The effect of calcium and silicon foliar fertilization in sugar beet. *Sugar Technol.* 18(1): 109 — 114.
- Baranowska A., Mystkowska I., Szczygielska E. 2019. Impact of growth biostimulators and herbicide on the yield structure of edible potato tubers (*Solanum tuberosum L.*). *Acta Agrophysica* 26(1): 25 — 36.
- Colla G., Roupheal Y., Lucini L., Canaguier R., Stefanoni W., Fiorillo A., Cardarelli M. 2015. Protein hydrolysate-based biostimulants: origin, biological activity and application methods. [In:] II World Congress on the Use of Biostimulants in Agriculture 1148: 27 — 34.
- Crusciol C.A.C., Pulz A.L., Lemos L.B., Soratto R.P., Lima G.P.P. 2009. Effects of silicon and drought stress on tuber yield and leaf biochemical characteristics in potato. *Crop Science* 49: 949 — 954.
- Cwalina-Ambroziak B., Głosek-Sobieraj M., Kowalska E. 2015. The effect of plant growth regulators on the incidence and severity of potato diseases. *Pol. J. Natural Sci.* 30(1): 5 — 20.
- Du Jardin P. 2015. Plant biostimulants: definition, concept, main categories and regulation. *Sci. Hortic.* 196: 3 — 14.
- Ertani A., Schiavon M., Altissimo A., Franceschi C., Nardi S. 2011. Phenol-containing organic substances stimulate phenylpropanoid metabolism in *Zea mays*. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 174(3): 496 — 503.
- Erlichowski T., Pawińska M. 2003. Biologiczna ocena preparatu Kelpak w ziemniaku. *Prog. Plant Prot.* 43(2): 606 — 609.
- Fauteux F., Rémus-Borel W., Menzies J. G., Bélanger R. R. 2005. Silicon and plant disease resistance against pathogenic fungi. *FEMS Microbiology Letters*, 249: 1 — 6.
- Gąsiorowska B., Zarzecka K. 2002. Wpływ terminu zbioru na plon i cechy jakościowe bulw ziemniaka uprawianego w rejonie Siedlec. — *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 489: 319 — 325.
- Głosek-Sobieraj M., Cwalina-Ambroziak B., Hamouz K. 2017. The effect of growth regulators and a biostimulator on the health status, yield and yield components of potatoes (*Solanum tuberosum L.*). *Gesunde Pflanzen* 70: 1 — 11.
- Górecki R. S., Danielski-Busch W. 2009. Effect of silicate fertilizers on yielding of greenhouse cucumber (*Cucumis sativus L.*) in container cultivation. *J. Elementol.* 14(1): 71 — 78.
- Grudzińska M., Zgórska K. 2008. Wpływ warunków meteorologicznych na zawartość azotanów (V) w bulwach ziemniaka. *Żywn. Nauka. Technol. Jakość*, 5 (60): 98 — 106.
- Kołodziejczyk M., Szmigiel A. 2012. Skład chemiczny oraz wybrane parametry jakości bulw ziemniaka w zależności od terminu i stopnia redukcji powierzchni asymilacyjnej roślin. *Fragm. Agronom.* 29(3): 88 — 94.
- Kraska P. 2002. Wpływ sposobów uprawy, poziomów nawożenia i ochrony na wybrane cechy jakości ziemniaka. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 489: 229 — 237.
- Laane H. M. 2017. The effects of the application of foliar sprays with stabilized silicic acid: An overview of the results from 2003-2014. *Silicon*, 9: 803 — 807.
- Lutomirska B., Jankowska J. 2012. Występowanie deformacji i spękań bulw ziemniaka w zależności od warunków meteorologicznych i odmiany. *Biul. IHAR* 266: 131 — 142.
- Marcinek J., Komisarek J., Bednarek R., Mocek A., Skiba S., Wiatrowska K. 2011. Systematyka Gleb Polski. *Roczn. Glebozn.* 62 (3): 91 — 147.
- Matysiak K., Adamczewski K., 2010. Wpływ regulatora wzrostu i rozwoju roślin Moddus 250 EC, Kelpak SL, Algaminoplant, Humiplant i Yeald Plus na plonowanie i wielkość bulw ziemniaka. *Ziem. Polski*, 1: 28 — 33.
- Mazurczyk W., Lis B. 2004. Relacje między zawartością witaminy C i azotanów w bulwach różnych odmian ziemniaka. *Biul. IHAR* 232: 47 — 52.
- Mitani N., Ma J. F. 2005. Uptake system of silicon in different plant species. *J. Experimental Botany* 56: 1255 — 1261.
- Mystkowska I. 2017. Wpływ zróżnicowanej techniki odchwaszczania i stosowania biostymulatorów na efektywność ekonomiczną uprawy ziemniaków jadalnych. — *Rocz. Nauk. SERiA* 19(6): 190 — 194.
- Mystkowska I. 2018. Biostymulatory jako czynnik wpływający na plon ziemniaka jadalnego. *Acta Agroph.* 25(3): 307 — 315.
- Mystkowska I. 2019. Wpływ stosowania biostymulatorów na zawartość suchej masy i skrobi w bulwach ziemniaka. *Fragm. Agronom.* 36(1): 45 — 53.
- Popko M., Michalak I., Wilk R., Gramza M., Chojnacka K., Górecki H. 2018. Effect of the new plant growth biostimulants based on amino acids on yield and grain quality of winter wheat. — *Molecules* 23(2): 470.
- Prajapati A., Patel C. K., Singh N., Jain S. K., Chongtham S. K., Maheshwari M. N., Patel R. N. 2016. Evaluation of seaweed extract on growth and yield of potato. — *Environ. Ecol.* 34(2): 605 — 608.
- Raven J. A. 2003. Cycling silicon — The role of accumulation in plants. *New Phytology* 158: 419 — 421.
- Romero-Aranda M. R., Jurado O., Cuartero J. 2006. Silicon alleviates the deleterious salt effect on tomato plant growth by improving plant water status. *J. Plant Physiol.* 163: 847 — 855.
- Röder C., Mógor Á. F., Szilagyi-Zecchin V. J., Gemin L. G., Mógor G. 2018. Potato yield and metabolic changes by use of biofertilizer containing L-glutamic acid. — *Comun. Sci.* 9(2): 211 — 218.
- Rozporządzenie 2003. Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 29 grudnia 2003 roku w sprawie szczegółowych wymagań w zakresie jakości handlowej ziemniaków. *Dz. U. Nr 194, poz. 1900.*
- Ryakhovskaya N. I., Gaynatulina V. V., Makarova M. A. 2016. Effectiveness of potato cultivation using nanosized silica

- under conditions of Kamchatka Krai. Russian Agric. Sci. 42: 299 — 303.
- Rykaczewska K. 2013. The impact of high temperature during growing season on potato cultivars with different response to environmental stresses. Am. J. Plant Sci. 4: 2386 — 2393.
- Rymuza K., Radzka E., Lenartowicz T. 2015. Wpływ warunków środowiskowych na zawartość skrobi w bulwach odmian ziemniaka średnio wczesnego. Acta Agroph. 22(3): 279 — 289.
- Sacała E. 2009. Role of silicon in plant resistance to water stress. J. Elementol. 14: 619 — 630.
- Sarhan T. Z. 2011. Effect of humic acid and seaweed extracts on growth and yield of potato plant (*Solanum tuberosum* L.) Desiree cv. Mesopotamia J. Agric. 39(2): 19 — 25.
- Sawicka B., Michałek W., Pszczółkowski P. 2011. Uwarunkowania potencjału plonowania średnio późnych i późnych odmian ziemniaka w warunkach środkowo – wschodniej Polski. Biul. IHAR 259: 219 — 228.
- Sharma H. S., Fleming C., Selby C., Rao J. R., Martin T. 2014. Plant biostimulants: a review on the processing of macroalgae and use of extracts for crop management to reduce abiotic and biotic stresses. J. Appl. Phycology 26(1): 465 — 490.
- Sommer M., Kaczorek D., Kuzyakov Y., Breuer J. 2006. Silicon pools and fluxes in soils and landscapes – A review. J. Plant Nutrition Soil Sci. 169: 310 — 329.
- Stamatakis A., Papadantonakis N., Lydakis-Simantiris N., Kefalas P., Savvas D. 2003. Effects of silicon and salinity on fruit yield and quality of tomato grown hydroponically. Acta Horticulturae 609: 141 — 147.
- Trawczyński C. 2013. Wpływ dolistnego nawożenia preparatem Herbagreen na plonowanie ziemniaków. Ziem. Polski 2: 29 — 33.
- Trawczyński C. 2014. Wpływ biostymulatorów aminokwasowych-tecamin na plon i jakość ziemniaków. Ziem. Polski 3: 29 — 34.
- Ugrinović M., Oljača S., Brdar-Jokanović M., Zdravković J., Girek Z., Zdravković M. 2011. The effect of liquid and soluble fertilizers on lettuce yield. Serb. J. Agric. Sci. 60: 110 — 115.
- Wierzbowska J., Cwalina-Ambroziak B., Głosek M., Sienkiewicz S. 2015. Effect of biostimulators on yield and selected chemical properties of potato tubers. J. Elementol. 20: 757 — 768.
- Wróbel S. 2012. Wpływ nawożenia ziemniaka odmiany Jelly dolistnymi preparatami YaraVita Ziemniak oraz Actisil na plon i cechy jego jakości. Biul. IHAR 266: 295 — 306.

# Analiza stanu nasiennictwa wybranych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce na tle rynku europejskiego

Analysis of the seed production status of selected species of grasses and legumes in Poland on the background of the European market

Piotr Goliński ✉, Barbara Golińska

Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,  
Dojazd 11, 60–632 Poznań,

✉ e-mail: pgorlinsk@up.poznan.pl

Wykorzystując dane ESCAA z lat 2004–2019 przeprowadzono analizę stanu nasiennictwa wybranych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce w aspekcie powierzchni upraw nasiennych oraz poziomu ich plonowania na tle rynku europejskiego. Szczególną uwagę w analizie zwrócono na gatunki dominujące w areale reprodukcyjnym odmian tych grup roślin w Polsce oraz w Europie, a więc *Lolium perenne* L., *Lolium multiflorum* Lam., *Festuca rubra* L. oraz *Trifolium pratense* L. Stwierdzono, że z upływem lat znaczenie polskiego rynku nasiennego traw w Europie rośnie. W 2019 roku udział naszego kraju w areale zakwalifikowanych plantacji nasiennych traw w Europie wyniósł 12%. W latach 2016–2019 udział ten zwiększył się o 56% i był obok Danii (60%) jednym z największych na kontynencie europejskim. Obecnie Polska zajmuje drugie miejsce w uprawie *Lolium multiflorum* i *Festuca rubra*, a w przypadku *Lolium perenne* jest jednym z trzech najważniejszych krajów rynku europejskiego. W uprawie nasiona roślin bobowatych drobnonasiennych Polska ma mniejsze znaczenie w Europie, jednak w przypadku *Trifolium pratense* posiada znaczący udział w rynku nasiennym z wyraźnym trendem wzrostu powierzchni plantacji tego gatunku w ostatnich latach. Plony nasion z plantacji nasiennych traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce są mniejsze w porównaniu do wielu krajów europejskich, toteż zwiększenie wydajności upraw nasiennych jest warunkiem dalszej ekspansji naszego kraju w tym segmencie rynku nasiennego w Europie.

**Słowa kluczowe:** nasiennictwo, trawy, koniczyna łąkowa, plon nasion

Using the ESCAA data from 2004–2019, an analysis was carried out on the status of seed production of selected species of grasses and legumes in Poland in terms of the area of seed crops and their seed yield on the background of the European market. Particular attention in the analysis was paid to the dominant species in the reproductive area of varieties of this group of plants in Poland and in Europe, i.e. *Lolium perenne* L., *Lolium multiflorum* Lam., *Festuca rubra* L. and *Trifolium pratense* L. It was found that over the years, the importance of the Polish grass seed market in Europe is growing. In 2019, our country's share in the area of certified grass seed plantations in Europe was 12%. In the years 2016–2019, this share has increased by 56% and was next to Denmark (60%) one of the largest on the European continent. Currently, Poland ranks second in the area of seed crops of *Lolium multiflorum* and *Festuca rubra*, and in the case of *Lolium perenne* is one of the three leading European market countries. In legumes grown for seeds, Poland is less important in Europe, however, in the case of *Trifolium pratense*, it is in recent years a significant player on the seed market with a clear trend of increasing the plantations area of this species. Harvested seed yields from grasses and legumes grown for seeds in Poland are lower compared to many European countries, so increasing seed yield is a prerequisite for our country's further expansion in this segment of the seed market in Europe.

**Key words:** seed production, grasses, red clover, seed yield

## Wstęp

Nasiennictwo traw i bobowatych drobnonasiennych pozostaje ważną częścią rynku nasiennego roślin rolniczych w Polsce i w Europie. Specyfika tej grupy roślin uprawnych, określanych popularnie łąkowymi, wynika z różnorodnych właściwości użytkowych oraz wymagań siedliskowych poszczególnych taksonów, a także z dużej liczby gatunków uwzględnionych w regulacjach prawnych dotyczących rejestracji ich odmian hodowlanych oraz wytwarzania, oceny

i kontroli materiału siewnego. Zapotrzebowanie na nasiona poszczególnych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych wyznacza nie tylko rolnictwo, ale również inne sektory gospodarki (Goliński i in., 2005; Kozłowski i Goliński, 2000). Podstawowym celem reprodukcji odmian tej grupy roślin jest wytwarzanie materiału siewnego do zakładania i renowacji użytków zielonych w celu produkcji wartościowej paszy dla zwierząt trawożernych (Martyniak, 2009). Największe potrzeby doskonalenia bazy paszowej

występują w chowie krów mlecznych (Bailey i in., 2016; Goliński i in., 2014; Huyghe i in., 2014; Van den Pol-van Dasselaar i in., 2014; Wachendorf i Goliński, 2006). W przypadku traw na stan nasienności wpływa w dużym stopniu wykorzystanie nasion do celów pozapaszowych, w tym darniowych i trawnikowych (Goliński i in., 2005). Warto nadmienić, że po wstąpieniu naszego kraju do Unii Europejskiej wzajemne powiązania i oddziaływania rynkowe w nasienności traw i bobowatych drobnonasiennych są coraz większe, zwłaszcza w odniesieniu do poziomu produkcji, kształtowania się cen oraz opłacalności (Goliński i Golińska, 2016).

Obecnie w naszym kraju produkcja nasienna traw koncentruje się na następujących gatunkach: *Lolium perenne* L., *Lolium multiflorum* Lam., *Lolium westerwoldicum* R.Br., *Lolium x hybridum* Hausskn., *Festuca rubra* L., *Festuca pratensis* Huds., *Festuca arundinacea* Schreber, *Dactylis glomerata* L. i *Phleum pratense* L. Świadczy o tym ich udział w areale zakwalifikowanych plantacji nasiennych w ostatnich latach. W przypadku bobowatych drobnonasiennych największe znaczenie na rynku nasiennym mają koniczyny i lucerny. Wiodącą rolę w naszym kraju odgrywa *Trifolium pratense* L.

O opłacalności upraw nasiennych traw i bobowatych drobnonasiennych decyduje cena nasion oraz koszty produkcji. Największe znaczenie w opłacalności produkcji nasion tej grupy roślin ma jednak wielkość zbieranego plonu (Goliński, 1996). Plon nasion traw i bobowatych drobnonasiennych zależy od wielu czynników, stymulujących biologiczny potencjał plonowania oraz ograniczających straty (Boelt i Studer, 2010; Goliński i in., 2005; Goliński, 2012).

Celem pracy jest analiza stanu nasienności wybranych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce w aspekcie powierzchni upraw nasiennych oraz poziomu ich plonowania na tle rynku europejskiego.

### Material i Metody

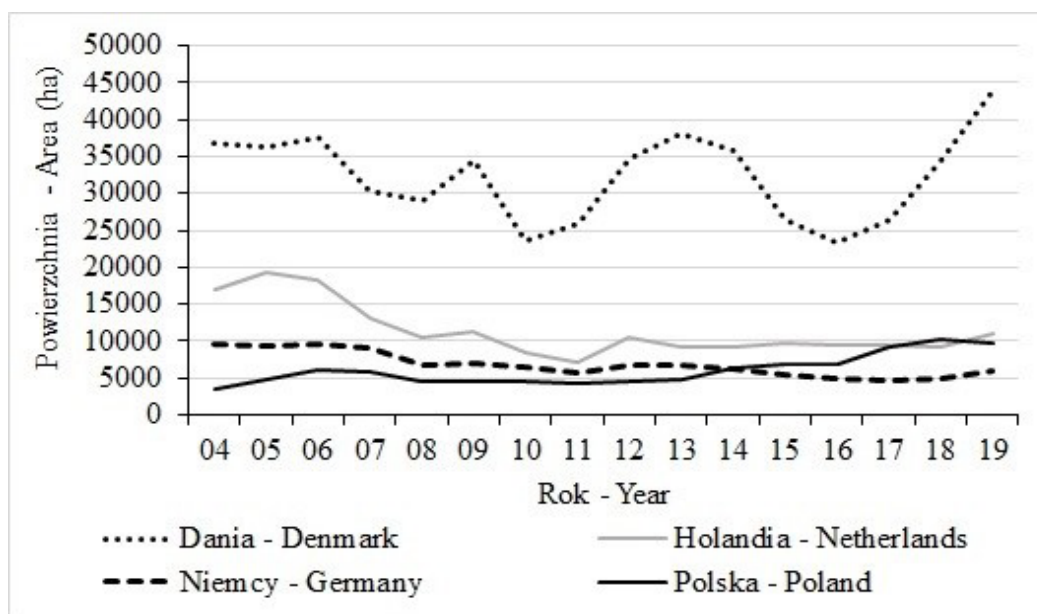
W pracy wykorzystano dane European Seed Certification Agencies Association (ESCAA) z lat 2004–2019 dotyczące arealu zakwalifikowanych upraw nasiennych traw i bobowatych (motylkowatych) drobnonasiennych oraz wielkości produkcji kwalifikowanych nasion gatunków objętych ewidencją tego stowarzyszenia. W odniesieniu do Polski dane te uzupełniano wynikami oceny polowej i laboratoryjnej podawanymi przez Państwową Inspekcję Ochrony Roślin i Nasiennictwa (PIORIN). Na podstawie danych źródłowych

obliczono średni dla okresu 16 lat plon nasion z hektara wybranych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych (dzieląc całkowitą produkcję kwalifikowanych nasion przez areal zakwalifikowanych plantacji danego gatunku) oraz kierunki zmian w powierzchni upraw nasiennych tych grup roślin uprawnych w ostatnich czterech latach. Szczególną uwagę w analizie zwrócono na gatunki dominujące w areale reprodukcyjnym odmian traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce oraz w Europie, a więc życicę trwałą (*L. perenne*), życicę wielokwiatową (*L. multiflorum*), kostrzewę czerwoną (*F. rubra*) oraz koniczynę łąkową (*T. pratense*). W analizie uwzględniono kraje o największym areale reprodukcji odmian tych grup roślin na rynku europejskim.

### Wyniki i Dyskusja

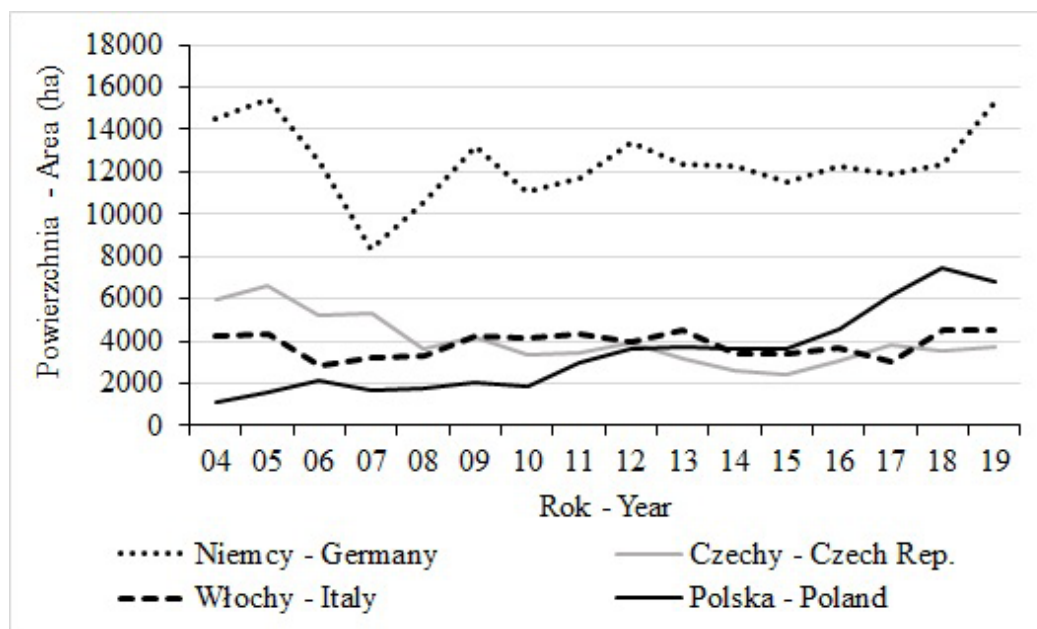
Najważniejszym gatunkiem spośród traw pastewnych i gazonowych na rynku nasiennym w Polsce, jak i w Europie, jest życica trwała. Jest to efektem szerokiego wykorzystania odmian hodowlanych tego gatunku, zarówno do celów paszowych, jak i pozapaszowych (Humphreys i in., 2010). Udział życicy trwałej w ogólnej powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych traw w naszym kraju wynosi w ostatnich latach około 40%. Czynnikiem wyróżniającym życicę trwałą na rynku nasiennym traw w Polsce jest duży i stały, choć zróżnicowany w stosunku do poszczególnych odmian hodowlanych, popyt na nasiona. W efekcie powierzchnia plantacji nasiennych tego gatunku na przestrzeni ostatnich 16 lat systematycznie zwiększa się (rys. 1). Niekwestionowanym liderem w reprodukcji odmian życicy trwałej w Europie jest Dania, której areal zakwalifikowanych upraw nasiennych w ostatnich czterech latach szybko wzrastał, osiągając w 2019 roku rekordowy poziom 43861 ha. Polska z arealem oscylującym w ostatnich latach wokół 10000 ha należy do czołówki krajów uprawiających życicę trwałą na nasiona.

Ważną rolę w nasienności traw pastewnych odgrywają życice krótkotrwałe, których odmiany są wykorzystywane do produkcji doskonałej jakości paszy, głównie z użytków przemiennych. Spośród kilku gatunków tej grupy życic najważniejszym jest *L. multiflorum* (Humphreys i in., 2010). Na rynku europejskim liderem w reprodukcji zróżnicowanych pod względem ploidalności odmian hodowlanych tego gatunku są Niemcy. W okresie 2004–2019 areal upraw nasiennych tej trawy u naszych zachodnich sąsiadów zmieniał się, jednak w ostatnich dwóch latach uwidocznił się wyraźny trend wzrostowy, przekraczając w ubiegłym roku 15000 ha (rys. 2).



Rys. 1. Powierzchnia zakwalifikowanych upraw nasiennych życicy trwałej w wybranych krajach Europy w latach 2004–2019 (ha)

Fig. 1. Certified area of perennial ryegrass grown for seed in selected European countries in 2004-2019 (ha)



Rys. 2. Powierzchnia zakwalifikowanych upraw nasiennych życicy wielokwiatowej w wybranych krajach Europy w latach 2004–2019 (ha)

Fig. 2. Certified area of Italian ryegrass grown for seed in selected European countries in 2004-2019 (ha)



W analizowanym okresie powierzchnia upraw nasiennych życicy wielokwiatowej w naszym kraju zwiększała się dynamicznie, dzięki czemu Polska w ostatnich pięciu latach zajmowała drugie miejsce w Europie.

Znaczący udział kostrzewy czerwonej w europejskim rynku nasiennym traw wynika z reprodukcji licznych odmian hodowlanych, wykorzystywanych głównie do celów darniotwórczych (Rognli i in., 2010). Materiał siewny zróżnicowanych pod względem właściwości biologicznych odmian, należących do kilku niższych od gatunku jednostek taksonomicznych, jest wykorzystywany do zakładania trawników, zadarniania skarp, poboczy dróg, terenów zlokalizowanych w trudnych warunkach siedliskowych, a także jako komponent do mieszanek na trwałe użytki zielone, zwłaszcza pastwiska, co generuje duże zapotrzebowanie na nasiona. Liderem w nasiennictwie kostrzewy czerwonej w Europie jest Dania. W analizowanym okresie areal upraw nasiennych odmian tej trawy był 4–5 krotnie większy niż w innych krajach europejskich (rys. 3). Znaczącą rolę w nasiennictwie kostrzewy czerwonej odgrywa Polska, zajmując w ostatnich latach drugą pozycję w Europie z arealem zakwalifikowanych plantacji na poziomie ponad 4000 ha.

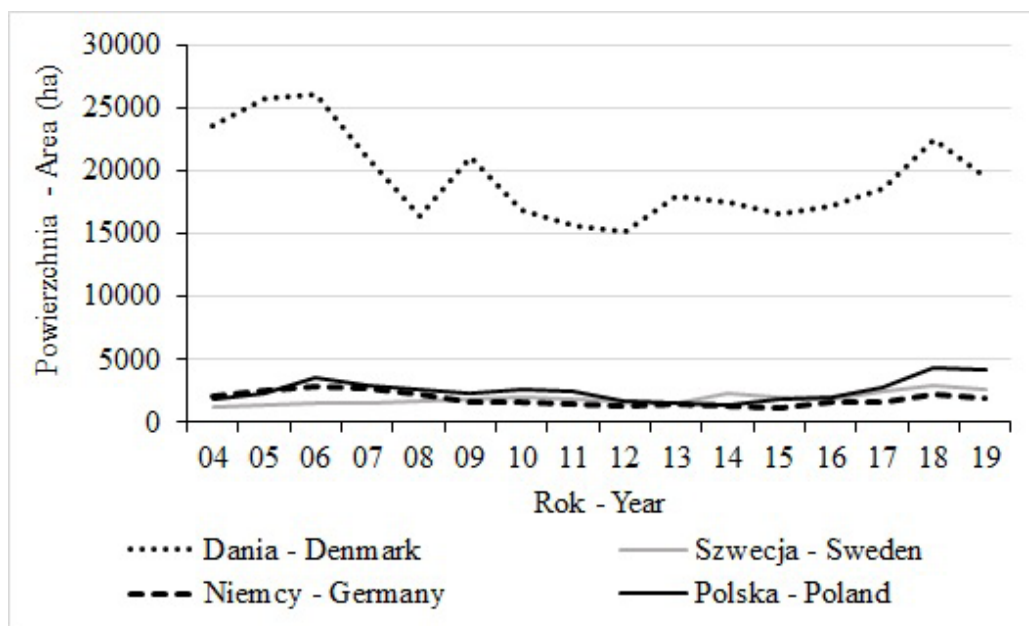
Rosnące znaczenie roślin bobowatych drobnonasiennych na rynku nasiennym w Europie jest skutkiem promocji stosowania rodzimego białka w paszy podstawowej w żywieniu przeżuwaczy. Wiodącą rolę odgrywa reprodukcja odmian *Medicago sativa* L., głównie we Włoszech, Francji i Hiszpanii. W 2018 roku odmiany lucerny siewnej były namnażane na areale 115320 ha. Spośród koniczyn najważniejsza jest koniczyna łąkowa (Boller i in., 2010), reprodukowana w Europie na powierzchni około 37500 ha. Liderami w nasiennictwie tego gatunku są Francja i Czechy. W uprawie na nasiona roślin bobowatych drobnonasiennych Polska ma mniejsze znaczenie na rynku europejskim, jednak w przypadku *T. pratense* jest znaczącym producentem, zwiększając w ostatnich latach areal uprawy do poziomu około 5000 ha (rys. 4).

W analizie produkcji materiału siewnego traw i bobowatych drobnonasiennych w danym kraju istotna jest nie tylko powierzchnia reprodukcyjna poszczególnych odmian i taksonów, lecz także uzyskiwany plon nasion z jednostki powierzchni, który jest efektem potencjału nasiennego odmian hodowlanych (Boelt i Studer, 2010; Goliński i in., 2005) oraz prawidłowej agrotechniki stosowanej na plantacji (Rolston i in., 2007). Oceniając plon nasion najważniejszych roślin łąkowych w latach 2004–2019 w Europie (rys. 5), nasuwa

się stwierdzenie, że liderzy na rynku nasiennym tej grupy roślin pod względem arealu uprawy legitymują się także wysoką wydajnością plantacji nasiennych. Dotyczy to w odniesieniu do traw – Danii oraz Holandii, a w przypadku bobowatych – Francji i Włoch. Ciągłe doskonalenie technologii uprawy na nasiona życicy trwałej w Danii sprawia, że średni plon nasion odmian tego gatunku w badanym okresie osiągnął poziom 1747 kg·ha<sup>-1</sup>, dorównując w niektórych latach wydajności plantacji w Nowej Zelandii (Rolston i in., 2007). Zdecydowanie mniejsze plony z hektara uzyskiwano w Holandii oraz w Niemczech. Na tym tle średnia wydajność plantacji nasiennych życicy trwałej w Polsce, dla 16-letniego okresu analizy, kształtuje się na niskim poziomie (846 kg·ha<sup>-1</sup>). Mimo, iż w ostatnich latach obserwuje się wzrost plonu nasion tego gatunku w naszym kraju należy systematycznie dążyć do doskonalenia technologii produkcji nasion życicy trwałej z wykorzystaniem innowacji stymulujących potencjał biologiczny odmian pastewnych i trawnikowych np. otoczkowanie nasion (Qiu i in., 2020), regulatory wzrostu zapobiegające wyleganiu roślin (Goliński i in., 2008; Chastain i in. 2014), nawożenie dolistne mikroelementami (Hart i in., 2013), jak i ograniczających straty już wytworzonego plonu np. preparaty zapobiegające osypywaniu ziarniaków (Goliński i Golińska, 2015).

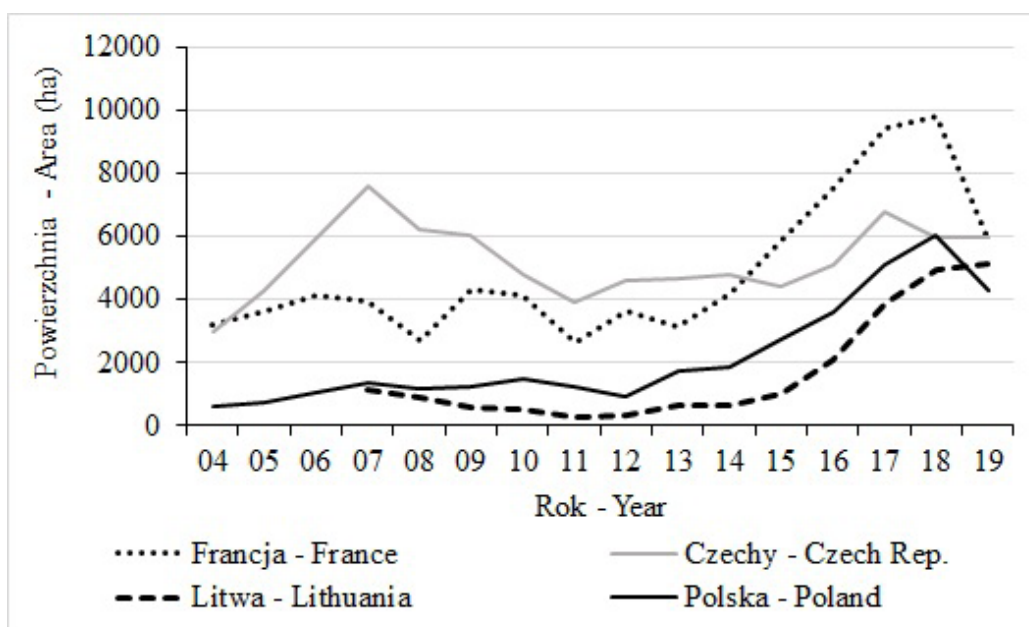
Zdecydowanie lepiej kształtuje się w Polsce plonowanie życicy wielokwiatowej (rys. 5). W badanym okresie wydajność plantacji nasiennych tego gatunku dorównuje plantacjom w Niemczech oraz jest o 13% większa niż w Czechach. Dużym plonowaniem upraw nasiennych życicy wielokwiatowej wyróżniają się Włochy. W przypadku kostrzewy czerwonej, Dania jest nie tylko liderem w areale reprodukcyjnym odmian, lecz także zajmuje pierwsze miejsce pod względem wydajności plantacji (1786 kg·ha<sup>-1</sup>). W okresie ostatnich 16 lat średnie plony nasion w Danii były zdecydowanie większe niż w innych czołowych (pod względem powierzchni upraw nasiennych) krajach – Szwecji, Niemczech i Polsce, odpowiednio o 79%, 136% i 156% (rys. 5). Ta dysproporcja wskazuje, jak wiele działań należy podjąć w Polsce, mimo wzrostu wydajności plantacji nasiennych kostrzewy czerwonej w ostatnich latach, aby dorównać Danii pod względem plonu nasion odmian tego gatunku.

W reprodukcji odmian koniczyny łąkowej w analizowanym okresie najlepsze wyniki, co do plonowania plantacji nasiennych, odnotowano we Francji (rys. 5). Polska jako jeden z najważniejszych w Europie producentów nasion tego gatunku cechuje się mniejszym o 18% plonowaniem



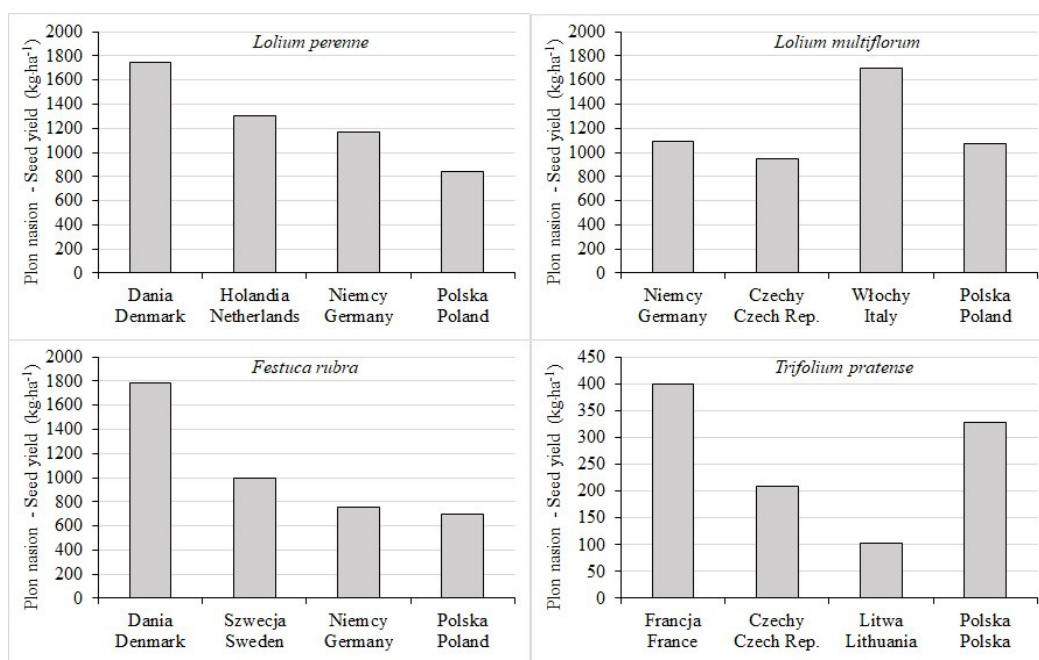
Rys. 3. Powierzchnia zakwalifikowanych upraw nasiennych kostrzewy czerwonej w wybranych krajach Europy w latach 2004–2019 (ha)

Fig. 3. Certified area of red fescue grown for seed in selected European countries in 2004-2019 (ha)



Rys. 4. Powierzchnia zakwalifikowanych upraw nasiennych koniczyny łąkowej w wybranych krajach Europy w latach 2004–2019 (ha)

Fig. 4. Certified area of red clover grown for seed in selected European countries in 2004-2019 (ha)



Rys. 5. Plon nasion wybranych gatunków traw i koniczyny łąkowej w wybranych krajach Europy w latach 2004–2019 (kg·ha<sup>-1</sup>)

Fig. 5. Seed yield of selected grass species and red clover in selected European countries in 2004–2019 (kg·ha<sup>-1</sup>)

plantacji. Wykazywane przez ESCAA dane świadczą o małym plonie nasion z hektara uzyskiwanym przez Czechy i Litwę. Uzyskane wyniki budzą jednak wątpliwości, gdyż na tym tle trudna jest interpretacja dynamicznego w ostatnich latach rozwoju nasiennictwa koniczyny łąkowej w odniesieniu do areалу plantacji nasiennych na Litwie przy ich plonowaniu na poziomie około 100 kg·ha<sup>-1</sup>.

Interesująca jest analiza powierzchni zakwalifikowanych plantacji traw i bobowatych drobnonasiennych w ostatnich czterech latach w Polsce na tle innych krajów, odgrywających wiodącą rolę na rynku nasiennym w Europie (tab. 1). Warto podkreślić, że w latach 2016–2019 areal upraw nasiennych traw zwiększał się z każdym rokiem we wszystkich krajach, poza Francją i Holandią w 2018 roku oraz Niemcami i Włochami w 2017 roku. W ocenianym okresie czteroletnim największy wzrost powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych stwierdzono w Danii i w Polsce, odpowiednio o 60% i 56%, przy nieco mniejszym zwiększeniu we Francji, Czechach, Holandii i Niemczech, odpowiednio o 32%, 23%, 18% i 17% (tab. 2). Z kolei wzrost areálu upraw nasiennych traw w Szwecji był niewielki. Koniunktura na nasiona odmian pastewnych i gazonowych różnych gatunków traw uprawnych w ostatnich latach w Europie świadczy zarówno o zapotrzebowaniu materiału siewnego do zakładania i renowacji

użytków zielonych do celów paszowych (Bailey i in., 2016; Huyghe i in., 2014), jak i o szerokim wykorzystywaniu nasion do celów nierolniczych, w tym sportowych, rekreacyjnych i urządzania terenów zieleni (Goliński, 2012).

W przypadku bobowatych kształtowanie się powierzchni w układzie rok do roku było zróżnicowane. Jednakże analiza okresu czteroletniego wskazuje na wyraźny wzrost areálu upraw nasiennych tej grupy roślin w Polsce, Czechach i w Danii, odpowiednio o 27%, 23% i 14%. W przypadku Szwecji wskaźnik ten nieznacznie zmniejszył się, a w Niemczech i Francji praktycznie nie zmienił się. Z kolei we Włoszech zwiększenie areálu uprawy bobowatych drobnonasiennych w trzyletnim okresie 2016–2018 osiągnęło poziom 66,2%. Wzrost całkowitej powierzchni plantacji nasiennych tej grupy roślin, zwłaszcza lucerny siewnej i różnych gatunków koniczyn należy łączyć z poszukiwaniem tanich źródeł białka w żywieniu przeżuwaczy i lepszym pod względem cech funkcjonalnych komponentów układaniem mieszanek nasiennych z trawami zarówno na przemienne, jak i na trwałe użytki zielone (Boller i in., 2010; Goliński i in., 2014; Wachendorf i Goliński, 2006).

W wyniku analizy danych stwierdzono, że polski rynek nasienny traw z upływem lat zajmuje coraz silniejszą pozycję w Europie. W ostatnich trzech latach udział Polski w ogólnej powierzchni

Tabela 1

Table 1

Powierzchnia zakwalifikowanych upraw nasiennych traw i bobowatych drobnonasiennych w wybranych krajach Europy w latach 2016–2019 (ha)

Certified area of grasses and legumes grown for seed in selected European countries in 2016-2019 (ha)

Kraj Country	Trawy – Grasses				Bobowate drobnonasienne – Legumes			
	2016	2017	2018	2019	2016	2017	2018	2019
Polska Poland	16508	22138	24840	25690	3814	5606	5864	4856
Czechy Czech Rep.	8370	9974	10040	10318	12175	16411	14547	15022
Dania Denmark	57701	69146	84065	92036	3138	4081	4626	3587
Francja France	10539	13106	13008	13940	28593	35236	38933	28619
Holandia Netherlands	12992	13749	13426	15344	-	-	-	-
Niemcy Germany	24752	23914	25635	28923	3007	3572	3394	2974
Szwecja Sweden	11216	11234	11454	11614	4398,3	4643	4861	4148
Włochy Italy	3728	3153	4532	bd-nd	42915	61703	71345	bd-nd

Tabela 2

Table 2

Zmiany w powierzchni zakwalifikowanych upraw nasiennych traw i bobowatych drobnonasiennych w wybranych krajach Europy w latach 2016–2019 (%)

Changes in certified area of grasses and legumes grown for seed in selected European countries in 2016-2019 (%)

Kraj Country	Trawy – Grasses				Bobowate drobnonasienne – Legumes			
	17/16	18/17	19/18	19/16	17/16	18/17	19/18	19/16
Polska Poland	+34,1	+12,2	+3,4	+55,6	+47,0	+4,6	-17,2	+27,3
Czechy Czech Rep.	+19,2	+0,7	+2,8	+23,3	+34,8	-11,4	+3,3	+23,4
Dania Denmark	+19,8	+21,6	+9,5	+59,5	+30,0	+13,4	-22,5	+14,3
Francja France	+24,4	-0,7	+7,2	+32,3	+23,2	+10,5	-26,5	+0,1
Holandia Netherlands	+5,8	-2,3	+14,3	+18,1	-	-	-	-
Niemcy Germany	-3,4	+7,2	+21,0	+16,9	+18,8	-5,0	-12,4	-1,1
Szwecja Sweden	+0,2	+2,0	+1,4	+3,5	+5,6	+4,7	-14,7	-5,7
Włochy Italy	-15,4	+43,8	-	-	+43,8	+15,6	-	-

zakwalifikowanych plantacji nasiennych traw na rynku europejskim wynosił około 12,0%. Niestety, w ujęciu wielkości produkcji kwalifikowanego materiału siewnego traw, udział naszego kraju w rynku jest mniejszy ze względu na mały plon nasion niektórych odmian hodowlanych. Analizując poszczególne gatunki traw wykazano, że w latach 2017–2019 w uprawie życicy wielokwiatowej i kostrzewy czerwonej Polska zajmowała drugie miejsce w Europie, a życicy trwałej – jako najważniejszej trawy na rynku nasiennym – drugie lub trzecie. W uprawie na nasiona wszystkich gatunków bobowatych drobnonasiennych nasz kraj w ostatnich trzech latach ma zaledwie około 3,5% udziału w rynku europejskim. Przyczyną tego, jak już wspomniano, jest duże znaczenie w nasiennictwie jedynie koniczyny łąkowej.

W krajach zachodnioeuropejskich produkcja nasion większości gatunków traw jest większa od zapotrzebowania. Typowo proeksportowymi krajami w odniesieniu do materiału siewnego życicy i kostrzew są Dania i Holandia. Podobny status w przypadku bobowatych drobnonasiennych mają Włochy i Francja. Pojawiają się jednak, nawet w krajach Europy Zachodniej, tak zwane nisze eksportowe, które stanowią dużą szansę dla polskich firm hodowlano-nasiennych i nasiennych. W przypadku traw wielkość eksportu nasion w ostatnich latach dochodzi do 4 tysięcy ton (dane PIN za rok 2016/2017). Polska posiada możliwości rozwijania nasiennictwa wielu gatunków traw i koniczyny łąkowej w najbliższych latach oraz zdobywania coraz lepszej pozycji na rynku europejskim. Należą do nich warunki siedliskowe, tradycje uprawy roślin łąkowych na nasiona, zaplecze techniczne i wiedza plantatorów, prężne i dobrze zorganizowane firmy nasienne (Podlaski, 2008; Majchrzycki i Pepliński, 2017) oraz niższe koszty jednostkowe produkcji nasion w porównaniu z krajami Europy Zachodniej.

## Wnioski

1. Z upływem lat polski rynek nasenny traw zajmuje coraz silniejszą pozycję w Europie i wykazuje trend wzrostowy. Obecnie Polska zajmuje drugie miejsce w uprawie *L. multiflorum* i *F. rubra*, a w przypadku *L. perenne* jest jednym z trzech czołowych krajów rynku europejskiego.
2. W uprawie na nasiona roślin bobowatych drobnonasiennych Polska ma mniejsze znaczenie w Europie, jednak jest znaczącym producentem nasion *T. pratense* na rynku nasiennym z wyraźnym trendem wzrostu powierzchni plantacji tego gatunku w ostatnich latach.
3. Doskonalenie technologii upraw nasiennych traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce jest nadal aktualne, gdyż zbierane plony nasion są mniejsze w porównaniu do wiodących na rynku krajów europejskich. Zwiększenie wydajności plantacji nasiennych reprodukowalnych odmian roślin łąkowych jest warunkiem wzrostu znaczenia naszego kraju w tej części rynku nasiennego w Europie.

## Literatura

- Bailey J., Brandsma J., Busqué J., Elsaesser M., Goliński P., Crespo D. G., Hopkins A., Hulin-Bertaud S., Krause A., Lind V., Mosquera-Losada M. R., Noorköiv K., O'Donovan M., Peeters A., Pehrson I., Peratoner G., Porqueddu C., Raducescu L., Reheul D., van den Pol-van Dasselaar A., Osoro K., Iman B., Onega Q., Schreuder R. 2016. Profitability of permanent grassland. Final Report. EIP-AGRI Focus Group Permanent Grassland. European Commission: 1 — 44.
- Boelt B., Studer B. 2010. Breeding for grass seed yield. In: Boller B., Posselt U. K., Veronesi F. (eds.) Fodder Crops and Amenity Grasses. Handbook of Plant Breeding 5, Springer Science+Business Media, LLC: 161 — 174.
- Boller B., Schubiger F. X., Kölliker R., 2010. Red clover. In: Boller B., Posselt U. K., Veronesi F. (eds.) Fodder Crops and Amenity Grasses. Handbook of Plant Breeding 5, Springer Science+Business Media, LLC: 439 — 455.
- Chastain T.G., Young III W.C., Silberstein T.B., Garbacik C.J. 2014. Performance of trinexapac-ethyl on *Lolium perenne* seed crops in diverse lodging environments. Field Crops Research 157: 65 — 70.
- Goliński P. 1996. Analiza kosztów i opłacalności produkcji nasion traw w wybranych gospodarstwach Wielkopolski. Biuletyn IHAR 199: 49 — 69.
- Goliński P. 2012. Hodowla traw i reprodukcja odmian. W: Kozłowski S. (red.) Trawy. Właściwości, występowanie i wykorzystanie. Powszechno Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Poznań: 71 — 81.
- Goliński P., Bailey J., Crespo D. G., van den Pol-van Dasselaar A., Lind V., Mosquera-Losada M. R., O'Donovan M., Peeters A., Porqueddu C., Reheul D. 2014. Sustainable grassland production by increased functional group diversification. EIP-AGRI Focus Group Permanent Grassland, European Commission: 1 — 7.
- Goliński P., Golińska B. 2015. Effect of application of preparations controlling the plant ripening process on seed shedding and yield of *Lolium perenne*. International Herbage Seed Group Newsletter 52: 18 — 20.
- Goliński P., Golińska B. 2016. Status of seed production of grasses and legumes in Poland. International Herbage Seed Group Newsletter 55: 6 — 11.
- Goliński P., Jokś W., Golińska B., Puślednik M. 2008. Efektywność stosowania regulatorów wzrostu w uprawie

- nasiennej życicy trwałej. *Progress in Plant Protection* 48 (2): 586 — 589.
- Goliński P., Kozłowski S., Broda Z., Mikulski W. 2005. Prospects of grass utilisation in Poland and new approaches and goals in grass breeding. In: Zwierzykowski Z., Kosmala A. (eds.) *Recent Advances in Genetics and Breeding of the Grasses.*, Institute of Plant Genetics PAS, Poznań, Poland: 147 — 162.
- Hart J.M., Anderson N.P., Chastain T.G., Flowers M.D., Ocamb C.M., Mellbye M.E., Young III W.C. 2013. Perennial ryegrass grown for seed (Western Oregon). *Nutrient Management Guide*, Oregon State University: 1 — 46.
- Huyghe C., De Vlieghe A., Goliński P. 2014. European grasslands overview: temperate region. *Grassland Science in Europe* 19: 29 — 40.
- Humphreys M., Feuerstein U., Vandewalle M., Baert J. 2010. Ryegrasses. In: Boller B., Posselt U. K., Veronesi F. (eds.) *Fodder Crops and Amenity Grasses. Handbook of Plant Breeding* 5, Springer Science+Business Media, LLC: 211 — 260.
- Kozłowski S., Goliński P. 2000. *Trawy*. W: Duczmal K., Tucholska H. (red.) *Nasiennictwo*. Tom 2. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Poznań: 125 — 173.
- Majchrzycki D., Pepliński B. 2017. Analiza rynku kwalifikowanego materiału siewnego pszenicy ozimej. *Roczniki Naukowe SERiA* 19 (2): 158 — 164.
- Martyniak J. 2009. Poziom krajowego nasiennictwa traw pastewnych a stan biologiczny użytków zielonych w Polsce. *Woda-Środowisko-Obszary Wiejskie* 9 (1): 21 — 38.
- Podlaski S. 2008. Model funkcjonowania firmy hodowlano-nasiennej w Polsce. *Roczniki Nauk Rolniczych, Seria G* 95 (1): 174 — 182.
- Qiu Y., Amirkhani M., Mayton H., Chen Z., Taylor A.G. 2020. Biostimulant seed coating treatments to improve cover crop germination and seedling growth. *Agronomy* 10, 154: doi:10.3390/agronomy10020154
- Rognli O. A., Saha M. C., Bhamidimarri S., van der Heijden S. 2010. Fescues. In: Boller B., Posselt U. K., Veronesi F. (eds.) *Fodder Crops and Amenity Grasses. Handbook of Plant Breeding* 5, Springer Science+Business Media, LLC: 261 — 292.
- Rolston P., Trethewey J., McCloy B., Chynoweth R. 2007. Achieving forage ryegrass seed yield of 3000 kg ha<sup>-1</sup> and limitations to higher yields. In: Aamlid T. S., Havstad L. T., Boelt B. (eds.) *Seed production in the northern light. Proceedings of the sixth International Herbage Seed Conference*, Bioforsk, Norway: 100 — 106.
- Van den Pol-van Dasselaar A., Goliński P., Hennessy D., Huyghe C., Parente G., Peyraud J.-L. 2014. Évaluation des fonctions des prairies par les acteurs européens. *Fourrages* 218: 141 — 146.
- Wachendorf M., Goliński P. 2006. Towards sustainable intensive dairy farming in Europe. *Grassland Science in Europe* 11: 624 — 634.

# Automation of septoria disease severity assessment using digital image analysis in Python programming language

Automatyzacja oceny nasilenia objawów chorobowych septorioz zbóż z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu w języku programowania Python

Sławomir Bartosiak ✉

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,  
Zakład Fitopatologii, Pracownia Hodowli Odpornościowej,

✉ e-mail: s.bartosiak@ihar.edu.pl

The assessment of the severity of symptoms of septoria disease is both time- and labour consuming. The paper presents a means of automating the evaluation of cereal septoria disease symptoms using open-source applications developed in the Python programming language. The software enables computerized documentation and reading of study subject items and the assessment of individual leaf disease symptoms, making it possible to remove outliers from the analysis.

**Key words:** Python, digital image processing, septoria, Stagonospora Nodorum Blotch, leaves, wheat, triticale.

Ocena objawów chorobowych septorioz na liściach zbóż, opisywanie i tworzenie dokumentacji fotograficznej poszczególnych liści jest czasochłonnym i pracochłonnym zadaniem. W opracowaniu przedstawiona została automatyzacja oceny objawów chorobowych septorioz zbóż za pomocą aplikacji open-source stworzonych w języku Python. Oprogramowanie umożliwia automatyzację odczytywania nazw obiektów doświadczalnych oraz ocenę objawów chorobowych poszczególnych liści, dzięki czemu istnieje możliwość np. usuwania obserwacji odstających z analizy.

**Słowa kluczowe:** Python, analiza obrazów cyfrowych, septoriozy, liście, pszenica, pszenżyto

## Introduction

Rapid disease severity assessment is one of the key elements of plant resistance breeding (Singh, Misra; 2017). In the past, the most common approach was to use visual assessment of the severity of disease symptoms based on an adopted scale; however, with the development of information technologies, digital imaging and advanced multispectral imaging, old and subjective visual methods are rarely employed today. This is because visual assessment is prone to errors and is slower in comparison to computationally efficient digital image analysis (Thomas et al., 2018). Digital image processing can be carried out using both commercial and open source software solutions. One of the major disadvantages of commercial solutions concerns their additional cost, which can be easily reduced by using open source software. Open source solutions, such as ImageJ or ImageJ2 are useful tools; however, in many cases they may be difficult to employ due to complicated graphical user

interfaces and numerous features that users need to familiarise themselves with. Batch processing and macros are available in these solutions; however, creating them can be a daunting and arduous task (Easlon and Bloom 2014; Rueden *et al.* 2017). Early versions of ImageJ also did not utilise the full computational power of modern multi-core CPUs. With development of high level programming languages and free access to standard libraries, software development has been facilitated. One of the most popular and user-friendly high level programming languages is Python. This can be readily applied in developing computer vision applications for plant breeding (Easlon, Bloom; 2014).

Pathogenicity tests in controlled environments in the seedling stage facilitate rapid disease symptom severity assessment, leading to shortening of plant breeding programs. These tests are widely employed in research and plant breeding (Thomas et al., 2018, Easlon and Bloom, 2014; Singh and Misra, 2017).

One of the work-intensive and time-consuming tasks in these kinds of environmental chamber experiments comprises creating photographic documentation and labelling image samples. This paper presents the methodology for using Quick Response (QR) codes for automated label generation and reading of experimental objects.

In this paper, the term “disease severity” refers to a quotient of diseased tissue area and total area (sum of diseased and healthy leaf tissue), expressed as a percentage. Two approaches can be employed in the assessment of disease severity in triticale and wheat leaves – either weighted disease severity average (sum of diseased area to total area of the leaves) or arithmetic average of disease severity in each diseased leaf. In order to calculate the weighted average, it is necessary to segment the source image into individual leaves. The use of weighted average increases the weight of the leaves with a higher surface area on the assessment of the extent of the disease in the test subject, while the use of arithmetic average lowers the impact of leaf surface area on the disease severity. The arithmetic average approach can be useful in test subjects where leaf surface area variation is significant. The aim of the study was to develop an application using the Python programming language, facilitating rapid severity assessment of septoria disease (*Parastagonospora nodorum* and *Zymoseptoria tritici*) in triticale and wheat leaves.

## Materials and Methods

*Applications are available for download at Github.com (<https://github.com/SlawomirBartosiak/septoria-leafQR.git>).*

To download applications, click the link, and then select the clone or download button, then unpack the downloaded \*.zip file preferably directly to the root directory on the C: drive or to any other folder, making sure that there are no Polish diacritical marks in the folder path, otherwise some of the commands that use paths with Polish diacritical marks will not run and the software may not work properly.

### Hardware test platform:

Windows 10, 64-bit operating system; x64 Intel®Core™ i5-4590 CPU; 8 GB of 800 Mhz DDR3 RAM; Intel HD Graphics 4600; Seagate Barracuda 500 GB 7200 rpm 3.5” SATA III HDD (ST500DM002).

### Experiment:

In the study, we used photographic documentation from experiments carried out in environmental chambers on cereal Septoria disease. Test subjects were sown in multi trays – 8 x 13 cells per pallet. The temperature in the environmental chamber was set to 22/20°C for 16/8 hours, and lights were on and off for 16 and 8 hours, respectively. Test subjects were inoculated 14 days after sowing with a water suspension of conidial *P. nodorum* spores at concentration of  $4 \times 10^{-6}$  spores ml<sup>-1</sup>. Maximum relative air humidity was provided after the inoculation and for 10 days of the SNB disease symptom developing stage. The infected leaves of 3-week old wheat and triticale seedlings were adhered to a transparent adhesive film, labelled and photographed in a light box, while a second leaf was used to carry out the assessment. Selected varieties of wheat and triticale used in the experiment varied in susceptibility to *P. nodorum*.

### Experiment photographic documentation preparation (Fig. 1):

1. Label – comprising a QR code and the name of the test subject.
2. Cyan backdrop.
3. Diseased leaves attached and evenly spread on a flat surface.
4. Light box providing uniform lighting of the object, lit with a 5500K 2x 6055 Lm light source.
5. Camera or other optoelectronic device set perpendicularly to the photographed surface on a rigid tripod, taking pictures in the sRGB colour space in the resolution of at least 3072x2048 (180dpi), with 24-bit colour depth, set at f/4 aperture, with 1/250 s exposure time and ISO speed of ISO100, equipped with a lens with a focal length of 50 mm. All photographs were taken without flash.

### Requirements:

- Windows 10;
- Python 3.8.2 (<https://www.python.org/downloads/windows/>) – The “Add Python 3.8 to PATH” option needs to be selected if the user intends to run programs with \*.py file extension using Windows Command Line.
- The following Python modules were installed:
  - pip 19.2.3
  - opencv-python 4.2.0.32
  - numpy 1.18.1
  - pandas 1.0.3



- pyzbar 0.1.8
- pypng 0.0.20
- Pillow 7.1.2
- pyqrcode 1.2.1

#### ***lab\_gener.py application:***

In order to facilitate software reading of digital image labels, QR codes were used. The *lab\_gener.py* application generates QR codes from objects listed within the *object\_list.txt* text file, located in the main directory.

#### ***Preparing the application:***

1. Prepare a reading list of labels located in the *object\_list.txt* file located in the main *septoria-leafQR* directory. Every object code should be added in a new row, as follows:  
Object 1, Repetition 1  
Object 1, Repetition 2  
Object 2, Repetition 1  
etc.
2. Run the *lab\_gener.py* application to generate QR code labels in the *labels\_output* directory. To run the application, open Windows Command Line, go to the *septoria-leafQR* directory and type `python lab_gener.py`. User can also run the application by double-clicking the *lab\_gener.py* file if Python3 is set to open files with \*.py extension by default.

3. When the application displays the message: “Please enter [y] – yes, to add titles to output files or [n] – no, to save files without title”, select whether to save or not to save the titles of the labels in the generated graphic files.
4. After selecting Y or N, the application starts running, displaying the names of the saved graphic files in the *labels\_output* directory.
5. The *Finished* message will be displayed after successful execution of the application.

Print the generated labels, preferably on a cyan background, and place them on adhesive film (as described above) and create a digital photograph (Fig. 1).

#### ***sleaves.py application:***

The application evaluates the severity of the disease in test subjects prepared as previously described and summarises the results in \*.csv tables. The application looks for files for analysis in the *input\_images* directory. QR code labels are automatically read by the software. In cases where the application is unable to read the QR code from the image, for example, due to blurriness, it will use the file name for the analysis. The application can also save graphic files with the disease symptoms and individual leaves. Moreover, users can modify parameters via HUE in HSV colour space to optimise selection of the diseased



Fig. 1. Example of prepared image sample documentation to analyse.

Rys. 1. Przykład przygotowanej dokumentacji fotograficznej obiektu doświadczalnego.

area and total area of the leaves if the parameters of the equipment used for the analysis differ significantly from those described in this methodology, or if the software is used for another purpose. To run the application and optimise the parameters, follow the protocol below:

#### **Parameter optimisation:**

1. Copy image files prepared according to above methodology to the *input\_images* directory.
2. To activate the saving of the extracted leaf contours, change the *save\_leaf\_im* variable in the *sleaves.py* file to *True*.  

```
save_leaf_im = True # True/False save an extracted leaf image
```
3. To activate the saving of the extracted diseased areas of the individual leaves, change the *save\_diseased\_im* variable in the *sleaves.py* file to *True*.  

```
save_diseased_im = True # True/False save an diseased image
```
4. The application saves the extracted images to the *output\_analysis* directory.
5. Run the application. In Windows Command Line, change the working directory to *septoria-leaf-QR* and type *python sleeves.py* or double click the application icon.
6. If the contours of the leaves are cut too much, increase the HUE\* range using the *leaf\_hue\_min* and *leaf\_hue\_max* variables, and if too much of the background is left in the leaf contours, decrease the HUE\* range – by default, the HUE variable range is set to 0–90.  

```
leaf_hue_min = 0 # Min leaf HUE, default 0
leaf_hue_max = 90 # Max leaf HUE, default 90
```
7. If the application cuts out too much of the diseased tissue, increase the HUE\* range using the *diseased\_hue\_min* and *diseased\_hue\_max* variables, and decrease it if the application leaves out healthy tissue.  

```
diseased_hue_min = 0 # Min diseased HUE, default 0
diseased_hue_max = 45 # Max diseased HUE, default 45
```
8. After the parameters are optimised, run the application again to check if the results are correct.

\*HUE is represented in HSV colour scale, calculated on the basis of the sRGB colour space. In Python Open CV library, hue can range from 0 to 179.

#### **Preparing the application:**

1. If the prepared image files are located in the *input\_images* directory, go to the *Septoria-leaf*

directory using Windows Command Line and run the application by typing *sleaves.py*, or by double-clicking the application file.

2. The application will start the analysis, which takes about 20 seconds for 100 images in 3072x2048 resolution – the time depends on the available processing power and the number of analysed photographs.
3. After successful analysis, the *Finished* message will be displayed and analysis summaries in \*.csv format will be created in the main application directory – *septoria-leaf*.
  - a. *results.csv* – a summary containing the output of individual leaf analysis:
    - *sample\_name* – name of test subject, read from its QR-code,
    - *leaf\_area* – area of the individual leaf in pixels,
    - *diseased\_area* – area of individual leaf diseased tissue in pixels,
    - *diseased\_percent* – (*diseased\_area/leaf\_area*) \*100.
  - b. *pivot\_table.csv* – pivot table of the summary of the analysis of individual test subjects, included in the *results.csv* file:
    - *sample\_name* – name of the test subject, read from its QR-code,
    - *leaf\_area* – sum of the areas of all leaves on a single test subject in pixels,
    - *diseased\_area* – sum of the diseased tissue of all leaves in pixels,
    - *diseased\_percent* – arithmetic average of disease severity based on each individual leaf in the picture of a given test subject.

#### **Results and Discussion**

The *sleaves.py* application will utilize all the resources of a modern CPU. Yet, the analysis of 130 images with a resolution of 3072x2048, using a mid-range computer (detailed specification of hardware test platform can be found in the Materials and Methods section) took only 21 seconds. After the leaf contour saving option was enabled, the analysis time increased to 40 seconds.

There were no statistically significant differences between the arithmetic average and weighted average approach (ANOVA,  $p=0.62$ ) in the analysis of leaves inoculated by *Parastagonospora nodorum*. Some differences in descriptive statistics were, however, noted. The disease severity arithmetic average approach algorithm increased standard deviation by 0,7% and mean by 1.27%, in comparison to the weighted average approach. The largest average disease severity differences were observed in the case of test subjects where there were distinct

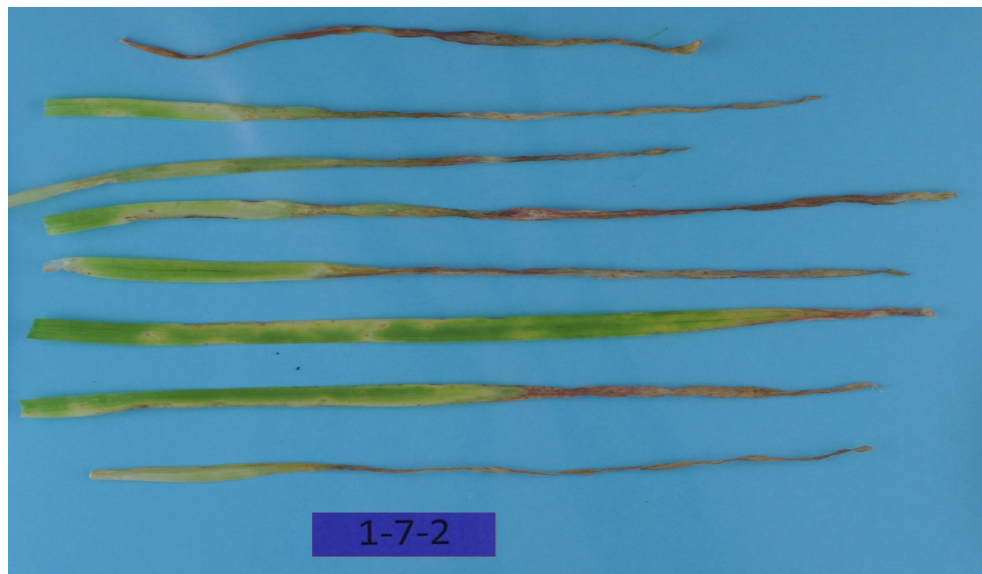


Fig. 2. Septoria disease symptoms caused by *P. nodorum* on second leaves of triticale seedlings.  
Rys. 2. Objawy nekroz na drugim liściu siewek pszenżyta wywołane przez *P. nodorum*.

variances between the diseased area and the total leaf area. SNB disease causes a collapse of diseased tissue creating necrosis and chlorosis that can lead to shrinking of diseased leaf area, especially in the seedling growth stage (Fig. 2). This engenders a shrinkage of the diseased area when compared to the healthy area. In test subjects that had large and healthy leaves, the average is lowered by up to 12%. The data on the severity of each of the individual leaves enabled the removal of outliers, thus increasing the precision of the experiment (Fig. 2. – third leaf from the bottom lowers the average disease severity).

Parameter optimisation is required in order to make the application work properly. Undertaking this requires basic knowledge of the Python programming language and basic computer skills. Still, this should not be an obstacle for beginner users. The presented applications can be modified, customised and used for the analysis of other cereal diseases, as well as other plant species. What is more, the modification of the application code enables the extension of its feature set. It needs to be pointed out, however, that the presented application and the algorithms employed are unable to differentiate SNB disease from symptoms of abiotic stresses – such as nutrient deficiencies, as well as biotic stresses – such as other diseases that can also lead to tissue necrosis or chlorosis. Thus, the software is not perfectly suited for field trials. Therefore, it is recommended to use the software for experiments using inoculation or environmental chambers, where the risk of other undesirable biotic and abiotic stresses is minimised. The source code

of the application is open and available for free, in line with the MIT license, which means that it can be freely modified and used. While commercial software solutions in general have more intuitive and easier to use interfaces – this, however, comes at an additional cost.

## Conclusions

1. The sleeves.py application enables the analysis of the disease severity in each leaf and the elimination of outliers, thus reducing measurement errors.
2. The application permits analysis using the weighted average of the disease severity level.
3. There were no statistically significant differences between weighted average and arithmetic average-based disease severity analysis methods.
4. The application offers batch processing options.
5. The application can utilise all the processing power of modern multithreaded CPUs.

## Literature

- Easlon and Bloom, (2014). Easy leaf area: automated digital image analysis for rapid and accurate measurement of leaf area. *Applications in Plant Sciences*. 2 (7): 1400033.
- Rueden, C. T., Schindelin, J., Hiner, M. C., DeZonia, B. E., Walter, A. E., Arena, E. T. and Eliceiri, K. W. (2017). ImageJ2: ImageJ for the next generation of scientific image data. *BMC Bioinformatics* 18:529.
- Singh, V., Misra, A. K. (2017). Detection of plant leaf diseases using image segmentation and soft computing techniques. *Information Processing in Agriculture* (4) 41–49.
- Thomas, S., Behmann, J., Steier, A., Kraska, T., Muller, O., Rascher, U. and Mahlein, A. K. (2018). Quantitative assessment of disease severity and rating of barley cultivars based on hyperspectral imaging in a non-invasive, automated phenotyping platform. *Plant Methods* 14:45.

# Poprawa wartości pokarmowej ziarna pszenicy jarej poprzez siewy mieszanin odmianowych

Improvement of the spring wheat nutritional value by sowing variety mixtures

Danuta Boros<sup>1</sup>✉, Magdalena Wiśniewska<sup>1</sup>, Marlena Gzowska<sup>1</sup>, Józef Zych<sup>2</sup>, Edward Gacek<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych, IHAR-PIB, 05–870 Radzików,

<sup>2</sup> Centralny Ośrodek Badania Roślin Uprawnych, 63–022 Słupia Wielka,

✉ e-mail: d.boros@ihar.edu.pl

Praca miała na celu określenie zawartości substancji odżywczych i bioaktywnych w ziarnie mieszanin odmianowych, dwu i trójskładnikowych, pszenicy jarej w porównaniu do ziarna odmian wchodzących w skład tych mieszanin z siewu czystego oraz wykazanie czy ten sposób produkcji ziarna umożliwia, oprócz lepszego plonowania, także poprawę jego wartości pokarmowej. Materiał badawczy stanowiło ziarno 14 odmian oraz 60 mieszanek, w tym 10 dwuskładnikowych, z lat zbioru 2014, 2016 i 2018. Oznaczono zawartość białka, lipidów, składników mineralnych i skrobi, składających się na substancje odżywcze, a także błonnika pokarmowego, jego podstawowych składników oraz związków fenolowych, włączając alkilorezorcynole jako substancje bioaktywne w ziarnie zbóż. Wyniki badań wykazały, że poprawa wartości użytkowej ziarna jest możliwa poprzez uprawę mieszanek odmianowych pszenicy jarej. Czynniki genetyczne miały istotny wpływ na zawartość substancji odżywczych oraz kompleksu błonnika pokarmowego w ziarnie mieszanin odmianowych pszenicy jarej. Identyfikacja odpowiednich odmian do siewów mieszanych jest niezbędna do poprawy wartości użytkowej ziarna pszenicy jarej.

Słowa kluczowe: składniki odżywcze, składniki bioaktywne, mieszaniny dwuskładnikowe, mieszaniny trójskładnikowe, komponenty mieszanin

The aim of the study was to determine the content of nutrients and bioactive substances in two- and three-variety mixtures of spring wheat in comparison to varieties growing in pure stand and to demonstrate whether this method of grain production allows, in addition to better yielding, improvement of its nutritional value. The material for analysis consisted of 14 varieties and 60 varietal mixtures, including 10 two-component mixtures harvested in the years 2014, 2016 and 2018. The content of protein, lipids, minerals and starch, constituting nutrients and dietary fibre, including its basic components and phenolic compounds, was determined as bioactive substances of cereal grains. The results showed that the improvement of the end-use value is possible by cultivating spring wheat varietal mixtures. The genetic factor had a significant impact on the content of nutrients and the complex of dietary fibre in the variety mixture of spring wheat. Identification of suitable varieties for mixed sowing is necessary to improve the nutritional value of spring wheat.

**Keywords:** nutrients, bioactive components, two-component mixtures, three-component mixtures, mixture components

## Wstęp

Mieszanki odmianowe w obrębie tego samego gatunku zbóż budzą ogromne zainteresowanie w Polsce i w Unii Europejskiej z uwagi na ich przydatność do uprawy w systemie integrowanej produkcji rolniczej, umożliwiającym uzyskanie plodów rolnych o najwyższych wartościach żywieniowych oraz bezpiecznych dla zdrowia ludzi. Mieszanka odmianowa jest zdefiniowana jako przeznaczona do zasiewów zamierzona mieszanina co najmniej dwóch odmian, pozwalająca producentom zbóż zmaksymalizować w uprawie indywidualne dobre cechy każdej z odmian, a zamaskować cechy mniej korzystne (Dai i in., 2012). W przypadku zbóż jarych w uprawie

najczęściej stosowane są mieszaniny odmianowe w obrębie pszenicy i jęczmienia. Uprawa mieszanin odmianowych zwiększa bioróżnorodność i przez to zapewnia lepsze wykorzystanie zasobów środowiska, z jednoczesnym zmniejszeniem występowania chorób i szkodników (Gacek i in., 1996; Finckh i in., 2000; Leszczyńska, 2010; Vera i in., 2013). W dążeniu do osiągnięcia tych celów bardzo ważny jest dobór odmian, nie może on być przypadkowy (Cheema i in., 1988; Nadziak, Tratwał, 2012). Pozytywny efekt siewów mieszanych może być osiągnięty tylko w sytuacji korzystnej interakcji pomiędzy odmianami wchodzącymi w skład mieszanki (Kiær i in., 2009), w połączeniu z warunkami

siedliskowymi ich uprawy (Leszczyńska, 2010). Gdy dobór komponentów jest właściwy, stropy biotyczne i abiotyczne są w całym okresie wegetacji lepiej buforowane, w efekcie plonowanie jest bardziej stabilne, a uzyskane plony ziarna lepszej jakości i najczęściej większe niż odmian wchodzących w skład mieszanki z siewu czystego (Finckh i in., 2000; Kiær i in., 2009). Głównym kryterium doboru odmian do mieszanin jest zróżnicowanie pod względem odporności na najważniejsze choroby, jak również podobna wysokość roślin i zbliżony okres dojrzewania (Gacek i in., 1996; Nadziak, Tratwal, 2012). Dotychczasowe prace badawcze wykazały, że im mieszanina była bardziej zróżnicowana genetycznie tym odnotowywano mniejsze natężenie chorób, sięgające nawet 60–80% w porównaniu do ich występowania na odmianach komponentach rosnących w siewie czystym (Gacek i in., 1996). W odniesieniu do plonowania, kompensacja nie była tak duża, w zakresie od 1% do 15%, w zależności od mieszaniny użytych odmian i warunków środowiska (Gacek i in., 1996; Finckh i in., 2000; Kiær i in., 2009).

Polska ma długą tradycję uprawy na dużą skalę mieszanek zbożowych. Jest to jedna z cech wyróżniających polskie rolnictwo w Unii Europejskiej. Obecnie mieszanki zbożowe zajmują 3–4 miejsce w strukturze zasiewów zbóż, wyprzedzając takie zboża podstawowe jak jęczmień i owies, a dorównując żytu. Według danych GUS (2019), w 2019 roku powierzchnia zasiewów mieszanek zbożowych wyniosła 930 tys. ha. W uprawie przeważają mieszanki międzygatunkowe zbóż jarych, jęczmienia, pszenicy i owsa, z przeznaczeniem na cele paszowe. Ta sytuacja ulega zmianie

na korzyść mieszanin odmianowych, z uwagi na negatywny wpływ owsa na wartość paszową mieszanki. Mieszaniny odmianowe pszenicy zyskują zainteresowanie jako zboże chlebowe (Żmijewski, 2004; Lee i in., 2006; Jost i in., 2015). W Szwajcarii ponad 10% zasiewów pszenicy chlebowej stanowią mieszaniny odmianowe (Jost i in., 2015).

Celem badań było określenie zawartości związków odżywczych i bioaktywnych w ziarnie mieszanin odmianowych, dwu i trójskładnikowych, pszenicy jarej w porównaniu do ziarna odmian wchodzących w skład tych mieszanin z siewu czystego oraz wykazanie na tej podstawie czy korzystny efekt może być związany z niektórymi z nich. Badania są częścią zadania realizowanego w ramach Programu Wieloletniego IHAR-PIB, dotyczącego doboru odmian zbóż i odmian roślin strączkowych do siewów mieszanych, w różnych warunkach agro-klimatycznych Polski.

### Material i Metody

Materiał do badań pochodził z doświadczeń polowych założonych w sieci doświadczalnej COBORU w 2014, 2016 i 2018 roku, w trzech Stacjach Oceny Odmian: Przeclawiu, Słupia Wielkiej i Sulejowie (tab. 1). W roku 2014 w doświadczeniach było pięć odmian pszenicy jarej oraz 10 mieszanek dwuskładnikowych i 10 mieszanek trójskładnikowych tych odmian. W porównaniu do odmian z siewu czystego, mieszanki trójskładnikowe plonowały lepiej oraz wykazały większą zdrowotność łanu i ziarna, stąd w następnych latach do doświadczeń włączono tylko 20 kombinacji mieszanin trójskładnikowych sześciu odmian.

Tabela 1  
Table 1

#### Material badawczy

##### Material

Nazwa odmian Name of varieties	Liczba mieszanek dwuskładnikowych No of two component mixtures	Liczba mieszanek trójskładnikowych No of three component mixtures	Doświadczenie polowe Field trial	
			Lokalizacja Location	Rok zbioru Harvest year
Arabella, Izera, Ostka Smolicka, Struna, Tybalt (5)	10	10	Przeclaw, Słupia Wielka, Sulejów,	2014
Arabella, Goplana, Harenda, Kamelia, KWS Torridon, Mandaryna (6)	-	20	Przeclaw, Słupia Wielka, Sulejów	2016
Goplana, Frajda, Nimfa, Harenda, Rusałka, Jarlanka (6)	-	20	Przeclaw, Słupia Wielka, Sulejów	2018

**Opis doświadczeń polowych**

Doświadczenia polowe prowadzono według metodyki stosowanej w badaniach WGO (COBORU, 2014, 2015). Założono je jako jednoczynnikowe, w niekompletnych, blokowych układach jedno-rozkładalnych, w trzech powtórzeniach. Chemiczna ochrona roślin obejmowała zaprawianie nasion przed siewem, stosowanie herbicydów, a w przypadku wystąpienia szkodników także insektycydów. Nie stosowano natomiast chemicznej ochrony roślin przed chorobami i wyleganiem. Nawożenie mineralne było zróżnicowane w poszczególnych punktach doświadczalnych, dostosowane do jakości gleby, rodzaju przedplonu i zasobności gleby w składniki mineralne. Powierzchnia pojedynczego poletka wynosiła 15 m<sup>2</sup>. Przy ustalaniu ilości wysiewu uwzględniano masę 1000 ziarniaków i zdolność kiełkowania ziarna poszczególnych odmian. Obsada ziarna dla wszystkich odmian w siewie czystym i siewie mieszanym wynosiła 450 szt./m<sup>2</sup>. W mieszaninach udział każdej z odmian był taki sam, po 225 szt./m<sup>2</sup> w dwuskładnikowych i po 150 szt./m<sup>2</sup> w trójskładnikowych. Przebieg warunków pogodowych, jako średnie miesięczne wartości temperatury powietrza i sumy opadów z danego roku wegetacji z trzech miejscowości, przedstawiono w tabeli 2 (COBORU, 2014, 2015; 2016; 2018).

Warunki pogodowe w trzech sezonach wegetacyjnych, z których pobrano ziarno do badań analitycznych, były zróżnicowane i z pewnością miały wpływ na skład chemiczny ziarna. Sezon wegetacyjny w 2014 roku wyróżniał się bardzo dużymi opadami deszczu w miesiącu maju (117 mm) i sierpniu (119 mm) oraz wysoką średnią temperaturą powietrza w lipcu. W 2015 roku odnotowano

większe opady w lipcu (169 mm), a mniejsze w maju (39 mm) oraz wysokie temperatury powietrza w miesiącach letnich. Z kolei rok 2018 charakteryzował się bardzo suchym oraz najpierw zimnym a potem gorącym początkiem wiosny. Suma opadów w marcu i kwietniu wyniosła 35 mm i 20 mm, przy średnich miesięcznych temperaturach odpowiednio -0,4°C oraz 14,2°C. W roku tym wysokie temperatury powietrza z mniejszymi opadami deszczu utrzymywały się przez cały sezon wegetacyjny.

**Analizy chemiczne**

W laboratorium przygotowano próbkę analityczną, poprzez zsypanie ziarna każdej odmiany lub mieszaniny odmianowej w równych proporcjach wagowych z każdej z trzech miejscowości zbioru ziarna. Tak przygotowane próbki ziarna zmielono na młynku laboratoryjnym Cyclotec<sup>TM</sup>, firmy Foss, wyposażonym w sito o wielkości oczek 0,5 mm. Oznaczono w nich zawartość suchej masy (nr 44–16.01), białka (nr 46–11.02), składników mineralnych (nr 08–01.01) i skrobi przyswajalnej (nr 76–11) metodami standardowymi wg AACC (2011) oraz lipidów ogółem grawimetrycznie po ekstrakcji kwaśnej, według Marchello i in. (1971). Suma tych składników składała się na zawartość składników odżywczych (SSO). Oznaczono ponadto zawartość ligniny Klasona i składników bioaktywnych, takich jak: nieskrobiowych polisacharydów (NSP), z podziałem na frakcję rozpuszczalną (S-NSP) i nierozpuszczalną (I-NSP), w tym β-glukanu oraz arabinoksylianów (TAX) z podziałem na ekstrahowalne (WE-AX) i nieekstrahowalne w wodzie (WUE-AX), polifenoli ogółem (TPC) i alkilorezorcynoli (AR). NSP oznaczono metodą chromatografii

**Tabela 2**  
**Tab le 2**

**Warunki pogodowe w sezonie wegetacyjnym w latach 2014, 2016 i 2018**  
**Weather conditions during growing season in years 2014, 2016 and 2018**

Sezon wegetacyjny Growing season	Miesiąc/Month					
	III	IV	V	VI	VII	VIII
Suma opadów*/Rainfall* [mm]						
2014	45	37	117	60	113	119
2016	44	45	39	62	169	45
2018	35	20	53	59	106	53
Średnia temperatura powietrza* / Mean air temperature* [°C]						
2014	6,2	10,2	13,3	15,6	20,4	17,7
2016	5,7	11,2	15,2	19,6	20,4	18,5
2018	-0,4	14,2	16,7	18,6	19,5	20,0

\*Wartości średnie z trzech lokalizacji/Mean values from three locations

gazowej według Englysta i Cummingsa (1984), która stanowi sumę cukrów: arabinozy, ksylozy, mannozy, galaktozy i glukozy, a  $\beta$ -glukan kolorymetrycznie zgodnie z metodą nr 32–23 wg AACC (2011). Ligninę Klasona analizowano metodą grawimetryczną jako pozostałość po trawieniu 72% kwasem siarkowym (Theander, Westerland, 1986). Z zawartości NSP i ligniny wyliczono zawartość błonnika pokarmowego (TDF), zgodnie z metodą nr 32–25, AACC (2011). Oznaczanie całkowitej zawartości związków fenolowych (TPC) wykonano metodą kolorymetryczną z wykorzystaniem reagentu Folin-Ciocalteu (Singleton i Rossi, 1965). Wyniki przedstawiono jako ekwiwalent miligramów kwasu galusowego (GAE) na g suchej masy próbki. Alkilorezorcynole ekstrahowano z całego ziarna acetonem i oznaczono kolorymetrycznie według Tłuszcika i in. (1981) na podstawie reakcji barwnej z solą diazoniową Fast Blue B  $ZnCl_2$  przy długości fali 520 nm (Gajda i in., 2008). Każda analiza była wykonana w co najmniej dwóch powtórzeniach, błąd analizy składników odżywczych nie przekraczał 3% a pozostałych 4%. Uzyskane wyniki przełączono na suchą masę.

Wyniki opracowano statystycznie, wykorzystując do tego celu analizę wariancji modelu ANOVA, oddzielnie dla materiału z każdego roku badań (Statistica 13.3). Dodatkowo wyliczono współczynniki korelacji liniowych Pearsona między wybranymi składnikami ziarna, których istotność testowano przy poziomie  $p < 0,05$  oraz  $p < 0,01$  (wyniki omówione w tekście). Procedurę porównań wielokrotnych Tukeya – Kramera zastosowano w odniesieniu do odmian i mieszanin.

## Wyniki i Dyskusja

Materiał badawczy dobrano i przygotowano do analiz chemicznych w sposób umożliwiający sprawdzenie wpływu siewu mieszanego na wartość pokarmową ziarna jak największej liczby odmian pszenicy jarej. Analizom chemicznym poddano ziarno 14 odmian i 60 kombinacji mieszkankowych, pochodzące ze zbioru w latach 2014, 2016 i 2018, z doświadczeń polowych założonych w każdym roku w trzech lokalizacjach. Przy wyborze odmian do siewów mieszanych brano pod uwagę pochodzenie (w pierwszej kolejności odmiany krajowe), wysokie plonowanie i zróżnicowanie odporności na choroby (COBORU, 2014 i 2015; 2016; 2018).

Średnie plony mieszanin w poszczególnych latach badań nie różniły się istotnie od średniego plonu odmian w siewie czystym, choć w latach 2014 i 2018 były znacznie wyższe niż w 2016 roku (tab. 3). Niesprzyjające warunki pogodowe w okresie wegetacji miały prawdopodobnie wpływ na niższe plonowanie w 2016 roku (tab. 2). Spośród badanych odmian i mieszanek, najwyższy plon w roku 2014 odnotowano dla mieszanki dwuskładnikowej Arabella+Struna (75,9 dt z ha), a najniższy (o ponad 8 dt z ha) dla odmiany Tybalt (COBORU, 2014, 2015). W roku 2016 najwyższe plonowały odmiany Goplana i Harenda (55,9 i 55,6 dt z ha), a także mieszanina składająca się z tych samych dwóch odmian oraz odmiany Mandaryna (57,9 dt z ha), natomiast najniższe plony uzyskano w przypadku mieszaniny Arabella+Harenda+KWS Torridon oraz Arabella+Goplana+Kamelia (nieco powyżej 53 dt z ha) (COBORU, 2016). W roku 2018 odnotowano bardzo duże zróżnicowanie plonowania w poszczególnych

Tabela 3

Table 3

### Plonowanie pszenicy jarej w latach 2014, 2016 i 2018\* [dt-ha<sup>-1</sup>]

#### Grain yield of spring wheat in 2014, 2016 and 2018\* [dt-ha<sup>-1</sup>]

Rodzaj zasiewu	Rok zbioru/Harvest year		
	2014	2016	2018
Odmiany w siewie czystym Pure variety	71,8	54,8	74,7
Mieszanki dwuskładnikowe Two component mixture	71,8	-	-
Mieszanki trójskładnikowe Three component mixture	72,1	54,8	74,7
Plon średni z 3 lat dla miejscowości Average 3-year yield per location	Przeclaw 69,7	Słupia Wielka 76,6	Sulejów 54,0
Zakres w latach Range in years	59,3 – 83,7	55,9 – 88,6	46,4 – 67,8

\*Dane COBORU/COBORU data

lokalizacjach od 47,5 dt z ha w Sulejowie do 85,2 dt z ha w Słupi Wielkiej. Najwyższy plon średni uzyskano dla mieszanek Goplany, Harendy z Frajdą oraz z Nimfą (76,9 i 76,3 dt z ha). Wysoko plonowała również odmiana Goplana (75,8 dt z ha), uprawiana w siewie czystym natomiast najgorzej pod względem tej cechy oceniona została mieszanka Frajda+Harenda+Rusałka (71,4 dt z ha) (COBORU, 2018). Odmiany pszenicy jarej, wchodzące w skład mieszanin odmianowych należały w przeważającej większości (11 odmian) do klasy pszenic chlebowych jakościowych A, a 3 odmiany (Frajda, Harenda i Kamelia) reprezentowały pszenice chlebowe klasy B (COBORU, 2020).

Ziarno pszenicy jest podstawowym surowcem w przemyśle młynarsko-piekarskim, a także cennym składnikiem mieszanek paszowych dla wszystkich grup zwierząt gospodarskich. Ocena podstawowego składu chemicznego, tj. białka, składników mineralnych, lipidów i skrobi, składających się na sumę substancji odżywczych (SSO), jest pierwszym wskaźnikiem umożliwiającym określenie wartości pokarmowej, przemiałowej i wypiekowej ziarna pszenicy (Hoseney, 1994). W ocenie wartości technologicznej linii hodowlanych oraz nowych odmian pszenicy skutecznym wstępnym kryterium jakościowym jest procentowa zawartość białka w ziarnie, gdyż przekłada się

Tabela 4

Table 4

Zawartości składników odżywczych w ziarnie odmian oraz ich mieszanin odmianowych pszenicy jarej (wartości średnie z poszczególnych lat zbioru, w% s.m.)

Content of nutrients in varieties and their variety mixtures of spring wheat (mean values for particular harvest years, on DM %)

Odmiany, mieszanki Varieties, mixtures	Białko Protein	Lipidy Lipids	Składniki mineralne Minerals	Skrobia Starch	SSO*
2014 rok zbioru / 2014 harvest year					
Odmiany Varieties	13,4±0,4 <sup>a</sup>	2,58±0,1	1,58±0,1	65,3±0,5 <sup>b</sup>	82,9±0,8
Mieszaniny dwuskładnikowe Two component mixtures	13,4±0,4 <sup>a</sup>	2,63±0,1	1,57±0,0	65,6±0,5 <sup>ab</sup>	83,2±0,7
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	13,0±0,4 <sup>b</sup>	2,61±0,1	1,56±0,1	66,2±0,9 <sup>a</sup>	83,4±0,8
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001	0,0001	0,086	0,059
NIR/LSD	0,301	0,098	0,086	ns	ns
2016 rok zbioru / 2016 harvest year					
Odmiany Varieties	14,3±0,4	2,79±0,1	1,45±0,0	60,8±1,0	79,3±0,7
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	14,3±0,2	2,84±0,1	1,44±0,1	60,3±0,7	78,9±0,7
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001	0,0015	0,006	0,047
NIR/LSD	0,349	0,255	0,069	2,813	2,943
2018 rok zbioru / 2018 harvest year					
Odmiany Varieties	12,4±0,1 <sup>b</sup>	2,60±0,1	1,58±0,1	60,7±1,4 <sup>a</sup>	77,3±1,5 <sup>a</sup>
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	12,7±0,2 <sup>a</sup>	2,62±0,1	1,62±0,1	59,2±1,1 <sup>b</sup>	76,2±1,0 <sup>b</sup>
Prawdopodobieństwo Probability	0,4659	0,0001	0,0001	0,0033	0,0018
NIR/LSD	ns	0,168	0,117	4,398	3,919

\*SSO – suma składników odżywczych; SSO – sum of nutrients



ona na wydajność glutenu mokrego i tym samym na wartość wypiekową mąki pszennej (Cygankiewicz, 1997; Stępniewska, Słowik, 2016). Pszenica jara w porównaniu do pszenicy ozimej cechuje się na ogół lepszą wartością wypiekową, ale mniejszą wartością przemiałową, co wiąże się z większą zazwyczaj zawartością w ziarnie białka a mniejszą skrobi (Biel, Maciorowski, 2012; Cacak-Pietrzak i in., 2014; Boros i in., 2015). Są jednakże nieliczne dane wskazujące na większą zawartość białka w ziarnie form ozimych na tle form jarych pszenicy (Stępniewska, Słowik, 2016), na co wpływ najprawdopodobniej mają dobór i ilość ocenianych genotypów oraz warunki pogodowe w okresie wegetacji. W przeprowadzonych badaniach nie stwierdzono istotnych różnic ( $p > 0,05$ ) pod względem SSO w ziarnie odmian i mieszanin odmianowych pochodzącym ze zbioru 2014 roku (tab. 4). Istotne różnice ( $p < 0,05$ ) w SSO wykazano natomiast w materiale zebranym w 2016 i 2018 roku. W odniesieniu do ziarna ze zbioru 2018 roku różnice istotne SSO były także między odmianami z siewu czystego, a mieszaninami trójskładnikowymi tych odmian. Ziarno mieszanin trójskładnikowych z tego roku zbioru miało średnio o 1,1 jednostek procentowych mniej SSO niż średnia wartość w ziarnie komponentów. Ogólnie ziarno z 2018 roku charakteryzowało się najmniejszą wartością SSO (76,4%) na skutek małej zawartości białka (12,6%) i skrobi (59,6%) w porównaniu do ziarna pszenicy z wcześniejszych lat zbioru. Genotyp miał z całą pewnością duży wpływ na różnice w zawartości białka, skrobi i w efekcie SSO w latach zbioru ziarna. Nie można wykluczyć jednakże wpływu zmiennych warunków pogodowych w okresie wegetacji na zróżnicowanie zawartości podstawowych składników pokarmowych (Lee i in., 2006). Odmiany Goplana i Harenda, pochodzące z doświadczeń przeprowadzonych w latach 2016 i 2018, różniły się znacznie pod względem zawartości białka w ziarnie, mimo że pochodziło ono z tych samych warunków glebowych. W porównywanych latach zbioru, 2016 i 2018, ziarno odmiany Goplana zawierało białka odpowiednio 13,8% vs. 12,6%, a odmiany Harenda 14,1% vs. 12,3%. Suchy i ciepły koniec kwietnia oraz wysokie temperatury panujące w maju 2018 roku spowolniły rozwój roślin, co prawdopodobnie rzutowało na dalsze fazy wzrostu takie, jak wykształcenie źdźbeł i kłosów (COBORU, 2018). Podobnie dużą różnicę w zawartości białka odnotowano w przypadku ziarna odmiany Arabella z roku zbioru 2014 i 2016, odpowiednio 13,3% vs. 14,6%. Ogólnie stwierdzono istotne różnice w zawartości białka w ziarnie odmian i mieszanin ze zbioru

2014 i 2018, a w odniesieniu do skrobi w ziarnie pochodzącym ze zbioru 2016 i 2018 roku. Ponadto istotne różnice odnotowano między odmianami a mieszaninami w zawartości białka i skrobi w materiale pochodzącym ze zbioru 2014 i 2018 roku. Takich różnic między odmianami i mieszaninami nie wykazano w ziarnie z 2016 roku zbioru. W zestawie próbek ziarna ze zbioru 2014 roku, mieszaniny trójskładnikowe miały średnio mniej białka (13,0% vs. 13,4%), ale więcej skrobi (66,2% vs. 65,4%) w porównaniu do średniej ilości obu tych składników w mieszaninach dwuskładnikowych oraz ich odmianach komponentach. Mieszaninami o największej zawartości białka w ziarnie z 2014 roku zbioru (po 13,8%) były Arabella+Tybalt oraz Izera+Tybalt. Ostka Smolicka była odmianą o największej zawartości białka (13,8%), a Izera o najmniejszej (12,7%). Ziarno ze zbioru 2016 roku charakteryzowało się dużą zawartością białka (średnio 14,3%), jednakże małą skrobi (średnio 60,5%). Odmiany Kamelia, KWS Torridon i Arabella miały tego składnika najwięcej (14,7% do 14,6%), a wśród mieszanek odmianowych, mieszanina skomponowana z tych trzech odmian (14,7%). Natomiast mieszanina składająca się z odmian o najmniejszej zawartości białka (poniżej 14%), tj. z Goplana, Harenda i Mandaryny, miała białka najmniej (13,9%) wśród mieszanin z 2016 roku. W ziarnie uzyskanym w 2018 roku stwierdzono niewielkie zróżnicowanie (1%) zawartości białka zarówno wśród odmian oraz mieszanin odmianowych. Odmiany Goplana, Jarlanka i Nimfa były odmianami o największej ilości białka (12,6%), a wśród mieszanek, mieszanina Jarlanka i Nimfy, odpowiednio z Harendą (13,1%) oraz z Goplaną i z Frajdą (po 12,9%). W badaniach m. in. wartości technologicznej ziarna czterech odmian pszenicy jarej uprawianej w siewie czystym i mieszanym, pochodzącego z produkcji w latach 1996–1998, nie wykazano istotnych różnic w zawartości białka między odmianami i mieszaninami (Żmijewski, 2004). Biorąc pod uwagę zawartość białka jako jeden z podstawowych wyróżników charakteryzujących wartość wypiekową pszenicy, można stwierdzić, że ziarno każdej z badanych mieszanin odmianowych, jak również każdej z odmian z siewu czystego spełniało wymagania surowcowe. Jak podaje Rothkaehl (2015) ziarno przeznaczone do przemiału na mąki wypiekowe powinno zawierać białka nie mniej niż 11,5% w suchej masie. W przeprowadzonych badaniach w każdym roku stwierdzono ujemną korelację między zawartością białka i skrobi (tab. 6). W odniesieniu do ziarna z lat zbioru 2016 i 2018 korelacje były istotne ( $r = -0,524$  i  $r = -0,450$ ).

Podobne zależności między tymi dwoma składnikami ziarna uzyskano w przypadku innego zestawu odmian pszenicy ozimej oraz jarej (Boros i in., 2014), a także dla próbek mąk pszennych zarówno handlowych, jak i pochodzących z przemiału laboratoryjnego ziarna pszenicy (Achremowicz i in., 2010). Ujemna korelacja między zawartością białka i skrobi w ziarnie zbóż jest znana od dawna

i wynika z różnic wydatkowania energetycznego na ich syntezę. Roślina zbożowa na syntezę białka potrzebuje ponad dwukrotnie więcej energii niż na syntezę skrobi, wyrażona w jednostkach glukozowych wynosi odpowiednio 2,5 oraz 1,2 (Munck, 1987). Skrobia, główny składnik zapasowy ziarna zbóż, w żywności lub paszach stanowi doskonałe źródło energii, a jej hydroliza odgrywa znaczącą

Tabela 5

Table 5

Zawartość włókna pokarmowego i jego składników w ziarnie odmian oraz ich mieszanin odmianowych dwu i trójskładnikowych pszenicy jarej (wartości średnie z poszczególnych lat zbioru, w% s.m.)

Content of nutrients in varieties and their variety mixtures of spring wheat (mean values for particular harvest years, on DM %)

Odmiany, mieszanki Varieties, mixtures	S-NSP	I-NSP	NSP	Lignina Lignin	TDF	WE-AX	WUE-AX	TAX	β-glukan β-glucan
2014 rok zbioru / 2014 harvest year									
Odmiany Varieties	2,10±0,2	7,07±0,5	9,17±0,6	2,87±0,1 <sup>ab</sup>	12,0±0,5	1,11±0,2	4,20±0,3	5,31±0,4	0,73±0,1
Mieszanki dwuskładnikowe Two component mixtures	2,02±0,2	7,24±0,5	9,26±0,5	2,71±0,2 <sup>b</sup>	12,0±0,6	1,08±0,1	4,39±0,3	5,47±0,3	0,72±0,0
Mieszanki trójskładnikowe Three component mixtures	1,97±0,1	6,96±0,3	8,93±0,4	3,08±0,3 <sup>a</sup>	12,0±0,4	1,06±0,1	4,19±0,2	5,25±0,2	0,75±0,1
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
NIR/LSD	0,283	0,735	0,803	0,330	0,822	0,187	0,601	0,625	0,061
2016 rok zbioru / 2016 harvest year									
Odmiany Varieties	2,27±0,2 <sup>a</sup>	6,53±0,6	8,80±0,5	3,18±0,4	12,0±0,8	1,17±0,1 <sup>a</sup>	3,96±0,3	5,13±0,3	0,69±0,0
Mieszanki trójskładnikowe Three component mixtures	2,10±0,1 <sup>b</sup>	6,82±0,6	8,92±0,6	3,13±0,3	12,0±0,7	1,05±0,1 <sup>b</sup>	4,18±0,3	5,23±0,3	0,69±0,0
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
NIR/LSD	0,177	0,428	0,419	0,256	0,520	0,123	0,321	0,319	0,087
2018 rok zbioru / 2018 harvest year									
Odmiany Varieties	2,01±0,2	6,86±0,6 <sup>b</sup>	8,87±0,5 <sup>b</sup>	3,30±0,4	12,2±0,8	0,88±0,1	4,24±0,3 <sup>b</sup>	5,13±0,2 <sup>b</sup>	0,66±0,0
Mieszanki trójskładnikowe Three component mixtures	2,03±0,2	7,57±1,0 <sup>a</sup>	9,60±1,1 <sup>a</sup>	3,02±0,5	12,6±1,1	0,89±0,1	4,50±0,4 <sup>a</sup>	5,40±0,4 <sup>a</sup>	0,64±0,0
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
NIR/LSD	0,222	0,662	0,752	0,314	0,903	0,071	0,354	0,371	0,096

S-NSP – rozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/soluble nonstarch polysaccharides; I-NSP – nierozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/insoluble nonstarch polysaccharides; NSP – nieskrobiowe polisacharydy/nonstarch polysaccharides; TDF – włókno pokarmowe ogółem/total dietary fibre; WE-AX – arabinoksylany ekstrahowalne w wodzie/water extractable arabinoxylans; WUE-AX – arabinoksylany nieekstrahowalne w wodzie/water unextractable arabinoxylans; TAX – arabinoksylany ogółem/total arabinoxylans

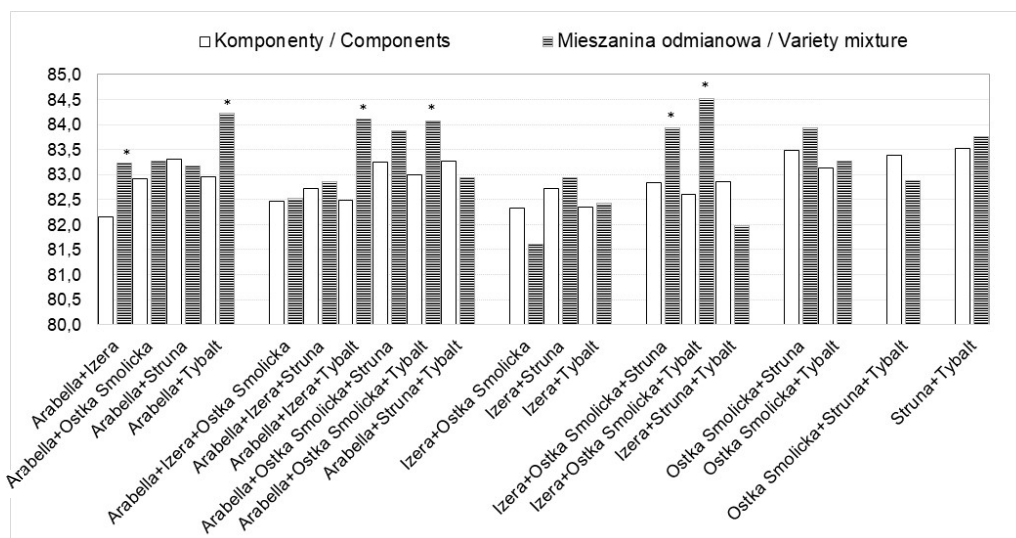
rolę podczas wypieku (Hoseney, 1994). Zawartość skrobi w mieszaninach odmianowych trójskładnikowych w badanym materiale mieściła się w zakresie od 56,6% (mieszanka Goplana+Jarlan-ka+Rusałka z 2016 roku) do 67,4% (mieszanka Izera+Ostka Smolicka+Struna z 2014 roku), przy wartościach średnich z poszczególnych lat badań 66,2%, 60,3% i 59,2%. Mieszaniny trójskładnikowe z 2014 roku miały średnio w ziarnie istotnie więcej skrobi niż ziarno odmian z siewu czystego (66,2% vs. 65,3%). Odwrotne zależności wykazano w odniesieniu do ziarna z 2018 roku zbioru, mieszaniny odmian miały średnio istotnie mniej skrobi niż odmiany, odpowiednio 59,2% i 60,7%. Takich powiązań nie uzyskano w ziarnie pochodzącym z 2016 roku.

Ziarno pszenicy jest w naszej diecie ważnym źródłem błonnika pokarmowego i innych substancji o właściwościach prozdrowotnych (Shewry i in., 2010; Jones, 2010). Błonnik pokarmowy stanowi kompleks heterogennych substancji, odpornych na działanie enzymów trawiennych obecnych w przewodzie pokarmowym człowieka. Z chemicznego punktu widzenia w skład błonnika pokarmowego wchodzi nieskrobiowe polisacharydy, którymi w przypadku pszenicy są głównie arabinoksylany, a ponadto oligosacharydy, skrobia oporna, kwasy uronowe i lignina. W ziarnie pszenicy występują tylko niewielkie ilości oligosacharydów, kwasów uronowych i skrobi odpornej, dlatego w niniejszych badaniach pominięto ich oznaczenie. Uzyskane wyniki pokazały relatywnie duże i istotne zróżnicowanie odmianowe zawartości TDF i jego składników w ziarnie z poszczególnych lat zbioru (tab.5). Największe różnice stwierdzono w zawartości arabinoksylanów, w szczególności ich frakcji rozpuszczalnej w wodzie. Współczynniki zmienności dla tego składnika błonnika pokarmowego wynosiły odpowiednio 15%, 9% i 13% w ziarnie z 2014, 2016 i 2018 roku, zbioru. Zróżnicowanie zawartości TDF i jego składników w ziarnie odmian z siewu czystego miało istotny wpływ na ich zawartość w mieszankach. Choć ogólnie wartości średnie TDF były podobne w latach badań, w zakresie 12,0–12,6%, istotne różnice w zawartości TDF wykazano w ziarnie z każdego roku zbioru. Podobnie istotne różnice stwierdzono w każdym roku badań dla poszczególnych składników błonnika: frakcji S-NSP, I-NSP, NSP, ligniny a także arabinoksylanów i  $\beta$ -glukanu. Odmiany Arabella i Ostka Smolicka ze zbioru 2014 roku miały istotnie więcej TDF (12,6%) niż odmiany Struna i Tybalt (11,5%). Pośród mieszanin trójskładnikowych,

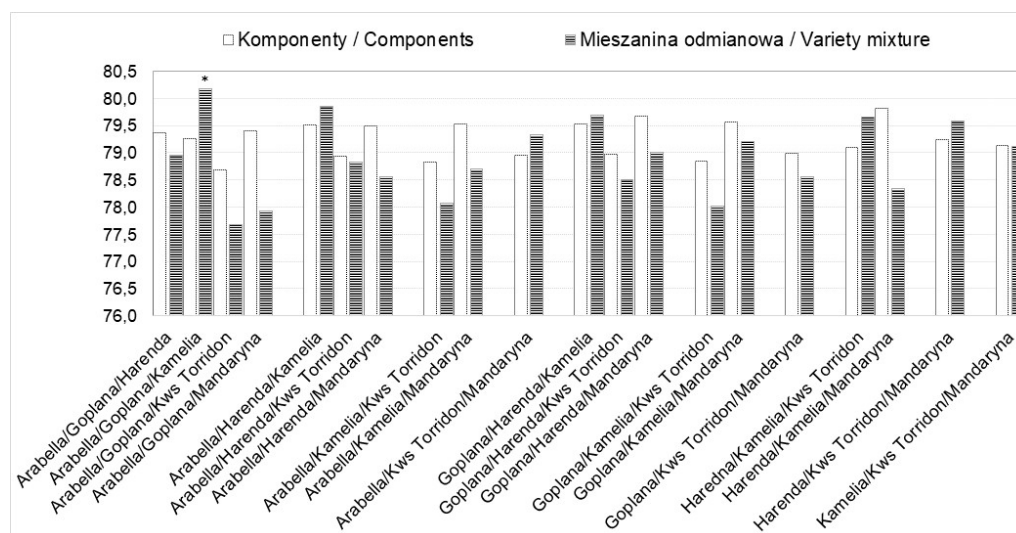
osiem miało istotnie więcej TDF (12,5%) niż mieszaniny składające się z odmian Izery i Struny z Arabellą bądź z Ostką Smolicką (11,2%) (rys. 1). W materiale z 2016 roku zbioru, odmiana KWS Torridon charakteryzowała się największą zawartością TDF (13,1%) w ziarnie, a odmiany Arabella i Harenda najmniejszą (10,9% i 11,0%). Pozostałe odmiany miały tego składnika w ilości 12,1% do 12,4%. Mieszanina składająca się z odmian Arabella+Harenda+Kamelia miała najmniej TDF (10,8%), natomiast najwięcej (13,4%) błonnika było w mieszaninach odmian Harenda+Goplana+Kamelia oraz Goplana+Kamelia+KWS Torridon. Z kolei w materiale pochodzącym z 2018 roku odmiany Frajda i Nimfa odznaczały się największą ilością TDF (13,0%), mniej miały odmiany Jarlan-ka (12,5%) oraz Goplana (12,3%) i Harenda (11,7%), a najmniej odmiana Rusałka (10,7%). Mieszanina składająca się z odmian o największej zawartości TDF (Frajda+Goplana+Nimfa) miała błonnika najwięcej (15,0%). W grupie mieszanin o największej ilości TDF znalazły się również mieszanki, które w swym składzie miały odmiany Frajdę i Jarlan-kę (14,3%), bądź Frajdę i Goplanę (13,8% do 14,4%). Najmniejszymi ilościami TDF charakteryzowały się mieszaniny skomponowane z odmian Rusałka i Harenda (11,5%-12,1%), a więc z odmian o istotnie mniejszej ilości TDF. Każdy z oznaczanych składników błonnika wpływał na zróżnicowanie TDF w ziarnie odmian i mieszanek. W największym stopniu zróżnicowanie to było uwarunkowane zawartością nieskrobiowych polisacharydów (NSP), których udział w ogólnej ilości błonnika był największy i stanowił od 73% do 77%. Współczynniki korelacji między zawartością TDF a zawartością NSP w ziarnie były wysoce istotne ( $p < 0,01$ ) i wynosiły odpowiednio  $r = 0,812$ ;  $r = 0,885$  i  $r = 0,894$  w poszczególnych latach zbioru (tab. 6). Arabinoksylany, główne składniki polisacharydowe ziarna pszenicy, mające blisko 50% udział w TDF, w zakresie od 43% do 46% w ziarnie odmian i mieszanek, wpływały również wysoce istotnie na zróżnicowanie zawartości TDF. Współczynniki korelacji między zawartością TDF a zawartością TAX wynosiły  $r = 0,800$  w odniesieniu do ziarna z 2014 i 2018 roku zbioru oraz  $r = 0,866$  w przypadku ziarna z 2016 roku. Wyniki uzyskane w niniejszej pracy w odniesieniu do zawartości błonnika pokarmowego, jego głównych składników, jak również zróżnicowania są podobne do wyników innych autorów, analizujących inny zestaw odmian w innych warunkach produkcji ziarna (Bach Knudsen, 2014; Boros i in.,

Poprawa wartości pokarmowej ziarna pszenicy jarej poprzez siewy mieszanin odmianowych.

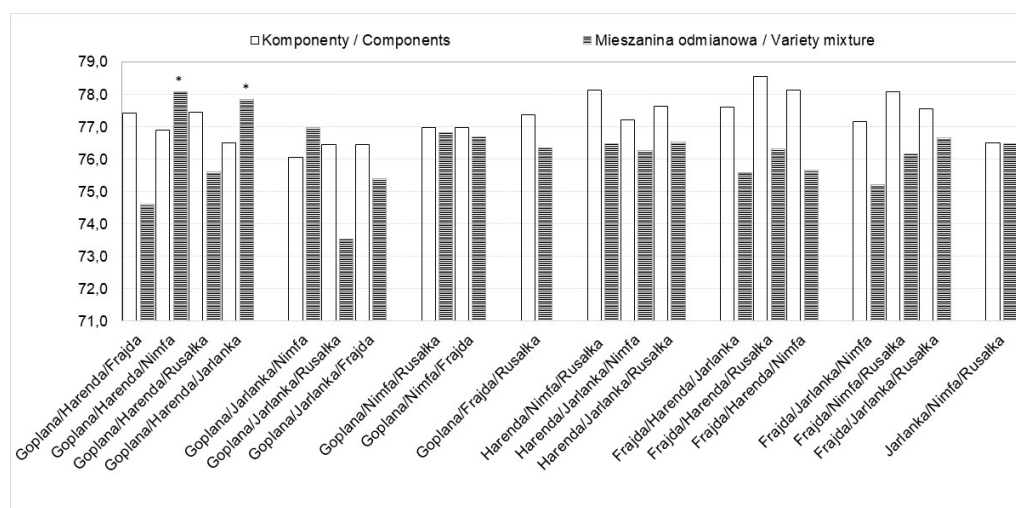
A.



B.



C.



\*różnica istotna / \*significant difference

Rys. 1. Porównanie sumy składników odżywczych w ziarnie odmian-komponentów z siewu czystego i w mieszaninach dwu i trójskładnikowych z ich udziałem ze zbioru w latach A. 2014; B. 2016 i C. 2018 (dla komponentów - wartość średnia odmian)

Fig. 1. Comparison of the nutrient contents in pure varieties and in their two or three component mixtures from harvest in years A. 2014; B. 2016 and C. 2018 ( for component - varieties average value)

2015).

Spożywając produkty całościarnowe dostarczamy organizmowi oprócz błonnika również całą gamę substancji biologicznie aktywnych, do których zalicza się m. in. polifenole, w tym alkilorezorcynole (Vitaglione, Fogliano, 2010). Z tego względu Jones (2010) uważa je za substancje współtowarzyszące błonnikowi. Dla roślin są one niezbędne do wzrostu i rozwoju, adaptacji do stresów biotycznych i abiotycznych oraz obrony przed tymi stresami. W żywności odpowiadają za jej barwę, smak, zapach oraz właściwości przeciwutleniające, przeciwzapalne, przeciwbakteryjne, przeciwnadciśnieniowe, immunostymulujące, hipocholesterolowe i antynowotworowe (Jones, 2010; Vitaglione, Fogliano, 2010). Zboża są głównym źródłem substancji biologicznie aktywnych w naszej diecie (Jones, 2010). W przeprowadzonych badaniach wykazano istotne różnice w zawartości związków fenolowych ogółem (TPC) oraz alkilorezorcynoli (AR) w ziarnie odmian pochodzącym z każdego roku zbioru (tab. 7). W ziarnie z 2014 roku, zawartość TPC mieściła się w zakresie 1,1–1,4 mg/g, a AR 470–570 mg/g ziarna, przy współczynniku zmienności równym 10% i 6%. Ostka Smolicka i Izera były odmianami o istotnie większej ilości TPC i AR, odpowiednio 1,5 mg/g i 570 mg/g, w porównaniu do pozostałych odmian. Większe ilości TPC oraz AR stwierdzono w ziarnie odmian pochodzącym z 2016 roku, w zakresie 1,3–1,9 mg/g, oraz 400–680 mg/g ziarna, przy zmienności, odpowiednio 17% i 18%. Goplana i Kamelia były odmianami o największej ilości TPC (1,9 i 1,8 mg/g), a Kamelia z KWS Torridon o największej ilości AR (680 i 610 mg/g). Ziarno odmian z 2018 roku zbioru miało znacznie zbliżone

zawartości TPC i AR, w zakresie 1,3–1,5 mg/g oraz 440–490 mg/g, stąd zmienność tych cech była również mała, odpowiednio 4% i 3%. W ziarnie z 2018 roku zbioru, nie stwierdzono istotnych różnic wśród odmian pod względem ilości TPC, a odmianą o największej zawartości polifenoli była Rusałka. W odniesieniu do zawartości AR w ziarnie odmiana Frajda miała istotnie więcej tych związków niż odmiany Goplana (455 mg/g), Harenda (452 mg/g) i Rusałka (441 mg/g). Ze względu na niewielkie ilości związków fenolowych w ziarnie odmian pszenicy z siewu czystego, mimo niekiedy dużego zróżnicowania w obrębie badanego materiału, trudno jednoznacznie wskazać czy poziom ich w odmianach miał wpływ na zawartość zarówno TPC jak i AR w ziarnie mieszanin odmianowych. Ziarno mieszanin odmianowych z 2018 roku zbioru miało średnio istotnie więcej TPC (1,46 mg/g), w tym alkilorezorcynoli (494 mg/kg), niż ziarno odmian wchodzących w skład mieszanek, zawierające wymienione związki fenolowe w ilościach, odpowiednio 1,40 mg/g; 459 mg/kg. Przeciwnie, w mieszkankach odmianowych z 2014 roku zbioru zawartość obu związków fenolowych w ziarnie była niższa, przy czym w przypadku AR różnica była istotna (522 vs. 452 mg/kg). Nie stwierdzono różnic istotnych między wartościami średnimi odmian z siewu czystego, a wartościami średnimi mieszanin odmianowych w zawartości związków fenolowych w ziarnie ze zbioru 2016 roku. Ilości związków fenolowych uzyskane w niniejszych badaniach są zbieżne z wynikami innych autorów w odniesieniu do odmian uprawnych pszenicy jarej (Vitaglione, Fogliano, 2010; Boros i in., 2015).

Zróżnicowanie genetyczne zawartości błonnika pokarmowego oraz jego składników wskazuje,

Tabela 6

Table 6

Współczynniki korelacji r-Pearsona między wybranymi składnikami ziarna pochodzącego z trzech lat zbioru

Person's correlation coefficients of grain components in three years of harvest

Składniki porównywane Components compared	Rok zbioru / Harvest year		
	2014	2016	2018
Białko - skrobia / Prrotein - starch	-0,316	-0,524*	-0,450*
I-NSP – TDF	0,761**	0,835**	0,890**
S-NSP – TDF	0,382	-0,083	0,112
NSP – TDF	0,812**	0,885**	0,894**
TAX – TDF	0,800**	0,866**	0,799**

*I-NSP – nierozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/insoluble nonstarch polysaccharides; S-NSP – rozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/soluble nonstarch polysaccharides; NSP – nieskrobiowe polisacharydy/nonstarch polysaccharides; TDF – włókno pokarmowe ogółem/total dietary fibre; TAX – arabonoksylany ogółem/total arabinoxylans*

*\*Istotny przy  $p < 0,05$ ; Significant at  $p < 0,05$ ; \*\*Istotny przy  $p < 0,01$ ; Significant at  $p < 0,01$*

że poprzez dobór odmian można kształtować zarówno ilość, jak i skład TDF w mieszankach odmianowych pszenicy jarej, stosownie do kierunku wykorzystania ziarna. Odpowiedni dobór odmian umożliwi produkcję surowca spełniającego wymogi przemysłu zbożowo-młynarskiego i piekarniczego o poprawionych właściwościach prozdrowotnych, a z drugiej strony surowca wysokiej jakości dla przemysłu paszowego, o dużej zawartości składników odżywczych, w połączeniu z obniżoną zawartością składników antyżywniowych. Nietrawiony w przewodzie pokarmowym kompleks TDF, jeśli jest obecny w mieszance paszowej w nadmiernej ilości, w szczególności pod względem zawartości frakcji arabinoksylianów rozpuszczalnych w wodzie, przyczynia się do zmniejszenia spożycia paszy, obniżenia strawności składników odżywczych

i przyswajalności, a w efekcie pogorszenia parametrów produkcyjnych karmionych zwierząt (Choct, Annison, 1992). Uznaje się go więc za składnik antyżywniowy w paszach dla zwierząt nieprzeżuwających, gdyż w produkcji zwierzęcej liczy się przede wszystkim efekt ekonomiczny.

Z przeprowadzonych badań wynika, że pewne kombinacje odmian mogą efektywniej wykorzystywać zasoby środowiska niż ich monokultury. Przekłada się to nie tylko na większy plon ziarna mieszanek odmianowych, ale także na jego wartość użytkową. Uprawę mieszanek odmianowych cechuje potencjał, dzięki któremu możliwe jest zwiększenie wartości użytkowej i odporności ziarna pszenicy jarej, dlatego też identyfikacja odpowiedniej kombinacji genotypów pod tym kątem wymaga dalszych, bardziej ukierunkowanych badań.

Tabela 7

Table 7

Zawartość związków fenolowych ogółem (TPC), w tym alkilorezorcynoli w ziarnie odmian i ich mieszanin odmianowych pszenicy jarej (wartości średnie z poszczególnych lat zbioru)

Content of total phenolic compounds (TPC) and alkylresorcinols in varieties and variety mixtures of spring wheat (mean values of particular harvest years)

Odmiany, mieszanki Varieties, mixtures	TPC [mg GAE/g s.m.] [mg GAE/g DM]	Alkilorezorcynole [mg/kg] Alkylresorcinols [mg/kg]
2014 rok zbioru/2014 harvest year		
Odmiany Varieties	1,33±0,1	522±33 <sup>a</sup>
Mieszaniny dwuskładnikowe Two component mixtures	1,26±0,1	491±25 <sup>a</sup>
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	1,27±0,1	452±41 <sup>b</sup>
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001
NIR/LSD	0,203	40,2
2016 rok zbioru/2016 harvest year		
Odmiany Varieties	1,55±0,2	574±94
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	1,54±0,1	595±70
Prawdopodobieństwo Probability	0,0001	0,0001
NIR/LSD	0,123	54,1
2018 rok zbioru/2018 harvest year		
Odmiany Varieties	1,40±0,0 <sup>b</sup>	459±0,1 <sup>b</sup>
Mieszaniny trójskładnikowe Three component mixtures	1,46±0,1 <sup>a</sup>	494±0,1 <sup>a</sup>
Prawdopodobieństwo Probability	0,0042	0,0001
NIR/LSD	0,222	31,6

## Wnioski

- Większość wewnątrzgatunkowych mieszanek pszenicy jarej plonowała wyżej w porównaniu do średniego plonu komponentów uzyskanego z siewu czystego oraz charakteryzowała się lepszą zdrowotnością. Wskazuje to na bardziej efektywne wykorzystanie zasobów środowiska przez mieszaniny odmianowe niż przez poszczególne odmiany wysiewane w monokulturze.
- Kompleksowe wyniki oceny składu chemicznego ziarna pokazały, że poprawa wartości użytkowej ziarna jest możliwa poprzez uprawę mieszanek odmianowych pszenicy jarej.
- Czynnik genetyczny miał istotny wpływ na zawartość substancji odżywczych oraz kompleksu błonnika pokarmowego w ziarnie mieszanin odmianowych pszenicy jarej. Identyfikacja odpowiednich odmian do siewów mieszanych jest niezbędna do poprawy wartości użytkowej ziarna pszenicy jarej.
- Przydatność odmian pszenicy jarej do siewu mieszanego zaleca się oceniać kompleksowo, jako wypadkową oceny polowej z wynikami badań składu chemicznego ziarna.

*Badania wykonano w ramach zadania 2.10, Programu Wieloletniego IHAR-PIB na lata 2015–2020, sfinansowane przez MRiRW.*

## Literatura

AACC. (2011). *Approved Methods of Analysis*, 11th Ed. Cereals & Grains Association, St. Paul, MN, U.S.A.

Achremowicz, B., Berski, W., Gambus, H. (2010) Wykorzystanie metody SRC (Solvent Retention Capacity) do oceny jakości technologicznej mąk pszenicznych. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość.* 6 (73), 34–45.

Bach Knudsen, K. E. (2014). Fiber and nonstarch polysaccharide content and variation in common crops used in broiler diets. *Poultry Sci.* 93, 2380–2393.

Biel, W., Maciorowski, R. (2012). Ocena wartości odżywczej ziarna wybranych odmian pszenicy. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość.* 2 (81), 45–55.

Boros, D., Gołębiowski, D., Myszka, K. (2014). Wstępne badania ziarna wybranych rodów hodowlanych pszenicy jako surowca do śłodowania. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość.* 3 (94), 151–164.

Boros, D., Fraś, A., Gołębiowska, K., Gołębiowski, D., Paczkowska, O., Wiśniewska, M. (2015). Wartość odżywcza i właściwości prozdrowotne ziarna odmian zbóż i nasion rzepaku zalecanych do uprawy w Polsce. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR-PIB.* 49, 1–119.

Cacak-Pietrzak, G., Ceglińska, A., Jończyk, K. (2014). Wartość wypiekowa mąki z ziarna odmian pszenicy uprawianych w ekologicznym systemie produkcji. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 576, 23–32.

Cheema, N. M., Chowdhry, M. A., Gliddon, C. J. (1988). Varietal blends and their performance in spring wheat. *Pakistan J. Agric. Res.* 9, 141–146.

Choct, M., Annison, G. (1992). The inhibition of nutrient digestion by wheat pentosans. *Brit. J. Nutr.* 67, 123–132.

COBORU. Wyniki doświadczeń odmianowych. Pszenica zwyczajna jara (dobór komponentów do mieszanek), 2014, 2015; 2016; 2018.

COBORU. (2020). Lista opisowa odmian roślin rolniczych. Zbożowe.

Cygankiewicz, A. (1997). Skuteczność wstępnej oceny ziarna rodów i odmian wzorcowych pszenicy w oparciu o wartości liczbowe sedymentacji i procentową zawartość białka w porównaniu do wskaźników pełnej oceny. *Biul. IHAR.* 204, 237–243.

Dai, J., Wiersma, J. J., Holen, D. L. (2012). Performance of hard red spring wheat cultivar mixtures. *Agron. J.* 104 (1), 17–21.

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, 937–942.

Finckh, M. R., Gacek, E. S., Goyeau, H., Lannou, C., Merz, U., Mundt, C. C., Munk, L., Nadziak, J., Newton, A. C., Vallavieille-Pope, C., Wolfe, M. S. (2000). Cereal variety and species mixtures in practice, with emphasis on disease resistance. *Agronomie, EDP Sci.* 20, 813–837.

Gacek, E., Czembor, H. J., Nadziak, J. (1996). Wpływ różnicowania genetycznego w mieszaninach i mieszkach zbożowych na rozwój chorób i plonowanie. *Biul. IHAR.* 200, 203–209.

Gajda, A., Kulawinek, M., Kozubek, A. (2008). An improved colorimetric method for the determination of alkylresorcinols in cereals and whole-grain cereal products. *J. Food Compos. Anal.* 21, 428–434.

Hoseney, R. C. (1994). *Principle of cereal science and technology.* American Association of Cereal Chemists, Inc. St. Paul, MN.

Jones, J. M. (2010). Dietary fibre's co-passengers: is it the fibre or the co-passengers? In: J.W. van der Kamp, J.M. Jones, B.V. McCleary, D.L. Topping (eds.), *Dietary fibre: new frontiers for food and health* (pp. 365–378). Wageningen Academic Publishers.

Jost, M., Samobor, V., Drobac, L. (2015). The role of wheat cultivars blend on grain yield and baking quality. *Am. J. Agric. Sci.* 2 (5), 203–207.

Kiær, L. P., Skovgaard, I. M., Østergård, H. (2009). Grain yield increase in cereal variety mixtures: A meta-analysis of field trials. *Field Crops Res.* 114, 361–373.

Lee, K. M., Shroyer, J. P., Herrman, T. J., Lingenfelter, J. (2006). Blending hard white wheat to improve grain yield and end-use performance. *Crop Sci.* 46, 1124–1129.

- Leszczyńska, D. (2010). Stan i uwarunkowania uprawy mieszanek zbożowych w Polsce. *J. Res. Appl. Agric. Eng.* 55, 7–11.
- Munck, L. (1987) Breeding for quality in barley – Experiences and perspectives. In: *Barley genetics* V. S. Yasuda and T. Konishi eds. Maruzen Co. Ltd. Okayama, Japan 753–762.
- Nadziak, J., Tratwal, A. (2012). Określenie przydatności odmian do uprawy w zasiewach mieszanych pszenicy ozimej. *Biul. IHAR.* 264, 49–54.
- Rocznik Statystyczny Rolnictwa 2019. (2020). Główny Urząd Statystyczny, Warszawa.
- Rothkaehl, J. (2015). Jakość ziarna pszenicy ze zbiorów 2014 roku w Polsce. *Przeł. Piekarski i Cukierniczy*, 5, 10–14.
- Shewry, P. R., Saulnier, L., Fuillon, F., Gebruers, K., Courtin, C., Delcour, J., Toole, G., Boros, D., Salse, J., Ravel, C., Mills, E. N. C., Ward, J. L., Charmet, G. (2010). Improving the benefits of wheat as a source of dietary fibre. In: J.W. van der Kamp, J. M. Jones, B. V. McCleary, D. L. Topping (eds.), *Dietary fibre: new frontiers for food and health* (pp. 65–78). Wageningen Academic Publishers.
- Singleton, V. L., Rossi, J. A. (1965) Colorimetry of total phenolics with phosphomolybdic-phosphotungstic acid reagents. *Am. J. Enol. Vitic.* 16: 144-158.
- Stępniewska, S., Słowik, E. (2016). Ocena wartości technologicznej wybranych odmian pszenicy ozimej i jarej. *Acta Agrophysica.* 23 (2), 275–286.
- Theander, O., Westerlund, E. A., (1986). Studies on dietary fiber. 3. Improved procedures for analysis of dietary fiber. *J. Agric. Food Chem.* 34 (2), 330–336.
- Tłuścik, F., Kozubek, A., Mejbaum-Katzenellebogen, W. (1981). Alkylresorcinols in rye (*Secale cereale* L.) grains. VI. Colorimetric micromethod for the determination of alkylresorcinols with the use of diazonium salt, Fast Blue B. *Acta Soc. Bot. Polon.* 50, 645–651.
- Vera, C. L., Fox, S. L., DePauw, R. M., Smith, M. A. H., Wise, I. L., Clarke, F. R., Procnier, J. D., Lukow, O. M. (2013). Relative performance of resistant wheat varietal blends and susceptible wheat cultivars exposed to wheat midge, *Sitodiplosis mosellana* (Géhin). *Can. J. Plant Sci.* 93, 59–66.
- Vitaglione, P., Fogliano, V. (2010). Cereal fibres, antioxidant activity and health. In: J.W. van der Kamp, J.M. Jones, B.V. McCleary, D.L. Topping (eds.), *Dietary fibre: new frontiers for food and health* (pp. 379–393). Wageningen Academic Publishers.
- Żmijewski, M. (2004). Wartość technologiczna ziarna odmian pszenicy jarej uprawianej w siewie czystym i mieszanym oraz przy stosowaniu fungicydów. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość.* 1 (3), 74–83.



# Wartość pokarmowa wybranych mieszanek zbóż jarych z roślinami bobowatymi grubonasiennymi

Nutritional value of selected mixtures of spring cereals with legumes

Magdalena Wiśniewska<sup>1</sup>, Danuta Boros<sup>1</sup>✉, Józef Zych<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, 05–870 Radzików,

<sup>2</sup>Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, 63–022 Słupia Wielka,

✉ e-mail: d.boros@ihar.edu.pl

Materiał badawczy obejmował trzy mieszanki dwuskładnikowe form jarych jęczmienia i pszenżyta z łubinem wąskolistnym i jęczmienia z grochem oraz ich komponenty pochodzące z siewu czystego. Wartość pokarmową zbadano na podstawie składu chemicznego ziarna/nasion i wartości odżywczej białka określonej *in vitro* oraz bezpośrednio w układzie modelowym na szczurach. Zboża jare i rośliny bobowate grubonasienne, jak również mieszanki skomponowane z ich udziałem, różniły się istotnie pod względem zawartości składników odżywczych i antyżywniowych. Wyniki pokazały znaczący wpływ doboru składników na wartość pokarmową mieszanek zbóż jarych z roślinami bobowatymi. Udział łubinu wąskolistnego w mieszance przyczynił się do wzrostu zawartości białka i poprawy jego jakości, ale jednocześnie zwiększył ilość włókna pokarmowego. Odnosi się to w szczególności do mieszanki z jęczmieniem. Zboża, ze względu na dużą zawartość skrobi, podwyższyły wartość energetyczną mieszanki. Na podstawie wskaźników chemicznych i badań bilansowych na zwierzętach stwierdzono większą wartość odżywczą białka mieszanek zbóż z roślinami bobowatymi niż ich komponentów z siewu czystego. Mieszanka jęczmienia jarego, odmiany Radek, z grochem, odmiany Model, charakteryzowała się najlepszym składem chemicznym i najwyższą wartością odżywczą białka, określoną metodami *in vitro* i *in vivo*.

**Słowa kluczowe:** jęczmień jary, pszenżyto jare, groch, łubin wąskolistny, mieszanki zbożowo-bobowate, składniki odżywcze, składniki antyżywniowe, wykorzystanie białka, szczury

The material for the study included three two-component mixtures of spring cereals, barley and triticale with narrow-leaved lupine and barley with pea, as well as their components derived from pure sowing. The nutritional value of components and mixtures was determined on the basis of the chemical composition and the biological value of protein, determined directly in the model system in rats. Spring cereals and legumes, as well as mixtures composed with their participation, differed significantly in nutrient and antinutrient content. The results showed a significant effect of the component selection on the nutritional value of cereal-legumes mixtures. The share of narrow-leaved lupine in the mixture contributed to improving the quality and concomitantly increasing the content of protein, and also of dietary fibre. This applies in particular to mixtures with barley. Cereals, due to high content of starch, increase energy value of the mixture. Based on chemical indicators and study *in vivo*, a greater protein nutritional value was shown for cereal-legume mixtures than their components from pure sowing. Studies have revealed that a mixture of spring barley, variety Radek, with peas, variety Model, characterized with the best chemical composition and the highest nutritional value of protein, determined *in vitro* and *in vivo*.

**Keywords:** spring barley, spring triticale, peas, narrow-leaved lupine, cereal-legume mixtures, nutrients, antinutrients, protein utilization, rats

## Wstęp

Uprawa mieszanek roślin bobowatych ze zbożami ma długą tradycję w Polsce, chociaż na przestrzeni lat cechowała się zmienną skalą produkcji. Po dramatycznym spadku areału uprawy w okresie transformacji, obserwowany jest ponowny wzrost zainteresowania rolników siewem mieszanym, przede wszystkim ze względu na jego znaczenie w systemie rolnictwa zrównoważonego i ekologicznego (Kotecki, 2015). Siewy mieszane wprowadzają większą bioróżnorodność do agrosystemu. Ze względu na różnicowanie gatunkowe, rośliny w mieszance

w sposób komplementarny wykorzystują zasoby siedliska, następuje ich kompensacyjny wzrost i rozwój. Różnice wynikające z budowy morfologicznej komponentów mieszanek, ich potencjału do pobierania wody i składników pokarmowych oraz zdolność do wiązania azotu z powietrza przez bakterie brodawkowe, żyjące na korzeniach roślin bobowatych i tworzące z nimi układ symbiotyczny, powodują, że mieszanki zbóż jarych z roślinami bobowatymi plonują zwykle lepiej i wierniej niż siewy czyste, zwłaszcza w nieco gorszych warunkach siedliskowych (Staniak i in., 2014; Księżak i in., 2016). W mieszankach takich

zboża korzystają z azotu wytworzonego w glebie przez bakterie brodawkowe roślin bobowatych, co pozwala na stosowanie zmniejszonych dawek nawozów mineralnych, w porównaniu do siewu czystego. Z kolei dla roślin bobowatych, zboża stanowią roślinę podporową, odnosi się to w szczególności do mieszanki z grochem, który ma tendencję do wylegania (Staniak i in., 2014). Dodatkowo mieszanki roślin bobowatych ze zbożami są mniej podatne na zachwaszczenie i bardziej odporne na choroby oraz szkodniki, ponadto łagodzą negatywne skutki związane z kolejnym siewem zbóż na tym samym polu.

Mieszanki roślin bobowatych ze zbożami można użytkować w różny sposób (Staniak i in., 2014). Uprawiane na ziarno mają duże znaczenie w gospodarstwach zajmujących się produkcją zwierzęcą, pozwalają na wyprodukowanie paszy dostarczającej jednocześnie znacznych ilości zarówno energii oraz białka. W paszach dla zwierząt, głównym źródłem energii jest ziarno zbóż, z racji dużej zawartości skrobi, a nasiona roślin bobowatych są składnikiem wysokobiałkowym, chociaż groch wyróżnia się także ilością skrobi (Jamroz, 2013). Te dwa komponenty mieszanek różnią się znacznie pod względem zawartości podstawowych składników pokarmowych (Pastuszewska, 2013; Boros i in., 2015). Co więcej, odnotowuje się istotne różnicowanie odmianowe zawartości tych składników w obrębie tego samego gatunku zboża i roślin bobowatych. Nasiona roślin bobowatych mają stosunkowo wysoką (łubiny) lub bardzo wysoką (groch) zawartość lizyny w białku i stanowią dobre uzupełnienie deficytowego w ten aminokwas białka zbóż (Rakowska i in., 1978). Zboża natomiast mają znacznie więcej aminokwasów siarkowych niż białko bobowatych, które są aminokwasami ograniczającymi w tym białku (Pastuszewska, 2013). Dzięki temu poprzez wzajemne uzupełnianie się aminokwasów, białko mieszanki zbóż z roślinami bobowatymi ma lepiej zbilansowany skład aminokwasowy i w efekcie znacznie większą wartość odżywczą, niż wartość pojedynczych komponentów (Pastuszewska, 2013). Czynnikiem limitującym wykorzystanie składników pokarmowych ziarna mieszanek roślin bobowatych ze zbożami jest obecność w nich substancji antyżywniowych, które w sposób negatywny wpływają na wskaźniki produkcyjne karmionych zwierząt. Do substancji antyżywniowych ziarna zbóż zaliczane jest włókno pokarmowe, a zwłaszcza jego frakcja rozpuszczalna w wodzie, składająca się z arabinoksyfanów i  $\beta$ -glukanu (Bach Knudsen, 2014). W przypadku nasion roślin bobowatych grubonasiennych

za niepożądane w paszy uważa się, oprócz włókna pokarmowego, także związki fenolowe, zwłaszcza taniny skondensowane, alkaloidy, fitiny i inhibitory enzymów proteolitycznych (Brenes i in., 2004). Zawartość substancji antyżywniowych w ziarnie zbóż i nasionach roślin bobowatych, podobnie jak składników pokarmowych, jest bardzo zróżnicowana nie tylko między gatunkami, ale także w obrębie gatunków (Pastuszewska, 2013; Boros i in., 2015).

Dobierając odpowiednio komponenty do mieszanek zbóż z roślinami bobowatymi grubonasiennymi, można kształtować zarówno wysokość plonowania jak i wartość użytkową zebranych plodów. Wiąże się to z koniecznością sprawdzenia przydatności nowych odmian zbóż i roślin bobowatych do siewów mieszanych.

Celem badań była ocena wartości pokarmowej wybranych mieszanek jęczmienia i pszenżyta z łubinem wąskolistnym lub grochem. Mieszanki te pochodziły z doświadczeń wykonanych w ramach Programu Wieloletniego IHAR-PIB, w którym prace obejmowały dobór odmian zbóż i odmian roślin bobowatych do siewów mieszanych, w różnych warunkach agro – klimatycznych Polski. Badania prowadzono w porównaniu do komponentów tych mieszanek z siewu czystego.

## **Materiał i Metody**

### ***Materiał badawczy***

W badaniach wykorzystano ziarno trzech mieszanek dwuskładnikowych: jęczmienia z łubinem wąskolistnym (odm. Radek/Rumba), jęczmienia z grochem (odm. Radek/Model) oraz pszenżyta z łubinem wąskolistnym (odm. Sopot/Rumba), a także ich komponentów pochodzących z siewu czystego. Przy wyborze odmian do siewów mieszanych brano pod uwagę pochodzenie (w pierwszej kolejności odmiany krajowe), wysokie plonowanie i zróżnicowanie odporności na choroby (COBORU, 2017). Materiał badawczy pochodził ze zbioru z 2017 roku z doświadczeń COBORU, rozłokowanych w trzech Stacjach Oceny Odmian, różniących się warunkami glebowo – klimatycznymi (Dukla, Jelenia Góra, Kościelna Wieś).

### ***Analizy chemiczne***

Analizy chemiczne wykonano w uśrednionych próbkach, uzyskanych poprzez zsypanie ziarna/nasion każdej kombinacji mieszankowej lub komponentu w równych proporcjach wagowych, z każdej z trzech miejscowości zbioru ziarna/nasion, czyli masa uśrednionej próbki analitycznej wynosiła 750g (250g×3 miejscowości). W tak otrzymanych

próbkach oznaczono zawartość białka surowego, przyjmując współczynnik przeliczeniowy azotu na białko 6,25 (AOAC, 955.04), popiołu surowego (AOAC, 923.03), lipidów ogółem (Marchello i in., 1971) oraz skrobi przyswajalnej (AACC, 76–13), które po zsumowaniu stanowiły składniki odżywcze (SNC – sum of nutrients).

Skład aminokwasowy białka, z wyjątkiem tryptofanu, badano metodą chromatografii jonowymiennej z użyciem analizatora aminokwasów AAA 400 (INGOS, Czechy). Próby hydrolizowano 6M HCl w 110°C przez 23 godziny, z zastosowaniem wstępnego utleniania aminokwasów siarkowych kwasem nadmanganowym (Mason i in., 1980). Wyniki podano w g na 100 g aminokwasów. W celu oszacowania wartości odżywczej białka wyliczono wskaźnik aminokwasu ograniczającego (CS, chemical score) oraz wskaźnik aminokwasów niezbędnych (EAAI, essential amino acid index), przyjmując jako wzorzec skład aminokwasowy białka wzorcowego FAO (1965) (Rakowska i in., 1978).

Włókno pokarmowe (TDF, total dietary fibre) oznaczono metodą enzymatyczną – chemiczną (AACC, 32–25), jako sumę nieskrobiowych polisacharydów (NSP, non – starch polysaccharides), oligosacharydów (RFOs, raffinose family oligosaccharides), skrobi odpornej (RS, resistant starch), kwasów uronowych (UA, uronic acids) oraz ligniny.

Analizę nieskrobiowych polisacharydów wykonano metodą chromatografii gazowej (Clarus 500, firmy Perkin Elmer). Polisacharydy oznaczono jako sumę pojedynczych cukrów: ramnozy, fukozy, arabinozy, ksylozy, mannozy, galaktozy i glukozy. W pierwszym etapie procedury, na drodze hydrolizy enzymatycznej usunięto skrobię, a po odwirowaniu prób uzyskano frakcję nierozpuszczalną (I – NSP, insoluble nonstarch polysaccharides) i rozpuszczalną nieskrobiowych polisacharydów (S-NSP, soluble nonstarch polysaccharides), które poddano kwaśnej hydrolizie z 1M kwasem siarkowym (100°C, 2h). Uzyskane monomery cukrów upochodniono do lotnych pochodnych octanu alditolu i rozdzielono w kapilarnej kolumnie kwarcowej Rtx – 225 (0.53 mm × 30 m). Temperatura rozdziału cukrów 225°C, injektora i detektora 275°C. Jako gaz nośny wykorzystano hel.

Zawartość oligosacharydów oznaczono jako sumę: rafinozy, stachiozy i werbaskozy metodą chromatografii gazowej (Autosystem XL, Perkin Elmer, USA) według Lahuty (2018). Próby (40 – 45mg) ekstrahowano w 50% wodnym roztworze etanolu (30 minut, 90°C), zawierającym

wzorzec wewnętrzny – ksylitol (100µg). Wyekstrahowane cukry odwirowano (20 minut, 4°C, 21000g) i 400µl homogenatu dejonizowano mieszaniną (300µl) jonów Dowex – żywica jonowymienna w czasie 45 minut. Po odwirowaniu część (200µl) klarownego ekstraktu wysuszone (w fiolkach do chromatografii gazowej zawierających inserty) w wirówce próżniowej. Suche pozostałości prób upochodniono mieszaniną TMSI z pirydyną (1:1 v/v) (80°C, 40 minut) w suchym bloku grzejmym. Uzyskane trimetylokrzemianowe pochodne cukrów rozdzielono w kolumnie kapilarnej ZEBRON ZB-1 (0.25 mm × 15 m). Temperatura injektora 325°C, detektora 350°C. Kolumnę ogrzewano od 150°C do 350°C z różnym tempem wzrostu temperatury. Jako gaz nośny wykorzystano hel.

Zawartość skrobi odpornej oznaczono kolorymetrycznie według AACC, 32–40. Po usunięciu skrobi przyswajalnej, skrobia oporna (RS), pozyskana w postaci osadu została rozpuszczona w roztworze 2M KOH. Następnie roztwór ten zubożniono, a skrobia pod wpływem działania amyloglukozydazy została zhydrolizowana do glukozy. Oznaczenie glukozy wykonano z wykorzystaniem odczynnika GOPOD, zawierającego oksydazę i peroksydazę glukozową.

Zawartość kwasów uronowych została oznaczona kolorymetrycznie według Scotta (1979). Wykorzystano do tego celu 3,5-dimetylofenol, który jest wysoce selektywny w odniesieniu do pochodnych kwasów uronowych w obecności stężonego kwasu siarkowego.

Ligninę oznaczono grawimetrycznie metodą Theandera i Westerlunda (1986), jako wysuszoną (105°C, 16h) pozostałość próby, uprzednio trawioną 72% kwasem siarkowym i spopieloną (550°C, 5 godzin). Zawartość procentową ligniny obliczono na podstawie ubytku wysuszonej wagi po spopieleniu próby.

Do oznaczenia całkowitej ilości związków fenolowych (TPC, total phenolic compounds), ekstrahowanych 80% metanolem, a następnie 70% acetonem, wykorzystano metodę z reagentem Foliina-Ciocalteu (Singleton i Rossi, 1965), przedstawiając wyniki jako ekwiwalent miligramów kwasu galusowego (GAE) na g suchej masy próby.

Taniny skondensowane oznaczono również kolorymetrycznie, metodą wanilinową (Price i in., 1978), a wyniki przedstawiono jako ekwiwalent miligramów katechiny na g suchej masy próby. Analizę zawartości inhibitora trypsyny (TUI) wykonano metodą kolorymetryczną, z użyciem substratu BAPNA, według standardowej procedury Kakade i in. (1974). Pomiaru absorbancji

w oznaczeniach kolorymetrycznych dokonano w spektrofotometrze UV-1601 (Rayleigh, UK).

### Doświadczenie na zwierzętach

Procedura doświadczalna została zatwierdzona przez II Lokalną Komisję Etyczną ds. Doświadczeń na Zwierzętach w Warszawie (uchwała nr WAW2/52/2016).

Ocenę wartości odżywczej białka przeprowadzono metodą bilansową z wykorzystaniem 40 szczurów outbredowych Wistar, o średniej masie początkowej  $78,30 \pm 4$ g, podzielonych na 8 grup doświadczalnych. Doświadczenie bilansowe wykonano zgodnie z procedurą Egguma (1973), według której badane ziarno/nasiona stanowiły jedyne źródło białka w diecie, na poziomie 9,4% w powietrznie suchej masie. Zwierzęta w całym okresie doświadczalnym miały stały dostęp do wody, otrzymywały dziennie 10g diety pokrywającej całkowicie potrzeby energetyczne i mineralno – witaminowe rosnących szczurów. W 9-dniowym doświadczeniu cztery pierwsze dni były okresem adaptacyjnym, w którym szczury przystosowywały się do odosobnienia, topografii klatki (klatki metaboliczne Vivari, Włochy) oraz diety. Pozostałe dni były okresem bilansowym, z całkowitą kolekcją kału i moczu.

Po oznaczeniu azotu i suchej masy w kale oraz azotu w moczu, wyliczono strawność rzeczywistą białka (TPD – true protein digestibility), jego

wartość biologiczną (BV – biological value) oraz wykorzystanie netto (NPU – net protein utilization). Oznaczono także strawność suchej masy (DMD – dry matter digestibility). Ilość azotu metabolicznego w kale oraz endogennego w moczu obliczono na podstawie wzoru Lehmana i in. (1968).

### Analiza statystyczna

Wszystkie analizy chemiczne wykonano w trzech powtórzeniach, a wyniki wyrażono w procentach suchej masy. Wyniki poddano ocenie statystycznej, wykorzystując do tego celu jednoczynnikową analizę wariancji według modelu efektów stałych i procedurę porównań wielokrotnych Tukeya – Kramera. Obliczenia statystyczne wykonano w programie Statistica w wersji 13.3 (TIBCO Software Inc., 2017).

### Wyniki i Dyskusja

Do badań wybrano mieszanki, w których udział roślin bobowatych był najwyższy: w mieszankach z łubinem wąskolistnym stanowił około 23%, a z grochem 34%. W materiale przygotowanym do siewu mieszanego udział zbóż wynosił 40% obsady w siewie czystym, a roślin bobowatych 60% (COBORU, 2017). Mniejszy udział nasion bobowatych w mieszance w momencie zbioru w porównaniu z ich udziałem w materiale siewnym wynika z różnicy potencjału plonowania

Tabela 1  
Table 1

#### Składniki odżywcze w ziarnie mieszanek zbożowo-bobowatych oraz ich komponentów z siewu czystego (% s.m.)

#### Nutrient content in cereal mixtures with legumes and their pure components (% d.m.)

Składnik / mieszanka Component / mixture	Białko surowe Crude protein	Skrobia Starch	Lipidy Lipids	Popiół surowy Crude ash	SNC*
Jęczmień jary / Spring barley <i>Radek</i>	9,7 <sup>g</sup>	56,6 <sup>b</sup>	2,8 <sup>de</sup>	2,5 <sup>d</sup>	71,6 <sup>b</sup>
Pszenżyto jare / Spring triticale <i>Sopot</i>	10,1 <sup>f</sup>	63,9 <sup>a</sup>	2,5 <sup>e</sup>	1,9 <sup>e</sup>	78,3 <sup>a</sup>
Łubin wąskolistny / Narrow-leaved lupine <i>Rumba</i>	31,3 <sup>a</sup>	0,7 <sup>g</sup>	7,8 <sup>a</sup>	4,4 <sup>a</sup>	44,2 <sup>d</sup>
Groch / Peas <i>Model</i>	20,8 <sup>b</sup>	44,8 <sup>e</sup>	3,2 <sup>c</sup>	3,3 <sup>b</sup>	72,2 <sup>b</sup>
Mieszanka jęczmienia z łubinem / Mixture of barley and lupine ( <i>Radek/Rumba</i> )	16,0 <sup>d</sup>	40,4 <sup>f</sup>	3,9 <sup>b</sup>	2,8 <sup>c</sup>	63,1 <sup>c</sup>
Mieszanka pszenżyta z łubinem / Mixture of triticale and lupines ( <i>Sopot/Rumba</i> )	18,2 <sup>c</sup>	47,8 <sup>d</sup>	3,6 <sup>b</sup>	2,6 <sup>d</sup>	72,2 <sup>b</sup>
Mieszanka jęczmienia z grochem / Mixture of barley and peas ( <i>Radek/Model</i> )	14,9 <sup>e</sup>	51,1 <sup>c</sup>	3,1 <sup>cd</sup>	2,9 <sup>c</sup>	71,9 <sup>b</sup>
Statystyka F / Statistics F	65863	1918,35	630,86	304,44	594,5
Wartość p / p - value	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

\*SNC – suma składników odżywczych / SNC – sum of nutrients

\*\* Wartości w kolumnach opatrzone różnymi literami różnią się istotnie przy  $p \leq 0,05$  / Values in the columns with different letters differ significantly at  $p \leq 0.05$

zbóż i roślin bobowatych, jak również mógł być spowodowany wypadaniem roślin bobowatych na skutek konkurencyjności roślin w łanie (Staniak i in., 2014).

Zboża jare i rośliny bobowate, jak również mieszanki skomponowane z ich udziałem różniły się istotnie pod względem zawartości składników odżywczych i antyżywnieniowych (Tabele 1–5). Różnice te wynikają przede wszystkim ze zróżnicowania gatunkowego użytych zbóż jarych (Boros i in. 2015) i roślin bobowatych (Grela i in., 2017). W odniesieniu do składników odżywczych ziarno jęczmienia odmiany Radek i pszenżyta odmiany Sopot różniło się nieznacznie, choć istotnie w zawartości: białka (9,7% vs. 10,1%), lipidów (2,8% vs. 2,5%) i popiołu (2,5% vs. 1,9%) (Tab. 1). Większą istotną różnicę między ziarnem badanych odmian jęczmienia oraz pszenżyta stwierdzono w ilości skrobi (56,5% vs. 63,9%) i w efekcie sumy składników odżywczych (71,6% vs. 78,3%). W przeciwieństwie do ziarna zbóż, nasiona łubinu wąskolistnego i grochu były znacznie bardziej zróżnicowane pod względem zawartości składników odżywczych, w szczególności białka, skrobi i lipidów. Nasiona łubinu wąskolistnego odmiany Rumba, charakteryzowały się o 50% większą ilością białka (31,3%), niż nasiona grochu odmiany Model (20,8%). Wartości mieściły się w zakresach podanych dla tych dwóch gatunków roślin bobowatych przez innych autorów (Grela i in., 2017) i były w sposób istotny zależne od roku uprawy oraz w przypadku łubinu, także od typu odmiany i terminu siewu (Kotlarz i in., 2011). Pod względem zawartości skrobi rośliny bobowate grubonasienne cechuje duże zróżnicowanie. W nasionach łubinu zawartość skrobi jest niewielka 0,6% – 0,8% (Maharjan i in., 2019), podczas gdy w nasionach grochu bardzo duża 38,6% – 45,3% (Hejdysz i in., 2015). Podobne zróżnicowanie zawartości skrobi uzyskano w niniejszej pracy. W nasionach łubinu wąskolistnego odmiany Rumba wykazano 0,7%, a w nasionach grochu odmiany Model 44,8% skrobi. Nasiona łubinu wąskolistnego wyróżniały się natomiast ilością lipidów, która była prawie 2,5 razy większa niż w nasionach grochu (7,8% vs. 3,2%). W badaniach Kaczmarka i in. (2014) oraz Hejdysza i in. (2015) wykazano jeszcze większe zróżnicowanie między łubinem wąskolistnym a grochem w zawartości składnika wysokoenergetycznego, odpowiednio 5,8% i 1,3%, mierzonego jako ekstrakt eterowy. Nasiona bobowatych różniły się ponadto zawartością popiołu surowego, łubin wąskolistny zawierał tego składnika o 33% więcej niż groch. Zróżnicowanie ilościowe składników odżywczych

w łubinie wąskolistnym i grochu, głównie skrobi, miało istotny wpływ na ogólną zawartość składników odżywczych. Z tego względu nasiona łubinu wąskolistnego miały najmniej składników odżywczych ogółem (44,2%), podczas gdy w grochu ich ilość była porównywalna (72,2%) do ilości w ziarnie jęczmienia. Obecność nasion bobowatych w mieszance ze zbożami spowodowała wysoce istotny wzrost zawartości białka. Było to szczególnie widoczne w mieszankach z łubinem wąskolistnym, w których stwierdzono zwiększenie ilości białka w ziarnie mieszanki z jęczmieniem o ponad 1,3 jednostki procentowe, a w ziarnie mieszanki z pszenżycem o 3,2 jednostki procentowe, niż wynikałoby to z wyliczenia z zawartości w komponentach i ich udziału w mieszankach. Prawdopodobnie rośliny jęczmienia i pszenżyta w zasiewach mieszanych, mogły korzystać z większej ilości azotu w glebie, zsyntetyzowanego przez bakterie symbiotyczne łubinu wąskolistnego. W literaturze dostępne są wyniki prac wskazujące na wzrost zawartości białka ogólnego w ziarnie zbóż pod wpływem zwiększonego nawożenia azotem (Biel, Jaroszevska, 2016).

Wartość odżywcza białka zależy w pierwszym rzędzie od zawartości aminokwasów, w szczególności aminokwasów egzogennych oraz ich wzajemnych proporcji (Rakowska i in., 1978). Ziarno poszczególnych gatunków zbóż i nasiona roślin bobowatych różniły się istotnie składem aminokwasowym białka (Tab. 2). W odniesieniu do sumy aminokwasów egzogennych zróżnicowanie ich zawartości obserwowano w zakresie od 34,4g/100g aminokwasów w białku pszenżyta odmiany Sopot do 44,4g/100g aminokwasów w białku grochu odmiany Model. Białko zbóż charakteryzowało się istotnie niższą zawartością omawianych aminokwasów w porównaniu do białka nasion roślin bobowatych (średnio o 15%). W przypadku pojedynczych aminokwasów zróżnicowanie to obserwowano przede wszystkim w odniesieniu do zawartości lizyny, której największą istotnie koncentrację wykazano w białku grochu (7,7g/100g aminokwasów), a następnie w łubinie wąskolistnym (4,7g/100g aminokwasów). Białko zbóż miało istotnie mniej tego aminokwasu w porównaniu do białka roślin bobowatych, choć w jęczmieniu ilość lizyny była istotnie większa (4,0g/100g aminokwasów) niż w pszenżycie (3,3g/100g aminokwasów). Mniejsze różnice stwierdzono w zawartości aminokwasów siarkowych, których istotnie więcej było w białku jęczmienia (3,8g/100g aminokwasów) i pszenżyta (3,7g/100g aminokwasów%), niż w białku grochu (2,6g/100g aminokwasów),

a w szczególności łubinu wąskolistnego (2,2g/100g aminokwasów). Ilość treoniny była istotnie największa w białku grochu (3,6g/100g aminokwasów), następnie w białku łubinu i jęczmienia (3,0g/100g aminokwasów), a najmniejsza w białku pszenżyta (2,6g/100g aminokwasów). Zróżnicowanie profilu aminokwasowego białka zbóż i roślin bobowatych wpłynęło na zróżnicowanie ilościowe aminokwasów zawartych w białku mieszanek. Największą istotnie ilością lizyny i treoniny cechowało się białko mieszanki jęczmienia z grochem (odpowiednio 5,3g/100g aminokwasów, 3,2g/100g aminokwasów). W odniesieniu do zawartości aminokwasów siarkowych nie zaobserwowano istotnych różnic pomiędzy mieszankami, a ich białko zawierało średnio 3,6g/100g aminokwasów siarkowych.

Spośród komponentów mieszanek, pochodzących z siewu czystego, ziarno jęczmienia charakteryzowało się najlepszą wartością odżywcza białka, na co wskazywała wartość wskaźnika aminokwasu ograniczającego (CS = 58) oraz zintegrowanego wskaźnika aminokwasów egzogennych (EEAI = 77). Największą wartość EAAI stwierdzono jednakże u grochu (82), co wskazuje na wysoką jakość tego białka, wyższą niż

pozostałych komponentów mieszanek. Z tego względu mieszanka jęczmienia jarego z grochem miała najlepiej zbilansowany skład aminokwasowy białka i najwyższe wskaźniki chemiczne określające jego wartość odżywczą. W zbożach, jak również w mieszankach z łubinem wąskolistnym aminokwasem ograniczającym wykorzystanie białka była lizyna, zaś w odniesieniu do roślin bobowatych i mieszanki z grochem suma metioniny i cystyny. Lizynę, jako aminokwas najczęściej deficytowy w białku jęczmienia i pszenżyta wskazywali też inni autorzy (Boros i in., 2010; Kowieska i in., 2011), a aminokwasy siarkowe w białku łubinu wąskolistnego i grochu (Kotlarz i in., 2011; Pastuszczyńska, 2013; Koivunen i in., 2016; Grela i in., 2017). Duża koncentracja lizyny w białku jęczmienia i grochu wpłynęła na zwiększenie jej zawartości w białku mieszanki do wysokości 76% białka wzorca, stąd aminokwasami ograniczającymi w tej mieszance były metionina i cystyna (CS = 62). Podsumowując, wartość odżywcza białka mieszanek jęczmienia i pszenżyta z łubinem wąskolistnym oraz jęczmienia z grochem, oceniona na podstawie wskaźników chemicznych, była wyższa niż ich komponentów z siewu czystego.

Tabela 2  
Table 2

Zawartość ograniczających aminokwasów egzogennych (g/100g aminokwasów) i wskaźniki jakości białka ziarna mieszanek zbożowo-bobowatych oraz ich komponentów z siewu

Content of limiting essential amino acids and qualitative protein indices in cereal mixtures with legumes and their pure components (g/100g amino acids)

Zboże Cereal	Lys*	Thr*	Met + Cys*	Suma EAA Sum of EAA*	CS*	EAAI*
Jęczmień jary/Spring barley <i>Radek</i>	4,03 <sup>d</sup>	3,02 <sup>b</sup>	3,80 <sup>a</sup>	38,0 <sup>c</sup>	58 <sup>lys</sup>	77
Pszenżyto jare/Spring triticale <i>Sopot</i>	3,27 <sup>e</sup>	2,57 <sup>c</sup>	3,73 <sup>a</sup>	34,4 <sup>d</sup>	47 <sup>lys</sup>	69
Łubin wąskolistny/Narrow-leaved lupine <i>Rumba</i>	4,65 <sup>c</sup>	3,01 <sup>c</sup>	2,23 <sup>c</sup>	40,8 <sup>b</sup>	39 <sup>met+cys</sup>	71
Groch/Peas <i>Model</i>	7,66 <sup>a</sup>	3,61 <sup>a</sup>	2,56 <sup>b</sup>	44,4 <sup>a</sup>	45 <sup>met+cys</sup>	82
Mieszanka jęczmienia z łubinem/Mixture of barley and lupine ( <i>Radek/Rumba</i> )	4,05 <sup>d</sup>	3,07 <sup>b</sup>	3,56 <sup>a</sup>	37,9 <sup>c</sup>	58 <sup>lys</sup>	75
Mieszanka pszenżyta z łubinem/Mixture of triticale and lupines ( <i>Sopot/Rumba</i> )	3,44 <sup>e</sup>	2,58 <sup>c</sup>	3,71 <sup>a</sup>	34,9 <sup>d</sup>	49 <sup>lys</sup>	69
Mieszanka jęczmienia z grochem/Mixture of barley and peas ( <i>Radek/Model</i> )	5,29 <sup>b</sup>	3,23 <sup>ab</sup>	3,52 <sup>a</sup>	40,0 <sup>b</sup>	62 <sup>met+cys</sup>	78
Statystyka F/Statistics F	523,03	28,69	93,22	186,5	-	-
Wartość p/p – value	4,03 <sup>d</sup>	3,02 <sup>b</sup>	3,80 <sup>a</sup>	38,0 <sup>c</sup>	-	-

\*Lys – lizyna/lysine; Thr – treonina/threonine; Met – metionina/methionine; Cys – cysteina/cysteine; EAA – aminokwasy egzogenne/essential amino acids; CS – wskaźnik aminokwasu ograniczającego/chemical score; EAAI – indeks aminokwasów ograniczających/the essential amino acid index

\*\* Wartości w kolumnach opatrzone różnymi literami różnią się istotnie przy  $p \leq 0,05$ /Values in the columns with different letters differ significantly at  $p \leq 0,05$

Ziarno zbóż i nasiona roślin bobowatych różniły się istotnie pod względem ilości, jak również składu włókna pokarmowego (TDF), którego zawartość mieściła się w zakresie od 13,0% w ziarnie pszenżyta do 55,2% w nasionach łubinu (Tab. 3). Ziarno jęczmienia miało o około 35% więcej TDF niż ziarno pszenżyta, a nasiona grochu o ponad połowę mniej niż nasiona łubinu. Zbliżonym poziomem TDF, w ilości 21,1% i 20,3% charakteryzowały się mieszanki: łubinu wąskolistnego z pszenżytem i jęczmienia z grochem, a istotnie więcej włókna wykazano (26,0%) w mieszance jęczmienia z łubinem. Podobne różnice w ilości włókna pokarmowego w ziarnie jarych form jęczmienia i pszenżyta oraz nasion łubinu wąskolistnego i grochu były uzyskane przez innych autorów, niezależnie od ich genetycznego pochodzenia i miejsca produkcji (de Almeida Costa i in., 2006; Boros i in., 2015; Fraś i in., 2016). W niniejszych badaniach, nieskrobiowe polisacharydy, główny składnik włókna pokarmowego, występowały w największej ilości w nasionach łubinu wąskolistnego (42,7%), stanowiąc ponad 77% jego całkowitej zawartości. Pozostałą

część TDF w nasionach łubinu tworzyły oligosacharydy i kwasy uronowe, w ilości odpowiednio 7,0% i 3,8%. Nasiona grochu, w porównaniu z łubinem, były znacznie uboższe we włókno pokarmowe (27,0%), które w około 44% składało się z NSP, a w 25% z oligosacharydów. We włóknie pokarmowym nasion roślin bobowatych znaczący udział miały również lignina (11%) oraz kwasy uronowe i skrobia oporna (po około 10%). W odróżnieniu od nasion roślin bobowatych, ziarno zbóż miało istotnie mniej TDF, w skład którego poza NSP wchodziła jeszcze lignina. W przypadku pszenżyta, suma NSP i ligniny stanowiła 89%, zaś jęczmienia 93% ogólnej zawartości włókna pokarmowego, z czego udział NSP w obu gatunkach wynosił średnio 68%. Zróżnicowanie komponentów mieszanek pod względem ogólnej zawartości TDF, jak i jego składników, miało istotny wpływ na ich zawartość w mieszankach zbożowo – bobowatych. Odnosi się to w szczególności do zawartości NSP, kwasów uronowych i oligosacharydów, których poziom był uwarunkowany udziałem grochu bądź łubinu w mieszance. Mieszanka jęczmienia z grochem

Tabela 3  
Table 3

Zawartość składników włókna pokarmowego (% s.m.) w ziarnie mieszanek zbożowo-bobowatych oraz ich komponentów z siewu czystego

Content of dietary fibre constituents (% d.m.) in cereal mixtures with legumes and their pure components

Zboże Cereal	I-NSP*	S-NSP*	NSP*	Lignina Lignin	UA*	RS*	RFOs*	TDF*
Jęczmień jary/Spring barley Radek	7,7 <sup>ef</sup>	4,2 <sup>a</sup>	11,9 <sup>d</sup>	4,4 <sup>a</sup>	0,3 <sup>e</sup>	0,4 <sup>c</sup>	0,6 <sup>d</sup>	17,5 <sup>d</sup>
Pszenżyto jare/Spring triticale Sopot	6,5 <sup>f</sup>	2,5 <sup>c</sup>	9,0 <sup>e</sup>	2,6 <sup>d</sup>	0,3 <sup>e</sup>	0,3 <sup>c</sup>	0,7 <sup>d</sup>	13,0 <sup>e</sup>
Łubin wąskolistny/Narrow-leaved lupine Rumba	39,7 <sup>a</sup>	3,0 <sup>b</sup>	42,7 <sup>a</sup>	1,7 <sup>e</sup>	3,8 <sup>a</sup>	0,0 <sup>e</sup>	7,0 <sup>a</sup>	55,2 <sup>a</sup>
Groch/Peas Model	10,6 <sup>cd</sup>	1,4 <sup>d</sup>	12,0 <sup>d</sup>	3,0 <sup>c</sup>	2,6 <sup>b</sup>	2,6 <sup>a</sup>	6,8 <sup>a</sup>	27,0 <sup>b</sup>
Mieszanka jęczmienia z łubinem/Mixture of barley and lupine (Radek/Rumba)	15,2 <sup>b</sup>	4,1 <sup>a</sup>	19,3 <sup>b</sup>	3,1 <sup>c</sup>	1,4 <sup>c</sup>	0,4 <sup>c</sup>	1,8 <sup>c</sup>	26,0 <sup>b</sup>
Mieszanka pszenżyta z łubinem/Mixture of triti- cale and lupines (Sopot/Rumba)	12,4 <sup>c</sup>	3,0 <sup>b</sup>	15,4 <sup>c</sup>	2,6 <sup>d</sup>	1,2 <sup>d</sup>	0,3 <sup>d</sup>	1,7 <sup>c</sup>	21,1 <sup>c</sup>
Mieszanka jęczmienia z grochem/Mixture of barley and peas (Radek/Model)	8,9 <sup>de</sup>	2,8 <sup>bc</sup>	11,8 <sup>d</sup>	3,8 <sup>b</sup>	1,1 <sup>d</sup>	1,1 <sup>b</sup>	2,5 <sup>b</sup>	20,3 <sup>c</sup>
Statystyka F/Statistics F	671,064	131,672	687,303	549,77	1350,62	4316,90	2632,14	469,89
Wartość p/p – value	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,00	0,00	0,000

\*I-NSP – nierozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/insoluble nonstarch polysaccharides; S-NSP – rozpuszczalne nieskrobiowe polisacharydy/soluble nonstarch polysaccharides; NSP – nieskrobiowe polisacharydy/nonstarch polysaccharides; UA – kwasy uronowe/uronic acids; RS – skrobia oporna/resistant starch; RFOs – cukry z rodziny rafinozy/raffinose family oligosaccharides; TDF – włókno pokarmowe ogółem/total dietary fibre

\*\* Wartości w kolumnach opatrzone różnymi literami różnią się istotnie przy  $p \leq 0,05$ /Values in the columns with different letters differ significantly at  $p \leq 0,05$

miała istotnie więcej oligosacharydów (2,5%) i skrobi opornej (1,1%) niż dwie mieszanki z łubinem wąskolistnym, odpowiednio średnio o 30% i 68%. Jednocześnie mieszanka ta miała mniejszą ilość NSP, które stanowiły 58,1% włókna mieszanki, w tym blisko 24% występowało w formie rozpuszczalnej. Z kolei w mieszankach z łubinem istotnie mniejszą zawartością NSP (15,4%) charakteryzowała się ta z pszenżytem, a w mieszance z jęczmieniem było tych związków o 25% więcej. Wysoka zawartość włókna w nasionach łubinu wąskolistnego jest uznawana za główny czynnik ograniczający jego większe stosowanie w żywieniu zwierząt monogastrycznych (Kaczmarek i in. 2014).

Antyodżywczy charakter wykazują również związki fenolowe, wśród których zdecydowanie niekorzystny wpływ na efekty produkcyjne zwierząt mają taniny. Związki te znajdujące się głównie w łusce nasion, tworzą w przewodzie pokarmowym niestrawne kompleksy z białkami, prowadząc do zmniejszenia retencji białka (Brenes i in., 2004). Według Brenes i in. (2004) strawność białka jest odwrotnie proporcjonalna do zawartości tanin w paszy. Związki te nadają ponadto paszy cierpki i gorzki smak, przez co jej spożycie maleje. W badanym materiale ogólna zawartość związków fenolowych mieściła się w zakresie od 1,2 mg/g do 3,4 mg/g, zaś tanin od 0,0 mg do 0,3 mg/g

(Tab. 4). Największą ilość związków fenolowych oznaczono w nasionach grochu (3,4 mg/g) oraz ziarnie jęczmienia (2,6 mg/g). Jednocześnie, w genotypach tych, zawartość tanin skondensowanych była najwyższa i wynosiła, odpowiednio 0,19 mg/g w grochu i 0,30 mg/g w jęczmieniu. Podobne zawartości tanin, dla tych dwóch gatunków roślin uzyskali Xu i in. (2007) oraz Hejdysz i in., (2015), odpowiednio w zakresie 0,0–1,71 mg/g dla grochu oraz 0,41–0,99 mg/g dla jęczmienia. W odniesieniu do zawartości TPC, ilości uzyskane w nasionach łubinu oraz ziarnie jęczmienia i pszenżyta były zbieżne z wynikami prezentowanymi w innych pracach (Zhu i in., 2015; Fraś i in., 2016; Król i in., 2018). Ilość związków fenolowych, oznaczona w grochu była znacznie wyższa od wartości uzyskanych przez innych autorów (Xu i in., 2007; Piecyk i in., 2012), co prawdopodobnie wynika ze zróżnicowania odmian w badaniach, a także odmiennych warunków środowiska produkcji nasion. Zgodnie z doniesieniem Wang i in. (1998), zawartość związków fenolowych w nasionach grochu w ponad 30% determinuje odmiana, w 18% środowisko, a pozostałe 52% podlega interakcjom środowiskowo – genotypowym. Zróżnicowanie zawartości związków fenolowych w ziarnie zbóż i nasionach roślin bobowatych, uprawianych w siewie czystym skutkowało istotnym ich

Tabela 4

Table 4

Zawartość związków fenolowych (TPC) oraz inhibitora trypsyny (TUI) w ziarnie mieszanek zbożowo-bobowatych oraz ich komponentów z siewu czystego

Content of phenolic compounds and trypsin inhibitor in cereal mixtures with legumes and their pure components

Zboże Cereal	TPC	Taniny Tannins	TUI
Jęczmień jary/Spring barley Radek	2,6 <sup>b</sup>	0,30 <sup>a</sup>	0,9 <sup>b</sup>
Pszenżyto jare/Spring triticale Sopot	1,2 <sup>f</sup>	0,03 <sup>c</sup>	0,5 <sup>d</sup>
Łubin wąskolistny/Narrow-leaved lupine Rumba	2,0 <sup>d</sup>	0,00 <sup>c</sup>	0,1 <sup>e</sup>
Groch/Peas Model	3,4 <sup>a</sup>	0,19 <sup>b</sup>	1,1 <sup>a</sup>
Mieszanka jęczmienia z łubinem/Mixture of barley and lupine (Radek/Rumba)	2,4 <sup>c</sup>	0,18 <sup>b</sup>	0,7 <sup>c</sup>
Mieszanka pszenżyta z łubinem/Mixture of triticale and lupines (Sopot/Rumba)	1,6 <sup>e</sup>	0,00 <sup>c</sup>	0,5 <sup>d</sup>
Mieszanka jęczmienia z grochem/Mixture of barley and peas (Radek/Model)	2,4 <sup>c</sup>	0,20 <sup>b</sup>	1,0 <sup>a</sup>
Statystyka F/Statistics F	353,69	352,911	620,59
Wartość p/p – value	0,000	0,000	0,000

\*TPC – związki fenolowe ogółem/total phenolic compounds; TUI – inhibitor trypsyny/trypsin unit inhibitor

\*\* Wartości w kolumnach opatrzone różnymi literami różnią się istotnie przy  $p \leq 0,05$ /Values in the columns with different letters differ significantly at  $p \leq 0,05$



zróżnicowaniem w mieszankach zbożowo – bobowatych. Ilość TPC w obu mieszankach z jęczmieniem była istotnie większa (średnio o 33%) niż w mieszance pszenżyta z łubinem. Z kolei ilości tanin w ziarnie mieszanek z jęczmieniem były zbliżone (średnio 0,19 mg/g), podczas gdy w mieszance pszenżyta z łubinem nie stwierdzono ich obecności. W niniejszej pracy oznaczono także zawartość inhibitora trypsyny (TUI), który należy do inhibitorów z rodziny Bowmana – Birka. Działanie negatywne tego inhibitora (TUI) polega na hamowaniu aktywności enzymów proteolitycznych trzustki, trypsyny i chymotrypsyny, poprzez tworzenie z nimi nieaktywnych kompleksów. Długotrwałe podawanie paszy z TUI prowadzi ponadto do hipertrofii samego gruczołu trzustkowego oraz zwiększenia deficytu aminokwasów siarkowych (Winiarska-Mieczan, 2007). Badany materiał charakteryzował się istotnym zróżnicowaniem TUI zarówno w obrębie komponentów mieszanek,

jak i samych mieszanek, pomimo niewielkiej jego zawartości. Spośród komponentów uprawianych w siewie czystym największą wartością TUI cechowały się nasiona grochu (1,1 mg/g) oraz ziarno jęczmienia (0,9 mg/g), zaś najmniejszą nasiona łubinu (0,1 mg/g) i pszenżyta (0,5 mg/g). Zróżnicowanie mieszanek pod względem TUI uwarunkowane było składem gatunkowym mieszanek. Największą ilość TUI stwierdzono w ziarnie mieszanki jęczmienia z grochem (1,1 mg/g), następnie jęczmienia z łubinem (0,9 mg/g), a najmniejszą w ziarnie pszenżyta z łubinem (0,5 mg/g).

Zróżnicowanie składu chemicznego oraz profilu aminokwasowego białka ziarna jęczmienia i pszenżyta oraz nasion łubinu wąskolistnego i grochu, a w efekcie mieszanek skomponowanych z ich działem, znalazło swoje odzwierciedlenie w zróżnicowaniu wskaźników jakości białka uzyskanych w doświadczeniu bilansowym na szczurach (Tab. 5). Największym

Tabela 5

Table 5

Wskaźniki strawności suchej masy (DMD) i białka (TPD) oraz jego przyswajalności (BV) i wykorzystania netto (NPU) mieszanek zbożowo-bobowatych i ich komponentów

Indicators of digestibility of dry matter (DMD) and protein (TPD) and their bioavailability (BV) and net utilization (NPU) of cereal-legume mixtures and their pure components

Diety/Diets	TPD		BV		NPU		DMD	
<b>Dieta kontrolna/Control diet</b>								
Kazeina Casein	100,0 <sup>a</sup>	± 0,7	91,9 <sup>a</sup>	± 1,7	92,2 <sup>a</sup>	± 2,2	92,5 <sup>a</sup>	± 0,2
<b>Diety doświadczalna/Experimental diets</b>								
Jęczmień jary/Spring barley <i>Radek</i>	84,8 <sup>d</sup>	± 2,5	92,6 <sup>a</sup>	± 1,6	78,5 <sup>b</sup>	± 1,3	84,2 <sup>e</sup>	± 1,2
Pszenżyto jare/Spring triticales <i>Sopot</i>	91,9 <sup>b</sup>	± 1,2	81,8 <sup>b</sup>	± 1,5	75,1 <sup>b</sup>	± 1,6	89,9 <sup>c</sup>	± 0,5
Łubin wąskolistny/Narrow-leaved lupine <i>Rumba</i>	90,2 <sup>bc</sup>	± 2,9	64,2 <sup>c</sup>	± 3,1	57,8 <sup>f</sup>	± 2,0	91,9 <sup>ab</sup>	± 1,6
Groch/peas <i>Model</i>	84,3 <sup>d</sup>	± 2,2	73,6 <sup>cd</sup>	± 4,2	62,1 <sup>ef</sup>	± 4,8	90,4 <sup>bc</sup>	± 0,4
Mieszanka jęczmienia z łubinem/ Mixture of barley and lupine ( <i>Radek/Rumba</i> )	86,8 <sup>cd</sup>	± 1,5	77,0 <sup>bc</sup>	± 2,3	66,8 <sup>cd</sup>	± 1,1	86,7 <sup>d</sup>	± 1,0
Mieszanka pszenżyta z łubinem/ Mixture of triticales and lupine ( <i>Sopot/Rumba</i> )	91,6 <sup>b</sup>	± 1,3	70,1 <sup>d</sup>	± 1,5	64,2 <sup>de</sup>	± 0,7	90,8 <sup>abc</sup>	± 1,0
Mieszanka jęczmienia z grochem/ Mixture of barley and peas ( <i>Radek/Model</i> )	85,5 <sup>d</sup>	± 0,9	80,6 <sup>b</sup>	± 1,4	68,9 <sup>c</sup>	± 0,9	87,2 <sup>d</sup>	± 0,5
Statystyka F/Statistics F	43,2		89,09		126,26		50,2	
Wartość p/p – value	0,000		0,000		0,00		0,000	

\*TPD – strawność rzeczywista białka/true protein digestibility; BV – wartość biologiczna/biological value; NPU – wykorzystanie białka netto/net protein utilization; DMD – strawność suchej masy/dry matter digestibility\*\* Wartości w kolumnach opatrzone różnymi literami różnią się istotnie przy  $p \leq 0,05$ /Values in the columns with different letters differ significantly at  $p \leq 0,05$

współczynnikiem strawności charakteryzowało się białko ziarna pszenżyta (TPD = 91,9%) i nasion łubinu wąskolistnego (TPD = 90,2%) oraz mieszanki skomponowanej z tych komponentów (TPD = 91,6%). Istotnie niższy współczynniki strawności białka wykazano w grupie zwierząt, którym podawano diety oparte na jęczmieniu (TPD = 84,8%) i grochu (TPD = 84,3%) oraz ich mieszance (TPD = 85,5%), a także mieszance jęczmienia z łubinem wąskolistnym (TPD = 86,8%). Uwagę zwraca wysoka strawność białka łubinu wąskolistnego, uzyskana mimo dużej zawartości TDF w nasionach. Wynika to prawdopodobnie z metodyki stosowanej powszechnie do oznaczania strawności białka, w której diety doświadczalne są dietami izobiałkowymi (9,4% białka), w związku z czym różnią się ilością badanego materiału, w zależności od zawartości w nim białka (Eggum, 1973). W przypadku diety łubinowej, udział nasion łubinu był na poziomie około 30%, co w porównaniu z dietami zbożowymi, składającymi w ponad 90% z ziarna zbóż, stanowiło jej niewielką część. Ilość TDF w diecie łubinowej była zatem porównywalna do jego ilości w pozostałych dietach. Łubin wąskolistny odznaczał się najmniejszą przyswajalnością białka (64,2%), mierzoną wskaźnikiem BV. Istotnie większe wartości tego wskaźnika otrzymano dla białka grochu (73,6%) oraz białka pszenżyta (81,8%), a przede wszystkim jęczmienia (92,6%). Białko jęczmienia było w takim samym stopniu przyswajalne jak białko kazeiny (91,9%), stanowiącej białko referencyjne w grupie kontrolnej. Wartość BV jest zależna od ilości aminokwasów egzogennych w białku (Rakowska i in., 1978; Pastuszewska, 2013), stąd mała koncentracja aminokwasów siarkowych w białku łubinu oraz lizyny w białku pszenżyta jest prawdopodobnie odpowiedzialna za ich niskie wartości w niniejszych badaniach. Duża wartość odżywcza białka mieszanek jęczmienia z łubinem wąskolistnym lub grochem wyliczona na podstawie wskaźników chemicznych została potwierdzona w badaniach *in vitro*. Białko mieszanki jęczmienia z grochem było w największym stopniu przyswajalne (80,6%), w nieco mniejszym stopniu mieszanki z łubinem wąskolistnym (77% – różnica nieistotna), a w najmniejszym stopniu (70%) mieszanki pszenżyta z łubinem. Wykorzystanie białka netto jest wypadkową strawności białka i jego przyswajalności, stąd spośród komponentów to zboża mają największą wartość wskaźnika NPU (powyżej 75%), a wśród mieszanek, mieszanka jęczmienia z grochem (68,9%). Na wartość NPU negatywny wpływ miała ilość włókna

pokarmowego i niektórych jego składników. Istotne współczynniki korelacji ( $p < 0,05$ ) uzyskano między NPU a TDF ( $r = -0,820$ ), I-NSP ( $r = -0,825$ ), UA ( $r = -0,895$ ) oraz RFOs ( $r = -0,840$ ). Badane zboża i rośliny bobowate oraz mieszanki z ich udziałem różniły się także istotnie w strawności suchej masy (DMD). Jej wartość była podobnie zróżnicowana jak zawartość TDF, w zakresie od 84,2% w odniesieniu do diety jęczmiennej, do 92,5% dla diety pszenżytniej. Na stopień strawności suchej masy, decydującej o wartości energetycznej nasion bobowatych, największy wpływ ma ilość włókna, składnika paszy nietrawionego w przewodzie pokarmowym zwierząt (Pastuszewska, 2013).

Podsumowując, można stwierdzić, że mieszanki roślin bobowatych grubonasiennych ze zbożami mogą stanowić wartościowy składnik pasz dla zwierząt gospodarskich. Poprzez odpowiedni dobór komponentów można kształtować nie tylko wysokość plonu i zdrowotność mieszanek, ale także ich wartość pokarmową. Mieszanki te zazwyczaj lepiej plonują niż ich komponenty w siewie czystym (COBORU, 2017), stąd wymiernym efektem upraw mieszanych jest wyższy plon składników odżywczych, przede wszystkim białka i skrobi, z jednostki powierzchni.

## Wnioski

1. Stwierdzono istotny wpływ doboru komponentów do mieszanek zbożowych z roślinami bobowatymi grubonasiennymi na ich wartość pokarmową. Udział łubinu wąskolistnego w mieszance wpłynął na poprawę zawartości białka i jego jakości, ale także na wzrost włókna pokarmowego. Odnosi się to w szczególności do mieszanki z jęczmieniem.
2. Na podstawie wskaźników chemicznych wykazano większą wartość odżywczą białka mieszanek zbóż z bobowatymi, w szczególności z grochem niż ich komponentów z siewu czystego.
3. Duża wartość pokarmowa mieszanek zbożowo – bobowatych została potwierdzona bezpośrednio na zwierzętach laboratoryjnych.
4. Mieszanka jęczmienia jarego odmiany Radek z grochem odmiany Model charakteryzowała się najlepszym składem chemicznym i największą wartością odżywczą białka określoną metodami *in vitro* i *in vivo*.

*Badania wykonano w ramach zadania 2.10, Programu Wieloletniego IHAR-PIB na lata 2015–2020, finansowane przez MRiRW.*

## Literatura

- AACC. (2011). American Association of Cereal Chemists, Approved Methods of Analysis, 11th Ed. St. Paul, MN, USA.
- AOAC. (2007). Association of Official Analytical Chemists, Official Methods of Analysis, 18<sup>th</sup> Ed. Gaithersburg, MD
- Bach Knudsen, K. E. (2014). Fiber and nonstarch polysaccharide content and variation in common crops used in broiler diets. *Poultry Sci.* 93, 2380–2393.
- Biel, W., Jaroszewska, A. (2016). Ocena wpływu nawozów azotowych na skład chemiczny ziarna pszenżyta jarego. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska. Sectio E, Agricultura*, 71 (3), 12–25.
- Boros, D., Ploch, M., Gruszecka, D. (2010). Possibility of utilization of two *Aegilops* sp. to enhance the nutritive value of triticale. *J. Anim. Feed Sci.* 19, 628–637.
- Boros, D., Fraś, A., Gołębiwska, K., Gołębiwski, D., Paczkowska, O., Wiśniewska, M. (2015). Wartość odżywcza i właściwości prozdrowotne ziarna odmian zbóż i nasion rzepaku zalecanych do uprawy w Polsce. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR-PIB*, 49, 1–119.
- Brenes, A., Jansman, A. J. M., Marquardt, R. R. (2004). Recent progress research on the effects of antinutritional factors in legume and oil seeds in monogastric animals. [In:] Recent advances of research in antinutritional factors in legume seeds and oilseeds. *Proc. 4th international workshop on antinutritional factors in legume seeds and oilseeds*. Toledo (Spain), EAAP Publication no 110, 195–218.
- COBORU. (2017). Wyniki doświadczeń odmianowych. Mieszanki zbożowo-bobowate jare (jęczmień, pszenżyto, groch, łubin wąskolistny). 2016, 2017 (opracował Najewski A.).
- de Almeida Costa, G. E., da Silva Queiroz-Monici, K., Pissini Machado Reis, S. M., de Oliveira, A. C. (2006). Chemical composition, dietary fibre and resistant starch contents of raw and cooked pea, common bean, chickpea and lentil legumes. *Food Chem.* 94: 327–330.
- Eggum, B. O. (1973). A study of certain factors influencing protein utilization in rats and pigs. *Beretrn. Report*, 406. *Nat. Inst. Anim. Sci. Copenhagen*, 173 p.
- FAO/WHO, (1965). Expert Group: Protein Requirements Report No. 37
- Fraś, A., Gołębiwska, K., Gołębiwski D., Mańkowski D. R., Boros D., Szczółka P. (2016). Variability in the chemical composition of triticale grain, flour and bread. *J. Cereal Sci.* 71, 66–72.
- Grela, E. R., Kiczorowska, B., Samolińska, W. Matras, J., Kiczorowski, P., Rybiński, W., Hanczakowska, E. (2017). Chemical composition of leguminous seeds: part I—content of basic nutrients, amino acids, phytochemical compounds, and antioxidant activity. *Eur. Food Res. Technol.* 243, 1385–1395.
- Hejdysz, M., Kaczmarek, S. A., Rutkowski, A. (2015). Factors affecting the nutritional value of pea (*Pisum sativum*) for broilers. *J. Anim. Feed Sci.* 24, 252–259.
- Jamroz, D. (2013). *Żywnienie zwierząt i paszoznawstwo*. Cz. 3 – Paszoznawstwo. PWN, Warszawa, wyd. 2.
- Jeroch, H., Lipiec, A., Abel, H., Zentek, J., Grela, E. R., Bellof, G. (2016). *Körnerleguminosen als Futter und Nahrungsmittel*. DLG-Verlag, Frankfurt am Main,
- Kaczmarek, S. A., Kasproicz-Potocka, M., Hejdysz, M., Mikuła, R., Rutkowski, A. (2014). The nutritional value of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius*) for broilers. *J. Anim. Feed Sci.* 23, 160–166.
- Kakade, M. L., Rackis, J. J., McGhee, J. E., Puski, G. (1974). Determination of trypsin inhibitor activity of soy products: A collaborative analysis of an improved procedure. *Cereal Chem.* 51, 376–382.
- Koivunen, E., Partanen, K., Perttilä, S., Palander, S., Tuunainen, P., Valaja, J. (2016). Digestibility and energy value of pea (*Pisum sativum* L), faba bean (*Vicia faba* L) and blue lupin (narrow-leaf) (*Lupinus angustifolius*) seeds in broilers. *Anim. Feed Sci. Technol.* 218, 120–127.
- Kotecki, A. (2015). Dokąd zmierza agronomia w Polsce. *Fragm. Agron.* 32 (4), 7–21.
- Kotlarz, A., Sujak, A., Strobel, W., Grzesiak, W. (2011). Chemical composition and nutritive value of protein of the pea seeds-effect of harvesting year and variety. *Veget. Crops Res. Bull.* 75, 57–69.
- Kowieska, A., Lubowicki, R., Jaskowska, I. (2011). Chemical composition and nutritional characteristics of several cereal grain. *Acta Sci. Pol., Zootechnica* 10 (2), 37–50.
- Król, A., Amarowicz, R., Weidner, S. (2018). Content of phenolic compounds and antioxidant properties in seeds of sweet and bitter cultivars of lupine (*Lupinus angustifolius*). *Natural Product Communications* 13 (10), 1341–1344.
- Książak, J., Bojarszczuk, J., Staniak, M. (2016). Evaluation of yielding of mixtures of *Pisum sativum* L. with *Triticum aestivum* L. grown in organic farming. *Acta Agrobot.* 69 (3), 1–12.
- Lahuta, L. B., Ciak, M., Rybiński, W., Bocianowski, J., Börner, A. (2018). Diversity of the composition and content of soluble carbohydrates in seeds of the genus *Vicia* (Leguminosae). *Genet Resour Crop Evol* 65 (2), 541–554.
- Lehmann, H., Hock, A., Bergner, H. (1968). Bestimmung des N-Erhaltungsbedarfes von Albinoratten. *Arch. Tierernährung* 18, 280–291.
- Maharjan, P., Penny, J., Partington, D. L., Panozzo, J. F., 2019. Genotype and environment effects on the chemical composition and rheological properties of peas. *J. Sci. Food Agric.* 99, 5409–5416.
- Marchello, J. A., Dryden, F. D., Hale, W. H. (1971). Bovine serum lipids. I. The influence of added animal fat on the ration. *J. Anim. Sci.* 32, 1008–1015.

- Mason, V. C., Bech-Andersen, S., Rudemo, M. (1980). Hydrolysate preparation for amino acid determination in feed constituents. 8. Studies of oxidation conditions for streamlined procedures. *J. Anim. Phys. Anim. Nutr.* 43, 146–164.
- Pastuszewska, B. (2013). Nasiona roślin strączkowych. W: *Żywnienie zwierząt i paszoznawstwo. Cz. 3 – Paszoznawstwo*, (red. Jamroz D.), PWN, Warszawa, wyd. 2, 216–231.
- Piecnyk, M., Wołosiak, R., Drużyńska, B., Worobiej, E. (2012). Chemical composition and starch digestibility in flours from Polish processed legume seeds. *Food Chem.* 135, 1057–1064.
- Price, M. L., van Scoyoc, S., Butler, L. G. (1978). A critical evaluation of the vanillin reaction as an assay for tannin in sorghum grain. *J. Agric. Food Chem.* 26 (5), 1214–1218.
- Rakowska, M., Szkiłłądziowa, W., Kunachowicz, H. (1978). Biologiczna wartość białka żywności. WNT, Warszawa.
- Scott, R. (1979). Colorimetric determination of hexuronic acids in plant materials. *Analyt. Chem.* 51, 936–941.
- Singleton, V. L., Rossi, J. A. (1965). Colorimetry of total phenolics with phosphomolybdic-phosphotungstic acid reagents. *Am. J. Enol. Vitic.* 16, 144–158.
- Staniak, M., Książak, J., Bojarszczuk, J. (2014). Mixtures of legumes with cereals as a source of feed for animals. *Organic Agriculture Towards Sustainability*, Vytautas Pilipavicius, IntechOpen, Available from: <https://www.intechopen.com/books/organic-agriculture-towards-sustainability/mixtures-of-legumes-with-cereals-as-a-source-of-feed-for-animals>
- Theander, O., Westerlund, E. A. (1986). Studies on dietary fibre. 3. Improved procedures for analysis of dietary fibre. *J. Agric. Food Chem.* 34, 330–336.
- TIBCO Software Inc. 2017. Statistica (data analysis software system), version 13. <http://statistica.io>
- Wang, X., Warkentin, T. D., Briggs, C. J., Oomah, B. D. (1998). Total phenolics and condensed tannins in field pea (*Pisum sativum* L.) and grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 101, 97–102.
- Winiarska-Mieczan, A. (2007). Inhibitory tryptasyny z rodziny Bowmana-Birka – budowa oraz znaczenie w żywieniu ludzi i zwierząt. *Medycyna Wet.*, 63 (3), 276–281.
- Xu, B. J., Chang, S. K. C. (2007). A comparative study on phenolic profiles and antioxidant activities of legumes as affected by extraction solvents. *J. Food Sci.* 72 (2), 159–166.
- Zhu, Y., Li, T., Fu, X., Abbasi, A. M., Zheng, B., Liu, R. H. (2015). Phenolics content, antioxidant and antiproliferative activities of dehulled highland barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Funct. Foods* 19, 439–450.

# Jęczmień i *Blumeria graminis*. Wprowadzenie do charakterystyki układu gospodarz – patogen

Barley and *Blumeria graminis*. Introduction to the host – pathogen interaction

Urszula Piechota ✉, Paweł Czembor

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05–870 Błonie,  
✉ e-mail: u.piechota@ihar.edu.pl

Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest jednym z najważniejszych gospodarczo zbóż i zajmuje czwarte miejsce pod względem arealu upraw na świecie. Mączniak prawdziwy, powodowany przez grzyb patogeniczny *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, jest jedną z najważniejszych chorób wpływających negatywnie na ilość i jakość plonu jęczmienia. Ograniczona pula genów odporności wykorzystywanych w odmianach uprawnych stwarza potrzebę poszukiwania i identyfikacji nowych źródeł odporności.

**Słowa kluczowe:** geny odporności, *Hordeum vulgare*, mączniak prawdziwy traw i zbóż, pule genowe

Barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the most economically important cereals and holds fourth place in the world by harvest area. Powdery mildew, caused by the pathogenic fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, is one of the most important diseases that decrease the quantity and quality of the yield. Since there is a limited number of resistance genes presented in cultivated crop varieties, there is a need to search and identify new sources of resistance.

**Key words:** gene pools, *Hordeum vulgare*, powdery mildew, resistance genes

## Wstęp

Jęczmień uprawny (*Hordeum vulgare* L.) zajmuje jedno z czołowych miejsc pod względem powierzchni uprawy i wielkości plonu zarówno w Polsce, jak i na świecie (FAOSTAT 2019, GUS 2019). Patogeny grzybowe są istotnym ekonomicznym czynnikiem limitującym wielkość i jakość plonu (Singh i in. 2019). Mączniak prawdziwy jęczmienia, powodowany przez *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, zaliczany jest do patogenów o największym negatywnym wpływie na plon (Savary i in. 2012, Walters i in. 2012). Szerokie rozpowszechnienie upraw jęczmienia, stosowanie zarówno form jarych i ozimych oraz lokalne warunki klimatyczne sprzyjają utrzymywaniu się patogenu oraz rozwojowi choroby. Intensywna ochrona chemiczna upraw budzi społeczny opór (Raport z konsultacji publicznych Strategii Zrównoważonego Rozwoju Wsi, Rolnictwa i Rybactwa 2030, 2019) oraz prowadzi do selekcji odpornych ras patogenu (Lucas i in. 2015). Odpowiedzialne stosowanie chemizacji i uprawa odmian odpornych wpisuje się w główne cele Wspólnej Polityki Rolnej Unii Europejskiej na lata 2021–2027 ([https://europa.eu/rapid/press-release\\_MEMO-18-3974\\_en.htm](https://europa.eu/rapid/press-release_MEMO-18-3974_en.htm)) oraz Agendy na Rzecz Zrównoważonego Rozwoju 2030, ONZ (<http://www.un.org/pl/>). Zawężona pula genowa współcześnie

uprawianych elitarnych odmian jęczmienia budzi potrzebę poszukiwania nowych efektywnych genów odporności w odmianach lokalnych oraz dzikich gatunkach pokrewnych.

## Jęczmień uprawny

Rodzaj jęczmień (*Hordeum*) taksonomicznie jest przyporządkowany do rodziny *Poaceae* i plemienia *Triticeae* (APG IV, 2016). Obejmuje 32 gatunki, z których większość jest diploidalna (von Bothmer i in. 2003a). W obrębie gatunku *H. vulgare* zidentyfikowano ok. 200 odmian botanicznych (Hanelt i in. 2001). Jęczmień uprawny (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* L.) pochodzi od jęczmienia dzikiego (*H. vulgare* ssp. *spontaneum* C. Koch). Został udomowiony w czasie rewolucji neolitycznej, około 13 000 – 11 000 lat temu, na terenie zwanym Żywnym Półksiężycem, rozpościerającym się od Zatoki Perskiej do doliny Nilu i obejmującym ziemie Iraku, Syrii, Jordanii, Libanu, Palestyny, Izraela i Egiptu (Salamini i in. 2002, Purugganan i Fuller 2009). Badania DNA oraz zasięg naturalnego występowania jęczmienia dzikiego wskazują na drugie niezależne udomowienie, które miało miejsce na wschodnim krańcu Wyżyny Irańskiej na terenie Pakistanu (Komatsuda 2014). Obecnie jęczmień jest jednym z najpowszechniej uprawianych zbóż na świecie.

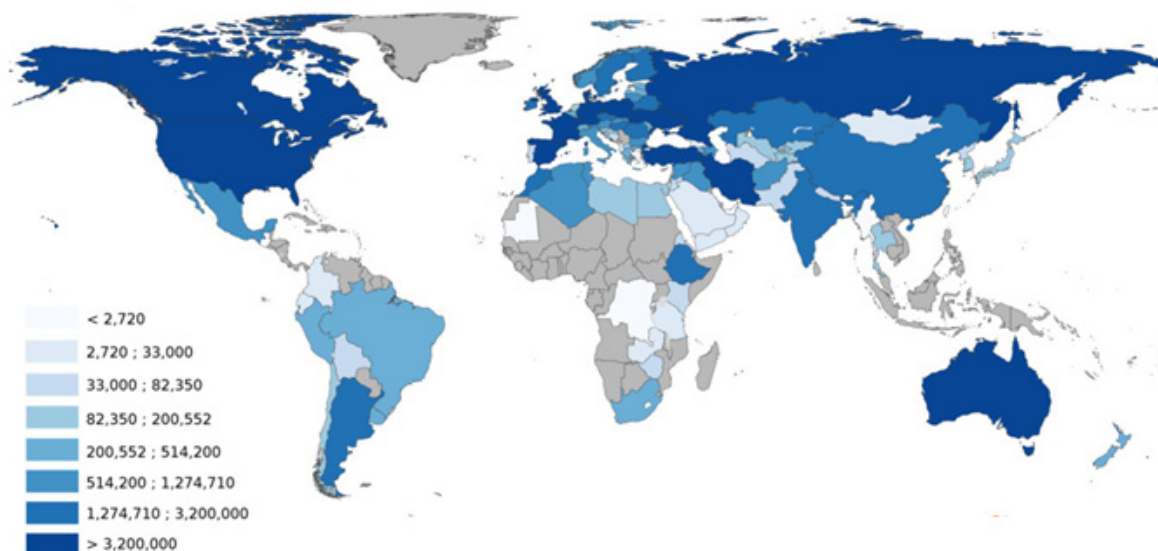
Swój sukces zawdzięcza adaptacji do zróżnicowanych oraz trudnych warunków środowiska. Jest wysoce odporny na suszę i zasolenie gleb, a także na chłód (von Bothmer i in. 2003a). Dzięki temu, że jęczmień ma relatywnie krótki cykl wegetacyjny, który dla form jarych wynosi 60 – 90 dni (Agrometeorological Centre of Excellence, <http://www.gov.mb.ca/agriculture/climate>), może go zakończyć przed nadejściem niekorzystnych warunków letniej suszy i wysokich temperatur.

Jęczmień zajmuje czwarte miejsce na świecie, po pszenicy, kukurydzy i ryżu, pod względem areалу upraw, który wynosi ok. 48 mln ha (FAOSTAT, 2018). Niemal połowa światowego areálu upraw jęczmienia znajduje się w Europie (23 mln ha), gdzie zboże to zajmuje drugie miejsce po pszenicy (FAOSTAT, 2018) pod względem powierzchni uprawy. Unia Europejska przoduje w eksporcie jęczmienia, który wyniósł ponad 8,5 mln ton w 2016 r. Zasięg upraw i wielkość plonu jęczmienia na świecie przedstawiono na rycinie (Rysunek 1).

Polska zajmuje siódme miejsce wśród krajów europejskich pod względem powierzchni uprawy jęczmienia. W 2019 r. wyniósł on ponad 1 mln ha, co stanowi ok. 13% całkowitej powierzchni gruntów przeznaczonych na uprawę zbóż oraz trzecie miejsce, po pszenicy i pszenżycie (GUS, 2019). Natomiast pod względem uzyskanego plonu całkowitego, który w 2017 r. wyniósł niespełna 305 mln ton, jęczmień w Polsce zajmuje czwarte miejsce, po pszenicy, pszenżycie i kukurydzy (GUS, 2017).

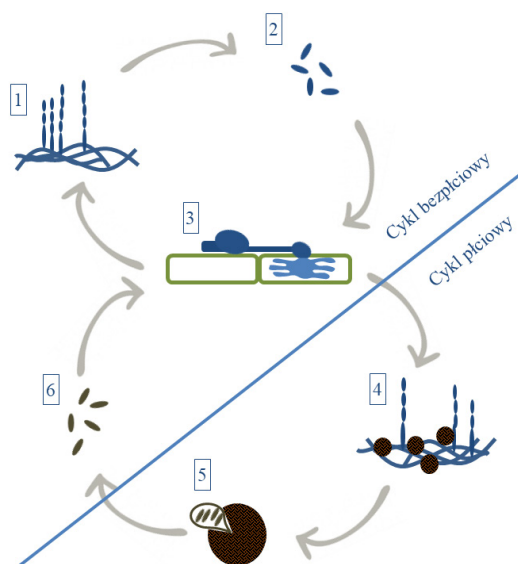
Profil wykorzystania jęczmienia zmieniał się w zależności od rozpatrywanego czasu i panującej kultury. W Starożytnym Rzymie ziarno jęczmienia było znaczącym składnikiem diety (Giraldo i in. 2019). Naturalna fermentacja, jakiej ulega przechowywane ziarno, pozwoliła odkryć napoje alkoholowe. Piwo jęczmienne było produkowane w Starożytnym Egipcie ponad 5 000 lat temu (Giraldo i in. 2019). Obecnie głównym przeznaczeniem upraw jęczmienia jest produkcja pasz dla bydła i trzody chlewnej. Na ten cel przeznaczona jest 85% zbioru światowego. Pozostałe 15% jest wykorzystywane na cele spożywcze i materiał siewny. Jako komponent diety człowieka, ziarno jest bogatym źródłem  $\beta$ -glukanów balansujących poziom cholesterolu i glukozy we krwi (Collins i in. 2010). W przemyśle spożywczym z jęczmienia wytwarza się głównie piwo i whisky, mąkę oraz płatki. W 2014 światowa konsumpcja piwa wyniosła prawie 2 mld hl, na którą przeznaczono ponad 21 mln t jęczmienia (<http://e-malt.com/> za Giraldo i in. 2019).

W wyniku prac konsorcjum International Barley Sequencing Consortium opracowano mapę fizyczną oraz pełną sekwencję genomu jęczmienia (The International Barley Genome Sequencing Consortium 2012). Genom jęczmienia w wersji haploidalnej ma siedem chromosomów o łącznej długości ok. 5,3 Gpz. Jest jednym z największych genomów roślin uprawnych i trzecim po pszenżycie (21,3 Gpz) i pszenicy (14,5 Gpz), genomem zbożowym. Pełna sekwencja jest zdeponowana w otwartym repozytorium EnsemblPlants (<https://plants>).



Rys. 1. Światowa produkcja jęczmienia wyrażona w tonach (Actualitix 2019, <https://en.actualitix.com/>, źródło danych: FAOSTAT 2014).

Fig. 1. World barley production in tonnes (Actualitix 2019, <https://en.actualitix.com/>, data source: FAOSTAT 2014).



Rys. 2. Schemat cyklu życiowego *Blumeria graminis*, na podstawie Ridout i in. (2006), zmienione.

Fig. 2. The lifecycle scheme of *Blumeria graminis*, based on Ridout et al. (2006), modified.

1. Grzybnia z konidioforami / Mycelium with conidiophores.
2. Konidia / Conidia.
3. Zarodek infekujący komórkę gospodarza / A spore infects host cell.
4. Grzybnia z klejstotecjami / Mycelium with cleistothecia.
5. Klejstotecjum z workami / Ascii in cleistothecium.
6. Askospory / Ascospores.

ensembl.org/) (Aken i in. 2017). Jęczmień, jako roślina modelowa, jest wykorzystywany w badaniach naukowych. Hasło „barley” do końca 2018 r. pojawiło się w ponad 50 tys. pracach naukowych indeksowanych w bazie Elsevier Scopus, w tym publikacje polskie stanowiły 2% (Giraldo i in. 2019).

Hodowla twórcza jęczmienia doprowadziła do wytworzenia szeregu odmian uprawnych. Odmiany te kategoryzowane są, zgodnie z kryteriami jakościowym OECD (2004), ze względu na wymagania wernalizacyjne na odmiany jare i ozime, a ze względu na skład skrobi i zawartość białka w ziarnie – paszowe i browarne. Programy hodowli jęczmienia skupiają się na podnoszeniu wartości odżywczej oraz tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne, zwłaszcza w kontekście globalnych zmian klimatu (Riehl 2019). Wyzwaniem pozostaje kontrola blisko 250 patogenów jęczmienia, które powodują znaczące straty w ilości i jakości plonu (Singh i in. 2019). Mączniak prawdziwy jęczmienia, powodowany przez *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, jest, obok rdzy karłowej – *Puccinia hordei* i rynchosporiozy – *Rynchosporium commune*, najważniejszą chorobą jęczmienia (Savary i in. 2012, Walters i in. 2012). Powoduje straty w wielkości plonu wynoszące średnio 10

– 20%, a w sprzyjających warunkach osiągające do 50% (Tratwal i Weber 2006). Uprawa jęczmienia przez cały rok, stosowanie form jarych i ozimych, a także długi okres wegetacyjny oraz umiarkowany klimat sprzyja rozwojowi choroby (Jørgensen i Wolfe 1994).

### *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Mączniak prawdziwy traw i zbóż jest powodowany przez grzyb *Blumeria graminis*, należącego do rzędu *Erysiphales*, klasy *Leotiomycetes* i gromady *Ascomycota*. W obrębie rzędu *Erysiphales* wyróżniono tylko jedną rodzinę *Erysiphaceae*. Analizy molekularne regionu ITS (ang. *Internal Transcribed Spacer*), niekodującej domeny w obrębie genów rybosomalnego DNA, przyczyniły się do rewizji przyjętej wcześniej systematyki. Rodzina *Erysiphaceae* została podzielona na plemiona odzwierciedlające pochodzenie i morfologię gatunków. Mączniak prawdziwy zbóż i traw jest powodowany przez *Blumeria graminis* (D.C.) Golovin ex Speer, jedyny gatunek reprezentujący plemię *Blumerieae*. W obrębie gatunku występują formy specjalne (*formae speciales*) przystosowane do interakcji kompatybilnej z korespondującym gatunkiem gospodarza (Wyand i Brown 2003). Ten podział systematyczny, oparty zarówno o analizy molekularne jak i fenotypowe, został przedstawiony w publikacji Brauna’a (2011) oraz podręczniku Brauna’a i Cook’a (2012), jest tożsamy z systematyką przedstawioną w bazie Species Fungorum (<http://www.speciesfungorum.org/>; 10.2019, Centre for Agriculture and Biosciences International, Wielka Brytania).

*Blumeria graminis* jest obligatoryjnym biotrofem. Propagule grzyba w postaci zarodników konidialnych, przenoszone są przez wiatr (Rysunek 2). Zawartość wody w konidiach wynosi 75%, stąd są zdolne do szybkiego kiełkowania nawet na suchej blaszce liściowej. Już po kilku minutach po osiągnięciu powierzchni liścia gospodarza, konidium wytwarza krotką strzępkę rostkową dedykowaną rozpoznaniu gospodarza. Po kilku godzinach konidium wytwarza drugorzędową strzępkę appresorialną. Strzępka ta wytwarza appresorium, które, poprzez fizyczną presję i chemiczną degradację, forsuje ścianę komórkową epidermy gospodarza.

Następnie, wewnątrz wytwarzane jest haustorium, struktura wyspecjalizowana do wymiany metabolitów pomiędzy patogenem a gospodarzem. Podczas kompatybilnej kolonizacji, wytwarzane są drugorzędowe haustoria oraz wegetatywna strzępka ektomatrykalna. Kilka dni po infekcji, na powierzchni tkanki gospodarza grzybnia

wytwarza konidiofory uwalniające zarodniki konidialne. Objawem makroskopowym choroby jest mączysty, biały, szary do brązowego nalot na powierzchni roślin. Mogą mu towarzyszyć chlorozy, nekrozy oraz wędnięcie i słabsza kondycja roślin. Pełny cykl bezpłciowy trwa siedem do dziesięciu dni i zachodzi w sposób ciągły niemal przez cały rok, powodując wtórne infekcje gospodarza i rozwój choroby.

Pod koniec okresu wegetacyjnego *B. graminis* przechodzi cykl płciowy. Plazmogamia i kariogamia zachodzi pomiędzy kompatybilnymi gametangiami wytworzonymi na strzępkach grzyba. W wyniku mejozy wytworzone zostają zarodniki workowe – askospory. Na ektomatrixalnej grzybni widoczne są czarne punktowe owocniki – klejstotecja, zawierające worki z askosporami. Klejstotecja są formą pozwalającą przetrwać niekorzystne warunki środowiska gorącego późnego lata i zimy. Dojrzałe worki w sprzyjających warunkach uwalniają askospory, które infekują podatnego gospodarza. *B. graminis* może przetrwać zimę w postaci wegetatywnej grzybni oraz klejstotecjów na odmianach ozimych i samosiewach gospodarza.

*Blumeria graminis* zajmuje szóste miejsce w rankingu dziesięciu najważniejszych patogenów grzybowych roślin, opracowanym przez zespół fitopatologów współpracujących z czasopismem *Molecular Plant Pathology*, ze względu na znaczenie ekonomiczne i naukowe (Dean i in. 2012). Według klasyfikacji przyjętej przez McDonald i Linde (2002), *B. graminis* jest patogenem wysokiego ryzyka ze względu na wysoki potencjał do adaptacji i bardzo dużą wielkość populacji. Nowe rasy wykazujące odmienną wirulencję są wytwarzane w cyklu płciowym, a w cyklu bezpłciowym gwałtownie wzrasta udział ras zjadliwych. Przy sprzyjającej pogodzie już po sześciu dniach od inokulacji rozpoczyna się sporulacja. Po dziesięciu dniach nawet 100 000 konidów zostaje uwolnionych z pojedynczego miejsca infekcyjnego. Zarodniki łatwo przenoszą się na sąsiednie rośliny, a także, niesione wiatrem, mogą migrować setki kilometrów (Jørgensen i Wolfe 1994). Dodatkowo wysoki współczynnik mutacji spontanicznych, który jest szacowany na  $1,3E-8$  –  $2,29E-9$  na nukleotyd, na rok (Oberhaensli i in. 2011, Hacquard i in. 2013), przyczynia się do powstawania nowych ras grzyba.

Zsekwencjonowano osiem izolatów *B. graminis*, w tym cztery *B. graminis* f. sp. *hordei* (A6, CC146, DH14, K1) (NCBI, 10.2019). Wielkość genomu grzyba jest szacowana na 120 – 130 Mbp. Jest to nawet trzy do czterech razy więcej niż wielkość genomów innych patogenicznych grzybów

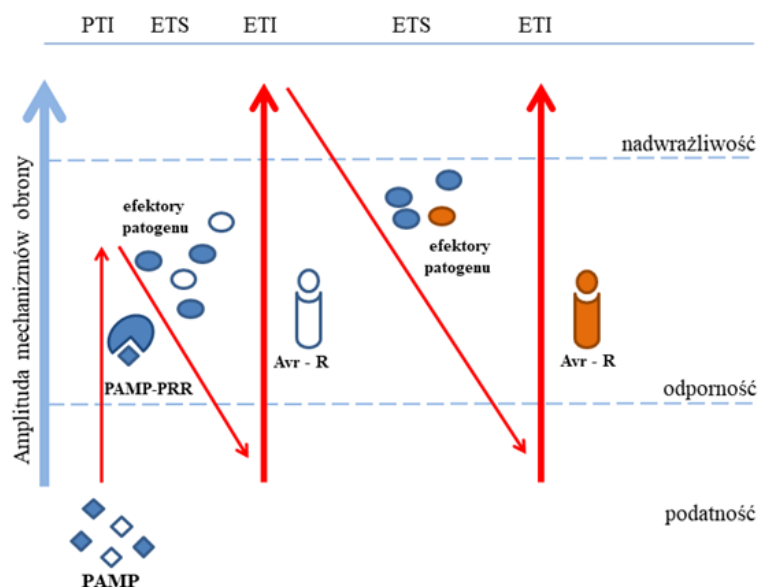
z rodzaju *Ascomycota*, np. genom *Magnaporthe oryzae* ma wielkość 40 Mbp. Wielkość genomu *B. graminis* f. sp. *hordei* wynika z dużej ilości powtórzonych sekwencji DNA oraz obecności elementów transpozonalnych. Te sekwencje obejmują 64% genomu (Spanu i in. 2010). Obecność elementów transpozonalnych prowadzi do dużych rearanżacji genomu i powstawania ras fizjologicznych o różnicowanej wirulencji w stosunku do różnych genotypów gospodarza.

Mimo dużej wielkości genomu, *B. graminis* f. sp. *hordei* ma zredukowaną liczbę genów kodujących enzymy hydrolizujące roślinną ścianę komórkową. Zidentyfikowano dwa geny kodujące hydrolazę celulozy, cztery – hemicelulozy i jeden – pektyn (Spanu i in. 2010). Podobne zawężenie liczby genów kodujących białka z tych rodzin obserwuje się w genomach innych obligatoryjnych biotrofów, np. *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, w przeciwieństwie do biotrofów fakultatywnych, np. powyżej 100 genów kodujących enzymy zaangażowane w degradację ściany komórkowej gospodarza obecnych w genomie *Sclerotinia sclerotiorum* oraz *Colletotrichum higginsianum*. Natomiast w genomie *B. graminis* f. sp. *hordei* jest zidentyfikowanych 248 (Spanu i in. 2010), a według innych źródeł 500 (Panstruga 2012) sekwencji potencjalnie kodujących czynniki wirulencji. Dotychczas zidentyfikowano dwa geny kodujące czynniki efektorowe *AvrK1* i *AvrA10* (Ridout i in. 2006).

### Odporność roślin na patogeny

Rośliny wykształciły zróżnicowane wielopoziomowe mechanizmy obrony przed patogenami (Chen 2013, Zhang i in. 2013). Podstawową klasyczną hipotezą mechanizmu odporności jest gen-na-gen Flor'a (1956), opisującą bezpośrednią interakcję pomiędzy produktem genu odporności gospodarza *R*, a czynnikiem awirulencji patogenu *Avr*. Większość genów *R* jest dominująca oraz warunkuje pełną odporność rasowo specyficzną (Kourelis i van der Hoorn 2018). W toku dalszych prac, hipoteza Flor'a została wpisana w model zig-zag, opracowany przez Jones i Dangl (2006) (Rysunek 3). Model ten obrazuje kolejne etapy infekcji patogenu i reakcji gospodarza. Zgodnie z modelem zig-zag percepcja obecności patogenu i aktywacja mechanizmów obronnych ma miejsce na drodze dwóch mechanizmów. Pierwszy z nich jest zależny od receptorów PRR (ang. *pattern recognition receptors*) rozpoznających PAMP (ang. *pathogen-associated molecular patterns*), np. chitynę (Zipfel 2008, 2009; Schwessinger i Ronald 2012). Rozpoznanie PAMP prowadzi do aktywacji odpowiedzi





Rys. 3. Schemat modelu ziga-zag odporności roślin; na podstawie Jones i Dangl (2006), zmienione. Rozpoznanie PAMP przez receptory PRR powoduje aktywację odporności PTI. Sekrecja efektorów patogenu przelamuje PTI i indukuje podatność ETS. Gdy specyficzny czynnik Avr zostanie rozpoznany przez roślinne białko R, następuje aktywacja odporności ETI, która wyraża się reakcją nadwrażliwości. W wyniku presji selekcyjnej, patogen traci Avr i indukuje podatność ETS. Powstają nowe białka R uczestniczące w ETI.

Fig. 3. The zig-zag model of plant immune system, based on Jones and Dangl (2006), modified. Plants detect PAMP via PRRs to trigger PTI immunity. Pathogens deliver effectors that interfere with PTI, resulting ETS susceptibility. One Avr effector is recognized by an R protein, activating ETI immunity and induction of hypersensitive reaction. Pathogen is selected that have lost Avr and induce ETS susceptibility. New R proteins are developed, resulting in ETI.

obronnej PTI (ang. *PAMP-triggered immunity*). Odporność PTI wyraża się min. indukcją ekspresji genów *PR* (ang. *pathogenesis-related*), apozycją ściany komórkowej, wybuchem tlenowym. Odporność PTI jest potencjalnie trwała. Patogen, który uniknie lub przełamie PTI, rozpoczyna sekrecję czynników wirulencji (efektorów) do komórek gospodarza, które ułatwiają infekcję i powodują podatność ETS (ang. *effector-triggered susceptibility*). Jeżeli specyficzny efektor, czynnik Avr, zostanie rozpoznany przez produkt genu odporności *R*, dochodzi do indukcji mechanizmu obrony ETI (ang. *effector triggered immunity*) (Jones i Dangl 2006). Odporność ETI prowadzi do reakcji nadwrażliwości, czyli śmierci komórki gospodarza i zatrzymania rozwoju patogenu. W wyniku presji selekcyjnej patogen przełamuje odporność gospodarza poprzez utratę czynnika Avr. Pojawianie się nowych wirulentnych ras faworyzuje selekcję nowych białek R wiążących efekторы wytwarzane przez wirulentny izolat. Wiązanie czynników Avr i R może przebiegać bezpośrednio, zgodnie z modelem *gen-nagen*, lub pośrednio poprzez białko-strażnika (ang. *guard*) (Dangl i Jones 2001) lub białko-wabika (ang. *decoy*) (van der Hoorn i Kamoun, 2008). W szczegółowym opracowaniu Kourelis i van der Hoorn (2018) wyróżnili dziewięć mechanizmów działania

białek R.

Interakcja patogenu i gospodarza zależy od trzech składowych: uwarunkowań genetycznych obu organizmów oraz warunków środowiska, w jakich zachodzi interakcja. Rośliny są zróżnicowane pod kątem podatności i odporności, natomiast patogeny są zróżnicowane pod kątem zdolności do infekowania. Wynik interakcji jest pochodną długiej koewolucji obu partnerów: rośliny ewoluują w kierunku rozpoznania patogenu, a patogen – w kierunku unikania lub przełamania mechanizmów obrony gospodarza (Stukenbrock i McDonald 2009). Modele są uproszczonymi koncepcjami złożonej sumy oddziaływań. Rzeczywista reakcja nie przebiega ściśle w obrębie każdego z mechanizmów wpisanych w model ziga-zag, lecz oscyluje płynnie pomiędzy odpowiedzią PTI oraz ETI. Udział ETI w ogólnej odpowiedzi rośliny maleje na rzecz PTI wraz ze wzrostem dystansu filogenetycznego potencjalnego gospodarza od gospodarza wyspecjalizowanego oraz z osłabianiem stopnia specjalizacji patogenu (Schulze-Lefert i Panstruga 2011). Mechanizm i wynik infekcji zależy od spektrum czynników wirulencji patogenu i odporności gospodarza realizujących oba typy odpowiedzi obronnej, a także stopnia specjalizacji patogenu i kompatybilności gospodarza.

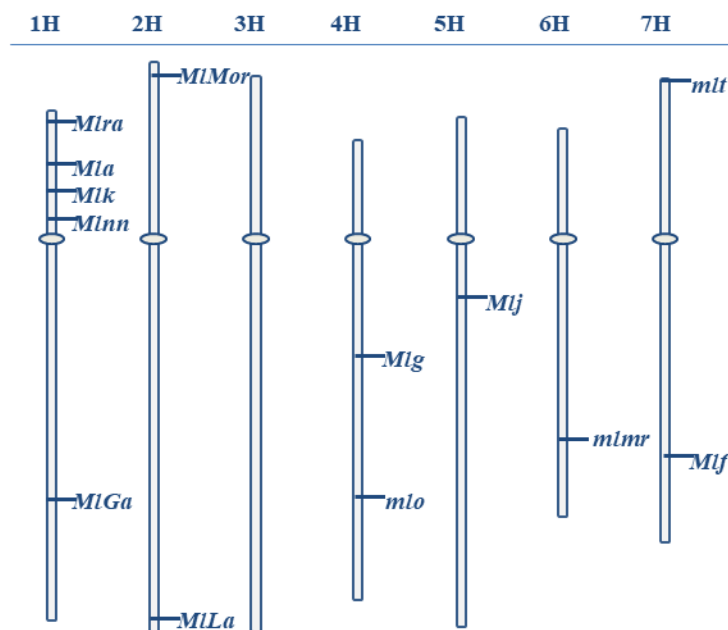
Interakcja pomiędzy jęczmieniem a *B. graminis* f. sp. *hordei* jest jednym z najlepiej poznanych i modelowych układów roślina – patogen (Panstruga i Dodds 2009, Spanu i in. 2010). W czasie infekcji, jęczmień szybko identyfikuje obecność patogenu. Zmiana profili transkryptomu gospodarza następuje już po czterech do sześciu godzinach po inokulacji. Szybka odpowiedź świadczy o odbiorze sygnału PAMP i indukcji PTI. Po przełamaniu tej odpowiedzi patogen wydziela do komórek gospodarza efektor. W genomie *B. graminis* f. sp. *hordei* zidentyfikowano ok. 500 genów kandydatów kodujących potencjalne białka efektorowe (Panstruga 2012). Białka te mogą być wiązane przez szereg białek R jęczmienia uruchamiających odpowiedź ETI.

### Geny odporności jęczmienia na mączniaka prawdziwego

Odporność rasowo specyficzna jęczmienia na mączniaka prawdziwego była badana od lat 30-tych ubiegłego wieku (Jørgensen i Wolfe 1994). Geny jęczmienia niosące odporność na mączniaka są nazywane *Ml-* (*Mildew locus*) (Jørgensen 1987, Franckowiak i Lundqvist 2009). Informacje o genach odporności są publikowane w katalogu genów jęczmienia Barley Genetic Newsletter (<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn>) (Jørgensen 1993). W pracy przeglądowej Jørgensen i Wolfe

(1994) jest wymiennych 28 alleli w locus *Mla*, 16 genów blisko sprzężonych z locus *Mla* oraz 41 innych genów odporności rasowo specyficznej. Jørgensen i Wolfe (1994) opierali się na doniesieniach z lat 70, 60 i 50 ubiegłego wieku i badaniach z zakresu genetyki klasycznej i fitopatologii. Autorzy zestawienia wskazują, że część z wymienionych genów została zidentyfikowana w oparciu o niejednoznaczne wyniki. W niektórych przypadkach odkrywca nie przedstawił żadnych danych, na których oparł swoje doniesienie, np. po ponownym zrewidowaniu danych, geny *mld* oraz *Mlp*, przypisane pierwotnie do chromosomu 1H (5), zostały usunięte z genetycznej mapy jęczmienia (Jensen 1990). W zestawieniu zmapowanych genów odporności jęczmienia, Ordon (2009) przedstawia listę 11 głównych genów odporności na mączniaka prawdziwego.

Na konsensusowej mapie jęczmienia zlokalizowanych jest 11 genów odporności (Rysunek 4). Są to *Mla*, *MlGa*, *Mlk*, *Mlnn* oraz *Mlra* na chromosomie 1H, *MILa* i *MlMor* na chromosomie 2H, *mlo*, *Mlg* na 4H, *Mlj* na 5H, *mlmr* na 6H oraz *mlt* i *Mlf* na 7H (Jørgensen i Wolfe 1994, Schönfeld i in. 1996, Chelkowski i in. 2003, Piechota i in. 2019, 2020). Geny te pochodzą z odmian miejscowych jęczmienia, a także podgatunku ssp. *spontaneum*. Jeden gen, *MILa*, pochodzi z odmiany botanicznej *Leavigatum*. Wszystkie te geny są genami



Rys. 4. Konsensusowa mapa genetyczna jęczmienia (*H. vulgare*) z naniesionymi genami odporności na *B. graminis* f. sp. *hordei*, na podstawie Chelkowski i in. (2003), zmienione.

Fig. 4. The barley (*Hordeum vulgare*) consensus genetic map with resistance genes to *B. graminis* f. sp. *hordei*, based on Chelkowski et al. (2003), modified.

głównymi. Większość z nich, z wyjątkiem *mlf1 mlo*, jest dominująca. Poza *mlo*, geny te noszą odporność rasowo specyficzną. Podłoże molekularne odporności warunkowanej przez te geny odporności jest słabo poznane.

Jednym z poznanych genów odporności jest recesywny allel *mlo* (Jørgensen 1992, Reinstädler i in. 2010). Odporność typu Mlo wyraża się występowaniem pojedynczych, małych kolonii *B. graminis* f. sp. *hordei* na liściu gospodarza. Penetracja patogenu jest zatrzymana dzięki apozycji ścian komórkowych epidermy i wytworzeniu papilli, lokalnych wzmocnień ściany komórkowej od strony błony komórkowej. Odporność Mlo jest odpornością częściową, ponieważ jest różnie wyrażana w różnych typach komórek epidermy. Spontaniczne papille wytwarzane są nawet przy braku patogenu w ścianach komórek krótkich epidermy odpornych na infekcję. Komórki długie pozostają podatne na infekcję. Odporność Mlo jest rasowo niespecyficzna. Nie powoduje też presji na populację *B. graminis* f. sp. *hordei*. Odporność Mlo jest powiązana z negatywnym efektem plejotropowym wyrażanym zwiększoną podatnością na patogeny nekrotroficzne i hemibiotroficzne (Jarosch i in. 1999, Kumar i in. 2001, Brown i Rant 2013) oraz z niższym plonowaniem (Kjær i in. 1990). Po raz pierwszy odporność typu Mlo została zidentyfikowana w odmianie miejscowej pochodzącej z Etiopii (Büschges i in. 1997). Ten naturalny allel został oznaczony jako *mlo11*. Pozostałe warianty, zostały zidentyfikowane w mutantach indukowanych jęczmienia. Gen *Mlo* koduje transbłonowe białko o niewyjaśnionej funkcji. Odporność warunkują mutanty typu utrata funkcji (ang. *loss of function*). Zidentyfikowano miejsca podstawienia aminokwasów w białku MLO warunkujące odporność. Cztery z nich to cysteiny eksponowane na zewnątrz błony komórkowej (Reinstädler i in. 2010, Appiano i in. 2015). Chociaż doniesienia literaturowe wskazują na prawie 50 zidentyfikowanych alleli *mlo*, w bazie UniProt (<https://www.uniprot.org/>, 10.2019) (The UniProt Consortium 2019) jest zdeponowanych 13 wariantów białek MLO jęczmienia, a w bazie InterPro (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>, 10.2019) (Mitchell i in. 2019) – 215 białek podobnych do MLO również zidentyfikowanych w jęczmieniu. Warianty MLO warunkują różny poziom odporności oraz różne nasilenie negatywnego efektu plejotropowego. W odmianach uprawnych stosuje się głównie *mlo11*.

Drugim z poznanych genów odporności na *B. graminis* f. sp. *hordei* jest multialleliczne locus *Mla*. Zidentyfikowano jest ok. 30 wariantów sekwencji

*Mla*. W bazie NCBI (10.2019) jest zdeponowanych 29 sekwencji kodujących. Wciąż są odkrywane nowe warianty (Maekawa i in. 2019). Locus *Mla* ma długość ponad 260 kpz. Zlokalizowane jest na krótkim ramieniu chromosomu 1H na długości ok. 8,5 Mpz. W locus *Mla* zidentyfikowano ok. 30 ramek odczytu, skupionych na trzech wyspach genowych rozdzielonych elementami transpozonalnymi. Osiem genów zidentyfikowanych w tym locus potencjalnie koduje białka CC-NBS-LRR, czyli MLA, należące do trzech rodzin RGH1, RGH2 i RGH3. Znane funkcjonalne allele *Mla* należą do rodziny RGH1 i są homologiem RGH1b-cd, pseudogenu zidentyfikowanego w podatnej odmianie Morex (Brabham i in. 2017). Ekspresja *Mla* jest indukowana obecnością patogenu i zachodzi tylko w interakcji niekompatybilnej (Halterman i in. 2003). Ze względu na dużą złożoność i zmienność, locus *Mla* jest ważnym źródłem odporności w programach hodowlanych.

W niedawno opublikowanej pracy, Hoseinzadeh i współpracownicy (2019) zlokalizowali gen *MLa-H* tożsamy z *MLa* na chromosomie 2HL oraz zidentyfikowali markery flankujące to locus. Autorzy wyselekcjonowali cztery geny kandydatów należące do klasy NBS-LRR. Zidentyfikowali mutację jednego z genów kandydatów, która była skorelowana z odpornością na mączniaka prawdziwego.

Prace związane z poszukiwaniem i identyfikacją genów odporności na mączniaka prawdziwego są wciąż publikowane. Przykładami nowo opisanych genów jest *Ml (Ve)* zidentyfikowany w 2018 roku w odmianie Venezia (Dreiseitl 2018) oraz *Ml (Lu)* zidentyfikowany w 2019 roku w szeregu odmian ozimych jęczmienia (Dreiseitl 2019). Identyfikacja tych genów była oparta tylko na analizie fitopatologicznej. W wymienionych pracach nie wskazano ich lokalizacji w genomie jęczmienia, ani nie przeprowadzono innych analiz genetycznych mających na celu wykazanie ich unikatowości. Wiele z wykorzystywanych w hodowli genów odporności zostało zidentyfikowanych tylko na podstawie profili interakcji z różnicującymi izolatami *B. graminis* f. sp. *hordei*.

Większość współczesnych odmian uprawnych jęczmienia jarego ma odporność typu Mlo (Dreiseitl 2017). W odmianach ozimych stosuje się piramidy genowe genów głównych. Geny odporności wprowadzone do europejskich odmian uprawnych oraz trwałość warunkowanej nimi odporności opisuje Dreiseitl (2014a, 2017). Dreiseitl wymienia 38 różnych genów/alleli występujących w odmianach pochodzących z Europy Centralnej (Dreiseitl

2014a). W odmianach rejestrowanych w latach 2011–2015 najczęściej występował allel *mlo*, w 27 z 67 badanych. W pozostałych odmianach Dreiseitl zidentyfikował piramidy dwu do sześciogenowe, a w trzech odmianach wskazał na obecność nieznanego genu odporności (Dreiseitl 2017). W większości odmian jęczmienia jarego wpisanych na Listę Opisową Odmian Roślin Rolniczych 2019 COBORU został zidentyfikowany allel *mlo* (w 50 z 61 badanych). W 31 badanych odmianach ozimych zostały zidentyfikowane pojedyncze geny główne lub piramidy dwugenowe.

### Zasoby genowe jęczmienia

Współcześnie uprawiane odmiany są wynikiem długotrwałej silnej selekcji hodowlanej. Ciągła selekcja odmian w kierunku polepszenia parametrów cech agronomicznych zawęziła ich pulę genową i doprowadziła do utraty różnorodności (Tanksley i McCouch 1997, Buckler i in. 2001). Proces ten spowodował znaczne zmniejszenie plastyczności odmian w dostosowaniu do stresów biotycznych i abiotycznych, zwłaszcza w obliczu zmian klimatycznych. Rozwiązaniem jest poszerzenie puli genowej w oparciu o odmiany dawne, miejscowe oraz dzikie gatunki pokrewne (McCouch i in. 2013).

Zasoby genowe jęczmienia obejmują odmiany uprawne, odmiany miejscowe, linie hodowlane, dzikie gatunki rodzaju *Hordeum* i materiały zdeponowane w bankach genów. Klasyfikację tych zasobów można przeprowadzić w oparciu o koncepcję pul genowych: pierwszo- drugo- i trzeciorzędowej (Rysunek 5) (von Bothmer i in. 2003b).

Pierwszorzędowa pula genowa jęczmienia obejmuje wszystkie formy jęczmienia uprawnego oraz jego dzikiego przodka *H. vulgare* ssp. *spontaneum*. Transfer materiału genetycznego w obrębie pierwszorzędowej puli zachodzi przez krzyżowanie wymuszone. Nie występują postzygotyczne bariery krzyżowalności. Odmiany miejscowe niosą cechy użyteczne agronomicznie, m.in. wiele niezidentyfikowanych alleli odporności na mączniaka prawdziwego (Czembor 2000a, 2000b, 2002). Dzikie jęczmień jest źródłem odporności o potencjalnej użyteczności hodowlanej (Dreiseitl 2014b).

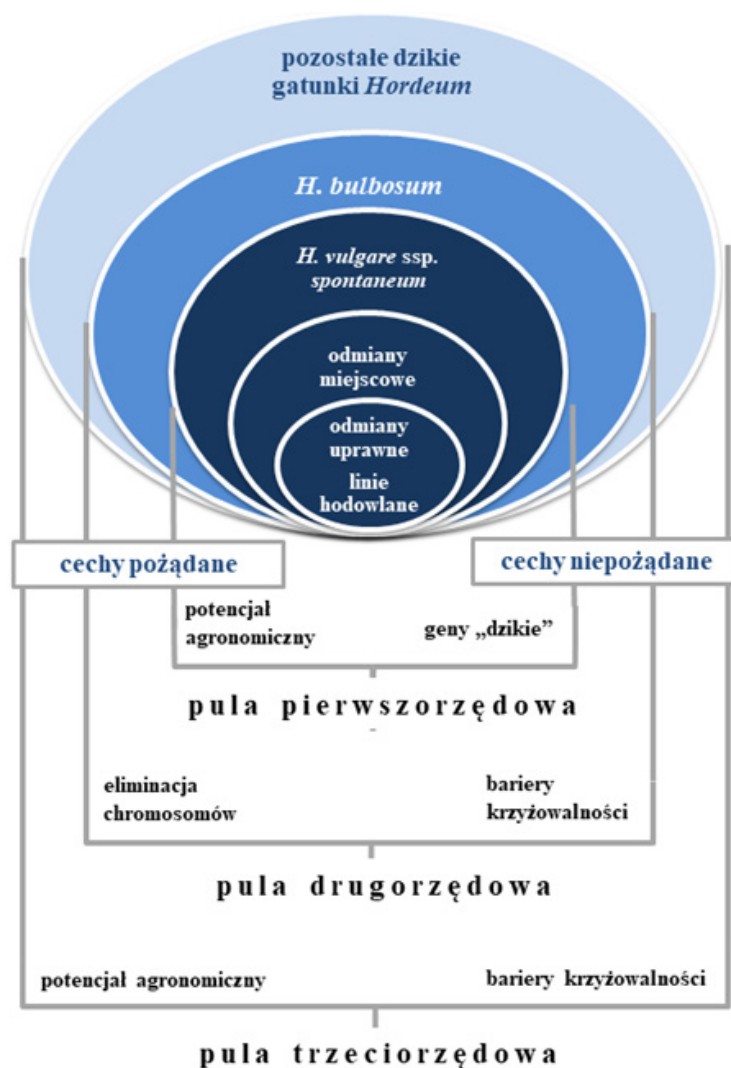
Drugorzędowa pula genowa zawiera tylko jeden gatunek – jęczmień bulwiasty (*H. bulbosum* L.). Krzyżowanie *H. vulgare* z *H. bulbosum* następuje z trudnością. Dochodzi do eliminacji chromosomów *H. bulbosum*. To zjawisko wykorzystano w tzw. metodzie bulbozowej otrzymywania linii podwojonych haploidów jęczmienia.

Wyprowadzone linie jęczmienia z introgresjami *H. bulbosum* są cennym źródłem zmienności jęczmienia uprawnego (Czembor i in. 2019). *H. bulbosum* jest źródłem odporności na *B. graminis* f. sp. *hordei* warunkowanej genem *MIHb* (Pickering i in. 1995).

Trzeciorzędowa pula genowa obejmuje wszystkie pozostałe gatunki rodzaju *Hordeum*. Transfer materiału genetycznego poprzez krzyżowanie jest praktycznie niemożliwy. Potencjał tej puli może być wykorzystany z użyciem technik inżynierii chromosomowej i genetycznej.

W odmianach lokalnych zidentyfikowano geny odporności na mączniaka prawdziwego, np.: *Mlg* zidentyfikowany w niemieckiej odmianie lokalnej Weihenstephan; *Mla3* – w odmianie Ricardo pochodzącej z Urugwaju, *Mla12* w odmianie Arabische (Jørgensen i Wolfe 1994). Odmiany miejscowe pochodzące z rejonów wyodrębnienia i udomowienia jęczmienia uprawnego, tj. Afryki Północnej i Środkowego Wschodu, wykazują dużą zmienność loci odporności. Wynika to z długookresowej koewolucji ze swoistymi patogenami, jak *B. graminis* f. sp. *hordei*. Odmiany te podlegają słabszej presji patogenu, a odporność przez nie niesiona wykazuje relatywnie większą trwałość (Camacho Villa i in. 2005, Morrell i Clegg 2007). Na podstawie analizy afrykańskiej populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* wnioskuje się, że odmiany miejscowe jęczmienia pochodzące z Afryki są wysoce zróżnicowane pod kątem niesionej odporności na mączniaka prawdziwego (Dreiseitl i Kosman 2013, Jensen i in. 2013). Przykładem są badania odmian miejscowych jęczmienia z Jordanu, czy Maroko, które pozwoliły wyselekcjonować odpowiednio 160 i 133 linii odpornych na mączniaka prawdziwego (Czembor 2000a, 2000b, 2002, Abdel-Ghani i in. 2008).

Wśród opisanych zasobów genowych, odmiany miejscowe są najłatwiejsze do bezpośredniego wykorzystania w programach hodowlanych. Odmiany miejscowe są to niejednorodne genetycznie, dynamiczne populacje. Pochodzą z regionów o tradycyjnej kulturze rolnej, gdzie nie ma aktywnych systemowych programów hodowlanych (Camacho Villa i in. 2005). Podlegają naturalnej selekcji bez silnej presji hodowlanej. Zaadoptowane są do lokalnych warunków klimatycznych. Odmiany miejscowe niosą unikalne cechy, które zostały wyparte z odmian elitarnych w procesie selekcji i są uważane za kluczowe dla hodowli odpornościowej oraz przywrócenia i poszerzenia puli genowej form uprawnych (Akem i in. 2000).



Rys. 5. Schemat pul genowych jęczmienia, pierwszo- drugo- i trzeciorzędowej, na podstawie von Bothmer i in. (2003b), zmienione.

Fig 5. The scheme of barley primary, secondary and tertiary gene-pools, based on von Bothmer et al. (2003b), modified.

### Podsumowanie

Cel 2. Agendy 2030 ONZ brzmi: „Wylimować głód, osiągnąć bezpieczeństwo żywnościowe i lepsze odżywianie oraz promować zrównoważone rolnictwo” (<http://www.un.org.pl/>). Dla wzmocnienia bezpieczeństwa żywnościowego i zrównoważonej produkcji kluczowy jest postęp w hodowli roślin. Warunkiem jego jest dostępność bogatej puli genowej, która pozwoliłaby hodowcom na korzystne zestawianie ważnych cech z tłem genetycznym odmian. Wiele pożądanых cech istnieje w odmianach miejscowych i dawnych. Potrzebne są badania w celu odtworzenia takich odmian oraz oceny możliwości ich adaptacji. Współczesna biologia molekularna dysponuje szerokim wachlarzem technik i narzędzi, które razem z dostępną pełną sekwencją referencyjną genomu jęczmienia mogą wydajnie przyczynić się do identyfikacji podłoża

niesionych cech oraz wspomaganie hodowli przy wprowadzeniu ich do odmian elitarnych. Stosowanie odmian odpornych w integrowanej ochronie roślin (ang. *integrated pest management*) jest wpisane w Dyrektywę Parlamentu Europejskiego na rzecz zrównoważonego rozwoju (Dyrektywa 2009/128/WE, 2009).

Publikacja została przygotowana w ramach Programu Wieloletniego na lata 2015–2020 finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Zadanie 2.2 (3–2-00–0-02): „Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia” oraz w oparciu o przegląd literatury rozprawy doktorskiej: U. Piechota pt. „Identyfikacja genów odporności na mączniaka prawdziwego zbóż (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w odmianach miejscowych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) ”.

## Literatura

- Abdel-Ghani, A. H., Al-Ameiri, N. S., Karajeh, M. R. (2008). Resistance of barley landraces and wild barley populations to powdery mildew in Jordan. *Phytopathol Mediterr* 47:92–97.
- Actualitix 2019. <https://en.actualitix.com/>.
- Agenda ONZ na Rzecz Zrównoważonego Rozwoju 2030. <http://www.un.org/pl/>.
- Agrometeorological Centre of Excellence, Kanada. <http://www.gov.mb.ca/agriculture/climate>.
- Akem, C., Ceccarelli, S., Erskine, W., Lenne, J. (2000). Using genetic diversity for disease resistance in agricultural production. *Outlook on Agric* 29:25–30.
- Aken, B. L., Achuthan, P., Akanni, W., Amode, M. R., Bernsdorff, F., Bhai, J. i in. (2017). Ensembl 2017. *Nucleic Acids Res*, 45 (D1): D635–D642.
- Appiano, M., Catalano, D., Martínez, M. S., Lotti, C., Zheng, Z., Visser, R. G. F., Ricciardi, L., Bai Y., Pavan, S. (2015). Monocot and dicot MLO powdery mildew susceptibility factors are functionally conserved in spite of the evolution of class-specific molecular features. *BMC Plant Biology* 15:257.
- Brabham, H. J., Hernández-Pinzón, I., Holden, S., Lorang, J., Moscou, M. J. (2017). An ancient integration in a plant NLR is maintained as a trans-species polymorphism. SSRN: doi: <http://dx.doi.org/10.1101/239541>.
- Braun, U. (2011). The current systematics and taxonomy of the powdery mildews (*Erysiphales*): an overview. *Mycoscience* 52:210–212.
- Braun, U., Cook, R. T. A. (2012). Taxonomic manual of the *Erysiphales* (powdery mildews). CBS Biodiversity Series 11:1–707.
- Brown, J. K. M., Rant, J. C. (2013). Fitness costs and trade-offs of disease resistance and their consequences for breeding arable crops. *Plant Pathol* 62:83–95.
- Buckler, E. S., Thornsberry, J. M., Kresovich, S. (2001). Molecular diversity, structure and domestication of grasses. *Genet. Res.* 77:213–218.
- Büschges, R., Hollricher, K., Pastrunga, R., Simons, G., Wolter, M. i in. (1997). The barley *Mlo* gene: a novel control element of plant pathogen resistance. *Cell* 88:695–705.
- Camacho Villa, T. C., Maxted, N., Scholten, M. A., Ford-Lloyd, B. V. (2005). Defining and identifying crop landraces. *Plant Genet Resour* 3 (3): 373–384.
- Chelkowski, J., Tyrka, M., Sobkiewicz, A. (2003). Resistance genes in barley (*Hordeum vulgare* L.) and their identification with molecular markers. *J Appl Genet* 44 (3): 291–309.
- Chen, X. (2013). Review Article: High-Temperature Adult-Plant Resistance, Key for Sustainable Control of Stripe Rust. *American Journal of Plant Sciences* 04: 608–627.
- Collins, H. M., Burton, R. A., Topping, D. L., Liao, M. L., Bacic, A., Fincher, G. B. (2010). Variability in fine structures of noncellulosic cell wall polysaccharides from cereal grains: potential importance in human health and nutrition. *Cereal Chemistry* 87:272–282.
- Czembor, J. H. (2000a). Resistance to powdery mildew in barley landraces from Morocco. *J Plant Pathol* 82 (3): 187–200.
- Czembor, J. H. (2000b.) Resistance to powdery mildew in populations of barley from Morocco. *Genet Resour Crop Evol* 47:439–449.
- Czembor, J. H. (2002). Resistance to powdery mildew in selections from Moroccan barley landraces. *Euphytica* 125:397–409.
- Czembor, J. H., Pietrusińska, A., Piechota, U., Mańkowski, D. (2019). Resistance to powdery mildew in barley recombinant lines derived from crosses between *Hordeum vulgare* and *Hordeum bulbosum*. *Cereal Res Commun* 47 (3): 463–472.
- Dangl, J. L., Jones, J. D. G. (2001). Plant pathogens and integrated defence responses to infection. *Nature* 411:826–833.
- Dean, R., Van Kan, J. A., Pretorius, Z. A., Hammond-Kosack, K. E., Di Pietro, A., Spanu, P. D., Rudd, J. J., Dickman, M., Kahmann, R., Ellis, J., Foster, G. D. (2012). The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Mol Plant Pathol* 13:414–430.
- Dreiseitl, A. (2014a). Pathogenic divergence of Central European and Australian populations of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. *Ann Appl Biol* 165:364–372.
- Dreiseitl, A. (2014b). The *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* – *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* pathosystem: its position in resistance research and breeding applications. *Eur J Plant Pathol* 138:561–568.
- Dreiseitl, A. (2017). Genes for resistance to powdery mildew in European barley cultivars registered in the Czech Republic from 2011 to 2015. *Plant Breeding* 136:351–356.
- Dreiseitl, A. (2018). Resistance of barley variety ‘Venezia’ and its reflection in the *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* population. *Euphytica* 214:40.
- Dreiseitl, A. (2019). A novel resistance against powdery mildew found in winter barley cultivars. *Plant Breed* 00:1–6.
- Dreiseitl, A., Kosman, E. (2013). Virulence phenotypes of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in South Africa. *Eur J Plant Pathol* 136:113–121.
- Dyrektywa 2009/128/WE (2009). Dyrektywa Parlamentu Europejskiego na rzecz zrównoważonego rozwoju. Załącznik III Ogólne zasady integrowanej ochrony roślin. [EnsemblPlants. https://plants.ensembl.org/](https://plants.ensembl.org/).
- FAOSTAT (2018). Statistical Division of the UN Food and Agriculture Organization. <http://www.fao.org/faostat>.
- Flor, H. H. (1956). The complementary genic system in flax and flax rust. *Adv Genet* 8:29–54.
- Franckowiak, J. D., Lundqvist, U. (2009). Rules for nomenclature and gene symbolization in barley. *Barley Genetics Newsletter* 40:178–182.
- Giraldo, P., Benavente, E., Manzano-Agugliaro, F., Gimenez, E. (2019). Worldwide research trends on wheat and barley: A bibliometric comparative analysis. *Agronomy* 9:352.

- GrainGenes Journal Report: Barley Genetic Newsletter <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn/>.
- GUS (2019): Główny Urząd Statystyczny. <https://stat.gov.pl/>.
- Hacquard, S., Kracher, B., Maekawa, T., Vernaldi, S., Schulze-Lefert, P., Ver Loren van Themaat, E. (2013). Mosaic genome structure of the barley powdery mildew pathogen and conservation of transcriptional programs in divergent hosts. *Proc Natl Acad Sci USA* 110 (24): E2219-E2228.
- Halterman, D. A., Wei, F., Wise, R. P. (2003). Powdery mildew-induced Mla mRNAs are alternatively spliced and contain multiple upstream open reading frames. *Plant Physiol* 131.
- Hanelt, P., Kilian, R., Kilian, W. (2001). *Mansfeld's encyclopedia of agricultural and horticultural crops (except ornamentals)*. Berlin: Springer.
- 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.
- InterPro. <https://www.ebi.ac.uk/interpro/>.
- Jarosch, B., Kogel, K. H., Schaffrath, U. (1999). The ambivalence of the barley *Mlo* locus: mutation conferring resistance against powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) enhance susceptibility to the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. *Mol Plant Microbe Interact* 12:508–514.
- Jensen, H. R., Dreiseitl, A., Sadiki, M., Schoen, D. J. (2013). High diversity, low spatial structure and rapid pathotype evolution in Moroccan populations of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. *Eur J Plant Pathol* 136:323–336.
- Jensen, J. (1990). Are powdery mildew resistance loci *Mlp* and *mld* on barley chromosome 5? *Barley Genetics Newsletter* 19:27–31.
- Jones, J. D. G., Dangl, J. L. (2006). The plant immune system. *Nature* 444:16.
- Jørgensen, J. H. (1987). Specific recommendation B. Designations of barley powdery mildew resistance and virulence in Europe. In: Wolfe, M. S., Limpert, E. (ed) *Integrated control of cereal mildews: monitoring the pathogen*. Advances in agricultural biotechnology. Proceedings of seminar in the community programme of coordinated research of energy in agriculture, Freising-Weihenstephan, Federal Republic of Germany, 4–6 November 1986, pp 1–4.
- Jørgensen, J. H. (1992). Discovery, characterization and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. *Euphytica* 63:141–152.
- Jørgensen, J. H. (1993). Coordinator's report: Disease and pest resistant genes. *Barley Genetics Newsletter* 22:110–134.
- Jørgensen, J. H., Wolfe, M. (1994). Genetics of powdery mildew resistance in barley. *Crit Rev Plant Sci* 13 (1): 97–119.
- Kjær, B., Jensen, H. P., Jensen, J., Jørgensen, J. H. (1990). Associations between three *ml-o* powdery mildew resistance genes and agronomic traits in barley. *Euphytica* 46:185–193.
- Komatsuda, T. (2014). Domestication. W: Kümlehn, J., Stein, N. (Ed) *Biotechnological approaches to barley improvement*. pp 37–54. Springer-Verlag, Niemcy.
- 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.
- Kumar, J., Hückelhoven, R., Beckhove, U., Nagarajan, S., Kogel, K. H. (2001). A compromised Mlo pathway affects the response of barley to the necrotrophic fungus *Bipolaris sorokiniana* (telomorph: *Cochliobolus sativus*) and its toxins. *Phytopathol* 91:127–133.
- Lista Opisowa Odmian Roślin Rolniczych (2019). COBOR. U., Słupia Wielka.
- Lucas, J. A., Hawkins, N. J., Fraaije, B. A. (2015). The evolution of fungicide resistance. *Adv Appl Microbiol* 90:29–92.
- Maekawa, T., Kracher, B., Saur, I. M. L., Yoshikawa-Maekawa, M., Kellner, R., Pankin, A., von Korff, M., Schulze-Lefert, P. (2019). Subfamily-specific specialization of RGH1/MLA immune receptors in wild barley. *MPMI* 32 (1): 107–119.
- McCouch, S., Baute, G. J., Bradeen, J., Bramel, P., Bretting, P. K., Buckler, E. i in. (2013). Agriculture: feeding the future. *Nature* 499:499023a.
- McDonald, B. A., Linde, C. (2002). Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. *Annu Rev Phytopathol* 40:349–379.
- Międzynarodowa Rada Zbożowa (*International Grain Council*) Wielka Brytania. [https://www.igc.int/en/gmr\\_summary.aspx](https://www.igc.int/en/gmr_summary.aspx).
- Mitchell, A. L., Attwood, T. K., Babbitt, P. C., Blum, M., Bork, P., et al. (2019). InterPro in 2019: improving coverage, classification and access to protein sequence annotations. *Nucleic Acids Res* 47 (D1): D351–D360.
- Morrell, P. L., Clegg, M. T., (2007). Genetic evidence for a second domestication of barley (*Hordeum vulgare*) east of the Fertile Crescent. *Proc Natl Acad Sci USA* 104:3289–3294.
- NCBI. National Center for Biotechnology Information, USA. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.
- Oberhaensli, S., Parlange, F., Buchmann, J. P., Jenny, F. H., Abbott, J. C., Burgis, T. A., Spanu, P. D., Keller, B., Wicker, T. (2011). Comparative sequence analysis of wheat and barley powdery mildew fungi reveals gene colinearity, dates divergence and indicates host-pathogen co-evolution. *Fungal Genet Biol* 48 (3): 327–334.
- OECD (2004). Consensus document on compositional considerations for new varieties of barley (*Hordeum vulgare* L.): Key food and feed nutrients and anti-nutrients. OECD. Raport nr 2.

- Ordon, F. (2009). Coordinator's Report: Disease and Pest resistance genes. W: Lundqvist U (Ed.) Reports of the Coordinators. Overall coordinator's report. Barley Genetics Newsletter 39:24–76, pp 58–69.
- Panstruga P. D. S. R. (2012). Powdery mildew genomes in the crosshairs. *New Phytologist* 195:20–22.
- Panstruga, R., Dodds, P. N. (2009). Terrific protein traffic: The mystery of effector protein delivery by filamentous plant pathogens. *Science* 324:748–750.
- Pickering, R. A., Hill, A. M., Michel, M., Timmerman-Vaughan, G. M. (1995). The transfer of a powdery mildew resistance gene from *Hordeum bulbosum* L. to barley (*H. vulgare* L.) chromosome 2 (2L). *Theor Appl Genet* 91:1288–1292.
- Piechota, U., Czembor, P., Słowacki, P., Czembor, J. H. (2019). Identifying a novel powdery mildew resistance gene in a barley landrace from Morocco. *J Appl Genetics* 60 (3–4): 243–254.
- Piechota, U., Słowacki, P., Czembor, P. (2020). Identification of a novel recessive gene for resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in barley (*Hordeum vulgare*). *Plant Breed.* <https://doi.org/10.1111/PBR.12819>
- Purugganan, M. D., Fuller, D. Q. (2009). The nature of selection during plant domestication. *Nature* 457. <https://doi.org/10.1038/nature07895>
- Raport z konsultacji publicznych Strategii Zrównoważonego Rozwoju Wsi, Rolnictwa i Rybactwa 2030, 2019 Warszawa, 2 sierpnia 2019r. [www.gov.pl](http://www.gov.pl).
- Reinstädler Müller, J., Czembor, J. H., Piffanelli, P., Panstruga, R. (2010). Novel induced mlo mutant alleles in combination with site-directed mutagenesis reveal functionally important domains in the heptahelical barley Mlo protein. *BMC Plant Biology* 10:31.
- Ridout, C. J., Skamnioti, P., Porritt, O., Sacristan, S., Jones, J. D. G., Brown, J. M. K. (2006). Multiple avirulence paralogous in cereal powdery mildew fungi may contribute to parasite fitness and defeat of plant resistance. *Plant Cell* 18. 2402–2414.
- Riehl, S. (2019). Barley in archaeology and early history. W: Oxford research encyclopedia, Environmental science ([oxfordre.com/environmentalscience](http://oxfordre.com/environmentalscience)). Oxford University Press, USA.
- Salamini, F., Ozkan, H., Brandolini, A., Schäfer-Pregl, R., Martin, W. (2002). Genetics and geography of wild cereal domestication in the near east. *Nature Reviews Genetics* 3:429–441.
- Savary, S., Ficke, A., Aubertot, J. N., Hollier, C. (2012). Crop losses due to diseases and their implications for global food production losses and food security. *Food Sec* 4:519–537.
- Schönfeld, M., Ragni, A., Fischbeck, G., Jahoor, A. (1996). RFLP mapping of three new resistance loci for resistance genes to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) in barley. *Theor Appl Genet* 93:48–56.
- Schulze-Lefert, P., Panstruga, R. (2011). A molecular evolutionary concept connecting nonhost resistance, pathogen host range, and pathogen speciation. *Trends Plant Sci* 16 (3): 117–125.
- Schwessinger, B., Ronald, P. C. (2012). Plant innate immunity: perception of conserved microbial signatures. *Annual Review of Plant Biology* 63 (63)451–482.
- Singh, B., Mehta, S., Aggarwal, S. K., Tiwari, M., Bhuyan, S. I., Bhatia, S., Islam, M. A. (2019). Barley, disease resistance and molecular breeding approaches. W: Wani, S. H.(Ed) Disease resistance in crop plants. Springer Nature, Switzerland. pp. 261–299.
- Spanu, P. D., Abbott, J. C., Amselem, J., Burgis, T. A., Soanes, D. M., Stüber, K. i in. (2010). Genome expansion and gene loss in powdery mildew fungi reveal trade-offs in extreme parasitism. *Science* 330:1543–1546.
- Species Fungorum, Centre for Agriculture and Biosciences International, Wielka Brytania. <http://www.speciesfungorum.org/>.
- Stukenbrock, E. H., McDonald, B. A. (2009). Population genetics of fungal and oomycete effectors involved in gene-for-gene interactions. *MPMI* 22 (4).
- Tanksley, S. D., McCouch, S. R. (1997). Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science* 277 (5329): 1063–1066.
- The Angiosperm Phylogeny Group (2016). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society* 181 (1) 1–20.
- The International Barley Genome Sequencing Consortium (2012). A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. *Nature* 491:711.
- The UniProt Consortium (2019). UniProt: a worldwide hub of protein knowledge. *Nucleic Acids Research* 47 (D1): D506–D515.
- Tratwal, A., Weber, A. (2006). Virulence frequency of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* and the occurrence of powdery mildew on four winter barley cultivars. *J Plant Prot Res* 46 (3): 221–230.
- van der Hoorn, R. A. L., Kamoun, S. (2008). From guard to decoy: A new model for perception of plant pathogen effectors. *Plant Cell* 20 (8): 2009–2017.
- von Bothmer, R., Sato, K., Knüpffer, H., Hintum, T. (2003a). Barley diversity – an introduction. W: von Bothmer, R., Hintum, T., Knüpffer, H., Sato, K. (Ed) Diversity in barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier Science, B.V., Netherlandy. pp. 3–8.
- von Bothmer, R., Sato, K., Komatsuda, T., Yasuda, S., Fischbeck, G. (2003b). The domestication of cultivated barley. W: von Bothmer, R., van Hintum, T., Knuüpffer, H., Sato, K. (Ed) Diversity in barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier Science, B.V., Niderlandy. pp. 3–27.



- Walters, D. R., Avrova, A., Bingham, I. J., Burnett, F. J., Fountaine, J., Havis, N. D., Hoad, S. P., Hughes G, Looseley M, Oxley S. J. P., Renwick A, Topp C. F. E., Newton, A. C. (2012). Control of foliar diseases in barley: towards an integrated approach. *Eur J Plant Pathol* 133 (1) 33–73.
- Wspólna Polityka Rolna Unii Europejskiej na lata 2021–2027. [https://europa.eu/rapid/press-release\\_MEMO-18-3974\\_en.htm](https://europa.eu/rapid/press-release_MEMO-18-3974_en.htm).
- Wyand, R. A., Brown, J. K. M. (2003). Genetic and *forma specialis* diversity in *Blumeria graminis* of cereals and its implications for host-pathogen co-evolution. *Mol Plant Pathol* 4 (3): 187–198.
- Zhang, Y., Lubberstedt, T., Xu, M. (2013). The genetic and molecular basis of plant resistance to pathogens. *J Genet Genomics* 40:23–35.
- Zipfel, C. (2008). Pattern-recognition receptors in plant innate immunity. *Curr Opin Immunol* 20:10–16.
- Zipfel, C. (2009). Early molecular events in PAMP-triggered immunity. *Curr Opin Plant Biol* 12:414–420.

# SPIS TREŚCI

## CONTENTS

Grzegorz Żurek, Marcin Martyniak	3
Potencjał produkcji biogazu wybranych traw wieloletnich z rodzaju stokłosa The biogas potential of selected perennial grasses from genus bromus	
Cezary Trawczyński	11
Wpływ biostymulatorów na plon i jakość bulw ziemniaka uprawianego w warunkach suszy i wysokiej temperatury The effect of biostimulators on the yield and quality of potato tubers grown in drought and high temperature conditions	
Piotr Goliński, Barbara Golińska	21
Analiza stanu nasiennictwa wybranych gatunków traw i bobowatych drobnonasiennych w Polsce na tle rynku europejskiego Analysis of the seed production status of selected species of grasses and legumes in Poland on the background of the European market	
Sławomir Bartosiak	31
Automation of septoria disease severity assessment using digital image analysis in Python programming language Automatyzacja oceny nasilenia objawów chorobowych septorioz zbóż z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu w języku programowania Python	
Danuta Boros, Magdalena Wiśniewska, Marlena Gzowska, Józef Zych, Edward Gacek	37
Poprawa wartości pokarmowej ziarna pszenicy jarej poprzez siewy mieszanin odmianowych Improvement of the spring wheat nutritional value by sowing variety mixtures	
Magdalena Wiśniewska, Danuta Boros, Józef Zych	51
Wartość pokarmowa wybranych mieszanek zbóż jarych z roślinami bobowatymi grubonasiennymi Nutritional value of selected mixtures of spring cereals with legumes	
Urszula Piechota, Paweł Czembor	63
Jęczmień i <i>Blumeria graminis</i> . Wprowadzenie do charakterystyki układu gospodarz – patogen Barley and <i>Blumeria graminis</i> . Introduction to the host – pathogen interaction	