

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2020 roku

A. INFORMACJE OGÓLNE

Tytuł zadania - Wytwarzanie nowych źródeł genetycznych pszenżyta w oparciu o krzyżowanie oddalone
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.)) - 17
Planowany okres realizacji zadania: 2020
Planowane nakłady w zł: 72 000

B. DANE WNIOSKODAWCY

Imię i nazwisko osoby reprezentującej jednostkę badawczą, tytuł lub stopień naukowy, stanowisko, nazwa i adres jednostki badawczej, telefon, fax) Prorektor ds. Nauki i Współpracy z Zagranicą dr hab. Bartosz Solowiej, prof. uczelni Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie ul. Akademicka 13 20-950 Lublin tel. (+ 81) 445-68-68
--

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
Sylwia Okoń	dr hab. Prof. Uczelni	UP w Lublinie
Michał Nowak	dr	UP w Lublinie
Magdalena Sozoniuk	dr	UP w Lublinie
Sylwia Sowa	dr	UP w Lublinie
Wojciech Marecki	dr	UP w Lublinie
Aneta Koroluk	mgr inż.	UP w Lublinie
Magdalena Kawęcka	mgr inż.	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

D. OPIS ZADANIA

1. Cele zadania

Lp.	Cel (zgodnie ze szczegółowym opisem na dany rok)	Czy cel został zrealizowany (tak/nie ¹ /częściowo ¹)
1	Stabilizacja mieszańców wstecznych poprzez samozapylenie	TAK
2	Analiza wysokości oraz podstawowych komponentów plonu roślin mieszańców F ₁ , BC ₁ , BC ₂ Pochodzących z krzyżowania odmiany Lombardo oraz kozięńca Ae87.	TAK
3	Analiza ekspresji wybranych genów związanych z odpowiedzią na stres w mieszańcach pszenżyta	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.

Proszę wyróżnić etapy (tematy badawcze), określić czas ich trwania w miesiącach od rozpoczęcia projektu i przewidywane koszty. Terminy realizacji tematów badawczych mogą się zazębiać. 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	18 000
2	Ocena zmienności cech w mieszańcach	1-12	12 000
3	Izolacja uzyskanych zarodków i prowadzenie kultur <i>in vitro</i>	6-12	0
4	Analizy molekularne uzyskanych mieszańców	1-12	42 000
Razem			72 000

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 pokolenia F₂ w wyniku samozapylenia roślin pokolenia BC₁, BC₂ otrzymanych z krzyżowania wstecznego pszenżytem.

Materiały i metody (opisać jak w publikacji)

W bieżącym sezonie wegetacyjnym wysiano ziarniaki pokolenia BC₁ i BC₂ należące do kombinacji krzyżówkowych:

1. [(Meloman × Ae89) × Meloman] × Meloman
2. [(Algozo × Ae102) × Algozo] × Leontino
3. [(Meloman × Ae83) × Sorento] × Sorento
4. [(Meloman × Ae89) × Meloman] × Leontino
5. (Leontino × Ae78) × Baltiko

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

Niektóre genotypy zostały zmienione w stosunku do opisu ze względu na trudności w kiełkowaniu i wzroście roślin w warunkach polowych

Wybrane formy wysiewane były na poletkach 2-rzędowych, w siewie punktowym (około 300 ziarniaków na m²). Rozstawa rzędów wynosiła 20 cm.

Tuż przed kwitnieniem na poletkach doświadczalnych na pojedyncze kłosa zakładne były izolatory zapobiegające niekontrolowanemu obcozapyleniu. Po zakończeniu kwitnienia izolatory zostały usunięte a w okresie zbioru dojrzałe kłosa zebrane i wymłuczone. Ziarniaki z samozapylnych roślin zostały przekazane do hodowli.

Wyniki

Wszystkie krzyżowane kłosa poddane były ocenie pod kątem liczby zawiązanych ziarniaków. Sumaryczna liczba ziarniaków znajduje się w Tab. 1. Mieszańce, których ocena nie była możliwa ze względu na brak roślin po zimie zostały zamienione na inne genotypy.

Lp.	Kombinacja krzyżówkowa	Liczba ziarniaków
1	[(Meloman × Ae89) × Meloman] × Meloman	1
2	[(Algozo × Ae102) × Algozo] × Leontino	425
3	[(Meloman × Ae83) × Sorento] × Sorento	121
4	[(Meloman × Ae89) × Meloman] × Leontino	0
5	(Leontino × Ae78) × Baltiko	207

Wnioski

1. Płodność kłosów mieszańców wstecznych jest różna i zależy od kombinacji krzyżówkowej.

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 ± 5%).

Mierniki dla tematu badawczego 1 (podać w tabeli)

Lp.	miernik ²	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba kombinacji krzyżówkowych poddanych samozapyleniu	5	5

4.2 Temat badawczy 2: Ocena zmienności cech w mieszańcach

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

² Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

Przedmiot badań stanowiły pojedyncze rośliny mieszańcowe F₁, BC₁ oraz BC₂ pochodzące z krzyżowania odmiany Lombardo oraz kozieńca Ae87. (Tab. 1).

Ze względu na fakt, że rośliny planowanych kombinacji krzyżówkowych nie wyrosły w zakładanych ilościach zmieniono kombinację krzyżówkową wybierając mieszańce zawierające w swoim składzie tego samego kozieńca ale inną odmianę uprawną. Wybrano mieszańce z ‘Lombardo’ zamiast planowanych z ‘Sekret’

Tab. 1. Formy przeznaczone do oceny laboratoryjnej

Kombinacja krzyżówkowa	Liczba analizowanych roślin mieszańcowych	Formy rodzicielskie	Liczba analizowanych roślin rodzicielskich
[(Lombardo × Ae87) × Lombardo] × Lombardo	25	Lombardo	25
(Lombardo × Ae87) × Lombardo	25		
(Lombardo × Ae87)	25		

Ocenie fenotypowej poddane zostały pędy główne wszystkich roślin w fazie dojrzałości pełnej.

Ocenie 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 obliczona została za 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 były z wykorzystaniem programu Statistica 13.1. Do określenia istotności różnic pomiędzy średnimi grupowymi w układzie analizy wariancji zastosowany był test post-hoc HSD Tukey'a przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$.

Wyniki

Rośliny pochodzące ze wszystkich pokoleń analizowane były pod kątem wysokości. Wysokość zwiększała się w miarę wzrostu liczby krzyżowań wstecznych. Rośliny pokoleń F_1 oraz BC_1 były istotnie niższe od odmiany Lombardo, jednakże rośliny pokolenia BC_2 nie różniły się istotnie pod względem tej cechy od odmiany matecznej. Najkrótszą osadkę kłosową miał mieszańiec [(Lombardo \times Ae87) \times Lombardo] \times Lombardo. Statystycznie krótsza była ona w porównaniu z mieszańcami pokoleń F_1 oraz BC_1 . Nie różniła się istotnie od odmiany Lombardo. Analizując liczbę kłosek w kłosie głównym wykazano, że nie różniła się ona istotnie od odmiany matecznej w żadnym z badanych mieszańców. Liczba ziarniaków z kłosa głównego był istotnie niższa we wszystkich badanych pokoleniach w porównaniu z odmianą uprawną. Najniższa była w pokoleniu F_1 a następnie w pokoleniu BC_2 . Analogiczne wyniki uzyskano dla masy ziarniaków z kłosa głównego. Analizując zbitość kłosa wykazano, że istotnie była ona niższa tylko dla mieszańców Lombardo \times Ae87. Pozostałe mieszańce nie różniły się od siebie ani odmiany Lombardo pod względem tej cechy. Obniżona była istotnie płodność kłosa w mieszańcach wszystkich pokoleń w porównaniu z odmianą mateczną. Pomiędzy mieszańcami cecha ta nie różniła się istotnie. Nie stwierdzono natomiast istotnych różnic w Masie Tysiąca Ziaren we wszystkich analizowanych genotypach.

Tab. 3. Analiza komponentów plonu mieszańcowych roślin pokoleń F₁, BC₁ oraz BC₂ w porównaniu z formami rodzicielskimi

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
Lombardo	83,33 ^a	9,5 ^{abc}	37,44 ^a	65,44 ^b	3,84 ^b	39,25 ^a	1,94 ^b	58,83 ^a
[(Lombardo × Ae87) × Lombardo] × Lombardo	81,09 ^{ac}	7,8 ^{ab}	26,36 ^{ab}	15,91 ^a	0,94 ^a	32,71 ^a	0,68 ^a	59,94 ^a
(Lombardo × Ae87) × Lombardo	72,80 ^{bc}	9,7 ^{abc}	30,00 ^a	28,20 ^c	1,62 ^c	30,28 ^{ab}	1,02 ^a	57,56 ^a
(Lombardo × Ae87)	70,53 ^b	10,31 ^{ac}	22,54 ^{ab}	15,61 ^a	0,88 ^a	20,96 ^b	0,70 ^a	56,41 ^a

Wnioski

1. Formy mieszańcowe wykazywały istotnie wyższą masę ziarniaków z kłosa w porównaniu do form rodzicielskich
2. Krzyżowanie nie powodowało redukcji ani wzrostu MTZ w pokoleniu F₂
3. Mieszańce charakteryzowały się istotnie wyższą liczbą ziarniaków z kłosa głównego

Mierniki dla tematu badawczego 2 (podać w tabeli)

Lp.	miernik ³	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba fenotypowanych roślin	100	100

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

W związku z tym, że w bieżącym sezonie nie będą uzyskiwane nowe mieszańce zadanie zostało zamknięte w porozumieniu z hodowcami oraz Ministerstwem Rolnictwa i Rozwoju Wsi. Środki finansowe planowane na to zadanie zostaną przeznaczone na pozostałe zadania.

4.4 Temat badawczy 4: Analizy molekularne uzyskanych mieszańców.

Cel tematu badawczego

Celem zadania 4 była analiza mechanizmów odpowiedzi na stres mieszańców pochodzących z kombinacji krzyżówkowych Sekret × Ae87, Tomoko × Ae89 oraz Meloman × Ae89 na poziomie przekazywania sygnału przez kaskadę kinaz MAP oraz aktywacji elementów systemu antyoksydacyjnego.

Materiały i metody (opisać jak w publikacji)

Ze względu na problemy z kiełkowaniem wybranych mieszańców pokolenia BC₂ konieczna była zmiana genotypów. Wybrano mieszańce:

1. Sekret × Ae87
2. (Sekret × Ae87) × Sekret
3. Sekret
4. Meloman × Ae89
5. (Meloman × Ae89) × Meloman
6. Meloman
7. Tomko × Ae89
8. (Tomko × Ae89) × Tomko
9. Tomko

W celu sprawdzenia konstytutywnego poziomu gotowości w/w form do przekazania sygnału w odpowiedzi na pojawienie się potencjalnego czynnika stresowego przeanalizowana została ekspresja genów kodujących kinazy MAP - MAPK3 i MAPK6.

Z liści roślin rosnących na poletkach doświadczalnych na początku sezonu wegetacyjnego pobrany został materiał do izolacji RNA. Izolacja całkowitego RNA

³ Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

przeprowadzona została przy użyciu odczynnika TRIzol. Każda forma analizowana była w trzech powtórzeniach biologicznych. Przed przystąpieniem do izolacji RNA sprzęt wykorzystywany w tej procedurze został wypłukany 0,1% roztworem DEPC i sterylizowany, natomiast powierzchnie robocze poddano dekontaminacji za pomocą RNaseZap. Uzyskane preparaty genomowego RNA poddane zostały ocenie jakościowej i ilościowej za pomocą spektrofotometru NanoDrop 2000. Integralność wyizolowanego RNA oceniona została na żelu agarozowym. Pozostałości DNA zostały usunięte poprzez poddanie próbki trawieniu DNazą. Następnie 1 µg wyizolowanego RNA został poddany odwrotnej transkrypcji przy użyciu komercyjnego zestawu wg procedury zalecanej przez producenta. Otrzymane cDNA posłużyło jako matryca do analizy ekspresji genów techniką qPCR.

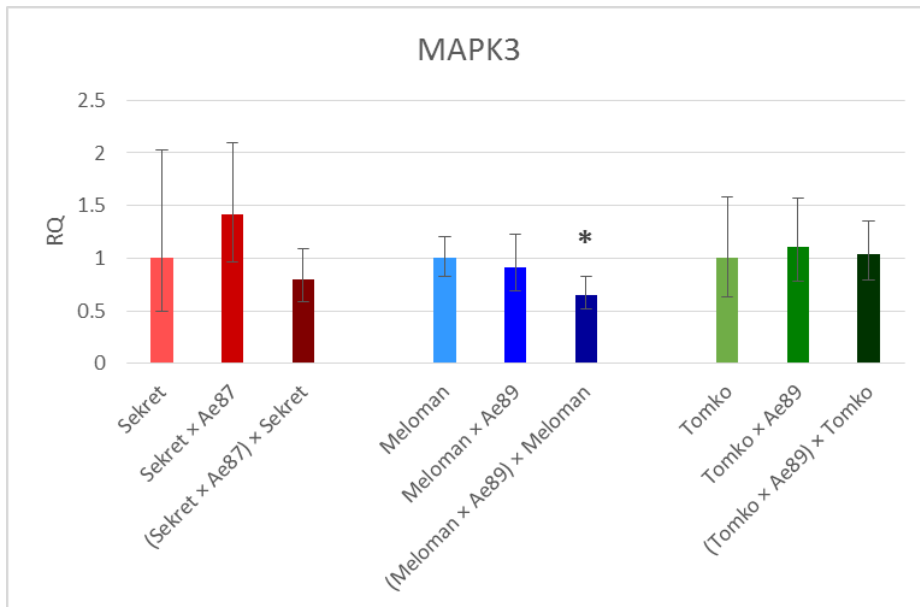
Przed przystąpieniem do analizy genów badanych przeprowadzono wybór genu/genów referencyjnych charakteryzujących się najbardziej stabilną ekspresją w badanym materiale. Przetestowano 7 genów kandydujących. Spośród nich najbardziej stabilnym poziomem ekspresji w badanym materiale odznaczały się geny GAPDH oraz ADP - geny te zostały wybrane jako geny referencyjne. Analizy przeprowadzono z wykorzystaniem barwnika fluorescencyjnego SYBR Green I. Jako matrycę do reakcji stosowano 10 ng uzyskanego uprzednio cDNA. Reakcje przeprowadzono na aparacie Quantstudio 3, natomiast analizy stabilności genów dokonano przy użyciu programu geNorm. Po wyborze genu/genów referencyjnych przeprowadzono porównawczą analizę ekspresji genów badanych (MAPK3 i MAPK6). Analizy ekspresji badanych genów przeprowadzono z wykorzystaniem barwnika fluorescencyjnego SYBR Green I lub sond molekularnych TaqMan. Analizy qPCR wykonano przy zastosowaniu aparatu Quantstudio 3 wraz z dedykowanym oprogramowaniem.

W celu poznania odpowiedzi badanych form na wystąpienie czynnika stresowego przeanalizowano ekspresję genów kodujących enzymy antyoksydacyjne (CAT, APX) w warunkach indukowanego parakwatem stresu oksydacyjnego. Materiał wyjściowy stanowiły ziarniaki uzyskane z samozapylenia w/w kombinacji krzyżówkowych oraz odmian rodzicielskich Sekret i Meloman. **Nie wyizolowano RNA z mieszańców z odmianą Tomko, ponieważ rośliny nie przeżyły stresu oksydacyjnego. Wyizolowano RNA jedynie z formy rodzicielskiej.**

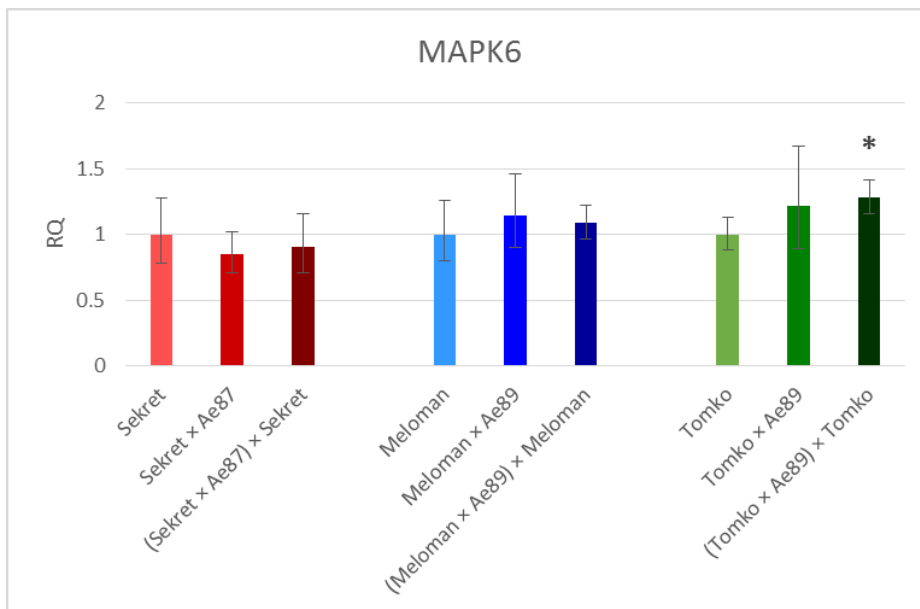
Ziarniaki badanych form poddano sterylizacji powierzchniowej za pomocą gazowego chloru przez 5 godzin. Następnie, w celu indukcji kiełkowania, wykładane były na szalki Petriego z pożywką MS bez cukru i umieszczone w lodówce w temperaturze 4°C na trzy dni. Następnie szalki zawierające skiełkowane ziarniaki umieszczono w fitotronie (temperatura 24°C, fotoperiod 16h/8h). Trzydniowe siewki przenoszono do słoików z zestaloną pożywką MS bez cukru, zawierającą 5 µM parakwatu (wiologenu metylu – MV). Kontrolę stanowiły rośliny rosnące na pożywce niezawierającej parakwatu. Materiał pobrano po 8 dniach wzrostu w warunkach stresu. Analiza ekspresji genów kodujących enzymy antyoksydacyjne (CAT, APX) przeprowadzona została zgodnie z metodyką przedstawioną powyżej.

Wyniki

Konstytutywny poziom gotowości uzyskanych mieszańców do przekazania sygnału w odpowiedzi na pojawienie się potencjalnego czynnika stresowego przeanalizowany został w odniesieniu do ekspresji genów kodujących kinazy MAP - MAPK3 i MAPK6. Uzyskane profile wykazały, że u większości mieszańców poziom ekspresji w/w genów był zbliżony do poziomu obserwowanego u form rodzicielskich (Rys. 1-2). Istotne różnice wykryto u dwóch form mieszańcowych pokolenia BC1: (Meloman × Ae89) × Meloman oraz (Tomko × Ae89) × Tomko, gdzie obserwowano odpowiednio obniżenie poziomu transkryptów MAPK3 i wzrost poziomu transkryptów MAPK6.

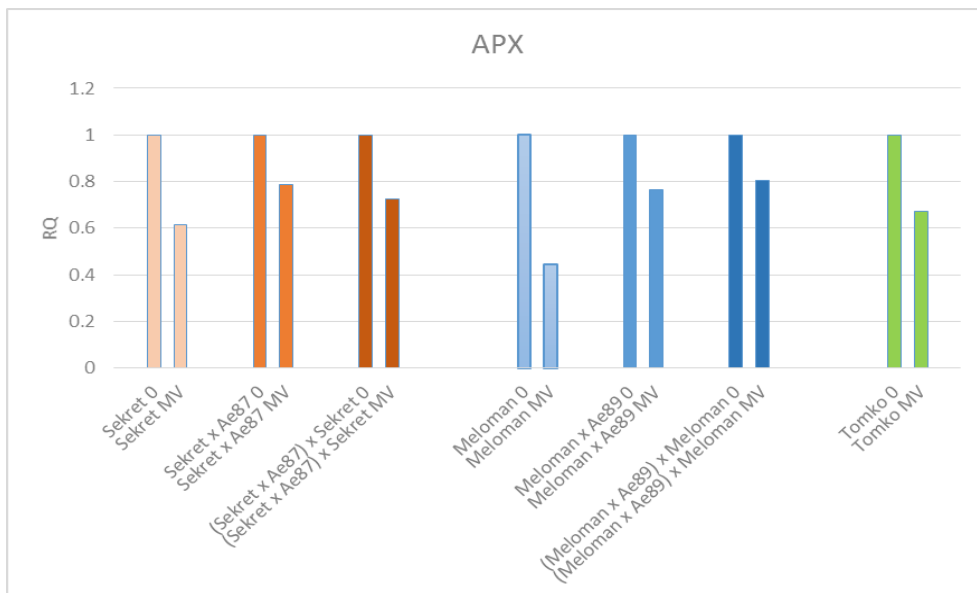


Rys. 1. Względny poziom ekspresji genu MAPK3 [kalibrator: forma rodzicielska].

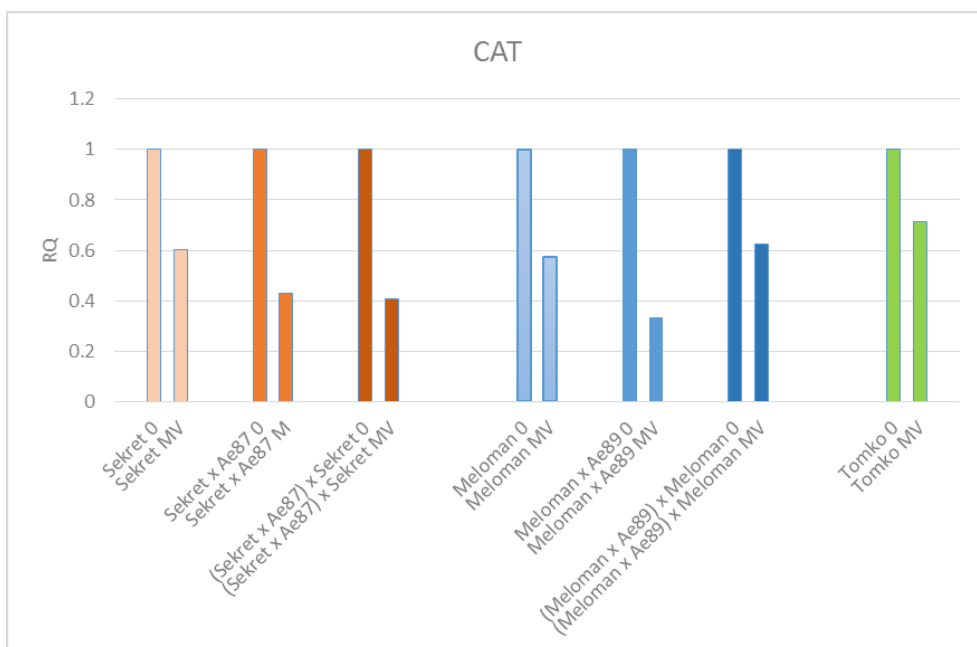


Rys. 2. Względny poziom ekspresji genu MAPK3 [kalibrator: forma rodzicielska].

W warunkach indukowanego parakwatem stresu oksydacyjnego u badanych form oceniono zdolność aktywacji elementów systemu antyoksydacyjnego na poziomie transkryptomu. Przeprowadzone analizy wykazały, że wystąpienie czynnika stresowego prowadziło do obniżenia ekspresji genów CAT (Rys. 3) oraz APX (Rys. 4) u wszystkich testowanych form (zarówno odmian rodzicielskich jak i mieszańców).

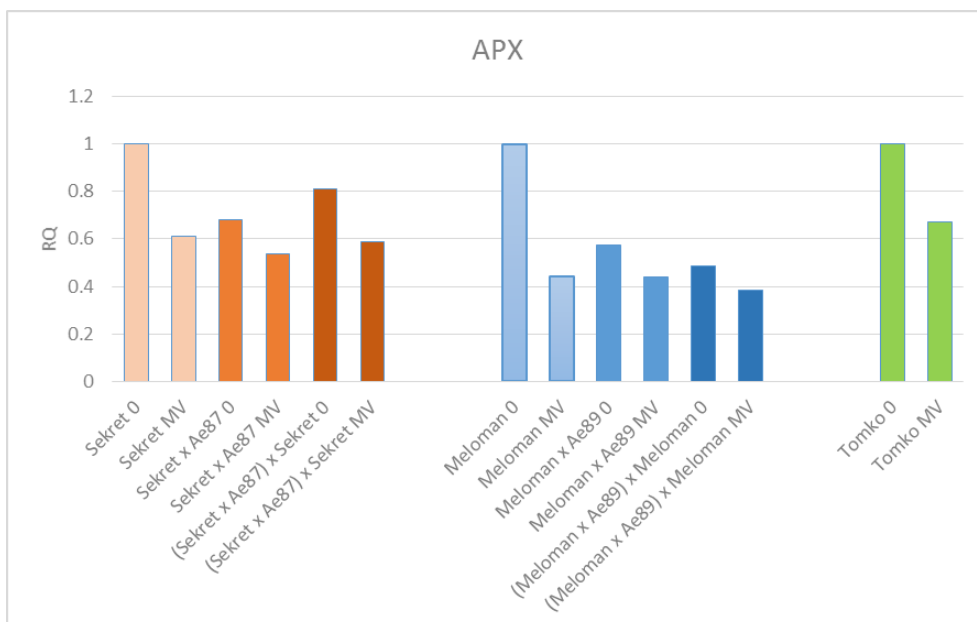


Rys. 3. Porównanie poziomu ekspresji genu APX roślin stresowanych (MV) względem kontrolnych (0) w obrębie tego samego genotypu [kalibrator: genotyp niestresowany].

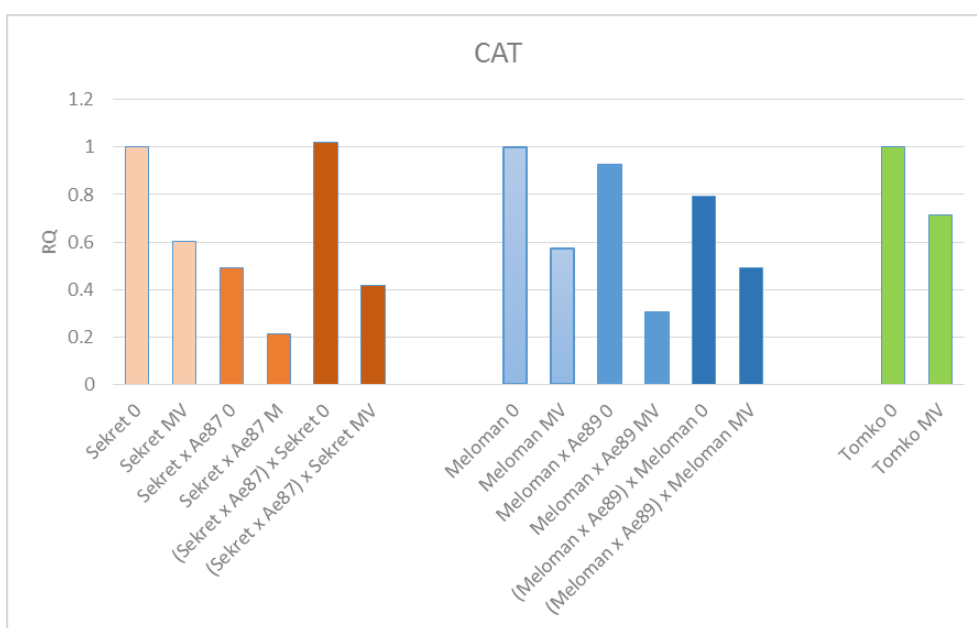


Rys. 4. Porównanie poziomu ekspresji genu CAT roślin stresowanych (MV) względem kontrolnych (0) w obrębie tego samego genotypu [kalibrator: genotyp niestresowany].

Porównanie poziomu ekspresji wszystkich form doświadczalnych do form rodzicielskich kontrolnych (Rys. 5-6) wykazało ponadto obniżenie ekspresji genów kodujących peroksydazę askorbinianową oraz katalazę u większości niestresowanych mieszańców pochodzących z badanych kombinacji krzyżówkowych.



Rys. 5. Porównanie poziomu ekspresji wszystkich form doświadczalnych do form rodzicielskich kontrolnych [kalibrator: genotyp rodzicielski niestresowany].



Rys. 6. Porównanie poziomu ekspresji wszystkich form doświadczalnych do form rodzicielskich kontrolnych [kalibrator: genotyp rodzicielski niestresowany].

Aktywacja elementów systemu antyoksydacyjnego na poziomie transkrypcji jest bardzo istotnym mechanizmem warunkującym skuteczną odpowiedź organizmu na wystąpienie stresu oksydacyjnego (Mittler 2002). W badaniach własnych wykazano, że poziom transkryptów APX oraz CAT ulega obniżeniu w wyniku stresowania roślin parakwatem. Obniżenie ekspresji genów kodujących enzymy antyoksydacyjne w warunkach wystąpienia stresu abiotycznego obserwowali także Abercrombie i in. (2008), Bian i Jiang (2009) czy Fan i in. (2014).

Wnioski

1. Zbliżony poziom ekspresji kinaz MAP obserwowany u mieszańców oraz odmian rodzicielskich może wskazywać na podobny poziom gotowości w/w form do przekazania sygnału w odpowiedzi na pojawienie się potencjalnego czynnika stresowego.
2. W warunkach kontrolnych wśród pokoleń mieszańcowych zaobserwowano tendencję do utrzymywania obniżonego poziomu ekspresji genów kodujących peroksydazę askorbinianową oraz katalazę w porównaniu do odmian rodzicielskich.
3. Wystąpienie stresu oksydacyjnego prowadziło do obniżenia ekspresji genów kodujących badane enzymy antyoksydacyjne (CAT, APX) u wszystkich badanych form (zarówno rodzicielskich jak i mieszańcowych).

Mierniki dla tematu badawczego 2 (podać w tabeli)

Lp.	miernik ⁴	Wartość miernika podana w opisie	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba genotypów poddanych analizie bez czynnika stresowego	8	9
2	Liczba genotypów poddanych analizie pod wpływem czynnika stresowego	8	7
SUMA		16	16

Ze względu na fakt iż w założeniu miały być analizowane jeszcze krzyżówki BC₂, ale nie urosły zamieniono te 2 genotypy na odmianę Tomko, mieszańca F₁ i BC₁ z odmianą Tomko. W pierwszym etapie przetestowano więc 9 genotypów zamiast 8 zakładanych. Te same genotypy miały być testowane w warunkach stresu. Niestety mieszańce z odmianą Tomko okazały się być tak wrażliwe, że nie przeżyły stresu wywołanego parakwatem. W 2 etapie przetestowano więc tylko Tomko oraz mieszańce z 'Sekretem' i 'Melomanem' co dało 7 genotypów. Ostatecznie analizie poddano więc 9 genotypów w pierwszym etapie i 7 w drugim co łącznie dało 16 prób tak jak zakładano w miernikach (2 x 8 genotypów)

⁴ Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

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 ⁵	Liczba prezentacji
1			
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych			
lp.	monografia/czasopismo	Rodzaj publikacji ⁶	Liczba publikacji

Sporządzono:
Lublin, 12.12.2020

Pieczęć jednostki

Osoba reprezentująca jednostkę

Kierownik zadania

data

podpis i pieczęć

podpis

⁵ Podać, czy planowany jest wykład plenarny, doniesienie konferencyjne czy poster.

⁶ Podać, czy planowana jest publikacja oryginalna, czy np. polemika, list do edytora, rozdział w monografi etc.