



Owoce *Actinidia arguta* odmiany Weiki

Fot. Monika Janaszek-Mańkowska

BIULETYN  
INSTYTUTU HODOWLI  
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
Nr 301 / 2024



Owoce *Actinidia arguta* odmiany Weiki  
*Fot. Monika Janaszek-Mańkowska*

RADZIKÓW 2024  
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN  
— PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY  
RADZIKÓW, 05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

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

Komitet Redakcyjny:  
Editorial Team:

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

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

# Fenotypowanie zagęszczenia ładu pszenżyta ozimego w warunkach polowych przy użyciu kamery RGB

Phenotyping of winter triticale canopy density in field conditions using an RGB camera

Originalny  
Artykuł  
Naukowy

Original  
Research  
Paper

Piotr Stefański<sup>1</sup>, Krystyna Rybka<sup>2</sup>  , Przemysław Matysik<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Hodowla Roślin Strzelce Grupa IHAR Sp. z o.o., ul. Główna 20, 99-307 Strzelce

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, 05-870 Radzików

 k.rybka@ihar.edu.pl

Pszenżyto (*× Triticosecale* Wittmack) jest heksaploidalnym gatunkiem powstałym w wyniku krzyżowania oddalonego pszenicy i żyta. Charakteryzuje się dużą zdolnością przystosowawczą do niekorzystnych warunków środowiskowych co jest istotną cechą w zmieniającym się klimacie. W tej pracy przedstawiamy wyniki automatycznego fenotypowania zagęszczenia ładu, czynnika plonotwórczego, jesienią oraz wiosną (fazy BBCH 22-29) dla dwunastu komercyjnych odmian pszenżyta ozimego z doświadczeń PDO (Porejestrówce Doświadczenie Odmianowe), COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych). Fenotypowano dwa powtórzenia polowe, uprawiane na dwóch poziomach agrotechniki (A1, A2), wykorzystując platformę HTPP (High Throughput Plant Phenotyping), PlantScreen (PSI, Drasov, Czechy), wyposażoną w wysokorozdzielczą kamerę RGB. Uzyskane zdjęcia przetworzono przy użyciu oprogramowania MorphoAnalyser dedykowanego do przetwarzania zarejestrowanych obrazów i będącego wyposażeniem platformy. Wyniki oraz plon poddano analizie statystycznej przy użyciu oprogramowania Doriane, statystycznego pakietu dla hodowli roślin. Ponieważ stwierdzono, że różnice pomiędzy wynikami uzyskanymi w warunkach A1 i A2 nie są istotne statystycznie, dane uśredniono i wyliczono korelacje zagęszczenia ładu jesienią i wiosną z plonem. W obu sezonach współczynniki korelacji miały wysoką, dodatnią wartość; wyniosły 0,79.

**Słowa kluczowe:** hodowla roślin, obrazowanie terenowe, potencjał plonowania wysokoprzepustowe fenotypowanie, *Triticosecale*

Triticale (*× Triticosecale* Wittmack) is a hexaploid species obtained by crossbreeding of wheat and rye. It is characterized by high adaptability to unfavorable environmental conditions, an essential feature in a changing climate. In this work, we present the results of automatic phenotyping of canopy density, a yield-forming factor, in autumn and spring (BBCH phases 22-29) for twelve commercial cultivars of winter triticale from the PDO trials (post-registration variety testing), COBORU (Research Centre for Cultivar Testing) experiments. Two field replicates, grown at two agrotechnical levels (A1, A2), were phenotyped using the HTPP (High Throughput Plant Phenotyping) platform, PlantScreen (PSI, Drasov, Czech Republic), equipped with a high-resolution RGB camera. The obtained photos were processed using MorphoAnalyser software, which is dedicated to processing recorded images and is included in the platform. The obtained results (green color pixels in the photo) and the yield were subjected to statistical analysis using Doriane software, a statistical package for plant breeding. Since the differences between the results obtained at A1 and A2 levels were not statistically significant, the data were averaged, and Pearson's correlations of canopy density in autumn and spring with yield were calculated. In both seasons, the correlation coefficients had high, positive values; were amounted to 0.79.

**Keywords:** field imaging, high throughput phenotyping, plant breeding, *Triticosecale*, yield potential

## Wstęp

Rosnące zapotrzebowanie na żywność, pasze i produkty roślinne jako surowce dla przemysłu oraz energetyki odnawialnej a także uwarunkowania ekonomiczne z jednej strony a z drugiej, ograniczenia wynikające z konieczności wdrażania europejskich przepisów ochrony środowiska, stawiają przed hodowlą roślin uprawnych konieczność ciągłego podnoszenia produktywności odmian wprowadzanych na rynek przy jednoczesnym obniżaniu kosztów ich uprawy. Kosztów, rozumianych nie tylko w aspekcie nakładów finansowych, lecz również w aspekcie minimalizacji wpływu upraw rolniczych na agroekosystemy poprzez zmniejszenie zużycia wody (wykorzystywanej do nawadniania oraz dostępnej

naturalnie), nawozów czy środków ochrony roślin, zgodnie z inicjatywą Europejski Zielony Ład oraz Strategią od Pola do Stołu (European Commission, 2020). W tych warunkach postęp hodowlany wymaga wytwarzania nowych odmian odpornych na choroby i szkodniki oraz stresy abiotyczne. Powinno to przyczyniać się do minimalizacji zużycia środków chemicznych a przez to ich wpływu na środowisko. Ważny jest także aspekt zużycia i zanieczyszczenia wody (Rybka i Nita, 2014).

Zrozumienie złożonych procesów rozwoju roślin opiera się na zrozumieniu interakcji między informacją genetyczną, a środowiskiem oraz tym, w jaki sposób warunki zewnętrzne wpływają na fenotyp rośliny i w rezultacie na rolniczo pożądane cechy (Pieruschka i Lawson, 2015). Do rozwiązania tego zagadnienia potrzebna jest wiedza do-

tycząca zależności między genotypem a fenotypem, i jest to obecnie wielkie wyzwanie dla wszystkich dziedzin nauk przyrodniczych (Großkinsky i in., 2015). Po stronie praktyków, hodowców, pozostają oczekiwania na rozwój bioinformatyki i biologii systemów, które umożliwią skonstruowanie wirtualnego modelu rośliny, pozwalającego na analizę procesów biochemicznych oraz zmiany ekspresji genów *in silico* na każdym etapie wzrostu, z przełożeniem na praktyczne wykorzystanie tej wiedzy (Daloso i Williams, 2021, Long i in., 2008, Ndour i in., 2017). Obecnie japoński model KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) jest jednym z takich modeli, który pozwala na zrozumienie nieoczywistych zależności na poziomie komórkowym i całego organizmu. Jednakże transfer tej wiedzy do praktyki nie jest jeszcze osiągalny (Kanehisa Laboratories, 2024). Pozyskiwanie informacji genetycznej w postaci sekwencjonowania i mikromacierzy osiągnęło wysoki poziom (Sun i in., 2020). Interpretacja tych danych w oparciu o tworzone obecnie pangenomy jest obiecującą perspektywą (Hurgobin i Edwards, 2017, Zhang i in., 2023). Tak zbierane dane wymagają uzupełnienia o precyzyjne dane fenotypowe.

Fenotypowanie roślin polega na wizualnej ocenie roślin w zdefiniowanym okresie wegetacyjnym i ciągle jeszcze jest najczęściej realizowane przez poszczególnych hodowców w trakcie obserwacji polowych. Nie trzeba przypominać, że ludzkie oko bywa zawodne, w szczególności po wielogodzinnej pracy w ekstremalnych warunkach pogodowych. Dlatego też obserwacje za pomocą odpowiednich kamer są w stanie uniezależnić jakość zbieranych danych od błędu obserwatora, co jest ich ważną cechą. Ułatwiłoby to porównywanie wyników zebranych w różnych lokalizacjach tj. w różnych warunkach środowiskowych i pogodowych, przez różnych ludzi. Dlatego ważną gałęzią nowoczesnej hodowli jest rozwój zautomatyzowanej oceny fenotypowej zarówno na polu jak i w szklarni. Tak zebrane dane są digitalizowane i pozostają zawsze do wglądu. Badania z wykorzystaniem wysokoprzepustowego fenotypowania roślin (HTPP, z ang.: High Throughput Plant Phenotyping) rozwijają się lawinowo a liczba publikacji z tym związanych wyniosła ok. 2 tysięcy w roku 2020 (Ninomiya, 2022). W ostatniej dekadzie powstały silne ośrodki badawcze m. in. w Australii: Australian Plant Phenomics Facility (<https://www.plantphenomics.org.au>), w Niemczech w Jülich: Plant Phenotyping Center ([https://www.fzjuelich.de/ibg/ibg-2/EN/Research/Research\\_Groups/JPPC/JPPC\\_node.html](https://www.fzjuelich.de/ibg/ibg-2/EN/Research/Research_Groups/JPPC/JPPC_node.html)) oraz w Gatersleben: Automated Plant Phenotyping (<https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping>), w Wielkiej Brytanii: National Plant Phenomics Center ([\[phenomics.ac.uk\]\(https://www.plantphenomics.ac.uk\)\), w Kanadzie: Plant Phenotyping and Imaging Research Center \(<https://p2irc.usask.ca>\) czy Plant Phenomics Center w Chinach \(<http://pprcen.njau.edu.cn>\). Utworzono także platformę międzynarodowej współpracy badawczej i tworzenia sieci kontaktów, International Plant Phenotyping Network \(IPPN\) \(<https://www.plant-phenotyping.org>\) \(Rybka, 2018, Rybka, 2023\). HTPP w warunkach polowych jest znacznie trudniejsze do realizacji ze względu na zmienne warunki środowiskowe: światło i zacienienie, wiatr poruszający roślinami, łan a nie pojedyncze rośliny. Postęp w rozwoju technologii i technik obliczeniowych wpływa na rozwój szybkich, wydajnych, nieniszczących, nieinwazyjnych, ilościowych, powtarzalnych i obiektywnych metod fenotypowania również w warunkach polowych. W związku z tym pojawia się możliwość oceny zupełnie nowych cech, takich jak np. dynamika wzrostu roślin każdego genotypu, w przypadku regularnego fenotypowania materiałów hodowlanych w sezonie wegetacyjnym \(Ninomiya, 2022\).](https://www.plant-</a></p></div><div data-bbox=)

Jednakże, pomimo dynamicznego rozwoju HTPP, metoda jest w dominującej większości wykorzystywana w ośrodkach uniwersyteckich i w instytutach badawczych, rzadko w rutynowych procesach hodowlanych. Ciągłe brak jest standardowych metod przetwarzania danych generowanych przez HTPP i ich integrowania z klasycznie zbieranymi danymi ksiąg polowych w jednym zbiorze, tak, by *de facto* wieloetapowe procesy przetwarzania danych hodowca mógł zamknąć w jednym kroku („kliknięciu”) bez konieczności udziału specjalisty z zakresu przetwarzania danych (Ninomiya, 2022).

W tym artykule prezentujemy wyniki fenotypowania zagęszczenia łanu na podstawie zdjęć RGB zarejestrowanych w spółce Hodowla Roślin Strzelce, przy użyciu platformy HTPP, PlantScreen System (PSI, Drasov, Czechy). Na zarejestrowanych zdjęciach zidentyfikowano rośliny na podstawie indeksu kolorów RGB przy użyciu dedykowanego, intuicyjnego, oprogramowania MorphoAnalyser (PSI, Drasov, Czechy). Hodowcy oczekują, że automatyzacja fenotypowania zagęszczenia łanu pozwoli na obiektywizację oceny oraz, że włączenie jej do kryteriów selekcyjnych może przyspieszyć proces wytwarzania nowych, wysokoplonujących odmian (Mir i in. 2019). Spośród trzech głównych składników plonu ziarna, masa tysiąca ziaren jest monitorowana w praktyce hodowlanej rutynowo ze względu na łatwość i szybkość pomiaru oraz dobrą korelację z plonem (Matysik i in., 2007). Zagęszczenie łanu, a tym bardziej liczba kłosów na poletku, to rzadko wykorzystywane parametry.

## Materialy i metody

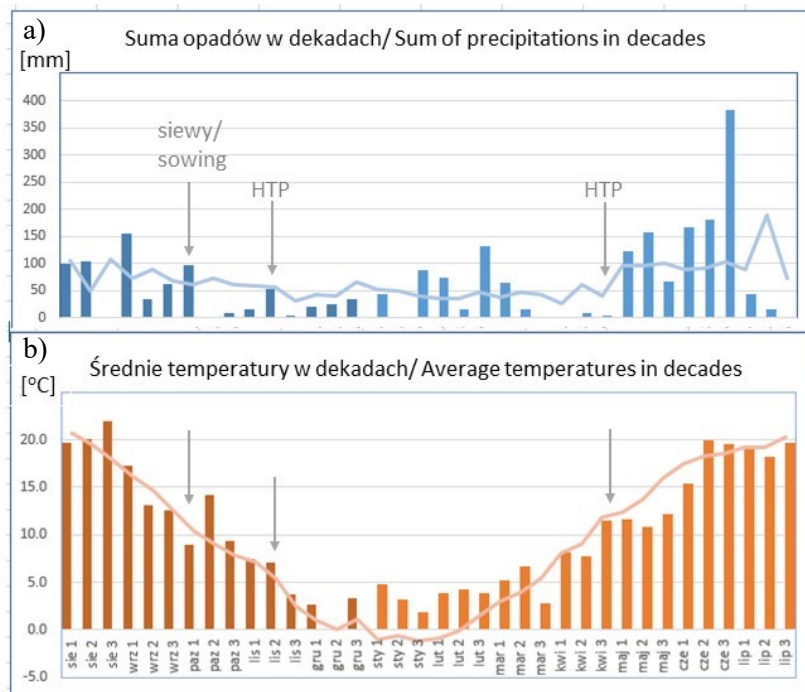
### Material roślinny

W doświadczeniu wykorzystano 12 odmian pszenżyta ozimego ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack), uprawianych w dwóch powtórzeniach polowych, w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) na dwóch poziomach agrotechniki A1 (przeciętny) i A2 (wysoki) (Drzazga i in., 2013, Rozbicki i in., 2021) w Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR (HRS), Polska (GPS: 52.31 N, 19.41 E), w sumie 48 poletek doświadczalnych. Doświadczenie było założone na działce należącej do gleb brunatnych właściwych o klasie bonitacyjnej IIIa, o uregulowanym odczynie pH na poziomie 6,5 oraz o wysokiej zasobności w makroelementy NPK (Bednarek, 2011, Ugla, 1981). Badano odmiany: Belcanto, Dolindo, Gringo, Meloman, Octavio, Orinoko, Porto, SU Liborius, Tadeus, Toro, Trapero, Trefl. Siewy przeprowadzono 09.10.2019 r., wysiewając 350 kiełkujących nasion na 1 m<sup>2</sup>, na poletkach o powierzchni 10 m<sup>2</sup> (1 m  $\times$  10 m), umożliwiającym przejazd ciągnika z zainstalowaną platformą wysokoprzepustowego fenotypowania HTPP (High Throughput Plant Phenotyping). Przeciętny poziom agrotechniki (A1) obejmował: jednorazowe nawożenie 300 kg·ha<sup>-1</sup> NPK, przed siewami 7.09.2019. Chemiczna ochrona roślin ograniczyła się do przedsiewnego zaprawiania nasion oraz jednorazowego zastosowania herbicydów,

18.10.2019. W ramach interwencji stosowano środki owadobójcze i środki do zwalczania gryzoni, takie same w systemie A1 i A2. Na poziomie A2 zastosowano dodatkowe nawożenie azotem (40 kg·ha<sup>-1</sup>) w wieloskładnikowym nawozie dolistnym Basfoliar 2.0 36 Extra (ADOB® Sp. z o.o., Poznań), i zabezpieczenie przed wyleganiem (jeden zabieg pod koniec krzewienia 17.04.2020) oraz zabezpieczenie przed chorobami (dwa zabiegi: 18.04 oraz 20.05.2020). W czasie sezonu wegetacyjnego oceniano wizualnie: kondycję plantacji przez zimą, przezimowanie, termin kłoszenia a także: odporność na choroby i parametry plonotwórcze: masa tysiąca ziaren (MTZ) (g), plon (kg na poletko). Fenotypowanie HTPP wykonano jesienią (BBCH 22-24) oraz wiosną (BBCH 25-29): stan rozkrzewienia roślin oceniano 18.11.2019 roku na 48 poletkach (wykonano łącznie 144 zdjęcia), przezimowanie 30.04.2020 roku również na 48 poletkach.

### Dane pogodowe

Dane pogodowe zbierała stacja meteo Atmosys Agro (ATMESYS atmosphere monitoring systems, Zgierz, Polska) zlokalizowana w miejscu prowadzenia eksperymentu. Średnie temperatury i sumę opadów w dekadach, w każdym z miesięcy dla sezonu wegetacyjnego, od sierpnia 2019 do lipca 2020, przedstawiono na tle danych wielolecia 2007-2021 (Rys. 1).



Rys. 1. (a) Suma opadów (mm) oraz (b) średnie temperatury (°C) w sezonie wegetacyjnym 2019-2020, w dekadach zaczynając od sierpnia 2019 do lipca 2020 (słupki), na tle wielolecia 2007-2021 (linie). Pionowymi strzałkami zaznaczono termin siewów oraz terminy fenotypowania HTP.

Fig. 1. (a) Total precipitation (mm) and (b) average temperatures (°C) in the 2019-2020 growing season, in decades starting from August 2019 to July 2020 (bars), against the multi-year background 2007-2021 (lines). Vertical arrows mark the sowing term and the HTP phenotyping.

### Przygotowanie pola i mapy dla potrzeb automatycznego fenotypowania

Pierwszym etapem HTPP w warunkach polowych było zaplanowanie układu pól na podstawie planowanego usytuowania szkółki PDO, wielkości bloków, szerokości międzyrzędzi. Po wschodach roślin przeprowadzany był przejazd tzw. 0, który miał na celu przygotowanie mapy doświadczenia, przez oznaczenie za pomocą nawigacji GPS punktów lokalizacyjnych poletek i miejsc rejestracji zdjęć w ramach poletka (współrzędne geograficzne). Na każdym poletku zaplanowano wykonanie 3 zdjęć. Punkty lokalizacyjne (nazwane jedną i niepowtarzalną nazwą) są kluczowym elementem wysokopręstowego fenotypowania; są punktami odniesienia dla każdego terminu fenotypowania w ciągu sezonu wegetacyjnego.

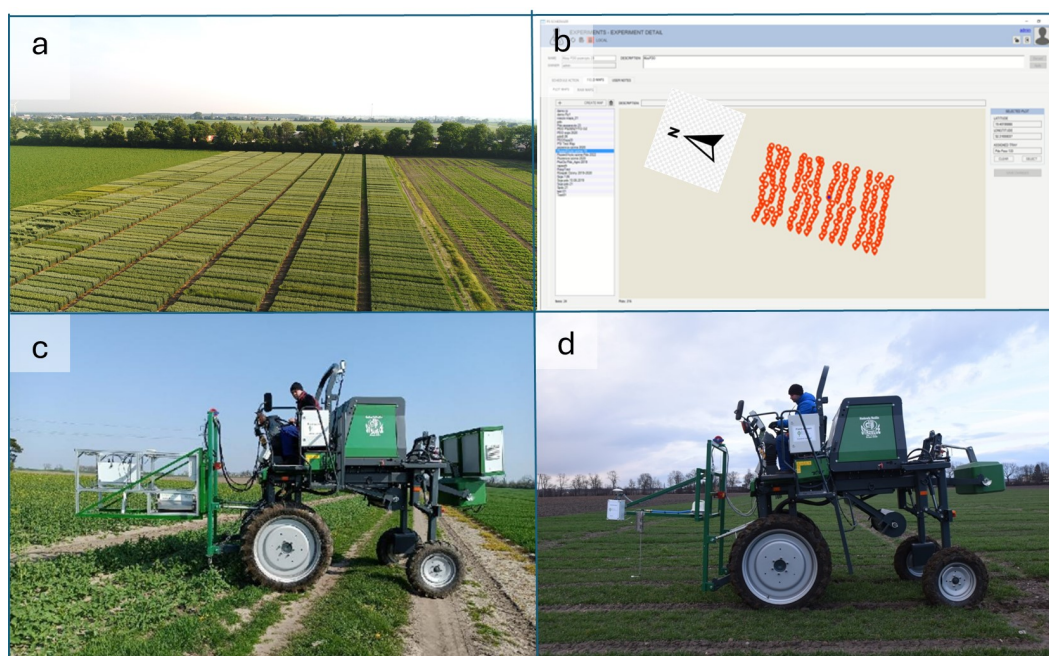
### Akwizycja obrazu

Po przeprowadzeniu wstępnych zadań następowo było planowanie wykonywania obserwacji polowych w programie PlantScreen Scheduler gdzie oznaczano które punkty i w jakim terminie mają być fenotypowane. Następowo była akceptacja planu prac i zapisanie ich na serwerze w formacie odpowiednim do pobrania go przez komputer sterujący platformą HTPP. Załadowanie schematu z serwera na platformę następowało za pomocą bezprzewodowej sieci Wi-Fi. Przejazd tzw. 1. to przejazd w celu obrazowania roślin, ocena fenotypowa za pomocą platformy w punktach GPS zaplanowanych w czasie robienia mapy. Do tego zadania

należało uruchomić aplikacje FiledScreen Client, a cała reszta czynności związanych z obrazowaniem wykonywała się automatycznie. Potrzebna była wyłącznie obsługa nośnika w czasie przejazdu po bloku doświadczalnym. Po zakończonym przejeździe wykonywany był zapis zarejestrowanych zdjęć, tak, by po przyjeździe w okolice serwera przesłać obrazy na serwer przez połączenie bezprzewodowe Wi-Fi.

### Zautomatyzowane fenotypowanie RGB

Zautomatyzowane fenotypowanie RGB przeprowadzono wykorzystując FieldScreen System (PSI, Photon Systems Instruments, Drasov, Czechy, <https://psi.cz/>) zamontowany na nośniku narzędzi polowych (Zürn 540, Zürn Harvesting GmbH & Co. KG, Niemcy) (Rys. 2). Ruch ciągnika podczas fenotypowania odbywał się w kierunku południe-północ, z prędkością  $2 \text{ km} \cdot \text{h}^{-1}$ . Na każdym polu wykonano trzy zdjęcia z odległości 0,9 m bez zatrzymywania ciągnika, każda klatka obejmowała  $0,92 \text{ m}^2$  pola. Specyfikacja kamery RGB (PSI, Drasov, Czechy): rozdzielczość 12,36 megapiksela z matrycą CMOS o przekątnej 1,1 cala (Sony IMX-253LQR-C). Czujnik zapewnił rozdzielczość  $4112 \times 3006$  pikseli i miał funkcję migawki (migawka globalna; maks. fps w trybie swobodnym, 2; rozmiar piksela,  $3,45 \mu\text{m}$ ). Specyfikacja obiektywu: model komputerowy, 1628-MPY; ogniskowa 16 (mm); przysłona, 2,8 (Stefański in., 2024). Opracowanie zdjęć zagęsz-



Rys. 2. System FieldScreen (PSI) zamontowany na nośniku narzędzi Zurn 540, (a) widok pól doświadczalnych, na których prowadzono fenotypowanie RGB; (b) fragment mapy pola z zaplanowanymi miejscami robienia zdjęć. Strzałką zaznaczono kierunek północny; (c) wjazd na pole przez pas obsiewu; (d) fenotypowanie zagęszczenia lanu.

Fig. 2. FieldScreen System (PSI) mounted on the Zurn 540 tool carrier, (a) view of the experimental fields where RGB phenotyping was carried out; (b) fragment of the field map with planned photo-taking locations. The arrow indicates the north direction; (c) entering the field through the sowing strip; (d) canopy density phenotyping.

czenia łąnu z wykorzystaniem dedykowanego oprogramowania

Do opracowania zarejestrowanych zdjęć wykorzystano oprogramowanie MorphoAnalyser będące częścią systemu HTPP, PlantScreen System (PSI, Drasov, Czechy, <https://psi.cz/>). Praca z MorphoAnalyser jest intuicyjna i przypomina pracę z ogólnodostępnymi, komercyjnymi programami graficznymi. Wybrano 10 zdjęć wzorcowych, na których zaznaczono po 10 punktów kolorów dla roślin oraz dla tła. Program zdefiniował indeksy kolorów zgodnie z systemem kolorów RGB. Na Rys. 3 przedstawiono przykładową indeksację kolorów dla jednego zdjęcia (Rapid Tables, 2024).

Kolor rośliny/ Plant colour			Kolor tła/ Background colour		
R	G	B	R	G	B
54	97	71	32	29	70
159	181	135	51	73	61
192	213	146	46	37	32
134	158	82	21	20	16
163	184	127	36	33	28
141	160	115	46	41	35
56	74	62	28	27	23
104	136	85	216	178	139
62	77	46	36	31	27
67	86	56	216	191	160

Rys. 3. Udział barw RGB (red green blue) w kolorach zaznaczonych jako roślina i jako tło na jednym z 10 zdjęć wykorzystanych do definiowania masek rośliny i tła.

Fig. 3. The share of RGB (red green blue) colors in the colors marked as a plant and as a background in one of the 10 photos used to define the plant and background masks.

Ponieważ rośliny i kolory tła mogą się różnić między zdjęciami, oprogramowanie proponuje najbardziej odpowiedni indeks dla konkretnego zestawu zdjęć na podstawie obrazów wskazanych jako przykładowe. Wykonywana jest również segmentacja kolorów w celu zmniejszenia ich liczby, za pomocą grupowania k-średnich, która klasyfikuje kolory na podstawie podobieństwa. Oprogramowanie oblicza każdy piksel osobno, aby utworzyć maskę, a następnie wykorzystuje progowanie obliczonej wartości i kilka innych technik, takich jak filtr medianowy do zliczenia pikseli odpowiadających roślinom i eliminacji pikseli tła (Padmavathi i Thangadurai, 2016). Rezultatem tak przetworzonych zdjęć jest liczba pikseli odpowiadająca roślinom w kadrze; wyniki przedstawiono jako jednostki arbitralne (a.u., z ang.: arbitrary units) ( $1 \text{ a. u.} = 0,1 \text{ Mpix} \cdot 0,92 \text{ m}^2$ ).

#### Analiza statystyczna wyników

Analiza statystyczna uzyskanych wyników bazowała na analizie wariancji ANOVA. Czynnikiem doświadczenia były badane odmiany (12), oceniano plon ( $\text{t} \cdot \text{ha}^{-1}$ ), zagęszczenie łąnu jesienią oraz wiosną, wyrażone w jednostkach arbitralnych tj. Mpix na jednostkę powierzchni. Analiza została

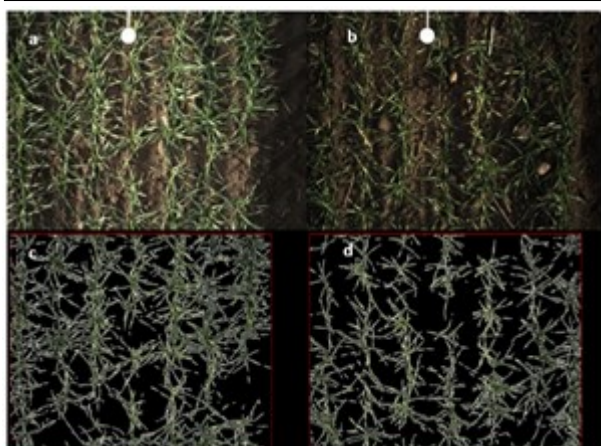
przeprowadzona z wykorzystaniem oprogramowania RnDExp, opracowanego przez francuską firmę DORIANE a przeznaczonego do badań agronomicznych i biologicznych, wspierającego tworzenie nowych odmian roślin i zarządzanie informacją techniczną. Ilustracje uzyskanych wyników przedstawiono w formie wykresów ramka-wąsy (Doriane, 2024); przedstawiają wartości minimalne, maksymalne i kwartyle. Analizę współczynników korelacji Pearsona wykonano w arkuszu MS Excel za pomocą pakietu XLMiner Analysis Tool-Pak.

#### Wyniki i dyskusja

Doświadczenie było przeprowadzone zgodnie z zasadami agrotechniki, nie było znaczących braków we wschodach, uszkodzeń przez szkodniki, poletka były pielęgnowane na bieżąco z zachowaniem wymagań dla poziomów agrotechniki. Warunki pogodowe jesienią pod względem temperatur były na poziomie średniej z wielolecia, poza drugą dekadą października o 5 stopni cieplejszą niż średnia ( $14^\circ\text{C}$  vs.  $9^\circ\text{C}$ ) co mogło pozytywnie wpłynąć na kiełkowanie nasion (Rys. 1). Zauważono zróżnicowanie badanych odmian pod względem wigoru i siły kiełkowania nasion, co skutkowało zróżnicowanym zagęszczeniem poletek (Rys. 4 i Rys. 5).

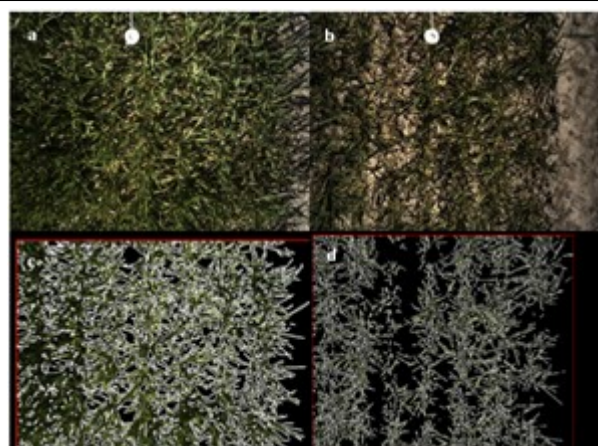
Zima była ponadnormatywnie ciepła, średnia temperatura grudzień-luty wynosiła  $3^\circ\text{C}$  w porównaniu z  $0^\circ\text{C}$  zanotowanym dla wielolecia. Temperatura wiosną, marzec-kwiecień, była standardowa (Rys. 1). Natomiast sumy opadów były niższe, jesienią od drugiej dekady października do pierwszej dekady listopada spadło 13% średniej sumy opadów dla wielolecia (192 mm), co zostało w jakiejś mierze zrekomensowane przez opady na początku jesieni. Siewy przeprowadzono na początku października, tak, że nasiona miały dobre warunki do kiełkowania. Wiosna również była sucha, spadło jedynie 15% średniej sumy opadów dla wielolecia (od 2 dekady marca do końca kwietnia średnia suma opadów wielolecia wynosiła 216 mm) i wtedy obserwowano wędnięcie roślin niektórych genotypów (dane niepublikowane). Na wiosnę można było również zaobserwować zależne od genotypu uszkodzenia roślin po zimie, słabszą kondycję i zdrowotność niektórych genotypów, które zostały w większości zrekomensowane przez rośliny na dalszych etapach wegetacji (dane niepublikowane). Zauważalne różnice w wypełnieniu poletka, oraz zmiany w obsadzie roślin po zimie, szczególnie były widoczne przy porównywaniu zdjęć słabiej zagęszczonych poletek (Rys. 4b, Rys. 5b), na co bez wątpienia miały wpływ warunki atmosferyczne (Bednarek i in., 2011, Oleksiak i in., 2022, Skłodowski i Bielska, 2009, Uggla, 1981). Poziom istotności różnic między genotypami wynosił dla plonu  $p \leq 0,05$ , natomiast dla zagęszczenia łąnu  $p \leq 0,11$  (Tab. 1).





Rys. 4. HTPP zagęszczenia ładu jesienią: zdjęcia oryginalne (a) dobrze i (b) słabiej zagęszczony łąn oraz te same zdjęcia przetworzone przy użyciu oprogramowania MorphoAnalyser (c, d).

Fig. 4. HTPP of canopy density in autumn: original photos (a) well and (b) less dense canopy and the same photos processed using MorphoAnalyser software (c, d).



Rys. 5. HTPP zagęszczenia ładu wiosną: zdjęcia oryginalne (a) dobrze i (b) słabiej zagęszczony łąn oraz te same zdjęcia przetworzone przy użyciu oprogramowania MorphoAnalyser (c, d).

Fig. 5. HTPP of canopy density in spring: original photos (a) well and (b) less dense canopy and the same photos processed using MorphoAnalyser software (c, d).

Tabela 1  
Table 1

Plon i zagęszczenie ładu jesienią oraz wiosną 12 odmian pszenżyta ozimego poddanego fenotypowaniu HTPP. Grupowanie na podstawie testu NIR z prawdopodobieństwem 95%  
Yield and canopy density in autumn and spring of 12 cultivars of winter triticale subjected to HTPP phenotyping. Grouping based on LSD test with a probability of 95%

Numer ID / Numerical ID	Odmiana / Cultivar	Plon / Yield (t·ha <sup>-1</sup> )		Zagęszczenie ładu jesienią / Canopy density at autumn (a.u.*)		Zagęszczenie ładu wiosną / Canopy density at spring (a.u.*)	
		Ranking	Średnia / Mean	Ranking	Średnia / Mean	Ranking	Średnia / Mean
6	Octavio	1	10,02	2	1,61	2	53,43
7	Orinoko	2	9,86	4	1,49	8	51,15
1	<b>Belcanto</b>	3	9,83	2	1,53	3	53,38
12	Medalion	4	9,65	1	1,62	1	54,60
10	Gringo	5	9,34	7	1,38	4	52,82
4	<b>Porto</b>	6	9,29	10	1,22	10	46,45
11	SU Liborius	7	9,12	5	1,39	5	52,76
9	Toro	8	8,91	6	1,39	6	51,64
8	Tadeus	9	8,68	9	1,27	7	51,44
5	Trapero	10	8,02	11	1,22	11	46,13
2	Dolindo	11	7,82	8	1,32	9	49,78
3	<b>Meloman</b>	12	7,77	12	1,13	12	41,52
Średnia / Mean			9,03		1,38		50,42
Średnia wzorcowa / Controls mean			8,96		1,30		47,12
LSD (5%)			1,58		0,34		8,49
Tukey HSD (5%)			2,77		0,60		14,89
α			0,05		0,11		0,12
Współczynnik zmienności / Variation coefficient			11,93		16,91		11,48

\*a.u. - jednostki arbitralne (ang.: arbitrary units) 1 a.u. = 0,1 Mpix·0,92 m<sup>-2</sup>

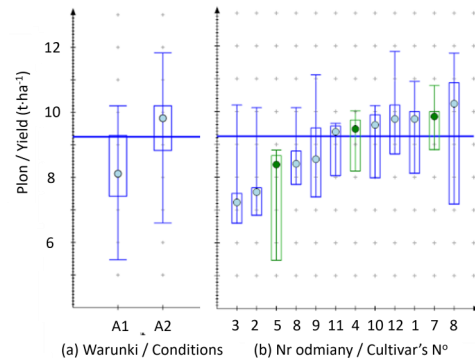
Ocenił statystycznie zróżnicowanie badanych odmian było słabe szczególnie pod względem zagęszczenia ładu. Wpływ na taką notę mogła mieć również zmienność glebowa. W chwili obecnej dysponujemy jedynie klasyfikacją gleby na podstawie analiz chemicznych wykonywanych zgodnie z Polską Normą PN-R-04031-1997 co

kilka lat. Uzyskany wynik wskazuje, że wartościowe byłoby równoległe skanowanie pól przed założeniem doświadczeń, w celu oceny zmienności glebowej jako czynnika mającego wpływ na końcowy efekt, plon i stabilność plonowania, niezmiennie wyznaczniki wartości rynkowej odmian (Austin, 1993). Skanowanie gleby w czasie rze-

czywistym dla zadanych współrzędnych GPS, element rolnictwa precyzyjnego, wykorzystuje techniki pomiarów elektromagnetycznych oraz przewodnictwa elektrycznego gleby w obrębie pola. Sporządzana jest mapa zawartości materii organicznej i pojemności wodnej gleby oraz innych parametrów, takich jak: zawartość składników odżywczych, zasolenie, polowa pojemność gleby (stan gleby, w którym z większych porów glebowych odsączyła się woda, a jej miejsce zajmuje powietrze), punkt trwałego wędnięcia roślin (wilgotność gleby, przy której pojawiają się oznaki trwałego wędnięcia roślin), pojemność wymiany kationów (kationowa pojemność wymienna) (Skudlarski, 2023). W czasie wizualnej oceny doświadczeń hodowca zapisuje w księdze polowej wartość końcową/sumaryczną, najczęściej w skali względnej, natomiast protokół HTPP zakłada gromadzenie danych cząstkowych, które następnie są poddawane ewaluacji metodami statystycznymi. Mapa pola, budowana na pomiarach robionych w miejscach z których są zbierane dane fenotypowe, jest potrzebna by korygować/interpretować dane fenotypowe o wskaźniki jakości gleby w punkcie, w którym zostało zrobione zdjęcie. Plon, główny wyznacznik wartości użytkowej odmiany, jest efektem oddziaływań sumarycznych na polu/poletku i tak jak ocena wizualna jest w pewnym sensie wartością średnią z mikro różnic warunkowanych lokalnymi różnicami w jakości warstwy ornej. Większa precyzja w zbieraniu danych w systemie HTPP wymaga dopracowania metod ich uśredniania po wprowadzaniu korekt dla precyzyjnej lokalizacji wg. GPS, by móc zbudować prawidłowy model plonowania (Rybka i Nita, 2014). Nie umniejsza to wyniku przeprowadzonego eksperymentu, który pokazuje, że automatyczne fenotypowanie HTPP można zrealizować na etapie krzewienia roślin a wyniki można poddać samodzielnej analizie przy użyciu intuicyjnego oprogramowania, bazującego na budowaniu ma-

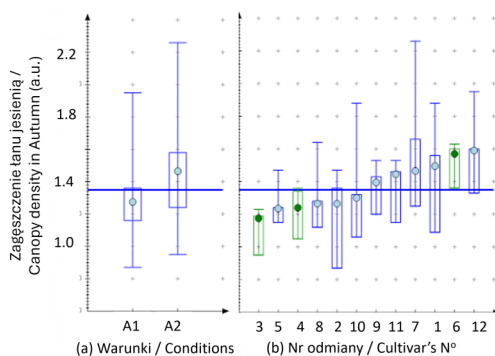
sek obiektów i tła. Niekoniecznie jest w takim przypadku wykorzystywanie złożonych, konwulcyjnych sieci neuronowych CNN (z ang.: Convolutional Neural Network) (Stefański i in. 2024). Pokazanie tej możliwości było celem niniejszej publikacji. Wdrożenie podejścia HTPP do praktyki hodowlanej wymaga dalszej pracy w celu sformułowania efektywnej procedury.

W zrealizowanym doświadczeniu najlepiej plonowały odmiany Octavio, Orinoko, Belcanto i Mediolan, powyżej  $9,5 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$  i one również charakteryzowały się największym zagęszczeniem ładu, od 1,49 do 1,62 a.u. (Tab. 1). W doświadczeniu PDO dla pszenżyta ozimego w sezonie 2019/2020 odmianami wzorcowymi były: Belcanto, Porto i Meloman. Ich średni plon w naszym doświadczeniu wynosił  $8,96 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$  a zagęszczenie ładu 1,30 a.u. (Tab. 1). Powyżej wzorca plonowały: Octavio, Orinoko, Medalion, Gringo, SU Liborius a zagęszczenie ładu wyższe niż wzorec miała dodatkowo odmiana Toro, plonująca na poziomie 99,4% wzorca (Tab. 1).



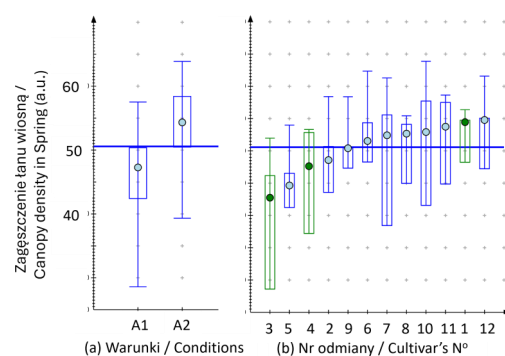
Rys. 6. Wykresy ramka-wąsy dla plonu w zależności od: (a) poziomu agrotechniki A1 i A2 oraz (b) badanych odmian. Wykresy wygenerowane przez oprogramowanie Doriane.

Fig. 6. Boxplot charts for yield depending on: (a) agrotechnical conditions A1 and A2 (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.



Rys. 7. Wykresy ramka-wąsy dla zagęszczenia ładu jesienią w zależności od (a) poziomu agrotechniki A1 i A2 oraz (b) badanych odmian. Wykresy wygenerowane przez oprogramowanie Doriane.

Fig. 7. Boxplot charts for canopy density in the autumn (a) depending on agrotechnical conditions A1 and A2 and (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.



Rys. 8. Wykresy ramka-wąsy dla zagęszczenia ładu wiosną w zależności od (a) poziomu agrotechniki A1 i A2 oraz (b) badanych odmian. Wykresy wygenerowane przez oprogramowanie Doriane.

Fig. 8. Boxplot charts for canopy density at spring (a) depending on agrotechnical conditions A1 and A2 and (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.

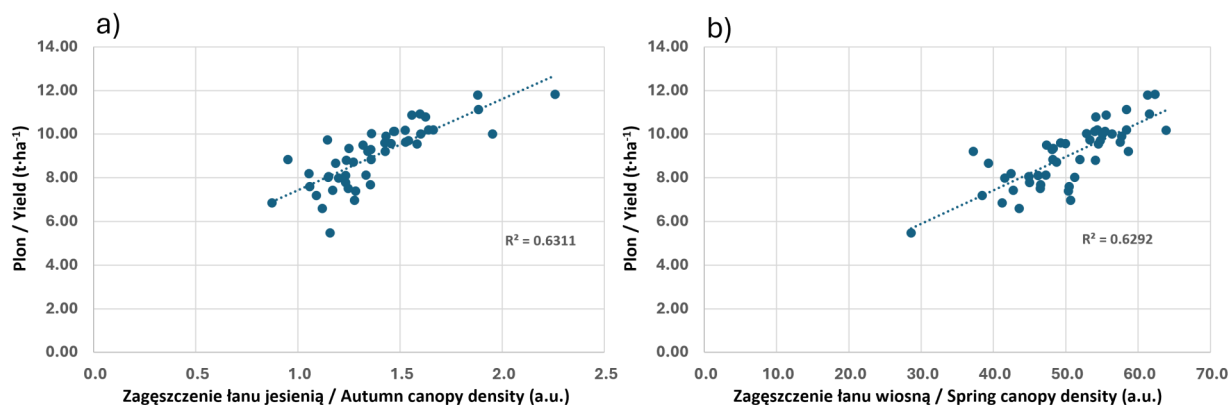
Poziom agrotechniki nie miał statystycznie istotnego wpływu na średni plon badanych odmian, na co mogły się złożyć omówione już warunki środowiskowe. Dlatego dla uzyskania przejrzystości w interpretacji wyników dla odmian, uśredniono dane A1 i A2 zarówno dla plonu (Rys. 6) jak i dla zagęszczenia łąnu jesienią (Rys. 7) oraz wiosną (Rys. 8). Pomimo braku statystycznie istotnej różnicy, poziom agrotechniki A2 wyróżnił się wyższym plonem, co potwierdza fakt, że lepsza ochrona i większe nawożenie daje szansę na zwiększenie plonowania roślin uprawnych (Drzazga i in., 2013). Tabela 2 prezentuje wartości

współczynników korelacji Pearsona dla HTPP zagęszczenia łąnu jesienią i wiosną oraz plonowania pszenżyta ozimego. Wysoki współczynnik korelacji na poziomie 0,79 daje nadzieję na skuteczność HTPP w fenotypowaniu zagęszczenia łąnu i na rozwinięcie metody dla innych gatunków w Hodowli Roślin Strzelce a także na poszerzenie i udoskonalanie wysokoprzepustowej platformy do obserwacji polowych i budowania nowych procedur prac hodowlanych. Wykresy trendu zależności plonu od gęstości łąnu przedstawiono na Rys. 9.

Tabela 2  
Table 2

Współczynniki korelacji Pearsona pomiędzy plonem a zagęszczeniem łąnu jesienią oraz wiosną a także korelacji pomiędzy zagęszczeniem łąnu w sezonach  
Pearson's correlation coefficients between yield and canopy density in autumn and spring, as well as correlations between canopy density in seasons

	Zagęszczenie łąnu jesienią / Autumn canopy density	Zagęszczenie łąnu wiosną / Spring canopy density	Plon/Yield
Zagęszczenie łąnu jesienią / Autumn canopy density	1		
Zagęszczenie łąnu wiosną / Spring canopy density	0,688	1	
Plon / Yield	0,794	0,793	1



Rys. 9. Zależność plonu pszenżyta ozimego ( $t \cdot ha^{-1}$ ) od zagęszczenia łąnu (a) jesienią i (b) wiosną. \*a.u. - jednostki arbitralne, 1 a. u. =  $0,1 \text{ Mpix} \cdot 0,92 \text{ m}^2$

Fig. 9. Relation of winter triticale yield ( $t \cdot ha^{-1}$ ) and canopy density (a) in autumn and (b) in spring. \*a.u. - arbitrary units, 1 a. u. =  $0,1 \text{ Mpix} \cdot 0,92 \text{ m}^2$

## Wnioski

- 1) Wysokoprzepustowe fenotypowanie HTPP z wykorzystaniem różnych kamer wymaga nowych metod przetwarzania i analizy danych;
  - Należy sprawdzić, czy precyzja wyników może zostać zwiększona przez uwzględnienie współczynników korekcyjnych wynikających z jakości gleby, ocenionej metodami fizycznymi w czasie rzeczywistym rejestracji mapy pola.
2. Silna dodatnia korelacja zagęszczenia łąnu ocenianego za pomocą HTPP z plonem (0,79), jest istotnym wynikiem dla hodowli i może zostać wdrożona jako parametr selekcyjny wysokoplonujących odmian.

## Finansowanie

Badania zrealizowana w ramach projektu POIR-01.01.01-00-0782/16-00 (Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, w ramach Działalności B+R Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020 współfinansowanego ze środków Europejskich Funduszy Rozwoju Regionalnego), pt.: „Uzyskanie nowej generacji polskich odmian rzepaku, zbóż oraz bobowatych odpornych na nowe rasy agrofagów, o lepszych zdolnościach mitygacji i adaptacji do zmian klimatu, o odpowiednich cechach technologicznych wymaganych przez konsumentów i przemysł”.



## Literatura

- Austin, R.B. (1993). Augmenting yield-based selection, in: M. D. Hayward, et al. (Eds.), *Plant Breeding: Principles and Prospects* Springer Netherlands, Dordrecht, pp. 391-405.
- Bednarek, R., Dziadowiec, H., Pokojaska, U., Prusinkiewicz, Z. (2011). *Badania gleboznawczo-ekologiczne*. PWN, Warszawa, ISBN 83-01-14216-2, p. 343.
- Daloso D. D. M., Williams, T. C. R. (2021). Current Challenges in Plant Systems Biology, in: F. Vischi Winck (Ed.), *Advances in Plant Omics and Systems Biology Approaches*, Springer International Publishing, Cham, pp. 155-170.
- Doriane. (2024). Agronomy driven by data. <https://www.doriane.com>. Data dostępu, 15.03.2024.
- Drzazga, T., Krajewski, P., Śmiałek, E. (2013). Wykorzystanie różnych poziomów intensywności agrotechniki w hodowli pszenicy ozimej. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 270, 3-16. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2013-0001>
- European Commission (20.05.2020) Reinforcing Europe's resilience: halting biodiversity loss and building a healthy and sustainable food system. An official website of the European Union, [https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip\\_20\\_884](https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip_20_884); The European Green Deal, [https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal\\_en](https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal_en); Farm to Fork Strategy, [https://food.ec.europa.eu/horizontal-topics/farm-fork-strategy\\_en](https://food.ec.europa.eu/horizontal-topics/farm-fork-strategy_en). Access date: 22.02.2024.
- Großkinsky, D. K., Svendsgaard, J., Christensen, S., Roitsch, T. (2015). Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. *Journal of Experimental Botany*, 66, 5429-5440. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erv345>
- Hurgobin, B., Edwards, D. (2017). SNP Discovery Using a Pangenome: Has the Single Reference Approach Become Obsolete? *Biology*, 6, 21. DOI: <https://doi.org/10.3390/biology6010021>.
- Kanehisa Laboratories, Fukuoka – Kyoto – Tokyo (15.01.2024). KEGG Pathway Database. Wiring diagrams of molecular interactions, reactions and relations. <https://www.genome.jp/kegg/pathway.html>. Access date: 22.02.2024.
- Long, T. A., Brady, S. M., Benfey, P. N. (2008). Systems approaches to identifying gene regulatory networks in plants. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 24, 81-103. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.cellbio.24.110707.175408>
- Matysik P., Nita Z., Matysik E. (2007). Skuteczność kryteriów selekcji pszenicy ozimej w pokoleniu F4 na podstawie komponentów plonu. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 244, 99-110. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2007-0049>
- Mir, R. R., Reynolds, M., Pinto, F., Khan, M. A., Bhat, M. A. (2019). High-throughput phenotyping for crop improvement in the genomics era. *Plant Science*, 282, 60-72. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.01.007>
- Ninomiya, S. (2022). High-throughput field crop phenotyping: current status and challenges. *Breeding Science*, 72 (1), 3-18. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21069>
- Ndour, A., Vadez, V., Pradal, C., Lucas, M. (2017). Virtual plants need water too: Functional-structural root system models in the context of drought tolerance breeding. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1577. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01577>
- Oleksiak, T., Spyroglou, I., Pacoń, D., Matysik, P., Pernisova, M., Rybka, K. (2022). Effect of drought on wheat production in Poland between 1961 and 2019. *Crop Science*, 62, 728-743. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20690>
- Padmavathi, K., Thangadurai, K. (2016.) Implementation of RGB and grayscale images in plant leaves disease detection – comparative study. *Indian Journal of Science and Technology*, 9(6), 1-7. DOI: <https://doi.org/10.17485/ijst/2016/v9i6/77739>
- Pieruschka, R., Lawson, T. (2015). Phenotyping in plants. *Journal of Experimental Botany*, 66, 5385-5387. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erv395>
- Rapid Tables. (2024) Tabela kolorów RGB. [https://www.rapidtables.org/pl/web/color/RGB\\_Color.html](https://www.rapidtables.org/pl/web/color/RGB_Color.html). Access date: 13.03.2024.
- Rozbicki, J., Gozdowski, D., Studnicki, M., Mądry, W., Golba, J., Sobczyński, G., Wijata, M. (2019.) Management intensity effects on grain yield and its quality traits of winter wheat cultivars in different environments in Poland. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities*, 22(1), 1. DOI: <https://doi.org/10.30825/5.ejpau.168.2019.22.1>
- Rybka, K. (2018). Fenotypowanie roślin. Konferencja EPPN 2020 w Tartu/ Estonia. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 282, 161-174. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2017-0022>
- Rybka, K. (2023). Najnowsze doniesienia z zakresu biotechnologii i hodowli zbóż: CBB7 siódma konferencja Cereal Biotechnology and Breeding in Wernigerode, Niemcy. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 300, 77-89. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2023-0014>
- Rybka K., Nita Z. (2015). Physiological requirements for wheat ideotypes in response to drought threat. *Acta Physiologiae Plantarum*, e37, 1-13. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11738-015-1844-5>
- Skłodowski, P., Bielska, A. (2009). Properties and fertility of soils in Poland: A basis for the formation of agro-environmental relations. In Polish: Właściwości i urodzajność gleb Polski: podstawa kształtowania relacji rolno-środowiskowych. *Woda-Środowisko-Obszary Wiejskie*, 9(28), 203-214. <http://yadda.icm.edu.pl/baztech/element/bwmeta1.element.baztech-article-BATC-0002-0057>
- Skudlarski, J. (2023). Skanowanie elektromagnetyczne gleby – element rolnictwa precyzyjnego. *Wiadomości Rolnicze Polska*. <https://www.wrp.pl/skanowanie-elektromagnetyczne-gleby-element-rolnictwa-precyzyjnego/>. Access date: 16.03.2024.
- Stefański, P., Ullah, S., Matysik, P., Rybka, K. (2024). Triticale field phenotyping using RGB camera for ear counting and yield estimation. *Journal of Applied Genetics*, 65, 271-281. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-024-00835-6>.
- Sun, C., Dong, Z., Zhao, L., Ren, Y., Zhang, N., Chen, F. (2020). The Wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 18, 1354-1360. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13361>
- Uggla, H. (1981). *Gleboznawstwo rolnicze*. PWN, Warszawa, ISBN 83-01-00237-9, p. 557.
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguine, K., Garland-Campbell, K. A., Yu, J., Li, X. (2023). Streamline unsupervised machine learning to survey and graph indel indel-based haplotypes from pan pan-genomes. *Molecular Plant*, 16, 975-997. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.05.005>



# Phenotyping of winter triticale canopy density in field conditions using an RGB camera

Fenotypowanie zagęszczenia ładu pszenżyta ozimego w warunkach polowych przy użyciu kamery RGB

Piotr Stefański<sup>1</sup>, Krystyna Rybka<sup>2</sup>  , Przemysław Matysik<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Plant Breeding Strzelce Ltd. Co. IHAR Group, Główna 20 st., 99-307 Strzelce, Poland

<sup>2</sup> Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute, IHAR-PIB, Biochemistry and Biotechnology Department, 05-870 Radzików, Poland

 k.rybka@ihar.edu.pl

Triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack) is a hexaploid species obtained by crossbreeding of wheat and rye. It is characterized by high adaptability to unfavorable environmental conditions, an essential feature in a changing climate. In this work, we present the results of automatic phenotyping of canopy density, a yield-forming factor, in autumn and spring (BBCH phases 22-29) for twelve commercial cultivars of winter triticale from the PDO trials (post-registration variety testing), COBORU (Research Centre for Cultivar Testing) experiments. Two field replicates, grown at two agrotechnical levels (A1, A2), were phenotyped using the HTPP (High Throughput Plant Phenotyping) platform, PlantScreen (PSI, Drasov, Czech Republic), equipped with a high-resolution RGB camera. The obtained photos were processed using MorphoAnalyser software, which is dedicated to processing recorded images and is included in the platform. The obtained results (green color pixels in the photo) and the yield were subjected to statistical analysis using Doriane software, a statistical package for plant breeding. Since the differences between the results obtained at A1 and A2 levels were not statistically significant, the data were averaged, and Pearson's correlations of canopy density in autumn and spring with yield were calculated. In both seasons, the correlation coefficients had high, positive values; were amount-ed to 0.79.

**Keywords:** field imaging, high throughput phenotyping, plant breeding, *Triticosecale*, yield potential

Pszenżyto ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack) jest heksaploidalnym gatunkiem powstałym w wyniku krzyżowania oddalonego pszenicy i żyta. Charakteryzuje się dużą zdolnością przystosowawczą do niekorzystnych warunków środowiskowych co jest istotną cechą w zmieniającym się klimacie. W tej pracy przedstawiamy wyniki automatycznego fenotypowania zagęszczenia ładu, czynnika plonotwórczego, jesienią oraz wiosną (fazy BBCH 22-29) dla dwunastu komercyjnych odmian pszenżyta ozimego z doświadczeń PDO (Porejestrone Doświadczenie Odmianowe), COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych). Fenotypowano dwa powtórzenia polowe, uprawiane na dwóch poziomach agrotechniki (A1, A2), wykorzystując platformę HTPP (High Throughput Plant Phenotyping), PlantScreen (PSI, Drasov, Czechy), wyposażoną w wysokorozdzielczą kamerę RGB. Uzyskane zdjęcia przetworzono przy użyciu oprogramowania MorphoAnalyser dedykowanego do przetwarzania zarejestrowanych obrazów i będącego wyposażeniem platformy. Wyniki oraz plon poddano analizie statystycznej przy użyciu oprogramowania Doriane, statystycznego pakietu dla hodowli roślin. Ponieważ stwierdzono, że różnice pomiędzy wynikami uzyskanymi w warunkach A1 i A2 nie są istotne statystycznie, dane uśredniono i wyliczono korelacje zagęszczenia ładu jesienią i wiosną z plonem. W obu sezonach współczynniki korelacji miały wysoką, dodatnią wartość; wyniosły 0,79.

**Słowa kluczowe:** hodowla roślin, obrazowanie terenowe, potencjał plonowania wysokoprzepustowe fenotypowanie, *Triticosecale*

## Introduction

The growing demand for food, feed, and plant products as raw materials for industry and renewable energy, as well as economic conditions on the one hand and, on the other hand, limitations resulting from the need to implement European environmental protection regulations, make it necessary for crop breeding to constantly increase the productivity of cultivars introduced to the market while reducing the costs of their cultivation. Costs are understood not only in terms of financial outlays but also in terms of minimizing the impact of crops on agroecosystems by reducing the con-

sumption of water (used for irrigation and naturally available), fertilizers, and plant protection products, in accordance with the European Green Deal initiative and the Farm to Fork Strategy (European Commission, 2020). Under these conditions, breeding progress requires the production of new cultivars resistant to diseases, pests, and abiotic stresses. This should contribute to minimizing the use of chemicals and, thus, their environmental impact. Water consumption and pollution are also important (Rybka and Nita, 2014).

Understanding the complex processes of plant development is based on the interactions between genetic information and the environment and how

external conditions influence the plant phenotype, resulting in agriculturally desirable traits (Pieruschka and Lawson, 2015). To solve this issue, knowledge about the relationship between genotype and phenotype is needed, and this is currently a great challenge for all fields of natural sciences (Großkinsky et al., 2015). On the part of practitioners and breeders, there are expectations for the development of bioinformatics and systems biology, which will enable the construction of a virtual model of the plant, allowing for the analysis of biochemical processes and changes in gene expression in silico at each stage of growth, translating into the practical use of this knowledge (Daloso and Williams, 2021, Long et al., 2008; Ndour et al., 2017). Currently, the Japanese KEGG model (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) is one such model that allows the understanding of non-obvious relationships at the cellular and whole organism levels. However, transferring this knowledge into practice is nearly impossible (Kanehisa Laboratories, 2024). The acquisition of genetic information through sequencing and microarrays has reached a high level (Sun et al., 2020). Interpreting these data based on currently created pangenomes is a promising prospect (Hurgobin and Edwards, 2017, Zhang et al., 2023). The data collected in this way must be supplemented with precise phenotypic data.

Plant phenotyping involves the visual assessment of plants during a defined growing season and is still most often carried out by individual breeders during field observations. The human eye can be unreliable, especially after many hours of work in extreme weather conditions. Therefore, observations using appropriate cameras are able to make the quality of the collected data independent of the observer's error, which is their important feature. This would make it easier to compare results collected by different people in different locations, under different environmental and weather conditions. Therefore, an important branch of modern breeding is the development of automated phenotypic assessment both in the field and in the greenhouse. The data collected in this way is digitized and always available for viewing. Research using high-throughput plant phenotyping (HTPP) is developing rapidly, and the number of publications related to it amounted to approximately 2,000 in 2020 (Ninomiya, 2022). In the last decade, strong research centers have been established, including: in Australia: Australian Plant Phenomics Facility (<https://www.plantphenomics.org.au>), in Germany in Jülich: Plant Phenotyping Center ([https://www.fzjuelich.de/ibg/ibg-2/EN/Research/Research Groups/JPPC/JPPC\\_node.html](https://www.fzjuelich.de/ibg/ibg-2/EN/Research/Research%20Groups/JPPC/JPPC_node.html)), and in Gatersleben: Automated Plant Phenotyping (<https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping>), in Great Britain: National Plant Phenomics Center ([https://](https://www.plant-phenomics.ac.uk)

[www.plant-phenomics.ac.uk](https://www.plant-phenomics.ac.uk)), in Canada: Plant Phenotyping and Imaging Research Center (<https://p2irc.usask.ca>) and Plant Phenomics Center in China (<http://pprcen.njau.edu.cn>). A platform for international research cooperation and networking has also been created, the International Plant Phenotyping Network (IPPN) (<https://www.plant-phenotyping.org>) (Rybka, 2018, Rybka, 2023). HTPP in field conditions is much more difficult to implement due to variable environmental conditions: light and shade, wind moving the plants, the field, and not individual plants. Progress in the development of technologies and computational techniques influences the development of fast, efficient, non-destructive, non-invasive, quantitative, repeatable and objective phenotyping methods also in field conditions. Therefore, it is possible to assess completely new features, such as the growth dynamics of plants of each genotype, in the case of regular phenotyping of breeding materials during the growing season (Ninomiya, 2022).

However, despite its dynamic development, HTPP is mostly used in university centers and research institutes, rarely in routine breeding processes. There are still no standard methods for processing data generated by HTPP and integrating them with classically collected field book data in one set, multi-stage data processing processes could be completed by the breeder in one step ("click") without the need for the participation of a specialist in data processing (Ninomiya, 2022).

In this article, we present the results of canopy density phenotyping based on RGB photos registered at Plant Breeding Strzelce, using the HTPP platform, PlantScreen System (PSI, Drasov, Czech Republic). Plants were identified in the recorded photos based on the RGB color index using dedicated, intuitive MorphoAnalyser software (PSI, Drasov, Czech Republic). Breeders expect that the automation of canopy density phenotyping will make the assessment more objective and that including it in the selection criteria may speed up the process of producing new, high-yielding cultivars (Mir et al., 2019). Of the three main components of grain yield, thousand-grain weight is routinely monitored in breeding practice due to the ease and speed of measurement and good correlation with yield (Matysik et al., 2007). The density of the canopy, and the number of ears in a plot, are rarely used parameters.

## Materials and Methods

### Plant material

Twelve cultivars of winter triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack), cultivated in two field replicates, as part of the Post-Registration Variety Experiments (PDO) at two levels of agrotechnics A1 (average) and A2 (high) (Drzazga et al., 2013, Rozbicki et al. in., 2021) at Plant Breeding

Strzelce Ltd. Co. IHAR Group, Poland (GPS: 52.31 N, 19.41 E), on 48 experimental plots in total. The experiment was established on a plot of brown soil of the III a class, with pH of 6.5 and a high content of NPK macroelements (Bednarek, 2011, Uggla, 1981). The following cultivars were tested: Belcanto, Dolindo, Gringo, Meloman, Octavio, Orinoko, Porto, SU Liborius, Tadeus, Toro, Trapero, Trefl. Sowing was carried out on October 9<sup>th</sup>, 2019, sowing 350 germinating seeds per 1 m<sup>2</sup> on plots with an area of 10 m<sup>2</sup> (1 m × 10 m), enabling the passage of a tractor with an installed HTPP platform. The average level of agrotechnical treatments (A1) included one-time fertilization of 300 kg·ha<sup>-1</sup> of NPK before sowing on September 7<sup>th</sup>, 2019. Chemical plant protection was limited to pre-sowing seed treatment and a single use of herbicides, October 18<sup>th</sup>, 2019. For the intervention, insecticides and rodent control agents were used, the same in the A1 and A2 systems. At level A2, additional nitrogen fertilization (40 kg·ha<sup>-1</sup>) was applied in the multi-component foliar fertilizer Basfoliar 2.0 36 Extra (ADOB® Sp. z o. o., Poznań), protection against lodging (one treat-

ment at the end of tillering on April 17, 2020) and protection against diseases (two treatments: April 18<sup>th</sup> and May 20<sup>th</sup>, 2020). During the growing season, the following features were visually assessed: the condition of the plantation before the winter, overwintering, earing date, as well as disease resistance and yield parameters: thousand-grain weight (MTZ) (g), yield (kg per plot, t·ha<sup>-1</sup>). HTPP phenotyping was performed in the Autumn (BBCH 22-24) and Spring (BBCH 25-29): the state of plant branching was assessed on November 18<sup>th</sup>, 2019, on 48 plots (a total of 144 photos were taken), overwintering on April 30<sup>th</sup>, 2020, also on 48 plots.

#### Weather data

Weather data were collected by the Atmesys Agro weather station (ATMESYS atmosphere monitoring systems, Zgierz, Poland), located at the place of the experiment. Average temperatures and total rainfall in decades, in each month for the growing season, from August 2019 to July 2020, are presented against the background of multi-year data from 2007-2021 (Fig. 1).

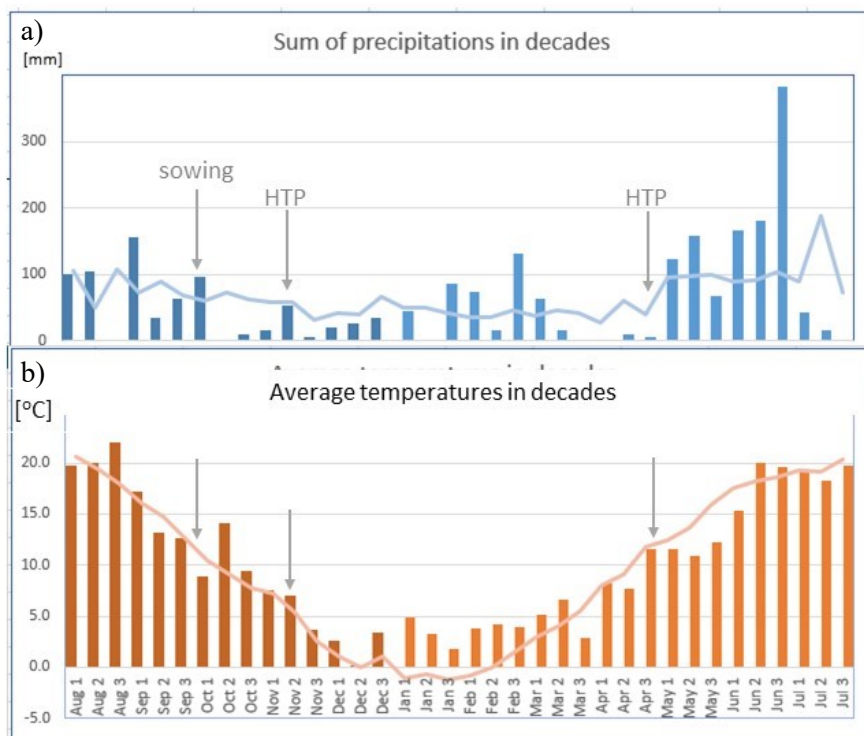


Fig. 1. (a) Total precipitation (mm) and (b) average temperatures (°C) in the 2019-2020 growing season, in decades starting from August 2019 to July 2020 (bars), against the multi-year background 2007-2021 (lines). Vertical arrows mark the sowing term and the HTP phenotyping.

#### Preparing the field and map for automatic phenotyping

The first stage of HTPP in field conditions was planning the field layout based on the PDO nursery's planned location, the blocks' size, and the rows' width. After the plants emerged, the so-called 0 aimed to prepare a map of the experiment by marking the location points of the plots and the

places of recording photos within the plot using GPS navigation (geographic coordinates). Three photos were planned to be taken at each plot. Location points (named with a single and unique name) are crucial for high-throughput phenotyping; they are reference points for each phenotyping date during the growing season.



### ***Preparing the field and map for automatic phenotyping***

The first stage of HTPP in field conditions was planning the field layout based on the PDO nursery's planned location, the blocks' size, and the rows' width. After the plants emerged, the so-called 0 aimed to prepare a map of the experiment by marking the location points of the plots and the places of recording photos within the plot using GPS navigation (geographic coordinates). Three photos were planned to be taken at each plot. Location points (named with a single and unique name) are crucial for high-throughput phenotyping; they are reference points for each phenotyping date during the growing season.

### ***Image acquisition***

After carrying out the preliminary tasks, field observations were planned in the PlantScreen Scheduler program, where it was marked which points were to be phenotyped and at what date. The work plan was accepted and saved on the server in a format suitable for downloading by the computer controlling the HTPP platform. The diagram was loaded from the server to the platform using a wireless Wi-Fi network. The so-called ride 1. is to image plants and perform a phenotypic assessment using the platform at GPS points planned when making the map. For this task, the

FieldScreen Client applications had to be launched, and all the rest of the imaging activities were performed automatically. The only need was to drive the vehicle around the experimental block. After completing that, the recorded photos were saved so that after arriving near the server, the images could be sent to the server via a wireless Wi-Fi connection.

### ***Automated RGB phenotyping***

Automated RGB phenotyping was performed using a FieldScreen System (PSI, Photon Systems Instruments, Drasov, Czech Republic, <https://psi.cz/>) mounted on a field tool carrier (Zürn 540, Zürn Harvesting GmbH & Co. KG, Germany) (Fig. 2 ). During phenotyping, the tractor moved in the south-north direction at a speed of  $2 \text{ km} \cdot \text{h}^{-1}$ . In each field, three photos were taken from a distance of 0.9 m without stopping the tractor; each frame covered  $0.92 \text{ m}^2$  of the field. RGB camera specifications (PSI, Drasov, Czech Republic): 12.36 megapixel resolution with 1.1-inch CMOS sensor (Sony IMX-253LQR-C). The sensor provided a resolution of  $4112 \times 3006$  pixels and had a shutter function (global shutter; max fps in accessible mode, 2; pixel size,  $3.45 \mu\text{m}$ ). Lens specifications: computer model, 1628-MPY; focal length 16 (mm); aperture, 2.8 (Stefański et al., 2024).























**Fig. 2** Field-Screen System (PSI) mounted on the Zurn 540 tool carrier, (a) view of the experimental fields where RGB phenotyping was carried out; (b) fragment of the field map with planned photo-taking locations. The arrow indicates the north direction; (c) entering the field through the sowing strip; (d) canopy density phenotyping.

### ***Preparation of photos of canopy density using dedicated software***

MorphoAnalyser software, which is part of the HTPP system, PlantScreen System (PSI, Drasov, Czech Republic, <https://psi.cz/>), was used to

process the recorded photos. Working with MorphoAnalyser is intuitive and resembles working with publicly available, commercial graphics programs. 10 reference photos were selected, with 10 color points marked for plants and for the back-

ground. The program defined color indexes according to the RGB color system. Fig. 3 shows an example of color indexing for one photo (Rapid Tables, 2024). Because plants and background colors may vary between photos, the software suggests the most appropriate index for a specific set of photos based on the images indicated as examples. Color segmentation is also performed to reduce the number of colors using k-means clustering, which classifies colors based on similarity. The software calculates each pixel separately to create a mask. Then, it uses thresholding of the computed value and several other techniques, such as a median filter, to count pixels corresponding to plants and eliminate background pixels (Padmavathi and Thangadurai, 2016). The result of the photos processed this way is the number of pixels corresponding to the plants in the frame; the results are presented as arbitrary units ( $1 \text{ a.u.} = 0.1 \text{ Mpix} \cdot 0.92 \text{ m}^{-2}$ ).

Plant mask			Colour	Background mask			Colour
R	G	B		R	G	B	
54	97	71		32	29	70	
159	181	135		51	73	61	
192	213	146		46	37	32	
134	158	82		21	20	16	
163	184	127		36	33	28	
141	160	115		46	41	35	
56	74	62		28	27	23	
104	136	85		216	178	139	
62	77	46		36	31	27	
67	86	56		216	191	160	

**Fig. 3** The share of RGB (red green blue) colors in the colors marked as a plant and as a background in one of the 10 photos used to define the plant and background masks.

### Statistical analysis

The statistical analysis of the obtained results was based on analysis of variance (ANOVA). The cultivars were tested in the aspect of yield ( $\text{t} \cdot \text{ha}^{-1}$ ) and canopy density in autumn and spring, (expressed in arbitrary units: Mpix per unit area). The analysis was carried out using RnDExp software, developed by the French company DORIANE and intended for agronomic and biological research, supporting the creation of new plant cultivars and management of technical information. Illustrations of the obtained results are presented in the form of box-and-whisker plots (Doriane, 2024); show minimum, maximum and quartile values. The analysis of Pearson correlation coefficients was performed in an MS Excel spreadsheet using the XLMiner Analysis ToolPak.

### Results and Discussion

The experiment was carried out in accordance with the principles of agrotechnics; there were no significant deficiencies in emergence and no damage by pests, and the plots were maintained on an ongoing basis in compliance with the require-

ments for agrotechnical levels. Weather conditions in autumn in terms of temperatures were at the multiannual average level, except for the second decade of October, which was 5 degrees warmer than the average ( $14^{\circ}\text{C}$  vs.  $9^{\circ}\text{C}$ ), which could have had a positive impact on seed germination (Fig. 1). There was variation in the tested cultivars in terms of seed vigor and germination strength, which resulted in different plot densities (Fig. 4 and Fig. 5).

The winter was abnormally warm; the average temperature in December-February was  $3^{\circ}\text{C}$  compared to  $0^{\circ}\text{C}$  recorded for many years. The spring temperature, March-April, was standard (Fig. 1). However, rainfall totals were lower - in autumn, from the second decade of October to the first decade of November, 13% of the average rainfall for the multiannual period (192 mm) fell, which was to some extent compensated by rainfall at the beginning of autumn. Sowing was carried out at the beginning of October so that the seeds had good conditions for germination. The spring was also dry, with only 15% of the average multiannual rainfall (from the second decade of March to the end of April, the average multiannual rainfall was 216 mm) and then wilting of plants of some genotypes was observed (unpublished data). In spring, it was also possible to observe genotype-dependent damage to plants after winter, poorer conditions, and health of some genotypes, which were compensated mainly by plants at later stages of vegetation (unpublished data). Noticeable differences in plot filling and changes in plant population after winter were especially visible when comparing photos of less dense plots (Fig. 4b, Fig. 5b), which was undoubtedly influenced by weather conditions (Bednarek et al., 2011, Oleksiak et al., 2022, Skłodowski and Bielska, 2009, Ugla, 1981). The significance level of differences between genotypes was  $p \leq 0.05$  for yield and  $p \leq 0.11$  for canopy density (Tab. 1).

The statistically assessed differentiation of the examined cultivars was poor, especially in terms of canopy density. Soil variability could also have had an impact on this score. Currently, we only have soil classification based on chemical analyses performed in accordance with the Polish Standard PN-R-04031-1997 every few years. The obtained result indicates that it would be valuable to scan fields in parallel before setting up experiments to assess soil variability as a factor influencing the final effect, yield and yield stability, and invariable determinants of the market value of cultivars (Austin, 1993). Real-time soil scanning for given GPS coordinates, an element of precision agriculture, uses the soil's electromagnetic and electrical conductivity measurement techniques. A map is prepared of the content of organic matter and water capacity of the soil, as well as other parameters, such as nutrient content, salinity,

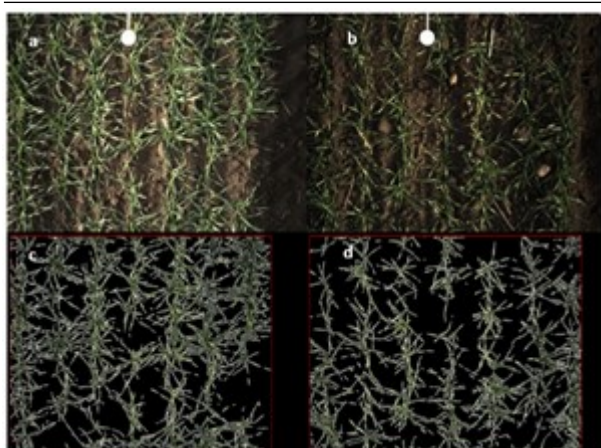


Fig. 4. HTPP of canopy density in autumn: original photos (a) well and (b) less dense canopy and the same photos processed using MorphoAnalyser software (c, d).

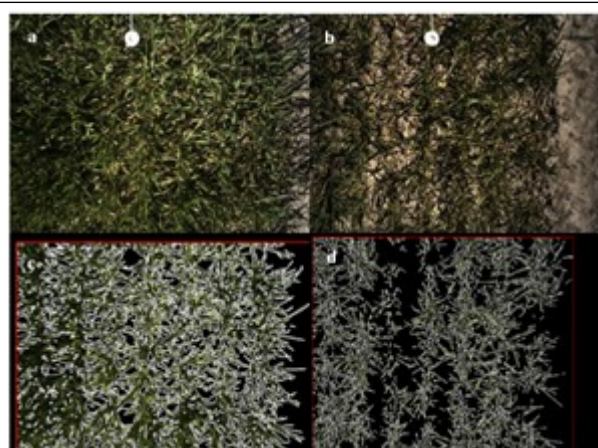


Fig. 5. HTPP of canopy density in spring: original photos (a) well and (b) less dense canopy and the same photos processed using MorphoAnalyser software (c, d).

Table 1  
Yield and canopy density in autumn and spring of 12 cultivars of winter triticale subjected to HTPP phenotyping. Grouping based on LSD test with a probability of 95%

Numerical ID	Cultivar	Yield (t·ha <sup>-1</sup> )		Autumn canopy density (a.u.*)		Spring canopy density (a.u.*)	
		Ranking	Mean	Ranking	Mean	Ranking	Mean
6	Octavio	1	10.02	2	1.61	2	53.43
7	Orinoko	2	9.86	4	1.49	8	51.15
1	<b>Belcanto</b>	3	9.83	2	1.53	3	53.38
12	Medalion	4	9.65	1	1.62	1	54.60
10	Gringo	5	9.34	7	1.38	4	52.82
4	<b>Porto</b>	6	9.29	10	1.22	10	46.45
11	SU Liborius	7	9.12	5	1.39	5	52.76
9	Toro	8	8.91	6	1.39	6	51.64
8	Tadeus	9	8.68	9	1.27	7	51.44
5	Trapero	10	8.02	11	1.22	11	46.13
2	Dolindo	11	7.82	8	1.32	9	49.78
3	<b>Meloman</b>	12	7.77	12	1.13	12	41,52
Mean			9.03		1.38		50.42
Controls mean			8.96		1.30		47.12
LSD (5%)			1.58		0.34		8.49
Tukey HSD (5%)			2.77		0.60		14.89
α			0.05		0.11		0.12
Variation coefficient			11.93		16.91		11.48

\*a. u. - arbitrary units; 1 a. u. = 0.1 Mpix·0.92 m<sup>2</sup>

field capacity of the soil (soil condition in which water has drained from larger soil pores and is replaced by air), permanent wilting point of plants (soil moisture at which signs of permanent wilting of plants appear), cation exchange capacity (cation exchange capacity) (Skudlarski, 2023). During the visual evaluation of experiments, the breeder rec-

ords the rating in relative scale units in the field book. At the same time, the HTPP protocol assumes the collection of partial data, which is then evaluated using statistical methods. A field map, built on measurements taken in places from which phenotypic data is collected, is necessary to inter-

pret phenotypic data along with soil quality indicators at the points where the shots were taken.

Yield is the primary determinant of the cultivar's market value. It results from a sum of environmental impacts, and, just like the visual evaluation, is, in a sense, an average value of micro differences conditioned by local differences in the quality of the arable layer. Greater precision in data collection in the HTPP system requires refinement of the methods of averaging them after introducing corrections for a precise location. GPS is needed to build the correct yield model (Rybka and Nita, 2014). This does not diminish the result of the experiment, which shows that automatic HTPP phenotyping can be performed at the plant tillering stage, and the results can be independently analyzed using intuitive software based on building masks of objects and backgrounds. In such a case, it is not necessary to use complex, convolutional neural networks (CNN) (Stefański et al. 2024). Showing this possibility was the aim of this publication. Implementing the HTPP approach into breeding practice requires further work to formulate an effective procedure.

In the experiment, the highest-yielding cultivars were Octavio, Orinoco, Belcanto, and Milan, above 9.5 t·ha<sup>-1</sup>, and they were also characterized by the highest canopy density, from 1.49 to 1.62 a.u. The reference cultivars in the PDO experiment for winter triticale in the 2019/2020 season were Belcanto, Porto, and Meloman. Their average yield in our experiment was 8.96 t·ha<sup>-1</sup>, and the canopy density was 1.30 a.u. The following yields were higher than the standard: Octavio, Orinoko, Medalion, Gringo, SU Liborius, and the Toro variety had a canopy density higher than the standard, yielding 99.4% of the standard (Tab. 1).

The level of agrotechnical treatments did not significantly impact the average yield of the tested cultivars, which could be due to the environmental

conditions already discussed. Therefore, to obtain clarity in the interpretation of the results for varieties, the A1 and A2 data were averaged for both yield (Fig. 6) and canopy density in autumn (Fig. 7) and spring (Fig. 8). Despite the lack of a statistically significant difference, the A2 level of agrotechnical treatment had a higher yield, which confirms the fact that better protection and more excellent fertilization provide a chance to increase the yield of crops (Drzazga et al., 2013).

Table 2 presents the values of Pearson's correlation coefficients for HTPP, canopy density in autumn and spring, and winter triticale yield and Figure 9 shows the linear charts for those relations. The high correlation coefficient of 0.79 gives hope for the effectiveness of HTPP in phenotyping canopy density, developing the method for other species in Plant Breeding Strzelce, and expanding and improving the high-throughput platform for field observations and building new breeding procedures.

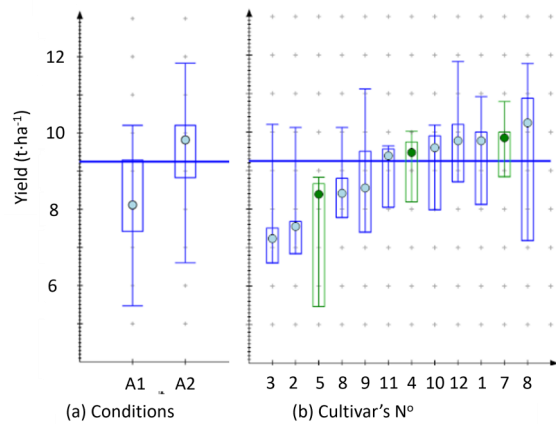


Fig. 6. Boxplot charts for yield depending on: (a) agrotechnical conditions A1 and A2 (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.

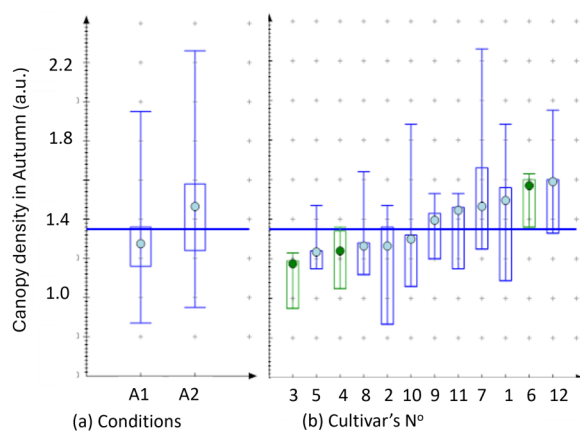


Fig. 7. Boxplot charts for canopy density in the autumn (a) depending on agrotechnical conditions A1 and A2 and (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.

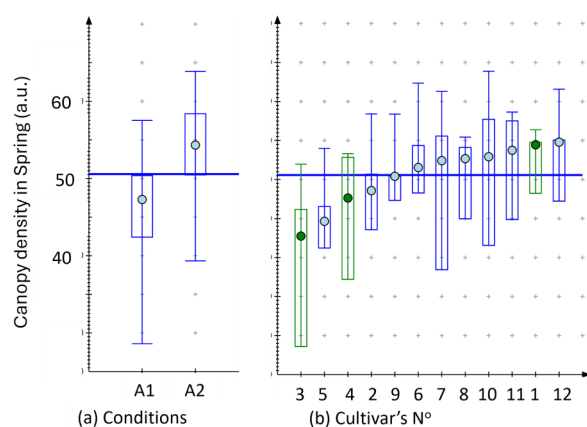
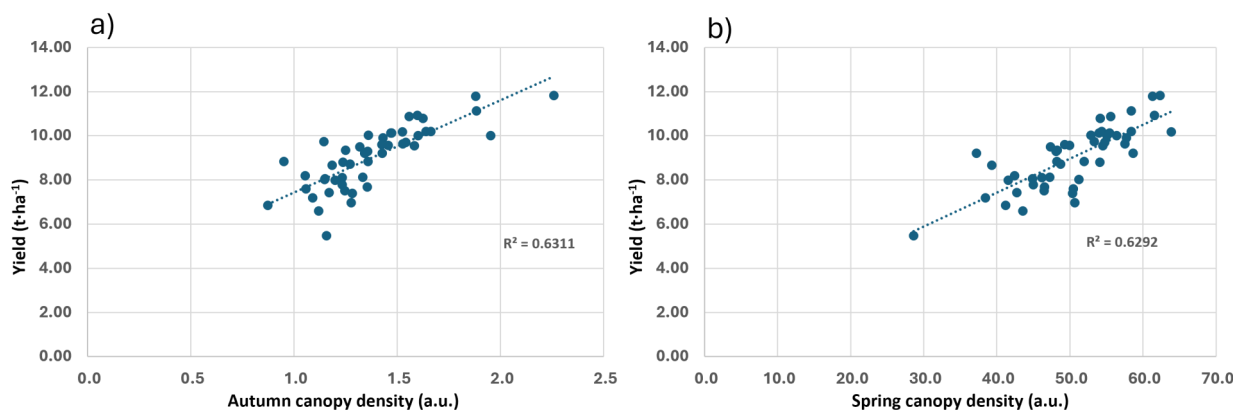


Fig. 8. Boxplot charts for canopy density at spring (a) depending on agrotechnical conditions A1 and A2 and (b) the tested cultivars. Charts generated by Doriane software.

**Table 2**  
**Pearson's correlation coefficients between yield and canopy density in autumn and spring, as well as correlations between canopy density in seasons**

	Autumn canopy density	Spring canopy density	Yield
Autumn canopy density	1		
Spring canopy density	0.688	1	
Yield	0.794	0.793	1



**Fig. 9.** Relation of winter triticale yield ( $\text{t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) and canopy density (a) in autumn and (b) in spring. a. u. - arbitrary units; 1 a. u. =  $0.1 \text{ Mpix}\cdot 0.92\cdot\text{m}^{-2}$ .

## Conclusions

- High-throughput HTPP phenotyping using different cameras requires new data processing and analysis methods;
  - It should be checked whether the precision of the results can be increased by taking into account correction factors resulted from the soil quality;
- A strong positive correlation of canopy density assessed using HTPP with yield (0.79) is an important result for breeding and can be implemented as a selection parameter for high-yielding cultivars.

## Literature

- Austin, R.B. (1993). Augmenting yield-based selection, in: M. D. Hayward, et al. (Eds.), *Plant Breeding: Principles and Prospects* Springer Netherlands, Dordrecht. pp. 391-405.
- Bednarek, R., Dziadowiec, H., Pokojaska, U., Prusinkiewicz, Z. (2011). *Badania gleboznawczo- ekologiczne*. PWN, Warszawa, ISBN 83-01-14216-2, p. 343.
- Daloso D. D. M., Williams, T. C. R. (2021). Current Challenges in Plant Systems Biology, in: F. V. ischi Winck (Ed.), *Advances in Plant Omics and Systems Biology Approaches*, Springer International Publishing, Cham. pp. 155-170.
- Doriane. (2024). Agronomy driven by data. <https://www.doriane.com>. Data dostępu, 15.03.2024.

## Financial support

Research was carried out as part of the project POIR-01.01.01-00-0782/16-00 (National Center for Research and Development, R&D activities of the Smart Growth Operational Program 2014-2020 co-financed by the European Regional Development Fund), entitled: "Obtaining a new generation of Polish cultivars of rapeseed, cereals and legumes resistant to new breeds of pests, with better mitigation and adaptation capabilities to climate change, with appropriate technological features required by consumers and industry".

- Drzazga, T., Krajewski, P., Śmiałek, E. (2013). Wykorzystanie różnych poziomów intensywności agrotechniki w hodowli pszenicy ozimej. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 270, 3-16. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2013-0001>

European Commission (20.05.2020) Reinforcing Europe's resilience: halting biodiversity loss and building a healthy and sustainable food system. An official website of the European Union, [https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip\\_20\\_884](https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip_20_884); The European Green Deal, [https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal\\_en](https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal_en); Farm to Fork Strategy, [https://food.ec.europa.eu/horizontal-topics/farm-fork-strategy\\_en](https://food.ec.europa.eu/horizontal-topics/farm-fork-strategy_en). Access date: 22.02.2024.

- Großkinsky, D. K., Svendsgaard, J., Christensen, S., Roitsch, T. (2015). Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. *Journal of Experimental Botany*, 66, 5429-5440. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erv345>
- Hurgobin, B., Edwards, D. (2017). SNP Discovery Using a Pangenome: Has the Single Reference Approach Become Obsolete? *Biology*, 6, 21. DOI: <https://doi.org/10.3390/biology6010021>.
- Kanehisa Laboratories, Fukuoka – Kyoto – Tokyo (15.01.2024). KEGG Pathway Database. Wiring diagrams of molecular interactions, reactions and relations. <https://www.genome.jp/kegg/pathway.html>. Access date: 22.02.2024.
- Long, T. A., Brady, S. M., Benfey, P. N. (2008). Systems approaches to identifying gene regulatory networks in plants. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 24, 81-103. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.cellbio.24.110707.175408>
- Matysik P., Nita Z., Matysik E. (2007). Skuteczność kryteriów selekcji pszenicy ozimej w pokoleniu F4 na podstawie komponentów plonu. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 244, 99-110. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2007-0049>
- Mir, R. R., Reynolds, M., Pinto, F., Khan, M. A., Bhat, M. A. (2019). High-throughput phenotyping for crop improvement in the genomics era. *Plant Science*, 282, 60-72. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.01.007>
- Ninomiya, S. (2022). High-throughput field crop phenotyping: current status and challenges. *Breeding Science*, 72 (1), 3-18. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21069>
- Ndour, A., Vadez, V., Pradal, C., Lucas, M. (2017). Virtual plants need water too: Functional-structural root system models in the context of drought tolerance breeding. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1577. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01577>
- Oleksiak, T., Spyroglou, I., Pachoń, D., Matysik, P., Pernisova, M., Rybka, K. (2022). Effect of drought on wheat production in Poland between 1961 and 2019. *Crop Science*, 62, 728-743. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20690>
- Padmavathi, K., Thangadurai, K. (2016.) Implementation of RGB and grayscale images in plant leaves disease detection – comparative study. *Indian Journal of Science and Technology*, 9(6), 1-7. DOI: <https://doi.org/10.17485/ijst/2016/v9i6/77739>
- Pieruschka, R., Lawson, T. (2015). Phenotyping in plants. *Journal of Experimental Botany*, 66, 5385-5387. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erv395>
- Rapid Tables. (2024) Tabela kolorów RGB. [https://www.rapidtables.org/pl/web/color/RGB\\_Color.html](https://www.rapidtables.org/pl/web/color/RGB_Color.html). Access date: 13.03.2024.
- Rozbicki, J., Gozdowski, D., Studnicki, M., Mądry, W., Golba, J., Sobczyński, G., Wijata, M. (2019.) Management intensity effects on grain yield and its quality traits of winter wheat cultivars in different environments in Poland. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities*, 22(1), 1. DOI: <https://doi.org/10.30825/5.ejpaup.168.2019.22.1>
- Rybka, K. (2018). Fenotypowanie roślin. Konferencja EPPN 2020 w Tartu/ Estonia. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 282, 161-174. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2017-0022>
- Rybka, K. (2023). Najnowsze doniesienia z zakresu biotechnologii i hodowli zbóż: CBB7 siódma konferencja Cereal Biotechnology and Breeding w Wernigerode, Niemcy. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 300, 77-89. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2023-0014>
- Rybka K., Nita Z. (2015). Physiological requirements for wheat ideotypes in response to drought threat. *Acta Physiologiae Plantarum*, e37, 1-13. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11738-015-1844-5>
- Skłodowski, P., Bielska, A. (2009). Properties and fertility of soils in Poland: A basis for the formation of agro-environmental relations. In Polish: Właściwości i urodzajność gleb Polski: podstawa kształtowania relacji rolno-środowiskowych. *Woda-Środowisko-Obszary Wiejskie*, 9(28), 203-214. <http://yadda.icm.edu.pl/baztech/element/bwmeta1.element.baztech-article-BATC-0002-0057>
- Skudlarski, J. (2023). Skanowanie elektromagnetyczne gleby – element rolnictwa precyzyjnego. *Wiadomości Rolnicze Polska*. <https://www.wrp.pl/skanowanie-elektromagnetyczne-gleby-element-rolnictwa-precyzyjnego/>. Access date: 16.03.2024.
- Stefański, P., Ullah, S., Matysik, P., Rybka, K. (2024). Triticale field phenotyping using RGB camera for ear counting and yield estimation. *Journal of Applied Genetics*, 65, 271-281. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-024-00835-6>.
- Sun, C., Dong, Z., Zhao, L., Ren, Y., Zhang, N., Chen, F. (2020). The Wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 18, 1354-1360. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13361>
- Uggla, H. (1981). *Gleboznawstwo rolnicze*. PWN, Warszawa, ISBN 83-01-00237-9, p. 557.
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguine, K., Garland-Campbell, K. A., Yu, J., Li, X. (2023). Streamline unsupervised machine learning to survey and graph indel-based haplotypes from pan pan-genomes. *Molecular Plant*, 16, 975-997. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.05.005>



# Wstępna ocena ekstraktów owoców i pędów *Actinidia arguta* za pomocą profilowania TLC

Preliminary evaluation of fruit and shoot extracts of *Actinidia arguta* using TLC profiling

Anna Kondej✉

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

✉a.kondej@ihar.edu.pl

Owoce od wieków są nieodłącznym elementem diety człowieka. Jednym z bardzo popularnych owoców o wyjątkowym, aromatycznym smaku, zawierającym wiele składników odżywczych jest owoc *Actinidia*, popularnie zwany owocem kiwi. Do rodzaju *Actinidia* należy wiele gatunków, część z nich jest od wielu lat dostępna handlowo, a niektóre są nowym owocem na rynku. Przykładem takiego gatunku jest *Actinidia arguta* (Siebold et Zucc.) Planch. ex. Miq. (tzw. minikiwi), który wyróżnia się względnie małym (około 5 cm długości), w porównaniu do owoców gatunku *Actinidia chinensis* rozmiarem owoców oraz możliwością spożywania ich wraz ze skórką. *A. arguta* jest jednym z najbogatszych źródeł wielu związków biologicznie aktywnych, które pozytywnie wpływają na ludzki organizm; są to m.in. witamina C, witaminy z grupy B i związki fenolowe (flawonoidy oraz kwasy fenolowe). W celu oceny składu chemicznego rośliny *A. arguta* zbadano części zielone tej rośliny oraz jej owoce, metodami chromatografii cienkowarstwowej. W badaniu zastosowano profilowanie chemiczne, które potwierdziło wysoką zawartość związków fenolowych oraz naturalnie występujących cukrów.

**Słowa kluczowe:** *Actinidia arguta*, Aktinidia, chromatografia cienkowarstwowa, profilowanie chemiczne, związki fenolowe

Fruits have been an integral part of the human diet for centuries. One very popular fruit, with a unique taste and containing many nutrients is the Actinidia fruit, commonly known as the kiwi fruit. The *Actinidia* genus includes many species, some of which have been commercially available for many years and some are new fruits on the market. An example of such a species is *Actinidia arguta* (Siebold et Zucc.) Planch. ex. Miq. (the so-called kiwiberry), which is distinguished by its relatively small fruit size (about 5 cm long) compared to the fruit of the species *Actinidia chinensis* and the possibility of eating it with the skin. The *A. arguta* is one of the largest sources of many biologically active compounds that positively affect the human body; these include vitamin C, B vitamins and phenolic compounds (flavonoids and phenolic acids). To evaluate the chemical composition of the *A. arguta* plant, the green parts of the plant and its fruits were examined by thin-layer chromatography methods. Chemical profiling was used to confirm the high content of phenolic compounds and naturally occurring sugars.

**Key words:** *Actinidia arguta*, *Actinidia*, thin-layer chromatography, chemical profiling, phenolic compounds

## Wstęp

We współczesnym świecie, w którym mimo postępu cywilizacyjnego, ludziom nadal towarzyszą różne choroby, coraz więcej osób, chcąc zminimalizować ryzyko ich wystąpienia, decyduje się na prowadzenie tzw. „zdrowego stylu życia”. Pojęcie „zdrowego stylu życia” może być postrzegane na różne sposoby, gdyż składa się ono z wielu czynników, takich jak np. aktywność fizyczna, odpowiednia dieta, higiena snu i komfort psychiczny.

Odpowiednia dieta wiąże się ze świadomym doбором produktów. Z każdym rokiem rośnie świadomość ludzi i ich wiedza na temat żywienia. Szczególną uwagę przyciągają produkty pochodzenia naturalnego, a zwłaszcza te nieprzetworzone np. zboża, warzywa i owoce. Popularnymi owocami, zawierającymi wiele składników odżywczych są owoce actinidii.

Ze źródeł historycznych wiemy, że rośliny z rodzaju *Actinidia* od dawna były i są stosowane w Chińskiej Medycynie Ludowej (Tan i in.,

2021). Charakteryzuje je duża zawartość składników odżywczych, takich jak: błonnik pokarmowy, cukry, witamina C oraz witamina E, minerały, kwasy tłuszczowe omega-3 i przeciwutleniacze, które pozytywnie wpływają na zdrowie człowieka, a szczególnie na układ pokarmowy oraz sercowo-naczyniowy (Ma i in., 2017). Ponadto właściwości enzymatyczne kiwi sprzyjają poprawie kondycji układu pokarmowego poprzez wspomaganie trawienia. Mogą też służyć jako naturalne antyoksydanty, chroniące organizm przed utleniającymi czynnikami zewnętrznymi oraz jako dodatki do żywności (Tan i in., 2021).

Niektóre gatunki z rodzaju *Actinidia* są dobrze znane człowiekowi i spożywane od wielu lat, a inne są nowym owocem na rynku. Gatunkiem stosunkowo niedawno wprowadzonym na większą skalę jest *Actinidia arguta* (Aktinidia ostrolistna), należąca do sekcji *Leiocarpae* (Latocha, 2019). Owoce tego gatunku znane są w różnych krajach pod nazwą: kiwiberry, minikiwi, kiwi winogronowe, kiwi północne, kiwi młode lub jagody kiwi (Wojdyło, 2019). *A. arguta* pochodzi z Syberii,



Rosyjskiego Dalekiego Wschodu i krajów Azji Wschodniej (m.in. Chin). Spośród innych gatunków popularnie uprawianych (np. *A. chinensis*) wyróżnia się mniejszym rozmiarem owoców oraz możliwością spożywania ich wraz ze skórką. Dzięki tym cechom owoce *A. arguta* sprzedawane są w małych pojemnikach (zwykle 125g) i traktowane jako zdrowa przekąska „super snack” (Latocha, <https://www.clematis.com.pl/informacje-o-roslinach/eksperci-radza/dr-hab-piotr-latocha/971-towarowa-produkcja-owocow/>).

Ze względu na walory smakowe owoców *A. arguta*, ale przede wszystkim zawartość związków bioaktywnych (m.in. witaminy C, witamin z grupy B, związków fenolowych i naturalnie występujących cukrów) (Zhang i in., 2021) podjęto wstępne badania dotyczące porównania dwóch sposobów ekstrakcji poszczególnych składników z wysuszonych pędów oraz zliofilizowanych owoców tego gatunku. Materiał poddano także wstępnej, ogólnej ocenie dotyczącej obecności grup związków bioaktywnych. W przeprowadzonych badaniach wykorzystano chromatografię cienkowarstwową do profilowania chemicznego związków występujących w wyżej wymienionych częściach różnych odmian *A. arguta*.

## Material i metody

Materiał badawczy stanowiły próbki pędów *in vivo* dwóch odmian *A. arguta* oraz dwie próbki owoców tych samych odmian *A. arguta*. Analizowane metodami chromatografii cienkowarstwowej (TLC), około 5-6-letnie, pędy zebrano w czerwcu i wysuszono w temperaturze pokojowej, w przewiewie, a następnie zmielono. Owoce, zebrane w październiku, w fazie dojrzałej, poddano kolejno mrożeniu i liofilizacji. Materiał został dostarczony przez firmę Clematis (<https://www.clematis.com.pl>). Badaniom poddano dwie odmiany żeńskie – *A. arguta* „Geneva” oraz *A. arguta* „Weiki”.

W celu ustalenia optymalnego czynnika ekstrakcyjnego, w buteleczkach z ciemnego szkła przygotowano po dwie naważki każdej z prób, po 0,5g. Do pierwszej części dodano 5ml roztworu metanol:woda (70:30 v/v) (4 próby), a do drugiej części 5ml metanolu (4 próby). Tak przygotowane roztwory umieszczono w ciemnym miejscu i macerowano przez 3 doby. Po zakończonym procesie maceracji próby przesączono w celu oddzielenia ekstraktu od próbki stałej. Przygotowane ekstrakty nanoszono na płytki pokryte żelazem krzemionkowym wykorzystując automatyczny aplikator Linomat 5, sterowany programem komputerowym winCATS wersja 1.4.2. (Camag, Muttenz, Szwajcaria). Do rozdzielania chromatograficznego wykorzystano poziome komory typu DS-L oraz typu DS-II -20 × 10 (Chromdes, Lublin, Polska). Fazą ruchomą użytą w prowadzonych badaniach była mieszanina: octan etylu:metanol:woda

(70:20:10 v/v/v). Zdjęcia wykonano z użyciem kamery wideo firmy Camag.

Do wykrycia określonych grup związków zastosowano metodę profilowania chemicznego, w której wykorzystano następujące odczynniki derywatyzacyjne: odczynnik NP-PEG (NP – odczynnik będący naturalnym produktem, PEG – roztwór glikolu polietylenowego) oraz PABA (kwas p-aminobenzoowy). W celu pokrycia płytki odczynnikiem derywatyzacyjnym użyto ręczny i automatyczny spryskiwacz do płytek TLC (Camag, Muttenz, Szwajcaria), w przypadku odczynnika PABA płytkę po derywatyzacji podgrzewano płytą grzewczą do płytek TLC (Camag, Muttenz, Szwajcaria).

Zastosowanie odczynnika NP-PEG pozwala na wykrycie związków fenolowych oraz związków należących do grupy chlorofili. Dzięki zróżnicowaniu kolorystycznemu plamek dokonujemy identyfikacji typu związku. Płytki zawierające rozwinięte chromatogramy spryskano ręcznie 1% roztworem NP i po wyschnięciu 5% roztworem PEG. Obrazy chromatogramów TLC uzyskano wykonując zdjęcia z podświetleniem lampą UV – długość fali 366 nm.

W celu detekcji cukrów i koniugatów cukrowych wykonano derywatyzację odczynnikiem PABA. Rozwinięte na płytkach chromatogramy spryskano odczynnikiem, a po wyschnięciu podgrzewano płytki na płycie grzewczej przez 5min w temperaturze 140°C. Obrazy chromatogramów TLC zarejestrowano z podświetleniem lampą UV – długość fali 366 nm.

Uzyskane wyniki nie były poddane analizie statystycznej. Oceny dokonano w sposób subiektywny, ujawnione poszczególne strefy na chromatogramach porównano pod względem wielkości oraz intensywności koloru.

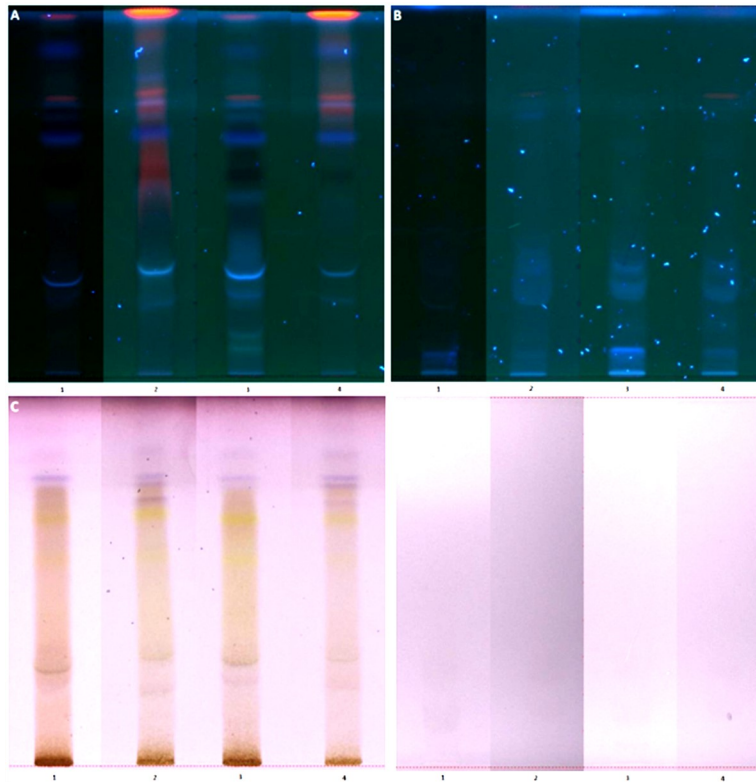
## Wyniki i dyskusja

W celu porównania czynników ekstrahujących rozwinięto chromatogramy z ekstraktów dwóch odmian pędów *in vivo* oraz dwóch odmian owoców. Otrzymane chromatogramy, bez zastosowania odczynnika derywatyzacyjnego, sfotografowano przy długości fali 366 nm dla pędów (Rys. 1A) i dla owoców (Rys. 1B) oraz w świetle widzialnym, dla pędów (Rys. 1C) i dla owoców (Rys. 1D). Na chromatogramach sporządzonych z ekstraktów pędów (Rys. 1A i 1C) zaobserwowano wiele plamek pojawiających się w szerokim zakresie. W przypadku próbek owoców na chromatogramach (Rys. 1B i 1D) uzyskano znacznie mniej plamek występujących w całym zakresie. Porównując uzyskane chromatogramy można stwierdzić, że ekstrakty pędów *in vivo* zawierały większą ilość różnego rodzaju związków chemicznych.

Na chromatogramach uzyskanych z ekstraktów pędów (Rys. 1A i 1C) materiał ekstrahowany roztworem metanol:woda (70:30 v/v) ujawnił pa-

sma o większej intensywności zabarwienia oraz o większej ilości plamek w porównaniu do materiału ekstrahowanego metanolem. W przypadku

prób owoców sposób ekstrakcji nie wpłynął istotnie na ilość obserwowanych plamek na chromatogramach (Rys. 1B i 1D).



Rys. 1. Chromatogramy TLC ekstraktów z pędów *in vivo* *Actinidia arguta* (A – długość fali 366 nm, C – światło widzialne) oraz z owoców *Actinidia arguta* (B – długość fali 366 nm, D – światło widzialne): 1 – „Geneva” (ekstrahowane metanol:woda 70:30 v/v), 2 – „Geneva” (ekstrahowane 100% metanolem), 3 – „Weiki” (ekstrahowane metanol:woda 70:30 v/v), 4 – „Weiki” (ekstrahowane 100% metanolem).

Fig. 1. TLC chromatograms of *in vivo* extracts from *Actinidia arguta* shoots (A – wavelength 366 nm, C – visible light) and *Actinidia arguta* fruits (B – wavelength 366 nm, D – visible light): 1 – „Geneva” (extracted methanol:water 70:30 v/v), 2 – „Geneva” (extracted with 100% methanol), 3 – „Weiki” (extracted methanol:water 70:30 v/v), 4 – „Weiki” (extracted with 100% methanol).

W przeprowadzonych badaniach wykonano również profilowanie chemiczne dla uzyskanych ekstraktów z pędów *in vivo* oraz z owoców *A. arguta*, wykorzystując w tym celu derywatyzację odczynnikami NP-PEG oraz PABA.

#### Test z zastosowaniem odczynnika NP-PEG

Otrzymane chromatogramy z ekstraktów pędów (Rys. 2A) oraz owoców (Rys. 2B) znacznie różniły się intensywnością kolorów plamek. Chromatogram sporządzony z ekstraktów pędów (Rys. 2A) posiadał szerokie, wyraźne dwie strefy – żółtą oraz niebieską. Według Choma i in. (2022), w opisanych powyżej warunkach derywatyzacji, zabarwienia żółte, niebieskie i czerwone odpowiadają występowaniu, odpowiednio: flawonoidów, kwasów fenolokarboksylowych, chlorofilów. Chromatogram sporządzony z ekstraktów owoców (Rys. 2B) zawierał strefy o względnie małej intensywności koloru, co najprawdopodobniej świadczy o niższej zawartości związków fenolowych i chlorofilów w owocach niż w pędach.

Porównując chromatogram z ekstraktów sporządzonych dla pędów (Rys. 2A) stwierdzono, że

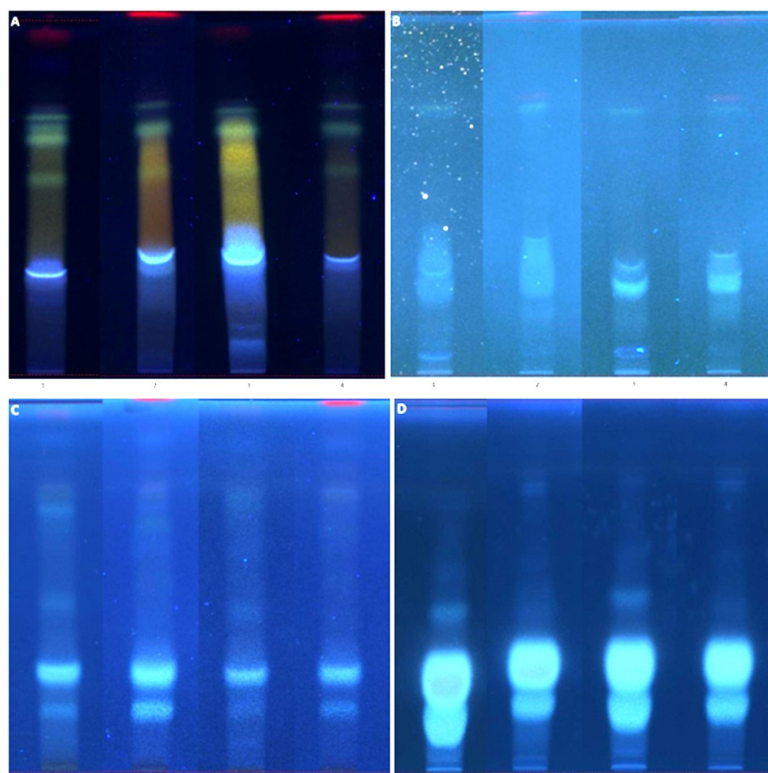
próbki ekstrahowane metanolem cechowały się bardziej intensywną czerwoną strefą w porównaniu do próbek ekstrahowanych roztworem metanol:woda (70:30 v/v), w przypadku stref żółtych i niebieskich różnica ta nie była zauważalna. Natomiast na chromatogramie z ekstraktów sporządzonych dla owoców (Rys. 2B) sposób ekstrakcji nie wpłynął na wielkość i intensywność poszczególnych stref. Próbki ekstrahowane roztworem metanol:woda (70:30 v/v) wykazały większą ilość wyodrębnionych stref w całym zakresie pasma.

#### Test z zastosowaniem odczynnika PABA

Zgodnie z danymi literaturowymi, obecność cukrów w badanym materiale ujawnia się w postaci jasno i intensywnie świecących stref (Szeremeta, 2019). Na chromatogramie sporządzonym z ekstraktów pędów (Rys. 2C) zaobserwowano jasno i intensywnie świecące podwójne strefy. Dla próbek ekstrahowanych metanolem strefy te były bardziej wyraźne. Próbki owoców na chromatogramie (Rys. 2D) wykazały znacznie bardziej intensywne i większe strefy niż te na chromatogramie uzyskanym z ekstraktów pędów

(Rys.2C). W przypadku owoców dla próbek ekstrahowanych roztworem metanol:woda 70:30 (v/v) strefy były wyraźniejsze i większe, a dodatko-

wo pojawiła się trzecia strefa, ale o mniejszej intensywności.



Rys. 2. Chromatogramy TLC wykonane przy UV 366 nm dla ekstraktów z pędów *in vivo* *Actinidia arguta* (A – derywatywacja NP-PEG, C – derywatywacja PABA) oraz z owoców *Actinidia arguta* (B – derywatywacja NP-PEG, D – derywatywacja PABA): 1 – „Geneva” (ekstrahowane metanol:woda 70:30 v/v), 2 – „Geneva” (ekstrahowane 100% metanolem), 3 – „Weiki” (ekstrahowane metanol:woda 70:30 v/v), 4 – „Weiki” (ekstrahowane 100% metanolem).

Fig. 2. TLC chromatograms made at UV 366 nm for *in vivo* extracts of *Actinidia arguta* shoots (A – NP-PEG derivatization, C – PABA derivatization) and *Actinidia arguta* fruits (B – NP-PEG derivatization, D – PABA derivatization): 1 – „Geneva” (extracted methanol:water 70:30 v/v), 2 – „Geneva” (extracted with 100% methanol), 3 – „Weiki” (extracted methanol:water 70:30 v/v), 4 – „Weiki” (extracted with 100% methanol).

## Wnioski

- 1) W pędach *in vivo* występowały liczne typy związków chemicznych, spośród których dużą grupę mogą stanowić związki fenolowe.
- 2) Ekstrakty owoców minikiwi zawierały znaczne ilości związków fenolowych oraz cukrów.
- 3) Obecność związków fenolowych w analizowanych częściach minikiwi może świadczyć o właściwościach przeciwutleniających owoców i pędów *A. arguta*.
- 4) Pomiędzy profilami próbek ekstrahowanych czystym metanolem oraz ekstrahowanych mieszaniną metanol:woda nie zaobserwowano różnic. Jednak cukry, jako związki polarne lepiej ekstrahowały się mieszaniną

- 5) Przyszłe plany badawcze obejmują dalszą optymalizację metody profilowania chemicznego pod kątem zawartości związków bioaktywnych. Modyfikacje będą dotyczyły zwłaszcza fazy ruchomej.

*Badania wykonane w ramach pracy magisterskiej na Uniwersytecie Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie w Katedrze Chromatografii pod kierunkiem dr hab. Ireny M. Chomy, prof. UMCS.*

*Składam podziękowania dla Pani prof. dr hab. Agnieszki Szopy (Uniwersytet Jagielloński, Katedra i Zakład Botaniki Farmaceutycznej) za przygotowanie i podarowanie materiału badawczego.*

## Literatura

Ma T., Sun X., Zhao J., You Y., Lei Y., Gao G., Zhan J., 2017, Nutrient compositions and antioxidant capacity of kiwifruit (*Actinidia*) and their relationship with flesh

color and commercial value, Food Chemistry, 218, 294-304.

- Tan C., Wang Z., Feng X., Irfan M., Changjiang L., 2021, Identification of bioactive compounds in leaves and fruits of *Actinidia arguta* accessions from northeastern China and assessment of their antioxidant activity with a radical-scavenging effect, *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35, 594-607.
- Wojdyło A., Nowicka P., 2019, Anticholinergic effects of *Actinidia arguta* fruits and their polyphenol content determined by liquid chromatography-photodiode array detectorquadrupole/time of flight-mass spectrometry (LC-MS-PDA-Q/TOF), *Food Chemistry*, 271, 216-223.
- Latocha P., 2019, Aktinidia ostrolistna – wartościowy gatunek o dużych walorach ozdobnych i potencjale produkcyjnym, *Rocznik Polskiego Towarzystwa Dendrologicznego*, 67, 61-68.
- Latocha P., Mini kiwi – towarowa produkcja owoców [dokument WWW]. Adres URL <https://www.clematis.com.pl/informacje-o-roslinach/eksperci-radza/dr-hab-piotr-latocha/971-towarowa-produkcja-owocow/>
- Zhang J., Tian J., Gao N., Gong E. S., Xin G., Liu C., Si X., Sun X., Li B., 2021, Assessment of the phytochemical profile and antioxidant activities of eight kiwi berry *Actinidia arguta* (Siebold & Zuccarini) Miquel varieties in China, *Food Science & Nutrition*, 20, 5616-5618.
- Choma I. M., Nikolaichuk H., 2022, TLC bioprofiling – a tool for quality evaluation of medicinal plants w „Evidence-Based Validation of Herbal Medicine” wydanie drugie, edytor Pułok K. Mukherjee, wydawnictwo Elsevier, 16, 407-422.
- Szeremeta D., 2019, Skład chemiczny rośliny leczniczej *Cistus incanus* L. (czystek szary) a jej wybrane właściwości biologiczne, Praca doktorska Uniwersytet Śląski, 6-7.



# Żyto jako bogate źródło związków prozdrowotnych

Rye as a rich source of prohealthy compounds

Originalny  
Artykuł  
Naukowy

Original  
Research  
Paper

Marlena Gzowska , Anna Fraś , Magdalena Wiśniewska 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

m.gzowska@ihar.edu.pl

Żyto (*Secale cereale* L.) jest gatunkiem o największej zawartości związków bioaktywnych wśród zbóż, co sprawia, że jest bardzo wartościowym składnikiem naszego pożywienia. Pomimo, iż stanowi drugie pod względem ważności zboże chlebowe, nadal pozostaje niedocenione. Spośród powszechnie spożywanych zbóż, gatunek ten zawiera najwięcej błonnika pokarmowego, a także kwasów fenolowych i alkilorezorcynoli. W pożywieniu obecność błonnika pokarmowego i substancji bioaktywnych współtowarzyszących przynosi wiele korzyści związanych z profilaktyką zdrowotną. Substancje te wpływają korzystnie na gospodarkę lipidową organizmu, metabolizm węglowodanów oraz prawidłowe funkcjonowanie przewodu pokarmowego, co w efekcie zmniejsza ryzyko wystąpienia wielu chorób, takich jak miażdżycza, otyłość i cukrzyca.

Celem podjętych badań było określenie składu chemicznego ziarna sześciu odmian żyta ozimego. W badaniach skupiono się na określeniu zawartości składników odżywczych: białka, skrobi, lipidów i związków mineralnych oraz błonnika pokarmowego, alkilorezorcynoli i związków fenolowych, stanowiących składniki bioaktywne o działaniu prozdrowotnym. Odmiany wyróżniające się pod względem zawartości składników odżywczych to Dańkowskie Skand i Reflektor, natomiast największą ilość związków bioaktywnych stwierdzono w odmianach KWS Dolaro i Poznańskie. Profil chemiczny ziarna tych odmian cechował się największą zawartością błonnika pokarmowego w tym arabinoksylianów ekstrahowalnych w wodzie i związków fenolowych. Otrzymane wyniki pozwolą wskazać odmiany o najlepszej wartości użytkowej.

**Słowa kluczowe:** błonnik pokarmowy, składniki odżywcze, ziarno zbóż, związki bioaktywne, żyto

Rye (*Secale cereale* L.) is a species with the highest content of bioactive compounds, making it a very valuable component of our diet. Despite being the second most important cereal in terms of bread production, it remains underrated. Among commonly consumed cereals, this species contains the highest content of dietary fiber, as well as phenolic acids and alkylresorcinols. The presence of dietary fiber and accompanying bioactive substances in food brings many benefits related to health prevention. These substances have a positive effect on lipid metabolism, carbohydrate metabolism and the proper functioning of the digestive tract. As a result, this reduces the risk of many diseases, such as atherosclerosis, obesity, and diabetes.

The aim of the research was to determine the chemical composition of the grains of six winter rye cultivars. In these studies, we focused on determining the content of protein, starch, lipids, and minerals, which constitute a group of nutrients, as well as dietary fiber, alkylresorcinols, and phenolic compounds, defined as bioactive components with prohealthy properties. The cultivars with the highest amount of nutrients were Dańkowskie Skand and Reflektor, whereas the highest level of bioactive compounds was observed in KWS Dolaro and Poznańskie. The chemical profile of the grain of these cultivars was characterized by the highest content of dietary fiber, including water-extractable arabinoxylans and phenolic compounds. The obtained results will help indicate the use value of selected cultivars of winter rye.

**Keywords:** dietary fiber, nutrients, cereal grains, bioactive components, rye

## Wstęp

Ziarna zbóż i produkty zbożowe stanowią podstawę naszej diety, uzupełniając ją w podstawowe składniki odżywcze, związki mineralne i witaminy. Są one również cennym źródłem substancji bioaktywnych, wykazujących właściwości prozdrowotne. Związki te mogą w istotny sposób wpłynąć na poprawę stanu naszego zdrowia, zmniejszając ryzyko zachorowania na szereg chorób zależnych od diety i naszego stylu życia. W ziarniakach zbóż związki bioaktywne umiejscowione są w okrywie owocowo-nasiennej, zarodku i warstwie aleuronowej. W trakcie przemian duża część ich jest usuwana z frakcją otrąb, dlatego rekomendowane jest spożywanie nisko-

przetworzonych, bogatych w błonnik pokarmowy, całościowych produktów zbożowych.

Ze względu na skład chemiczny ziarno żyta (*Secale cereale* L.) jest bardzo wartościowym surowcem przemysłowym. Głównym węglowodanem stanowiącym świetnie przyswajalne źródło energii jest skrobia, której zawartość jest nieznacznie mniejsza w ziarnie żyta, niż w ziarnie pszenicy (*Triticum aestivum* L.). Białka w ziarnie żyta jest również mniej niż w pszenicy, jednak jest ono lepszej jakości, ze względu na wyższą zawartość lizyny. Ogólna zawartość składników mineralnych i tłuszczu jest na zbliżonym poziomie, jak w innych zbożach, jednak tłuszcz żytni jest lepiej przyswajalny przez człowieka (Grabiński, 2015). Na tle powszechnie spożywanych gatunków zbóż, żyto wyróżnia się także największą zawartością

substancji bioaktywnych (Nyström i in., 2008, Boros i in., 2015), w tym błonnika pokarmowego, którego zawartość mieści się w zakresie od 15% do 21% suchej masy (Ikram i in., 2021, Németh i Tömösközi, 2021, Sluková i in., 2021, Dziki, 2022). Błonnik stanowi niejednorodną chemicznie frakcję. Jest to mieszanina sacharydów, które nie są trawione i wchłanianie w jelicie cienkim człowieka, natomiast ulegają pełnej lub częściowej fermentacji w jelicie grubym. Błonnik żytni w dużej mierze składa się z nieskrobiowych polisacharydów (NSP) oraz celulozy i ligniny. Dominującymi ilościowo składnikami NSP są arabinoksylany, które mogą stanowić do 64% całkowitej ilości polisacharydów oraz fruktany i  $\beta$ -glukan (Rakha i in., 2010). Frakcja nierozpuszczalna błonnika umiejscowiona jest w okrywie owocowo-nasiennej, natomiast rozpuszczalna stanowi znaczną część bielma środkowego. Ze względu na to, że obie frakcje cechują się innymi właściwościami, to wywierają również odmienne efekty fizjologiczne. Nie mniej jednak obie są bardzo istotne ze względów żywieniowych. Frakcja rozpuszczalna błonnika posiada zdolność tworzenia roztworów o wysokiej lepkości, które w największym stopniu oddziałują na metabolizm. Wydłużają czas przebywania pokarmu w żołądku, co wpływa na szybsze i jednocześnie dłuższe uczucie sytości, ale również na bardziej efektywne trawienie oraz wchłanianie. Ma to szczególne znaczenie, gdy trawiona jest glukoza i kwasy tłuszczowe, ponieważ błonnik upośledza tworzenie się miceli tłuszczowych, co opóźnia wchłanianie tych kwasów oraz cholesterolu. Istotne obniżenie cholesterolu, a szczególnie frakcji LDL, może zmniejszyć ryzyko wystąpienia schorzeń układu krążenia oraz otyłości. Błonnik wpływa korzystnie na zmiany stężenia glukozy we krwi, obniża jej poziom po posiłku oraz zmniejsza ryzyko gwałtownego wzrostu stężenia we krwi i wyrzutu insuliny (Bienkiewicz i in., 2015, Fraś i in., 2018, Kołodziejczyk i Michniewicz, 2018, Dynkowska, 2020). Frakcja nierozpuszczalna błonnika wykazuje bierne właściwości wiązania wody, co powoduje zwiększenie objętości stolca i skrócenie pasażu jelitowego, a co za tym idzie zahamowanie nadmiernego rozwoju bakterii siarkowych. Ponadto frakcja ta eliminuje nadmiar kwasów żółciowych, utrzymując kwaśny odczyn na odpowiednim poziomie, a także wiąże związki kancerogenne i oczyszcza organizm z metali ciężkich, przyczyniając się w ten sposób do ochrony nabłonka jelita grubego (Bienkiewicz i in., 2015, Olędzki i Hristova, 2017).

Obok błonnika pokarmowego istotnymi związkami bioaktywnymi ziarna żyta są alkilorezorcynole, zlokalizowane jedynie w zewnętrznych warstwach ziarna, a więc w trakcie przemiału są w całości usuwane razem z frakcją otrąb. Ziarno żyta, spośród powszechnie znanych zbóż zawiera

tych związków najwięcej. Stanowią one naturalny składnik ziarna wykazujący aktywność fitoncydową. Alkilorezorcynole wykazują również właściwości grzybobójcze, antybakteryjne i antymutagenne, a jako związki o budowie fenolowej mogą również wykazywać właściwości przeciwutleniające (Ross, 2003, Boros, 2015).

Żyto zasobne jest także w kwasy fenolowe. Jest to kolejna duża grupa związków bioaktywnych wykazująca szereg korzyści dla zdrowia. W ziarnie żyta najczęściej występuje kwas ferulowy, a dokładniej jego izomer *trans* oraz kwasy synapinowy i *p*-kumarynowy. Związki te zlokalizowane są w większości w warstwie otrąb i uchodzą za jedno z najskuteczniejszych przeciwutleniaczy. Chronią organizm człowieka przed stresem oksydacyjnym, zmniejszając ryzyko wystąpienia chorób układu sercowo-naczyniowego, trawiennego, nerwowego, a nawet niektórych typów nowotworów (Zieliński i in., 2012, Kulichová i in., 2019).

Jako inne związki bioaktywne ziarna żyta wymieniane są między innymi sterole, które przyczyniają się do obniżenia poziomu cholesterolu, zmniejszając intensywność jego wchłaniania (Bienkiewicz i in., 2015, Olędzki i Hristova, 2017). Fitoestrogeny, do których zaliczane są lignany, których zawartość w ziarniaku jest stosunkowo niewielka (do  $7 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ), a jednak to żyto jest ich najbogatszym źródłem. Fityniany w postaci kwasu fitynowego, a także minerały, takie jak żelazo, mangan, cynk i miedź oraz witaminy z grupy B (Zieliński i in., 2012, Dziki, 2022).

Celem prezentowanych badań było określenie zawartości związków bioaktywnych w ziarnie wybranych odmian żyta oraz wytypowanie spośród nich tych o najlepszej wartości użytkowej.

## Materiały i metody

Materiał badawczy stanowiło ziarno sześciu odmian żyta ozimego: Dańkowskie Granat, Dańkowskie Skand i KWS Dolaro (Danko Hodowla Roślin), Poznańskie i Piastowskie (Poznańska Hodowla Roślin) oraz Reflektor (Saaten-Union Polska). Ziarno wymienionych odmian pochodziło ze zbioru w roku 2019. W materiale oznaczono zawartość podstawowych składników odżywczych: białka, skrobi, lipidów i składników mineralnych, których zawartości wykorzystano do obliczenia sumy składników odżywczych (SNC). Oznaczono również zawartość błonnika pokarmowego (TDF) wraz z jego komponentami, takimi jak lignina i nieskrobiowe polisacharydy (T-NSP), analizowane z podziałem na frakcję nierozpuszczalną (I-NSP) i rozpuszczalną (S-NSP). Zbadano zawartość arabinoksylianów nieekstrahowalnych w wodzie (WUE-AX) oraz ekstrahowalnych w wodzie (WE-AX). Ponadto oznaczono ilość  $\beta$ -glukanu, związków fenolowych ogółem (TPC) i alkilorezorcynoli (AR). Oznaczenie zawartości wyżej wy-

mienionych związków przeprowadzono metodami standardowymi, zgodnymi z obowiązującymi obecnie normami. Zawartość białka oznaczono metodą Kjeldahla (AOAC 955.04), a zawartość związków mineralnych (AOAC 923.03) i lipidów ogółem według Marchello i in. (1971) metodami grawimetrycznymi. Ilość skrobi przyswajalnej (AACC 76-13) oraz  $\beta$ -glukanu (AACC 32-23) została oznaczona przy użyciu zestawów Megazyme. Metodę enzymatyczną – chemiczną oznaczono zawartość TDF (AACC 32-25), jako sumę T-NSP i ligniny. Zawartość nieskrobiowych polisacharydów analizowano metodą chromatografii gazowej według Englysta i Cummingsa (1984). Lignina oraz inne nierozpuszczalne pozostałości zostały oznaczone grawimetrycznie według Theandera i Westerlunda (1986). Poziom TPC oznaczono spektrofotometrycznie (Naczka i in., 1998), wykorzystując do tego celu reagent Folina-Ciocalteu, a wyniki przedstawiono jako ekwiwalent miligramów kwasu galusowego (GAE) na gram suchej masy próby. Alkilorezorcynole oznaczono metodą kolorymetryczną według Tłuszczka i in. (1981), z modyfikacją Gajdy i in. (2008). Wyniki poddano ocenie statystycznej, wykorzystując do tego celu jednoczynnikową analizę wariancji według modelu stałego, a także procedurę porównań wielokrotnych Tukeya – Kramera. Obliczenia statystyczne wykonano w programie Statistica 13.3 (TIBCO Software Inc., 2022).

## Wyniki i dyskusja

Zawartość głównych składników odżywczych ziarna żyta została przedstawiona w Tabeli 1. Zawartość składników odżywczych i ich suma były istotnie zróżnicowane w obrębie badanych genotypów, z wyjątkiem lipidów. Średnia zawartość biał-

ka wyniosła 10,2%. Najwięcej białka i składników mineralnych zawierało ziarno odmiany KWS Dolaro (odpowiednio 10,8%; 1,8%) i Poznańskie (odpowiednio 10,6%; 1,8%). Druga z wymienionych odmian charakteryzowała się również największą ilością lipidów (2,2%) spośród analizowanych genotypów żyta. Głównym składnikiem ziarna zbóż, pod względem ilości jest skrobia, której skrajne zawartości oznaczono w ziarnie odmian Dańkowskie Granat (56,8%) oraz Dańkowskie Skand (61,5%). Uzyskane wyniki odpowiadały zakresom prezentowanym przez Sluková i in., (2021) oraz Ikram i in., (2021, 2023), według których zawartość skrobi żytniej, mieści się w przedziale od 56% do 70%, białka od 8% do 13%, lipidów od 2% do 3%, a związków mineralnych do 2%, w przeliczeniu na suchą masę. W badanym materiale suma SNC była najmniejsza dla odmiany Dańkowskie Granat (70,8%) i największa dla odmiany Dańkowskie Skand (75,2%), co uwarunkowane było przede wszystkim zawartością skrobi i białka w ziarnie tych odmian. Najmniejsze ilości białka i składników mineralnych oznaczono w ziarnie odmiany Piastowskie, odpowiednio 9,6% i 1,7%. Zespół Boros (2015) analizując 18 genotypów żyta ozimego uzyskał podobne zawartości poszczególnych składników odżywczych oraz ich sumy, której średnia wartość wyniosła 73%. Największy udział w SNC, blisko 80% miała skrobia, następnie białko – 14%, a najmniejszy lipidy i składniki mineralne, które stanowiły po około 3% tej sumy.

Ziarno żyta jest istotnym źródłem składników bioaktywnych w diecie człowieka, w tym występującego w największej ilości błonnika pokarmowego oraz innych substancji o właściwościach

**Tabela 1**  
**Table 1**

**Zawartość oraz suma składników odżywczych (SNC) w ziarnie odmian żyta ozimego (% s.m.)**  
**Content of basic nutrients and sum of nutritional components (SNC) in winter rye cultivars (% d.m.)**

Odmiana / Variety	Białko / Protein	Skrobia / Starch	Lipidy / Lipids	Związki mineralne / Minerals	SNC
Dańkowskie Granat	10,1 ab	56,8 d	2,1 a	1,8 a	70,8 c
Dańkowskie Skand	9,9 ab	61,5 a	2,1 a	1,7 b	75,2 a
Poznańskie	10,6 a	57,3 d	2,2 a	1,8 a	71,8 bc
KWS Dolaro	10,8 a	58,7 c	2,1 a	1,8 a	73,4 b
Piastowskie	9,6 b	60,2 b	2,1 a	1,7 b	73,6 b
Reflektor	9,9 ab	60,9 b	2,1 a	1,8 a	74,6 a
Wartość średnia / Mean value	10,2	59,2	2,1	1,7	73,2
Zmienność / Variability (%)	4,5	3,3	1,5	2,7	2,3
Statystyka F	12,62*	6,13*	ns	51,38*	7,02**

\*- istotne dla  $p = 0,05$ /significant at  $p = 0,05$ ; \*\*- istotne dla  $p = 0,01$  / significant at  $p = 0,01$ ; ns-nieistotne / not significant



prozdrowotnych. W Tabeli 2 przedstawiono uzyskane zawartości błonnika pokarmowego z uwzględnieniem jego najważniejszych komponentów, których ilość była istotnie zróżnicowana. Głównym składnikiem błonnika pokarmowego w ziarnie zbóż są nieskrobiowe polisacharydy (NSP). W prezentowanych badaniach oznaczenie

tych związków wykonano z podziałem na frakcje I-NSP i S-NSP. Frakcje te stanowiły, odpowiednio 67% i 33% ogólnej zawartości NSP badanych odmian żyta. Zawartość I-NSP mieściła się w zakresie od 8,6% dla odmiany Dańkowskie Granat do 9,2% dla odmiany Dańkowskie Skand.

Tabela 2  
Table 2

Zawartość błonnika pokarmowego i jego komponentów w ziarnie odmian żyta ozimego (% s.m.)  
Content of total dietary fibre and its components in winter rye cultivars (% d.m.)

Odmiana / Variety	I-NSP	S-NSP	T-NSP	Lignina / Lignin	TDF
Dańkowskie Granat	8,6 c	4,7 a	13,2 c	2,1 c	15,3 b
Dańkowskie Skand	9,2 a	4,2 c	13,5 b	2,5 a	15,9 a
Poznańskie	8,9 b	4,5 b	13,4 b	2,6 a	16,1 a
KWS Dolaro	9,0 b	4,7 a	13,7 a	2,2 c	15,8 a
Piastowskie	8,9 b	4,1 c	13,0 c	2,4 b	15,4 b
Reflektor	8,8 b	4,2 c	13,1 c	2,3 b	15,3 b
Wartość średnia / Mean value	8,9	4,4	13,3	2,4	15,6
Zmienność / Variability (%)	2,4	6,1	2,0	8,0	2,2
Statystyka F	4,99**	20,19*	11,83*	5,03*	14,30*

\*- istotne dla  $p = 0,05$ /significant at  $p = 0,05$ ; \*\*- istotne dla  $p = 0,01$  / significant at  $p = 0,01$

W przypadku rozpuszczalnej frakcji S-NSP największą zawartość tych związków stwierdzono w ziarnie odmian Dańkowskie Granat i KWS Dolaro – wynosiła ona 4,7%, najmniejszą natomiast w ziarnie odmiany Piastowskie – 4,1%. Pod względem całkowitej zawartości (T-NSP), skrajnymi wartościami odznaczały się odmiany: Piastowskie oraz KWS Dolaro, odpowiednio – 13,0% i 13,7%. Błonnik żytni, poza nieskrobiowymi polisacharydami zawiera również ligninę, której średnia zawartość w analizowanym materiale wyniosła 2,4% i charakteryzowała się niezróżnicowaniem. Podobne wyniki zawartości ligniny uzyskali Boros i in. (2015) oraz Németh i Tömösközi (2021). W prezentowanych badaniach najbogatsze źródło TDF, na poziomie 16,1%, stanowiła odmiana Poznańskie, natomiast najmniejszą jego ilość, 15,3% zawierały odmiany Dańkowskie Granat i Reflektor. Średnia zawartość TDF wyniosła 15,6%, co jest zgodne z wynikami przedstawionymi w pracach Sluková i in. (2021) oraz Ikram i in. (2021, 2023). W prowadzonych badaniach, średnio ponad 55% nieskrobiowych polisacharydów stanowiły T-AX (Tab. 3). Zawartość WE-AX wynosiła średnio 2,5%, co stanowiło 33,5% ogólnej zawartości tych związków (7,4%). Najwięcej WE-AX zawierało ziarno

odmian KWS Dolaro (2,7%) i Dańkowskie Granat (2,7%). Pod względem całkowitej zawartości T-AX, skrajnymi wartościami odznaczały się odmiany: Piastowskie, Reflektor oraz KWS Dolaro, odpowiednio 7,1% i 7,7%. Średnia zawartość WUE-AX była niezróżnicowana i wynosiła 4,9%. Uzyskane zawartości arabinoksylianów odpowiadały wynikom prezentowanym przez Boros i in., (2015), Fraś i in. (2018) oraz Dynkowską (2020).

Do grupy nieskrobiowych polisacharydów zaliczany jest również  $\beta$ -glukan, którego ilość w ziarnie żyta mieści się w zakresie od 1,2% do 2,9%. Wśród badanych genotypów najmniejszą ilość  $\beta$ -glukanu, na poziomie 2,0% oznaczono w ziarnie odmiany KWS Dolaro, a największą – 2,3% w ziarnie odmiany Reflektor. Spośród przedstawionych w Tabeli 3 wyników, jedynie oznaczona ilość  $\beta$ -glukanu nie była zróżnicowana w sposób istotny. Z punktu żywienia człowieka nieocenionymi związkami, ze względu na właściwości przeciwutleniające są związki TPC. Według danych literaturowych ich zawartość w ziarnie żyta mieści się w zakresie 0,08-2,62 mg GAE·g<sup>-1</sup> (Kaur i in., 2021). W badanych odmianach zawartość TPC wyniosła średnio 1,2% w zakresie od 0,8% do 1,5%. Zawartość tych związków w ziarnie cechowała się największą zmiennością

Tabela 3  
Table 3Zawartość składników bioaktywnych w ziarnie odmian żyta ozimego (% s.m.)  
Content of bioactive components in winter rye cultivars (% d.m.)

Odmiana / Variety	WUE-AX	WE-AX	T-AX	$\beta$ -glukan / $\beta$ -glucan	TPC	AR
Dańkowskie Granat	4,8 b	2,7 a	7,5 b	2,2 a	1,5 a	969 b
Dańkowskie Skand	4,9 a	2,4 b	7,3 c	2,2 a	1,2 b	962 b
Poznańskie	4,9 a	2,5 b	7,5 b	2,2 a	1,4 a	935 bc
KWS Dolaro	5,0 a	2,7 a	7,7 a	2,0 a	1,5 a	922 bc
Piastowskie	4,9 a	2,2 c	7,1 d	2,2 a	0,9 c	1063 a
Reflektor	4,8 b	2,3 bc	7,1 d	2,3 a	0,8 c	1118 a
Wartość średnia / Mean value	4,9	2,5	7,4	2,2	1,2	995
Zmienność / Variability (%)	1,5	8,4	3,3	4,5	25,2	7,9
Statystyka F	2,50*	23,18*	3,85*	ns	7,10**	14,05*

\*- istotne dla  $p = 0,05$ /significant at  $p = 0,05$ ; \*\*- istotne dla  $p = 0,01$  / significant at  $p = 0,01$ ; ns-nieistotne / not significant

(CV = 25,2%) spośród pozostałych analizowanych cech. Ilość alkilorezorcynoli, zawartych w ziarnie żyta prezentowana w literaturze mieści się w przedziale 360-2180 mg·kg<sup>-1</sup> (Boros i in., 2015). Średnia zawartość uzyskana w badaniach dla tych związków wyniosła 995 mg·kg<sup>-1</sup>. Odmiana Reflektor charakteryzowała się najmniejszą zawartością TPC i jednocześnie największą zawartością alkilorezorcynoli – 1118 mg·kg<sup>-1</sup>. Odwrotną sytuację zaobserwowano w przypadku odmiany KWS Dolaro, która cechowała się najwyższym poziomem TPC i najmniejszą ilością alkilorezorcynoli – 922 mg·kg<sup>-1</sup> spośród analizowanych genotypów.

Podsumowując, można stwierdzić, że żyto jest wartościowym zbożem, które powinno być wykorzystywane na szerszą, niż dotychczas skalę, w produkcji żywności. Poznanie składu chemicznego ziarna nowych odmian umożliwi lepsze ich wykorzystanie w przemyśle spożywczym. Dlatego też przyszłość hodowli żyta w Polsce, w głównej mierze wiąże się z rozwojem nauki i dalszym poszukiwaniem odmian o wysokiej zawartości składników odżywczych i bioaktywnych. Ważny jest także rozwój technologii, dzięki której będzie można zmodyfikować proces przemiału tak, by

składniki bioaktywne pozostawały w mące w jak największej ilości. Nie bez znaczenia jest także wzrost edukacji i świadomości społecznej, która przełoży się na zwiększenie spożycia całościarnych produktów żytnich.

### Wnioski

- Badane odmiany charakteryzowały się istotnym zróżnicowaniem pod względem zawartości analizowanych cech, z wyjątkiem zawartości lipidów oraz  $\beta$ -glukanu. Najwyższy współczynnik zmienności (CV = 25,2%) zaobserwowano dla zawartości związków fenolowych.
- Genotypy żyta wyróżniające się zawartością składników odżywczych w ziarnie to Dańkowskie Skand i Reflektor.
- Na podstawie uzyskanych wyników, wskazano odmiany o interesującym profilu składników biologicznie czynnych (KWS Dolaro i Poznańskie), które mogą zostać wykorzystane w przemyśle spożywczym jako surowiec do produkcji żywności funkcjonalnej. Żyta te wyróżniały się pod względem zawartości błonnika pokarmowego, w tym arabinoksylianów ekstrahowanych w wodzie i związków fenolowych.

### Literatura

- AACC. 2011. American Association of Cereal Chemists, Approved Methods of Analysis, 11<sup>th</sup> Ed. St. Paul, MN, USA.
- AOAC. 2007. Association of Official Analytical Chemists, Official Methods of Analysis, 18<sup>th</sup> Ed. Gaithersburg, MD.
- Bienkiewicz M., Bator E., Bronkowska M. 2015. Błonnik pokarmowy i jego znaczenie w profilaktyce zdrowotnej. Problemy Higieny i Epidemiologii, 96, 1, 57-63.
- Boros D. 2015. Alkilorezorcynole ziarna zbóż – ich znaczenie w żywności i paszy. Biuletyn IHAR, 277, 7-20.


- 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.
- Dynkowska W. 2020. Rye (*Secale cereale* L.) arabinoxylans: molecular structure, physicochemicals properties and the resulting pro-health effects. Plant Breeding and Seed Science, 81, 19-38.
- Dziki D. 2022. Rye Flour and Rye Bran: New Perspectives for Use. Processes, 10, 2, 293.
- Englyst H.N., Cummings J.H. 1984. Simplified method for the measurement of total non-starch polysaccharides in plant foods by gas-liquid chromatography of constituent sugars as alditol acetates. Analyst, 109, 937-942.
- Fraś A., Gołębiowska K., Gołębiowski D., Boros D. 2018. Dietary fibre in cereal grains – a review. Plant Breeding and Seed Science, 77, 43–53.
- Gajda A., Kulawinek M., Kozubek A. 2008. An improved colorimetric method for the determination of alkylresorcinols in cereals and whole-grain cereal products. Journal of Food Composition and Analysis, 21, 5, 428-434.
- Grabiński J. 2015. Czynniki wpływające na cechy jakości ziarna żyta chlebowego. Studia i Raporty IUNG-PIB, 44 (18), 181-194.
- Ikram A., Saeed F., Arshad M.U., Afzaal M., Anjum F.M. 2021. Structural and nutritional portrayal of rye-supplemented bread using fourier transform infrared spectroscopy and scanning electron microscopy. Food Science & Nutrition, 9, 6314-6321.
- Ikram A., Saeed F., Noor R.A., Imran A., Afzaal M., Rasheed A., Islam F., Iqbal A., Zahoor T., Naz S., Waheed W., Shahid M.Z., Khan A.W., Kinki A.B. 2023. A comprehensive review on biochemical and technological properties of rye (*Secale cereale* L.). International Journal of Food Properties, 26, 1, 2212-2228.
- Kaur P., Sandhu K.S., Bangar S.P., Purewal S.S., Kaur M., Ilyas R.A., Asyraf M.R.M., Razman, M.R. 2021. Unraveling the bioactive profile, antioxidant and DNA damage protection potential of rye (*Secale cereale*) flour. Antioxidants, 10, 1214.
- Kołodziejczyk P., Michniewicz J. 2018. Ziarno zbóż i produkty zbożowe jako źródła błonnika pokarmowego. Żywność. Nauka. Technologia. Jakość, 25, 3 (116), 5-22.
- Kulichová K., Sokol J., Nemeček P., Maliarová M., Maliar T., Havrlentová M., and Kraic J. 2019. Phenolic compounds and biological activities of rye (*Secale cereale* L.) grains. Open Chemistry, 17, 1, 988-999.
- Marchello J.A., Dryden F.D., Hala W.H. 1971. Bovine serum lipids. I. The influence of added animal fat on the ration. Journal of Animal Science, 32, 1008-1015.
- Naczek M., Amarowicz R., Sullivan A., Shahidi F. 1998. Current research developments on polyphenolics of rapeseed/Canova: a review. Food Chemistry, 62, 489-502.
- Németh R., Tömösközi S.R. 2021. Rye: Current State and Future Trends in Research and Applications. Acta Aliment, 50, 4, 620–640.
- Nyström L., Lampi A.-M., Andersson A.A.M., Kamal-Eldin A., Gebruers K., Courtin C. M., Delcour J.A., Li L., Ward J.L., Fraś A., Boros D., Rakszegi M., Bedo Z., Shewry P.R., and Piironen V. 2008. Phytochemicals and dietary fiber components in rye varieties in the HEALTHGRAIN Diversity Screen. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 56, 21, 9758–9766.
- Olędzki R., Hristova A. 2017. Składniki bioaktywne w produktach funkcjonalnych i ich rola w żywieniu człowieka. Nauki Inżynierskie i Technologia, 1, 24, 40-61.
- Rakha A., Aman P., Andersson R. 2010. Characterisation of dietary fibre components in rye products. Food Chemistry, 119, 3, 859-867.
- Ross A. B. 2003. Alkylresorcinols in cereal grains. Occurrence, absorption, and possible use as biomarkers of whole grain wheat and rye intake. Doctoral Thesis. Swedish University of Agricultural Sciences. Uppsala.
- Sluková M., Jurkaninová L., Švec I., and Skřivan P. 2021. Rye – the nutritional and technological evaluation in Czech cereal technology – a review: grain and flours. Czech Journal of Food Sciences, 39, 1, 3–8.
- Theander O., Westerlund E.A. 1986. Studies on dietary fibre. 3. Improved procedures for analysis of dietary fibre. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 34, 2, 330-336.
- Thuścik F., Kozubek A., Mejbaum-Katzenellenbogen 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 Societatis Botanicorum Poloniae, 50, 645-651.
- Zieliński H., Achremowicz B., Przygodzka M. 2012. Przeciwnutleniające ziarniaków zbóż. Żywność Nauka Technologia Jakość, 1, 80, 5-26.

# Czystość nasion zbóż ozimych oraz skład botaniczny nasion obcych występujących w ziarnie stosowanym do siewu w gospodarstwach rolnych

Seed purity of winter cereals and botanical composition of other seeds occurring in grain used for sowing on farms

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

Dagmara Pacoń 

 d.pacon@ihar.edu.pl

Jakość ziarna zbóż ozimych wysiewanego w latach 2018-2019 w gospodarstwach rolnych położonych na terenie województwa mazowieckiego oceniono na podstawie analiz laboratoryjnych czystości oraz zawartości nasion obcych. Udział prób spełniających wymagania dla kwalifikowanego materiału siewnego pszenicy (*Triticum aestivum* L.) i pszenżyta ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack) był niewielki i wynosił od 6% do 13%. Natomiast w przypadku żyta (*Secale cereale* L.), każda z badanych prób uległaby dyskwalifikacji. Przekroczenie dopuszczalnej zawartości nasion innych gatunków niż zboża skutkowałoby odrzuceniem większej liczby prób u żyta i pszenicy niż w przypadku zanieczyszczenia prób przez ziarniki innych zbóż. Sytuację odwrotną obserwowano u pszenżyta. W badanych próbach ziarna wystąpiły również nasiona chwastów zastrzeżonych. W 2019 roku w życie ozimym udział prób, w których przekroczono dopuszczalną zawartość nasion chwastów zastrzeżonych był największy, przy czym aż 29% prób zawierało ponad 3 nasiona kąkol polnego (*Agrostemma githago* L.).

**Słowa kluczowe:** czystość nasion, nasiona obce, zboża

The quality of winter cereal seeds sown in 2018-2019 on farms located in the Mazovia Province was assessed based on laboratory analyses of the seed purity and content of other seeds. The share of samples meeting the requirements for certified seed material of wheat (*Triticum aestivum* L.) and triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack) was small and ranged from 6% to 13%. However, in the case of rye (*Secale cereale* L.), each of the tested samples would be disqualified. Exceeding the permissible content of seeds of species other than cereals would result in the rejection of more samples of rye and wheat than the content of grains of other cereals. The opposite situation was observed in triticale. The tested grain samples were observed also weed seeds limited in the ordinance. The largest number of samples in which the permissible content was exceeded occurred in winter rye in 2019, with as many as 29% of samples containing more than 3 seeds of field cockle (*Agrostemma githago* L.).

**Keywords:** seed purity, other seeds, cereals

## Wstęp

W 2021 roku w Unii Europejskiej zboża były uprawiane na powierzchni 52,1 mln ha. W Polsce powierzchnia zasiewów zbóż wynosi 7,5 mln ha, co stanowi 15% europejskiego arealu upraw zbożowych. Średnie plony zbóż w Polsce w 2020 roku wyniosły 46,5 dt·ha<sup>-1</sup> i były niższe od plonów w Unii Europejskiej o 18 % (Komisja Europejska, 2021). Na niższe plony w kraju w porównaniu do innych państw wpływają gorsze warunki przyrodniczo – siedliskowe (słabsze gleby) i organizacyjno-ekonomiczne. Warunki klimatyczne i jakość gleb determinują dobór roślin uprawnych i poziom uzyskiwanych plonów. Z badań Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowego Instytutu Badawczego wynika, że warunki przyrodnicze oceniane z punktu widzenia produkcji rolnej, są w Polsce o 30-40% gorsze w porównaniu do krajów Europy Zachodniej (Krasowicz, 2019). Na poziom uzyskiwanych plonów wpływają również czynniki organizacyjno-ekonomiczne,

takie jak słabsze zaawansowanie technologiczne, mniejsze zużycie środków produkcji oraz niskie wykorzystanie kwalifikowanego materiału siewnego. W gospodarce rynkowej wzrasta siła oddziaływania uwarunkowań organizacyjno-ekonomicznych na poziom, strukturę i intensywność oraz towarowość produkcji zbóż. Struktura obszarowa gospodarstw decyduje o zróżnicowaniu regionalnym i perspektywach rozwoju produkcji zbóż i ich udziale w towarowej produkcji rolniczej (Judzińska, 2006, Jaczewska-Kalicka, 2007, Sułek i Jaśkiewicz, 2015, Krasowicz i Madej, 2020). Niższy poziom plonowania zbóż ozimych w produkcji w stosunku do uzyskiwanego w doświadczeniach porejestrowych wskazuje na duże możliwości wzrostu produktywności polskiego rolnictwa (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, 2011-2020; Główny Urząd Statystyczny, 2011-2020). Wicki i Dudek (2009) w swoich badaniach oceniali udział różnych czynników w poziomie plonowania. Najistotniejszym czynnikiem była jakość gleby, która

miała wpływ na plonowanie w około 60%. Poziom nawożenia oraz ochrony roślin był silnie skorelowany i odpowiadał łącznie za około 30% plonowania, natomiast zastosowany materiał siewny kształtował około 10% plonu. Oprócz wyżej wymienionych czynników na plonowanie mają wpływ również warunki klimatyczne oraz pozostałe czynniki technologiczne, między innymi zastosowane praktyki agronomiczne (Tandzi i Mutengwa, 2020).

W Polsce wykorzystanie efektów hodowlanych w produkcji jest znacznie niższe niż w doświadczeniach porejestrowych, na co wpływ ma niski poziom stosowania kwalifikowanego materiału siewnego (Oleksiak 2002). Według raportu Najwyższej Izby Kontroli (2018) w 2015 roku wykorzystanie kwalifikowanego materiału siewnego w Polsce było jednym z najniższych w Unii Europejskiej i wynosiło 17%. W 2022 roku jego poziom w uprawach zbożowych wyniósł 19,5% (Oleksiak, 2023). Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego zależy przede wszystkim od wykształcenia rolnika oraz powierzchni gospodarstwa (Lisowska i in. 2013). Ziarno pochodzące z samorozmnożenia używane do siewu przez rolników posiada często gorszą jakość, co potwierdzają prace Ponichtery (2010), Ponichtery i Lewickiego (2014) i Ziemińskiej i in. (2015). Wprowadzanie wraz z materiałem siewnym nasion obcych rozszerza bank nasion znajdujący się w glebie, natomiast zachwaszczenie upraw wpływa negatywnie na plonowanie roślin uprawnych (Kieć, 2003, Gharde i in., 2018, Hofmeijer i in., 2019, Mikhailova i in., 2020).

## Materiały i metody

Materiał do badań stanowiły 1 kg próby ziarna zbóż ozimych (pszenicy zwyczajnej – *Triticum aestivum* L., pszenżyta – *Triticosecale* Wittmack i żyta – *Secale cereale* L.) pobierane przed siewem z gospodarstw rolnych położonych na terenie województwa mazowieckiego. Jesienią 2018 roku pozyskano 94 próby (22 próby żyta, 34 prób pszenżyta i 38 prób pszenicy), natomiast w 2019 roku było 89 prób (14 prób żyta, 30 prób pszenżyta i 45 prób pszenicy).

Analizy laboratoryjne tj. czystości przeprowadzono zgodnie z Przepisami Międzynarodowego Związku Oceny Nasion ISTA (2018-2019). Czystość oznaczono w procentach wagowych badanej próby. Badanie wykonano na próbce analitycznej o masie 120 g, pobranej z próbki średniej. Wydzielono 3 grupy składników: nasiona czyste, nasiona innych roślin oraz zanieczyszczenia. Skład botaniczny nasion obcych zawartych w badanych ziarnie zbóż ozimych określano w próbce o masie 500 g. Identyfikacje nasion przeprowadzono przy wykorzystaniu mikroskopu stereoskopowego.

Obliczono odchylenie standardowe dla czystości analitycznej oraz zawartości nasion obcych w poszczególnych badanych gatunkach zbóż ozi-

mych obliczono z wykorzystaniem programu komputerowego STATISTICA 13.3.

## Wyniki

Czystość oraz liczba nasion innych gatunków, jest często przyczyną dyskwalifikacji z powodu niespełniania wymagań dla kwalifikowanego materiału siewnego, zwłaszcza dla nasion pochodzących z własnych rozmnożeń. Potwierdzają to uzyskane wyniki dla ocenianych prób zbóż ozimych. Analiza czystości nasion oraz zawartości nasion innych gatunków wykazały, że wszystkie próby żyta nie spełniały standardów jakości kwalifikowanego materiału siewnego. Natomiast wśród prób pszenicy i pszenżyta występowały próby, które spełniały standardy jakości jednak ich udział był niewielki. W 2018 roku wynosił odpowiednio 6% dla pszenżyta oraz 13% dla pszenicy. W 2019 roku ich udział wzrósł do 13% dla pszenżyta, natomiast u pszenicy obniżył się do 11%. Obserwowano dużą zmienność w liczbie nasion obcych pomiędzy badanymi próbami ziarna zbóż ozimych, o czym świadczą wysokie wartości odchyleń standardowych. Wśród badanych gatunków poziom zanieczyszczenia nasionami obcymi był najniższy u pszenicy ozimej. Poziom ten był niższy w 2018 roku w pszenicy i życie, natomiast w próbach pszenżyta w 2019 roku. Średnia liczba ziaren innych zbóż w próbach pszenicy w 2018 roku wyniosła 60 sztuk. W 2019 roku wzrosła do 136 sztuk, tak wysoki wzrost wynikał nie tylko z wzrostu liczebności prób o 16%, w których przekroczone maksymalną zawartość ziarniaków zbóż, ale również trzykrotnego wzrostu zawartości maksymalnej. W przypadku pszenżyta przekroczenie dopuszczalnego limitu zawartości nasion innych zbóż spowodowałoby dyskwalifikację największej liczby prób tego gatunku w obu latach badań (Tab. 1). Natomiast najbardziej problematycznym parametrem w przypadku żyta i pszenicy była zawartość nasion gatunków innych niż zboża. Parametr ten dyskwalifikował ponad 90% prób żyta w obu latach badań. Wśród badanych prób znajdowały się takie, które zawierały nasiona chwastów zastrzeżonych. W 2018 roku w wszystkich badanych gatunkach zbóż ozimych udział prób, w których przekroczone dopuszczalną liczebność nasion chwastów zastrzeżonych był najniższy. Przy czym najczęściej takich prób występowało w życie (27%), a najmniej w pszenicy (3%). Natomiast w 2019 roku w życie zdyskwalifikowano by, aż 43% prób (Tab. 1). Przy czym jedynym chwastem zastrzeżonym nie obserwowanym w badanych próbach ziarna zbóż ozimych był owies płonny (*Avena sterilis* L.). W próbach żyta ozimego stwierdzono obecność nasion kąkol polnego (*Agrostemma githago* L.) przekraczającą dopuszczalną normę. W latach 2018 i 2019 dotyczyło to odpowiednio 27% i 29% prób. Kąkol polny nie występował w próbach pszenicy i pszenżyta. Rzdokiew świrzepa (*Raphanus raphanistrum* L.) wy-

## Czystość nasion zbóż ozimych oraz skład botaniczny nasion obcych występujących w ziarnie

stępowała w nadmiernej liczbie tylko w pszenicy i życie ozimym w 2019 roku. Życica roczna (*Lolium temulentum* L.) była jedynym chwastem zastrzeżonym występującym w analizowanych próbach pszenicy i pszenżyta w obu latach badań (Tab. 2).

Tabela 1  
Table 1Czystość i zawartość nasion obcych w próbach zbóż ozimych  
Purity and content of other seeds in samples of winter cereal

Standardy jakości / Quality standards			Czystość analityczna / Analytical purity	Nasiona obce (łącznie) / Other seeds (total)	Zboża / Cereals	Gatunki inne niż zboża / Species other than cereals	Chwasty zastrzeżone / Restricted weeds	
			≥ 98%	≤ 10 szt. / pcs.	≤ 7 szt. / pcs.	≤ 7 szt. / pcs.	0 / ≤ 3 szt.*/ pcs.	
Pszenica ozima / Winter wheat	Średnia / Mean	2018	96	116	60	55	-	
		2019	96	186	136	50	-	
	Wartość maksymalna / Maximum value	2018	100	1010	694	524	-	
		2019	99	1969	1963	269	-	
	Odchylenie standardowe / Standard deviation	2018	2,7	188,4	125,4	103,6	-	
		2019	3,8	398,9	398,6	74,0	-	
	Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing of standards	2018	74%	68%	42%	53%	3%	
		2019	73%	78%	58%	62%	13%	
	Udział prób niespełniających co najmniej jednego kryterium jakościowego / Share of samples that do not meet at least one of the quality criteria				2018 – 87% / 2019 – 89%			
	Żyto ozime / Winter rye	Średnia / Mean	2018	97	376	125	251	-
2019			95	965	286	679	-	
Wartość maksymalna / Maximum value		2018	100	3150	728	2422	-	
		2019	99	4091	1205	2999	-	
Odchylenie standardowe / Standard deviation		2018	1,9	664,3	205,5	507,2	-	
		2019	3,4	1456,5	444,1	1074,1	-	
Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing standards		2018	59%	91%	68%	91%	27%	
		2019	79%	93%	71%	93%	43%	
Udział prób niespełniających co najmniej jednego kryterium jakościowego / Share of samples that do not meet at least one of the quality criteria				2018 – 100% / 2019 – 100%				
Pszenżyto ozime / Winter triticale		Średnia / Mean	2018	94	389	152	235	-
	2019		95	311	122	189	-	
	Wartość maksymalna / Maximum value	2018	99	2760	2200	2155	-	
		2019	99	3867	1567	3068	-	
	Odchylenie standardowe / Standard deviation	2018	4,4	665,5	414,4	415,8	-	
		2019	4,5	849,6	318,8	594,0	-	
	Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing standards	2018	79%	88%	79%	65%	12%	
		2019	83%	77%	57%	50%	13%	
	Udział prób niespełniających co najmniej jednego kryterium jakościowego / Share of samples that do not meet at least one of the quality criteria				2018 – 94% / 2019 – 87%			

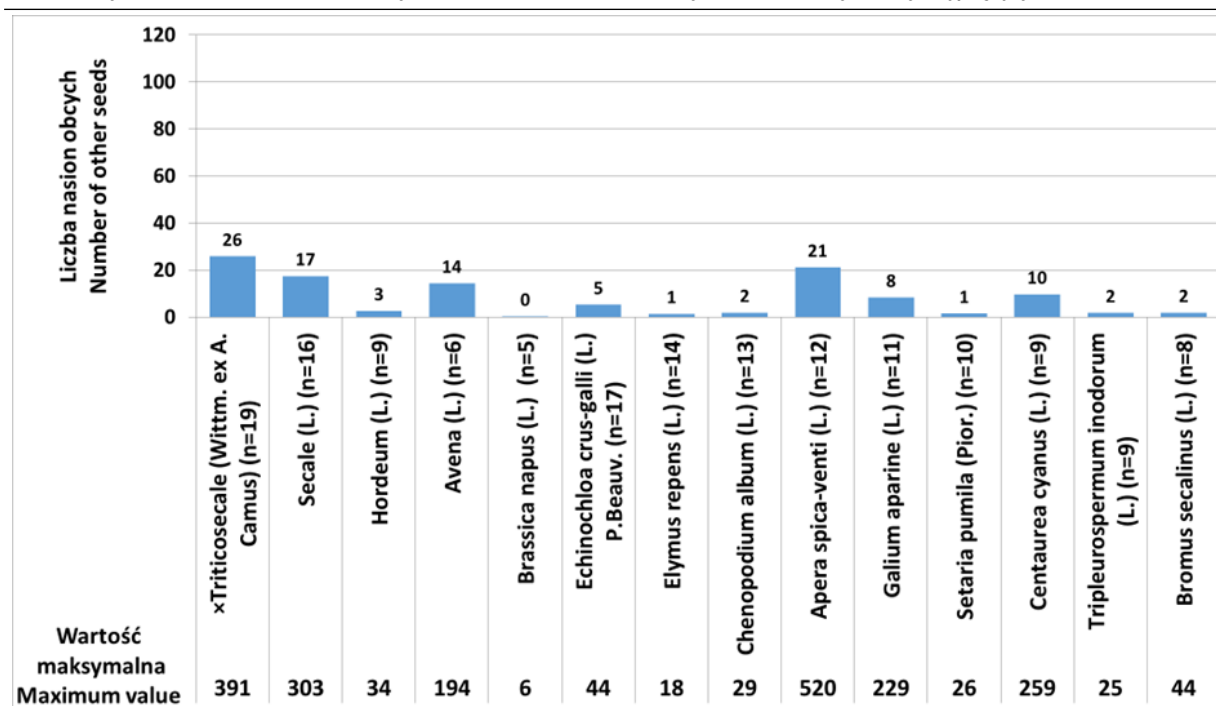
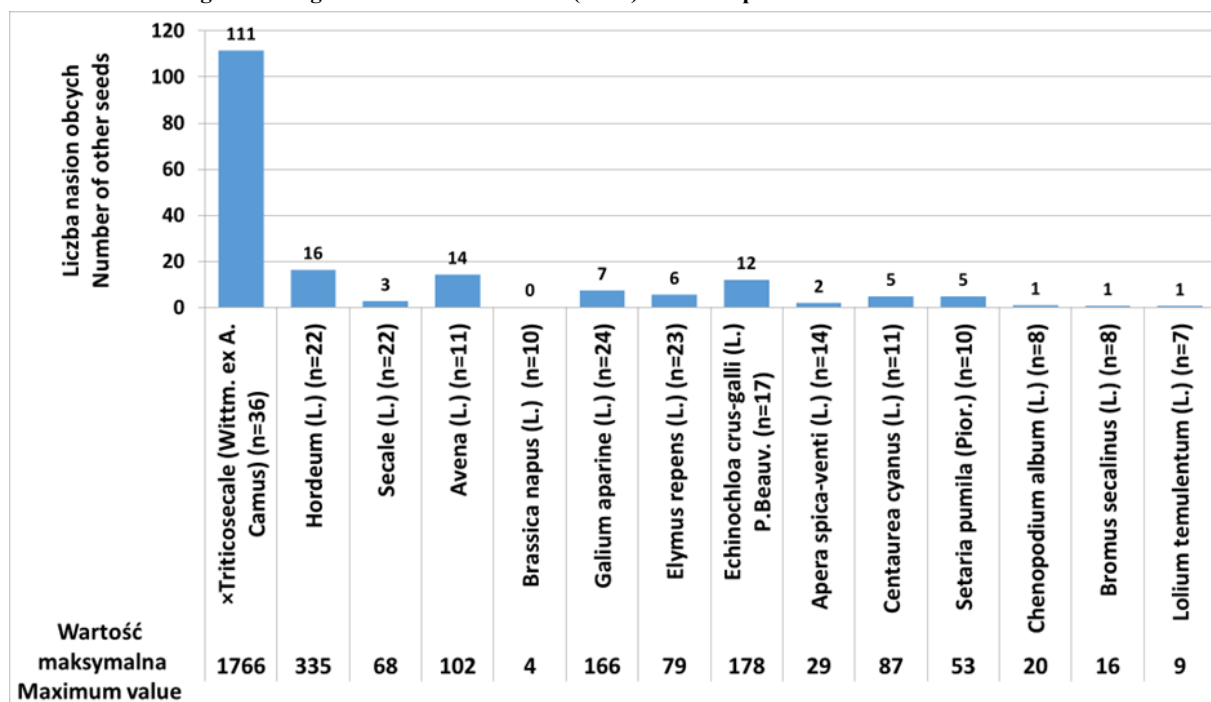
\* 0 szt. – *Avena fatua*, *Avena sterilis*, *Lolium temulentum*; ≤ 3 szt. – *Raphanus raphanistrum*, *Agrostemma githago*

Tabela 2  
Table 2Nasiona roślin zastrzeżonych występujące w ziarnie zbóż ozimych  
Seeds of restricted plants occurring in winter cereal grains

Standardy jakości / Quality standards			Owies głuchy / <i>Avena fatua</i>	Owies płonny / <i>Avena sterilis</i>	Życica roczna / <i>Lolium temulentum</i>	Rzodkiew świrzepsa / <i>Raphanus raphanistrum</i>	Kąkol polny / <i>Agrostemma githago</i>
			0 szt. / pcs.	0 szt. / pcs.	0 szt. / pcs.	≤ 3 szt. / pcs.	≤ 3 szt./ pcs.
Pszenica ozima / Winter wheat	Średnia / Mean	2018	0	0	0	0	0
		2019	0	0	1	0	0
	Wartość maksymalna / Maximum value	2018	1	0	3	0	0
		2019	3	0	9	5	0
	Odchylenie standardowe / Standard deviation	2018	0,3	0,0	0,5	0,0	0,0
		2019	0,5	0,0	1,9	0,7	0,0
	Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing standards	2018	0%	0%	3%	0%	0%
		2019	2%	0%	11%	2%	0%
Żyto ozime / Winter rye	Średnia / Mean	2018	0	0	0	0	6
		2019	2	0	5	1	96
	Wartość maksymalna / Maximum value	2018	3	0	1	3	58
		2019	15	0	34	5	1249
	Odchylenie standardowe / Standard deviation	2018	0,8	0,0	0,2	0,8	13,3
		2019	4,9	0,0	11,4	1,3	332,3
	Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing standards	2018	10%	0%	0%	0%	27%
		2019	14%	0%	21%	7%	29%
Pszenżyto ozime / Winter triticale	Średnia / Mean	2018	0	0	1	0	0
		2019	0	0	1	0	0
	Wartość maksymalna / Maximum value	2018	1	0	34	0	0
		2019	2	0	15	1	0
	Odchylenie standardowe / Standard deviation	2018	0,4	0,0	5,8	0,0	0,0
		2019	0,4	0,0	3,6	0,2	0,0
	Udział prób niespełniających standardy / Share of samples failing standards	2018	0%	0%	12%	0%	0%
		2019	3%	0%	10%	0%	0%

Wśród nasion obcych zbóż najczęstszym i najliczniejszym gatunkiem występującym w próbach pszenicy w obu latach badań było pszenżyto, którego obecność stwierdzono w 19 próbach w 2018 i 36 z 2019 roku. Najbardziej zanieczyszczona próba zawierała 391 nasion tego gatunku w 2018 roku i 1766 sztuk w 2019. Najczęściej występujące gatunki roślin synantropijnych to: chwastnica jednostronna (*Echinochloa crus-galli* (L.) P. Be-

auv.), perz właściwy (*Elymus repens* L.), komosa biała (*Chenopodium album* L.), miotła zbożowa (*Apera spica-venti* L.), przytulia czepna (*Galium aparine* L.), włośnica sina (*Setaria pumila* Pior.) oraz chaber bławatek (*Centaurea cyanus* L.). W badanych próbach najliczniej wystąpiły nasiona miotły zbożowej (520 sztuk w roku 2018) i chwastnicy jednostronnej (178 sztuk w roku 2019) (Rys. 1, 2).

Rys. 1. Średnia liczba nasion obcych ( $n \geq 8$ ) w 38 próbach pszenicy ozimej z 2018 roku.Fig. 1. Average number of other seeds ( $n \geq 8$ ) in 38 samples of winter wheat from 2018.Rys. 2. Średnia liczba nasion obcych ( $n \geq 7$ ) w 45 próbach pszenicy ozimej w 2019 roku.Fig. 2. Average number of other seeds ( $n \geq 7$ ) in 45 samples of winter wheat from 2019.

Spśród nasion innych zbóż występujących w życie, w zależności od roku, najczęściej i najliczniej występowały ziarniaki pszenżyta (w 18 próbach w 2018 i 10 w 2019) i pszenicy (w 15 próbach w 2018 i 11 w 2019). W 2018 roku najbardziej zamieszczona próba zawierała 657 nasion pszenżyta, a w 2019 aż 1201. Maksymalna zawartość ziarniaków pszenicy w próbach żyta w 2018 roku wynosiła 121 sztuk, natomiast w 2019 roku 114. Gatunki chwastów, których nasiona najczę-

ściej występowały w próbach żyta to: chaber bławatek, miotła zbożowa, włośnica sina oraz perz właściwy. W badanej próbie pochodzącej z 2018 roku stwierdzono obecność 1952 nasion włośnicy sonej. Natomiast w 2019 roku w jednej z prób żyta zidentyfikowano aż 1249 nasion kąkol polnego, który jest gatunkiem zastrzeżonym (Rys. 3, 4).

Obcym gatunkiem zbóż występującym w największej liczbie w próbach pszenżyta w obu la-



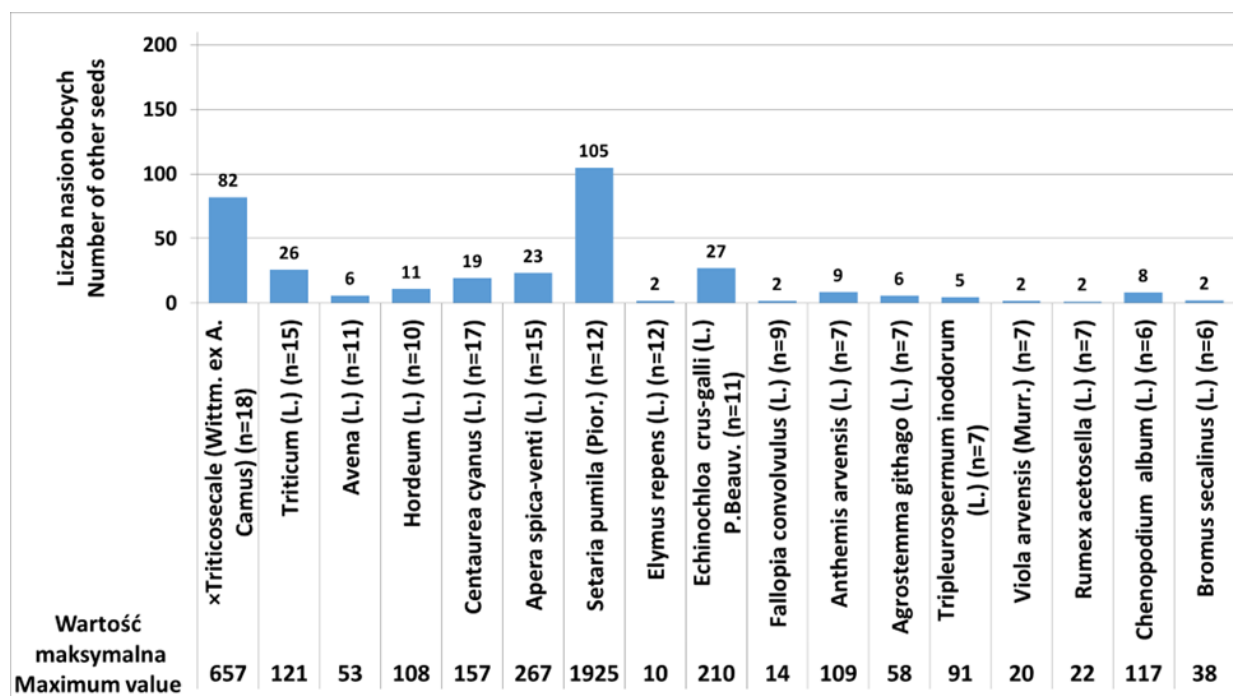
tach była pszenica (odpowiednio u 27 prób w 2018 oraz u 24 w 2019).

Najbardziej zanieczyszczona próba innymi zbożami w 2018 zawierała 2193 nasion jęczmienia, natomiast w 2019 roku były to 894 ziarniaki żyta. Gatunkami chwastów, które występowały w co najmniej 10 próbach pszenżyta ozimego w obu latach badań były: miotła zbożowa, perz, stokłosa żytnia (*Bromus secalinus* L.) i dodatkowo w roku 2018 chwastnica jednostronna, chaber bła-

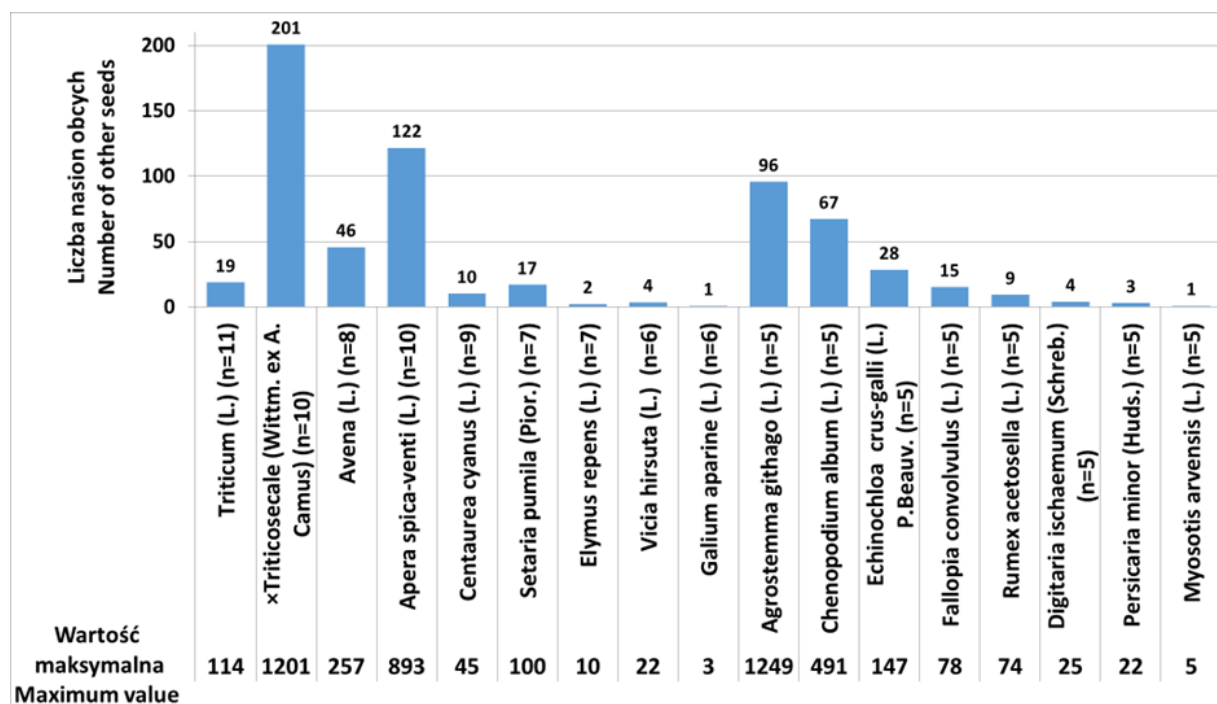
watek, włośnica sina, fiołek polny (*Viola arvensis* Murr.) i przytulia czepna. W pierwszym roku badań w jednej z prób wydzielono 631 nasiona fiołka polnego. W roku 2019 jedna próba zawierała 1380 nasion miotły zbożowej (Rys. 5, 6).

### Dyskusja

Zaprezentowane w pracy wyniki analizy czystości ziarna, wysiewanego w gospodarstwach rolnych położonych na terenie Mazowsza wyka-



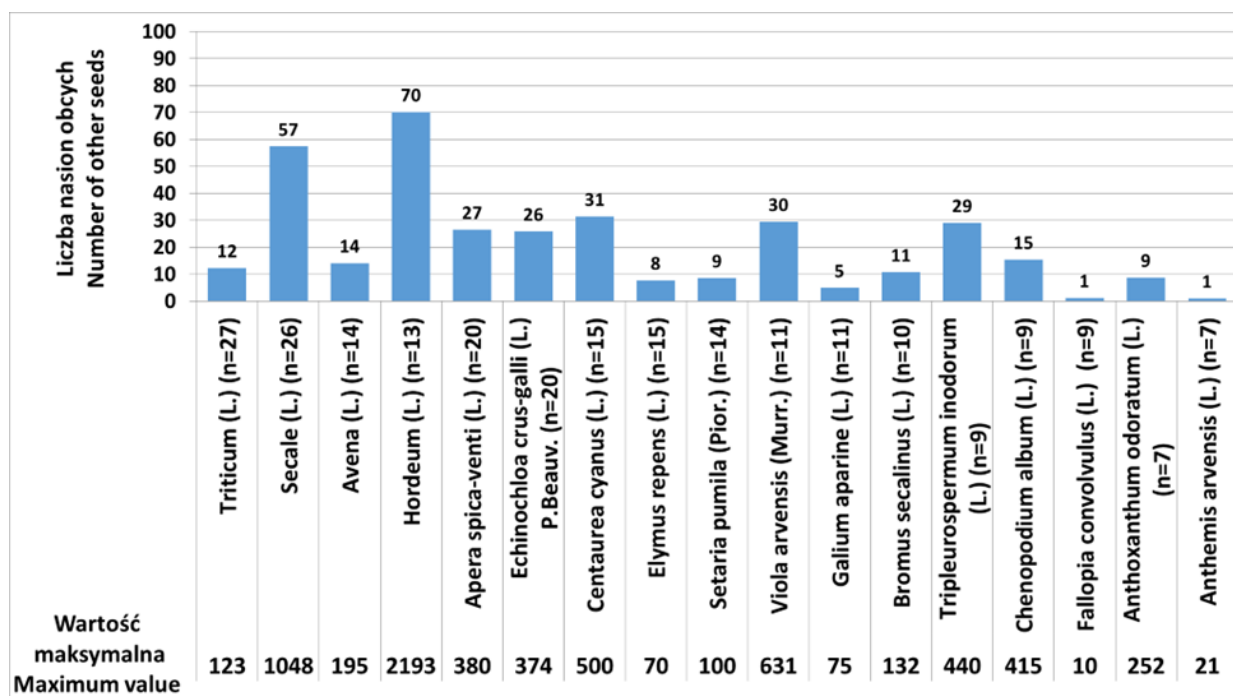
Rys. 3. Średnia liczba nasion obcych (n ≥ 6) w 22 próbach żyta ozimego z 2018 roku.  
Fig. 3. Average number of other seeds (n ≥ 6) in 22 samples of winter rye from 2018.



Rys. 4. Średnia liczba nasion obcych (n ≥ 5) w 14 próbach żyta ozimego z 2019 roku.  
Fig. 4. Average number of other seeds (n ≥ 5) in 14 samples of winter rye from 2019.

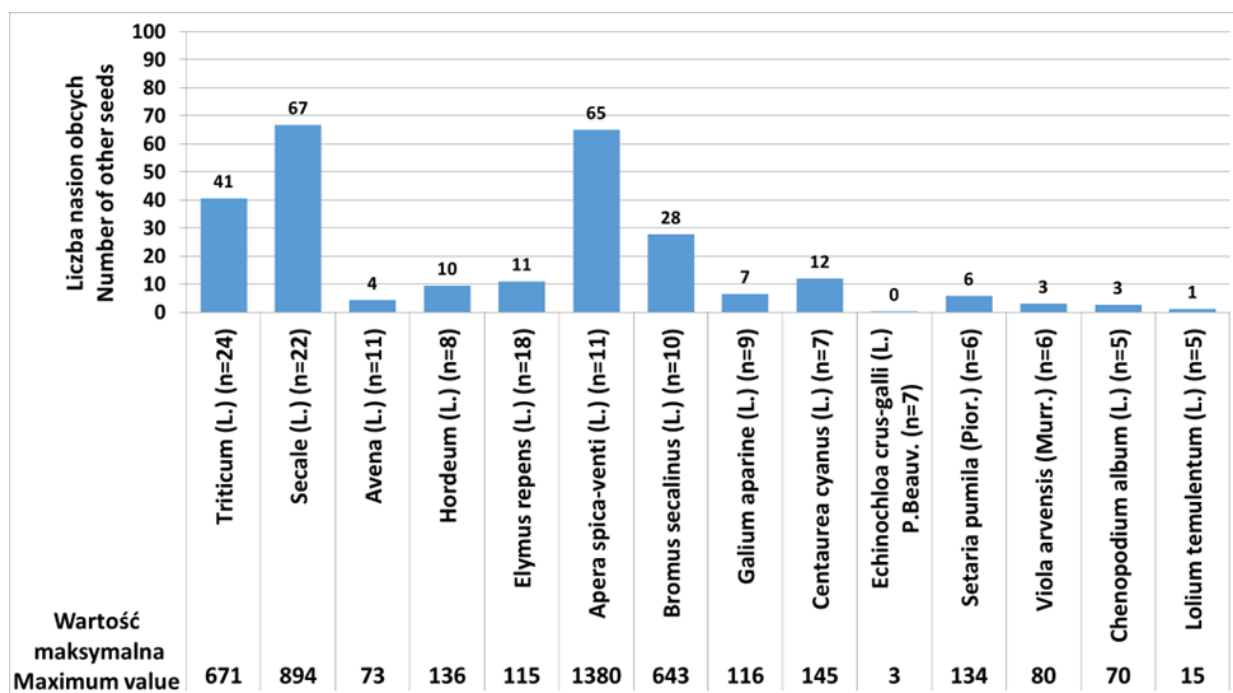
zały, że nasiona z własnego rozmnożenia zdecydowanie ustępowały kwalifikowanemu materiałowi siewnemu. W przypadku badanych zbóż ozimych, żadna z ocenianych prób żyta nie spełniała wymagań dla kwalifikowanego materiału siewnego według Rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z 3 czerwca 2019 roku poz. 1108. Tylko u pszenicy i pszenżyta wystąpiły próby, które spełniały wszystkie parametry: udział wagowy nasion czystych równy co najmniej 98%, łączna

zawartość nasion obcych nie większa niż 10 sztuk, liczba nasion innych zbóż, bądź pozostałych nasion nie większa niż 7 sztuk, maksymalnie 1 nasienie rzodkwi świerzepy czy kąkol polnego oraz maksymalnie jedno nasienie owsa głuchego, czy życycy rocznej. W 2018 roku pod względem badanych paramentów odrzucono 87% prób pszenicy i 94% pszenżyta, natomiast w 2019 roku odpowiednio 89% i 87% prób. W badaniach Ponichtera (2010) uzyskano podobne wyniki dla dwóch ga-



Rys. 5. Średnia liczba nasion obcych ( $n \geq 7$ ) w 34 próbach pszenżyta ozimego z 2018 roku.

Fig. 5. Average number of other seeds ( $n \geq 7$ ) in 34 samples of winter triticale from 2018.



Rys. 6. Średnia liczba nasion obcych ( $n \geq 5$ ) w 30 próbach pszenżyta ozimego z 2019 roku.

Fig. 6. Average number of other seeds ( $n \geq 5$ ) in 30 samples of winter triticale from 2019.

tunków zbóż jarych (dla pszenicy 86% i owsa 83%), natomiast w jęczmieniu jarym było 40% prób, które spełniały wszystkie wymagania pod względem czystości materiału kwalifikowanego. W prezentowanej pracy parametr czystości analitycznej, który określa udział wagowy nasion czystych, który czynnikiem wpływającym na odrzucenie mniejszej liczby prób niż zawartość nasion obcych. Wymagań dla kwalifikowanego materiału siewnego pod względem czystości analitycznej nie spełniało w 2018 roku 59% prób żyta, 74% pszenicy i 79% pszenżyta, natomiast w 2019 roku udział prób dla pszenicy był na podobnym poziomie, a w przypadku żyta i pszenżyta zwiększył się odpowiednio do 79% i 83%. W badaniach Ziemińskiej i in. (2015) wymagań dotyczących tego parametru nie spełniało 76% prób pszenicy ozimej pobranych z powiatu siedleckiego, a średnia czystość dla wszystkich prób wyniosła 96%. Podobne wyniki uzyskano w analizach własnych dla badanych prób pszenicy ozimej w obu latach. Natomiast w pracach Ponichtera (2010) oraz Ponichtera i Lewickiego (2014), w których prezentowano badania zbóż jarych występowały gatunki, dla których wartość czystości analitycznej we wszystkich analizowanych próbach była wyższa bądź równa 98%. Jednak w próbach pszenicy jarej średnia wartość czystości analitycznej była niższa niż 98% i aż 43% prób nie spełniało wymagań dla tego parametru (Ponichtera, 2010). Ponadto w pracy Ponichtera i Lewickiego (2014) 15% prób jęczmienia jarego miało czystość nasion niższą niż 98%. Uzyskane wyniki badań wskazują, że materiał z własnego rozmnożenia, był silniej zanieczyszczony nasionami obcymi w porównaniu do materiału kwalifikowanego, który jest poddawany procesowi czyszczenia przez firmy nasienne. Proces czyszczenia wpływa na poprawę czystości oraz zmniejsza liczbę nasion obcych uprawnych i chwastów w partii nasion. W badaniach Khazaei i in. (2016) po oczyszczeniu nasion pszenicy pochodzących z gospodarstw rolnych położonych w trzech prowincjach Iranu, średnia czystość analityczna wyniosła 99%. Analizy wykazały jednak statystycznie istotną różnicę w stosunku do nasion kwalifikowanych. Proces czyszczenia nasion pochodzących z własnego rozmnożenia doprowadził do znaczącej redukcji średniej zawartości nasion obcych o 504 sztuki, jednak ich ilość (49 sztuk) była nadal statystycznie istotnie wyższa niż w próbach nasion kwalifikowanych (8 sztuk). Prusiński i in. (2013) obserwowali, że najwięcej prób pochodzących z plantacji nasiennych ulega dyskwalifikacji z powodu niewystarczającego doczyszczenia materiału siewnego. Materiał siewny mogą wystąpić nasiona chwastów zastrzeżonych (rzodkiew świrzepa, kąkol polny, owies głuchy, owies płonny, życica roczna), dla których obowiązują surowsze limity dotyczące dopuszczalnej zawartości ich nasion w próbce. Badania własne po-

kazują, że zawartość nasion obcych chwastów zastrzeżonych dla znacznej części analizowanych prób z gospodarstw rolnych nie były czynnikiem, który powodowałby dyskwalifikację partii nasion. W próbach pszenżyta nie obserwowano nasion rzodkwi świrzepy oraz kąkolu polnego. Natomiast w przypadku pszenicy ozimej w jednej próbce z 2019 roku wystąpiły nasiona rzodkwi świrzepy. W próbach żyta zanieczyszczenie nasionami chwastów zastrzeżonych było większym problemem, a najczęściej obserwowanym gatunkiem był kąkol polny. Roślina ta jest silnie trująca dla ludzi oraz zwierząt, dlatego obecność nasion w paszy lub mące może zagrażać zdrowiu (Bohne i Dietze, 2008). Owies głuchy występował najczęściej w życie w 2018 roku, którego ziarniaki wystąpiły w 10% prób, a w 2019 roku w 14%. W badaniach Ponichtera (2010) oraz Ponichtera i Lewickiego (2014) przedstawiono zawartość nasion owsa głuchego w próbach zbóż jarych. Najwięcej prób zawierających nasiona tego gatunku wystąpiło w owsie: odpowiednio w 50% w 2009 roku pochodzących z gminy Goworowo i 38% prób w 2014 roku z gminy Janów. Najczęściej występującym chwastem zastrzeżonym w pszenżycie ozimym w niniejszej pracy była życica roczna, której nasiona w latach 2018-2019 oznaczono w 11% prób. Życica roczna wykazuje oddziaływanie alleopatyczne prowadząc do hamowania rozwoju siewek pszenicy i jęczmienia (Lehoczy i in., 2011).

Wysiew materiału siewnego zanieczyszczonego nasionami chwastów, może doprowadzić do konkurencji pomiędzy chwastami, a roślinami uprawnymi o składniki pokarmowe, wodę oraz światło (Rudnicki i Jaskulski, 2006, Duer i Feledyn-Szewczyk, 2003). W uprawach pszenicy chwasty pobierają i kumulują więcej makroelementów na polach, na których nie stosuje się ochrony chemicznej lub mechanicznej (Sharma i in., 2016). Zachwaszczenie upraw prowadzi do ograniczenia pobierania składników pokarmowych przez rośliny uprawne. Przy najwyższym poziomie zachwaszczenia pszenica pobierała w porównaniu do kontroli tylko 22% azotu, 19% fosforu i 16% potasu (Rola i Żurawski, 1988). Majchrzak (2007) w swoich badaniach zaobserwował spadek zdolności kiełkowania pszenicy ozimej o 4% na skutek sąsiedztwa owsa głuchego, w porównaniu do kontroli. Kieć (2003) wykazał natomiast statystycznie istotny wpływ zachwaszczenia pola owsem głuchym na obniżenie plonu pszenżyta jarego. Również w wielu innych badaniach podnoszono kwestię negatywnego wpływu zachwaszczenia upraw na plonowanie zbóż (Rola i Żurawski, 1988, Brzozowska i Brzozowski, 2011, Kumar i in., 2013, Fahad i in., 2015, Hussain i in., 2017, Gharde i in., 2018, Hofmeijer i in., 2019, Mikhailova i in., 2020).

## Podsumowanie

1. Czystość większości prób zbóż wykorzystywanych do siewu w gospodarstwach rolnych nie spełniała wymagań dla materiału kwalifikowanego.
2. Najwięcej prób zawierających chwasty zastrzeżone stwierdzono w życie ozimym, w którym wystąpiła silnie zanieczyszczona próba, zawierająca aż 1249 nasion kąkol polnego.
3. W próbach pszenicy i żyta najczęściej występującym gatunkiem innych zbóż były ziarniaki

- pszenżyta, natomiast w badanych próbach pszenżyta występowały bardzo liczne nasiona pszenicy i żyta.
4. Najczęściej obserwowanym chwastem w próbach pszenicy i pszenżyta w 2018 roku była chwastnica jednostronna, której nasiona znajdowała się odpowiednio w 45% i 59% prób.
  5. W próbach żyta najliczniej obserwowanymi nasionami chwastów w obu latach był chaber bławatek i miotła zbożowa.

## Literatura

- Bohne, B., Dietze, P. (2008). Rośliny trujące 170 gatunków roślin ozdobnych i dziko rosnących. *Bellona Spółka Akcyjna*, Warszawa: 17.
- Brzozowska, I., Brzozowski, J. (2011). Effectiveness of weed control and the yield of winter triticale depending on the tending method and nitrogen fertilization. *Acta Scientiarum Polonorum. Agricultura*. 10(4): 25-33.
- Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (2011-2020). Zboża ozime – jęczmień, pszenica, pszenżyto, żyto. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych.
- Duer, I., Feledyn-Szewczyk, B., (2003). Skład gatunkowy i biomasa chwastów występujących w pszenicy ozimej uprawianej w różnych systemach produkcji oraz ich udział w pobieraniu składników mineralnych z gleby. *Pamiętnik Puławski*. 134: 65-77.
- Fahad, S., Hussain, S., Chauhan, B., S., Saud, S., Wu, C., Hassan, S., Tanveer, M., Jan, A., Huang, J. (2015). Weed growth and crop yield loss in wheat as influenced by row spacing and weed emergence times. *Crop Protection*. 71: 101-108.
- Gharde, Y., Singh, P., K., Dubey, R., P., Gupta, P., K. (2018). Assessment of yield and economic losses in agriculture due to weed in India. *Crop Protection*. 107: 12-18.
- Główny Urząd Statystyczny. (2011-2020). Produkcja upraw rolnych i ogrodnich. Główny Urząd Statystyczny, Warszawa.
- Hofmeijer, M., A., J., Krauss, M., Berner, A., Peigné, J., Mäder, P., Armengot, L. (2019). Effects of reduced tillage on weed pressure, nitrogen availability and winter wheat yields under organic management. *Agronomy*. 9 (4): 180. <https://www.mdpi.com/2073-4395/9/4/180>
- Hussain, S., Khaliq, A., Bajwa, A., A., Matloob, A., Areeb, A., Ashref, U., Hafeez, A., Imran, M. (2017). Crop growth and yield losses in wheat due to little seed Canary Grass infestation differ with weed densities and changes in environment. *Planta daninha*. 35: 1-15.
- Jaczevska-Kalicka, A. (2007). Kierunki zmian produkcji zbóż w Polsce po integracji z Unią Europejską. *Zeszyty Naukowe SGGW. Problemy Rolnictwa Światowego*. 2 (17): 57-62.
- Judzińska, A. (2006). Produkcja żywności pochodzenia roślinnego w Polsce na tle UE (sektor zbożowy, olejarski i cukrowniczy). *Roczniki Naukowe Stowarzyszenia Ekonomistów Rolnictwa i Agrobiznesu*. 8(2): 81-85.
- Khazaei, F., AghaAlikhani, M., Mobasser, S., Mokhtassi-Bidgoli, A., Asharin, H., Sadeghi, H. (2016). Evaluation of wheat (*Triticum aestivum*, L.) seed quality of certified seed and farm-saved seed in three provinces of Iran. *Plant Breeding and Seed Science*. 73: 99-115.
- Kieć, J. (2003). Konkurencyjność pszenżyta jarego w stosunku do owsa głucho. *Zeszyty Problemowe Postępu Nauk Rolniczych*. 490: 105-111.
- Komisja Europejska. Dostęp: 25.03.2024. <https://agridata.ec.europa.eu/extensions/DashboardCereals/CerealsProduction.html>
- Krasowicz, S. (2019). Regionalne zróżnicowanie uwarunkowań konkurencyjności polskiego rolnictwa. *Studia i Raporty IUNG-PIB*. 59(13): 93-108.
- Krasowicz, S., Madej, A. (2020). Organizacyjno-ekonomiczne uwarunkowania produkcji zbóż w różnych regionach Polski. *Studia i Raporty IUNG-PIB*. 62(16): 35-70.
- Kumar, S., Rana, S., S. Chander, R., Chander, N. (2013). Herbicide combinations for broad-spectrum weed control in wheat. *Indian Journal of Weed Science*. 45(1): 29-33.
- Lehoczyk, E., Okumu Nelima, M., Szabó, R., Szalai, A., Nagy, P. (2011). Allelopathic effect of Bromus spp. and Lolium spp. shoot extracts on some crops. *Communications in Agricultural and Applied Biological Sciences*. 76 (3): 537-544.
- Lisowska, M., Bombik, A., Rymuza, K., Ziemińska, J., Wyrzykowska, M. (2013). Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego w wybranych gospodarstwach rolnych w rejonie Polski środkowo-wschodniej. *Fragmenta Agronomica*. 30(2): 112-122.
- Majchrzak, L. (2007). Kiełkowanie zbóż w warunkach sąsiedztwa ziarniaków *Avena fatua* L. i *Festuca rubra* L. – aspekt allelopatyczny. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska Lublin – Polonia E*. 62(2): 185-192.
- Międzynarodowy Związek Oceny Nasion ISTA (2018-2019). International Rules for Seed Testing.
- Mikhailova, Z., I., Puchkova, E., P.; Martynova, O., V. (2020). Harmfulness of the weed plant *Cirsium arvense* and spring wheat productivity after herbicides application. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*. 548: 042010. <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/548/4/042010>
- Najwyższa Izba Kontroli (2018). NIK o spółkach hodowli roślin. Dostęp: 13.11.2023. <https://www.nik.gov.pl/aktualnosci/nik-o-spolkach-hodowli-roslin.html>
- Oleksiak, T. (2002). Efekty hodowli pszenicy ozimej. Część I. Zmiany potencjału plonowania odmian. *Biuletyn IHAR*. 223/224: 67-75.
- Oleksiak, T. (2023). Rynek nasion. [w:] Rynek środków Produkcji dla Rolnictwa. Red. Zalewski A. IERiGZ-PIB, Warszawa.
- Ponichtera, P. (2010). Ocena jakości materiału siewnego zbóż jarych przeznaczanych do siewu w gospodarstwach rolnych gminy Goworowo. *Zeszyty Naukowe Ostroleckiego Towarzystwa Naukowego*. 24: 113-122.
- Ponichtera, P., Lewicki, B. (2014). Charakterystyka materiału siewnego zbóż jarych w gminie Janów. *Zeszyty Naukowe Wyższej Szkoły Agrobiznesu w Łomży*. 56: 96-106.

- Prusiński, J., Jendrzyczak, E., Barca, K. (2013). Analiza wyników oceny wartości siewnej ziarna zbóż z plantacji nasiennych województwa pomorskiego w latach 2005-2010. *Fragmenta Agronomica*. 30(2): 123-133.
- Rola, H., Żurawski, H. (1988). Wpływ stopnia zachwaszczenia *Apera spica-venti*, *Avena fatua*, *Anthemideae* na zawartość azotu, fosforu i potasu w ziarnie pszenicy ozimej i jarej. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych*. 349: 47-55.
- Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 3 czerwca 2019 r. zmieniające rozporządzenie w sprawie terminów składania wniosków o dokonanie oceny polowej materiału siewnego poszczególnych grup roślin lub gatunków roślin rolniczych i warzywnych oraz szczególnych wymagań w zakresie wytwarzania i jakości materiału siewnego tych roślin: Załącznik 3.
- Rudnicki, F., Jaskulski, D. (2006). Ocena wzajemnego oddziaływania konkurencyjnego pomiędzy roślinami uprawnymi a chwastami w łąkach. *Acta Scientiarum Polonorum. Agricultura*. 5: 45-52.
- Sharma, R., C., Duveiller, E. (2006). Spot blotch continues to cause substantial grain yield reductions under resource-limited farming conditions. *Journal of Phytopathology*. 154: 482-488.
- Sulek, A., Jaśkiewicz, B. (2015). Regionalne zróżnicowanie produkcji pszenicy w Polsce. *Roczniki Naukowe*. 17(4): 308-331.
- Tandzi, N., L., Mutengwa, S., C. (2020). Factors affecting yield of crops [w:] *Agronomy Climate Change & Food Security*. Red. Amanullah. IntechOpen <https://www.intechopen.com/chapters/70658>
- Wicki, L., Dudek, H. (2009). Factors influencing productivity of cereals in Polish agriculture. *Economic Science for Rural Development*. 20:79-88.
- Ziemińska, J., Wyrzykowska, M., Niewęglowski, M. (2015). Jakość materiału siewnego pszenicy ozimej (*Triticum aestivum*) uprawianej w wybranych gospodarstwach w rejonie środkowo-wschodniej Polski. *Fragmenta Agronomica*. 32(4): 97-104.

# Wpływ mączniaka prawdziwego zbóż i traw na uprawy pszenicy w kontekście zmian klimatu

The impact of powdery mildew on cereals and grasses on wheat crops in the context of climate change

Aleksandra Pietrusińska-Radzio , Monika Żurek 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy

✉ a.pietrusinska@ihar.edu.pl

Pszenica (*Triticum aestivum* L.) to jedno z kluczowych zbóż na świecie. Z powodu ogromnej roli pszenicy w światowym systemie żywnościowym, zmiany w wolumenie jej produkcji, jakości oraz dostępności mogą mieć znaczący wpływ na bezpieczeństwo żywnościowe na świecie. Wysokość globalnej produkcji i jakość plonów pszenicy jest silnie uzależniona od zmian klimatu, których efektem jest spadek areałów upraw zbóż i dostępności wody pitnej przy jednoczesnym spadku opłacalności produkcji rolniczej. Obserwowany wzrost temperatury i wilgotności powietrza wpływa na występowanie i rozwój w zasiewach pszenicy mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*). Choroba ta, występuje każdego roku, w różnym nasileniu, powodując straty w plonach sięgające 20-40%. Ze zmianami klimatu związana jest migracja mączniaka prawdziwego zbóż i traw w kierunku północnym, w strefę klimatu chłodniejszego i wilgotniejszego. W przeciwdziałaniu niekorzystnym zmianom klimatu na produkcję rolniczą ważną rolę odgrywa modelowanie matematyczne, które staje się kluczowym narzędziem stosowanym do prognozowania stabilnej produkcji roślinnej. Ponadto, ważnym kierunkiem badań obejmujących przeciwdziałanie negatywnym skutkom zmian klimatu na produkcję roślinną jest zrównoważone wykorzystanie zasobów genowych. Poszerzenie bazy genetycznej w dobie zmieniającego się klimatu jest istotnym aspektem dzisiejszej hodowli odpornościowej. W niniejszej publikacji przedstawiono doniesienia dotyczące wpływu zmian klimatu na mączniaka prawdziwego zbóż i traw, prognozowanie zagrożeń przy wykorzystaniu modeli matematycznych, jak również podkreślono znaczenie zasobów genetycznych w przeciwdziałaniu negatywnym skutkom zmian klimatu.

**Słowa kluczowe:** *Blumeria graminis*, mączniak prawdziwy zbóż i traw, modelowanie matematyczne, zasoby genetyczne, zmiany klimatu

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important cereal in the world. Because of wheat's substantial role in the global food system, changes in its production volume, quality and availability could have a significant impact on global food security. The amount of global wheat production and the quality of wheat yields are strongly influenced by climate change, which has resulted in a decrease in grain acreage and availability of potable water, with a concomitant decrease in the profitability of agricultural production. The observed increase in temperature and air humidity affects the occurrence and development in wheat crops of powdery mildew of cereals and grasses (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*). This disease, occurs every year, in varying degrees of severity, causing yield losses of up to 20-40%. The migration of powdery mildew of cereals and grasses northward, into a cooler and wetter climate zone is also associated with climate change. In counteracting adverse climate change on agricultural production, mathematical modeling plays an important role, becoming a key tool used to forecast stable crop production. In addition, an important direction of research involving countering the negative effects of climate change on crop production is the sustainable use of genetic resources. Expanding the genetic base in the era of a changing climate is an important aspect of today's resistance breeding. This publication presents reports on the impact of climate change on powdery mildew of cereals and grasses, forecasting risks using mathematical models, as well as highlighting the importance of plant genetic resources in countering the negative effects of climate change.

**Key words:** *Blumeria graminis*, climate change, genetic resources, mathematical modelling, powdery mildew cereal and grass

## Wstęp

Zmiany klimatu odgrywają istotny wpływ na środowisko naturalne, społeczeństwo oraz gospodarkę. Globalne ocieplenie obejmuje wzrost średniej temperatury, poziomu dwutlenku węgla (CO<sub>2</sub>) w atmosferze, zmiany w opadach i wiele innych zjawisk, które mają potencjalnie poważne konsekwencje na zachowanie bezpieczeństwa żywnościowego.

Ilość dwutlenku węgla w atmosferze wzrosła o 80% w porównaniu z okresem, w którym życie rozpoczęło się na Ziemi. Za główną przyczynę tego wzrostu uznawana jest działalność człowieka.

Nagromadzenie dwutlenku węgla, przyczynia się do wzmocnienia efektu cieplarnianego (Elahi i in., 2022). Obecnie, podejmowane są działania mające na celu ograniczenie emisji gazów cieplarnianych i dostosowanie się do zmian klimatu. Porozumienia międzynarodowe, są ważnymi krokami w tej dziedzinie.

Pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum* L.) jest jedną z najważniejszych roślin uprawnych na świecie. Wraz z kukurydzą (*Zea mays* L.) i ryżem (*Oryza* L.) pokrywa 30% zapotrzebowania kalorycznego 4,5 miliarda ludzi w 100 krajach rozwijających się. Ocena wpływu zmian klimatu na produkcję pszenicy ma kluczowe znaczenie dla utrzy-

mania globalnego łańcucha bezpieczeństwa żywnościowego na świecie (Farooq i in., 2023). Prognozy wskazują, że zmiany klimatyczne będą wywierały negatywny wpływ na produkcję pszenicy do roku 2050, z przewidywanym spadkiem w zakresie od 29% do 34% (Hellin i in., 2012). Inne badania sugerują, że skutki zmian klimatu mogą zmniejszyć produkcję pszenicy nawet o 50% do 2050 roku w Europie Południowej. Ponadto, znaczny spadek w produkcji tego zboża związany z negatywnymi skutkami zmian klimatycznych prawdopodobnie zbiegnie się w czasie ze znacznym wzrostem popytu na to zboże wynikającym ze wzrostu światowej populacji (Savary i in., 2011). Według badań Vollset i in. (2020) liczba ludności na świecie osiągnie szczyt około 2060 roku i wyniesie około 9,7 miliarda (Vollset i in., 2020).

Globalne ocieplenie w połączeniu ze wzrostem liczby ludności na świecie zmniejszy ilość wody dostępnej do wykorzystania w rolnictwie (Cammarano i in., 2016). W tym scenariuszu wpływ zmian klimatu na światową produkcję roślinną może stanowić dodatkowe zagrożenie dla bezpieczeństwa żywnościowego, związane z występowaniem niekorzystnych warunków temperaturowych i opadowych oraz wzrostem częstotliwości występowania ekstremalnych zdarzeń pogodowych tj.: upały, susze, powodzie, burze itp. (Rosenzweig i in., 2011).

### Czynniki abiotyczne i biotyczne

Zmiany klimatu wywierają negatywny wpływ na produkcję i jakość żywności głównie poprzez zwiększoną częstotliwość występowania stresów abiotycznych (wahania temperatur, długotrwałe susze w okresie wegetacji roślin, ulewne deszcze, podtopienia) oraz biotycznych (większa liczba nowych, bardziej agresywnych ras patogenów, migracja chorób grzybowych).

Największe straty w plonach występują na obszarach zagrożonych deficytem wody i na obszarach dotkniętych występowaniem nowych ras patogenów. Pojawienie się nowych ras patogenów związane jest między innymi z migracją patogenów grzybowych w kierunkach regionów chłodniejszych i wilgotnych (Kocmánková i in., 2009). Rozprzestrzenianie się zarodników grzybów na dalsze odległości w poszukiwaniu żywiciela jest jedną z przewidywanych konsekwencji zmian klimatu. Jest to związane z emisją dwutlenku węgla do atmosfery, która stymuluje produkcję biomasy przez roślinę żywicielską, na której zimują i namnażają się i tworzą zarodniki (Caubel i in., 2012). Nowe rasy patogenów mogą pojawiać się na nowych obszarach upraw, na których do tej pory nie występowały (Wheeler i Braun, 2013). Ponadto, ekstremalne zjawiska pogodowe mogą wywoływać epidemie patogenów (Xiao i in., 2022).

Szacunkowe dane dla 5 głównych upraw na świecie przedstawiają straty plonów związane ze patogenami występującymi na uprawach pszenicy, ryżu, kukurydzy, ziemniakach i soi. Spadek plonów waha się od 17% do 23% (pszenica 21,5%) dla wszystkich upraw, z wyjątkiem ryżu, dla którego straty oszacowano nawet na 30%. Zmiany klimatyczne w północno-zachodniej Europie będą miały negatywny wpływ na uprawę zbóż, a ciepła i sucha pogoda w okresie wegetacji roślin znacznie zmniejszy plony pszenicy w tym regionie (Miedaner i Juroszek, 2021).

### Potencjalny wpływ zmian klimatu na mączniaka prawdziwego zbóż i traw

Mączniaka prawdziwego zbóż i traw powoduje grzyb *Blumeria graminis* (DC) Speer (syn. *Erysiphe graminis* DC). Jest to choroba o dużym znaczeniu gospodarczym. Straty powodują znaczną utratę plonów na wielu obszarach uprawy pszenicy o wilgotnym oraz kontynentalnym klimacie (Griffey i in., 1993). Choroba ta, jest szczególnie rozpowszechniona na obszarach o wysokiej wilgotności powietrza i wysokich opadach deszczu, typowych dla klimatu morskiego i kontynentalnego (Bennett, 1984). Mączniak prawdziwy zbóż i traw występuje na obszarach uprawy pszenicy w całej Europie. Wilgotność powietrza w zakresie od 50% do 100% podczas opadów deszczu lub utrzymującej się rosy, odpowiednie nasłonecznienie i szeroki zakres temperatur zapewniają optymalne warunki do rozwoju grzyba od kiełkowania zarodników do tworzenia kolejnego pokolenia konidiów. Uprawy pszenicy ozimej zaatakowane wczesną wiosną przez patogen wykazują słabiej rozwinięte pędy i system korzeniowy, co skutkuje zmniejszeniem plonów (Simeone i in., 2020).

Suche i ciepłe lata ograniczać mogą rozwój mączniaka prawdziwego zbóż i traw, spowalniając lub całkowicie zahamowując rozprzestrzenianie się wektorów infekcyjnych w okresie wegetacji roślin uprawnych. Z drugiej strony, łagodne i wilgotne zimy sprzyjają optymalnemu rozwojowi różnych patogenów grzybowych na wiosnę (Juroszek i Tiedemann, 2013).

Globalne ocieplenie i przedłużające się susze w okresie wegetacji roślin w południowej Europie mogą spowodować znaczne ograniczenie występowania mączniaka prawdziwego zbóż i traw w uprawach pszenicy. Przewiduje się, że w zmieniającym się klimacie patogeny grzybowe, mogą być bardziej aktywne (agresywne) ze względu na presję selekcyjną, co z kolei może przyczynić się do zwiększenia zasięgu geograficznego występowania patogenów. W warunkach szczególnie sprzyjających rozwojowi *B. graminis*, redukcja plonu ziarna pszenicy jarej i ozimej może sięgać od 13% do 30% (Lackermann i in., 2011).

Matic i współpracownicy (2018) przeprowadzili, w warunkach kontrolowanych, badania doty-

często określenia potencjalnego wpływu różnych temperatur powietrza i poziomów CO<sub>2</sub> na patogenność mączniaka prawdziwego zbóż i traw oraz parametry fizjologiczne: zawartość chlorofilu i węglowodanów. Stwierdzono, że zarówno poziom CO<sub>2</sub>, jak i temperatura, a także ich interakcja znacząco wpływały na rozwój mączniaka prawdziwego zbóż i traw u badanych gatunków roślin uprawnych. Optymalne warunki dla rozwoju grzyba, czyli niska temperatura i niskie stężenie CO<sub>2</sub> (450 ppm CO<sub>2</sub> + 18°C do 22°C), wystąpiły w pierwszym układzie doświadczalnym. Wysokie temperatury, niezależnie od stężenia CO<sub>2</sub> hamowały rozwój tego patogena, natomiast wysokie stężenie CO<sub>2</sub> nie wpływało negatywnie na zdrowotność badanych roślin. Uzyskane wyniki potwierdzają wnioski dotyczące optymalnych warunków do infekcji grzybiczej *B. graminis* w zakresie od 12°C do 20°C i wilgotności od 50% do 100%. Dlatego przyszłe scenariusze globalnego ocieplenia przewidują ograniczenie rozwoju mączniaka prawdziwego zbóż i traw na pszenicy w basenie Morza Śródziemnego, pod warunkiem, że patogen nie dostosuje się do wyższych temperatur (Matić i in., 2018).

Ekstremalne warunki środowiskowe w okresie wegetacji, takie jak susza i upały, przyczyniają się do migracji patogena w kierunku północnym. W związku z tym przypuszcza się, że mączniak prawdziwy zbóż i traw w uprawach pszenicy może występować tylko lokalnie lub zanikać w Europie. Z kolei w Chinach mączniak prawdziwy zbóż i traw będzie stanowił prawdopodobnie jeszcze większe zagrożenie dla produkcji pszenicy ozimej niż obecnie (Tang i in., 2017). Patogen *B. graminis* f.sp. *tritici* jest istotnym ekonomicznie czynnikiem limitującym produkcję pszenicy w Chinach, a w warunkach sprzyjających rozwojowi patogena dochodzi do epidemii choroby (Zou i in., 2018). Przeprowadzone przez Zou i współpracowników (2018) badania obejmowały analizę korelacji między czynnikami meteorologicznymi a występowaniem choroby grzybowej. Ustalono, że temperatura 26,2°C była kluczowym czynnikiem meteorologicznym wpływającym na występowanie mączniaka prawdziwego zbóż i traw w regionach górskich oraz wysokogórskich. Model 26,2°C posłużył do wygenerowania map regionalizacji mączniaka prawdziwego zbóż i traw w Chinach (Zou i in., 2018).

### Prognozowanie zmian klimatu a produkcja pszenicy/plony pszenicy

Prognozowanie wpływu zmian klimatu na produkcję pszenicy w oparciu o różne parametry meteorologiczne tj.: temperatura, opady, uwilgotnienie gleby, dostępność CO<sub>2</sub> może stanowić dogodne narzędzie w racjonalnym planowaniu upraw od skali lokalnej do globalnej (Chenu i in., 2017). Warto zdawać sobie sprawę, że przewidywanie,

jak zmiany klimatu wpłyną na produkcję roślin uprawnych na całym świecie, jest zadaniem trudnym. Wynika to głównie z tego, że symulacje uwzględniają wiele zmiennych, takich jak właściwości gleby, specyfika lokalnego klimatu, sposób użytkowania ziemi oraz dostępność wody, w tym możliwość sztucznego nawadniania (Faber i in., 2019).

Produkcja pszenicy jest szczególnie zagrożona przez globalne ocieplenie w regionach, w których na przełomie kilku lat zaobserwowano wzrost temperatury powietrza, przy jednoczesnym obniżeniu sumy opadów. Taką sytuację zaobserwowano w północno-zachodnich Indiach. Badania nad wpływem zmian klimatu na plony pszenicy i ryżu przeprowadzone zostały przez zespół naukowców pod kierunkiem Lal'a (Lal i in., 1998). Jako materiał badawczy wykorzystano odmiany dobrze przystosowane do uprawy w tym regionie. Model CERES (ang. *Crop Environment Resource Synthesis*) dla pszenicy i ryżu pozwolił na efektywną symulację wpływu zmian klimatycznych na te uprawy w północno-zachodnich Indiach. Eksperyment polegał na zbadaniu wpływu CO<sub>2</sub> na plonowanie roślin przy różnych wartościach temperatury powietrza w połączeniu z niedoborem i nadmiarem wody. Badania symulacyjne koncentrujące się na warunkach klimatycznych w północno-zachodnich Indiach potwierdziły pozytywny wpływ na plon podwojenia stężenia CO<sub>2</sub>, zarówno dla pszenicy, jak i ryżu, odpowiednio o 28% i 15%. Jednak wzrost temperatury o 3°C przy podwyższonym poziomie CO<sub>2</sub> miał negatywny wpływ na uprawę pszenicy i ryżu, dając odpowiednio niższe plony dla obydwu zbóż (Lal i in., 1998). Wzrost temperatury powietrza negatywnie wpłynął na uprawę zarówno pszenicy, jak i ryżu w tym regionie. Ponadto umiarkowany niedobór wody w połączeniu ze stresem termicznym miał lepszy wpływ na plony pszenicy, nawet przy podwojonym poziomie CO<sub>2</sub>. Połączona symulacja z podwojonym efektem CO<sub>2</sub>, stresem termicznym i odpowiednim nawodnieniem skutkowałą wzrostem plonów pszenicy o 21%, a ryżu o 4% (Lal i in., 1998).

Efektywność wykorzystania wody w rolnictwie jest niezwykle ważnym aspektem w różnego rodzaju symulacjach/prognozach statystycznych. Cammarano i in. (2016) wykorzystali 16 modeli uprawy pszenicy uwzględniających wykorzystanie wody w warunkach podwyższonej temperatury i zwiększonego stężenia CO<sub>2</sub> w atmosferze. Na podstawie przeprowadzonych symulacji udowodniono, że efektywność wykorzystania wody w uprawach będzie spadać wraz ze wzrostem temperatury powietrza i krótszym okresem wegetacji (Cammarano i in., 2016).

Ze względu na malejącą dostępność słodkiej wody, zwłaszcza w regionach suchych i półsuchych, rośnie zainteresowanie nawadnianiem wo-



dą o marginalnej jakości (np. słoną lub słonawą). Wiedza na temat reakcji plonów oraz wydajności wody (WP) i wydajności wody do nawadniania (IWP) na nawadnianie słoną wodą jest kluczowa dla optymalnego zarządzania i długoterminowej produktywności. Przeprowadzono globalną metaanalizę 1151 porównań z 120 publikacji, analizując wpływ nawadniania słoną wodą na plony, WP i IWP. Nawadnianie słoną wodą zmniejszyło plony o 17,3%, WP o 12,4% i IWP o 10,8% w porównaniu z nawadnianiem słodką wodą. Nawadnianie wodą słoną powodowało większe zmniejszenie plonów, WP i IWP niż wodą słonawą. Bawełna radziła sobie najlepiej, następnie pszenica, kukurydza, pomidor i papryka. Zmniejszona gęstość gleby i zwiększone pH gleby poprawiały plony niezależnie od zasolenia wody. Rolnicy w regionach półwilgotnych i stosujący nawadnianie kropkowe mieli lepsze wyniki przy nawadnianiu słoną wodą. Wyniki te mogą pomóc w optymalizacji zarządzania nawadnianiem słoną wodą (Cheng i in., 2021).

Liu i współpracownicy (2019) przeprowadzili symulację wpływu wzrostu globalnej temperatury na uprawy pszenicy, badając wzrost o 1,5°C oraz 2,0°C. Modele obejmowały uprawy nawadniane i obszary o wysokich opadach deszczu. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że globalna produkcja pszenicy wzrosnie odpowiednio 2,3% do 7,0% przy wzroście temperatury o 1,5°C i 2,4% do 10,5% przy 2,0°C (Liu i in., 2019). Większość prognozowanego wzrostu globalnej produkcji pszenicy w scenariuszach 1,5°C i 2,0°C przypisuje się efektowi CO<sub>2</sub>, ale z różnicami regionalnymi (Liu i in., 2016).

Oczekuje się, że plony pszenicy wzrosną w chłodniejszych regionach klimatu umiarkowanego z wysokimi opadami deszczu, podczas gdy w przypadku upraw pszenicy w regionach klimatu umiarkowanego z wysoką temperaturą i stosunkowo niższymi opadami deszczu oraz obszarami nawadnianymi sztucznie, oczekuje się ich spadku. Przewidywany globalny wpływ ocieplenia poniżej 2°C na produkcję pszenicy jest nierównomierny i będzie miał wpływ na regionalne utrzymanie bezpieczeństwa żywnościowego na całym świecie (Liu i in., 2019). Liu i współpracownicy (2016) wykorzystali trzy niezależne modele dotyczące potencjalnego wpływu zmian temperatury na globalne zbiory pszenicy. Zastosowane symulacje dały podobne wyniki dotyczące wpływu temperatury na plony pszenicy w skali krajowej i lokalnej. Zmiany klimatyczne spowodują wzrost temperatury o 1°C i zmniejszenie globalnych plonów o 4,1% do 6,4%. Wartości te dotyczą wszystkich analizowanych regionów, z wyjątkiem chłodniejszych regionów Rosji, gdzie zmiany klimatu mogą pozytywnie wpłynąć na plony pszenicy, zakładając wyższą temperaturę podczas wegetacji roślin. Adaptacja do globalnego ocieplenia, wynikająca

z zastosowania innych terminów siewu lub odmian, jest alternatywą dla kompensacji negatywnego wpływu wzrostu temperatury na plony. Ponadto rosnący poziom CO<sub>2</sub> wraz z nadmiernym nawodnieniem i nawożeniem może mieć również pozytywny wpływ na łagodzenie negatywnych skutków globalnego ocieplenia (Liu i in., 2016).

Asseng i współpracownicy (2018) przeprowadzili symulację wpływu zmian klimatycznych na plony i zawartość białka w ziarnie pszenicy. Badanie obejmowało 32 modele, które analizowały wpływ globalnego ocieplenia na plon i jakość pszenicy, w tym całkowitą zawartość białka w ziarnie oraz możliwości przystosowania się do zmian klimatu. Wyniki wykazały, że dostosowanie się do zmian klimatu może poprawić plony, ale niekoniecznie zwiększa zawartość białka w ziarnie, co jest typowe dla upraw niskonakładowych na terenach z minimalnymi opadami (Asseng i in., 2018).

Badania przeprowadzone przez Fuhrer'a (2006) podkreślają znaczenie zmian klimatycznych dla produkcji pszenicy. Ich praca szczegółowo analizuje trendy i przyszłe scenariusze dotyczące letnich fal upałów i intensywnych opadów. Wykorzystując symulacje oparte na modelach klimatycznych, autorzy wskazują na możliwe skutki globalnego ocieplenia dla upraw pszenicy w Szwajcarii. Prognozy sugerują, że w okresie wegetacyjnym zmniejszy się częstotliwość dni deszczowych, co zwiększy ryzyko wystąpienia suszy. Taki scenariusz niesie za sobą ryzyko obniżenia jakości i ilości zbiorów rolniczych (Fuher, 2006).

Przeprowadzono symulacje wpływu zmian temperatury na produkcję pszenicy jarej i ozimej na obszarach nawadnianych i z obfitymi opadami deszczu. Łącznie przetestowano 30 różnych modeli, obejmujących uprawę pszenicy jarej i ozimej na obszarach o średnich temperaturach wzrostu od 15°C do 32°C. W przypadku środowisk charakteryzujących się ograniczonymi opadami deszczu i niskim nawożeniem azotem stwierdzono, że wzrost temperatury o 2°C miał pozytywny wpływ na plony pszenicy poprzez uniknięcie stresu wodnego i cieplnego po zakończeniu wegetacji roślin. W pozostałych regionach doświadczalnych globalne ocieplenie miało negatywny wpływ na wysokość plonu pszenicy, nawet przy odpowiedniej ilości wody i nawożeniu N. Według szacunków, każdy stopień wzrostu temperatury na świecie przyczynia się do obniżenia globalnej produkcji pszenicy o 6%, co odpowiada spadkowi plonów pszenicy o 42 tony na każdy stopień Celsjusza (Asseng i in., 2015).

Negatywny wpływ zmian klimatu na plony pszenicy zwyczajnej i twardej (*T. durum*) został potwierdzony dla klimatu śródziemnomorskiego. Korzystając z modeli upraw dla pszenicy twardej, opracowano platformę cyfrową GIS-DSSAT (ang.

*Geographic Information System-Decision Support System for Agrotechnology Transfer*), która uwzględnia różne prognozy klimatyczne dla Włoch w odniesieniu do przestrzennego rozmieszczenia różnych typów gleb wraz z rozmieszczeniem upraw pszenicy. Wyniki wskazują, że zmiany klimatu mogą wpływać na uprawy pszenicy w zależności od regionu: negatywnie na południu i pozytywnie w północnych Włoszech. Większa wrażliwość odmian pszenicy zwyczajnej na suchą i gorącą pogodę może przyczynić się do wzrostu areалу upraw pszenicy twardej durum we Włoszech. Wyższe poziomy CO<sub>2</sub> w atmosferze mogą częściowo zrównoważyć negatywne skutki zmian klimatu i zwiększyć korzyści w regionach północnych. Ponadto, według modelowania wpływu zmian klimatu na uprawy pszenicy zwyczajnej, zaobserwowano korzystny wpływ na uprawy form ozimych w porównaniu do upraw formy jarych (Mereu i in., 2021).

Wiadomo, że wzrost temperatury wpływa na wzrost i plon roślin, a także na interakcje roślin-patogen(y) (Lione i in., 2015). Wzrost średniej sezonowej temperatury o 1°C powyżej 16°C niekorzystnie wpłynął na plon ziarna i słomy roślin pszenicy (Ju i in., 2010, Ottman i in., 2012).

### Zmiany klimatu a różnorodność genetyczna

Zasoby genetyczne roślin rozumiane jako materiał reprodukcyjny znajdujący się w obecnej uprawie wraz z prymitywnymi, starymi oraz lokalnymi odmianami, a także elitarnymi liniami hodowlanymi gromadzone są w bankach genów na całym świecie. Zasoby genetyczne stanowią cenny materiał, który może być potencjalnie wykorzystywany przez ludzi teraz i w przyszłości (Maxted i Kell, 2003).

Rola i znaczenie zasobów genetycznych w zapewnieniu bezpieczeństwa żywnościowego dla szybko rosnącej światowej populacji jest niezaprzeczalna. Unikalna i zróżnicowana pula genowa roślin zapewnia zmienność wewnątrzgatunkową, niezbędną w procesie hodowli w celu dostosowania nowych odmian do zmieniających się warunków środowiskowych. Jest to szczególnie ważne dla produkcji rolnej w dobie globalnego ocieplenia. W wyniku zmian klimatycznych i selekcji hodowlanej skoncentrowanej na wielkości plonów, nastąpiło zawężenie cennej puli genowej w roślinach uprawnych. Zawężanie puli genetycznej przyczyniło się do stopniowej i nieodwracalnej utraty różnorodności wewnątrz i międzygatunkowej oraz do wzrostu zróżnicowania pomiędzy populacjami poprzez ich fragmentację oraz ograniczony przepływ genów między populacjami. Zachowanie wysokiego poziomu zmienności genetycznej jest niezmiernie ważnym aspektem, decydującym o zachowaniu zdolności adaptacyjnych populacji w dobie zmieniającego się klimatu. Dla

tego też, na całym świecie rozpoczęto ochronę zasobów genetycznych i działania badawcze mające na celu monitorowanie i zachowanie różnorodności biologicznej (Balvanera i in., 2006).

Utrzymanie bezpieczeństwa żywnościowego zależy również od zachowania różnorodności gatunkowej polegającej na adaptacji do funkcjonowania w zmieniających się warunkach klimatycznych (Hoisington i in., 1999). Zdolność genotypu do prawidłowego funkcjonowania w zmieniającym się klimacie jest ograniczona, dlatego badania mające na celu opracowanie zestawu odmian rolniczych o różnych reakcjach na warunki pogodowe są niezwykle ważne. Obecnie w większości krajów europejskich obserwuje się spadek różnorodności uprawianej pszenicy. Jedynymi krajami, w których obserwuje się wzrost bioróżnorodności są Finlandia, Belgia i Francja. Słowacja wydaje się być efektywnym źródłem bioróżnorodności. Adaptacja badanych odmian do dwóch zestawów warunków pogodowych, takich jak promieniowanie słoneczne, opady deszczu i ciepła jesień i zima (1) oraz wysokie opady deszczu (2) jest pozytywną reakcją odmian i ich adaptacją do zmian klimatu. Jednak cechy odmian przystosowanych do różnych warunków, tj. długość dnia, warunki morskie w porównaniu z kontynentalnymi oraz długość okresu wegetacji, są czynnikiem ograniczającym ich wykorzystanie w całej Europie (Hoisington i in., 1999).

W oparciu o dostępną literaturę naukową można stwierdzić, że zmiany klimatu mogą stanowić zagrożenie dla unikatowych gatunków. Na podstawie badań obejmujących 1100 dzikich gatunków roślin, Thomas i współpracownicy (2004) stwierdził, że od 15% do 37% z nich jest zagrożonych wyginięciem. Jarvis i in. (2008) szacują, że od 16% do 22% wszystkich dzikich krewnych gatunków o bezpośredniej wartości rolniczej może być zagrożonych wyginięciem.

Dziki gatunki i lokalne populacje mogą zapewnić utrzymanie bioróżnorodności i działać jako źródła odporności na stres abiotyczny i biotyczny (Hajjar i Hodgkin, 2007). Banki genów, które zapewniają ochronę *ex-situ* i *in-situ* zasobów genetycznych, odgrywają ważną rolę w ochronie różnorodności występującej w gatunkach roślin uprawnych (Singh i in., 2015). Ponadto dziki gatunki roślin i lokalne populacje reprezentują bogactwo genetyczne w naturalnych populacjach roślin. Ta różnorodność genetyczna umożliwia przystosowanie się roślin do zmieniających się warunków środowiskowych, co przyczynia się do zachowania różnorodności biologicznej oraz integralności w ekosystemach.

### Podsumowanie

Zmiany klimatu stwarzają coraz poważniejsze zagrożenie dla rolnictwa na świecie. Rosnąca liczba ludności może stanowić zagrożenie dla utrzy-

mania globalnego bezpieczeństwa żywnościowego. Zwiększona świadomość może przyczynić się do lepszego wykorzystania puli dostępnych odmian pszenicy dostosowanych do zmieniającego się klimatu i utrzymania bezpieczeństwa żywnościowego na świecie. Twórcze metody hodowli roślin uprawnych mogą przyczynić się do adaptacji odmian w warunkach szybko zmieniającego się klimatu (Kahiluoto i in., 2019).

W warunkach globalnych zmian klimatycznych mączniak prawdziwy zbóż i traw stanowi zagrożenie dla upraw pszenicy we wszystkich regionach. Uważa się, że choroba ta, będzie nadal występować w uprawach pszenicy, a rozszerzając swój zasięg występowania, będzie stanowić zagrożenie dla upraw, które wcześniej nie były nimi dotknięte. Ponadto presja środowiskowa jest odpowiedzialna za pojawienie się nowych patogenów o różnej patogeniczności, a tym samym za ewolucję nowych cech. Dlatego niewątpliwie trudnym wyzwaniem będzie stworzenie odmian odpornych i tolerancyjnych w ekstremalnych wa-

runkach środowiskowych. Konieczne jest zatem kontynuowanie badań nad tą problematyką oraz wdrażanie odpowiednich praktyk rolniczych, aby minimalizować skutki występowania mączniaka prawdziwego zbóż i traw dla produkcji rolnej i bezpieczeństwa żywnościowego.

Należy pamiętać, że w przypadku zmniejszenia różnorodności genetycznej, tj. nieodwracalnej utraty efektywnych i cennych genów/genotypów, ich odtworzenie będzie niemożliwe. Dlatego też, ważna jest ochrona oraz prowadzenie badań nad wykorzystaniem zasobów genetycznych w hodowli zbóż w celu opracowania wspólnej strategii minimalizowania negatywnego wpływu zmian klimatu na produkcję roślinną.

Zmiany klimatu są wieloaspektowym wyzwaniem, które wymaga wspólnego działania na skalę globalną. Przyjęcie zrównoważonych praktyk i działań, zarówno na poziomie jednostek, jak i społeczeństw, może pomóc w ograniczeniu negatywnych skutków zmian klimatu i ochronie przyszłych pokoleń.

## Literatura

- Asseng, S., Ewert, F., Martre, P., Rötter, R.P., Lobell, B.D., Cammarano, D., Kimball, B.A., i inni, 2015. Rising temperature reduces global wheat production. *Nat. Clim. Change* 5, 143–147. <https://doi.org/10.1038/nclimate2470>
- Asseng, S., Martre, P., Maiorano, A., Rötter, R.P., O’Leary, G.J., Fitzgerald, G.J., Girousse, C., i inni, 2018. Climate change impact and adaptation for wheat protein. *Global Change Biol.* 25, 155–173. <https://doi.org/10.1111/gcb.14481>
- Balvanera, P., Sterer, P.F., Buchmann, A.B., He, N., Nakashizuka, J.S., Raffaelli, T., Schmid, B., 2006. Quantifying the evidence for biodiversity effects on ecosystem functioning and services. *Ecol. Lett.* 9, 1146–1156. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00963.x>
- Bennett, F.G.A., 1984. Resistance to powdery mildew in wheat: a review of its use in agriculture and breeding programmes. *Plant Pathol.* 33, 279–300.
- Cammarano, D., Rötter, R.P., Asseng, S., Ewert, F., Wallach, D., Martre, P., Hatfield, J.L., i inni, 2016. Uncertainty of wheat water use: Simulated patterns and sensitivity to temperature and CO<sub>2</sub>. *Field Crop Res.* 198, 80–92. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2016.08.015>
- Caubel, J., Launay, M., Lannou, C., Brisson, N., 2012. Generic response functions to simulate climate-based processes in models for the development of airborne fungal crop pathogens. *Ecol. Modell.* 242, 92–104. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2012.05.012>
- Chen, J., Arsenault, R., Brissette, F. P., Zhang, S., 2021. Climate change impact studies: Should we bias correct climate model outputs or post-process impact model outputs? *Water Resour. Res.* 57, e2020WR028638. <https://doi.org/10.1029/2020WR028638>
- Chenu, K., Porter, J.R., Martre, P., Basso, B., Chapman, S.C., Ewert, F., Bindi, M., Asseng, S., 2017. Contribution of crop models to adaptation in wheat. *Trends Plant Sci.* 22, 472–490. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.02.003>
- Elahi, I., Saeed, U., Wadood, A., Abbas, A., Nawaz, H., Jabbar, S., 2022. Effect of climate change on wheat productivity. *IntechOpen.* <https://doi.org/10.5772/intechopen.1037> [dostęp 17.04.2022]
- Faber, A., Jarosz, Z., Król, A., 2019. Wpływ zmian klimatu na efektywność wykorzystywania azotu oraz jego straty. *Zeszyty Naukowe SGGW W Warszawie - Problemy Rolnictwa Światowego*, 19(1): 37–46. <https://doi.org/10.22630/PRS.2019.19.1.3>
- Farooq, A., Farooq, N., Akbar, H., Hassan Z.U., Gheewala, S.H., 2023. A critical review of climate change impact at a global scale on cereal crop production. *Agronomy*, 13: 162. <https://doi.org/10.3390/agronomy13010162>
- Fuhrer, J., 2006. Agricultural systems: sensitivity to climate change. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources*, 1, 052. <https://doi.org/10.1079/PAVSNNR20061052>
- Griffey, C.A., Das, M.K., Stromberg, E.L., 1993. Effectiveness of adult-plant resistance in reducing grain yield loss to powdery mildew in winter wheat. *Plant Dis.* 77(6), 618–622.
- Hajjar, R., Hodgkin, T., 2007. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* 156: 1–13. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9363-0>
- Hellin, J., Shiferaw, B., Cairns, J., Reynolds, M., Ortiz-Monasterio, I., Banziger, M., Sonder, K., Rovere, R., 2012. Climate change and food security in the developing world: Potential of maize and wheat research to expand options for adaptation and mitigation. *J. Dev. Agric. Econ.* 4(12), 311–321.
- Hoisington, D., Khairallah, M., Reeves, T., Ribaut, J.M., Skovmand, B., Taba, S., Warburton M., 1999. Plant genetic resources: what can they contribute toward increased crop productivity? *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 96(11): 5937–5943. <https://doi.org/10.1073/pnas.96.11.59>
- Jarvis, A., Lane, A., Hijmans, R., 2008 The effect of climate change on crop wild relatives. *Agric. Ecosyst. Environ.* 126: 13–23. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2008.01.013>
- Ju, Z., Hu, C., Zhang, Y., Chen, S., 2010. Effects of temperature rising on soil hydrothermal properties, winter wheat growth and yield. 9<sup>th</sup> European IFSA Symposium; 4–7 July 2010; Vienna, Austria. 2010. pp. 1307–1316.

- Juroszek, P., Tiedemann, A., 2013. Climate change and potential future risks through wheat diseases: A review. *Eur. J. Plant Pathol.* 136, 21–33. <https://doi.org/10.1007/s10658-012-0144-9>
- Kahiluoto, H., Kaseva, J., Balek, J., Olesen, J.E., Ruiz-Ramos, M., Gobin, A., Kersebaum, K.C., i inni, 2019. Decline in climate resilience of European wheat. *Proc Natl. Acad. Sci. USA* 116: 123–128. <https://doi.org/10.1073/pnas.1804387115>
- Kocmánková, E., Trnká, M., Juroch, J., Dubrovský, M., Semerádová, D., Možný, M., Žalud, Z., 2009. Impact of climate change on the occurrence and activity of harmful organisms. *Plant Prot. Sci.* 45, 48–52.
- Lackermann, K.V., Conley, S.P., Gaska, J.M., Martinka, M.J., Esker, P.D., 2011. Effect of location, cultivar, and diseases on grain yield of soft red winter wheat in Wisconsin. *Plant Dis.* 95, 1401–1406. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-11-0005>
- Lal, M., Singh, K.K., Rathore, L.S., Srinivasan, G., Saseendran, S.A., 1998. Vulnerability of rice and wheat yields in NW India to future changes in climate. *Agri. For Meteorol.* 89, 101–114. [https://doi.org/10.1016/S0168-1923\(97\)00064-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1923(97)00064-6)
- Lione, G., Giordano, L., Sillo, F., Gonthier, P., 2015. Testing and modelling the effects of climate on the incidence of the emergent nut rot agent of chestnut *Gnomoniopsis castanea*. *Plant Pathol.* 64: 852–863. <https://doi.org/10.1111/ppa.12319>
- Liu, B., Asseng, S., Müller, C., Ewert, F., Elliott, J., Lobell, D.B., Martre, P., i inni, 2016. Similar negative impacts of temperature on global wheat yield estimated by three independent methods. *Nat. Clim. Change* 6, 1130–1136. <https://doi.org/10.1038/nclimate3115>
- Liu, B., Martre, P., Ewert, F., Porter, J.R., Challinor, A.J., Mueller, C., Ruane, A.C., i inni, 2019. Global wheat production with 1.5 and 2.0 degrees C above pre-industrial warming. *Global Change Biol.* 25, 1428–1444. <https://doi.org/10.1111/gcb.14542>
- Matić, S., Cucu, M.A., Garibaldi, A., Gullino, M.L., 2018. Combined effect of CO<sub>2</sub> and temperature on wheat powdery mildew. *Plant Pathol. J.* 34, 316–326. <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.11.2017.0226>
- Maxted, N., Kell, S., 2003. Biodiversity and conservation. *Plant Diversity, conservation and use. Encyclopedia of Applied Plant Sciences*, Elsevier, 25–48. <https://doi.org/10.1016/B0-12-227050-9/00001-6>
- Mereu, V., Gallo, A., Trabucco, A., Gianluca, T., Carboni, G., Spano, D., 2021. Modeling high-resolution climate change impacts on wheat and maize in Italy. *Clim. Risk Manag.* 33: 100339. <https://doi.org/10.1016/j.crm.2021.100339>
- Miedaner, T., Juroszek, P., 2021. Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe. *Theor. Appl. Genet.* 134, 1771–1785. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03807-0>
- Ottman, M.J., Kimball, B.A., White, J.W., Wall, G.W., 2012. Wheat growth response to increased temperature from varied planting dates and supplemental infrared heating. *Agron. J.* 104:7–16.
- Rosenzweig, C., Iglesias, A., Yang, X.B., Epstein, P., Chivian, E., 2011. Climate change and extreme weather events: implications for food production, plant disease, and pests. *Global Change and Human Health*, 2, 90–104. <https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1023&context=nasapub>
- Savary, S., Nelson, A., Sparks, A.H., Willcoquet, L., Duveiller, E., Mahuku, G., Forbes, G., i inni, 2011. International agricultural research tackling the effects of global and climate changes on plant diseases in the developing world. *Plant Dis.* 95, 1204–1216. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-11-0316>
- Simeone, R., Piarulli, L., Nigro, D., Signorile, M.A., Blanco, E., Mangini, G., Blanco, A., 2020. Mapping powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) resistance in wild and cultivated tetraploid wheats. *Int J Mol Sci.* 24, 21(21): 7910. <https://doi.org/10.3390/ijms21217910>
- Singh, R.P., Prasad, P.V.V., Reddy, K.R., 2015. Climate change: implications for stakeholders in genetic resources and seed sector. *Adv. Agron.* 129:117–180. <https://doi.org/10.1016/bs.agron.2014.09.002>
- Tang, X., Cao, X., Xu, X., Jiang, Y., Lou, Y., Ma, Z., Fan, J., Zhou, Y., 2017. Effects of climate change on epidemics of powdery mildew in winter wheat in China. *Plant Dis.* 101, 1753–1760. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-17-0168-RE>
- Thomas, C.D., Cameron, A., Green, R.E., Bakkenes, M., Beaumont, L.J., Collingham, Y.C., Erasmus, B.F.N., i inni, 2004. Extinction risk from climate change. *Nature* 427:145–148. <https://doi.org/10.1038/nature02121>
- Vollset, S.E., Goren, E., Yuan, C.W., Cao, J., Smith, A.E., Hsiao, T., Bisignano, C., i inni, 2020. Fertility, mortality, migration, and population scenarios for 195 countries and territories from 2017 to 2100: a forecasting analysis for the global burden of disease study. *The Lancet* 396 (10258), 1285–1306. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30677-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30677-2)
- Wheeler, T., Braun, J., 2013. Climate change impacts on global food security. *Science* 341, 508–513. <https://doi.org/10.1126/science.1239402>
- Xiao, Y., Wang, M., Song, Y., 2022. Abiotic and biotic stress cascades in the era of climate change pose a challenge to genetic improvements in plants. *Forests* 13(5): 780. <https://doi.org/10.3390/f13050780>
- Zou, Y., Qiao, H., Cao, X., Liu, W., Fan, J., Song, Y., Wang, B., Zhou, Y., 2018. Regionalization of wheat powdery mildew overwintering in China based on digital elevation. *J. Integr. Agric.* 17, 4: 901–910. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(17\)61851-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61851-3)



# GENERAL AND SPECIFIC COMBINING ABILITY FOR FRUIT YIELD USING DIALLEL POPULATION OF RIDGE GOURD (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.)

K. Naher Ruma<sup>1</sup>, M. S. Raihan<sup>1</sup>, M. A. Hoque<sup>2</sup> and A. K. M. Aminul Islam<sup>1</sup>✉

<sup>1</sup>Department of Genetics and Plant Breeding, <sup>2</sup>Department of Horticulture, Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University, Gazipur 1706, Bangladesh

✉aminulgp@bsmrau.edu.bd

An experiment was conducted using 7 × 7 diallel population of ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb. L.) to study the general and specific combining ability (GCA and SCA) of parents and their hybrids for 17 yield traits in a randomized complete block design with three replications. Data on 17 characters were subjected to analysis of GCA and SCA variances and their effects. The GCA and SCA variance were found highly significant for all the characters except days to first female flowering. Low magnitude of  $\sigma^2g/\sigma^2s$  ratio was observed for all the traits other than days to first male flowering, days to first female flowering, fruit length, fruit width, individual fruit weight. On the other hand,  $\sigma^2g/\sigma^2s$  ratio was more than 1.0 for days to first male flowering, days to first female flowering, fruit length, fruit width and individual fruit weight. The general combining effects (GCA) of the parents revealed that none of the parent was found to be good general combiner for all the characters. However, in the present investigation, parent P3 was observed to be one of the best general combiner as it has shown significant GCA effects in desirable direction for number of fruits per plant and fruit yield per plant. It also observed significant GCA effects for parameters related to earliness viz., days to first male flowering, node number of first female flower and days to first harvest. Similarly, parent P5 was also good general combiners for fruit length, fruit width and individual weight of fruit, parent P6 and P7 were also good general combiners for fruit length, individual weight of fruit except fruit width. The parent P2 and P4 were also good general combiners for number of fruits per plant. The estimate of SCA effects revealed that none of the crosses was consistently superior for all the characters. The highest yielding hybrid (P3 × P4) had registered the highest SCA effect for fruit yield per plant. Similarly, the cross combinations P6 × P7, P3 × P6, P3 × P7, P1 × P5, P2 × P6, P4 × P5 were observed as good specific combinations for fruit yield per plant. The hybrid P2 × P6 was good specific combiner for days to first male flowering, hybrid P3 × P4 for sex ratio followed by P4 × P5 and P5 × P7. Hybrid P1 × P4, P6 × P7, P3 × P6 and P2 × P4 were found as good specific combinations for fruit length, P4 × P6 and P3 × P4 for fruit width. The hybrids P3 × P6, P6 × P7, P3 × P4, P2 × P4 and P1 × P5 were observed as good specific combinations for individual fruit weight.

**Keywords:** Ridge gourd (*Luffa acutangula*), hybrids,  $\sigma^2g/\sigma^2s$  ratio, GCA, SCA, fruit yield

## Introduction

Ridge gourd is an important cucurbitaceous vegetable (Kalloo and Bergh, 1993) cultivated in tropical and subtropical countries like Bangladesh, China and different region of India such as Asam, West Bengal, and Uttar Pradesh and in some other countries (Bose and Som, 1986). In Bangladesh, ridge gourd is known as ‘Jhinga’ or ‘Tarui’. There are 24827 acres of land used for ridge gourd cultivation in Bangladesh and total production was 50240 MT (BBS, 2018). Ridge gourd is mostly used as vegetable with good nutritive value and high yield potential. Edible portion of fruit (100 g) contains carbohydrate (0.2 g), protein (9.6 mg·g<sup>-1</sup>), dietary fiber (3.3 g), organic acid (0.11-0.6 g), vitamin E (0.01 mg·g<sup>-1</sup>), vitamin C (2.05 mg·g<sup>-1</sup>), free fatty acid (43.9 mg·g<sup>-1</sup>), P (4.86%), S (2.22%), Ca (14 mg), K (160 mg), Mg (14 mg), Zn (0.2 mg), thiamine (0.05 mg), riboflavin (0.01 mg) and niacin (0.20 mg) (Dandge *et al.*, 2010, Manikandaselvi and Brindha, 2014). It also provides a comparable source of various components of antioxidants like ascorbic acid (8.64-14.13 mg·100 g<sup>-1</sup>), flavonoid (0.77-1.59

mg·g<sup>-1</sup>) and phenolics (0.416-0.742 mg·100 g<sup>-1</sup>) with variable amount of nutritional compounds like soluble sugar (1.21-1.58%), protein (0.175-0.253%), carotenoid (14.5-36.1 mg·100 g<sup>-1</sup>) and chlorophyll (1.59-1.85 mg·g<sup>-1</sup>) content on fresh weight basis (Kandoliya *et al.*, 2016).

Though ridge gourd is a popular vegetable but less attention has been paid for the improvement the high yielding or hybrid varieties. The efforts of crop improvement have been constrained mainly by a lack of adequate information on the genetic control of characteristics of the earliness and yield traits in ridge gourd. In Bangladesh, there is also lack of high yielding hybrid variety of ridge gourd and are not adequate to fulfil our requirement. So, it is essential to develop more hybrid varieties to increase yield of ridge gourd. Earliness and yield related traits are crucial for increasing the total yield of ridge gourd. Being predominantly monoecious in sex expression and cross-pollination can be the most effective tools to exploit the genetic diversity in ridge gourd hybrid development (Muthaiah *et al.*, 2017). The identification of genetically superior plants is an important pre-requisite for development of promis-

ing F<sub>1</sub> hybrids. A wrong choice of parents at this stage is considered as obstacle for successful breeding program. But this problem can be solved by the use of combining ability test.

The exploitation of hybrid vigor and selection of potential parents depends on their combining ability (Sprague and Tatum, 1942). Diallel analysis is widely used to estimate combining ability effects of the parents and the crosses. Diallel analyses are important tools for identifying superior parents in order to development of new varieties in plant breeding programs. Combining ability is used for breaking yield related barriers and evolving crosses having high yielding potential. Selection of parents on the basis of phenotypic performance alone is not an appropriate technique, since phenotypically superior lines or crosses may not lead to expected degree of heterosis. Griffing (1956) approach (all four methods) has been widely used to estimate genetic parameters (Biabani et al., 2012). This analysis is focused on partitioning the total variation of the data into GCA and SCA of parents and crosses, respectively. It also explains the potential of parents to produce superior progenies, associated with the magnitude of additive and non-additive gene action (Rainey and Griffiths, 2005; Bidhendi et al., 2011). Combining ability is one of the potential tools for identifying appropriate parents for hybridization and shifting productive hybrids from a set of crosses in F<sub>1</sub> generation (Griffing, 1956). The success of combining desirable traits would depend upon the extent of gene effects and combining ability of parents for yield and yield attributing traits. Thus, considering

the importance of work, the present investigation was undertaken to assess the combining ability of parents and hybrids for earliness and fruit yield of ridge gourd.

### Materials and Methods

The present research was conducted at the experimental field of the Department of Genetics and Plant Breeding, Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University (BSMRAU), Gazipur during the period from April 2018 to August 2018 for crossing of parents and April 2019 to August 2019 for evaluation of parents and their F<sub>1</sub>'s for heterosis in yield and related traits.

#### Soil and climate

The experimental site is situated in the subtropical climate zone, characterized by heavy rainfall during the months from May to September and scanty in water with gradual fall of temperature from the month of September. The soil type of experimental field is terrace soil, which is nearly equivalent to Ochrept sub order of USDA soil taxonomy and belongs to the locally termed Salna series of Shallow Red Brown Terrace type soil. The soil is silt loam in texture having acidic (pH 5.5) in nature, poor fertility status and impeded internal drainage (Brammer, 1971).

#### Experimental materials

Seven genetically diverse parental genotypes of ridge gourd (Tab. 1; Islam et al. 2024) along with their 21 F<sub>1</sub>'s developed by crossing through diallel fashion was used as experimental materials to study combining ability and heterosis for fruit

Table 1

Sources and salient features of seven ridge gourd parental genotypes

Name	Sources / Origin	Salient Features
RG001 (P <sub>1</sub> )	Local Seed Market, Gazipur, Bangladesh	Fruit borne in cluster, small size
RG002 (P <sub>2</sub> )	Local Seed Market, Gazipur, Bangladesh	Fruit borne in solitary, medium size
RG003 (P <sub>3</sub> )	Local Seed Market, Gazipur, Bangladesh	Fruit borne in cluster, medium size
RG004 (P <sub>4</sub> )	Siddique Bazar, Dhaka, Bangladesh	Fruit borne in solitary, medium size
RG005 (P <sub>5</sub> )	Siddique Bazar, Dhaka, Bangladesh	Fruit borne in solitary, large size
RG006 (P <sub>6</sub> )	Siddique Bazar, Dhaka, Bangladesh	Fruit borne in solitary, medium size
RG007 (P <sub>7</sub> )	3S Seed Company, Dhaka, Bangladesh	Fruit borne in solitary, large size

#### Raising and transplanting of seedlings

Seeds of seven parents and their 21 F<sub>1</sub>'s were first allowed to soak water for 24 hours. The soaked seeds were then sown in polythene bag (size 15 cm × 15 cm) containing a mixture of soil and well decomposed cowdung (1:1) in 21 April, 2019. Half part of polythene bag was watered for moisturizing and intensive care was taken for production of healthy seedlings. After 15 days of sowing, the seedlings were transplanted in the main field. After one week, gap filling was done whenever death of previously transplanted seedling occurred.

#### Land preparation and application of manures and fertilizers

The experimental plot was prepared by ploughing with tractor followed by harrowing and laddering to bring the desired tilth. Beds of entry containing 14 pits were raised with 1.5 m made by spade and developed properly. Drains with 1m between beds and between replications were maintained. Final land and bed preparation was done about one week before the pit preparation. Recommended doses of manure and fertilizer at the following rates were applied in the experimental field (BARI, 2019).

**Design and layout**

The experiment was laid out in a Randomized Complete Block Design (RCBD) with three replications. The experimental field was divided into three blocks where genotypes were assigned randomly.

**Data collection**

Data were collected on each of seven parents and their  $F_1$ s for the characters viz. days to first male flowering, days to first female flowering, node number of first male flower, node number of first female flower, sex ratio, percent fruit set, days to first harvesting, days to last harvesting, fruit length (cm), fruit width (mm), individual fruit weight (g), ridge number per fruit, number of fruits per plant, fruit yield per plant (g), fruit yield per plant (kg), seed number per fruit, 100 seed weight (g).

**Statistical analysis**

Analysis of variance (ANOVA), mean, standard error (SE), coefficient of variation (CV) was done from the replicated data of different characters by using computer software STAR (Statistical Tools for Agricultural Research). Method II of Griffing (1956) was followed for combining ability analysis. The analytical methods and procedures were often quoted with worked out examples, could be found in reference literature (Mather and Jinks, 1982; Singh and Chaudhary, 1985; Dabholkar, 1992; Sharma, 1998). The combining ability analysis of the present study was mainly done by following Sharma (1998).

**Results and Discussion****Combining ability analysis (Griffing's approach)**

The analysis of variance for combining ability have been presented in (Tab. 2) for 17 agronomic traits under this study. The mean squares of GCA were found to be highly significant in all the characters except node number of first male flowering, days to last harvest, fruit width (mm), ridge number per fruit, hundred seed weight which revealed the importance of both additive and non-additive gene action as the cause of observed variation for these traits (Tab. 2). The mean squares due to SCA was found to be highly significant in all the characters except days to first male flowering, days to first female flowering, node number of first male flower, fruit set (%), days to first harvest, days to last harvest, fruit width (mm), ridge number per fruit, 100-seed weight.

The characters which exhibited non-additive gene action can be improved by the heterosis breeding. The significance of SCA effect elucidates the presence of genetic diversity among parents tested and illustrates the contribution of dominance and/or epistatic effect which represent the non-fixable components of the genetic variation related to heterosis. Combining ability analysis is

an important tool in the hands of the plant breeders to identify good lines in their breeding material and further to select promising hybrid combinations to develop suitable hybrid from them. The relative amount of GCA and SCA effects can play a vital role in establishing a successful breeding program. GCA is attributed to additive genetic effects and additive x additive epistasis and is, theoretically, fixable. On the other hand, specific combining ability attributable to non-additive gene action may be due to either dominance or epistasis or both and is unfixable. The presence of non-additive genetic variance is the primary justification for initial the hybrid program (Cockerham, 1961).

Specific combining ability variance ( $\sigma^2_s$ ) was higher than the general combining ability variance ( $\sigma^2_g$ ) for all the traits other than days to first male flowering, days to first female flowering, fruit length, fruit width, individual fruit weight, indicating the predominance of non-additive type of gene action and possibility of exploiting heterosis for yield enhancement. This was further confirmed by  $\sigma^2_g/\sigma^2_s$  ratio. The low magnitude of  $\sigma^2_g/\sigma^2_s$  ratio for all the traits other than days to first male flowering, days to first female flowering, fruit length, fruit width, individual fruit weight, confirmed the non-additive gene effects were appeared to be predominant for all other characters. On the other hand, the high magnitude of  $\sigma^2_g/\sigma^2_s$  ratio is more than 1 for days to first male flowering (1.16), days to first female flowering (5.66), fruit length (1.98 cm), fruit width (2.85 mm) and individual fruit weight (1.17 g) for confirmed the additive gene effects were appeared to be predominant (Tab. 2). The predominance of non-additive gene action for fruit yield and its component traits were also reported by Kadam (1989), Rao et al., (2000), Purohit et al., (2005), Prabhakar (2008), Lodam et al., (2009), Deshpande (2010), Naransaver et al., (2014) in ridge gourd.

**General combining ability (GCA) effects of parental genotypes**

The estimation of GCA of a parent in the diallel population is an important indicator of its potential for generating superior breeding populations. The GCA effect represents the additive gene action. Besides, performance of the parents, nature of gene action for controlling the concerned characters may also be considered as a guide to select the parent. Depending on a character apparent with higher positive or negative significant effects is considered as good combiner. The general combining ability effects of the selected parents for earliness and yield and yield contributing characters are discussed character wise in (Tab. 3).

GCA of the parents revealed that none of the parent was found to be good general combiner for all the characters. However, in the present investigation, parent P3 was observed to be one of the



**Table 2**

**Analysis of variance (ANOVA) of combining ability for 17 agronomic traits in 7 × 7 diallel population of ridge gourd**

Source of variation	df	Mean sum of squares																	
		DMF	DFH	NMF	NFF	SXR	PFS	DFH	DLH	FLT (cm)	FWT (mm)	AWF (g)	RNF	NFP	FYP (g)	FYP (kg)	NSF	SWT	
gca	6	3.57*	5.68**	1.53	2.92**	5.56**	0.50*	0.65*	0.46	59.68**	8.89	710.79**	0.19	89.24**	64424.82*	0.11**	1068.67**	1.84	
sca	21	0.96	1.08	1.43	2.39**	2.27*	0.28	0.28	0.25	4.92**	7.11	124.07*	0.16	25.96**	205991.40*	0.27**	1235.91**	2.79	
Error	54	1.21	1.17	0.90	0.67	1.19	0.20	0.24	0.55	1.87	7.18	68.42	0.14	7.83	104611.09	0.03	208.72	1.75	
Components																			
σ <sup>2</sup> g		0.29	0.51	0.01	0.06	0.36	0.02	0.04	0.02	6.08	0.20	65.19	0.00	7.03	-15729.6	-0.02	-18.58	-0.11	
σ <sup>2</sup> s		-0.25	-0.09	0.53	1.72	1.08	0.09	0.04	-0.31	3.06	-0.07	55.65	0.02	18.13	101380.3	0.25	1027.19	1.04	
σ <sup>2</sup> g/σ <sup>2</sup> s		1.16	5.66	0.018	0.034	0.33	0.22	1.00	0.064	1.98	2.85	1.17	0.00	0.387	0.15	0.08	0.018	0.10	
SE (±)		0.24	0.28	0.23	0.30	0.33	0.11	0.12	0.10	0.78	0.52	3.01	0.07	1.19	78.95	0.093	6.54	0.30	
CV (%)		3.69	4.01	12.31	8.69	9.09	1.01	3.86	0.745	43.22	45.72	632.50	5.24	15.17	0.15	24.12	35.56	17.16	
F-value		**	**	*	**	*	**	**	*	**	**	**	*	**	**	**	**	**	**

\* and \*\* indicate significant at 5% and 1% levels respectively, df – Degrees of freedom  
 DMF – Days to first male flower, DFF – Days to first female flower, NMF – Node number of first male flower, NFF – Node number of first female flower, SXR – Sex ratio, PFS – Percent fruit set, DFH – Days to first harvest, DLH – Days to last harvest, FLT (cm) – Fruit length, FWT (mm) – Fruit width, AWF (g) – Average weight of fruit, RNF – Ridge number per fruit, NFP – Number of fruit per plant, FYP (g) – Fruit yield per plant, FYP (kg) – Fruit yield per plant, NSF – Number of seed per fruit, SWT (g) – Seed weight.

**Table 3**

**General combining ability (GCA) effects for seventeen agronomic traits in 7 × 7 diallel population of ridge gourd**

Parent	DMF	DFH	NMF	NFF	SXR	PFS	DFH	DLH	FLT (cm)	FWT (mm)	AWF (g)	RNF	NFP	FYP (g)	FYP (kg)	NSF	SWT
P1	0.01	0.00	-0.84**	-0.80**	-1.31**	0.18	-0.20	0.03	-0.95*	-1.54*	-6.77**	0.11	0.43	-160.50*	-0.16**	-17.07**	-0.28
P2	-0.20	-0.07	0.46	-0.21	-0.37	-0.13	0.13	0.34	-2.60**	-0.68	-7.87**	-0.02	2.58**	-19.71	-0.09*	-6.94	-0.23
P3	-0.84*	-1.04	-0.10	-0.58**	0.20	-0.27*	-0.40**	-0.16	-0.93*	0.93	-3.50	0.16	2.59**	103.08	0.17**	5.23	-0.65*
P4	-0.75*	-1.04	0.05	0.31	0.38	-0.24*	0.02	-0.25	-2.73**	0.50	-9.16**	-0.11	3.56**	38.36	0.02	-4.79	0.74*
P5	0.60*	0.92	0.20	0.16	1.29**	-0.02	-0.11	-0.12	4.47**	1.35*	11.11**	-0.17	-3.62**	20.34	-0.02	17.38**	0.30
P6	0.66*	0.50	0.01	0.84**	-0.09	0.09	0.43**	0.27	1.17**	-0.18	5.30*	0.17	-1.22	54.60	0.09*	2.17	-0.04
P7	0.53	0.72	0.23	0.29	-0.10	0.38**	0.13	-0.12	1.58**	-0.37	10.89**	-0.13	-4.33**	-36.17	-0.02	4.01	0.17
SE(g)	0.27	1.03	0.23	0.20	0.27	0.11	0.12	0.18	0.34	0.66	2.05	0.09	0.69	80.03	0.04	3.57	0.33

\* and \*\* indicate significant at 5% and 1% levels respectively  
 DMF – Days to first male flower, DFF – Days to first female flower, NMF – Node number of first male flower, NFF – Node number of first female flower, SXR – Sex ratio, PFS – Percent fruit set, DFH – Days to first harvest, DLH – Days to last harvest, FLT (cm) – Fruit length, FWT (mm) – Fruit width, AWF (g) – Average weight of fruit, RNF – Ridge number per fruit, NFP – Number of fruit per plant, FYP (g) – Fruit yield per plant, FYP (kg) – Fruit yield per plant, NSF – Number of seed per fruit, SWT (g) – Seed weight.

best general combiners as it has shown significant GCA effects in desirable direction for number of fruits per plant and fruit yield per plant. It also observed significant GCA effects for parameters related to earliness viz., days to first male flowering, node number of first female flower and days to first harvest. Two parental lines exhibited significant GCA effects in negative direction, which is desirable. Maximum negative GCA effects was observed in the parent P3 (-0.84) and P4 (-0.75). The parents P3 and P4 can be identified as good combiner for earliness and could be utilized in breeding program to improve earliness. For nodes to first male flower, one parent exhibited negative and significant GCA effects which is desirable. The parent P1 (-0.84) exhibited maximum negative GCA effects (Tab. 3). For nodes to first female flower, two parents exhibited negative and significant GCA effects which is desirable. The parents P1 (-0.80) and P3 (-0.58) exhibited maximum negative GCA effects (Tab. 3). The parents P1 and P3 can be selected for developing earliness parameter.

Days to first harvest is the earliness parameter which helps to get fruit earlier. The GCA effects varied from -0.40 to 0.43. The maximum positive significant GCA effects was observed in P6 (0.43) and P3 (-0.40) exhibited negative significant GCA effects (Tab. 3). It indicates that the parent P3 can be selected as good combiner to get fruit early. Parent P3 was found as good general combiner as it has shown significant GCA effects in desirable direction (negative) for days to first harvest. The GCA effects for sex ratio ranged from -1.31 to 1.29. The parent P1 (-1.31) exhibited maximum negative GCA effects which is desirable. The parent P5 (1.29) exhibited maximum positive GCA effects (Tab. 2). Parent P1 were observed as good general combiner as it has shown significant GCA effects in desirable direction for sex ratio. Percentage of fruit helps to increase the number of fruits per plant and ultimately the yield. For per cent fruit set, one parent exhibited positive and two parents negative exhibited significant GCA effects. It ranged from -0.27 to 0.38 (Tab. 3). The highest significant positive GCA effects was observed in P7 (0.38). The parents P3 (-0.27), P4 (-0.24) showed the highest and significant negative GCA effects for this trait.

Fruit length is an important parameter to develop the quality of fruit. Three parents showed maximum positive significant GCA effects which is desirable and four parents showed maximum negative significant GCA effects (Tab. 3). The parents P5 (4.47), P7 (1.58), P6 (1.17) exhibited the highest significant positive GCA effects which indicates that these can be selected as good combiner to get longer size fruits. Maximum negative GCA effects were observed in P4, P2, P1 and P3.

It reveals that these can be identified as good combiner to get shorter size fruit in cluster. The parental line P5 (1.35) showed maximum positive significant GCA effects (Tab. 3). Parent P5 exhibited as good general combiners for fruit length and fruit width. Similarly, parent P6 and P7 were also good general combiners for fruit length. These parents can be selected as good combiner for getting long size fruit with maximum weight. The parent P5 can be selected as good combiner for developing quality diameter of this fruit.

Individual fruit weight is an important trait which is related to total fruit yield per plant. Three parents showed maximum positive significant GCA effects such as P5 (11.11), P7 (10.39), and P6 (5.30). The parent P4 (-9.16), P2 (-7.87), P1 (-6.77) showed the highest negative significant GCA effects which reveals that these can be selected as good combiner for developing light size of fruit. On the other hand, number of fruits per plant is an important trait for increasing yield per plant. Three parental genotypes P4 (3.56), P3 (2.59), P2 (2.58) showed significant positive GCA effects (Tab. 3), and these genotypes can be selected as a good combiner to get more fruits per plant. Two parents exhibited significant positive GCA effects and the highest significant positive GCA effects was observed in parents P3 (0.17) which indicates that these can be selected as good combiner to increase yield per plant. The parental line P5 (17.38) exhibited the highest significant positive GCA effects and the parent P1 (-17.07) showed maximum negative significant GCA effects (Tab. 3). The parental genotype P4 (0.74) exhibited maximum positive significant GCA effects and P3 (-0.65) showed maximum negative significant GCA effects.

#### ***Specific combining ability (SCA) effects of parents in hybrid combinations***

The performance of a parent in specific cross in relation to general combining ability is termed as specific combining ability. SCA effects are indicative of heterosis and both dominant and epistatic components of genetic variation which are non-fixable and associated with hybrid vigor (Sharma et al., 2016). It represents the performance of specific cross combination. High SCA effects may arise not only in crosses involving high general combiners but also in those involving low combiners. Estimation on SCA effects of the crosses in F1 generation revealed that there are a good number of crosses having significant positive and negative SCA effects on different traits of ridge gourd. The SCA effects of promising F1 hybrids for yield and related traits are presented in (Tab. 4).

Table 4

Specific combining ability (SCA) effects for seventeen agronomic traits in 7x7 diallel population of ridge gourd

Crosses	DMF	DFE	NMF	NFF	SXR	PFS (%)	DFH	DLH	FLT (cm)	FWT (mm)	AWF (g)	RNF	NFP	FYP (g)	FYP (kg)	NSF	SWT
P1 x P2	1.51*	1.07	-1.44	0.53	1.12	-0.47*	-0.032	0.389	0.595	-2.249	1.087	0.037	-0.131	-10.194	-0.016	8.324	-0.245
P1 x P3	-0.84	-0.29	0.12	1.90**	1.58*	-0.05	0.171	-0.111	0.225	-0.068	-3.932	-0.537*	-2.601	-252.234	-0.379**	19.491*	0.425
P1 x P4	-0.94	-1.96	0.97	-1.66**	0.17	0.51*	0.745*	-0.019	2.772**	1.423	-0.960	0.230	-3.688*	-272.085	-0.259**	-11.491	2.133**
P1 x P5	-1.29	-1.25	-0.18	0.49	3.12**	-0.23	0.208	0.519	0.067	-2.333	12.737*	0.541*	-2.765	176.247	0.407**	23.343**	2.024*
P1 x P6	0.66	0.67	-0.66	-0.36	-1.73	0.29	0.005	-0.204	-0.671	-1.235	-7.048	0.100	0.044	-149.033	-0.174*	3.880	-1.136
P1 x P7	0.29	0.44	0.12	-1.14	-0.88	0.04	-0.366	0.019	-0.521	0.287	0.021	-0.200	1.762	83.560	-0.001	-11.787	-0.900
P2 x P3	-1.31	-1.55	0.49	-0.03	0.16	-0.25	0.171	0.241	0.910	2.124	1.543	0.387	0.123	5.979	0.014	-24.306**	3.180**
P2 x P4	-0.73	-0.89	2.34*	0.08	0.23	0.10	0.079	-0.333	2.322**	1.678	14.297**	-0.746**	-4.089*	168.942	-0.086	8.713	-1.811*
P2 x P5	0.92	0.82	-0.14	-1.44**	-0.10	-0.61*	0.875**	0.537	-3.827**	1.160	-8.196	0.015	2.375	-0.166	-0.031	-70.454**	0.980
P2 x P6	-1.81**	-1.09	0.38	-0.45	-0.48	-0.35	-0.662*	-0.852*	-0.697	1.650	4.456	-0.059	3.936*	443.958*	0.371**	1.083	-0.381
P2 x P7	-0.01	0.02	-1.51	-0.56	-0.39	1.32**	-0.366	-0.130	-3.386	-0.143	-11.416*	0.441*	-1.482	-360.277*	-0.439**	23.583**	-1.745*
P3 x P4	0.92	1.08	0.23	-0.55	-1.89**	-0.27	0.616*	0.167	0.362	3.462*	15.680**	0.280	11.280**	1187.142**	1.362**	26.213**	0.208
P3 x P5	0.40	0.07	-0.92	-1.06	-0.79	0.43	-0.088	-0.463	0.611	-1.321	-5.461	-0.159	-1.266	-260.474	-0.360**	-1.787	-1.946
P3 x P6	-0.82	-0.79	2.27*	-0.75	1.90**	-0.14	-0.792	0.648	2.453**	0.793	26.412**	-0.400	-3.080*	508.575**	0.583**	63.250**	1.089
P3 x P7	-0.36	-0.68	1.05	1.14*	0.25	-0.54*	-0.162	-0.630	-0.687	0.609	-2.964	0.200	2.328	183.039	0.436**	-21.917*	1.925*
P4 x P5	1.47*	1.45	-0.06	3.05**	-1.50*	-0.41	-0.681*	0.796*	-4.075**	-0.322	-2.915	-0.192	5.317**	317.351	0.267**	-23.935**	1.058
P4 x P6	-0.25	-0.13	-0.55	1.36**	-0.03	-0.77**	0.116	0.074	-3.145**	5.691**	-11.964*	-0.733**	11.918**	256.899	0.143	-59.731**	-0.953
P4 x P7	-0.12	0.31	-0.44	0.58	1.17*	-0.34	0.745*	-0.537	0.415	-1.416	-3.327	0.067	-2.434	-182.670	-0.377**	52.435**	0.733
P5 x P6	-0.27	-0.75	1.31	-0.16	2.58**	0.18	-0.088	0.278	-0.304	0.514	-3.431	0.528*	-5.578**	-484.732*	-0.559**	-4.898	1.563*
P5 x P7	-0.81	-1.31	0.42	2.73**	-1.34*	-0.27	0.208	0.333	1.213	1.989	-2.167	0.128	0.195	-78.357	0.058	23.935**	-0.776
P6 x P7	0.47	0.78	0.94	2.05**	1.33*	-0.50*	0.671*	0.278	2.579**	1.703	17.864**	-0.013	-0.035	444.205*	0.750**	-50.861**	2.064**
SE(Std)	0.68	2.57	0.58	0.50	0.67	0.27	0.30	0.46	0.84	1.65	5.08	0.23	198.74	0.10	1.72	0.81	8.88

\* and \*\* indicate significance at 5% and 1% levels respectively.

DMF – Days to first male flower, DFF – Days to first female flower, NMF – Node number of first male flower, NFF – Node number of first female flower, SXR – Sex ratio, PFS – Percent fruit set, DFH – Days to first harvest, DLH – Days to last harvest, FLT (cm) – Fruit length, FWT (mm) – Fruit width, AWF (g) – Average weight of fruit, RNF – Ridge number per fruit, NFP – Number of fruit per plant, FYP (g) – Fruit yield per plant, FYP (kg) – Fruit yield per plant, NSF – Number of seed per fruit, SWT (g) – Seed weight.

The estimate of SCA effects revealed that none of the crosses was consistently superior for all the characters. The highest yielding hybrid (P3 × P4) had registered the highest SCA effect for fruit yield per plant. Similarly, the cross combinations P6 × P7, P3 × P6, P3 × P7, P1 × P5, P2 × P6, P4 × P5 were observed as good specific combinations for fruit yield per plant. These can be selected as good specific combiner for commercial exploitation of heterosis to increase yield.

The hybrid P2 × P6 (−1.81) showed significant negative SCA effects (Tab. 3) and was designated as good specific combiner for days to first male flowering. Similar results were also observed by Kamble et al., (2018). The hybrids P1 × P4, P2 × P5 were found as good specific combinations for nodes to first female flower. The hybrid P3 × P4 was the good combiner for sex ratio followed by P4 × P5 and P5 × P7. The crosses P4 × P5, P2 × P6 were good specific combinations for days to first harvest. The hybrid P4 × P5 was found as good combination for days to last harvest. So, the crosses P1 × P4, P2 × P5, P2 × P6, P3 × P4, P4 × P5, and P5 × P7 can be selected for improving the earliness in ridge gourd. Among the crosses, two exhibited negative and significant SCA effects. The crosses P1 × P4 (−1.66) exhibited maximum negative SCA effects followed by P2 × P5 (−1.44). It reveals that these were good combiner for getting flower in lesser node number. Similar results were also observed by Sarker et al. (2015). Sex ratio is an important trait because it indicates which parents or hybrids provide appropriate male and female flowers that helps to increase the yield. Among the crosses, six showed positive significant SCA effects and three hybrids showed negative significant SCA effects. The magnitude of SCA effects varied from −1.89 to 3.12 (Tab. 4). The maximum positive significant SCA effect was observed in P1 × P5 cross (3.12) followed by P5 × P6 (2.58), P3 × P6 (1.90), and the maximum negative significant SCA effects was observed in P3 × P4 (−1.89) followed by P4 × P5 (−1.50), P5 × P7 (−1.34). The hybrid P3 × P4, P4 × P5 and P5 × P7 were good combiner for sex ratio in desirable direction. This results accordance with the findings of Muthaiah et al. (2017).

The hybrid P1 × P4, P6 × P7, P3 × P6 and P2 × P4 were found as good specific combinations for fruit length. The crosses P4 × P6, P3 × P4 were good specific combiners for fruit width. The hybrids P3 × P6, P6 × P7, P3 × P4, P2 × P4 and P1 × P5 were observed as good specific combinations for individual fruit weight. The hybrids P1 × P4, P1 × P5, P2 × P4, P3 × P4, P3 × P6, P6 × P7 and P4 × P6 can be identified for getting quality fruit with proper size and weight through breeding program. Percentage of fruit set is influenced yield by increasing the number of fruits per plant. Among the crosses, two exhibited positive

and five crosses exhibited negative and significant SCA effects. SCA effects varied from −0.77 to 1.32. The highest positive and significant SCA effects were observed in crosses P2 × P7 (1.32) followed by P1 × P4 (0.51). The crosses P4 × P6 (−0.77), P2 × P5 (−0.61), P3 × P7 (−0.54), P6 × P7 (−0.50) showed the highest and significant negative SCA effects for this trait (Tab. 4). The hybrids P1 × P4 and P2 × P7 were good combiner for percent of fruit set in desirable direction. Four crosses among 21 exhibited maximum positive significant SCA effects (Tab. 4) and the highest positive significant SCA effects were observed in crosses P1 × P4 (2.77) followed by P6 × P7 (2.57), P3 × P6 (2.45), P2 × P4 (2.32). The three crosses showed maximum negative significant SCA effects (P4 × P5, P2 × P5, P4 × P6). It reveals that these can be identified as good combiner to get shorter size fruit with cluster. The hybrids P1 × P4, P6 × P7, P3 × P6 and P2 × P4 can be identified as good combiner to get longer size fruit because exhibited maximum positive significant SCA effects. This result accordance with the findings of Jadav and Sapovadiya (2018). The cross P4 × P6 (5.69) exhibited maximum positive significant SCA effect followed by P3 × P4 (3.46) (Tab. 4). The hybrids P4 × P6, P3 × P4 can be selected as good combiner for developing quality diameter of this fruit.

Five crosses out of 21 exhibited significant positive SCA effects and two crosses exhibited significant negative SCA effects (Tab. 4). The highest positive significant SCA effects were founded in cross P3 × P6 (26.41), P6 × P7 (17.86), P3 × P4 (15.68), P2 × P4 (14.29), P1 × P5 (12.74). The hybrids P4 × P6 (−11.96), P2 × P7 (−11.41) exhibited the highest negative significant SCA effects which reveals that these can be selected as good combiner for developing light size of this fruit. The parents P5, P7, P6 can be selected as good combiner for developing heavy size of this fruit because these showed the highest positive significant GCA effects. The hybrids P3 × P6, P6 × P7, P3 × P4, P2 × P4 and P1 × P5 can be identified as good combiner for heavy fruits. This result accordance with the findings of Muthaiah et al., (2017). Four crosses showed maximum positive significant SCA effects and the four crosses showed maximum negative significant SCA effects for number of fruits per plant (Tab. 4). The highest and positive significant SCA effects were observed in P4 × P6 (11.918) followed by the cross P3 × P4 (11.280), P4 × P5 (5.31), P2 × P6 (3.93). Among 21 crosses, four exhibited significant positive SCA effects and two crosses showed significant negative SCA effects for fruit yield per plant in gram (Tab. 4). The highest and positive significant SCA effects were found in the cross P3 × P4 (1187.142), P3 × P6 (508.575) and the cross P5 × P6 (−484.732) showed maximum negative

effects. Seven crosses exhibited significant positive SCA effects and seven crosses showed significant negative SCA effects for fruit yield per kg (Tab. 4). The highest positive significant SCA effects were found in the crosses P3 × P4 (1.362) followed by P6 × P7 (0.750), P3 × P6 (0.583), P3 × P7 (0.376), P1 × P5 (0.407), P2 × P6 (0.371), P4 × P5 (0.267). It indicates that these can be selected as good combiner to increase yield per plant. Six crosses showed maximum negative significant SCA effects for seeds per fruit (Tab. 4). The crosses P2 × P5 (−70.754), P4 × P6 (−59.731), P6 × P7 (−50.861) showed the highest and negative SCA effects.

## Conclusions

Sufficient variability revealed among the parents and hybrids used in the present research which helps to select the best parents and promising hybrids with high yield and yield related traits. The GCA and SCA variance were found highly significant for all the characters except days

## References

- BARI, 2019. Krishi projukti hatboi (Handbook on Agro-Technology), 8<sup>th</sup> edition, 168.
- BBS, 2020. Statistical year book (2019). Bangladesh Bureau of Statistics, Ministry of Planning, Government of Bangladesh. Dhaka, Bangladesh.
- Biabani, A, Rafii, M. Y., Saleh, G., Shabanimofrad, M., Latif, M. A., 2012. Combining ability analysis and evaluation of heterosis in *Jatropha curcas* L. F1-hybrids. Australian Journal of Crop Science, 6, 1030-1036.
- Bidhendi, M.Z., Choukan, R., Darvish, F., Mostafavi, K., Hervan, E.M., 2011. Determination of combining abilities and heterotic patterns of fourteen medium to late maturing Iranian maize inbred lines using diallel mating design. African Journal of Biotechnology, 10, 16854-16865.
- Brammer, H., 1971. Soil resources soil survey project, Bangladesh. AGL: SF\Pac.6. Technical report 3.
- Cockerham, C. C., 1961. Implications of genetic variances in a hybrid breeding program. Crop Science, 1(1), 47-52.
- Dabholkar, A. R., 1992. Elements of biometrical genetics. Concept Publishing Company, New Delhi, India, 138-140.
- Dandge, V.S., Rothe, S.P., Pethe, A.S., 2010. Antimicrobial activity and pharmacognostic study of *Luffa acutangula* Roxb var amara on some deuteromycetes fungi. International Journal of Science Innovations and Discoveries, 2 (1), 191-196.
- Deshpande, M.R., 2010. Genetic studies of fruit yield and its components by line x tester analysis in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). Unpublished M.Sc. (Agri.) thesis submitted to Anand Agriculture University, Anand.
- Griffing, B., 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences, 9, 463-493.
- Islam, S., Era, F.M., Biswas, M.S., Islam, A.K.M.A., 2024. Parental diversity and hybrids performance for yield related traits in ridge gourd [*Luffa acutangula* (L.) Roxb.]. Vegetos (2024). <https://doi.org/10.1007/s42535-024-00911-6>.
- Jadav, K., Sapovadiya, M.H., 2018. Combining ability for fruit yield and its component traits in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). The Pharma Innovation Journal, 7(9), 62-66.
- Kadam, P.Y., 1989. Heterosis studies in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). Ph.D. Thesis, Mahtma Phule Krishi Vidyapeeth, Rahuri, India.
- Kaloo, G., Bergh, B.O., 1993. Loofah-*Luffa* spp. In: Genetic improvement of vegetable crops (eds.), Pergamon Press, 265-266.
- Kamble, D.S., Gasti, S.D.V., Evoor, S., Masuthi, D.K.A., Koulagi, S., 2018. Combining ability in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 7(12), 567-577.
- Kandoliya, U.K., Marviya, G.V., Bodar, N.P., Bhadja, N.V., Golakiya, B.A., 2016. Nutritional and antioxidant components of ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.) fruits of promising genotypes and varieties. Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences, 3(5), 397-401.
- Lodam, V.A., Desai, D.T., Khandelwal, V., Patil, P.P., 2009. Combining ability analysis in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). Vegetable Science, 36(1), 113-115.
- Manikandaselvi, S., Brindha, P., 2014. Quality control studies on *Luffa acutangula* L. International Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, 6 (1), 55-62.
- Mather, K., Zinks, J.L., 1982. "Biometrical Genetics" (3rd Edn). Chapman and Hall Ltd., London.
- Muthaiah, K., Gasti V.D., Mallesh, S., Das, A., Mangi V., 2017. Combining ability studies for early and yield traits in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). International Journal of Agriculture Sciences, 9(26), 4319-4321.
- Naransaver, A.R., Gasti, V.D., Shantappa, T., Mulge, R., Allolli, T.B., Thammaiah, N., 2014. Heterosis studies in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). Karnataka Journal of Agricultural Science, 27(1), 47-51.
- Prabhakar, B.N., 2008. Combining ability and heterosis for fruit yield and yield components in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). Journal Research of ANGRAU (Acharya N.G. Ranga Agricultural University), 36, 24-32.

- Purohit, V.L., Mehta, D.R., Dhaduk, L.K., Gajipara, N.N. 2005. Combining ability for fruit yield and its attributes in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). *Vegetable Science*, 34(1), 84-85.
- Rainey, K.M., Griffiths, P.D., 2005. Diallel analysis of yield components of snap beans exposed to two temperature stress environments. *Euphytica*, 142, 43-53.
- Rao, B.N., Venkata Rao, P., Reddy, Y.N., 2000. Combining ability studies in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). *Indian Journal of Tropical Agriculture*, 18(2), 141-146.
- Sarkar, M., Singh, D.K., Lohani, M., Das, A.K., Ojha, S. 2015. Exploitation of heterosis and combining ability for earliness and vegetative traits in ridge gourd (*Luffa acutangula* (Roxb.) L.). *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 8(1), 153.
- Sharma, J.R., 1998. *Statistical and biometrical techniques in plant breeding*. Pune, India: New Age International (pvt.) Limited.
- Sharma, M., Sharma, A., Muthukumar, P., 2016. Genetic combining ability, gene action and heterosis for biochemical and antioxidant content in chili pepper. *The Bioscan*, 11(3), 1963-1968.
- Singh, A.K., Chaudhary, B.D., 1985. *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. New Delhi, India: Kalyani Publishers.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A. 1942. General vs. specific combining ability in single crosses of corn 1. *Agronomy Journal*, 34(10), 923-932.



# Wpływ rdzy brunatnej na uprawy pszenicy w kontekście zmian klimatu

The impact of leaf rust on wheat crops in the context of climate change

Aleksandra Pietrusińska-Radzio<sup>✉</sup> , Monika Żurek 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

✉ a.pietrusinska@ihar.edu.pl

W dobie zmieniającego się klimatu rdza brunatna stanowi jedno z najpoważniejszych zagrożeń dla upraw pszenicy na całym świecie. Pszenica, będąca jednym z kluczowych zbóż dla globalnego bezpieczeństwa żywnościowego, jest szczególnie narażona na straty plonów spowodowane przez tę chorobę. Zmiany klimatu, charakteryzujące się wzrostem temperatury, zmiennością opadów oraz ekstremalnymi warunkami pogodowymi, mają istotny wpływ na rozwój i rozprzestrzenianie się rdzy brunatnej. Wzrastające średnie temperatury sprzyjają zmianie cyklu życiowego patogena, a opady mogą prowadzić do powstawania warunków bardziej sprzyjających infekcjom. W konsekwencji rolnicy muszą stawić czoła nie tylko zwiększonej częstotliwości występowania choroby, ale także jej potencjalnie większej agresywności. Niniejsza publikacja ma na celu przedstawienie, w jaki sposób zmieniające się warunki klimatyczne wpływają na rdzę brunatną oraz jakie metody zwalczania tej choroby mogą być skuteczne w minimalizowaniu strat w uprawach pszenicy. Przedstawimy również aktualne badania i technologie mające na celu ograniczenie niekorzystnego wpływu globalnego ocieplenia oraz omówimy perspektywy dla rolnictwa w kontekście globalnych zmian klimatycznych.

**Słowa kluczowe:** modelowanie matematyczne, *Puccinia recondita*, rdza brunatna, zasoby genowe, zmiany klimatu

In the era of changing climate, brown rust poses one of the most serious threats to wheat crops worldwide. Wheat, one of the key grains for global food security, is particularly vulnerable to yield losses caused by this disease. Climate changes, characterized by rising temperatures, variable rainfall, and extreme weather conditions, significantly impact the development and spread of brown rust. Rising average temperatures favor changes in the pathogen's life cycle, while rainfall can create conditions more conducive to infections. As a result, farmers must face an increased frequency of the disease and its potentially higher aggressiveness. The purpose of this publication is to demonstrate the effect of changing climatic conditions on brown rust and the effective management strategies for minimizing losses in wheat crops. We will also present current research and technologies meant to mitigate the adverse effects of global warming and discuss the prospects for agriculture in the context of global climate change

**Key words:** climate change, genetic resources, leaf rust, mathematical modeling, *Puccinia recondita*

## Wprowadzenie

Pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum* L.) jest jedną z najważniejszych roślin uprawnych na świecie i odgrywa kluczową rolę w zapewnianiu bezpieczeństwa żywnościowego dla ludzi. Pszenica jest jednym z najczęściej uprawianych zbóż o powierzchni produkcyjnej 240 mln ha na całym świecie (Caubel i in., 2017). Uprawa tego zboża ma znaczenie wielowymiarowe i obejmuje aspekty żywieniowe, ekonomiczne, społeczne oraz kulturowe. Pszenica jest jednym z najbardziej produktywnych zbóż, co sprawia, że jest kluczowym elementem w zapewnieniu stabilności żywnościowej na całym świecie. Zdolność do adaptacji na zmieniające się warunki klimatyczne pozwala na uprawę pszenicy w różnych regionach świata, co jest istotne dla zrównoważonego zaopatrzenia ludności w żywność.

Integrowana Ochrona Roślin (IOR) to strategia zarządzania ochroną upraw, która łączy różne metody i środki ochrony roślin w celu minimalizacji negatywnego wpływu na środowisko oraz zdrowie ludzi i zwierząt. Głównym celem IOR jest zmniejszenie zależności od chemicznych środków ochro-

ny roślin poprzez promowanie zrównoważonych i ekologicznych metod. Jednym z kluczowych wyzwań dla dzisiejszej hodowli odpornościowej jest stosowanie odmian roślin odpornych na choroby i szkodniki, aby minimalizować konieczność użycia chemicznych środków ochrony roślin. Dobór odpornych odmian pozwala na ograniczenie presji patogenów i zmniejsza ryzyko rozwoju oporności na środki chemiczne, wspierając tym samym zrównoważone rolnictwo i ochronę środowiska (Savary i in., 2011, Morgounov i in., 2012). Patogeny grzybowe zbóż powodują straty w plonach sięgające do 40% globalnej produkcji rolniczej, a tym samym zagrażają bezpieczeństwu żywnościowemu na świecie (Savary i in., 2011). W kontekście globalnych zmian klimatycznych, rosnące temperatury, zmieniona cyrkulacja atmosferyczna oraz częstsze i bardziej intensywne opady deszczu stwarzają sprzyjające warunki dla rozwoju rdzy brunatnej pszenicy (*Puccinia triticina*). W Europie Zachodniej i Południowej, a także w Ameryce Południowej, rdza brunatna była drugą najczęściej występującą chorobą grzybową w ciągu ostatnich dziesięcioleci, z wyraźną tendencją do zwiększo-



nego występowania w ostatnich latach (Morgounov i in., 2012).

Obecnie, zmiany klimatu mają istotny wpływ na uprawy pszenicy na całym świecie. Ryzyko utraty plonów wzrasta z powodu zmian klimatu i bardziej zmiennych warunków pogodowych. Dlatego, konieczne jest zminimalizowanie strat w uprawach. Strategie adaptacji do zmian klimatu, zapewniające swego rodzaju „bufor” przed nieprzewidywalnymi zjawiskami pogodowymi. Ponadto, obejmować mogą lepsze dopasowanie fizjologii roślin do dostępności wody, zwiększony dostęp do zestawu odmian o różnej długości okresu wegetacji oraz hodowlę roślin odpornych (Gouache i in., 2012).

W niniejszym manuskrypcie skoncentrujemy się na analizie wpływu zmian klimatycznych na dynamikę występowania rdzy brunatnej pszenicy. Prześledzimy zmiany warunków atmosferycznych sprzyjających rozprzestrzenianiu się tego patogenu. Ponadto, omówione zostaną potencjalne skutki globalnego ocieplenia i zmienności klimatu dla praktyk rolniczych oraz możliwe strategie zaradcze, które mogą pomóc w zminimalizowaniu negatywnych skutków rdzy brunatnej pszenicy na plony i bezpieczeństwo żywnościowe.

W miarę, jak nasze środowisko staje się coraz bardziej zmiennym, zrozumienie wpływu klimatu na zdrowie roślin staje się niezbędne dla zapewnienia stabilności i zrównoważonego rozwoju sektora rolniczego.

### Czynniki biotyczne

Globalne ocieplenie może bezpośrednio i pośrednio wpływać na patogeny grzybowe i odpowiadające im choroby (Juroszek i Tiedeman, 2013). Czynniki biotyczne, takie jak rośliny, zwierzęta, patogeny grzybowe, są ściśle związane z warunkami środowiskowymi, w tym z temperaturą, wilgotnością, dostępnością pożywienia i innymi czynnikami klimatycznymi.

Zmiany temperatury i innych warunków klimatycznych, takich jak zmiany w ilości opadów, prowadzą do różnorodnych modyfikacji związanych z patogenami pszenicy. Te zmiany obejmują głównie trzy aspekty: (1) zasięg geograficzny, czyli rozszerzenie lub kurczenie się obszarów występowania oraz wzrost ryzyka inwazji nowych patogenów, (2) sezonowy cykl życia, czyli synchronizację cyklu życiowego patogena z etapami wzrostu rośliny żywicielskiej oraz z naturalnymi wrogami lub sprzymierzeńcami, (3) dynamikę populacji, czyli zdolność do przetrwania zimy, skuteczność infekcji, czas trwania okresu utajenia oraz zmienną liczbę generacji patogenów (Miedaner i Juroszek, 2021).

Globalne ocieplenie wpływa na rozprzestrzenianie się chorób grzybowych zbóż. Wzrost temperatury i zmiany opadów sprzyjają rozwojowi chorób o podłożu grzybowym, bakteryjnym oraz

wirusowym. Warunki sprzyjające mogą zwiększyć liczbę infekcji oraz zakres geograficzny występowania patogenów, co może prowadzić do spadku plonów i jakości zbiorów. Organizmy biotyczne mogą aklimatyzować się do zmieniających się warunków klimatycznych poprzez zmiany w cechach fenotypowych lub migrację do bardziej odpowiednich dla siebie środowisk. Jednakże, tempo zmian klimatycznych może przekraczać zdolność adaptacji niektórych gatunków, co może prowadzić do spadku różnorodności biologicznej.

W ostatnich latach coraz większy nacisk kładzie się na tzw. *resilience*, czyli cechę określającą zdolność roślin do powrotu do równowagi fizjologicznej po wystąpieniu czynnika stresowego (abiotycznego i/lub biotycznego). Odporność roślin na stropy abiotyczne i biotyczne (*resilience*) jest kluczowym czynnikiem w badaniach dotyczących zarządzania ekosystemami, zrównoważonego rolnictwa w kontekście zmian klimatu (Raza i in., 2019).

Aby określić strategie adaptacyjne stosowane przez przemysł rolniczy, konieczne jest przedstawienie wpływu zmian klimatu na skalę epidemii chorób upraw (Chaloner i in., 2021). W odpowiedzi na te zmiany, przemysł rolniczy stosuje różne strategie adaptacyjne, aby minimalizować ryzyko epidemii chorób upraw i inne negatywne skutki zmian klimatu. Strategie adaptacji do zmian klimatu, zapewniają swego rodzaju „bufor” przed nieprzewidywanymi zmianami klimatu. Dopasowanie fenologii roślin poprzez odpowiedni dobór odmian roślin pod kątem dostępności wody i innych warunków klimatycznych może zmniejszyć ryzyko wystąpienia chorób grzybowych. Regionalizacja upraw może również umożliwić uprawę odmian lepiej dostosowanych do konkretnych warunków klimatycznych w danej lokalizacji. Posiadanie szerokiego zakresu odmian roślin o różnych długościach okresu wegetacji może umożliwić rolnikom reagowanie na zmienne warunki klimatyczne i minimalizowanie ryzyka strat związanych z wystąpieniem chorób grzybowych. Ponadto, prognozowanie występowania chorób grzybowych poprzez monitorowanie środowiska, systemów wczesnego ostrzegania oraz modelowania matematycznego może pomóc w prognozowaniu i zapobieganiu pojawieniu się chorób grzybowych oraz innych szkodników (Gouache i in., 2012).

Wdrażanie tych strategii adaptacyjnych może pomóc rolnikom w zmniejszeniu ryzyka strat związanych z wystąpieniem epidemii chorób upraw oraz zwiększeniu odporności systemów rolniczych na zmiany klimatu. Jednakże, aby skutecznie reagować na dynamicznie zmieniające się warunki klimatyczne i ich wpływ na zdrowie roślin i plony rolnicze, konieczne są dalsze badania i rozwój nowych technologii (Gouache i in., 2012).

## Potencjalny wpływ zmian klimatu na choroby grzybowe pszenicy

Patogeny grzybowe stanowią do 80% wszystkich chorób atakujących rośliny uprawne, niszcząc tym samym jedną trzecią globalnych plonów rocznie. Choroby grzybowe pszenicy są głównym czynnikiem ograniczającym globalną produkcję tej uprawy (Morgounov i in., 2012). W warunkach sprzyjających rozwojowi patogenów, choroby mogą ograniczyć od 20% do 40% światowej produkcji rolniczej i stanowić poważne zagrożenie dla zachowania bezpieczeństwa żywnościowego (Caubel i in., 2017). Dlatego też, choroby grzybowe uważane są za większe zagrożenie dla upraw rolniczych niż choroby wirusowe.

Zmiany klimatu mają istotny wpływ na dynamikę występowania chorób grzybowych pszenicy, w tym także na rozprzestrzenianie się i nasilenie się chorób. Wzrost temperatury oraz zmiany w opadach mogą stworzyć bardziej korzystne warunki dla rozwoju i rozprzestrzeniania się patogena *Puccinia triticina*. Wyższa temperatura może skrócić okres inkubacji choroby, a większa wilgotność sprzyjać rozwojowi grzyba, co z kolei zwiększa ryzyko infekcji roślin pszenicy. Zmiany klimatyczne zmieniają częstość występowania i wirulencję patogenów grzybowych, co może negatywnie wpłynąć na prawidłowy wzrost roślin. Na podstawie dostępnej literatury nie do końca wyjaśniona jest złożona interakcja między reakcjami roślin na biotyczne i abiotyczne warunki stresowe, co ma kluczowe znaczenie dla hodowli odpornościowej w dobie zmian klimatu w przyszłości (Leisner i in., 2023).

Odporność odmian na choroby grzybowe zbóż może zostać przełamana, na skutek zmiany temperatury i wilgotności powietrza. Wzrost temperatury i poziomu dwutlenku węgla w atmosferze skutkuje wzrostem intensywności chorób grzybowych upraw oraz migracją roślin żywicielskich na nowe obszary. Oznacza to, że nowe rasy patogenów mogą pojawiać się na nowych obszarach upraw, na których do tej pory nie występowały (Wheeler i Braun, 2013). Ponadto, ekstremalne zjawiska pogodowe mogą wywoływać epidemie patogenów grzybowych (Xiao i in., 2022).

Migracja patogenów grzybowych w kierunkach regionów chłodniejszych i wilgotnych (Kocmánková i in., 2009) związana jest z emisją dwutlenku węgla do atmosfery, która stymuluje produkcję biomasy przez roślinę żywicielską, na której zimują i namnażają się zarodniki (Caubel i in., 2012). Dwutlenek węgla w powietrzu jest ważnym źródłem węgla dla roślin. Niestety, z powodu niekorzystnej działalności człowieka, poziom CO<sub>2</sub> nadmiernie wzrasta, co ma wpływ na zubożenie warstwy ozonowej oraz negatywnie wpływa na rośliny uprawne. Zaobserwowano, że wzrost poziomu dwutlenku węgla zwiększa tempo fotosyntezy, wydajność transpiracji i wysoką do-

stępność składników odżywczych (Long i in., 2004). W roślinach C3 wzrost poziomu CO<sub>2</sub> stymuluje tempo fotosyntezy, ale nie zwiększa to plonu ani biomasy rośliny. Natomiast wzrost atmosferycznego dwutlenku węgla zwiększa biomasa pszenicy i plon ziarna, ale zmniejsza jego wartość odżywczą. Może prowadzić to do zmiany tempa metabolizmu oraz rozwoju patogenów. Nie jest jednak jasne, w jaki sposób podwyższony poziom dwutlenku węgla (CO<sub>2</sub>) i azotu (N<sub>2</sub>O) wpływają na biologię patogenów poprzez zmiany we wzroście plonów pszenicy i zawartości N w roślinie (Navarro i in., 2020).

## Rdza brunatna pszenicy

Rdza brunatna pszenicy powodowana przez grzyb *Puccinia triticina* f. sp. *tritici* (syn. *P. recondita* Roberge ex Desmaz. f. sp. *tritici*) jest jedną z najpoważniejszych chorób liści pszenicy jarej i ozimej. Jest to bezwzględny, wyspecjalizowany patogen, który co roku powoduje znaczne straty w ilości i jakości plonów. Choroba ta, występuje powszechnie na wszystkich obszarach uprawy pszenicy na całym świecie. Warunki pogodowe sprzyjające rozwojowi tego patogena to dłuższe okresy słonecznej i suchej pogody wiosną i wczesnym latem. Optymalne warunki do rozwoju *P. triticina* to gdy temperatura i wilgotność w nocy przewidyują okres rosy lub/oraz gdy zbliża się deszcz (Kolmer 2013). Kiełkowanie zarodników następuje po 4-8 godzinach w temperaturze 20°C i pod 100% wilgotność powietrza (Hu i Rijkenberg, 1998, Zhang i in., 2003, Rodríguez-Moreno i in., 2020).

Występowanie rdzy brunatnej pszenicy jest również związane z wysoką intensywnością upraw, przy jednoczesnym wysokim nawożeniu azotem i dużej ilości rosy gromadzącej się na roślinach. W zainfekowanych kłosach ziarniaki są mniejsze. Szkodliwość choroby zależy głównie od nasilenia jej występowania. Przy silnym porażeniu straty powodowane przez tę chorobę wynoszą od 40% do 80%. W Polsce straty w plonie powodowane przez tę chorobę wynoszą 15%, ale w sprzyjających warunkach do rozwoju patogena mogą sięgać nawet od 30% do 60% (Strzembicka i in., 2013).

Występowanie rdzy brunatnej pszenicy stanowi poważne zagrożenie w dobie zmieniającego się klimatu. W ostatnich dziesięcioleciach rdza brunatna pszenicy była drugą najczęściej występującą chorobą grzybową w uprawach pszenicy po mączniaku prawdziwym zbóż i traw. Wpływ zmian klimatu na okres inkubacji rdzy brunatnej pszenicy w zachodniej Polsce został przedstawiony przez Wójtowicz i współpracowników (Wójtowicz i in., 2017). Model przedstawia zależność pomiędzy temperaturą a długością okresu inkubacji dla dwóch badanych odmian: Ostrogi (model 1) i Turni (model 2). W badaniach tych wykazano wysoką

zależność między symulacjami a obserwowanymi długościami okresu inkubacji rdzy brunatnej pszenicy. Wyniki te sugerują wzrost częstości infekcji przez *P. triticina*, a tym samym na wcześniejszy i znaczący wzrost występowania tej choroby w wyniku przewidywanej wyższej temperatury w XXI wieku (Wójtowicz i in., 2017). Podobne badania przeprowadził Caubel i współpracownicy (Caubel i in., 2017), który stworzył model STICS-MILA, symulujący zarówno dynamikę upraw w relacji do lokalnego mikroklimatu, w połączeniu ze zmianami patologicznymi powodowanymi przez patogena *P. triticina* (Caubel i in., 2017). Eksperymenty były prowadzone przez wiele lat w różnych regionach Francji. Wykazano wcześniejsze występowanie objawów rdzy brunatnej pszenicy z około miesięcznym wyprzedzeniem w porównaniu z poprzednimi dekadami. Wyższe wartości temperatury powietrza, przy wilgotności powietrza bliskiej 100%, stwarzają odpowiednie warunki do wcześniejszego rozwoju tego patogena na młodych częściach roślin. Czynniki te zwiększają liczbę cykli infekcyjnych w sezonie, prowadząc do znacznych strat w plonach (Caubel i in., 2017). Gouache ze współpracownikami (Gouache i in., 2012), przeprowadzili symulację wpływu zmian klimatycznych we Francji na rdzę brunatną pszenicy w odniesieniu do plonów pszenicy. Stwierdzono, że straty plonów we Francji spowodowane przez *P. triticina* z powodu globalnego ocieplenia zmniejszą się średnio o 15% (Gouache i in., 2012).

Skutki zmian klimatycznych dotyczą również Serbię, która zmagą się z ekstremalnymi wahaniami warunków klimatycznych. W latach 2017-2020 temperatury w styczniu i lutym wahały się od prawie 10°C (od -5°C do +5°C w styczniu) do 7°C (od 1,2°C do 7,5°C w lutym). Odnotowano również różnicę w całkowitym zakresie opadów. Przy ciepłych zimach i wysokich temperaturach w okresie wegetacji roślin, rdza brunatna pszenicy będzie występowała w dużym lub bardzo dużym nasileniu w Serbii (Jevtić i in., 2020).

W zmieniającym się klimacie, modelowanie zbiorów danych pogodowych, terenowych i prognozowanie stanowi podstawę zintegrowanej ochrony przez patogenami grzybowymi. Kluczowy element osiągnięcia sukcesu zapobiegania stratom powodowanym przez rdzę brunatną pszenicy polega na ciągłym dostępie do prognoz pogodowych z wykorzystaniem serwisów internetowych oraz urządzeń mobilnych (Rodríguez-Moreno i in., 2020). Zespół Rodríguez (2020) zaproponował model oparty na zmiennych temperaturowych zebranych podczas trzyletnich doświadczeń. Zapisy pomiarowe z 88 stacji meteorologicznych posłużyły do wypracowania modelu prognozującego rozwój i występowanie rdzy brunatnej pszenicy. Analiza bezpośrednich danych pogodowych pokazała związek nasilenie się rdzy brunatnej pszenicy

przy temperaturze punktu rosy powietrza niższej niż 13,7°C i średnią temperaturę poniżej 19,06°C. Analiza wyników wykazała, że wysoka wilgotność atmosferyczna, zwłaszcza w okresach deszczowych lub podczas porannych ros, sprzyjają infekcji i rozprzestrzenianiu się zarodników rdzy brunatnej. Komponenty meteorologiczne stanowią podstawę systemu wczesnego ostrzegania przed patogenem *P. triticina* (Rodríguez-Moreno i in., 2020).

### **Prognozowanie zmian klimatu a produkcja pszenicy na świecie/plony pszenicy**

Prognozy dotyczące zmian klimatu sugerują, że w ciągu kolejnych dekad możemy spodziewać się wzrostu temperatury, zmian w opadach atmosferycznych oraz częstszego występowania ekstremalnych zjawisk pogodowych. Te zmiany mogą mieć istotny wpływ na produkcję pszenicy, stanowiącej kluczowy składnik diety ludzkiej na całym świecie.

Dane literaturowe wskazują, że zmiany klimatu mogą mieć zarówno pozytywne, jak i negatywne skutki dla produkcji pszenicy. W niektórych regionach wzrost temperatury może wydłużyć okres wegetacyjny pszenicy, co potencjalnie przyczyni się do zwiększenia plonów. Jednakże, zwiększone ryzyko występowania ekstremalnych zjawisk pogodowych, jak susze, upały lub burze, może prowadzić do znaczących strat w plonach pszenicy.

### **Zmiany klimatu i zasoby genowe**

W kontekście zmian klimatycznych istotne jest również wykorzystanie zasobów genowych i hodowla roślin odpornych na choroby grzybowe. Wprowadzenie nowych odmian pszenicy, które są odporne na rdzę brunatną, może znacznie zmniejszyć ryzyko strat w plonach i poprawić stabilność produkcji rolniczej.

Zmiany klimatyczne mają istotny wpływ na gatunki dzikie, zarówno rośliny, jak i zwierzęta. Te zmiany mogą prowadzić do przesunięć geograficznych, zmian w fenologii (czyli sezonowych zdarzeniach w cyklach życiowych organizmów), a także do zmian w dostępności zasobów i interakcjach międzygatunkowych. Niektóre gatunki mogą mieć trudności w dostosowaniu się do nowych warunków klimatycznych, co może prowadzić do spadku populacji, a nawet do zagrożenia ich wyginięciem. Jednak niektóre gatunki mogą także wykazywać zdolność do przystosowania się do nowych warunków, np. poprzez migrację do bardziej odpowiednich środowisk lub poprzez ewolucję nowych cech przystosowawczych. W każdym razie, zrozumienie wpływu zmian klimatu na gatunki dzikie jest kluczowe dla ochrony różnorodności biologicznej i ekosystemów.

Zmiany klimatu stwarzają zagrożenie dla wielu upraw i związanych z nimi gatunków. Analiza dostępnej literatury naukowej wskazuje, że poten-

cialnie zagrożone są również gatunki o znaczącej wartości rolniczej, odporności na choroby oraz innych istotnych cechach dla rolnictwa. Na podstawie danych dotyczących około 1100 gatunków dzikich roślin, Thomas i współpracownicy (2004) szacują, że od 15% do 37% z nich jest zagrożonych wymarciem. Według Jarvisa i in. (2008), od 16% do 22% wszystkich dzikich krewnych gatunków posiadających bezpośrednią wartość rolniczą może być zagrożonych wyginięciem. Dzikie gatunki oraz lokalne populacje mogą pełnić istotną rolę w zachowaniu bioróżnorodności i stanowić źródło odporności na stresy abiotyczne i biotyczne (Hajjar i Hodgkin, 2007). Banki genów, zapewniające ochronę zasobów genetycznych *ex-situ* i *in-situ*, odgrywają kluczową rolę w zabezpieczeniu różnorodności genetycznej gatunków roślin uprawnych. Z tego względu obecnie przykładą się dużą wagę do tego obszaru badań (Singh i in., 2015).

Pszenica odgrywa niezwykle istotną rolę jako roślina uprawna na skalę globalną, co znajduje swoje odzwierciedlenie w imponującej liczbie akcesji pszenicy przechowywanych w bankach genów na całym świecie. Według danych Organizacji Narodów Zjednoczonych do spraw Wyżywienia i Rolnictwa (FAO) z 2010 roku, pszenica posiada największą liczbę akcesji (856 000), wyprzedzając ryż (774 000) i jęczmień (467 000). W banku genów IPK w Gatersleben przeprowadza się badania selekcyjne w kierunku oceny odporności/podatności na choroby grzybowe oraz tolerancji na stresy abiotyczne. Przeprowadzono testy na mączniaka prawdziwego zbóż i traw oraz rdzę brunatną pszenicy na 10 348 akcesjach należących do 21 gatunków z rodzaju *Triticum* oraz 489 akcesjach z 20 gatunków z rodzaju *Aegilops*. Wyniki tych badań różnicowały materiał roślinny pod względem chorób grzybowych i reakcji na stres abiotyczny (Börner i in., 2006). Niniejsze badania podkreślają kluczową rolę pszenicy w kontekście globalnej bezpieczeństwa żywnościowego oraz potrzebę ciągłych wysiłków mających na celu ochronę różnorodności genetycznej tej rośliny. Badania nad odpornością na choroby i tolerancją na stres abiotyczny są niezbędne dla utrzymania wydajności upraw pszenicy wobec zmieniających się warunków środowiskowych.

Wykorzystanie zasobów genowych i hodowla roślin odpornych na choroby grzybowe stanowią kluczowy element strategii adaptacyjnych w kontekście zmian klimatycznych. Dzięki temu możliwe jest zmniejszenie ryzyka strat w plonach, poprawa stabilności produkcji rolniczej oraz ochrona bezpieczeństwa żywnościowego na świecie.

## Podsumowanie

Zmiany klimatyczne mają istotny wpływ na uprawy pszenicy i występowanie chorób grzybowych, takich jak rdza brunatna. Wzrost temperatury, zmiany w ilości opadów oraz inne czynniki klimatyczne sprzyjają rozwojowi patogenów grzybowych i zwiększają ryzyko strat w plonach. W odpowiedzi na te wyzwania, przemysł rolniczy stosuje różnorodne strategie adaptacyjne, takie jak modelowanie matematyczne, hodowla roślin odpornych oraz wykorzystanie zasobów genowych. Wdrażanie tych strategii może pomóc w zmniejszeniu ryzyka strat związanych z wystąpieniem epidemii chorób upraw oraz zwiększeniu odporności systemów rolniczych na zmiany klimatu. Jednakże, dalsze badania i rozwój nowych technologii są niezbędne, aby skutecznie reagować na dynamicznie zmieniające się warunki klimatyczne i ich wpływ na zdrowie roślin i plony rolnicze. Wymogi Integrowanej Produkcji (IP) oraz Europejskiego Zielonego Ładu (EZŁ) kładą nacisk na ograniczanie zużycia chemicznych środków ochrony roślin poprzez stosowanie takich strategii jak dobór odmian odpornych. Integracja tych praktyk w rolnictwie jest kluczowa dla zmniejszenia negatywnego wpływu na środowisko oraz zdrowie ludzi i zwierząt. Dobór odmian odpornych pozwala na naturalną obronę roślin przed chorobami i szkodnikami, co redukuje konieczność stosowania pestycydów. Taka strategia wspiera zrównoważone rolnictwo, które jest mniej zależne od chemicznych środków ochrony roślin, a bardziej skoncentrowane na ekologicznych i bezpiecznych metodach uprawy. Dzięki temu możliwe jest zwiększenie bioróżnorodności oraz poprawa jakości gleby i wód, co przyczynia się do lepszego zarządzania zasobami naturalnymi. Implementacja tych wymogów jest zatem nie tylko krokiem w kierunku zrównoważonego rolnictwa, ale również istotnym elementem ochrony środowiska i dążenia do bardziej ekologicznej przyszłości.

## Literatura

- Börner, A., Freytag, U., Sperling, U., 2006. Analysis of wheat disease resistance data originating from screenings of Gatersleben Genebank accessions during 1933 and 1992. *Genet. Resour. Crop Evol.* 53, 453–465. <https://doi.org/10.1007/s10722-004-1158-8>
- Caubel, J., Launay, M., Lannou, C., Brisson, N., 2012. Generic response functions to simulate climate-based processes in models for the development of airborne fungal crop pathogens. *Ecol. Modell.* 242, 92–104. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2012.05.012>
- Caubel, J., Launay, M., Ripoche, D., Gouache, D., Buis, S., Huard, F., Huber, L., Brun, F., Bancal, M.O., 2017. Climate change effects on leaf rust of wheat: Implementing a coupled crop-disease model in a French regional application. *Eur. J. Agron.* 90, 53–66. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2017.07.004>
- Chaloner, T.M., Gurr, S.J., Bebber, D.P., 2021. Plant pathogen infection risk tracks global crop yields under climate change. *Nat. Clim. Chang.* 11, 710–715. <https://doi.org/10.1038/s41558-021-01104-8>

- Gouache, D., Le, Bris, D., Bogard, M., Deudon, O., Page, C., Gate, P., 2012. Evaluating agronomic adaptation options to increasing heat stress under climate change during wheat grain filling in France. *Eur. J. Agron.* 39, 62–70. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2012.01.009>
- Hajjar, R., Hodgkin, T., 2007. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* 156, 1–13. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9363-0>
- Hu, G., Rijkenberg, F.H., 1998. Subcellular localization of beta-1,3-glucanase in *Puccinia recondita* f sp *tritici*-infected wheat leaves. *Planta* 204, 324–334.
- Jarvis, A., Lane, A., Hijmans R., 2008. The effect of climate change on crop wild relatives. *Agric. Ecosyst. Environ.* 126, 13–23. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2008.01.013>
- Jevtić, R., Župunski, V., Lalošević, M., Jacković B., Orbović B., Ilin S., 2020. Diversity in susceptibility reactions of winter wheat genotypes to obligate pathogens under fluctuating climatic conditions. *Sci. Rep.* 10, 19608. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76693-z>
- Juroszek, P., Tiedemann, A., 2013. Climate change and potential future risks through wheat diseases: A review. *Eur. J. Plant Pathol.* 136, 21–33. <https://doi.org/10.1007/s10658-012-0144-9>
- Kocmánková, E., Trnká, M., Juroch, J., Dubrovský, M., Semerádová, D., Možný, M., Žalud, Z., 2009. Impact of climate change on the occurrence and activity of harmful organisms. *Plant Prot. Sci.* 45, 48–52.
- Kolmer, J., 2013. Leaf rust of wheat: pathogen biology, variation and host resistance. *Forests* 4, 70–84. <https://doi.org/10.3390/f4010070>
- Leisner, C.P., Potnis, N., Sanz-Saez, A., 2023. Crosstalk and trade-offs: Plant responses to climate change-associated abiotic and biotic stresses. *Plant Cell Environ.* 46(10): 2946–2963. <https://doi.org/10.1111/pce.14532>
- Long, S.P., Ainsworth, E.A., Rogers, A., Ort, D.R., 2004. Rising atmospheric carbon dioxide: plants FACE the future. *Annu Rev Plant Biol.* 55: 591–628. <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.55.031903.141610>
- Miedaner, T., Juroszek, P., 2021. Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe. *Theor. Appl. Genet.* 134, 1771–1785. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03807-0>
- Morgounov, A., Tufan, H.A., Sharma, R., Akin, B., Bagci, A., Braun, H.J., Kaya, Y., Keser, M., Payne, T.S., Sonder, K., McIntosh R., 2012. Global incidence of wheat rust and powdery mildew during 1969–2010 and durability of resistance of winter wheat variety Bezostaya 1. *Eur. J. Plant Pathol.* 132, 323–340. <https://doi.org/10.1007/s10658-011-9879-y>
- Navarro, J.C., Centeno, M.A., Laguna, O.H., Odriozola, J.A., 2020. Ru–Ni/MgAl<sub>2</sub>O<sub>4</sub> structured catalyst for CO<sub>2</sub> methanation. *Renewable Energy*, 161: 120–132. <https://doi.org/10.1016/j.renene.2020.07.055>
- Raza, A., Razaq, A., Mehmood, S.S., Zou, X., Zhang, X., Lv, Y., Xu, J., 2019. Impact of climate change on Crops adaptation and Strategies to tackle Its outcome: A Review. *Plants (Basel)* 8(2): 34. <https://doi.org/10.3390/plants8020034>
- Rodríguez-Moreno, V.M., Jiménez-Lagunes, A., Estrada-Avalos, J., Mauricio-Ruvalcaba, J.E., Padilla-Ramírez, J.S., 2020. Weather-data-based model: an approach for forecasting leaf and stripe rust on winter wheat. *Meteorol Appl.* 27:e1896. <https://doi.org/10.1002/met.1896>
- Savary, S., Nelson, A., A.H., Willcoquet, L., Duveiller, E., Mahuku, G., Forbes, G., Garrett, K.A., Hodson, D., Padgham, J., Pande, S., Sharma, M., Yuen, J., A., 2011. International agricultural research tackling the effects of global and climate changes on plant diseases in the developing world. *Plant Dis.* 95, 1204–1216. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-11-0316>
- Savary, S., Willcoquet, L., Elazegui, F.A., Teng, P.S., Du, P.V., Zhu D., Tang, O., Huang, S., Lin X., Singh, H.M., Srivastava, R.K., 2011. Rice pest constraints in tropical Asia: characterization of injury profiles in relation to production situations. *Plant Disease* 85(3), 208–215. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.3.341>
- Singh, R.P., Prasad, P.V.V., Reddy, K.R., 2015. Climate change: implications for stakeholders in genetic resources and seed sector. *Adv. Agron.* 129, 117–180. <https://doi.org/10.1016/bs.agron.2014.09.002>
- Strzembicka, A., Czajowski, G., Karska, K., 2013. Characteristic of the winter wheat breeding materials in respect of resistance to leaf rust *Puccinia triticina*. *Bull. Plant Breed. Acclim. Inst.* 268, 7–14.
- Thomas, C.D., Cameron, A., Green, R.E., Bakkenes, M., Beaumont, L.J., Collingham, Y.C., Erasmus, B.F.N., Ferreira De Siqueira, M., Grainger, A., Hannah, L., Hughes, L., Huntley, B., Van Jaarsveld, A.S., Midgley, G.F., Miles, L., Ortega-Huertas, M.A., Peterson, A.T., Phillip, S.O.L., Williams, S.E., 2004. Extinction risk from climate change. *Nature* 427, 145–148. <https://doi.org/10.1038/nature02121>
- Wheeler, T., Braun, J., 2013. Climate change impacts on global food security. *Science* 341, 508–513. <https://doi.org/10.1126/science.1239402>
- Wójtowicz, A., Wójtowicz, M., Ratajkiewicz, H., Pasternak, M., 2017. Prognoza zmian czasu inkubacji sprawcy rdzy brunatnej pszenicy w reakcji na przewidywane ocieplenie klimatu. *Fragm. Agron.* 34(4), 197–207.
- Xiao, Y., Wang, M., Song, Y., 2022. Abiotic and biotic stress cascades in the era of climate change pose a challenge to genetic improvements in plants. *Forests* 13(5): 780. <https://doi.org/10.3390/f13050780>
- Zhang, L., Meakin, H., Dickinson, M. 2003. Isolation of genes expressed during compatible interactions between leaf rust (*Puccinia triticina*) and wheat using cDNA-AFLP. *Mol. Plant Pathol.* 4 469–477.



**SPIS TREŚCI**  
**TABLE OF CONTENTS**

Autor / Tytuł Author / Title	Strony / Pages	
	od / from	do / to
PIOTR STEFAŃSKI, KRYSZYNA RYBKA, PRZEMYSŁAW MATYSIK		
Fenotypowanie zagęszczenia łanu pszenżyta ozimego w warunkach polowych przy użyciu kamery RGB Phenotyping of winter triticale canopy density in field conditions using an RGB camera	3 13	11 21
ANNA KONDEJ		
Wstępna ocena ekstraktów owoców i pędów <i>Actinidia arguta</i> za pomocą profilowania TLC Preliminary evaluation of fruit and shoot extracts of <i>Actinidia arguta</i> using TLC profiling	23	27
MARLENA GZOWSKA, ANNA FRAŚ, MAGDALENA WIŚNIEWSKA		
Żyto jako bogate źródło związków prozdrowotnych Rye as a rich source of prohealthy compounds	29	34
DAGMARA PACOŃ		
Czystość nasion zbóż ozimych oraz skład botaniczny nasion obcych występujących w ziarnie stosowanym do siewu w gospodarstwach rolnych Seed purity of winter cereals and botanical composition of other seeds occurring in grain used for sowing on farms	35	44
ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA-RADZIO, MONIKA ŻUREK		
Wpływ mączniaka prawdziwego zbóż i traw na uprawy pszenicy w kontekście zmian klimatu The impact of powdery mildew on cereals and grasses on wheat crops in the context of climate change	45	51
K. NAHER RUMA, M. S. RAIHAN, M. A. HAQUE, A. K. M. AMINUL ISLAM		
General and specific combining ability for fruit yield using diallel population of ridge gourd ( <i>Luffa acutangula</i> (Roxb.) L.)	53	61
ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA-RADZIO, MONIKA ŻUREK		
Wpływ rdzy brunatnej na uprawy pszenicy w kontekście zmian klimatu The impact of leaf rust on wheat crops in the context of climate change	63	68