

SPRAWOZDANIE O STANIE REALIZACJI ZADANIA

z wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej
w 2011 roku

1. Nr decyzji MRiRW: **HOR hn 078--37/11 zadanie nr 22**
2. Nazwa tematu: **Identyfikacja źródeł odporności na mączniaka i rdzę w kolekcji linii, rodów i odmian żyta**
3. Podmiot realizujący temat: Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
4. Wydział/Pracownia/ Pracownie: Wydział Przyrodniczo-Technologiczny, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
5. Kierownik tematu: dr hab. prof. nadzw. Henryk Bujak
Wykonawcy: dr inż. Kamila Nowosad
mgr Andrzej Jurkowski
6. **Informacja o realizacji prac w roku 2011**
 - a) Materiały i metody:

Materiał badawczy stanowiły rody hodowlane z doświadczenia wstępnego wraz z odmianami wzorcowymi Brassetto, Bosmo, Dańkowskie Diament i Minello oraz przekazane przez hodowców formy żyta ozimego i linie wsobne z kolekcji Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa. W tych ocenach jako wzorce stosowano odmiany Bosmo i Dańkowskie Diament.

1. Rody z doświadczeń wstępnych. 42 obiekty, w tym 4 odmiany wzorcowe;

2. Formy żyta ozimego przekazane przez:

2.1. DANKO Hodowla Roślin Sp. z o. o.

CHD Ma 124 – CHD Ma 164 oraz SOA Ma1– SOA Ma 69

2.2. Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.

obiekty o numerach od 2105 do 2149 oraz NS0779N do NS0885N

2.3. Hodowlę Roślin Smolice Sp. z o. o.:

obiekty oznaczone jako HRSM oraz SMH

4/ Własne genotypy z kolekcji linii wsobnych żyta ozimego.

Łącznie testowaniu na odporność na mączniaka prawdziwego poddano 38 rodów hodowlanych i 4 odmiany wzorcowe z doświadczeń wstępnych oraz 397 genotypów dostarczonych przez hodowców, wśród których były linie wsobne, populacje oraz odmiany wzorcowe (Bosmo, Dańkowskie Diament) żyta ozimego.

Ocenę podatności genotypów żyta na porażenie przez *Blumeria graminis* przeprowadzono w doświadczeniu szklarniowym zgodnie z metodyką przedstawioną w pracy Zamorski i wsp. (1994). Posługiwano się czterostopniową skalą porażenia (0–3), gdzie 0 – oznaczało brak objawów natomiast 3 – bardzo silne porażenie z koloniami mączniaka zajmującymi 75–100% powierzchni blaszek liściowych. Szklarniowe doświadczenia infekcyjne przeprowadzono wykorzystując do tego celu połowę populację patogena utrzymywaną na siewkach wrażliwej odmiany żyta. Materiał z namnożoną populacją mączniaka prawdziwego otrzymano z Hodowli Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR. Inokulację przeprowadzono w fazie trzech liści metodą „miotłkową”. Następnie rośliny umieszczano w kamerze o wysokiej wilgotności. Dodatkowo obok ocenianego materiału ustawiono rośliny z namnożonym

patogendem, co sprzyjało porażaniu. Stopień porażenia roślin oceniano po dwóch tygodniach od inokulacji, posługując się wspomnianą skalą porażenia roślin.

Wyniki obserwacji porażenia mączniakiem prawdziwym tworzą układ nieciągły, dlatego w celu przeprowadzenia analiz statystycznych przeprowadzono transformację wyników obserwacji uzyskanych w skali wykorzystując wzór podany przez Węgrzyna i in. (1996):

$$x' = \arcsin \sqrt{0,125(x + 1)}$$

W celu poszukiwania markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności na mączniaka prawdziwego u żyta ozimego z form własnych i przesłanych przez hodowców wyizolowano DNA genomowe. Ponieważ dla żyta nie ma opracowanych markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności na mączniaka prawdziwego, początkowo sprawdzona jest przydatność markerów opracowanych dla innych zbóż, w tym pszenicy i pszenżyta.

Do izolacji całkowitego DNA z roślin wykorzystano metodę oczyszczania fenolem i chloroformem opracowaną przez Junghansa i Metzlaffa. Do rozdzielania produktów reakcji PCR użyto elektroforezy agarazowej. Rozdział był prowadzony w aparacie EC 330 o pojemności 120 ml i 40 studzienkach. Elektrolitem, w którym prowadzona była elektroforeza był bufor TBE o pH 8,0. Po rozdziale żele były wybarwiane w bromku etydyny, a obrazy, na których widoczny był polimorfizm lub jego brak otrzymano przy zastosowaniu kamery i światła UV.

Wykorzystane zostały znane z literatury markery SSR dla genów odporności na mączniaka (Pm), przy użyciu znanych sekwencji primerów genu odporności Pm3. Startery te posłużyły do weryfikacji ich przydatności do identyfikacji genów w materiałach żyta ozimego. Genotypy były testowane na obecność markerów sprzężonych z siedmioma allelami locus Pm3. Wykorzystano w tym celu markery SSR, które na podstawie danych literaturowych wykazują sprzężenie z genami odporności na mączniaka prawdziwego. W późniejszym terminie przewidziano analizy obecności markerów sprzężonych z innymi genami Pm, których sekwencje są dostępne w literaturze. W celu sprawdzenia poprawności analiz molekularnych w bieżącym roku zgromadzono kolekcję linii pszenicy posiadających poszukiwane u żyta geny Pm. Wspomniane wyżej odmiany i linie posłużą w badaniach molekularnych jako formy referencyjne, dla wykazania swoistości przeprowadzonych reakcji PCR. Pozwala to na weryfikację materiałów żyta pod kątem obecności genów odporności na mączniaka prawdziwego.

- b)** Szczegółowe omówienie wykonanych prac i uzyskanych wyników (łącznie dla wszystkich Pracowni realizujących temat).

Celem badań jest określenie

Celem badań była identyfikacja źródeł genetycznej odporności na aktualnie występujące rasy mączniaka prawdziwego oraz rdzy brunatnej w liniach, odmianach i rodach żyta. Oceniona została odporność materiałów roślinnych żyta w warunkach szklarniowych pod wpływem naturalnej i sztucznej inokulacji. Wyizolowane DNA genomowe posłużyło do poszukiwania markerów molekularnych genów odporności na mączniaka prawdziwego i rdzę brunatną. W tym celu wykorzystano znane z literatury markery molekularne sprzężone z genami odporności na rdzę brunatną oraz na mączniaka prawdziwego.

Harmonogram prac w bieżącym roku sprawozdawczym był realizowany zgodnie z planem i obejmował:

- ocena porażenia genotypów żyta ozimego przez mączniaka prawdziwego i rdzę brunatną w warunkach sztucznej inokulacji,
- ocenę polową porażenia genotypów żyta przez mączniaka prawdziwego i rdzę brunatną,
- izolację genomowego DNA żyta ozimego z kolekcji linii, odmian i rodów,
- użycie markerów molekularnych do poszukiwania genów odporności na mączniaka u badanych form żyta z nimi sprzężonych.

W jakim stopniu cel badania został osiągnięty

W roku bieżącym ocenę odporności na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis*) oraz rdzę brunatną w przesłanych przez hodowców materiałach genetycznych oraz materiałach pochodzących z własnej kolekcji genotypów żyta ozimego. Otrzymano także nowe populacje żyta o poprawionej odporności, które mogą stanowić materiał wyjściowy do wyprowadzania linii i populacji odpornych na mączniaka prawdziwego. Z materiałów własnych i przesłanych przez hodowców wyizolowano DNA genomowi, które posłuży do poszukiwania markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności na mączniaka prawdziwego i rdzę brunatną

Realizacja badań przebiegała zgodnie z harmonogramem. W przeprowadzonych testach szklarniowych oceną podatności na porażenie przez *Blumeria graminis* objęto ogółem 439 genotypów pochodzących z czterech stacji hodowli roślin (Choryń, Laski, Sobiejuchy, Nagradowice, Smolice) oraz Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. W pierwszym doświadczeniu oceniono stopień porażenia mączniakiem prawdziwym rodów z doświadczenia wstępnego. Analizie poddano 38 rodów oraz 4 odmiany wzorcowe (Bosmo, Brasetto, Dańkowskie Diament i Minello). Średni stopień porażenia badanych materiałów żyta, zgodnie z przyjętą czterostopniową skalą oceny, nie był mocno zróżnicowany, chociaż wykazał statystyczne istotne zróżnicowanie i wynosił od 2 (ród DC 945) do 3 (u 22 objekty). Wyniki oceny porażenia mączniakiem prawdziwym badanych genotypów wraz z ich podziałem na grupy jednorodne przedstawiono w tabeli 1. Wśród badanych materiałów można wyróżnić formy wykazujące wyższą odporność na porażenie przez mączniaka od najmniej porażonej odmiany wzorcowej Bosmo. Można wyróżnić ród DC 945, który uzyskał ocenę na średnim poziomie 2,0. Ponadto siedem z badanych rodów żyta dorównywały odpornością odmianie wzorcowej Bosmo. Pozostałe badane genotypy nie wykazały wysokiej odporności na mączniaka prawdziwego w warunkach sztucznej inokulacji. Odmiany mieszańcowe Brasetto i Minello, które także były wzorami w doświadczeniu wstępnym wraz z 19 rodami nie wykazywały odporności na mączniaka prawdziwego. U tych form porażenie blaszek liściowych ocenianych siewek wynosiło powyżej 75%. Wykonana analiza analizę wariancji wykazała istotne zróżnicowanie stopnia porażenia badanych genotypów żyta pod względem odporności na mączniaka, ale jedynie na poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Ocenę stopnia porażenia przeprowadzono w czterostopniowej skali bonitacyjnej, dlatego otrzymane wyniki nie spełniały warunków koniecznych do wykonania analizy wariancji. W celu uzyskania ciągłości rozkładu oraz rozkładu normalnego, wyniki surowe poddano transformacji według wzoru podanego przez Węgrzyna in. 1996. Dopiero otrzymane po transformacji wyniki poddano obliczeniom statystycznym.

Przy użyciu testu Duncana porównano średnich wartości z oceny porażenia przez mączniaka podzielono genotypy żyta na grupy jednorodne. Wyodrębnienie grup jednorodnych genotypów odbywało się na wartościach przetransponowanych, natomiast w tabeli 1 zestawiano dodatkowo wartości po ponownym ich przeliczeniu na skalę oceny. Podana wartość najmniejszej istotnej różnicy (NIR) dotyczy wartości poddanych transformacji. Test Duncana pozwolił na podział ocenianych genotypów żyta ozimego na trzy zachodzące na siebie grupy jednorodne. Na wyróżnienie zasługują ród DC 945, który wykazał wyższą odporność od odmiany Bosmo oraz rody o podobnej do Bosmo odporności na mączniaka: AND 13, DC 26, DC 42, DC 945, HRSM 14, HRSM 21 i RPD 45. Pozostałe badane genotypy wykazały istotnie niższą odporność od populacyjnych odmian wzorcowych. Odmiany mieszańcowe żyta (Brasetto i Minello) użyte jako wzorcowe wraz z kilkunastoma innymi rodami charakteryzowały się brakiem odporności na mączniak prawdziwego i zostały zaliczone do ostatniej grupy jednorodnej.

Wśród badanych materiałów żyta nie stwierdzono występowania form całkowicie odpornych na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis*), jednak na uwagę jako źródło odporności, które nie będzie obniżało plonu i wartości cech użytkowych może zostać wykorzystany ród DC 945, który wykazał istotnie wyższą odporność od odmian wzorcowych.

Wartości oceny odporności na mączniak prawdziwego genotypów przesłanych przez hodowców zestawiono w tabeli 3. Jako wzorce odporności użyto odmiany populacyjne Bosmo i Dańkowskie Diament. Oceny nie udało się przeprowadzić u 4 genotypów żyta ozimego, dla których nie wystąpiły wschody, a dla kilku wschody roślin wystąpiły w jednym lub dwóch powtórzeniach.

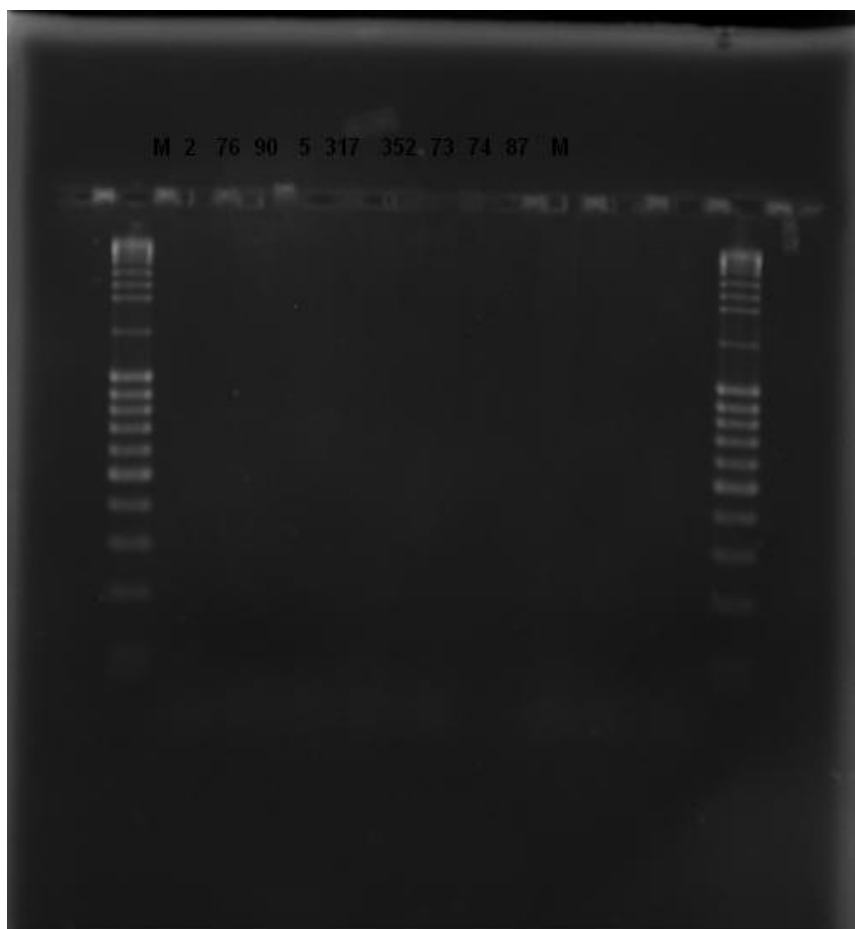
Wykonana analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych genotypów żyta pod względem odporności na porażenie przez mączniaka prawdziwego (tabela 4). Porównanie średnich obiektowych testem Duncana pozwoliło na podział 397 badanych genotypów żyta na osiem zachodzących na siebie grup jednorodnych. Wśród tej grupy testowanych genotypów przesłanych do badań przez hodowców wystąpiły takie, które wykazywały obiekty o wysokiej odporności, które uzyskały średnią ocenę 1. W sumie jest sześć takich genotypów: 2144C, 2138C, CHD Ma 133, CHD Ma 149 oraz linie wsobne 27a.3 i 27b.1. Te genotypy oraz kolejnych pięć tworzą pierwszą grupę jednorodną form o najmniejszym stopniu porażenia przez mączniaka prawdziwego. W tej grupie są zarówno obiekty przesłane przez hodowców, jak również linie pochodzące z kolekcji własnej Katedry. Również druga grupa jednorodna genotypów o wysokiej odporności nie jest zbyt liczna i składa się z 10 genotypów. Grupy te zachodzą na siebie. Na uwagę zasługują przede wszystkim genotypy z pierwszej grupy jednorodnej, charakteryzujące się wysoką odpornością na mączniaka prawdziwego, które mogą stanowić dobry materiał wyjściowy do wyprowadzania form odpornych na tego patogena.

W celu uzyskania informacji o genach odporności na mączniaka prawdziwego oraz rdzę brunatną, przeprowadzona została próba weryfikacji tych materiałów przy pomocy markerów molekularnych. Ponieważ u żyta nie ma opracowanych markerów sprzężonych z genami odporności na mączniak w pierwszym etapie wykorzystane są opracowane dla innych gatunków zbóż markery molekularne sprzężone z genami odporności na mączniaka prawdziwego. W przypadku odporności na rdzę brunatną sprawdzono występowanie wybrane starterów, które zgodnie z literaturą sprzężone są z genami odporności. Po dopracowaniu warunków reakcji PCR, ustalone zostały składy mieszanin reakcyjnych i profile termiczne dla poszczególnych par starterów. Zoptymalizowanie warunków reakcji pozwoli na wyodrębnienie lini posiadających markery sprzężone z genami odporności na rdzę po przeprowadzeniu analizy na wszystkich badanych obiektach. Startery do reakcji amplifikacji zostały już przetestowane i określone jako sprzężone z genami odporności na rdzę przez Nocente i wsp. 2007 (Euphytica 2007 155:329-

336). Testowane startery stworzone zostały na bazie sekwencji genów związanych z odpornością na rdzę brunatną u żyta (geny oznaczone LR) oraz u pszenicy (geny oznaczone TC).

Poszukiwanie markerów sprzężonych z genami odporności na mączniaka prawdziwego

Następnie wybrano 50 genotypów żyta o najniższej odporności i 50 genotypów charakteryzujących się najwyższą odpornością na porażenie mączniakiem prawdziwym. Z genotypów tych wyizolowano DNA do dalszych analiz molekularnych. Wybrane genotypy testowane są na obecność markerów sprzężonych z siedmioma allelami locus Pm3. W późniejszym terminie przewidziano analizy obecności markerów sprzężonych z innymi genami Pm, których sekwencje są dostępne w literaturze. W celu sprawdzenia poprawności analiz molekularnych w bieżącym roku zgromadzono kolekcję linii pszenicy posiadających poszukiwane u żyta geny Pm. Wspomniane wyżej odmiany i linie posłużą w badaniach molekularnych jako formy referencyjne, dla wykazania swoistości przeprowadzonych reakcji PCR.

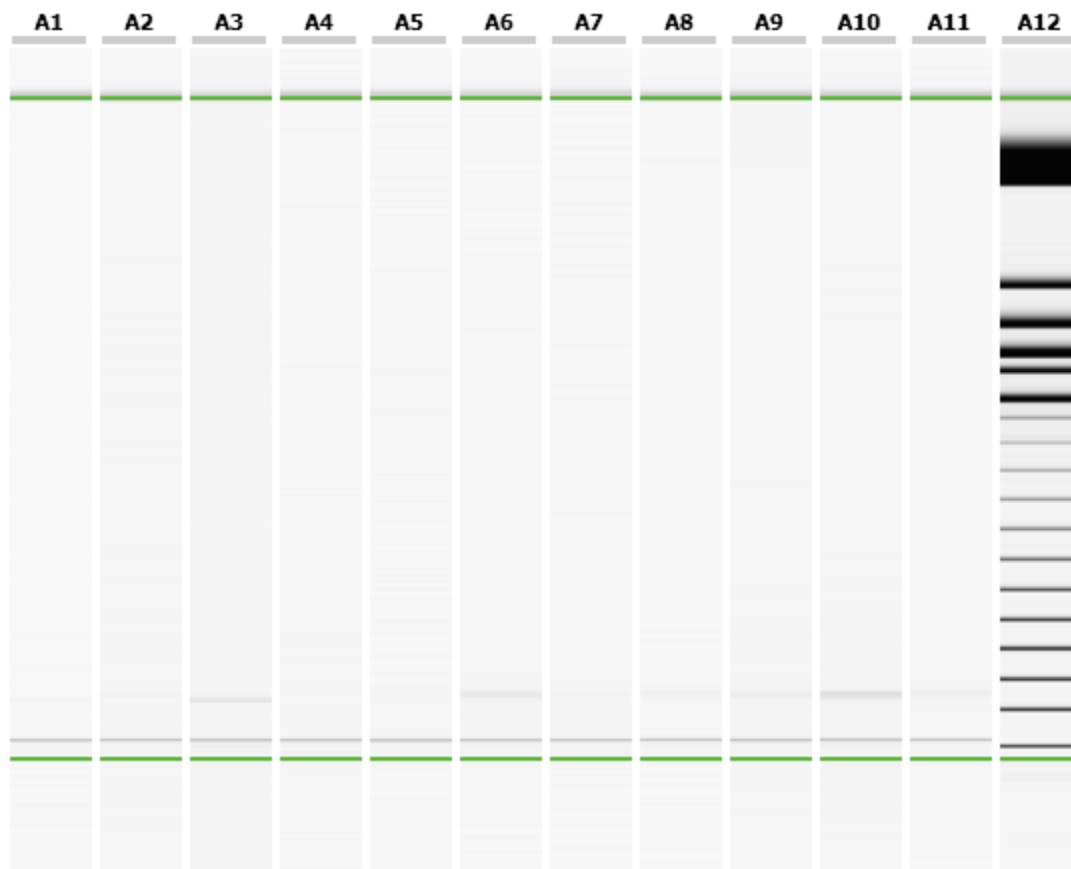


Poszukiwanie markerów sprzężonych z genami odporności na rdzę brunatną

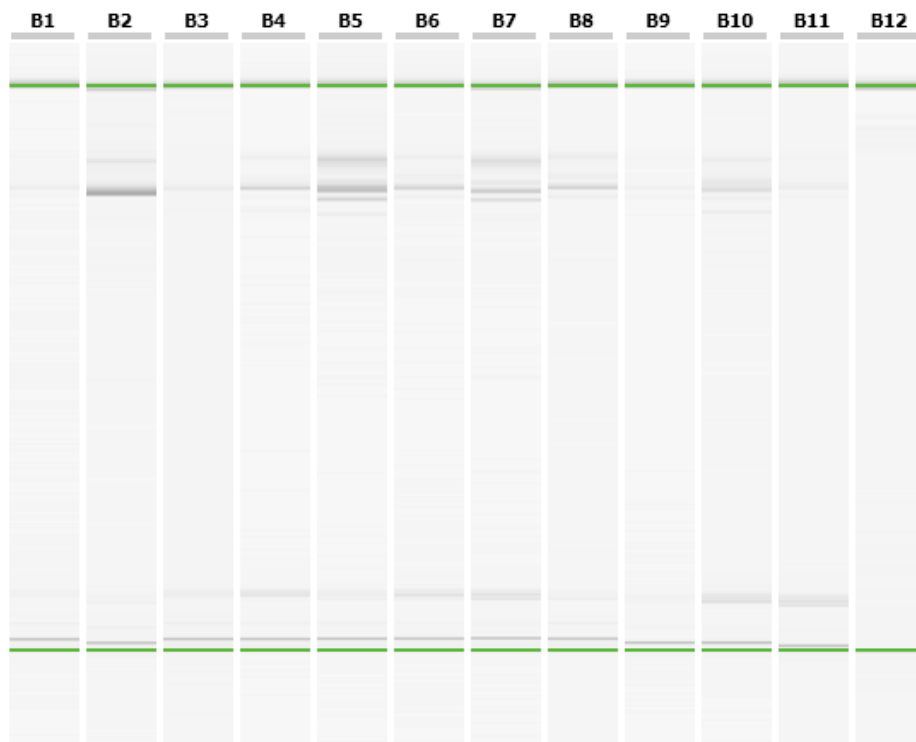
Badania wstępne, po izolacji genomowego DNA, obejmowały ustalenie optymalnych warunków reakcji łańcuchowej polimerazy dla wybranych starterów, które zgodnie z literaturą sprzężone są z genami odporności na rdzę brunatną. Do analizy, której wyniki przedstawione zostały poniżej, wykorzystane zostało DNA 11 losowo wybranych linii : CHD Ma124, CHD Ma138, CHD Ma153, CHD Ma156, CHD Ma141, SOA Ma3, CHD Ma143, SOA Ma163, CHD Ma163, CHD

Ma164, CHD Ma130. Na podstawie otrzymanych wyników, po dopracowaniu warunków, ustalone zostały składy mieszanin reakcyjnych i profile termiczne dla poszczególnych par starterów. Zoptymalizowanie warunków reakcji pozwoliło na wyodrębnienie linii posiadających markery sprzężone z genami odporności na rdzę po przeprowadzeniu analizy na wszystkich badanych obiektach. Startery do reakcji amplifikacji zostały już przetestowane i określone jako sprzężone z genami odporności na rdzę przez Nocente i wsp. 2007 (Euphytica 2007 155:329-336). Testowane startery stworzone zostały na bazie sekwencji genów związanych z odpornością na rdzę brunatną u żyta (geny oznaczone LR) oraz u pszenicy (geny oznaczone TC).

Wyniki reakcji PCR dla pary starterów Lr1. Marker sprzężony z genem odporności na rdzę Lr1 powinien posiadać długość około 560 pz. Wstępne testowanie starterów nie pozwoliło uzyskać ampikonu o tej długości u badanych genotypów. Jednak obecność prążków o innych długościach wskazuje na prawidłowe dobranie warunków reakcji. Konieczne jest przeprowadzenie analizy na innych obiektach.

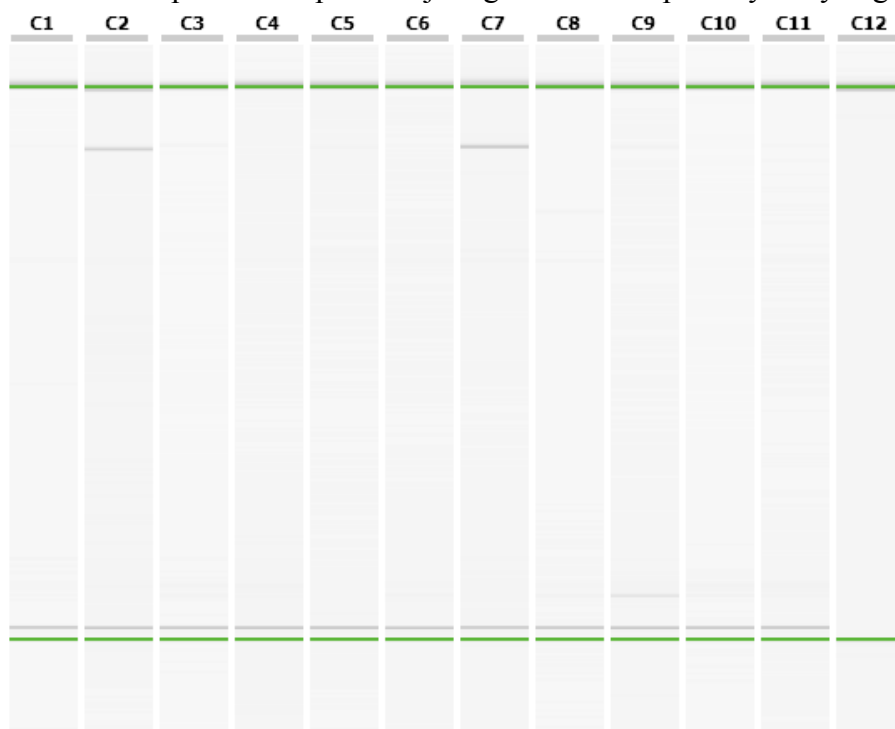


Wyniki reakcji PCR dla pary starterów Lrk10. Marker sprzężony z genem odporności na rdzę brunatną Lrk10 powinien posiadać długość ok. 650 pz. Wstępne testowanie starterów wykazało obecność ampikonów o długości ok. 1000 i więcej pz u przeanalizowanych genotypów. Poza przeprowadzeniem analizy na wszystkich genotypach konieczne będzie sprawdzenie wyników odporności na sztuczną inokulację aby sprawdzić czy marker o większej liczbie par zasad jest rzeczywiście związany z genem odporności.



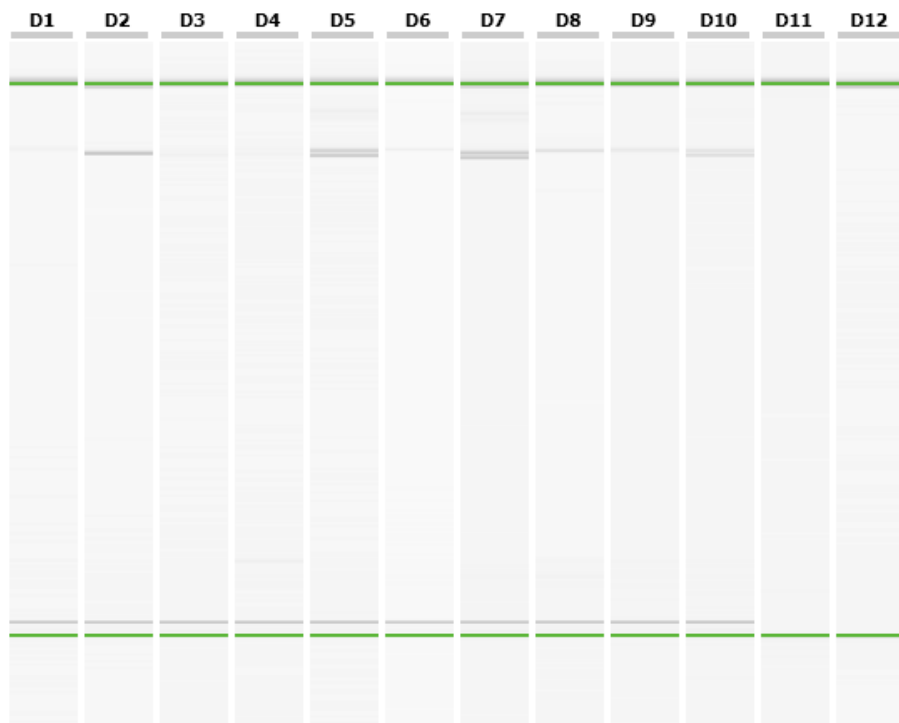
Startery TC72745.

Wyniki reakcji PCR dla pary starterów TC72745. Marker sprzężony z genem odporności na rdzę TC72745 powinien posiadać długość ok. 740 pz. Wstępne testowanie starterów wykazało obecność ampikonów o podobnej długości ok. 800 pz u wybranych genotypów.

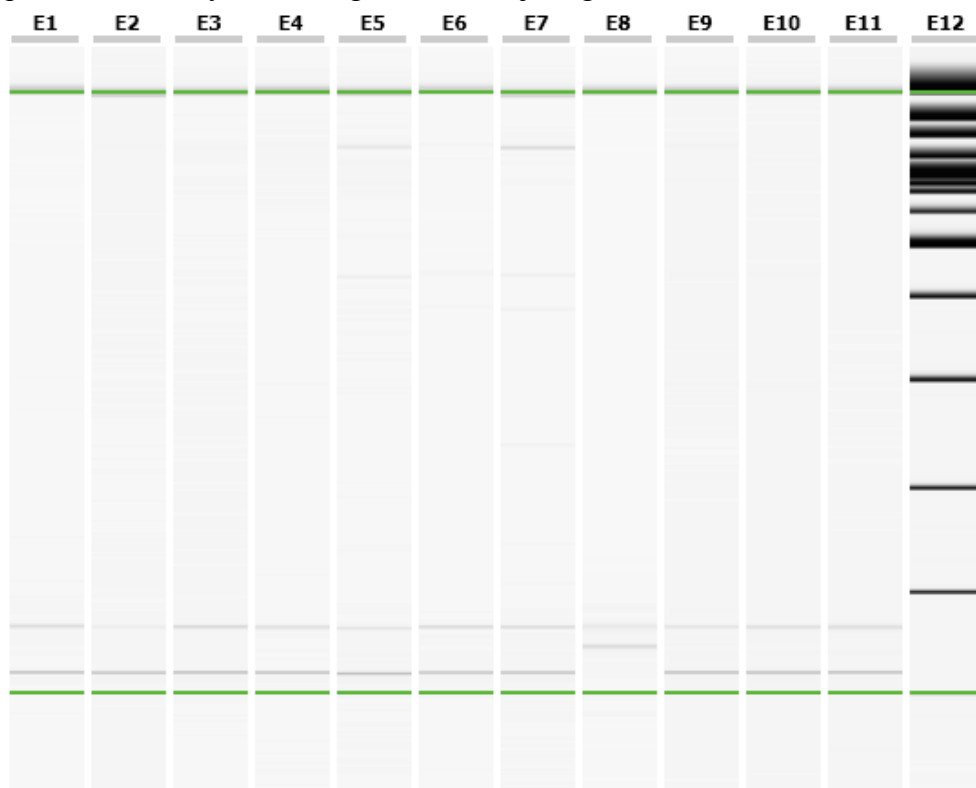


Startery TC76051.

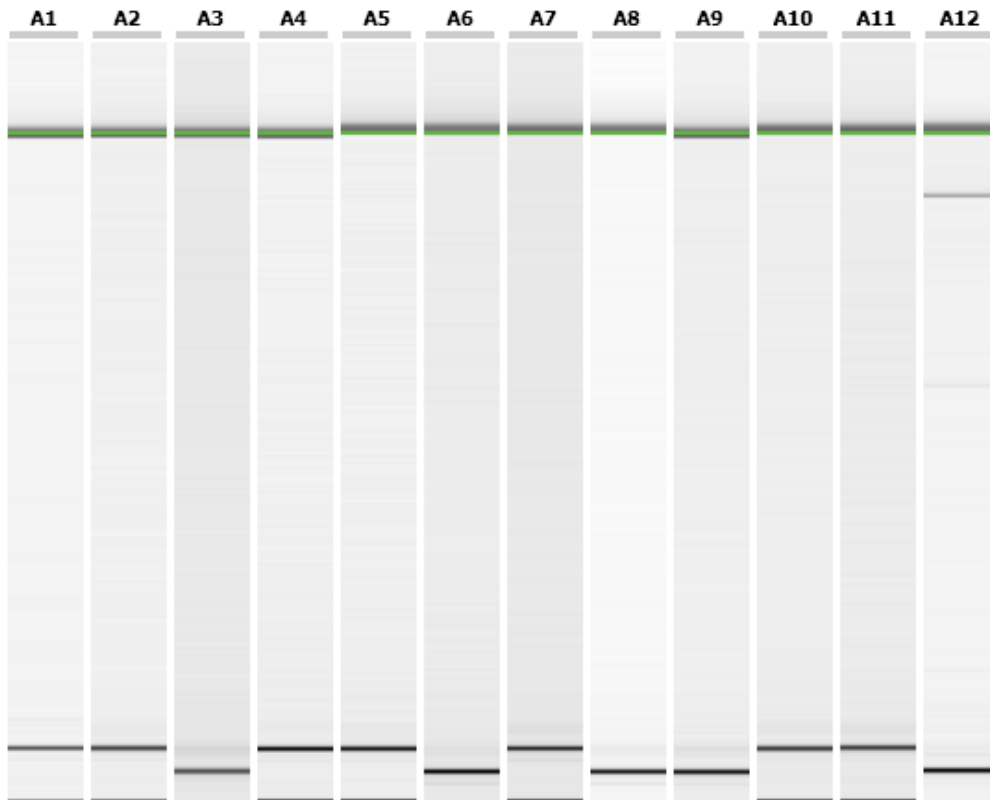
W przypadku tej pary starterów spodziewana długość ampikonu to 816 pz i fragmenty o takiej długości zostały powielane w trakcie reakcji.



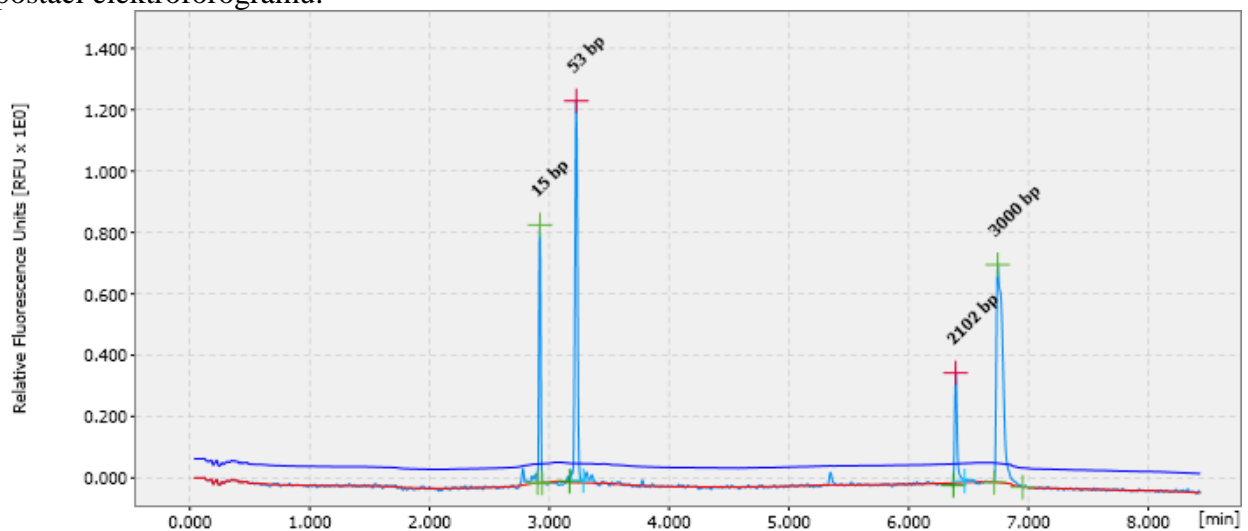
Startery TC77841 powinny umożliwić amplifikację fragmentu DNA sprzężonego z genem odporności na rdzę TC77841 o długości 506. Próbną reakcją łańcuchowej polimerazy nie pozwoliła na uzyskanie fragmentów o tej długości.

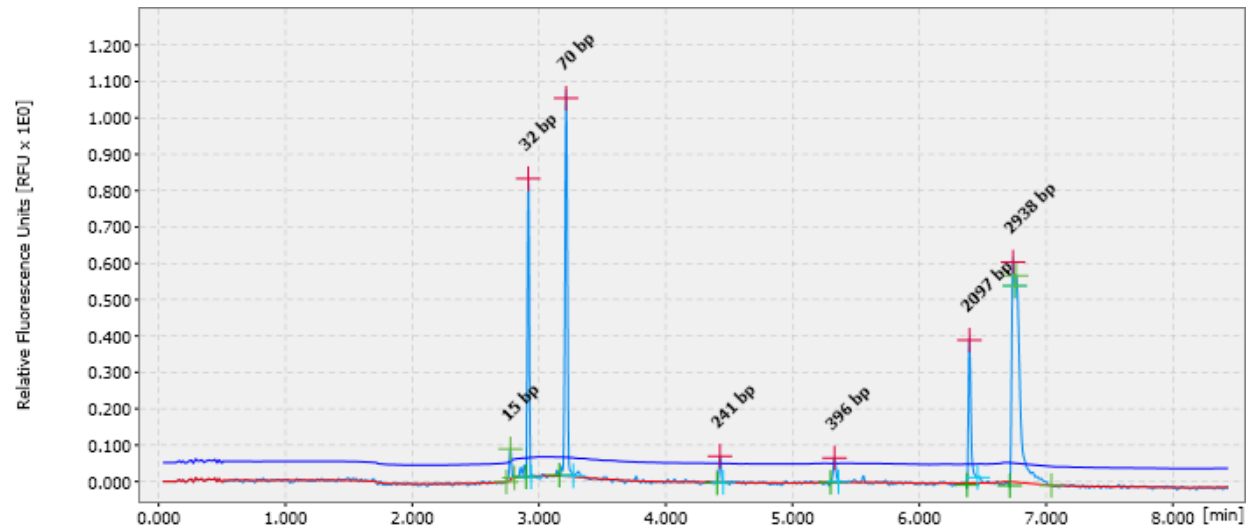
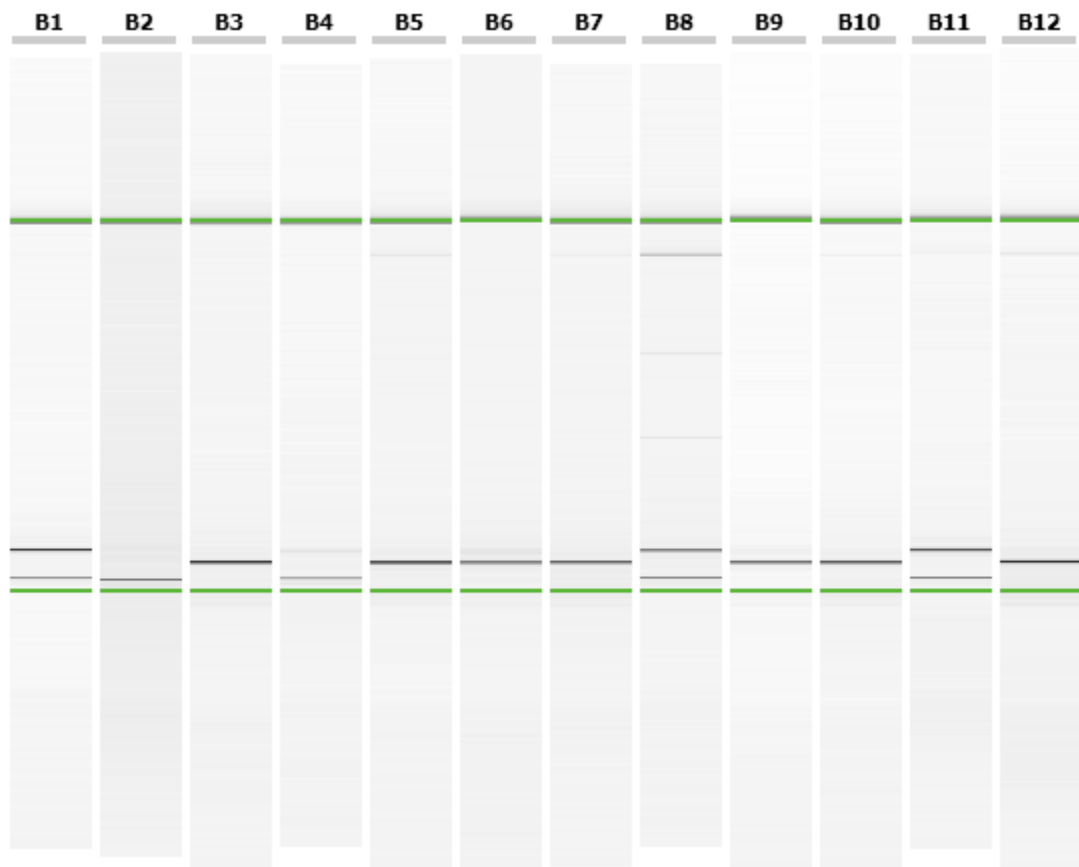


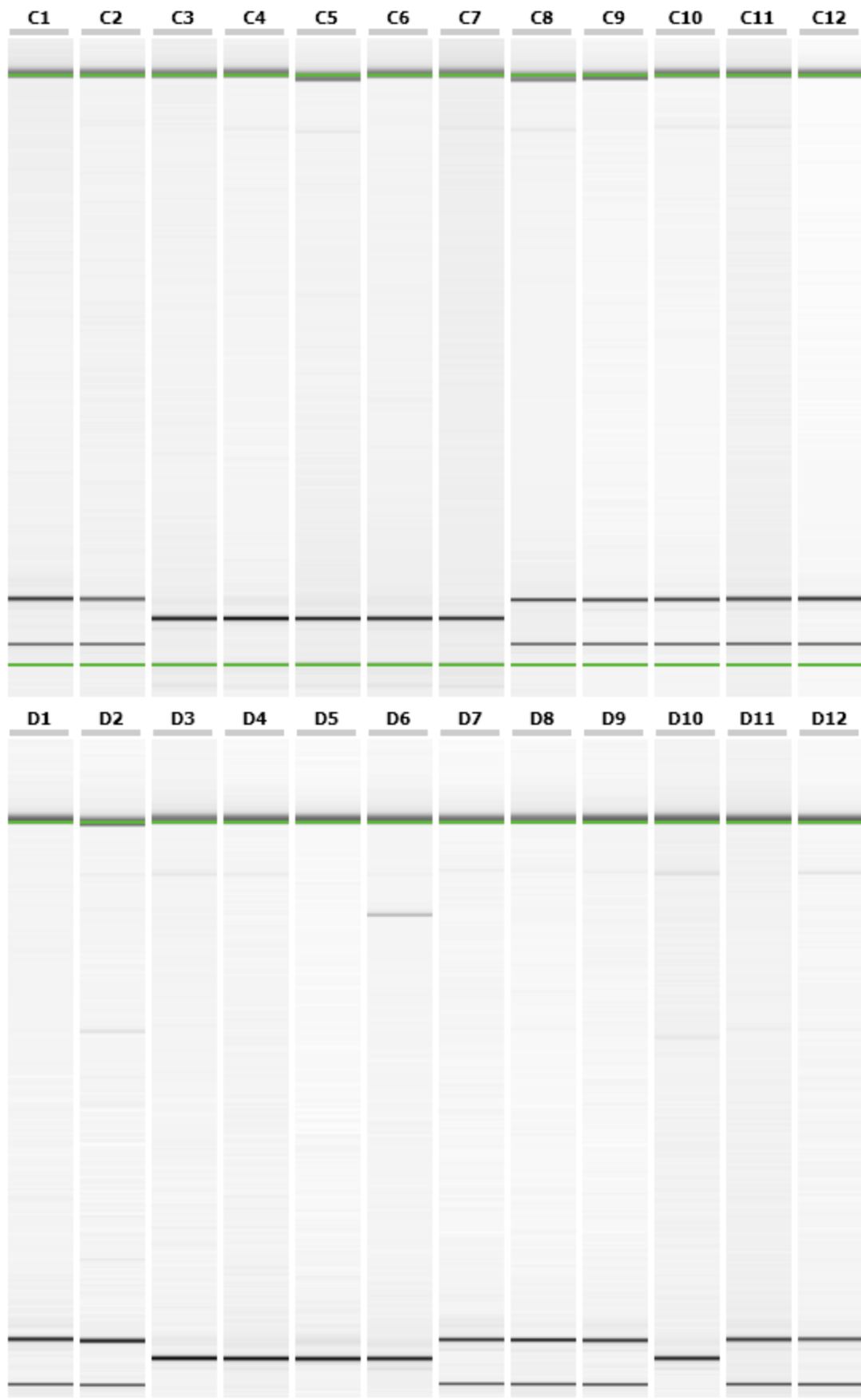
Wyniki amplifikacji DNA 77 linii żyta z wykorzystaniem starterów STS (Sequence Tagged Site) TC76051, oczekiwana wielkość amplikonu około 2100 pz. Marker o podanej wielkości powinien być sprzężony z jednym z genów odporności na rdzę brunatną.

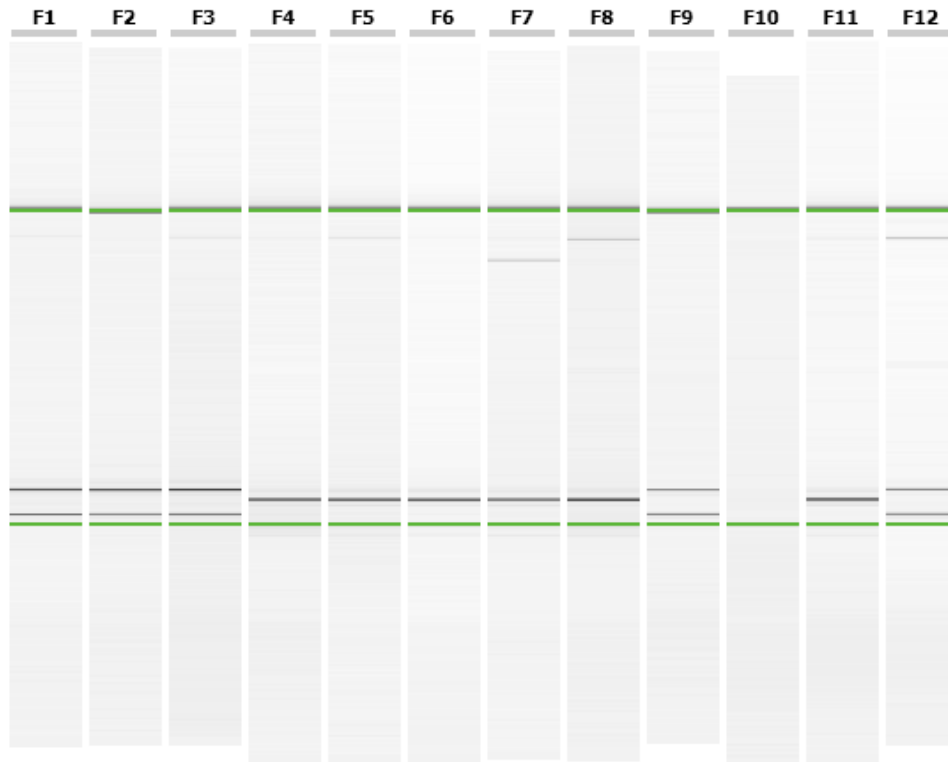
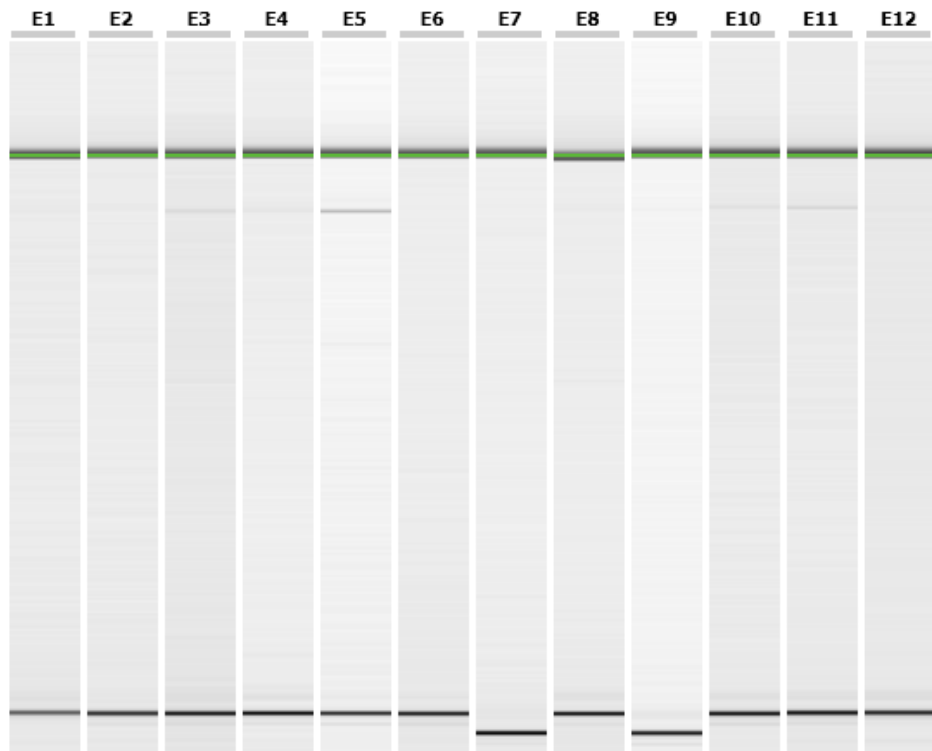


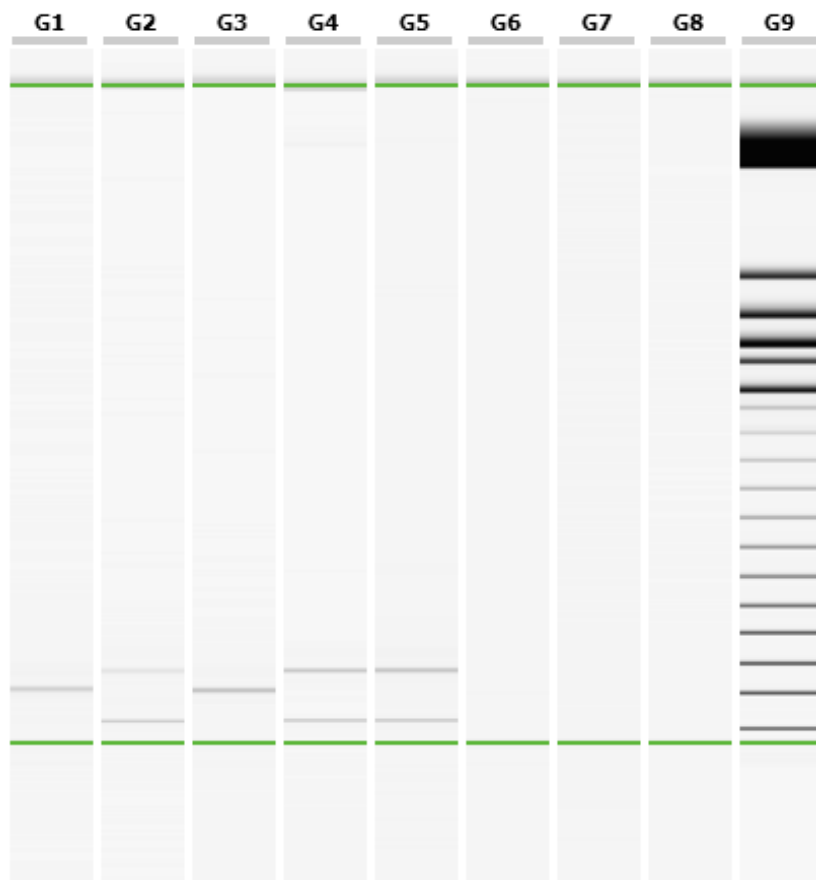
Przykładowy rozdział produktów amplifikacji DNA linii żyta CHD Ma 135 przedstawiony w postaci elektroforogramu.











Marker o oczekiwanej długości został zamplifikowany na matrycy DNA linii CHD Ma135, CHD Ma140, CHD Ma143, CHD Ma147, CHD Ma151, CHD Ma152, CHD Ma155, CHD Ma156, CHD Ma157, CHD Ma163, CHD Ma164, SOA Ma6, SOA Ma8, SOA Ma11, SOA Ma13, SOA Ma18, SOA Ma19, SOA Ma24, SOA Ma26, SOA Ma29, SOA Ma33. W kolejnych etapach badań analiza zostanie przeprowadzona na innych obiektach z wykorzystaniem starterów specyficznych do innych genów związanych z odpornością na rdzę brunatną.

7. Najważniejsze osiągnięcia.

- Wśród badanych ridów hodowlanych żyta nie stwierdzono występowania form całkowicie odpornych na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis*), jednak na uwagę jako źródło odporności, które nie będzie obniżało plonu i wartości cech użytkowych może zostać wykorzystany ród DC 945, który wykazał istotnie wyższą odporność od odmian wzorcowych.
- Wśród tej grupy testowanych genotypów przesłanych do badań przez hodowców wystąpiły takie, które wykazywały o wysoką odporność na mączniaka prawdziwego. W sumie było sześć takich genotypów: 2144C, 2138C, CHD Ma 133, CHD Ma 149 oraz linie wsobne 27a.3 i 27b.1, które mogą stanowić dobry materiał wyjściowy do wyprowadzania form odpornych na tego patogena.
- Wśród analizowanych genotypów żyta ozimego nie stwierdzono obecności żadnego z alleli genu odporności na mączniaka prawdziwego Pm3 genu. Użyte startery do siedmiu alleli tego locusa nie amplifikowały prążków o odpowiedniej długości u badanych form.

- Zgromadzono kolekcję linii posiadających geny odporności na mączniaka prawdziwego Pm, które posłużą w badaniach molekularnych, jako formy referencyjne, dla wykazania swoistości przeprowadzonych reakcji PCR.
- Użyte startery mikrosatelitarne SSR pozwoliły na wykazanie obecności genów odporności na rdzę brunatną Lr1 oraz Lrk 10 u niektórych z analizowanych genotypów żyta ozimego. Będą one mogły być użyte do weryfikacji tych genów w materiałach hodowlanych żyta ozimego.
- Otrzymano kilka nowych populacji żyta o poprawionej odporności, które mogą stanowić materiał wyjściowy do wyprowadzania linii i populacji odpornych na mączniaka prawdziwego.

8. Forma upowszechnienia wyników

Wyniki będą dostępne na specjalnej stronie internetowej Wydziału Przyrodniczo-Technologicznego Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, w zakładce Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa:

http://www.up.wroc.pl/uczelnia/9643/katedra_genetyki_hodowli_roslin_i_nasiennictwa.html

9. Wykaz prac opublikowanych w roku sprawozdawczym dot. danego tematu:

W bieżącym roku nie opublikowano prac będących wynikiem realizacji tematu. Zgromadzone wyniki będą stanowiły podstawę do ich opublikowania w następnych latach.

10. Wykaz prac złożonych do druku.

11. Przyczyny ewentualnych odstępstw od harmonogramu zapisanego w karcie realizacji tematu.

12. Informacja o wynikach współpracy naukowo-technicznej krajowej i z zagranicą (przy współpracy z zagranicą podać kraj, firmę, temat).

W realizacji tematu podjęto współpracę z stacjami hodowli, które prowadzą hodowlę twórczą odmian żyta. Materiały do badań pochodzą między innymi z Hodowli Roślin DANKO Sp. z o. o., Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o. oraz Hodowli Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR. Współpracujące jednostki dostarczają potrzebnych materiałów do badań, prowadzą obserwacje polowe oraz dostarczają potrzebnego inokulatu patogenów potrzebnego do sztucznej inokulacji i oceny podatności genotypów w warunkach szklarniowych.

13. W przypadku udziału w konferencjach, sympozjach, szkoleniach i warsztatach itp, w szczególności zagranicznych:

- a) cel i korzyści oraz stopień wykorzystania do realizacji zadania;
- b) w jaki sposób wyjazd podniósł wartość merytoryczną realizowanego zadania.

W bieżącym roku wykonawcy projektu brali udział w dwóch konferencjach naukowych:

- Konferencja Naukowa Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych, Zakopane, 7 -11.02.2011 r.
- XI Międzynarodowe Sympozjum „Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych”, Kudowa Zdrój 14-16.06.2011 r.

na których przedstawiono referat oraz dwie prace w formie referatu wykorzystując w nich między innymi wyniki uzyskane w trakcie realizacji projektu badawczego.

Dopierała P., Bujak H. 2011. Hodowla odmian mieszańcowych żyta- referat

Bujak H., Latusek A. 2011. Ocena stabilności plonowania odmian rzepaku ozimego w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych Dolnego Śląska na podstawie doświadczeń porejestrowych – poster

Bujak H., Latusek A., Nowosad K., Weber R. 2011. Wykorzystanie metod parametrycznych i nieparametrycznych do oceny stabilności plonowania odmian żyta ozimego - poster

dr hab. prof. nadzw. Henryk Bujak

Wrocław, 12.01.2012 r.

Data

Podpis kierownika tematu