

**SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE**  
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2018 roku

**A. INFORMACJE OGÓLNE**

Tytuł zadania - <b>Wytwarzanie nowych źródeł genetycznych pszenżyta w oparciu o krzyżowanie oddalone</b>
Numer zadania (w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 29 lipca 2015 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. Nr 91, poz. 595, z późn. zm.)) - <b>17</b>
Planowany okres realizacji zadania: <b>2018</b>
Planowane nakłady w zł: <b>72 000</b>

**B. DANE WNIOSKODAWCY**

Imię i nazwisko osoby reprezentującej jednostkę badawczą, tytuł lub stopień naukowy, stanowisko, nazwa i adres jednostki badawczej, telefon, fax) <b>Prorektor ds. Nauki, Wdrożeń i Współpracy Międzynarodowej</b> <b>prof. dr hab. Zbigniew Grądzki</b> <b>Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie</b> <b>ul. Akademicka 13</b> <b>20-950 Lublin</b> <b>tel. (+ 81) 445-68-68</b>
--

## C. INFORMACJA O WYKONAWCACH

### 1. Zespół badawczy

Kierownik zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Justyna Leśniowska-Nowak	dr	UP w Lublinie
Wykonawcy zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Michał Nowak	dr	UP w Lublinie
Sylwia Okoń	dr	UP w Lublinie
Magdalena Zapalska	dr	UP w Lublinie
Aneta Koroluk	mgr inż	UP w Lublinie
Aleksandra Nucia	mgr inż.	UP w Lublinie
Magdalena Kawęcka	mgr inż.	UP w Lublinie
Karolina Różaniecka		UP w Lublinie

2. Kierownik zadania (imię, nazwisko, tytuł lub stopień naukowy, adres do korespondencji, telefon bezpośredni i do sekretariatu jednostki organizacyjnej zatrudniającej kierownika zadania, e-mail kierownika; telefon do oraz dane osoby, z którą można się kontaktować w razie nieobecności kierownika zadania)

dr Justyna Leśniowska-Nowak  
ul. Akademicka 15  
20-950 Lublin  
tel. 81 445 66 25, 602 621 709  
Sekretariat Uczelni – tel. 81 445 66 22  
e-mail: justyna.lesniowska@up.lublin.pl  
dr Michał Nowak – tel. 81 445 69 01, 784 099 589

## D. OPIS ZADANIA

### 1. Cele zadania

Lp.	Cel (zgodnie ze szczegółowym opisem na dany rok)	Czy cel został zrealizowany (tak/nie <sup>1</sup> /częściowo <sup>1</sup> )
1	Uzyskanie mieszańców wstecznych (BC <sub>1</sub> ) w wyniku krzyżowania roślin pokolenia F <sub>1</sub> uzyskanych z krzyżowania kozieńców z pszenicą oraz pszenżytem oraz uzyskanie mieszańców F <sub>1</sub> gdzie genotypy z rodzaju <i>Aegilops</i> przeznaczone zostaną na formę ojcowską.	TAK
2	Analiza wysokości oraz podstawowych komponentów plonu mieszańców oddalonych pochodzących z krzyżowania <i>Aegilops columnaris</i> z pszenicą oraz pszenżytem.	TAK
3	Zwiększenie wydajności uzyskiwania mieszańców oddalonych poprzez zastosowanie opracowanej metodyki embryo rescue.	TAK
4	1. Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01, 2. Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT 3. Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017	TAK

### 2. Harmonogram realizacji zadania

Harmonogram realizacji zadania należy sporządzić w tabeli, dla każdego z planowanych tematów badawczych z uwzględnieniem ilości planowanych testów/prób/linii na których prowadzone będą badania. Proszę podać koszty realizacji poszczególnych tematów badawczych.

<sup>1</sup> Jeśli dotyczy – proszę opisać pod tabelą, w jakim stopniu cel został osiągnięty i podać przyczyny

Proszę wyróżnić etapy (tematy badawcze), określić czas ich trwania w miesiącach od rozpoczęcia projektu i przewidywane koszty. Terminy realizacji tematów badawczych mogą się zależeć. Suma kosztów tematów badawczych musi być równa całkowitemu kosztowi zadania.

Lp.	Nazwa tematu badawczego	Termin rozpoczęcia – zakończenia realizacji tematu badawczego w miesiącach od rozpoczęcia realizacji zadania	Przewidywane koszty realizacji tematu badawczego
1	Uzyskiwanie mieszańców poprzez krzyżowanie (kastrowanie i zapylenie) roślin	5-12	34 000
2	Ocena zmienności cech w mieszańcach	1-12	18 000
3	Izolacja uzyskanych zarodków i prowadzenie kultur <i>in vitro</i>	6-12	5 000
4	Analizy molekularne uzyskanych mieszańców	1-12	15 000
<b>Razem</b>			<b>72 000</b>

UWAGA: Nie są tematami badawczymi czynności techniczne służące wykonaniu zadania np. zakup materiałów, utrzymanie roślin w szklarni, opracowanie statystyczne wyników, opracowanie raportów i sprawozdań.

3. Opis tematów badawczych (należy sporządzić opis dla tematów badawczych wymienionych w tabeli powyżej; kolejność zgodnie z tabelą powyżej)

3.1 Temat badawczy 1: Uzyskiwanie mieszańców poprzez krzyżowanie (kastrowanie i zapylenie) roślin.

#### **Cel tematu badawczego 1**

Celem zadania 1 było uzyskanie mieszańców wstecznych (BC<sub>1</sub>) w wyniku krzyżowania roślin pokolenia F<sub>1</sub> otrzymanych z krzyżowania kociołców z pszenicą oraz pszenżytem a także uzyskanie mieszańców F<sub>1</sub> gdzie genotypy z rodzaju *Aegilops* przeznaczone zostaną na formę ojcowską.

#### **Materiały i metody**

W roku bieżącym do wykonania potencjalnych krzyżowań wysianych zostało około 50 odmian i linii pszenżyta, obejmujących formy mające największe znaczenie i charakteryzujące się największą plennością. Ponadto wysiane zostały linie i odmiany pszenicy w liczbie 22. Wybrane formy wysiewane były na poletkach 2-rzędowych, w siewie gęstym, rzutowym (około 300 ziarniaków na m<sup>2</sup>). Rozstawa rzędów wynosiła 20 cm. W ramach zadania wysiane zostały również krótkoźdźbłowe formy z rodzaju *Aegilops* w liczbie 18. W siewie punktowym wysiane były rośliny mieszańcowe wczesnych pokoleń przeznaczone do krzyżowań wstecznych

Tuż przed kwitnieniem na poletkach doświadczalnych kastrowane były kwiaty w kłosach roślin przeznaczonych na formy mateczne. Kastracja wykonana była metodą manualną. Z każdego kłoska usunięte zostaną środkowe kwiaty, a z pozostałych, bocznych kwiatów usunięte zostały po trzy niedojrzałe pylniki. Na wykastrowany kłos założony był izolator. Następnie na dojrzałe znamię słupka nanoszono pyłek z roślin przeznaczonych na formę ojcowską.

<b>Schemat krzyżowań planowanych na rok 2018</b>	<b>Liczba kombinacji</b>
pszenżyto heksaploidalne × <i>Aegilops</i>	40
Mieszańce F <sub>1</sub> × pszenżyto lub pszenica	30

Wszystkie krzyżowane kłosy poddane zostały ocenie pod kątem liczby zawiązanych ziarniaków oraz wykastrowanych kwiatów. Na podstawie tych danych obliczona zostanie zdolność kombinacyjna poszczególnych form wyrażona w %.

#### **Wyniki**

W ramach projektu w roku 2018 wykonano 40 kombinacji krzyżówkowych pomiędzy pszenżytem i kociołcami. We wszystkich wykonanych kombinacjach kociołce były formą ojcowską a zboże formą mateczną (Tab. 1).

**Tab. 1** Kombinacje krzyżówkowe wykonane pomiędzy pszenżytem i dzikimi formami z rodzaju *Aegilops*

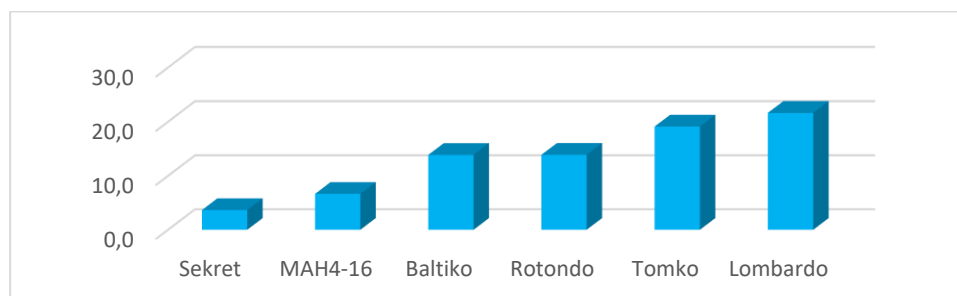
<i>Lp.</i>	<i>Kombinacja krzyżówkowa</i>	<i>Liczba zapylonych kwiatów</i>	<i>Liczba uzyskanych ziarniaków</i>
1	Baltiko x Ae111	36	0
2	Baltiko x Ae18	62	0
3	Baltiko x Ae36	36	0
4	Baltiko x Ae44	36	0
5	Baltiko x Ae52	36	5
6	Janko x Ae156	36	0
7	Janko x Ae157	33	0
8	Janko x Ae18	36	0
9	Janko x Ae94	33	0
10	Janko x Ae9	36	0
11	Janko x Ae39	33	0
12	Lombardo x Ae39	32	12
13	Lombardo x Ae44	36	5
14	Lombardo x Ae45	32	2
15	Lombardo x Ae9	34	10
16	MAH1-16 x Ae32	40	0
17	MAH1-16 x Ae36	40	0
18	MAH3-16 x Ae40	20	0
19	MAH4-16 x Ae31	34	0
20	MAH4-16 x Ae18	30	2

<i>Lp.</i>	<i>Kombinacja krzyżówkowa</i>	<i>Liczba zapylonych kwiatów</i>	<i>Liczba uzyskanych ziarniaków</i>
21	Moreno x Ae18	32	0
22	Moreno x Ae32	32	0
23	Moreno x Ae94	32	0
24	Moreno x Ae9	33	0
25	Moreno x Ae156	30	0
26	Rotondo x Ae114	34	0
27	Rotondo x Ae36	41	4
28	Rotondo x Ae38	38	0
29	Rotondo x Ae40	36	6
30	Rotondo x Ae68	38	2
31	Rotondo x Ae94	36	9
32	Sekret x Ae 49	44	1
33	Sekret x Ae46	36	0
34	Sekret x Ae87	38	2
35	Sekret x Ae9	40	0
36	Tomko x Ae87	38	11
37	Tomko x Ae156	30	2
38	Tomko x Ae157	32	0
39	Torino x Ae1	36	0
40	Torino x Ae18	36	0

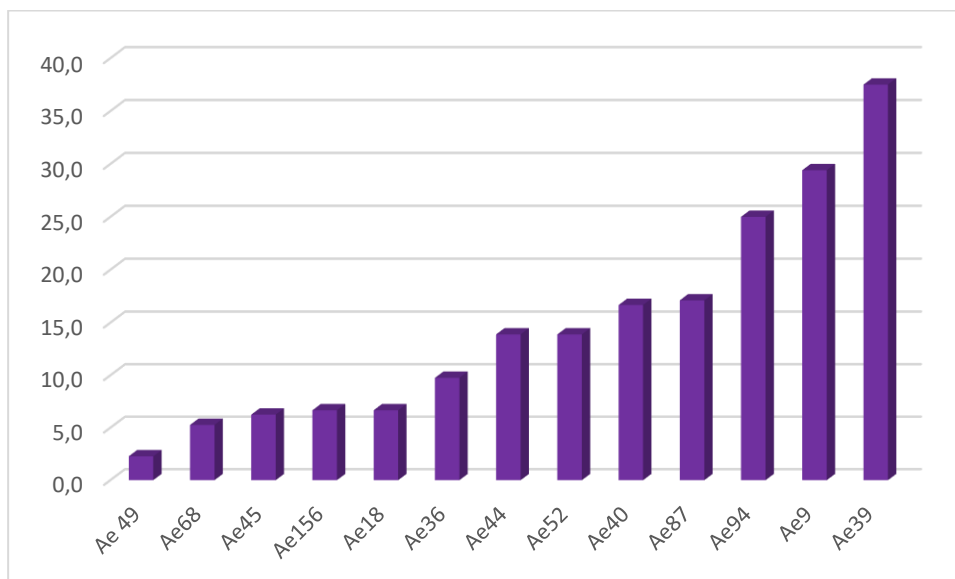
Dla każdej kombinacji krzyżówkowej obliczono zdolność kombinacyjną wg wzoru

$$\frac{\text{Liczba uzyskanych ziarniaków}}{\text{Liczba wykastrowanych kwiatów}} * 100\%$$

Zdolność została obliczona zarówno dla form uprawnych (Rys. 1) jak również dla kozińców (Rys.2.). Dla pszenżyta wahała się od 0% do 21,6%, natomiast dla kozińców od 0% do 37,5%.



Rys. 1. Zdolność kombinacyjna pszenżyta w krzyżowaniach z dzikimi formami z rodzaju *Aegilops*



Rys. 2. Zdolność kombinacyjna kozińców w krzyżowaniach oddalonych z pszenżytem.

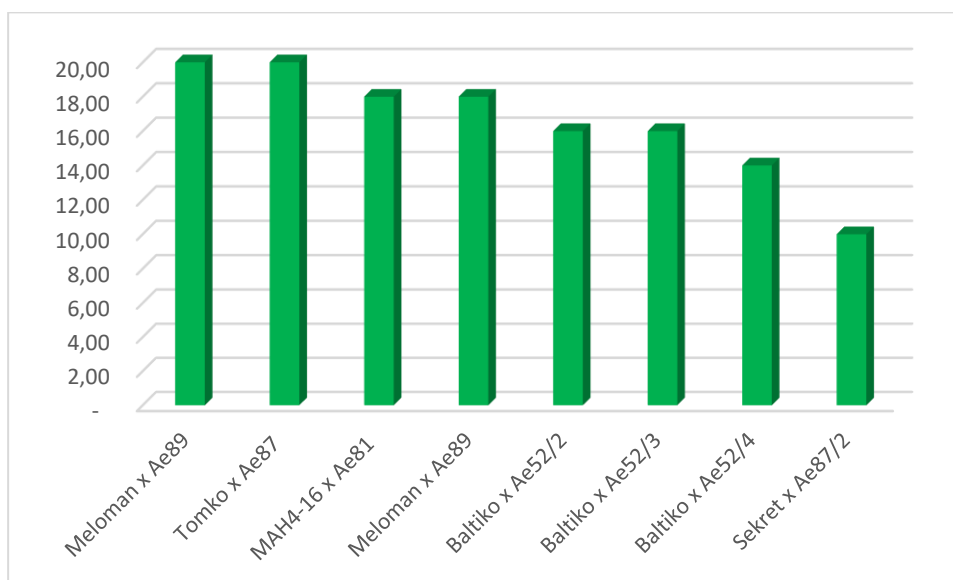
W ramach zadania wykonano 30 kombinacji krzyżówkowych pomiędzy mieszańcami oddalonymi a formami uprawnymi pszenicy i pszenżyta (Tab. 2). Mieszańce zawsze były formą mateczną.

Tab. 2. Mieszańce wsteczne form uzyskanych w krzyżowaniach międzyrodzajowych z kozińcami

<i>Lp.</i>	<i>Kombinacja krzyżówkowa</i>	<i>Liczba zapylnych kwiatów</i>	<i>Liczba uzyskanych ziarniaków</i>
1	(Ae63 x Figura/1) x Figura	14	0
2	(Ae63 x Figura/2) x Figura	12	0
3	(Ae63 x Figura/3) x Figura	12	0
4	(Baltiko x Ae52/1) x Baltiko	18	0
5	(Baltiko x Ae52/2) x Baltiko	16	1
6	(Baltiko x Ae52/3)x Baltiko	16	1
7	(Baltiko x Ae52/4)x Baltiko	14	1
8	(Lombardo x Ae45/1) x Lombardo	16	0
9	(Lombardo x Ae45/2) x Lombardo	16	0
10	(MAH3-16 x RhtB1e) x MAH3-16	28	0
11	(MAH4-16 x Ae81) x MAH4-16	18	0
12	(MAH4-16 x Ae81) x MAH4-16	18	1
13	(Meloman x Ae89) x Leontino	18	0
14	(Meloman x Ae89) x Janko	20	1
15	(Meloman x Ae89) x Meloman	18	1
16	(Meloman x Ae89/2) x Meloman	14	0
17	(Meloman x Ae89) x Moreno	18	0
18	(Rotando x Ae94) X CZR891/1	14	0
19	(Rotando x Ae94/2) X CZR891/1	16	0
20	(Sekret x Ae87/1) x Sekret	20	0
21	(Sekret x Ae87/2) x Sekret	20	2
22	(Tomko x Ae87) x Bokolo	16	0
23	(Tomko x Ae87/1) x CZR891/01	18	0
24	(Tomko x Ae87/2) x CZR891/01	16	0
25	(Tomko x Ae87) x Sekret	16	0
26	(Tomko x Ae87) x Tomko	20	1

27	(Tomko x Ae87/2) x Tomko	22	0
28	(Tomko x Ae87/2) x Bokolo	16	0
29	(Tomko x Ae87/1) x CZR 891/01	18	0
30	(Tomko x Ae87/2) x CZR 891/01	22	0
		<b>SUMA</b>	<b>9</b>

Dla każdego mieszańca oddalonego obliczono zdolność kombinacyjną w krzyżowaniach wstecznych z pszenżytem gw wzoru: liczba zawiązanych ziarniaków/liczba wykastrowanych kwiatów\*100. Zdolność kombinacyjna wahała się od 0% do 20% dla mieszańców oddalonych (Rys. 3).



Rys.3 Zdolność kombinacyjna mieszańców oddalonych w krzyżowaniach wstecznych z pszenżytem.

### Wnioski

1. Odmiany uprawne pszenżyta mogą być z dużym powodzeniem wykorzystywane na formy mateczne w krzyżowaniach z kozięciami.
2. Gatunki z rodzaju *Aegilops*, ze względu na możliwość krzyżowania zarówno z pszenicą, jak i z pszenżytem, stanowią cenne źródło genetyczne możliwe do wykorzystania w pracach mających na celu poszerzenie zmienności genetycznej tych zbóż na drodze krzyżowań oddalonych.
3. Zdolność kombinacyjna mieszańców oddalonych w krzyżowaniach wstecznych jest globalnie wyższa niż przy uzyskiwaniu mieszańców F<sub>1</sub>.

Ocena szans na osiągnięcie założonego celu, ocena istniejącego ryzyka

Liczba zaplanowanych krzyżowań zależna jest od warunków atmosferycznych, w związku z czym może ona podlegać zmianie (zakładana fluktuacja  $\pm 5\%$ ).

Mierniki dla tematu badawczego 1 (podać w tabeli)

Lp.	miernik <sup>2</sup>	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba wykonanych kombinacji krzyżówkowych.	70	70

#### 4.2 Temat badawczy 2: Ocena zmienności cech w mieszańcach

<sup>2</sup> Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

Celem zadania 2 była analiza wysokości oraz podstawowych elementów plonu mieszańców oddalonych z kozoieńcami

Materiały i metody (opisać jak w publikacji)

Przedmiot badań stanowiły pojedyncze rośliny mieszańcowe uzyskane w wyniku krzyżowania kozoieńca *Aegilops columnaris* z pszenicą oraz następnie wstecznie z różnymi odmianami pszenicy i pszenżytem oraz formy rodzicielskie. Rośliny mieszańcowe to rośliny pokolenia F<sub>3</sub> (Tab. 3).

Tab. 3. Rośliny mieszańcowe poddawane ocenie laboratoryjnej

Kombinacja krzyżówkowa	Liczba analizowanych roślin mieszańcowych	Formy rodzicielskie	Liczba analizowanych roślin rodzicielskich
[(Ae. column. x Poshuk) x Top] x Tomko	15	Tomko	15
[(Ae. column. x Poshuk) x Top] x Tomko	15	Poshuk	15
		Top	15

Ocenię fenotypowej poddane były pędy główne wszystkich roślin w fazie dojrzałości pełnej.

Ocenię laboratoryjnej poddane były następujące elementy:

- długość pędu głównego [cm],
- długość osadki kłosowej [cm],
- liczba kłosek w kłosie głównym,
- zbitość kłosa głównego,
- liczba ziarniaków w kłosie głównym,
- masa ziarniaków z kłosa głównego [g],
- płodność kłoska (liczba ziarniaków przypadających na kłosek kłosa głównego),
- masa 1000 ziarniaków [g].

Zbitość kłosa głównego, płodność kłoska oraz masę 1000 ziarniaków obliczono pomocą wzorów:

$$\text{Zbitość kłosa głównego} = \frac{\text{liczba kłosek w kłosie głównym} - 1}{\text{długość osadki kłosowej kłosa głównego [dm]}}$$

$$\text{Płodność kłoska} = \frac{\text{liczba ziarniaków w kłosie głównym}}{\text{liczba kłosek w kłosie głównym}}$$

$$\text{Masa 1000 ziarniaków} = \frac{\text{masa ziarniaków z kłosa głównego} \times 1000}{\text{liczba ziarniaków w kłosie głównym}}$$

Analizy statystyczne wykonane zostały z wykorzystaniem programu Statistica 13.1. Do określenia istotności różnic pomiędzy średnimi grupowymi w układzie analizy wariancji zastosowano test post-hoc HSD Tukey'a przy poziomie istotności  $\alpha = 0,05$ .

## Wyniki

Analizie poddano mieszańce oddalone uzyskane w wyniku krzyżowania kozoieńca (*Aegilops columnaris*) z pszenicą po jednym i dwóch krzyżowaniach wstecznych z odmianą pszenżyta Tomko. Wykazano, że mieszańce BC<sub>1</sub> i BC<sub>2</sub> nie różnią się istotnie między sobą pod względem żadnej z analizowanych cech. Charakteryzują się one istotnie wyższą liczbą kłosek w kłosie głównym w porównaniu z obiema odmianami pszenicy, a także istotnie niższą liczbą ziarniaków z kłosa głównego w porównaniu z odmianą Tomko.

Dwukrotne krzyżowanie wsteczne wpłynęło na wzrost masy ziarniaków z kłosa głównego. Masa ziarniaków w kłosie w mieszańcu pokolenia BC<sub>1</sub> była istotnie niższa niż masa ziarniaków w odmianie Tomko. W pokoleniu BC<sub>2</sub> masa ta była już statystycznie taka sama jak w przypadku 'Tomko'.

Zbitość kłosa mieszańców nie różniła się istotnie od pszenżyta, ale była istotnie wyższa w porównaniu z obiema odmianami pszenicy.

Mieszańce obu pokoleń wstecznych miały ponadto istotnie obniżoną płodność kłoska w stosunku do wszystkich odmian pszenicy i pszenżyta. Masa tysiąca ziarniaków w mieszańcach obu pokoleń nie różniła się istotnie od pszenżyta 'Tomko'. Jedyne mieszańce BC<sub>1</sub> wykazywał istotnie wyższą MTZ w porównaniu z pszenicą 'Poshuk' (tab. 4).



Tab. 4. Istotność różnic dla podstawowych komponentów plonu uzyskanych dla mieszańców.

Kombinacja krzyżówkowa	Wysokość [cm]	Dł. kłosa [cm]	L. kłosków w kłosie	L. ziarniaków w kłosie	Masa ziarniaków w kłosie [g]	Zbitość kłosa	Płodność kłoska	MTZ
Tomko	93,28 <sup>a</sup>	12,02 <sup>a</sup>	28,96 <sup>a</sup>	66,88 <sup>a</sup>	4,22 <sup>a</sup>	23,41 <sup>a</sup>	2,30 <sup>a</sup>	62,19 <sup>a</sup>
[(Ae. column. x Poshuk) x Top] x Tomko	85,00 <sup>a</sup>	12,00 <sup>ab</sup>	27,25 <sup>a</sup>	36,38 <sup>b</sup>	2,44 <sup>b</sup>	22,03 <sup>a</sup>	1,30 <sup>c</sup>	68,08 <sup>a</sup>
[[ (Ae. column. x Poshuk) x Top] x Tomko] x Tomko	90,71 <sup>a</sup>	11,68 <sup>ab</sup>	28,57 <sup>a</sup>	49,64 <sup>b</sup>	3,17 <sup>ab</sup>	23,81 <sup>a</sup>	1,72 <sup>c</sup>	61,46 <sup>ab</sup>
Poshuk	86,77 <sup>a</sup>	10,47 <sup>b</sup>	17,47 <sup>b</sup>	55,20 <sup>b</sup>	2,79 <sup>b</sup>	15,83 <sup>b</sup>	3,15 <sup>b</sup>	50,73 <sup>b</sup>
Top	84,90 <sup>b</sup>	9,06 <sup>c</sup>	18,22 <sup>b</sup>	48,96 <sup>b</sup>	2,82 <sup>b</sup>	19,14 <sup>c</sup>	2,67 <sup>ab</sup>	57,41 <sup>ab</sup>

## Wnioski

1. Krzyżowanie spowodowało zwiększenie wysokości roślin mieszańcowych w stosunku do form rodzicielskich.
2. Krzyżowanie spowodowało podwyższenie MTZ w roślinach pokolenia BC<sub>1</sub> jak i BC<sub>2</sub>.

Ocena szans na osiągnięcie założonego celu, ocena istniejącego ryzyka

Liczba ocenionych genotypów może być mniejsza o około 5% ze względu na możliwość wystąpienia niekorzystnych warunków środowiska w czasie wzrostu roślin.

Mierniki dla tematu badawczego 3 (podać w tabeli)

Lp.	miernik <sup>3</sup>	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba fenotypowanych roślin	75	75

4.3 Temat badawczy 3: Izolacja uzyskanych zarodków i prowadzenie kultur *in vitro*.

### Cel tematu badawczego

Celem zadania 3 było zwiększenie wydajności uzyskiwania mieszańców międzyrodzajowych pszenicy i pszenżyta z kozięcami poprzez zastosowanie techniki ratowania zarodków.

### Materiały i metody

Materiałem badań było 20 zarodków mieszańcowych uzyskanych w wyniku krzyżowania oddalonego pszenżyta z kozięcami.

Wybrane formy pszenżyta zostały wykastrowane, a następnie zapyłone pyłkiem pobranym z roślin z rodzaju *Aegilops*. Spośród 40 wykonanych kombinacji krzyżówkowych, z 20 pobrane były zarodki i przekazane do kultur *in vitro*. Zarodki były pobierane w okresie pomiędzy 18 a 21 dniem po zapyleniu, a następnie sterylizowane przez 2 minuty za pomocą 70% etanolu.

W kolejnym kroku wszystkie ziarniaki zostały przepłukane trzykrotnie w wodzie destylowanej.

Tak przygotowane zarodki mieszańcowe poddawane były procedurze ratowania zarodków (embryo rescue) w warunkach kultury *in vitro*. W tym celu przenoszone były na pożywkę MS z dodatkiem hydrolizatu kazeiny. W pierwszym etapie (5 dni) przetrzymywane były w ciemności w temperaturze 25°C. Po tym czasie skielkowane zarodki umieszczono w laboratorium kultur *in vitro* przy fotoperiodzie 16/8. Uzyskane roślinki przesadzono do doniczek w celu ich adaptacji do środowiska, a następnie do warunków polowych.

### Wyniki

Do rozwoju w kulturach *in vitro* przekazano 20 zarodków (Tab. 5). Pozostałe ziarniaki zostały wysiane bezpośrednio do ziemi. Spośród wyłożonych 20 zarodków uzyskano 6 roślin. Daje to wydajność na poziomie 30%.

Lp.	Kombinacja z pszenżytem	L. zarodków	L. roślin
1	Baltiko x Ae44	2	0
2	Baltiko x Ae52	1	0
3	Lombardo x Ae39	1	1
4	Lombardo x Ae44	3	1
5	MAH4-16 x Ae31	1	0
6	MAH4-16 x Ae18	3	1
7	Rotondo x Ae38	3	0
8	Rotondo x Ae40	1	1
9	Sekret x Ae9	2	0

<sup>3</sup> Podać miernik – np. ilość planowanych testów, prób, badanych genotypów etc.

10	Tomko x Ae87	1	1
11	Tomko x Ae156	2	1
		<b>20</b>	<b>6</b>

Tab. 5. Kombinacje krzyżówkowe przekazane do Embryo Rescue.

## Wnioski

1. Zastosowanie techniki ratowania zarodków umożliwiło zwiększenie wydajności uzyskiwania mieszańców międzyrodzajowych

Ocena szans na osiągnięcie założonego celu, ocena istniejącego ryzyka

Średni % uzyskiwanych roślin w stosunku do wyłożonych zarodków wynosi około 35. Liczba ta może być pomniejszona o 10% na skutek zdarzeń losowych niezależnych od wykonawcy np. awarie powodujące zaburzenia w funkcjonowaniu fitotronu.

Mierniki dla tematu badawczego 4 (podać w tabeli)

Lp.	miernik <sup>4</sup>	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba kombinacji krzyżówkowych z których zarodki będą przeznaczone do kultur <i>in vitro</i>	20	20

### 4.4 Temat badawczy 4: Analizy molekularne uzyskanych mieszańców.

Cel tematu badawczego

Celem zadania 4 jest:

4. Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01,
5. Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT
6. Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017

Materiały i metody (opisać jak w publikacji)

1. Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01

Na podstawie wyników uzyskanych w roku 2017 wykonano mapowanie asocjacyjne dla populacji CZR876/01×CZR891/01. Mapowanie wykonano z wykorzystaniem oprogramowania TASSEL. W celu uzyskania markerów asocjowanych policzono MLM (mixed linear model) oraz w razie wystąpienia struktury populacji GLM (general linear model).

2. Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT

Materiał badań stanowiło 90 roślin pokolenia F<sub>2</sub>. Mieszańce uzyskano dzięki krzyżowaniu samozgodnej, zaawansowanej wysokiej linii wsobnej 541 (ZUT, Szczecin) jako formy matecznej, z linią wsobną 84A/2 wywodzącą się z odmiany Culpan. Populacje mapujące E7A i E7C uzyskano w wyniku samozapylenia roślin mieszańcowych F<sub>1</sub> o wysokości odpowiednio 104 i 108cm. Odmiana Culpan jest źródłem nowego, nieopisanego dotąd genu karłowatości żyta. We wstępnych testach za pomocą markerów molekularnych stwierdzono, że gen ten nie jest genem *Ddw1*, *Ddw2* ani *Ddw3*. Z tego powodu może on stanowić dla pszenżyta kolejne, cenne źródło karłowatości dominującej.

Z liści roślin pokolenia F<sub>2</sub> (541×84A/2) oraz form rodzicielskich pobranych z pola wyizolowano DNA za pomocą komercyjnego zestawu kolumnowego. Uzyskany DNA poddany został ocenie jakościowej i ilościowej a następnie wyrównaniu stężenia. Tak przygotowane próby naniesiono na 96-dołowe płytki i przesłano do Diversity Array Technology, Canberra (Australia) celem wykonania genotypowania poprzez sekwencjonowanie.

<sup>4</sup> Podać miernik – np. ilość planowanych testów, prób, badanych genotypów etc.

### 3. Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017

W ramach zadania w roku 2018 potwierdzono charakter mieszańcowy 10 mieszańców uzyskanych w roku poprzednim:

1. Ae156 × Torino
2. Ae156 × Sailor
3. Ae157 × Top
4. Ae152 × B124
5. Ae75 × Sailor
6. Ae75 × L169
7. Ae74 × Astoria
8. Ae63 × Figura
9. Ae77 × Lombardo
10. Ae128 × Lombardo

Do badań zostały włączone również formy rodzicielskie - odmiany pszenicy zwyczajnej, pszenżyta oraz gatunki z rodzaju *Aegilops*.

Z poletek doświadczalnych Gospodarstwa Doświadczalnego Felin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie pobrano młode, nieporażone liście badanych mieszańców oraz form rodzicielskich, a następnie przechowano do czasu analiz w temp. -80°C.

Izolacja DNA z badanych mieszańców oraz form rodzicielskich przeprowadzona została z wykorzystaniem komercyjnego zestawu kolumnkowego. Po izolacji oceniono stężenie wyizolowanego kwasu nukleinowego oraz wykonano niezbędne rozcieńczenia.

Uzyskane DNA posłużył jako matryca do reakcji z wykorzystaniem markerów SRAP według metody opracowanej przez Li i Quiros (2001). Celem prowadzonej analizy było potwierdzenie charakteru mieszańcowego analizowanych genotypów z wykorzystaniem techniki SRAP. Przetestowano różne kombinacje dostępnych starterów F i R (Tab. 6). Mieszanina reakcyjna o objętości 15 µl zawierała: 1 × bufor do PCR (10 mM Tris pH 8,8, 50 mM KCl, 0,08% Nonidet P40) (Thermo Scientific), 60 ng genomowego DNA, 160 µM każdego z dNTP-ów, 5,3 pM startera, 1,2 mM MgCl<sub>2</sub> oraz 0,5 U *Taq* DNA Polymerase (Thermo Scientific). Reakcje będą przeprowadzone na termocyklerze T1 Biometra.

Zastosowano następujący profil termiczny: wstępna denaturacja w temperaturze 94°C przez 5 minut, następnie 5 cykli: denaturacja 94°C – 1 min., przyłączanie starterów 37°C – 1 min., wydłużanie starterów 72°C – 1 min. Kolejne 35 cykli przeprowadzono zgodnie z profilem: denaturacja 94°C – 1 min., przyłączanie starterów 50°C – 1 min., wydłużanie starterów 72°C – 1 min oraz końcowa inkubacja w temperaturze 72°C przez 7 minut. Otrzymane produkty amplifikacji rozdzielono elektroforetycznie na 2% żelu agarozowym zawierającym 0,01% bromku etydyny w buforze 1×TBE (89 mM Tris-borate, 2,5 mM EDTA). Rozdział będzie prowadzony przy napięciu 120 V przez 4h.

Tab. 6 Sekwencje starterów SRAP wykorzystanych do potwierdzenia charakteru mieszańcowego mieszańców oddalonych zbóż z kozieńcami.

	Nazwa	Sekwencja 5' – 3'		Nazwa	Sekwencja 5' – 3'
Startery Forward	me1	TGAGTCCAAACCGGATA	Startery Reverse	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
	me3	TGAGTCCAAACCGGAAT		em4	GACTGCGTACGAATTTGA
	me4	TGAGTCCCAACCGGACC		em5_2	GACTGCGTACGAATTAAC
	me5	TGAGTCCAAACCGGAAG		em6	GACTGCGTACGAATTGCA
	me6_1	TGAGTCCAAACCGGACA		em7	GACTGCGTACGAATTCAA
	me7	TGAGTCCAAACCGGTTG		em8	GACTGCGTACGAATTAC
	me8	TGAGTCCAAACCGGTGC		em10_2	GACTGCGTACGAATTCAT
	me10_2	TGAGTCCAAACCGGGAC		em11	GACTGCGTACGAATTTCCG
	me11	TGAGTCCAAACCGGAAC		em13	GACTGCGTACGAATTGGT
	me13	TGAGTCCAAACCGGAAA		em14_2	GACTGCGTACGAATTCTT
	me22	TGAGTCCAAACCGGGCA		em15	GACTGCGTACGAATTCTG
	F14	TGAGTCCAAACCGGAAC		em16	GACTGCGTACGAATTCGG
	meDC1	TAAACAATGGTCACTCAAGG		em17	GACTGCGTACGAATTCCA

meOD3	CCAAAACCTAAAACCAGGA	SRAP R	TGAGTCCAAACCGGATA
meSA4	TTCTTCTTCTGGACACAAA		

## Wyniki

### 1. Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01

- 1.1. Genotypowanie populacji mapującej pozwoliło na identyfikację 10489 markerów silicoDARt, z których 4632 było polimorficzne.
- 1.2. Mapowanie asocjacyjne pozwoliło na identyfikację 75 markerów związanych z wysokością rośliny.
- 1.3. 9 zasocjowanych markerów zostało zmapowanych na genetycznej mapie pszenżyta (Tabela 7) (Tyrka i wsp. 2015).
- 1.4. Markery pogrupowano w dwa regiony chromosomalne przypisane do chromosomu 5R (załącznik 1). Pierwsza z nich zawierała się w przedziale od 38,45 cM do 24,62 cM, pokrywając 14,29 cM z najbardziej związanym znacznikiem przy 32,811 cM. Druga grupa składała się z mniej powiązanych markerów w zakresie od 56,984 do 59,501cM.
- 1.5. Pierwsza grupa składała się z 31 asocjowanych markerów i 70 markerów będących markerami redundantnymi na podstawie opublikowanych materiałów uzupełniających (Tyrka i wsp. 2015). Podobnie, zidentyfikowano 8 asocjowanych i 24 redundantne dla drugiego regionu.
- 1.6. Markery pogrupowano w dwa obszary chromosomalne położone w odległości około 11 cM.
- 1.7. Zidentyfikowany region najprawdopodobniej zlokalizowany jest na krótkim ramieniu chromosomu 5R.

Tab. 7. Markery asocjowane z wysokością rośliny i zlokalizowane na mapie pszenżyta

Marker	F	p-value	marker_R <sup>2</sup>	Number of redundant markers	Position of marker [cM]
3042583	35,3242988	1,64E-08	0,209609046	0	56,984
3604723	60,7026589	7,71E-13	0,374954783	3	32,811
3609297	52,7959176	1,51E-11	0,307438641	18	38,455
3610765	46,9793894	1,36E-10	0,284456409	14	35,634
4216997	46,5287036	1,79E-10	0,274249351	3	31,406
4343102	34,8705598	1,99E-08	0,197152239	4	24,162
4345064	39,8939215	2,42E-09	0,234648218	28	29,765
4354177	53,4083248	1,08E-11	0,299677834	13	37,016
4355906	36,3552201	1,08E-08	0,213362351	9	59,501

### 2. Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DARt

W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano 37 963 markery SilicoDARt specyficzne dla roślin wczesnych, późnych oraz o pośredniej wczesności. W obrębie tych markerów zidentyfikowano 25 269 markery SNP.

Średnia wartość PIC dla wszystkich analizowanych prób wynosiła 0,269. W analizowanej populacji stwierdzono dość wysoki współczynnik heterozygotyczności, który wynosił 0,353. Związane jest z faktem iż analizowana populacja była populacją F<sub>2</sub>, czyli na bardzo wczesnym poziomie zaawansowania hodowlanego.

### 3. Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017 –

W celu potwierdzenia charakteru mieszańcowego wykorzystano 30 kombinacji starterów SRAP, których sekwencje przedstawione są w Tab. 6. W większości przypadków uzyskano monomorficzne obrazy nieumożliwiające identyfikację i potwierdzenia charakteru mieszańcowego badanych genotypów. Zidentyfikowano trzy pary starterów, które generowały wysoki poziom polimorfizmu. Umożliwiło to potwierdzenie mieszańcowości wszystkich badanych form (Tab. 8). Para me5+em14\_2 potwierdziła mieszańcowość genotypów Ae156xTorino, Ae156xSailor oraz Ae157xTop. Zidentyfikowano amplikony o wielkościach 130bp, 490bp i 600bp które były specyficzne dla odmiany Torino i jednocześnie występujące w mieszańcu. Dla odmiany Sailor i mieszańca Ae156xSailor zidentyfikowano produkty o wielkości 200bp, 350bp, 420bp. Druga para starterów (me22+em15)

potwierdziła charakter mieszańcowy genotypów Ae152xB124, Ae75xSailor, Ae75xL169. Produkty specyficzne dla B124 oraz mieszańca miały wielkość 210bp, 420bp i 550bp. Dla odmiany Sailor i mieszańca zidentyfikowano 4 specyficzne amplikony: 150bp, 210bp, 550bp, 900bp. Mieszańcowość Ae75xL169 potwierdziła obecność amplikonów o wielkości 550bp i 900bp.

Trzecia para starterów me6\_1+em7 potwierdziła mieszańcowość czterech genotypów. Mieszaniec o kombinacji Ae74xAstoria potwierdzony został amplikonem o wielkości 350bp, mieszaniec Ae63xFigura amplikonem 550bp. Produkty o wielkościach 350bp, 550bp, 710bp potwierdziły mieszańcowy charakter kombinacji Ae77xLombardo. Produkty 350bp i 710bp były również specyficzne dla genotypu Ae128 x Lombardo.

W tabeli zaznaczono, które produkty występują u matki, ojca i mieszańca. Charakter mieszańcowy potwierdzają produkty występujące u form ojcowskich i mieszańca, a nie występujące u form matecznych.

Tab. 8. Amplikony potwierdzające charakter mieszańcowy analizowanych mieszańców.

Lp.	Startery	Wielkość fragmentu [bp]	Ae156	Torino	Ae156xTorino	Ae156xSailor	Sailor,	Ae157,	Ae157xTop,	Top,			
	me5+em14-2	130		+	+								
		200				+	+		+	+			
		210	+	+	+								
		220	+	+	+								
		350				+	+		+	+			
		420	+	+	+	+	+	+	+	+			
		490	+	+	+								
600		+	+										
Lp.	Startery	Wielkość fragmentu [bp]	Ae152,	Ae152xB124	B124	Ae75	Ae75xSailor	Sailor,	Ae75xL169	L169			
2	me22+em15	150					+	+	+				
		180						+	+				
		210		+	+		+	+	+				
		350				+	+			+			
		400						+	+				
		420		+	+	+	+						
		550		+	+		+	+	+	+			
		710	+	+	+					+			
		900					+	+	+	+			
		920	+	+	+	+	+	+	+	+			
Lp.	Startery	Wielkość fragmentu [bp]	Ae74	Ae74xAstoria	Astoria	Ae63	Ae63xFigura	Figura	Lombardo	Ae77xLombardo	Ae128xLombardo	Ae128	Ae77
3	me6_1+em7	210				+	+						+
		350		+	+				+	+	+	+	
		420				+	+						
		430	+	+	+								
		490	+	+	+						+		+
		550					+	+	+	+	+		
		710					+	+	+	+	+	+	

## Wnioski

### 1. Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01

1. Mapowanie asocjacyjne przy użyciu populacji biparentalnej F2 za pomocą markerów silicoDART umożliwiło identyfikację 75 markerów związanych z karłowatością QTL znajdującą się na chromosomie 5RS z genomu pszenżyta.
2. Ponieważ znana pozycja chromosomu genu Dw1 w pszenzycie jest przypisana do 5RL, nasze dane mogą wskazywać, że badana populacja może być źródłem nowego genu karłowatego.

3. Ponieważ markery pogrupowane są w dwa regiony chromosomalne rozdzielone odległością około 11cM, może to oznaczać, że dwa QTL mogą nadawać karłowatość w naszej populacji F2, gdzie najsilniejszy jest głównym QTL, podczas gdy drugi jest mniejszy. Nie można jednak wykluczyć, że oba regiony należą do tego samego QTL rozciągającego się na tak dużej odległości. Te dwie opcje wymagają dalszych badań przy użyciu metody mapowania interwałowego.
4. Wykorzystanie dostępnej mapy genetycznej pszenżyta zasugerowało 92 dodatkowe markery (zbędne), które mogą być wartościowe dla dalszej hodowli.
5. Istotne jest sprawdzenie, czy zidentyfikowane QTL (y) są dominujące lub recesywne, jeżeli mają być stosowane w programach hodowlanych i czy warto przekształcać zidentyfikowane markery do celów MAS
6. Poziom polimorfizmu uzyskany w badaniach własnych jest wystarczający dla pewnej i wiarygodnej oceny zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta ozimego

## 2. Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT

1. Poziom polimorfizmu uzyskany w badaniach własnych jest wystarczający dla pewnej i wiarygodnej oceny zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta ozimego

## 3. Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017

1. Markery SRAP okazały się przydatne w ocenie charakteru mieszańcowego badanych genotypów

Ocena szans na osiągnięcie założonego celu, ocena istniejącego ryzyka

Brak – zarówno izolacja DNA jak PCR oraz qPCR są technikami standardowo stosowanymi w Jednostce.

Mierniki dla tematu badawczego 5 (podać w tabeli)

Lp.	miernik <sup>5</sup>	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba genotypowanych roślin (DArT)	90	90
2	Liczba populacji poddanych mapowaniu	1	1
3	Liczba potencjalnych mieszańców poddanych ocenie	10	10

## Literatura

1. Kowalczyk K. 2006b. Geny karłowatości i ich markery DNA w hodowli zbóż. Post. Nauk Roln. 5: 157-169
2. Sturm W., Engel K.H. 1980. Trisomenanalyse des allels H1 für Kurzstrohigkeit bei *Secale cereale* L. Arch. Züchtungsforsch. 10: 31-35
3. Liu C.J., Atkinson M.D., Chinoy C.N., Devos K.M, Gale M.D. 1992. Nonhomoeologous translocation between group 4, 5 and 7 chromosomes within wheat and rye. Theor Appl. Genet. 83: 305-312.
4. Börner A., Korzun V., Voylokov A.V., Weber W.E. 1999. Detection of quantitative trait loci on chromosome 5R of rye (*Secale cereale* L.). Theor. Appl. Genet. 98: 1087-1090
5. Börner A., Korzun V., Voylokov A.V., Worland A.J., Weber W.E. 2000. Genetic mapping of quantitative trait loci in rye (*Secale cereale* L.). Euphytica 116: 203-209.
6. Ammar K., Mergoum M., Rajaram S. 2004. The history and evolution of triticale. In: Triticale improvement and production, Mergoum M., Gómez-Macpherson H. (eds.). FAO Plant Production and Protection Paper No. 179: 1-9
7. Badea A, Eudes F, Salmon D, Tuvesson S, Vrolijk A, Larsson CT, Caig V, Huttner E, Kilian A, Laroche A. Development and assessment of DArT markers in triticale. Theor Appl Genet. 122(8):1547-60.

<sup>5</sup> Podać miernik – np. ilość planowanych testów, prób, badanych genotypów etc.

8. Carvalho A., Matos M., Lima-Brito J., Guedes-Pinto H., Benito C. 2005. DNA fingerprint of F1 interspecific hybrids from the Triticeae tribe using ISSRs. *Euphytica* 143: 93-99.
9. Szućko I., Rogalska S.M. 2015. Application of ISSR-PCR, IRAP-PCR, REMAP-PCR, and ITAP-PCR in the assessment of genomic changes in the early generation of triticale. *Biol. Plantarum* 59(4): 708-714.
10. White J., Law J.R., MacKay I., Chalmers K.J., Smith J.S.C., Kilian A., Powell W. 2008. The genetic diversity of UK, US and Australian cultivars of *Triticum aestivum* measured by DArT markers and considered by genome. *Theor Appl Genet* 116:439–453.
11. Badea A., Eudes F., Salmon D., Tuvešson S., Vrolijk A., Larsson C-T., Caig V., Huttner E., Kilian A., Laroche A. 2011. Development and assessment of DArT markers in triticale. *Theor Appl Genet* 122:1547-1560.
12. Alheit K.V., Maurer H.P., Reif J.C, Tucker M.R., Hahn V., Weissmann E.A., Würschum T. 2012. Genome-wide evaluation of genetic diversity and linkage disequilibrium in winter and spring triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack). *Genomics* 13:235.
13. Niedziela A., Bednarek P.T., Cichy H, Budzianowski G., Kilian A., Anioł A. 2012. Aluminum tolerance association mapping in triticale. *Genomics* 13:67.
14. Guo H.L., Xue D.D., Chen X., Zheng Y.Q., Wang Z.Y., Liu J.X. 2014. Application of SRAP molecular markers for the identification of zoysiagrass hybrids. *Acta Horticulturae* 1035: 223-232.
15. Huang C.Q., Liu G.D., Bai. C.J., Wang W.Q., Tang J. 2014. Application of SRAP markers in the identification of *Stylosanthes guianensis* hybrids. *Mol. Biol. Rep.* 41(9): 5923-5929.
16. Tikhenko N., Rutten T, Senula A., Rubtsova M., E. R. Keller E. R. J., Borner A. The changes in the reproductive barrier between hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) and rye (*Secale cereale* L.): different states lead to different fates. *Planta* (2017) 246:377–388
17. Mondal S, Rutkowski JE, Velu G, Singh PK, Crespo-Herrera LA, Guzmán Bhavani S, Lan C, He X, Sigh RP (2016) Harnessing diversity in wheat to enhance grain yield, climate resilience, disease and insect pest resistance and nutrition through conventional and modern breeding approaches. *Front Plant Sci* 7:991. doi:10.3389/fpls.2016.00991
18. Keilsmeier-Cook J., Danilova T.V., Friebe B., Rouse M.N. 2015. Resistance to the Ug99 race group of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in wheat-intra/intergeneric hybrid derivatives. *Plant Dis.* 99(10): 1317-1325.
19. Song J., Niu Z., Li Q., Bao Y., Ma X., Wang H., Kong L., Feng D. 2015. Isolation and identification of differentially expressed genes from wheat in response to *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (Bgt). *Plant Mol. Biol. Rep.* 33(5): 1371-1380.
20. Zhao Q.Z., Jiang Q.T., Yang Q., Ma J., Wang J.R., Chen G.Y., Liu Y.X., Lu Z.X., Wei Y.M., Zheng Y.L. 2014. Characterization of intergeneric hybrid between common wheat and *Aegilops sharonensis* (Eig) and transfer of alien high molecular weight glutenin subunits into wheat. *Cereal Res. Commun.* 42(4): 640-647
21. Hills M.J., Hall L.M., Messenger D.F., Graf R.J., Beres B.L., Eudes F. 2007. Evaluation of crossability between triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack) and common wheat, durum wheat and rye. *Environ. Biosafety Res.* 6: 249-257.
22. Jiang Y., Schmidt R. H., Zhao Y., Reif J.C. 2017. A quantitative genetic framework highlights the role of epistatic effects for grain-yield heterosis in bread wheat. *Nature Genetics* 49, 1741–1746.
23. Doliński R., Tarkowski C., Bichta J. 1993. Variability and heritability of some chosen mechanical properties and morphological features of hexaploid winter triticale stalk. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 399: 35-42.
24. Gruszecka D. 2004. Zmienność i współzależność między niektórymi cechami ilościowymi mieszańców pszenżyta  $8\times$  z pszenicą  $6\times$  oraz form rodzicielskich. *Ann. UMCS, Sect. E* 59(1): 63-73. Li G.R., Ji W., Wang G., Zhang J.X., Wang Y.J. 2014. An improved embryo-rescue protocol for hybrid progeny from seedless *Vitis vinifera* grapes  $\times$  wild Chinese *Vitis* species. *In Vitro Cell Dev Biol Plant.* 50(1): 110–120.
25. Zhuang C.L., Adachi T. 1996. Efficient hybridization between *Lycopersicon esculentum* and *L. peruvianum* via 'embryo rescue' and in vitro propagation. *Plant Breeding* 115, 251—256.



**5. Informacja nt. prezentacji wyników badań** (podać w tabeli - należy wymienić konferencje, na których planuje się zaprezentować wyniki i/lub wymienić publikacje, które zostaną przygotowane i przyjęte do druku w trakcie realizacji zadania w danym roku).

Prezentacja wyników na konferencjach			
lp.	konferencja	Rodzaj prezentacji <sup>6</sup>	Liczba prezentacji
1	Plant Biology Europe 2018	poster	2
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych			
lp.	monografia/czasopismo	Rodzaj publikacji <sup>7</sup>	Liczba publikacji

**Tytuły prezentowanych posterów na Konferencji “Plant Biology Europe 2018”** (wyniki z roku 2017 i 2018).

1. Identification of markers associated with dwarfism in the CZR876/01 × CZR891/01.
2. Expression analysis of gibberellin biosynthesis pathway genes in triticale forms with *Dw1* gene and dwarf and high triticale plants derived from [(Jana × Tempo) × Jana ] × *Aegilops juvenalis* cross combination.

Sporządzono:  
**Lublin, 11.01.2019**

Pieczęć jednostki

Osoba reprezentująca jednostkę

Kierownik zadania

data

podpis i pieczęć

podpis

<sup>6</sup> Podać, czy planowany jest wykład plenarny, doniesienie konferencyjne czy poster.

<sup>7</sup> Podać, czy planowana jest publikacja oryginalna, czy np. polemika, list do edytora, rozdział w monografii etc.