

**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA DOFINANSOWANIE KOSZTÓW BADAŃ NA RZECZ ROLNICTWA EKOLOGICZNEGO W 2020 R. – 58 842,00 ZŁ:**

* **Sadownictwo metodami ekologicznymi:**

**Badania w zakresie wykorzystania substancji podstawowych w ochronie ekologicznych upraw sadowniczych.**

* Wartość dofinansowania: 58 842,00 zł
* Całkowity koszt inwestycji: 58 842,00 zł
* Krótki opis projektu:

Polska jest największym producentem owoców aronii czarnoowocowej. Powierzchnia uprawy wynosi ok. 4 tysiące ha, a zbiory roczne wahają się od 40 do 60 tysięcy ton. W ostatnich kilku latach gatunek tej rośliny zyskał dużą popularność dzięki licznym badaniom wykazującym jej prozdrowotne właściwości. Owoce charakteryzują się wysoką zawartością polifenoli, a zwłaszcza flawonoidów, antocyjanów i proantocyjanidyn stanowiących główną grupę aktywnych biologicznie składników. Ponadto są one bogatym źródłem aminokwasów, witamin oraz składników mineralnych. Aronia czarnoowocowa przez kilka dekad od jej wprowadzenia do uprawy uważana była za roślinę wolną od pozostałości pestycydów, ponieważ nie zachodziła potrzeba chemicznej ochrony przed chorobami i szkodnikami. Zapoczątkowane w roku 2004 badania wykazały obecność gąsienic omacnicy jarzębianki (Acrobasis advenella Zinck.) we wszystkich rejonach uprawy aronii w Polsce. Gąsienice żerują w kwiatostanach i owocach przyczyniając się do obniżenia wielkości i jakości plonu. Szczegóły biologii rozwoju tego gatunku owada w korelacji z warunkami pogodowymi nie zostały dotychczas opracowane. Brak jest ważnej dla plantatorów informacji dotyczącej wpływu warunków pogodowych na termin pojawu gąsienic w okresie wiosennym. Informacja ta jest podstawą prognozowania i wyznaczenia optymalnego terminu zwalczania. Aktualnie do ograniczania liczebności populacji tego gatunku szkodnika zarejestrowanych jest sześć preparatów chemicznych. Jednak biorąc pod uwagę lecznicze właściwości owoców (wykorzystywanych także przez przemył farmaceutyczny i kosmetyczny)wskazane jest, aby były one wolne od pozostałości pestycydów i pochodziły z upraw ekologicznych, dla których obecnie nie ma zarejestrowanych preparatów zwalczających gąsienice omacnicy jarzębianki.

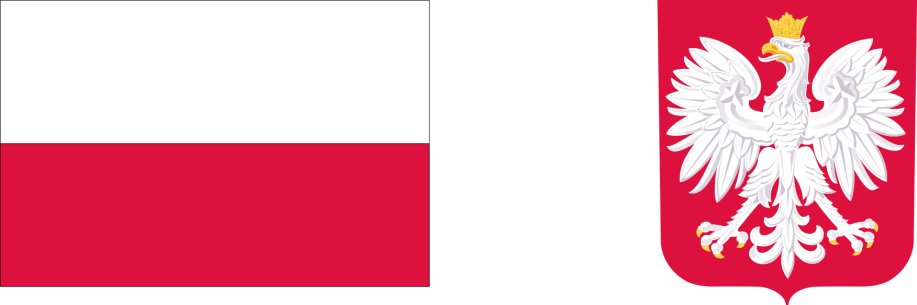
Celem projektu było:

1.Ustalenie terminu zasiedlenia kwiatostanów aronii czarnoowocowej przez gąsienice omacnicy jarzębianki na podstawie sumy temperatur efektywnych;

2.Ocena wpływu wywarów z wrotycza pospolitego i cząbru ogrodowego na zasiedlanie kwiatostanów aronii czarnoowocowej przez gąsienice omacnicy jarzębianki;

3.Ocena skuteczności substancji podstawowych (wywarów oraz olejków eterycznych z wrotycza i cząbru) oraz gotowego produktuEma5z wrotyczem na śmiertelność gąsienic w warunkach polowych;

4.Określenie fitotoksyczności różnych stężeń badanych substancji podstawowych oraz ich wpływu na wielkość i jakość plonu owoców aronii czarnoowocowej.



**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ W 2020 R.**

* **Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego**.
* wartość dofinansowania - 180 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 180 000,zł
* krótki opis projektu:

Owies zwyczajny (Avena sativa L.) jest gatunkiem heksaploidalnym (AACCDD) o skomplikowanej strukturze genomowej i w związku z tym bardzo trudnym obiektem badawczym. Liczba dostępnych map genetycznych jest ograniczona, a mapę konsensusową opracowano w oparciu o populacje mapujące wywodzące sięz form niespokrewnionych z polskimi materiałami hodowlanymi, co utrudnia identyfikację markerów genetycznych możliwych do wykorzystania w selekcji. W ramach projektu zostaną wyprowadzone liczne biparentalne populacje mapujące typu RIL bazujące na krzyżowaniach międzyodmianowych A. sativaoraz międzygatunkowych (A.sterilis ×A.sativa i A.fatua ×A.sativa), które następnie zostaną poddane fenotypowaniu pod względem wybranych cech i mapowaniu genetycznemu z wykorzystaniem systemów markerowych nowej generacji. Zostaną opracowane mapy genetyczne oraz mapy konsensusowe, które posłużą do identyfikacji markerów molekularnych sprzężonych zbadanymi cechami. Mapowanie asocjacyjne umożliwi wytypowanie markerów asocjowanych z tymi cechami oraz pozwoli na zidentyfikowanie markerów użytecznych na szerszej puli genetycznej niż uwzględniona w populacjach biparentalnych. Porównanie map genetycznych opracowanych w oparciu o mieszańce międzyodmianowe i międzygatunkowe umożliwi identyfikację obszarów genomów heksaploidów z rodzaju Avena, w których zaszły największe zmiany na drodze ewolucji w kierunku form uprawnych.

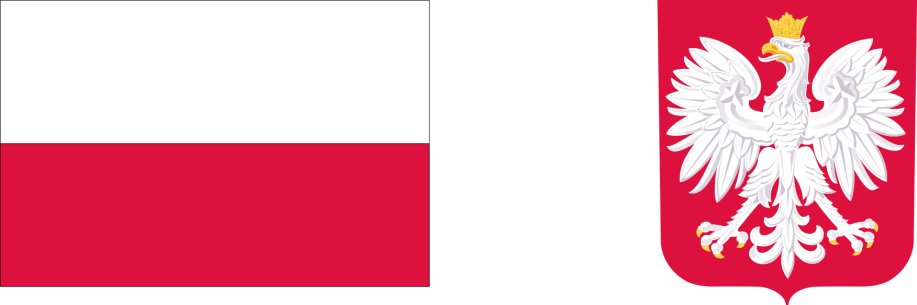
Planowane jest realizowanie badań zmierzających do osiągnięcia następujących celów:

-Opracowanie map genetycznych bazujących na liniach rekombinacyjnych wyprowadzonych w oparciu o krzyżowania biparentalne.

-Opracowanie mapy konsensusowej gatunku.

-Lokalizowanie na mapach genetycznych loci cech ilościowych oraz identyfikacja markerów genetyczne sprzężone z tymi cechami.

-Próba identyfikacji zmian w genomie heksaploidów, które zaszły w procesie udomowienia.



**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ W 2020 R.**

* **Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów**
* wartość dofinansowania - 72 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 72 000,00 zł
* krótki opis projektu:

Rdza koronowa, jest jedną z najpowszechniej występujących chorób grzybowych owsa. Straty plonu wywołane porażeniem mogą sięgać nawet 50%. Czynnikiem infekcyjnym jest grzyb Puccicnia coronata Cda. f.sp. avenaeP. Syd. & Syd., który poraża głównie liście. Gospodarzem pośrednim są krzewy różnych gatunków szakłaku (Rhamnus) oraz kruszyny pospolitej (Frangula alnus). Rozwojowi choroby sprzyjają wysoka temperatura, zwiększona wilgotność powietrza, nadmierne nawożenie azotowe czy opóźnione siewy. Dotychczas w owsie zidentyfikowano i opisano ponad 100 genów odporności na Puccinia coronata. Zdolność patogenu do wytwarzania nowych ras o zróżnicowanej wirulencji sprawia, że odporność warunkowana przez te geny została przełamana w wielu lokalizacjach. Obiecującą alternatywą zwiększenia trwałości i spektrum odporności owsa na rdzę koronową jest prowadzenie hodowli opartej na piramidyzacji najefektywniejszych genów odporności. W celu monitorowania kumulacji genów odporności i selekcji genotypów z tymi genami niezbędne jest opracowanie markerów molekularnych. Selekcja wspomagana markerami ułatwia i przyspiesza hodowlę odpornościową, a przede wszystkim umożliwia utrzymanie korzystnego układu alleli w kolejnych pokoleniach mieszańców.

Planowane jest realizowanie badań zmierzających do osiągnięcia następujących celów:

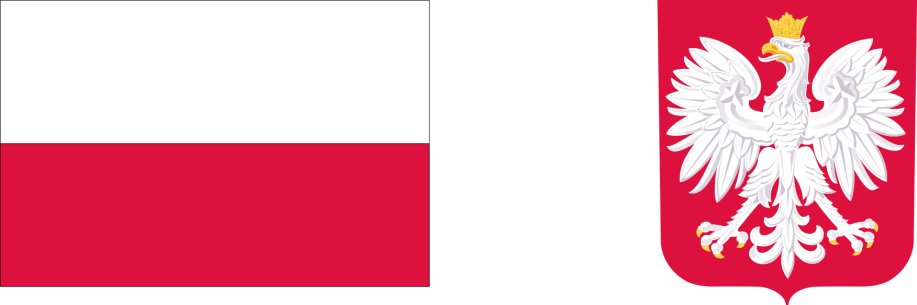
-Identyfikacja efektywnych genów odporności na rdzę koronową owsa oraz wytypowanie genów Pc przeznaczonych do piramidyzacji.

-Wyprowadzenie w oparciu o polskie odmiany mieszańców, które będą charakteryzowały się odpornością na rdzę koronową.

-Identyfikacja markerów molekularnych sprzężonych z odpornością, które mogą być użyteczne w selekcji wspomaganej markerami.

-Lokalizacja genów odporności w genomie owsa w oparciu o mapy genetyczne.

-Próba określenia mechanizmów odporności owsa na rdzę koronową.

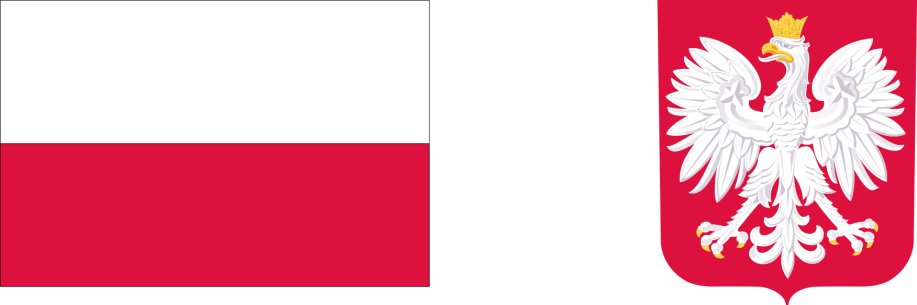


**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ W 2020 R.**

* **Identyfikacja regionów genomu oraz markerów DNA związanych z heterozją w heksaploidalnym pszenżycie ozimym**
* wartość dofinansowania - 144 900,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 144 900,00 zł
* krótki opis projektu:

Zjawisko heterozji u roślin, pomimo szerokiego wykorzystania praktycznego, nie zostało dotychczas w pełni poznane i scharakteryzowane. Szczególny nacisk kładzie się obecnie na analizę i identyfikację molekularnych podstaw występowania heterozji. Badania wykonane dla różnych gatunków roślin wskazują, iż jednym z najistotniejszych elementów decydujących o wystąpieniu tego zjawiska jest odpowiedni stopień zróżnicowania genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi, przy czym przyjmuje się, że dla uzyskania maksymalnego efektu należy krzyżować między sobą formy genetycznie oddalone. Ocena zróżnicowania genetycznego opiera się zazwyczaj na wykorzystaniu markerów molekularnych, bez uwzględniania ich lokalizacji chromosomowej. Cel projektu stanowi zweryfikowanie czy zastosowanie markerów reprezentujących chromosomy danego gatunku będzie bardziej użyteczne w prognozowaniu efektu heterozji u pszenżyta niż stosowanie ogólnej puli markerowej. W ramach projektu analizowanych będzie 500 zaawansowanych linii wsobnych oraz linii DH heksaploidalnego pszenżyta ozimego, które poddane zostaną genotypowaniu techniką DArT oraz fenotypowaniu pod kątem oceny plonowania. Do mapowania wykorzystane zostaną 3-4 populacje mapujące RIL pokolenia S5-6. Na podstawie uzyskanych analiz skupień wyselekcjonowane zostaną genotypy przeznaczone do krzyżowań. W kolejnym roku wykonana zostanie analiza fenotypowa mieszańców pokolenia F1celem oszacowania efektu heterozji. Pozwoli to na określenie, które grupy markerów (pochodzące z których chromosomów) w najlepszym stopniu umożliwią prognozowanie efektu heterozji. Markery lokalizujące się na różnych chromosomach umożliwiające najlepszą diagnostykę zjawiska zostaną połączone w jedną pulę. W analogiczny sposób zostaną zgrupowane markery o najniższej zdolności predykcyjnej. Na podstawie analiz taksonomicznych bazujących na wymienionych grupach markerów ponownie zostaną wytypowane formy do krzyżowań i oceniony efekt heterozji celem określenia czy proponowane podejście analityczne oceny efektu heterozji umożliwia lepsze przewidywania niż w przypadku zastosowania ogólnej (nieprzypisanej do chromosomów) puli markerów DNA.



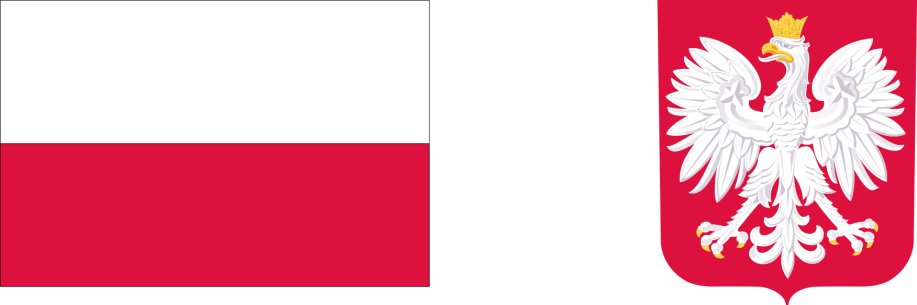
**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ROŚLINNEJ W 2020 R.**

* **Wytwarzanie nowych źródeł genetycznych pszenżyta w oparciu o krzyżowanie oddalone.**
* wartość dofinansowania - 72 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 72 000,00 zł
* krótki opis projektu:

Krzyżowanie oddalone wzbogaca genotyp i poszerza zakres zmienności genetycznej formy uprawnej. W ramach proponowanego projektu prowadzone będą krzyżowania międzyrodzajowe pszenżyta z formami dzikimi z rodzajów Aegilops, Agropyroni Leymus. Genotypy należące do tych rodzajów zawierają w swoim genomie intersujące geny odporności na czynniki biotyczne i abiotyczne. Geny te zostaną w tych formach zidentyfikowane i wprowadzone do pszenżyta. Uzyskane mieszańce będą w następnej kolejności oceniane pod względem odporności zarówno przez wykorzystanie testów żywiciel-patogen, analiz molekularnych jak również obserwacji cech morfologicznych w warunkach doświadczeń polowych. Zadania badawcze przewidziane w projekcie obejmują problematykę identyfikacji i sposobów pokonywania barier krzyżowalności pomiędzy pszenżytem a formami dzikimi.

Szczególnie istotne będzie opracowanie techniki krzyżowania tego gatunku z rodzajem Leymus. W celu zwiększenia wydajności uzyskiwania mieszańców oddalonych wykorzystane będą techniki ratowania zarodków w kulturach in vitro.

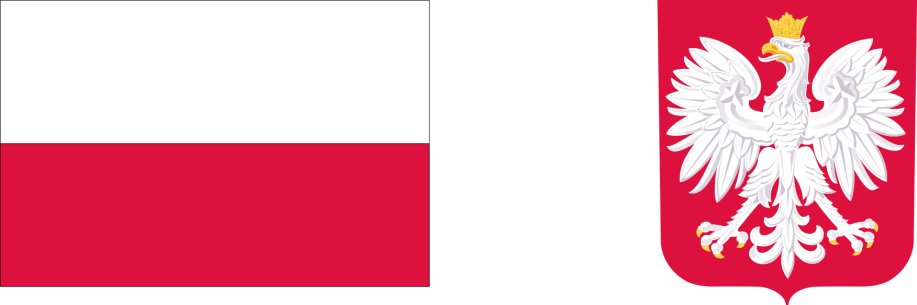


**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ZWIERZĘCEJ W 2020 R.**

* **Analiza zmienności cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach wybranych rodów kur, na przykładzie maksymalnie: 660 sztuk** **kur leghorn (H-33), 800 sztuk kur polbar (Pb), 800 sztuk kur zielononóżka kuropatwiana (Zk).**
* wartość dofinansowania - 255 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 255 000,00 zł
* krótki opis projektu:

Głównym celem badań jest ocena i charakterystyka poziomu  cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach rodów kur: leghorn (H-33), polbar (Pb) i zielononóżka kuropatwiana (Zk) oraz ich analiza i definicja cech charakterystycznych dla tych ras. Konsekwencją działań będzie popularyzacja informacji o badanych rasach, poprzez publikację dostępną wszystkim podmiotom zainteresowanym ich chowem.

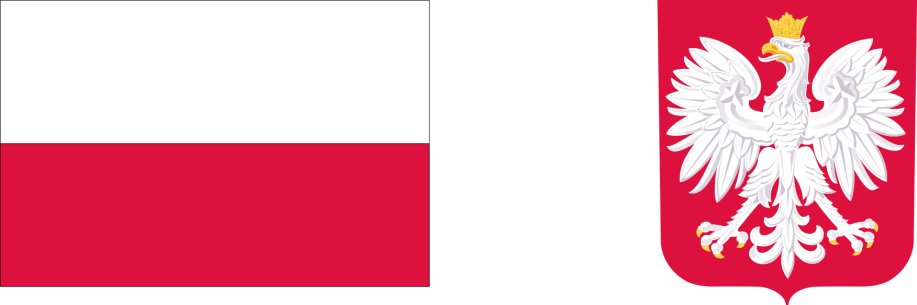


**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ZWIERZĘCEJ W 2020 R.**

* **Analiza zmienności cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach wybranych rodów kur, na przykładzie maksymalnie: 660 sztuk kur new hampshire (N-11), 660 sztuk kur barred rock (P-11), 660 sztuk kur barred rock (WJ-44) i 660 sztuk kur barred plymouth rock (D-11).**
* wartość dofinansowania - 298 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 298 000,00 zł
* krótki opis projektu:

Głównym celem badań będzie ocena i charakterystyka poziomu cech użytkowych i reprodukcyjnych w hodowlanych populacjach rodów kur: new hampshire (N-11), barred rock (P-11), barred rock (WJ-44) i barred plymouth rock (D-11) oraz poprzez ich analizę definicja cech charakterystycznych dla tych ras. Ponadto celem badania jest popularyzacja informacji o badanych rasach, poprzez publikację dostępną wszystkim podmiotom zainteresowanym ich chowem.



**Zadanie badawcze finansowane z budżetu państwa.**

**DOTACJA NA POKRYCIE KOSZTÓW BADAŃ PODSTAWOWYCH NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W PRODUKCJI ZWIERZĘCEJ W 2020 R.**

* **Prowadzenie ksiąg bydła rasy białogrzbietej**
* wartość dofinansowania - 156 000,00 zł
* całkowity koszt inwestycji – 156 000,00 zł
* krótki opis projektu:

 Programem ochrony zasobów genetycznych bydła białogrzbietego mogą być objęte zwierzęta wytypowane na podstawie oceny fenotypu przez pracownika Podmiotu prowadzącego księgę dla bydła rasy białogrzbietej. Do udziału w programie będą mogły być zakwalifikowane krowy, które:

* są wpisane do księgi lub spełniające wymogi wpisu do księgi,
* są poddane ocenie wartości użytkowej zgodnie z obowiązującymi przepisami,
* charakteryzują się umaszczeniem i cechami budowy zgodnymi ze wzorcem rasy określonym w programie ochrony,
* pochodzą po matce wpisanej do księgi tej rasy i ojcu zakwalifikowanym do udziału w programie lub odznaczają się potwierdzoną badaniami odrębnością genetyczną.

Zaleca się, aby pierwsze zacielenie miało miejsce w wieku 14-16 miesięcy. Nie będą przyjmowane do programu krowy kryte wcześniej niż w wieku 13 miesięcy.  
Podmiot prowadzący księgę dla bydła białogrzbietego będzie typował zwierzęta do udziału w programie. Kwalifikacji stad i zwierząt do udziału w programie będzie dokonywał, po zaopiniowaniu przez Grupą Roboczą ds. ochrony zasobów genetycznych bydła, podmiot koordynujący realizację programu, na podstawie wniosku hodowcy, zgodnie z obowiązującą procedurą IZ PIB.  
Wykazy krów zakwalifikowanych do udziału w programie będą przekazywane do prowadzącego księgę oraz podmiotu upoważnionego do prowadzenia oceny wartości użytkowej bydła. Program realizowany będzie wspólnie przez:

* hodowcę - właściciela stada bydła białogrzbietego,
* Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie - podmiot prowadzący księgę dla bydła rasy białogrzbietej,
* Instytutu Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy koordynujący działania w zakresie ochrony zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich,
* Polską Federację Hodowców Bydła i Producentów Mleka - podmiot prowadzący ocenę wartości użytkowej.

Zasady wzajemnej współpracy zostaną określone w porozumieniu zawartym pomiędzy tymi podmiotami. Zasady uczestnictwa hodowców w programie ochrony będzie określać umowa zawarta pomiędzy hodowcą - właścicielem stada a podmiotem koordynującym działania w zakresie ochrony zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich.  
Realizacja programu zgodnie z założeniami uwarunkowana będzie możliwościami zapewnienie środków finansowych na:

* częściowe pokrycie kosztów utrzymania zwierząt w stadach uczestniczących w programie;
* częściowe pokrycie kosztów odchowu buhajków oraz przeprowadzania badań pod kątem przydatności nasienia do rozpłodu i konserwacji;
* pokrycie kosztów gromadzenia i przechowywania oraz wykorzystania materiału biologicznego;
* prowadzenie badań naukowych dotyczących charakterystyki populacji, dystansu genetycznego, badań markerów genetycznych oraz polimorfizmu białek mleka;
* pokrycie kosztów zakupu wytypowanych zwierząt do stad objętych programem ochrony oraz wykupu materiału hodowlanego zagrożonego likwidacją, w przypadku wystąpienia takiej konieczności;
* pokrycie kosztów prowadzenia promocji rasy.

Podmioty zaangażowane w realizację programu będą zabiegały o uzyskanie środków finansowych na jego realizację z programów rolnośrodowiskowych, ze środków budżetowych przeznaczonych na dotacje przedmiotowe dla podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa, projektów badawczych placówek naukowych oraz ze źródeł pozarządowych.  
W celu rozwoju hodowli białogrzbietów realizatorzy programu prowadzić będą działania w kierunku promocji unikalnych walorów tego bydła oraz jego przydatności do pielęgnacji krajobrazu na obszarach chronionych, a także propagowanie jego chowu, przede wszystkim w gospodarstwach, w których produkcja oparta jest na rolnictwie proekologicznym, w gospodarstwach agroturystycznych oraz na obszarach chronionego krajobrazu, gdzie mamy do czynienia z rozwojem turystyki.