DZIEŃ DOKTORANTA

19.04.2017

KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW

Spis treści:

Ogrodnictwo i Architektura Krajobrazu

Maciej Łepkowski....4
Krzysztof Kołątaj....5
Piotr Kozłowski....6
Ryszard Nejman....7
Agnieszka Stasiak....9
Daria Szarejko....10
Hanna Szumilas....11
Paulina Świderska....12

Biotechnologia

Anna Barczak-Brzyżek....14
Maciej Jerzy Bernacki....15
Błażej Betliński....16
Ewa Borzęcka....17
Mateusz Matuszkiewicz....18
Agnieszka Skarzyńska....19
Katarzyna Tofil....20

OGRODNICTWO I ARCHITEKTURA KRAJOBRAZU

Autor: Maciej Łepkowski
Opiekun naukowy: dr hab. Beata Gawryszewska
Jednostka: Katedra Sztuki Krajobrazu

Czwarta natura w krajobrazie miasta. Potencjały nieużytków miejskich Warszawy.

W ostatnich latach można zaobserwować wzrost znaczenia jakie mieszkańcy przypisują nie zagospodarowanym przestrzeniom zieleni miejskiej. Mieszkańcy deklarują , że “dzikość” i “naturalność” jest jedną z istotnych i preferowanych cech. Potwierdziły to wyniki badań pilotażowych prowadzonych w oparciu o metodę Scenic Beauty Estimation (Nejman, Łepkowski, Wilczyńska, 2016). “Dzikość” i „naturalność” rozumiana jest tu jako niekontrolowany proces naturalnej sukcesji na terenach silnie zmodyfikowanych oraz pozostających pod intensywnym wpływem człowieka. W ostatnim czasie tereny tego typu zostały zaliczone do tzw. *novel ecosystem* (Marris, 2009). Cechą szczególną tych ekosystemów jest ich ścisłe powiązanie z działalnością człowieka przy równoczesnym braku zarządzania dlatego określa się je pojęciem czwartej natury (Ingo Kowarik, 2011). W miastach są to głównie obszary powszechnie określane jako nieużytki, które często wykorzystywane są jako nieformalne tereny wypoczynku (Trzaskowska, 2008). Przekształcenia nieurządzonych czy wręcz zdegradowanych terenów zieleni w parki w oparciu o koncepcję *novel ecosystem* jest trendem coraz bardziej powszechnym na świecie (Sack, 2013). Jednak stosunkowo mało uwagi poświęca się nieformalnym i oddolnym sposobom użytkowania takich terenów.

Badania właściwe rozprawy doktorskiej prowadzone są w oparciu o projekt realizowany wspólnie z Zarządem Zieleni Miejskiej Miasta st. Warszawy pt. „Inwentaryzacja i waloryzacja wybranych terenów zdegradowanych i zanieczyszczonych – potencjał przyrodniczy i społeczny nieużytków”. Celem projektu jest określenie potencjału przyrodniczo – społecznego 35 nieużytków warszawskich, przeznaczonych w dokumentach planistycznych na tereny zieleni urządzonej. W swoich badaniach skupiam się na określeniu korelacji pomiędzy strukturą roślinności, artefaktami kulturowymi i sposobami użytkowania badanych terenów. Badania prowadzone są w oparciu o metody Visual Employment Photography, wywiady otwarte, fotografie socjologiczną oraz badania stadium sukcesji i zwarcia struktury roślinności.

Wyniki badań posłużą do opracowania scenariuszy rozwoju przekształcania nieużytków w oficjalne tereny zieleni urządzonej. Dzięki prowadzonym badaniom proces przekształcania pozwoli zachować maksymalnie dużo z ich obecnego potencjału społecznego i przyrodniczego a zarazem rozwijać parki miejskie nowej jakości, spełniające inne funkcje i realizujące inne potrzeby mieszkańców Warszawy.

Bibliografia:

Kowarik, I. (2011), Novel urban ecosystems, biodiversity and conservation. Environmental Pollution 159: 1974-1983

Łepkowski M., Nejman R., Wilczyńska A. (2016), The role of green urban wastelands in 3rd place creation. Challenge for urban policy in Poland, 5th Fábos Conference on Landscape and Greenway Planning, Budapest, Hungary, 30 June - 3 July, 2016

Marris E., (2009), Ragamuffin Earth, NATURE|Vol 460 Vol 460||23 July 2009, http://www.nature.com/news/2009/090722/pdf/460450a.pdf, dostęp: 10.05.2016

Sack C., (2013) Landscape architecture and novel ecosystems: ecological restoration in an expanded field, http://www.ecologicalprocesses.com/content/2/1/35 , dostęp: 11.05.2016

Trzaskowska, E. (2008). Wykorzystanie zbiorowisk synantropijnych jako miejsc spontanicznego wypoczynku w miastach, w Nauka Przyroda Technologia, Tom 2, Zeszyt 4, Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Poznań.izualnych dla różnych typów inwestycji związanych z pozyskiwanie energii ze źródeł odnawialnych.

4

Autor: Krzysztof Kołątaj
Opiekun naukowy: Dr hab. Mariusz Lewandowski
Jednostka: Samodzielny Zakład Entomologii Stosowanej

Specjalizacja pokarmowa podskórników z rodzaju *Eriophyes* (Acari:Eriophyoidea) zasiedlających roślinyzrodzinyróżowatych (Rosaceae).

Podskórniki (*Eriophyes* sp.) należą do nadrodziny szpecieli (Eriophyoidea) wchodzącej w skład podgromady roztoczy (Acari). Są to organizmy bardzo niewielkich, niemalże mikroskopijnych rozmiarów. Podobnie jak pozostali przedstawiciele nadrodziny szpecieli są obligatoryjnymi fitofagami. Występują na roślinach z rodziny różowatych (Rosaceae) takich jak m. in. jabłoń oraz grusza i zaliczane są do istotnych szkodników upraw sadowniczych. Objawem porażenia roślin przez podskórniki są drobne pęcherzykowate galasy obecne na liściach oraz zawiązkach kwiatów. Wewnątrz tych galasów zachodzi cały rozwój osobniczy tych organizmów, natomiast zimowanie odbywa się pod łuskami pąków. Podskórniki mogą uszkadzać także skórkę owoców, powodując na niej przebarwienia i skorkowacenia podobne do objawów parcha jabłoni (*Venturia inaequalis*). Ze względu na fakt, iż szkodniki te rzadko pojawiają się na powierzchni roślin, są trudne do zwalczenia przy zastosowaniu konwencjonalnych metod ochrony upraw.

Pomimo tego, iż w dotychczasowej literaturze podskórniki zasiedlające poszczególne gatunki roślin są przedstawiane, jako osobne gatunki, istnieją jednak wątpliwości odnośnie ich przynależności taksonomicznej. Część naukowców przypuszcza, że ze względu na liczne podobieństwa morfologiczne mogą one w rzeczywistości stanowić jeden gatunek. Ponadto, jest to takson o słabo poznanej biologii, co zdecydowanie utrudnia prowadzenie badań nad ich szkodliwością oraz rolą w przenoszeniu wirusów roślin. W związku z powyższym celem niniejszej pracy jest sprawdzenie na poziomie molekularnym oraz morfologicznym, czy podskórniki zasiedlające poszczególne gatunki roślin należą do tego samego, czy do odrębnych, blisko spokrewnionych ze sobą gatunków. Ponadto praca ma również na celu określenie specyficzności pokarmowej, a także parametrów zasiedlenia roślin różnych roślin żywicielskich.

W celu określenia genetycznego zróżnicowania populacji podskórników występujących na różnych gatunkach roślin wykorzystano sekwencje fragmentów COI (genu kodującego I podjednostkę oksydazy cytochromowej). Sekwencje te charakteryzują się dużą homogenicznościa w obrębie gatunków i wysokim zróżnicowaniem międzygatunkowym, dzięki czemu mogą być z powodzeniem wykorzystywane do rozróżniania populacji na poziomie gatunkowym. Dokonywane równocześnie pomiary morfometryczne osobników z różnych populacji pozwolą sprawdzić w obrębie, jakich cech morfologicznych występują istotne różnice, na podstawie, których możliwe byłoby stwierdzenie potencjalnej odrębności gatunkowej podskórników zasiedlających poszczególne rośliny. Określenie parametrów zasiedlenia umożliwi z kolei oszacowanie częstości występowania podskórników, a co za tym idzie skali potencjalnego zagrożenia dla upraw drzew owocowych wynikającego z żerowania tych szkodników.

Autor: Piotr Kozłowski
Opiekun naukowy: Prof. dr hab. Anna Tomczyk
Jednostka: samodzielny Zakład Entomologii Stosowanej

Mączlik warzywny (Aleyrodes proletella L.) jako nowy szkodnik warzyw kapustnych w Polsce: biologia, morfologia, ekologia oraz interakcje z roślinami żywicielskimi i wrogami naturalnymi.

Poważnym szkodnikiem roślin kapustnych, w ostatnich latach, stał się pluskwiak z rodziny Aleyrodidae – *Aleyrodes proletella* L. (polska nazwa – mączlik kapustny lub mączlik warzywny). *A. proletella* występuje także w innych krajach Europy oraz na terenie Ameryki Północnej i Południowej a nawet w Australii. Szkodnik ten wyraźnie preferuje rośliny z rodziny Brassicaceae. W okresie ostatnich trzech lat szkodnik ten dziesiątkuje uprawy warzyw kapustnych na Mazowszu, Kujawach i w województwie Łódzkim.

Celem badań było określenie preferowanych przez mączlika gatunków roślin kapustnych, określenie cyklu rozwojowego szkodnika w warunkach Polski Centralnej oraz sprawdzenie wybranych parametrów demograficznych szkodnika w warunkach kontrolowanych.

Ustalono, że spośród siedmiu badanych gatunków roślin kapustnych: kapusty białej, kapusty czerwonej, kapusty włoskiej, jarmużu, kalarepy, brokułu oraz kapusty brukselskiej mączlik kapustny najchętniej zasiedla kapustę włoską, jarmuż i kapustę brukselską, natomiast kapusta czerwona prawie nie jest atakowana przez szkodnika. W uprawie kapusty brukselskiej i włoskiej liczne populacje mączlika warzywnego spowalniają proces zawiązywania główek. Mała średnica główek kapusty brukselskiej i włoskiej oraz zanieczyszczenia powodowane obecnością szkodnika na roślinie dyskwalifikują uzyskany plon w obrocie handlowym. Z przeprowadzonych badań wynika, że zimują osobniki dorosłe na obrzeżach plantacji, na roślinach zielnych takich jak: glistnik jaskółcze ziele, babka zwyczajna, wilczomlecz, gorczyca polna oraz na uprawach rzepaku ozimego. Pierwsze pokolenie szkodnika rozwija się na początku kwietnia w miejscach zimowania. Szkodnik zwykle przelatuje na plantacje roślin kapustnych na przełomie maja i czerwca. Jesienią, w połowie października osobniki dorosłe przelatują na rośliny zielne. W uprawie kapusty brukselskiej i kapusty włoskiej zaobserwowano rozwój pięciu pokoleń szkodnika. Najliczniejsze populacje mączlika obserwowano w 3 i 4 pokoleniu. Zagęszczenie szkodnika przekraczało wówczas nawet 300 osobników na liść.

Autor: Ryszard Nejman
Opiekun naukowy:dr hab. Beata Joanna Gawryszewska
Jednostka: Katedra Sztuki Krajobrazu

Idea Miasta Kreatywnego jako stymulanta rozwoju krajobrazu miejskich obszarów funkcjonalnych miast średniej wielkości w Polsce.

Jak pokazują liczne opracowania (Kotarski, 2014), (Ciołek, 2015) rozwój regionalny Polski na poziomie podregionów odbywa się nierównomiernie czego obrazem jest nasilająca się migracja ludności do kilku największych ośrodków miejskich w kraju. W roku 2015 problemem depopulacji dotkniętych było aż 65% Miejskich Obszarów Funkcjonalnych (w skrócie MOF) opisanych w Koncepcji Zagospodarowania Kraju do roku 2033 jako bieguny wzrostu a więc mających pełnić rolę „lokomotyw rozwojowych" dla swoich podregionów (Śleszyński, 2016). Znaczący wzrost liczby ludności występował jedynie w przypadku MOF Warszawy, Trójmiasta, Poznania, Wrocławia, Krakowa i w mniejszym stopniu Rzeszowa. Trend ten stoi w sprzeczności z polityką spójności Unii Europejskiej oraz powoduje szereg negatywnych konsekwencji na poziomie regionalnym jak efekt wymywania kapitału ludzkiego (Śleszyński, 2015). Sytuacja ta wymaga znalezienia nowej stymulanty rozwojowej która wpłynie pozytywnie na wieloaspektowy rozwój mniejszych ośrodków. W dobie rosnącej roli jaką w postrzeganiu atrakcyjności miast zaczyna pełnić jakość życia, coraz większe znaczenie w rozwoju obszarów miejskich zaczynają odgrywać aspekty krajobrazowe (Kubicki, Zając 2014) (Pirowski, 2014) które mogą stanowić punkt wyjścia do wzmocnienia potencjału miejsca.

Charles Landry oraz Richard Florida , opracowując założenia teorii miasta kreatywnego zwracali uwagę na stopniowy spadek znaczenia wielkości miasta dla jego rozwoju. Uważali oni iż przyszłą miarą potencjału rozwojowego miasta będzie jego potencjał kreatywny rozumiany jako atrakcyjność do zamieszkania, i realizowania „przemysłów kreatywnych" dające się opisać zestawem czynników który Charles Landry nazwał „Creative City Index". Kluczowym z pośród nich jest obecność tzw. miejsc trzecich (Oldenburg, 1991) czyli miejsc nie będących domem ani miejscem pracy gdzie ludzie spędzają swój wolny czas, integrują się i czują swobodnie. Miejsca takie sprzyjają kreatywności. Krajowa Polityka Miejska także dostrzega rolę miejsc trzecich w budowaniu potencjału miasta utożsamiając je z przestrzenią publiczną oraz usługami wolnego czasu obecnymi w centrach miast (co stanowi jednak spore ograniczenie tego pojęcia). Innym typem miejsc trzecich są tereny zieleni, od typowych parków, poprzez tereny otwarte aż po nieużytki (Łepkowski, Nejman, Wilczyńska, Gawryszewska, 2016) przy czym każda z tych form charakteryzuje się inną grupą użytkowników. Odpowiednia ilość i jakość miejsc trzecich w połączeniu ze spełnieniem pozostałych czynników ujętych w „Creative City Index" może więc teoretycznie wytworzyć w mieście potencjał kreatywny który z kolei pobudzi rozwój lokalny.

Aby zbadać na ile potencjał kreatywny ma realny wpływ na rozwój Polskich miast średniej wielkości oraz w jakich miastach ma on szansę naprawdę zaistnieć na wybranej próbie 20 reprezentatywnych ośrodków miejskich nie-metropolitalnych (wybranych na podstawie kryteriów demograficznych, administracyjnych i ich powiązań funkcjonalnych) przeprowadzane są analizy zestawiające poszczególne czynniki ujęte w zestawieniu „Creative City Index" z klasycznymi wskaźnikami rozwoju miast (takimi jak m.in. dochody budżetowe gmin, stopa bezrobocia, saldo migracji, liczba studentów), a także z ich układem kompozycyjnym, przestrzennym, krajobrazem oraz przeszłością historyczną. Znalezienie powiązań pomiędzy tymi czynnikami pozwoli zdefiniować czy i w których miastach rozwój w oparciu o elementy idei miasta kreatywnego może zaistnieć

Bibliografia

- BRODZICKI T., CIOŁEK D. (2015), *Territorial capital and Polish regional development. A neoclassical approach*, Institute for Development Working Papers no. 11/2015.
- FLORIDA, R. (2002*). The Raise of Creative Class; And How It's Transforming Work, Leisure and Everyday Life,* New York, Basic Books.
- KOTARSKI H, 2008, Egzogenne i endogenne czynniki rozwoju regionalnego. Podkarpacie na tle polskich regionów, (w:) Regionalny wymiar procesów transformacyjnych, red. A. Tuziak, B. Tuziak, Warszawa, s. 107-121
- KUBICKI P., ZAJĄC A.P. (2014) *Miasto do życia,* Instytut Obywatelski, Warszawa
- LANDRY CH. (1995). *The Creative City: A Toolkit for Urban Innovators*, Routlege
- MINISTERSTWO ROZWOJU REGIONALNEGO, 2009 *Identyfikacja i delimitacja obszarów problemowych i strategicznej interwencji w Polsce*, Warszawa
- MINISTERSTWO ROZWOJU REGIONALNEGO, 2012 *Koncepcja Zagospodarowania Kraju do roku 2033,* Warszawa
- OLDENBURG R., (1991*). The Great Good Place*, Marlowe &Company; New York:
- PIROWSKI A. (2014) *Zielona infrastruktura w największych miastach europejskich – porównanie i ocena potencjału*, Warszawa
- ŚLESZYŃSKI P. (2015) *Kierunki i zróżnicowania przestrzenno-funkcjonalne współczesnych migracji wewnętrznych i zagranicznych w Polsce,* Konferencja Migracje w XXI wieku – wybór, konieczność czy przymus?. Łagów
- ŚLESZYŃSKI P. (2016) *Aktywizacja średnich miast tracących funkcje,* Konsultacje Społeczne Strategii na rzecz Odpowiedzialnego Rozwoju, Rzeszów

Autor: Agnieszka Stasiak
Opiekun naukowy: dr hab. inż. Piotr Latocha
Jednostka: Katedra Ochrony Środowiska

Biologia kwitnienia i zapylania oraz jej wpływ na produkcję owoców wysokiej jakości aktinidii ostrolistnej (*Actinidia arguta*).

Aktinidia ostrolistna (*Actinidia arguta*) jest wieloletnim dwupiennym pnączem pochodzącym z Azji Wschodniej. Ze względu na atrakcyjne owoce o wysokich walorach zdrowotnych oraz mrozoodporność do -30°C, jej uprawa staje się coraz bardziej popularna również w wielu krajach na świecie, w tym także w Europie. Owoce aktinidii ostrolistnej, zwane kiwiberry lub mini kiwi, podobnie jak aktinidii smakowitej (*A. deliciosa* - kiwi), są traktowane przede wszystkim jako owoce deserowe, wobec których stawiane są wysokie wymagania jakościowe. Jednym z kluczowych aspektów produkcji pozwalającym na spełnienie wymogów konsumenckich jest skuteczne zapylanie, jednak dwupienność tego gatunku stawia przed producentami trudne zadanie. Celem badań jest jak najlepsze poznanie biologii kwitnienia, procesu zapylania i zapładniania oraz ich wpływu na jakość owoców zarówno pod kątem morfologicznym jak i zawartości związków prozdrowotnych. W ramach planowanych badań przeprowadzona zostanie analiza porównawcza jakości obecnie uprawianych odmian męskich 'Weiki', 'Nostino' oraz klonów niezarejestrowanych jako odmiany m.in. Rubi, Rot, F7. Oceniony zostanie ich potencjał kwiatonośny, ilość i jakość dostarczanego pyłku, atrakcyjność dla owadów zapylających. Ponadto badana będzie ich interakcja z trzema podstawowymi odmianami żeńskimi 'Weiki', 'Geneva', 'Bingo', od kiełkowania pyłku na znamionach słupka po sprawdzenie jakości owoców uzyskanych w warunkach kontrolowanego zapylenia. Planowane jest również wyznaczenie długości okresu efektywnego zapylenia oraz analiza pozornie obupłciowych kwiatów żeńskich pod kątem zainteresowania nimi owadów zapylających. Dodatkowo ocenie poddany zostanie zabieg wspomagania zapylania pyłkiem *A. deliciosa.* Doświadczenia są prowadzone na komercyjnej plantacji *A. arguta* założonej w 2011 roku oraz w ogrodzie kolekcyjnym aktinidii należącym do Katedry Ochrony Środowiska, WOBiAK SGGW. Uzyskane wyniki badań będą miały charakter zarówno poznawczy jak i aplikacyjny. Celem praktycznym badań jest wytypowanie najlepszej odmiany męskiej oraz wyznaczenie optymalnych warunków zapylenia i zapłodnienia kwiatów żeńskich.

Autor: Daria Szarejko
Opiekun naukowy: dr hab. Jeremi Królikowski
Jednostka: Katedra Sztuki Krajobrazu

Identyfikacja języka wzorców przestrzennych architektury krajobrazu we wschodniej dolinie rzeki Supraśl na Podlasiu.

Badając krajobraz kulturowy, problemem jest brak narzędzi, metod umożliwiających analizę krajobrazu jako zintegrowanej całości, relacji przestrzennych takich elementów, jak natura, kultura i człowiek. Identyfikując wzorce i wartości, które należy chronić i cenić, odkrywamy tożsamość miejsca, co jest niezwykle ważne dla procesu zacieśniania więzi. Umiejętnie odczytane w krajobrazie elementy przestrzeni tworzące język wzorców, mogą pomóc w zarządzaniu krajobrazami takimi jak Podlaskie wsie, które z czasem utracą swoistą tożsamość. Dlatego postawiono tezę, że można odczytać w krajobrazie elementy przestrzeni tworzące język wzorców określający swoistą tożsamość wschodniej doliny rzeki Supraśl. Problemem badawczym jest identyfikacja wzorców szesnastu wsi w gminie Gródek w Województwie Podlaskim, które można nazwać Małą Ojczyzną ze względu na wyjątkowe więzi między mieszkańcami wynikające z umiejscowienia w krajobrazie, wyznania, historii i przynależności do pogranicza kulturowego. Teren badań jest przykładem wielkoprzestrzennej kompozycji ruralistycznej, której centrum jest rzeka Supraśl. Krajobraz był świadkiem wielu ważnych historycznych wydarzeń zarówno w skali Polski, jak i Europy - tędy wytyczony był trakt Napoleoński, toczono bitwy postania Kościuszkowskiego, podróżowali królowie, nie ominęły tego terenu też tragiczne wydarzenia II wojny światowej. Badania dotyczą wsi: Królowy Most, Downiewo, Przechody, Kołodno, Sofipol, Nowosiółki, Borki, Załuki, Podzałuki, Radunin, Waliły, Waliły Dwór, Słuczanka, Królowe,Stojło,Pieszczaniki,Popówka.

Już w XIX w. Oskar Sosnowski mówił o rozwijaniu kultury i architektury nie przez powielanie wzorców, ale czerpanie z nich stosując dobra czasów współczesnych, nowych technologii zgodnie z potrzebami. Jednak aby odróżnić prawidłowe rozwiązania od tych nieprawidłowych niezbędna jest znajomość formy. Dla porządku badań i zbierania materiałów dokonano pogrupowania materiału na cztery kategorie wzorca:

1. Krajobraz: wieś i krajobraz to figura i tło.
2. Układ: architektura, proporcje, detal. Piękno tkwi w proporcjach, krzywiznach, kształtach.
3. Ogrody: krajobraz kulturowy nie jest od razu czytelny, jednorodny. Zawiera się czasem w takich detalach, jak klomb przed chatą czy bez przy piwniczce ziemnej.
4. Społeczność: krajobraz kulturowy wsi jest odzwierciedleniem duchowości jej mieszkańców, która kształtuje się poprzez kontakt z naturą, religią i cyklem życia codziennego.

Małe Ojczyzny są bardzo ważna składową dziedzictwa nie tylko polskiego czy europejskiego, ale wszystkich ludów Ziemi. Odpowiednio chronione i kreowane przynoszą dumę z tradycji. Uświadomienie w przynależności do takiej sfery, świadomość takiej kategorii jest kluczem do dobrobytu społeczeństwa. Wedle Europejskiej Konwencji Krajobrazowej ochrona, gospodarowanie i planowanie krajobrazem jest obowiązkiem każdego człowieka. Niniejsza praca, której wynikiem będzie katalog: „Język wzorców architektury krajobrazu wschodniej doliny rzeki Supraśl" wspomoże nie tylko nowych, jak i starych mieszkańców, ale przede wszystkim władze gminy w dążeniach do ochrony krajobrazu kulturowego - w tym tworzeniu zapisów Miejscowego Planu Zagospodarowania Przestrzennego.

Autor: Hanna Szumilas
Opiekun naukowy: dr hab. inż. arch kraj. Marek Szumański
Opiekun pomocniczy: dr Inż. Renata Giedych
Jednostka: Katedra Architektury Krajobrazu

Ocena oddziaływania wizualnego obiektów energetyki odnawialnej w planowaniu miejscowym.

Obiekty energetyki odnawialnej uznawane są za zmieniające fizjonomię krajobrazu w miejscach w których zostały zlokalizowane. Niejednokrotnie ze względu na skalę zmian jakie wprowadzają, instalacje OZE stają się nowymi dominantami krajobrazowymi widocznymi ze znacznych odległości. Do obiektów takich zaliczyć możemy na przykład elektrownie i farmy wiatrowe, farmy fotowoltaiczne, uprawy roślin energetycznych, elektrownie wodne i geotermalne oraz związaną z nimi infrastrukturę techniczną. Zgodnie z przyjętym celem Unii Europejskiej aby do 2020 roku we wszystkich krajach Wspólnoty 20% zużywanej energii elektrycznej pochodziła z zasobów odnawialnych, ilość obiektów OZE w Polsce stale wzrasta a kolejne instalacje lokalizowane są w nowych miejscach.

Ocena oddziaływania wizualnego planowanych obiektów lub przewidywanych funkcji dla danego obszaru powinna stanowić zarówno część procedury oceny oddziaływania na środowisko jak i procedury strategicznej oceny oddziaływania na środowisko wg wytycznych dotyczących OOŚ i SOOŚ przygotowanych 2001 roku przez Komisje Europejską. Zgodnie z Rozporządzeniem Rady Ministrów z dnia 9 listopada 2010 r w sprawie przedsięwzięć mogących znacząco oddziaływać na środowisko, nie dla wszystkich obiektów energetyki odnawialnej istnieje konieczność przeprowadzenia procedur oceny oddziaływania na środowisko. W związku z tym wiele planowanych obiektów OZE oraz obszarów przeznaczanych pod tego typu inwestycje nie jest ocenianych pod kątem oddziaływania na środowisko a tym samym na walory wizualne krajobrazu.

Celem pracy jest wskazanie dla jakich inwestycji oceny oddziaływania wizualnego powinny być wymagane w procedurze OOŚ i SOOŚ oraz wskazanie rodzajów oddziaływań na fizjonomię krajobrazu inwestycji OZE (w tym: oddziaływania bezpośrednie, pośrednie, wtórne, skumulowane, krótkoterminowe, średnioterminowe i długoterminowe, stałe i chwilowe, pozytywne i negatywne związane zarówno z etapem planowania, budowy, eksploatacji jak i likwidacji OZE). Celem badań jest również ocena przydatności metod i technik stosowanych w analizach wizualnych dla identyfikacji, prognozowania i oceny oddziaływań wizualnych różnych inwestycji OZE.

Badania zostały podzielone na trzy kolejne etapy. W pierwszym etapie, w celu wskazania dla jakich inwestycji oceny oddziaływania wizualnego powinny być wykonywane przeprowadzone zostały dotychczas: kwerenda prawna przepisów odnoszących się do energii odnawialnej w kraju i za granicą oraz kwerenda prawna przepisów będących instrumentami ochrony krajobrazu w związku z inwestycjami OZE. Na tej podstawie opracowany został wstępny katalog zasad lokowania obiektów OZE. W ramach tego etapu przeprowadzona została również analiza dokumentów planistycznych zawierających informacje o planowanych obiektach elektrowni wiatrowych na przykładzie Województwa Mazowieckiego. Przeprowadzone zostały również badania terenowe i kameralne, które wskazały na istniejący problem identyfikacją istniejących obiektów energetyki wiatrowej oraz uprawami roślin energetycznych. W kolejnym etapie zbadane zostaną rodzaje oddziaływań na fizjonomię krajobrazu przez obiekty OZE oraz oszacowany zostanie wpływ każdego obiektu na fizjonomię krajobrazu w oparciu o istniejące publikacje, metody macierzowe i symulacyjne. Rezultatem tej części pracy będzie katalog potencjalnych skutków fizjonomicznych. Ostatnim etapem pracy będzie zbadanie w wybranych poligonach badawczych przydatności różnych metod i technik stosowanych w analizach wizualnych dla różnych typów inwestycji związanych z pozyskiwanie energii ze źródeł odnawialnych.

Autor: Paulina Świderska
Opiekun naukowy: prof. dr hab. Janina Gajc-Wolska
Opiekun pomocniczy: dr Anna Pawelczak
Jednostka: Katedra Roślin Warzywnych i Leczniczych

Endofity w kulturach *in vitro* chrzanu.

Chrzan pospolity (*Armoracia rusticana* Gaertn.), wieloletnia roślina należąca do kapustowatych (*Brassicaceae*) jest jednym z najwartościowszych pod względem odżywczym warzyw. O wartości chrzanu decyduje wysoka zawartość witamin, soli mineralnych, a także substancji oddziałujących bakteriobójczo i bakteriostatycznie, które nadają mu właściwości przyprawowe. Roślina ta kwitnie intensywnie od maja do lipca, jednak nie zawiązuje żywotnych nasion. Dlatego jest rozmnażana wyłącznie wegetatywnie, poprzez sadzonki korzeniowe. Z tym sposobem rozmnażania wiąże się ryzyko przenoszenia patogenów. W uprawach chrzanu największy problem stanowią choroby wirusowe, które znacznie obniżają plon i jego jakość. Dlatego już w latach 70-tych XX wieku podjęto pierwsze próby rozmnażania tej rośliny w kulturach *in vitro*. Dowiedziono, że z roślin porażonych wirusami poprzez izolację merystemów można uzyskać rośliny zdrowe. Opracowano metody powierzchniowego odkażania materiału roślinnego, które pozwalały na zainicjowanie kultur i*n vitro* chrzanu, jednak nie wykluczały obecności mikroorganizmów endofitycznych zasiedlających tkanki roślin. Obecnie jest niewiele dostępnych danych dotyczących tego problemu w kulturach chrzanu.

W ramach badań analizowano matecznik *in vitro* obejmujący 3 ekotypy chrzanu (Wał Miedzeszyński, Katarzynopole, Lublin). Na podstawie oceny wizualnej eksplantatów i pożywki stwierdzono obecność zakażenia jednego z ekotypów (Lublin). W kulturze zaobserwowano pomarańczowe „struktury". Na podstawie oceny mikroskopowej pobranego materiału barwionego metodą Grama oraz obserwacji przyżyciowych struktury te zaklasyfikowano jako kolonie bakterii.

Podjęto próbę izolacji bakterii z tkanki chrzanu i ich hodowli. W tym celu przeprowadzono testy podłoży mikrobiologicznych (½ MS, ½ MS+cysteina, ½ MS+ekstrakt z chrzanu, TSA, TSA+cysteina oraz TSA+ekstrakt z chrzanu.

Izolacja badanych mikrooraganizmów bezpośrednio z liści i korzeni chrzanu nie powiodła się. Przyczyną było prawdopodobnie zabicie komórek bakteryjnych przez izotiocyjanian allilu uwalniający się podczas ucierania tkanek chrzanu w roztworze soli fizjologicznej. Związek ten tworzy się jedynie w uszkodzonych tkankach w wyniku reakcji enzymatycznej i odpowiada za właściwości bakteriobójcze chrzanu. Z tego względu odstąpiono od testowania kolejnych podłoży i skupiono się na modyfikacji metodyki izolacji bakterii z roślin. Podjęto próbę izolacji polegającej na swobodnym przejściu bakterii z zainfekowanych korzeni do podłoża. Fragmenty korzeni wyłożono na pożywki 1/3 TSA oraz MS. Obserwowano powolny wzrost kolonii na pograniczu korzeni i pożywki.

Barwienie metodą Grama wykazało, że tkankę chrzanu zasiedlają bakterie o różnej morfologii, co wskazuje na istnienie konsorcjum bakteryjnego. W celu określenia składu konsorcjum niezbędne jest zastosowanie metod biologii molekularnej. Przeprowadzona zostanie izolacja DNA bakteryjnego z tkanki roślinnej oraz analiza sekwencji genów 16S rRNA.

BIOTECHNOLOGIA

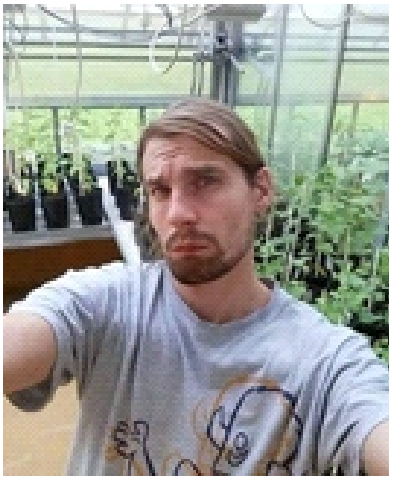
Autor: Anna Katarzyna Barczak – Brzyżek
Opiekun naukowy: dr hab. Marcin Filipecki
Jednostka: Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin

Rola różnych ścieżek biogenezy małych RNA w odpowiedzi roślin na stresy.

Rośliny poprzez swoją osiadłą naturę są nieustannie narażone na szereg czynników stresowych. Jednym z nich jest światło, które z jednej strony jest niezbędne do procesu fotosyntezy, ale może być też niebezpieczne, gdy występuje w nadmiarze. Taki nadmiar wynika z faktu, że natężenie światła oraz jego skład spektralny, zmieniają się w ciągu dnia i roku. Kompleksowa odpowiedź rośliny na takie zmiany wymaga skoordynowanej komunikacji zarówno na poziomie komórek jak i pomiędzy częścią nadziemną a korzeniami. Umożliwia to jej aklimatyzację, a tym samym wzrost i rozwój w wysoce zmiennym środowisku.

Konsekwencją pochłonięcia nadmiaru światła przez anteny fotosyntetyczne jest zakwaszenie środowiska chloroplastów. Zmiany zachodzące w wyniku stresu nadmiaru energii wzbudzenia są następnie przekazywane z chloroplastu do jądra komórkowego poprzez różnego rodzaju sygnały, które nazywamy retroaktywnymi. Niedawno udowodniono, że jeden z najlepiej opisanych mechanizmów potranskrypcyjnych jakim jest splicing, może być również regulowany poprzez sygnały retroaktywne. Małe niekodujące RNA są zaangażowane w zjawisko nazywane interferencją RNA, które jest procesem regulacji ekspresji genów zarówno na poziomie transkrypcyjnym jak i potranskrypcyjnym. Pomimo dużego znaczenia małych RNA w odpowiedzi rośliny na różnego rodzaju stresy ich rola w odpowiedzi na stres świetlny nie jest zbadana . Ponadto opisany ostatnio udział zmian statusu redoks, jednego ze składników łańcucha fotosyntetycznego, w regulacji splicingu zarówno w liściach jak korzeniach nasuwa pytanie o ich wpływ na inne mechanizmy regulacji ekspresji genów.

Dlatego, celem mojej pracy jest identyfikacja miRNA, które biorą udział w odpowiedzi rośliny na stres świetlny oraz zbadanie jak sygnały retroaktywne wpływają na tę populację małych RNA zarówno w części nadziemnej jak i w nienarażonych na stres korzeniach. Podejście to umożliwi nam poznanie małych RNA zaangażowanych w odpowiedź rośliny na ten stres oraz zdobycie nowych informacji pomocnych w zrozumieniu funkcjonowania rośliny w zmiennym środowisku, gwarantując jej optymalny wzrost, rozwój oraz wydajne plonowanie.



Autor: Maciej Jerzy Bernacki
Opiekun naukowy: Prof. Stanisław Karpiński
Jednostka: Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin

ENHANCED DISEASE SUSCEPTIBILITY 1 (EDS1) wpływa na rozwój,wydajność fotosyntezy oraz równowagę hormonalną topoli (*Populus tremulaL.×tremuloides*)

Białko EDS1 (ang. ENHANCED DISEASE SUSCEPTIBILITY 1) w rzodkiewniku pospolitym (*Arabidopsis thaliana)* jest zaangażowane w odpowiedź obronną zależną od kwasu salicylowego oraz przekazywanie sygnałów podczas stresów biotycznych i abiotycznych. Funkcja tego białka jest dobrze poznana w roślinach jednorocznych takich jak rzodkiewnik pospolity czy tytoń. Wciąż jednak mało wiadomo o funkcji EDS1 w roślinach drzewiastych. Dlatego też postanowiliśmy scharakteryzować na poziomie fizjologicznym oraz molekularnym topole (*Populus tremula L. × tremuloides*) z obniżoną ekspresją genu *EDS1* rosnącej w warunkach środowiska naturalnego. Eksperymenty zostały wykonane na dwóch transgenicznych liniach topoli z obniżoną ekspresją genu *EDS1*. W obu liniach znaleźliśmy znacznie większą ilość pędów bocznych w porównaniu z roślinami dzikiego typu (ang. Wild Type; WT), co skutkowało wyraźnymi zmianami w pokroju drzew. Parametry fotosyntetyczne były zmienione, a zawartość chlorofilu *a* wyższa niż w roślinach typu dzikiego, co skutkowało wyższą wydajnością fotosyntezy. Ponadto wykazaliśmy bardziej wydajne działanie systemu antyoksydacyjnego oraz niższą zawartość kwasu salicylowego w roślinach transgenicznych. Analizy transkryptomiczne wykazały, zmienioną ekspresję 2215 oraz 376 genów odpowiednio w linii *eds1-12* oraz *eds1-7* w stosunku do dzikiego typu. Znaleźliśmy 207 genów, których ekspresja była zmieniona w obu liniach. Zaobserwowaliśmy oraz dokładnie scharakteryzowaliśmy zmiany w fenologii drzew transgenicznych. Rośliny *eds1-12,* która wykazywała najniższą ekspresją *EDS1* charakteryzowały się najlepszą kondycją fizjologiczną w trakcie jesieni i pozostawały zielone dłużej niż dziki typ. Uzyskane wyniki wskazują, że zmniejszona ekspresja *EDS1,* wpływa na pokrój drzew, wydajność fotosyntezy, metabolizm reaktywnych form tlenu oraz starzenie liści.

Autor: Błażej Betliński
Opiekun naukowy: prof. dr Stanisław Karpiński,
Opiekun pomocniczy: dr Paweł Burdiak
Jednostka: Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin

Rola *CRK5* w molekularnych i komórkowych mechanizmachśmiercikomórkizależnychod chloroplastowych retrosygnałów u *Arabidopsis thaliana*.

Geny z rodziny *CRK* (*ang. Cysteine-rich Receptor-like Kinases*) kodują transbłonowe białka, zawierające cytoplazmatyczną domenę kinazy serynowo-treoninowej i dwukrotnie powtórzoną domenę zewnątrzkomórkową DUF26, z licznymi powtórzeniami reszt cysteinowych, występujących w konserwatywnym motywie (C-X_8-C-X_2-C), który przez reakcję redoks, z udziałem mostków dwusiarczkowych, odpowiada za transdukcję sygnału Reaktywnych Form Tlenu (RFT). Poprzednie analizy fenomiczne rodziny *CRK*, przeprowadzone na kolekcji mutantów insercyjnych rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana* (L.) Heyhn.), umożliwiły identyfikację charakterystycznego fenotypu, zbliżonego do „uciekającej śmierci komórki", w mutancie genu *CRK5* (*crk5*). Ograniczony wzrost i przyspieszone starzenie roślin o tym genotypie może wskazywać na rolę CRK5 w transdukcji chloroplastowego retrosygnału zależnego od światła, którego sygnałem początkowym jest absorpcja nadmiaru energii wzbudzenia (*ang Excess. Excitation Energy*) powodująca wzmożoną produkcję RFT. Zwiększony wyciek jonowy *crk5* pod wpływem promieniowania jonizującego i ograniczona wydajność fotosyntezy, po traktowaniu induktorami chloroplastowych RFT: parakwatem i DCMU, potwierdzają teorię, jakoby CRK5 brało udział w regulacji śmierci komórki.

Jednymi z lepiej zbadanych regulatorów śmierci komórki (*ang. Cell Death*, CD), w których szlaki może być zaangażowana CRK5 są białka z regulonu LSD (LSD1, EDS1, PAD4). Innym, kluczowym inhibitorem CD, zidentyfikowanym w rzodkiewniku jest białko AtBI-1. Udowodniono, że hamuje ono śmierć komórki wywoływaną przez nadtlenek wodoru (H_2O_2). Analiza promotorów *CRK* wykazała znaczące wzbogacenie sekwencji powyżej genu *CRK5* w elementy cis-regulatorowe „W-box", biorących udział w transdukcji sygnału kwasu salicylowego (SA), poprzez wiązanie czynników transkrypcyjnych z rodziny WRKY. Powyższa informacja pozwala zakładać, że kinaza będąca obiektem prezentowanych badań bierze udział w szlaku sygnalnym SA, odpowiedzialnym m.in. za systemową nabytą odporność (*ang. Systemic Aquired Resistance*).

Aby sprawdzić udział badanej kinazy CRK w procesach śmierci komórki, regulowanych przez RFT wyprowadzono linię *crk5* z nadekspresją *AtBI-1* (*AtBI-1;crk5*). Wstępna charakterystyka fenotypowa za pomocą badania fluorescencji chlorofilu i zmian w składzie barwników fotosyntetycznych wskazują, że zwiększenie ekspresji *AtBI-1* odwraca fenotyp przyspieszonej śmierci komórki w ciemności u *crk5*.
Dalsze badania skupią się na wpływie zaburzeń aktywności regulonu LSD (*lsd1, eds1*), biosyntezy SA (*sid2*) i przewodnictwa jego sygnału (*NahG*) na mutację w genie *CRK5*.

Autor: Ewa Borzęcka
Opiekun naukowy: Dr hab Hanna Bolibok-Brągoszewska
Jednostka: Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Zagęszczenie szkieletu mapy fizycznej żyta i charakterystyka regionów genomu, na które wywierana była presja selekcyjna w trakcie udomowienia i hodowli żyta.

Żyto (*Secale cereale* L.), jest ważną rośliną uprawną w Środkowej, Wschodniej i Północnej Europie. Jest również jedną z podstawowych roślin zbożowych w Polsce, wyjątkowo dobrze przystosowaną do panujacych tu warunków glebowych i klimatycznych. Genom żyta jest bardzo duży (ok. 8 Gbp), wysoce zmetylowany i z dużym udziałem sekwencji powtarzalnych -ok.92% (Flavell i wsp., 1974) co stanowi wyzwanie dla genetyków i hodowców.

Praca wykonywana jest w ramach projektu pt. ”Wpływ selekcji na genom rośliny uprawnej - identyfikacja i charakterystyka sekwencji, na które nakierowana była presja selekcyjna w trakcie udomowienia i hodowli żyta (*Secale cereale* L.).” Jednym z głównych celów pracy jest zagęszczenie szkieletu zintegrowanej mapy genetycznej i fizycznej żyta. Wykonano genotypowanie pul klonów biblioteki BAC linii wsobnej żyta L318 (ponad 32 tysiące klonów, ~ 48% genomu) przy pomocy technologii DArTSeq. Zidentyfikowano ponad 156,000 klonów BAC zawierających markery DArTSeq co w efekcie umożliwiło zakotwiczenie 2039 klonów BAC poprzez 2360 markerów DArTSeq do 712 pozycji mapy. Znaleziono 580 klonów BAC zawierających więcej niż jeden genetycznie zmapowany marker DArTSeq. W przypadku 69 z tych 580 klonów BAC, markery DArTSeq były zlokalizowane na różnych chromosomach, co może być wynikiem błędów w mapowaniu lub obecności klonów chimerycznych. Oczekujemy, że użycie mapy skonstruowanej przy wykorzystaniu nowych populacji mapujących uzyskanych z krzyżowań współczesnej odmiany hodowlanej z prymitywnymi formami żyta umożliwi w przyszłości zakotwiczenie dalszych klonów BAC. Równolegle wykonywane jest mapowanie klonów BAC *in silico* na sekwencji genomu żyta na podstawie sekwencji zlokalizowanych w nich markerów DArTSeq.

Ostatnim etapem pracy będzie analiza sekwencyjna klonów BAC zawierających markery z rejonów genomu poddanych presji selekcyjnej i identyfikacja genów kandydujących.

Uzyskane dotychczas wyniki wskazują, że technologia DArTSeq w połączeniu z trójwymiarową strategią tworzenia pul zbiorczych zapewnia efektywne kotwiczenie klonów BAC na mapie genetycznej gatunku o złożonym genomie jakim jest żyto.

Realizowane badania przyczynią się do przyspieszeniu rozwoju genomiki strukturalnej żyta. Spodziewamy się również, że umożliwią identyfikację genów warunkujących ważne użytkowo cechy żyta (genów, na które nakierowana była presja selekcyjna podczas udomowienia i hodowli).

Badania sfinansowano z projektu NCN nr. UMO-2014/14/E/NZ9/00285

Autor: Mateusz Matuszkiewicz
Opiekun naukowy: Dr hab. Marcin Filipecki
Jednostka: Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin

Regulatory programowanej śmierci komórki a reakcja rośliny na nicienie pasożytnicze.

Nicienie pasożytnicze są poważnymi szkodnikami roślin uprawnych. Żerują w glebie i porażają szereg gatunków roślin uprawnych. Specyficznym objawem ich pasożytnictwa jest obecność cyst czy guzów widocznych na korzeniach porażonych roślin. Zwalczanie pasożytniczych nicieni jest trudne ze względu na ograniczone zasoby naturalnych genów odporności, miejsce bytowania oraz wycofanie nematocydów i poszukiwanie nowych źródeł odporności jest pożądane.

W czasie interakcji kompatybilnej larwa nicienia cystowego indukuje w korzeniu rozwój syncytium, które dostarcza składniki odżywcze pasożytowi. Dzieje się to dzięki wydzielinom wyspecjalizowanych gruczołów larwy, które zawierają mieszaninę efektorów zmieniających ekspresję wielu genów zaangażowanych w procesy rozwojowe, metaboliczne i obronne.

Udział programowanej śmierci komórkowej (*ang. programmed cell death, PCD*) w interakcji roślina nicień pasożytniczy może być związany z wystąpieniem reakcji odpornościowej, która ujawnia się jako reakcja nadwrażliwości (HR). Możliwe również jest, że PCD uczestniczy w rozwoju funkcjonalnego syncytium w ograniczonym zakresie, nie prowadząc do śmierci.

Celem badań było scharakteryzowanie roli PCD w interakcji rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) z mątwikiem burakowym (*Heterodera schachtii*) w oparciu o analizę funkcjonalną genów regulujących PCD u roślin. Przebadane zostały negatywny i pozytywne regulatory śmierci komórkowej (odpowiednio *LSD1* oraz *LOL1* i *LOL2*). *LSD1* w zależności od warunków kontroluje równowagę występowania reaktywnych form tlenu jak i poziom kwasu salicylowego. Wykonano testy infekcyjne mutantów i wykazano, że *lsd1* niezależnie od tła genetycznego jest mniej podatny na infekcję mątwikiem. Natomiast mutanty pozytywnych regulatorów PCD miały fenotyp odwrotny. Na obrazach mikroskopowych syncytia zaindukowane na korzeniach *lsd1* były zbudowane z mniejszych komórek, posiadających mniejszą ilość wakuol, plastydów, mitochondriów i większe zagęszczenie struktur ER. Rzeczą nietypową było powstawanie ciałek mielinowych o różnej wielkości. Występowanie tych struktur można wiązać z procesem autofagii, który poprzez wyłączenie negatywnego regulatora PCD mógł ulec wzmocnieniu. Molekularny mechanizm kontroli PCD w syncytium zbadano poprzez sekwencjonowanie transkryptomów porażonych i nieporażonych korzeni. Okazało się, że w syncytiach mutanta *lsd1* trzykrotnie zmniejszyła się liczba transkryptów zmieniających swoją ekspresję w porównaniu do korzeni dzikiego typu (odpowiednio 1440/4206). Szczególne zmiany zaobserwowano w grupach genów odpowiadających za reakcję obronną rośliny, równowagę reaktywnych form tlenu, modyfikacje białek i biogenezę RNA w tym regulację transkrypcji.

Wykonane doświadczenia pokazują, że kontrola PCD w trakcie powstawania i funkcjonowania syncytium jest istotnym czynnikiem warunkującym sukces reprodukcyjny pasożyta, a tym samym może być wykorzystana do budowania odporności na nicienie u roślin uprawnych.

Autor: Agnieszka Skarzyńska
Opiekun naukowy:dr hab. Wojciech Pląder, prof. SGGW
Jednostka: Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Omika porównawcza statusu genetycznego linii ogórka uzyskanych w wyniku transgenezy i regeneracji.

Zastosowanie w rolnictwie i ogrodnictwie odmian genetycznie zmodyfikowanych (GM) budzi wiele obaw. Jedną z ważniejszych jest możliwość wystąpienia efektów niezamierzonych, a w rezultacie zmiany właściwości rośliny, których wcześniej nie przewidziano. Dotychczas nie ma jednoznacznej odpowiedzi czym mogą być spowodowane. Efekty niezamierzone mogą zależeć od zmian w genomie, które są związane z wprowadzaniem transgenu, np. miejscem integracji lub metodą transformacji. Możliwe, że taka zmienność może być wynikiem oddziaływania wprowadzonego genu, którego ekspresja wpływa na procesy molekularne zachodzące w komórkach przyczyną może też być sam proces regeneracji w kulturach *in vitro*.

Celem pracy jest analiza genomiczna linii ogórka uzyskanych w wyniku transgenezy i regeneracji w kulturach *in vitro.* Wykorzystując metody sekwencjonowania następnej generacji (NGS – ang. Next Generation Sequencing) genomy wymienionych linii zostaną zsekwencjonowanie a następnie porównane. Pozwoli to na uzyskanie pełnego obrazu zmian na poziomie genomu w liniach po transformacji i regeneracji oraz po samym procesie regeneracji. Takie podejście umożliwi nam odpowiedź na stawianą hipotezę badawczą, w której sugerujemy iż stan genomów linii GM jest bardziej zmieniony niż stan genomów po samej regeneracji. Otrzymane wyniki powinny pokazać, stan genomów charakterystyczny dla organizmów GM na tle metody uznawanej za bezpieczną oraz przyczynić się do wyjaśnienia „genomowych" podstaw zjawiska zmienności somaklonalnej.

Dotychczas przeprowadzono sekwencjonowanie i wstępne analizy zmian strukturalnych (SV – ang. Structural Variation) badanych linii w porównaniu do genomu referencyjnego ogórka linii B10, z której linie wyprowadzono. Pomiędzy poszczególnymi liniami widoczne są różnice w liczbie oraz charakterze zmian strukturalnych. Zidentyfikowane zmiany dotyczą pojedynczych (SNP), kilku nukleotydów (MNP) lub wstawienia bądź usunięcia większych fragmentów DNA (zmiany typu indel). Uzyskane wyniki analizy SV posłużą do określenia czy zmienność nastąpiła w obrębie struktur genowych, promotorowych czy międzygenowych. Porównania wariantów strukturalnych, które pojawiły się w genomach linii transgenicznych i w liniach uzyskanych w wyniku regeneracji posłużą do wytypowania hipotetycznych zmian wywołanych procesem integracji transgenu. Porównania posłużą także do określenia prawdopodobnych zmian, będących efektem regeneracji w kulturach *in vitro* i działania czynników stresowych występujących w tych warunkach.

Praca realizowana jest w ramach grantu NCN 2013/11/B/NZ9/00814.

Autor: Katarzyna Tofil
Opiekun naukowy:dr hab. Hanna Bolibok-Brągoszewska
Jednostka: Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Konstrukcja zintegrowanej mapy genetycznej bardzo wysokiej gęstości przy wykorzystaniu populacji mapujących uzyskanych z krzyżowań współczesnej odmiany hodowlanej z prymitywnymi formami żyta.

Żyto (*Secale* L.), pierwotnie występujące na terenach południowo-zachodniej Azji, około X wieku przed naszą erą zostało introdukowane do Europy, na przestrzeni lat zyskując status ważnej rośliny uprawnej w Europie Wschodniej, Centralnej i Północnej. Uprawiane jest także w Azji, Ameryce Północnej i Południowej. Żyto charakteryzuje obcopylność, wysoka odporność na stres biotyczny i abiotyczny, produkcja substancji allelopatycznych, a także wysokie walory odżywcze. Wykorzystywane jest przede wszystkim w przemyśle spożywczym do wyrobu napojów alkoholowych oraz mąki, a także przy produkcji pasz i nawozów zielonych.

Materiał genetyczny żyta o łącznej długości 8,1 GB zorganizowany jest w 7 par chromosomów, a jego większość stanowią sekwencje powtórzone. Wielkość i złożoność genomu żytniego od lat stanowią wyzwanie w analizach na poziomie molekularnym u tego gatunku. Jedną z metod pozwalających na analizę organizacji i budowy genomu, jest konstrukcja map genetycznych przy wykorzystaniu markerów molekularnych. Praca jest realizowana w ramach projektu NCN pt. ”Wpływ selekcji na genom rośliny uprawnej – identyfikacja i charakterystyka sekwencji, na które nakierowana była presja selekcyjna w trakcie udomowienia i hodowli żyta *(Secale cereale* L.)”

Celem pracy jest skonstruowanie silnie zagęszczonej mapy genetycznej żyta. Pierwszym jej etapem jest uzyskanie populacji mapującej z krzyżowań współczesnej odmiany uprawnej z formami prymitywnymi żyta, która umożliwi zlokalizowanie na niej markerów z rejonów genomu, na które nakierowana była selekcja w czasie hodowli. Regiony takie są monomorficzne w odmianach uprawnych żyta i formach blisko z nimi spokrewnionych, a dostępne obecnie populacje mapujące żyta uzyskano właśnie z krzyżowań takich form.

Ze względu na obcopylność i depresję wsobną tego gatunku do uzyskania populacji mapującej przyjęto strategię dwukierunkowego krzyżowania pseudo-testowego. Na formy mateczne wybrano 4 współczesne odmiany żyta, na formy ojcowskie - lokalne odmiany ze Środkowego Wschodu i gatunki dzikie. Doświadczenie prowadzono równolegle w warunkach szklarniowych oraz polowych. W pierwszym roku przeprowadzono łącznie 29 krzyżowań prowadzących do powstania pokolenia F_1. Weryfikacja poprawności krzyżowania wykonywana jest przy pomocy markerów SSR. Wybrane populacje zostaną następnie poddane genotypowaniu DArTSeq. Ostatnim etapem pracy będzie konstrukcja mapy genetycznej przy wykorzystaniu dedykowanego oprogramowania.

Uzyskane wyniki umożliwią precyzyjne określenie lokalizacji obszarów genomu poddanych presji selekcyjnej podczas udomowienia i hodowli oraz przyspieszą postęp w genomice strukturalnej żyta.

Badania sfinansowano z projektu NCN (nr umowy UMO-2014/14/E/NZ9/00285).