Postępy nauk rolniczych

Polska Akademia Nauk
Wydział Nauk
Rolniczych, Leśnych
i Weterynaryjnych

1/2007

Dwumiesięcznik
nr 326 rok 59

Rada Redakcyjna
A. Grzywacz (przewodniczący),
Z. Gertych, J. Haman, T. Krzymowski, J.J. Lipa
A. Rutkowski, F. Tomczak, M. Truszczyński, J. Wilkin

Redakcja
A. Horubała (redaktor naczelny),
J. Buliński, T. Brandyk, A. Gawrońska-Kulesza, W. Kamiński,
J. Zimny, T. Żebrowska,
R. Suska (sekretarz redakcji)

Adres Redakcji
00-901 Warszawa, Pałac Kultury i Nauki, pokój 2102
tel. 826-05-87, 656-60-17
e-mail: Wydzial5@pan.pl

Wydanie publikacji dofinansowane przez Mimisterstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Opracowanie redakcyjne, korekta i skład — Danuta Borecka

PL ISSN 0032-5547

Nakład 200 egz. Ark. wyd. 9. Ark. druk. 8.
Skład — DABOR 02-795 Warszawa ul. Kazury 22/27,
tel. 0 22 649-18-99, 600-37-29-29
Druk — Warszawska Drukarnia Naukowa PAN,
00-656 Warszawa ul. Śniadeckich 8, tel./faks 0 22 628 87 77

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 3–22

Wpływ postępu hodowlanego na produkcję roślinną

Ten kto ma chleb ma wiele problemów
Kto nie ma chleba ma tylko jeden problem
(przysłowie bizantyjskie)

Sławomir Podlaski
Katedra Fizjologii Roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego
ul Nowoursynowska 166, 02-776 Warszawa
e-mail: slawomir_podlaski@sggw.pl

Słowa kluczowe: roślinny postęp hodowlany, produkcja roślinna

Wstęp

Wzrost produkcji żywności w ujęciu historycznym w ramach wąsko pojętej produkcji roślinnej osiągano poprzez:

1) udomowienie roślin w okresie neolitu (rewolucja neolityczna);
2) zwiększenie powierzchni uprawy poprzez wycinanie lasów;
3) zmianę składu gatunkowego uprawianych roślin – rośliny mniej wydajne, gorzej przystosowane do lokalnych warunków były zastępowane przez inne;
4) zmianę poziomu plonowania w wyniku poprawy agrotechniki;
5) wykształcanie się lokalnych ekotypów bardziej dostosowanych do miejscowych warunków uprawy i przez to bardziej wydajnych – następowało więc zwiększanie zmienności genetycznej uprawianych roślin;
6) świadomą hodowlę roślin prowadzącą do wytworzenia nowych odmian.

Z wymienionych sześciu sposobów zwiększenia produkcji żywności, trzy (rewolucja neolityczna, powstanie ekotypów i odmian) dotyczą zmian w genotypach i fenotypach roślin zachodzących w wyniku świadomej bądź nieświadomej hodowli roślin.

Według Swamintahana [30] sztuka hodowania roślin jest tak stara, jak rolnictwo i sięga 10 tys. lat p.n.e. Przez wiele długich wieków hodowla roślin miała charakter nieświadomy. Wzięcie do uprawy roślin o cechach najbardziej przydatnych człowiekowi wywierało określoną presję selekcyjną na uprawiane populacje. Ta presja

prowadziła do zmniejszenia liczby uprawianych gatunków oraz zmian cech roślin. Przez tysiące lat zachodził więc proces, który obecnie możemy nazwać postępem biologicznym.

Postęp biologiczny polega na zwiększaniu wielkości, jakości i stabilności plonów roślin oraz produktywności zwierząt w wyniku ich hodowli oraz lepszego poznania biologicznego i ekonomicznego wpływu czynników warunkujących wielkość, jakość i stabilność produkcji rolniczej.

Natomiast postęp hodowlany można zdefiniować jako poprawę genetycznych właściwości roślin, populacji (odmian) w określonym czasie. Jak wynika z tej definicji postęp hodowlany, którego nośnikiem są nasiona nowych odmian i nowe rasy zwierząt, jest częścią postępu biologicznego.

Motorem postępu biologicznego są zmiany ekonomiczne, społeczne czy polityczne zachodzące w świecie. Wpływają one również na rozwój różnych dziedzin nauki w tym techniki i technologii. Jest oczywiste, że istnieje sprzężenie zwrotne między rozwojem ekonomicznym, społecznym czy kulturalnym a postępem biologicznym. Rozwój ekonomiczny świata wymagał żywności, z kolei wzrost produkcji żywności determinował rozwój społeczeństw.

Według Overtona [21] ludność Anglii osiągała maksymalną liczbę 6 mln mieszkańców kilkakrotnie: w czasach rzymskich, około 1300 , 1600 i 1750 roku. Po każdym wymienionym okresie, z wyjątkiem ostatniego, następowało zmniejszenie liczby ludności Anglii, ponieważ rolnictwo nie było w stanie zapewnić wystarczającej produkcji żywności. Jest oczywiste, że procesowi zmniejszenia liczby ludności towarzyszyło przyhamowanie rozwoju ekonomicznego kraju.

Postęp hodowlany odgrywał zróżnicowaną rolę na różnych etapach rozwoju cywilizacyjnego ludzkości. Do jego omówienia wyodrębniono trzy etapy w rozwoju rolnictwa i hodowli roślin:

— Pierwszy etap trwał od neolitu po pierwszą połowę XIX wieku, czyli do czasów rozpoczęcia naukowej hodowli roślin. Największym wydarzeniem w tym okresie była tzw. „rewolucja neolityczna" związana z udomowieniem roślin.
— Drugi etap rozpoczął się w drugiej połowie XIX wieku i trwał do lat dziewięćdziesiątych XX wieku. Szczytowym osiągnięciem tego okresu była „zielona rewolucja", kojarzona z nazwiskiem Normana Borlauga – laureata Nagrody Nobla i doktora *honoris causa* SGGW. „Zielona rewolucja" zaczęła się w latach czterdziestych XX wieku, osiągając swoje maksymalne nasilenie w latach sześćdziesiątych i siedemdziesiątych.
— trzecim etapem jest „genowa rewolucja" rozpoczęta wprowadzeniem w latach dziewięćdziesiątych XX wieku pierwszych handlowych odmian transgenicznych. Termin „genowa rewolucja" pochodzi od Borlauga, który w 2003 roku na Uniwersytecie Minnesota wygłosił wykład „Od zielonej do genowej rewolucji" [5].

Wszystkie trzy „rewolucje" związane były z wprowadzeniem do uprawy roślin o niespotykanych dotychczas właściwościach. Dzięki temu następowały zmiany

sposobu uprawy roślin, co powodowało wzrost produkcji rolnej. „Rewolucja neolityczna" dała impuls do rozwoju cywilizacji. „Zielona rewolucja" spowodowała rozwój niektórych głodujących społeczeństw (Indie, Pakistan, Chiny), natomiast „rewolucja genowa" podzieliła ludzkość na tych, którzy ją akceptują i jej przeciwników.

W pracy skoncentrowano się na omówieniu cech roślin zmieniających się pod wpływem postępu hodowlanego. Pomijam problemy związane z oceną i pomiarami tego postępu oraz zagadnienia związane z globalizacją i zmianami ekonomicznymi, zachodzącymi w przemyśle nasiennym.

Postęp hodowlany od neolitu do połowy XIX wieku

Przez ponad milion lat nasi przodkowie prowadzili koczowniczy tryb życia, utrzymując się ze zbieractwa roślin i polowania na dzikie zwierzęta. W latach 12000–5000 p.n.e. nastąpiła dramatyczna zmiana ich stylu życia. Zamiast koczowników pojawiły się społeczeństwa osiadłe, zajmujące się uprawą udomowionych roślin i hodowlą zwierząt. W wyniku procesu udomowiania następowało przystosowanie właściwości roślin do potrzeb człowieka wskutek eliminowania ich cech niekorzystnych. Jednocześnie proces udomowienia doprowadził do uzależnienia roślin udomowionych od sztucznego środowiska stworzonego przez człowieka.

Opisując proces udomowienia należy stwierdzić, gdzie ono nastąpiło, jakie cechy roślin uległy zmianie, jaki był sposób dziedziczenia tych cech oraz jak szybko ono zachodziło. Udomowienie roślin nastąpiło w wyniku selekcji naturalnej działającej w zmienionym środowisku, wzrostu roślin oraz selekcji sztucznej stosowanej przez człowieka. Jest interesujące, że proces udomowienia prowadzony był niezależnie w różnych regionach świata. Można wyróżnić co najmniej 6 regionów udomowienia roślin: środkową Amerykę, południową część Andów, Bliski Wschód, Afrykę prawdopodobnie region Sahelu i Wyżyny Etiopskiej oraz Południowo-Wschodnią Azję i Chiny [11].

Selekcja naturalna działająca w łanie wziętych do uprawy roślin powodowała przede wszystkim zmiany cech nasion, wyrażające się wyeliminowaniem lub skróceniem spoczynku nasion, co powodowało przyspieszenie i wyrównanie ich kiełkowania. Następowało również przyspieszenie wzrostu roślin, wyrównanie terminu kwitnienia i dojrzewania oraz zmniejszenie lub wyeliminowanie osypywania się nasion. Listę cech zmienionych pod wpływem udomowienia roślin podano w tabeli 1.

Szczególnie uderzający jest wzrost masy i wielkości nasion w wyniku procesu ich udomowienia. W tabeli 2 podano zestawienia masy 1000 nasion obecnych roślin uprawnych i ich dzikich przodków [20]. Widać wyraźnie, że masa 1000 nasion zwiększyła się kilka lub kilkadziesiąt razy. Jednocześnie ciekawe jest, że wzrost wielkości nasion był większy w Nowym Świecie niż w Starym. Wynika to z tego, że Indianie częściej stosowali selekcję indywidualną, natomiast rolnik europejski –

Tabela 1. Zmiany cech roślin pod wpływem ich udomowienia [17]

Etapy selekcji	Zmienione cechy		Przykłady
	ogólne	specyficzne	
Wzrost siewek	zwiększenie wigoru siewek	utrata spoczynku nasion	wiele gatunków roślin
Kwitnienie	zmiana systemu reprodukcji	zwiększenie samopłodności	pomidor
		wprowadzenie rozmnażania wegetatywnego	kasawa
Zbiór nasion	zwiększenie plonu nasion	ograniczenie osypywania się nasion	kukurydza
		bardziej zwarty sposób wzrostu	motylkowe kukurydza
		zwiększenie liczby lub wielkości kwiatostanów	pszenica jęczmień kukurydza
		zwiększenie liczby nasion w kwiatostanie	kukurydza szarłat
		zmiana wrażliwości fotoperiodycznej	motylkowe ryż
Przechowywanie i spożywanie nasion	cechy smakowe nasion	kolor, wielkość, tekstura, smak	wiele gatunków
		zmniejszenie zawartości toksycznych lub niesmacznych substancji	kasawa motylkowe

Tabela 2. Wzrost masy nasion i owoców pod wpływem selekcji naturalnej i sztucznej [20]

Gatunki dzikie	Masa 1000 nasion [g]	Gatunki uprawne	Masa 1000 nasion [g]	d : b
a	b	c	d	
Gatunki Starego Świata				
Triticum aegilopoides	10	*Triticum vulgare*	40	4
Secale montanum	7	*Secale cereale*	45	6
Pisum elatius	50	*Pisum sativum*	300	6
Lupinus jugoslavicus	190	*Lupinus albus*	1100	5
Gatunki Nowego Świata				
Zea diplosperennis	15	*Zea mays*	500	33
Phaseolus vulgaris	15	*Phaseolus vulgaris*	1100	66
Phaseolus coccineus	15	*Phaseolus coccineus*	250	166
Lupinus douglasi	30	*Lupinus metabilis*	2400	80

masową. Wiadomo, że selekcja indywidualna, szczególnie, gdy selekcjonowana cecha ujawnia się przed kwitnieniem, może być bardziej efektywna niż masowa.

Zachodzące zmiany były początkowo niewielkie lub mogły mieć charakter skokowy, jak to miało miejsce ze spontanicznie zachodzącymi mutacjami. Nie ulega jednak wątpliwości, że pojawiające się rośliny o korzystnych cechach były wysiewane na odrębnych poletkach, co ułatwiało ich krzyżowanie i ponowną selekcję. Dzięki temu wzmacniała się presja selekcyjna wywierana przez rolników na zmieniające się populacje.

Selekcję naturalną działającą w łanie wspierała selekcja sztuczna stosowana przez człowieka, której obiektem były zebrane nasiona. Człowiek do siewu zawsze wybierał nasiona największe, o pożądanych cechach smakowych i przydatności do spożycia.

Wiele cech wyselekcjonowanych w czasie procesu udomowienia miało niekorzystny charakter z punktu widzenia ich przetrwania w środowisku dzikim. W ten sposób wykształciła się wzajemna zależność pomiędzy roślinami udomowionymi a człowiekiem. Rośliny udomowione zginą bez pomocy człowieka, z kolei człowiek nie przetrwa bez roślin.

Genetyczne badania nad dziedziczeniem cech związanych z udomowieniem wykazały, że większość cech pojedynczych była kontrolowana przez allele recesywne znajdujące się w jednym locus. [19]. Wynika z tego, że tych genów było niewiele, przy czym duża część z nich charakteryzowała się silnym działaniem. Dodatkowo wiele z tych genów znajdowało się w niewielkiej liczbie grup sprzężeń ściśle ze sobą połączonych. Opisany typ dziedziczenia genów związanych z udomowieniem roślin jest efektem procesów selekcyjnych występujących w czasie udomowienia roślin. Nie ulega wątpliwości, że dziedziczenie cech opartych na silnie działających genach głównych, kontrolujących wysoce odziedziczalne cechy, zwiększało efektywność prowadzonej selekcji roślin podczas ich udomowienia. Jednocześnie trzeba podkreślić, że proces udomowienia związany był z mutacjami przekształcającymi geny dominujące w recesywne. Klasycznym przykładem takiego działania jest gen *tb1*, którego mutacja spowodowała zahamowanie krzewistości pędów teosinte i jej przekształcenie w jednopędową kukurydzę [9] oraz *tga1* odpowiedzialny za zmianę budowy ziarniaka kukurydzy polegającą na zmniejszeniu grubości i twardości okrywy nasiennej [19]. Dzięki pracy pierwotnych rolników obecna kukurydza tak odbiega wyglądem od swego przodka teosinte, że jeszcze niedawno rośliny te uważano za odrębne gatunki.

Na podstawie badań genetycznych można stwierdzić, że z 59 tys. genów stanowiących genom kukurydzy, 1200 było celem selekcji. Prawdopodobnie tylko 3500 roślin teosinte miało udział w tworzeniu genetycznej zmienności obecnej kukurydzy [10].

Badania zespołu Svante Paabo w Meksyku ustaliły, że już 4400 lat temu uprawna kukurydza zawierała takie same allele genów odpowiedzialnych za wzorzec rozgałęzienia pędu oraz jakość białka i skrobi zawartej w ziarniakach, jakie odnajdujemy we wszystkich współczesnych odmianach. Natomiast u teosinte allele te występują

zaledwie u 7–36% osobników, co ilustruje szybkie efekty silnej presji selekcyjnej, jaką wywarli pierwotni rolnicy [15].

Potwierdzeniem względnie prostego dziedziczenia pewnych cech związanych z udomowieniem roślin okazały się informacje opublikowane w marcowym numerze Science z 2006 roku [27]. Według tych danych zmniejszenie osypywania się nasion ryżu spowodowane zostało pojedynczą mutacją genu prowadzącą do zmiany składu aminokwasowego powstałego białka. Ta niewielka zmiana w DNA genu występująca w chromosomie 4 ryżu spowodowała , że ziarna nie wypadały z osadki kłosowej [27].

Względnie prosta genetyczna kontrola cech roślin związanych z ich udomowieniem, sugeruje, że proces udomowienia powinien przebiegać dość szybko. Jest oczywiste, że nie znamy czasu, w którym rośliny dzikie stawały się udomowionymi. Dysponujemy niewielką liczbą archeologicznych pozostałości zawierających jednocześnie formy dzikie i udomowione. Na podstawie istniejących danych można stwierdzić, że przejście z form dzikich do udomowionych, mierzonych zmianami fenotypu roślin, trwało około tysiąca lat [23]; oczywiście selekcja nie przebiegała 1000 lat bez przerwy.

Zastosowanie matematycznego modelowania w celu określenia szybkości reakcji na selekcję w celu wyeliminowania łamliwości osadki kłosowej u pszenicy einkorn (*Triticum monococcum*) determinowanej pojedynczym genem wykazało, że czas potrzebny do uzyskania frekwencji genu niełamliwości w granicach 90–95% w populacji pszenicy wynosi około 200 lat [11].

Jeszcze bardziej zaskakujące wyniki przyniosły badania nad mieszańcami teosinte i kukurydzy. Na wyselekcjonowanie wśród mieszańców, kukurydzy o współczesnych cechach potrzeba było tylko 10 generacji i populacji 20 osobników [9].

Operowanie mniejszymi populacjami, powodującymi większy zakres samozapylenia oraz silniejsza presja selekcyjna zwiększały efektywność selekcji. W praktyce nie jesteśmy ustalić, jak silna była presja selekcyjna, ponieważ brak danych archeologicznych. W związku z tym możemy stwierdzić, że proces udomowienia trwał dekady jeśli nie stulecia.

Jak stwierdzono, udomowienie roślin odbywało się w różnym czasie w różnych miejscach. Biorąc za podstawę ziemie Żyznego Półksiężyca (dorzecze rzek Eufrat i Tygrys), jako jedno z miejsc powstania rolnictwa stwierdzono, że na tym terenie rolnictwo rozwinęło się 8–9 tys lat p.n.e. i przesuwało się z szybkością 1–5 km rocznie w różnych kierunkach. Do północno-zachodniej Europy nowe gatunki roślin zwierząt dotarły około 4000–5000 lat p.n.e. [25].

W Nowym Świecie rodzimi Amerykanie, żyjący na terenie obecnego Meksysku, około 10 tys. lat temu zaczęli udomawiać teosinte (*Zea diploperennis*). Brak jest danych, jak długi był proces udomowienia, jednak wiadomo, że już około 4500 r. p.n.e. obecna udomowiona forma kukurydzy była znana w Ameryce [10].

W czasach nowożytnych głównym motorem przyrostu produkcji rolniczej było zwiększenie powierzchni ziemi uprawnej, odbywające się kosztem wycinania lasów

oraz zmiany w technice uprawy roślin. Plony roślin zwiększały się bardzo powoli, szczególnie na ziemiach polskich [1].

W Anglii plony pszenicy wynosiły 500 kg · ha^{-1} w latach 1200–1400 i zwiększyły się do około 1100 i 2000 kg w latach 1700 i 1800 [21].

W Polsce do połowy XII wieku średnia wysokość plonu roślin zbożowych była 2–2,5 razy większa w porównaniu z wysiewem. Na przełomie XIII/XIV wieku wydajność wzrosła do 3–4 ziaren z jednego wysianego. W XVI stuleciu plon wzrósł do 5 ziaren i pozostawał na podobnym poziomie do XVIII–XIX wieku. W latach 1850–1864 w Królestwie Polskim średnie plony żyta wynosiły 3–5 ziaren, pszenicy 4–5 i jęczmienia 3–5 z jednego wysianego [1].

Postęp hodowlany wyrażał się w zmianach gatunkowych uprawianych roślin i pojawianiu się nowych gatunków będących wynikiem udomowienia bądź aklimatyzacji (tab. 3) [6].

Tabela 3. Gatunki roślin uprawiane na ziemiach polskich [6]

Okres dziejów	Dominujące gatunki
2600 p.n.e.	pszenica samopsza, zbitokłosa, orkisz, płaskurka, jęczmień
1700–700 p.n.e.	proso wypiera pszenicę
700–400 p.n.e.	więcej prosa, pszenicę zastępuje żyto, jęczmień, owies; rozpowszechnia się bób, groch, soczewica, rzepak, rzepik, lnicznik, len, a także mak
V–VI w.	dominuje proso, także żyto, pszenica, jęczmień i owies; pojawia się len, konopie, bób, groch, bobik; znano ogórki, cebulę marchew
XI/XII w.	traci na znaczeniu proso, rośnie znaczenie żyta
XII–XV w.	pojawia się gryka i tatarka oraz wyka na paszę; zaczyna się uprawa mieszanek strączkowych
XIV w.	rozpowszechnia się uprawa rzepy, która staje się główną rośliną okopową
XVI–XVII w.	pojawiają się ziemniaki i buraki pastewne, fasola, tytoń, a później kukurydza
XVIII w.	pojawiają się kalarepa, kapusta, kalafiory, buraki, selery, pory, sałata i szparagi
XIX w.	rozpowszechnia się burak cukrowy, seradela i łubin, a pod koniec wieku – pomidor
XX w.	do uprawy wchodzi triticale; zmniejsza się liczba gatunków będących w uprawie

W pierwszych kilkunastu wiekach ery nowożytnej traci na znaczeniu proso, które było typową rośliną nowin, dominowało ono tam, gdzie podstawą wzrostu produkcji rolniczej była gospodarka żarowa (wypalanie lasów). W XIV wieku rozpowszechnia się uprawa rzepy, która staje się podstawową rośliną okopową. W XVI–XVII w. wieku pojawiają się na ziemiach polskich rośliny z Nowego Świata, ziemniaki i fasola. Rośliny z Nowego Świata rozprzestrzeniały się dość szybko po Europie. Pierwsze pisane wzmianki o tych roślinach pojawiły się 50 lat po pierwszej podróży Kolumba w 1492 roku. Większość z nich zaczyna być szeroka uprawiana w Europie po 100–150 latach od odkrycia Ameryki [6].

Początek XVIII wieku należy do ziemniaka. Udomowiony około 7 tys. lat p.n.e na obszarze dzisiejszego Peru, w formie kilkunastu klonów trafia do Europy na początku XVI w. Uprawiany początkowo, jako roślina ozdobna i lecznicza, szybko się rozprzestrzenia, stając się na początku XVIII wieku, podstawowym produktem żywnościowym Europy [31]. Najbardziej popularny jest w Irlandii i Anglii. Dzięki niemu ludność Irlandii wynosząca około 3 mln w XVI wieku wzrosła do 8 mln w 1840 r. Oparcie narodowego żywienia na ziemniaku spowodowało, że kiedy w latach 1845, 1846 i 1848 pojawiło się porażenie upraw przez zarazę ziemniaczaną, milion ludzi umarło z głodu, a drugi milion wyemigrował do Ameryki [21].

Podsumowując, można stwierdzić, że wiele obecnie uprawianych roślin jest wynikiem genetycznych modyfikacji, które miały miejsce w wielu miejscach świata wiele tysięcy lat temu. W neolicie proces udomowienia trwał minimum 1000 maksimum 7000 lat. Starożytnym rolnikom zawdzięczamy wyselekcjonowanie większości ważnych rolniczo roślin o cechach, które niewiele zmieniły się przez następne tysiąclecia. Dzięki udomowieniu roślin, oraz stopniowemu rozwojowi rolnictwa w zróżnicowanych środowiskach, w wielu miejscach świata powstawały ekotypy (odmiany miejscowe), bardzo dobrze dostosowane do lokalnych warunków, które obecnie są źródłem pożądanych genów.

Jednocześnie można stwierdzić, że już w okresie neolitu po raz pierwszy w historii ludzkości nastąpiło zawężenie zmienności genetycznej uprawianych gatunków roślin. Proces ten zachodził poprzez szybkie rozprzestrzenianie się nowych pożądanych przez człowieka form roślin. Rewolucja neolityczna jest pierwszą w historii rolnictwa, której istotą było wyhodowanie nowych form roślin, co z kolei spowodowało zmiany w sposobie ich uprawy i zwiększenie produkcji żywności.

Pod koniec pierwszego okresu rozwoju hodowli roślin postęp hodowlany dokonał się poprzez udomowianie lokalnych gatunków roślin i aklimatyzację nowych przywiezionych z Nowego Świata. Dzięki temu w wielu krajach świata w XVIII i XIX wieku nastąpił istotny wzrost produkcji rolniczej, co stworzyło podstawy do wzrostu liczby ludności i rewolucji przemysłowej.

Postęp hodowlany od początku naukowej hodowli roślin do lat dziewięćdziesiątych XX wieku

Intensywny rozwój naukowej hodowli roślin zaczął się od połowy XIX wieku. W tym okresie dominowała hodowla buraka cukrowego oraz w mniejszym zakresie ziemniaka [31]. Stopniowo hodowla ziemniaka wytworzyła wiele odmian o odmiennym przeznaczeniu. Według Sempołowskiego [28] pod koniec XIX wieku uprawiano na ziemiach polskich ponad 20 odmian o różnej wczesności wykorzystywanych głównie na paszę i do bezpośredniego spożycia. Obecnie w European Cultivated

Potato Database znajduje się 4120 odmian ziemniaka sklasyfikowanych według 208 szczegółowych cech. Jest to miara postępu hodowlanego tej rośliny.

Na początku XIX wieku w Europie zaczęła się uprawa buraka cukrowego. Przyczynił się do tego dekret Napoleona I o blokadzie importu cukru trzcinowego. Pierwsze formy hodowlane buraka plonowały na poziomie 100 dt, zawartość cukru wynosiła 3–5%. Pod koniec XIX wieku zawartość cukru wzrasta w tempie 0,1% na rok. W 1922 roku odmiana AJ-1, polskiej firmy hodowlanej Aleksander Janasz i Ska, w doświadczeniach odmianowych, osiągnęła nie pobity dotychczas rekord zawartości cukru w burakach wynoszący 22%, przy plonie około 200 dt. Obecne odmiany w odpowiednich warunkach uprawy mogą dać plony 700–800 dt przy zawartości cukru 17–18%. Pozwala to na uzyskanie średniego plonu cukru we Francji i Wielkiej Brytanii na poziomie 10 $t \cdot ha^{-1}$. W ostatnich kilku latach postęp hodowlany w wypadku buraka polega na hodowaniu odmian tolerancyjnych lub odpornych na rizomanię, chwościka i mątwika buraczanego.

Ogromny postęp nastąpił w hodowli kukurydzy. Wprowadzenie w USA mieszańców tego gatunku przyczyniło się do zwiększenia średniego krajowego plonu ziarna z poziomu 1,5 $t \cdot ha^{-1}$ w1865 roku do 9 t w 2003. W latach 1865–1930, kiedy to w uprawie dominowały odmiany populacyjne, plon ziarna wzrastał o 1 $kg \cdot ha^{-1} \cdot rok^{-1}$, w latach 1930–1965, kiedy przeważały podwójne mieszańce, przyrost plonu wynosił 63,1 $kg \cdot ha^{-1} \cdot rok^{-1}$, a od 1965 roku, gdy do uprawy weszły mieszańce pojedyncze, plon ziarna wzrastał o 113 $kg \cdot ha^{-1} \cdot rok^{-1}$ [32]. Jest oczywiste, że efekt heterozji w mieszańcach pojedynczych jest najwyższy w porównaniu z dwoma pozostałymi typami odmian. Nastąpiło również zmniejszenie wrażliwości kukurydzy na chłody co skutkowało przesunięciem jej plantacji na północ.

W 1963 r. odkryto, że pewne formy kukurydzy pochodzącej z Andów zawierają w ziarniakach znacznie więcej tryptofanu i lizyny – aminokwasów egzogennych. Kukurydza ta plonowała jednocześnie na niskim poziomie i była wrażliwa na choroby i szkodniki. Po 30 latach pracy Vasal i Villegas [35] z CIMMYT otrzymali Quality Protein Maize (QPM), czyli kukurydzę, która niczym nie różniła się od zwykłej kukurydzy, a zawierała dwukrotnie więcej tryptofanu i lizyny. Ma to ogromne znaczenie w zwalczaniu niedożywienia dzieci w świecie i podniesieniu efektywności żywienia trzody chlewnej i drobiu. W 2003 roku odmiany QPM były uprawiane na ponad 3,5 mln ha. W dowód uznania Vasal i Villegas otrzymali w 2000 roku Światową Nagrodę Żywnościową [35].

Duży postęp nastąpił w hodowli roślin przemysłowych. Pojawiły się odmiany rzepaku dwuzerowe pozbawione kwasu erukowego i glukozynolanów. Dzięki heterozji opartej na męskiej sterylności wzrósł również plon nasion. Ostatnio uzyskano karłowego mutanta *NDF1* o wysokości 70 cm, został on włączony do programów hodowli heterozyjnej rzepaku dwuzerowego. Wstępne wyniki potwierdzają zwiększenie plonu nasion dzięki poprawie współczynnika plonowania [33].

Najważniejszym wydarzeniem drugiego etapu hodowli roślin była „Zielona Rewolucja". W 1968 roku administrator US Agency for International Development

napisał w raporcie dla rządu amerykańskiego, że w ostatnich kilku latach w Indiach i Pakistanie nastąpił niespotykany dotychczas kilkumilionowy przyrost produkcji pszenicy, co wygląda jak zielona rewolucja. Termin ten przyjął się na określenie zwiększenia produkcji żywności w wyniku wprowadzenia do uprawy nowych odmian pszenicy, ryżu, kukurydzy i innych zbóż w latach sześćdziesiątych. Nowe odmiany, szczególnie pszenicy, stanowiły ogromny postęp w stosunku do poprzednich i charakteryzowały się następującymi cechami [16]:

— Niewrażliwością na fotoperiod, ponieważ Borlaug selekcjonował je w różnych miejscach świata i odmiennych środowiskach. Dzięki temu mogły być uprawiane od Argentyny po Szwecję. W Polsce uprawiane były indyjskie pszenice jare o pięknych nazwach: Soraja, Sonora, Kalyansona.
— Odpornością na choroby, przede wszystkim na rdze.
— Wysokim potencjałem plonowania w stosunku do odmian starych.
— Dużymi nakładami środków produkcji w postaci nawozów, pestycydów czy maszyn.

Zwiększenie plonu uzyskano poprzez skrócenie źdźbła. Donorem genów krótkiego źdźbła pszenicy była odmiana Norin 10 odkryta po wojnie w Japonii i przesłana do kolekcji w Beltsville w USA. W wypadku ryżu gen karłowatości *Sd1* stwierdzono u spontanicznego mutanta DGWG [36].

Skrócenie źdźbła z kolei pozwoliło na zwiększenie nawożenia [2] i nawadniania. Nowoczesne krótkosłome odmiany ryżu charakteryzują się trzykrotnie większym współczynnikiem wykorzystania wody niż odmiany tradycyjne. Według FAO zużycie wody na jednostkę masy plonu zmniejszyło się dwukrotnie w latach 1961–2001 [16].

Nowe odmiany nie tylko reagowały bardziej pozytywnie na duże dawki nawozów mineralnych, ale potrafiły bardziej efektywnie je wykorzystać. Stare odmiany ryżu produkowały 10 kg dodatkowego ziarna w przeliczeniu na każdy kilogram azotu, podczas gdy nowe odmiany 20–25 kg. Odmiany pszenicy i ryżu były także bardziej odporne na choroby, ponieważ zawierały wiele genów odporności pochodzących z różnych źródeł i determinujących różne rodzaje odporności [16].

Posługując się metodami regresji wielokrotnej Austin i in. [3] stwierdzili, że przez około 150 lat uprawy pszenicy w Anglii (1839–1986) postęp hodowlany wyrażał się w:

— wzroście plonu ziarna o 59%, czyli o około 24 kg · rok^{-1},
— skróceniu słomy o 46%, przy jednoczesnym zmniejszeniu plonu słomy o 21%,
— zwiększeniu współczynnika plonowania o 20%,
— wzroście liczby ziaren w kłosie o 34%, a liczby kłosów na 1 m^2 o 14%.

Szczegółowe porównanie cech roślin należących do 4 grup odmian pszenicy uprawianych w latach 1839–1907, 1908–1916, 1953–1972 i 1981–1986 przedstawiono w tabeli 4.

Nowe odmiany „Zielonej Rewolucji" szybko stały się bardzo popularne. W latach dziewięćdziesiątych 75% powierzchni plantacji ryżu w Azji, 50% powierzchni uprawy pszenicy oraz ponad 50% plantacji pszenicy w Ameryce Łacińskiej i Azji

Tabela 4. Charakterystyka odmian pszenicy ozimej uprawianych w Anglii w latach 1839–1986 Austin [2]

Cechy odmian	Rok wprowadzenia odmian do uprawy			
	1839–1907	1908–1916	1953–1972	1981–1986
Plon ziarna [dt · ha^{-1}]	59,4	65,5	78,7	94,7
Plon słomy [dt · ha^{-1}]	99,5	98,3	81,4	78,4
Plon ziarna · plon słomy^{-1}	0,60	0,67	0,97	1,21
Długość słomy [cm]	145	134	96	78
Liczba kłosów na 1 m^2	393	406	402	447
Masa 1000 ziaren [g]	50,9	49,8	59,7	51,5
Liczba ziaren w kłosie [szt.]	32,2	34,5	33,4	42,0
Plon biomasy [g · m^{-2}]	1500	1541	1484	1588
Współczynnik plonowania [%]	34	36	45	5
Data kłoszenia [liczba dni od 1.06]	17	14	11	8
Data kwitnienia [liczba dni od 1.06]	22	20	18	16
Czas wypełniania ziarna [dni]	48	48	50	51

było obsiewanych nowymi wysokoplonującymi odmianami. Pomimo spektakularnego sukcesu i wzrostu produkcji żywności, w latach dziewięćdziesiątych, 786 mln ludzi w krajach rozwijających się pozostawało głodnych, ponieważ problem wyżywienia świata wymaga woli politycznej i finansów. Nie jest to głównie problem produkcji czy dystrybucji żywności [4].

Przeciwnicy „Zielonej Rewolucji" podkreślają, że powiększyła ona nierówności pomiędzy biednymi i bogatymi, ponieważ nowe odmiany wymagały dużego nakładu środków produkcji. Najbiedniejsi zostali znowu pozostawieni samym sobie. Negatywnie wpłynęła również na bioróżnorodność, 90% lokalnych odmian niektórych gatunków zostało straconych.

Podsumowując, zakres postępu hodowlanego w drugim etapie rozwoju hodowli roślin, można stwierdzić, że dokonał się on głownie dzięki:

— odkryciu i wykorzystaniu w praktyce efektu heterozji na początku XX wieku;
— odkryciu genów karłowatości u wielu gatunków roślin, co umożliwiło poprawę współczynnika plonowania; formy karłowe charakteryzują się mniejszą biosyntezą gibereliny GA_3 lub większą szybkością jej rozkładu;
— lepszemu wykorzystaniu bioróżnorodności, szczególnie jeśli chodzi o poprawę cech jakościowych oraz tolerancji czy odporności na stresy biotyczne i abiotyczne.

Ponadto, szczególnie pod koniec drugiego okresu hodowli, można obserwować zmianę znaczenia różnych kierunków hodowli. Traci na znaczeniu hodowla bezpośrednio ukierunkowana na poprawę plonu, natomiast nabiera znaczenia hodowla jakościowa i odpornościowa.

Według Duvicka i Cassmana, [7] w ciągu ostatnich 30 lat, w północno-centralnych stanach USA nastąpiła stagnacja plonowania kukurydzy. Przyczyny tego stanu były następujące:

— nakłady na prace hodowlane zmierzające w kierunku wzrostu plonu, liczone w stosunku do całkowitych nakładów na hodowlę kukurydzy zmniejszyły się o 75% w okresie ostatnich 30 lat;
— zwiększony udział sektora prywatnego w hodowli i badaniach naukowych, prawo własności intelektualnej spowodowały ukierunkowanie hodowli na poprawę jakości końcowego produktu; często poprawę jakości osiąga się kosztem plonu.

Inną cechą postępu hodowlanego drugiego etapu hodowli jest szybkość jego wprowadzania. Duvick [8] wykazał, że po 5 i 10 latach od przezwyciężenia technicznych trudności w stanie Iowa i całych USA, odmiany mieszańcowe kukurydzy były uprawiane na ponad 50% areału zajmowanego przez tę roślinę. W Kalifornii cała powierzchnia uprawy pszenicy była opanowana przez krótkosłome odmiany w ciągu 2 lat. Również w krajach rozwijających się, takich jak Filipiny, wysoko plonujące odmiany ryżu były uprawiane po 5 latach od ich wprowadzenia.

„Rewolucja Genowa” – od końca lat dziewięćdziesiątych XX wieku

Postęp hodowlany w tym okresie był określany przez dwa czynniki;

1. Wprowadzenie w 1996 roku do uprawy odmian transgenicznych.
2. Poszerzenie wykorzystywanej przez hodowców zmienności genetycznej.

W 1996 roku po raz pierwszy w historii rolnictwa pojawiły się w uprawie odmiany transgeniczne – handlowe odmiany bawełny, kukurydzy i ziemniaków, zawierające geny z bakterii *Bacillus thuringensis*, produkujące toksyczne dla owadów tzw. białko *Bt*, efektywnie zwalczają wiele szkodników roślin. Firma Monsanto uzyskała roślinę ziemniaka, która białko *Bt* ma tylko w liściach.

Istotny postęp dokonał się w odmianach transgenicznych bawełny, buraka cukrowego, kukurydzy, rzepaku, soi i pszenicy, tolerancyjnych na herbicydy totalne. Dzięki temu można istotnie zmniejszyć zużycie pestycydów i zatrucie środowiska.

Inny kierunek hodowli transgenicznych roślin zbożowych to większa ich tolerancja na kwasowość gleby i wysoką zawartość jonów glinu i żelaza. Te odmiany mogą rosnąć na glebach zdegradowanych, tworzących się w wyniku intensywnego nawadniania pól w określonych środowiskach [4].

Geny zapewniające odporność na wiele wirusów zostały wprowadzone do tytoniu, ziemniaka, pomidora i ryżu.

Większa tolerancja na stresy abiotyczne, takie jak susza, niska lub wysoka temperatura, pozwoli zwiększyć plonowanie bezpośrednio lub pośrednio poprzez uzyskiwanie dwóch zbiorów w roku.

Istnieją także dowody na to, że będziemy zdolni do lepszego wykorzystywania nawozów przez genetycznie modyfikowaną pszenicę i inne rośliny mające wysoki poziom dehydrogenazy glutaminianowej. Transgeniczna pszenica, charakteryzująca się wysokim poziomem dehydrogenazy glutaminianowej, plonowała o 29% wyżej przy takim samym poziomie nawożenia niż standardowa pszenica [29].

Możliwości poprawy jakości naszych roślin poprzez ich transgenezę są również bardzo duże. Odmiany QPM kukurydzy o wysokiej zawartości lizyny i tryptofanu były hodowane przez 35 lat. Genetyczna inżynieria może pomóc w uzyskaniu podobnych odmian 20 lat szybciej.

Zespół Potrykusa i Beyera [24] doniósł o wyhodowaniu tzw „złotego ryżu" wzbogaconego w beta-karoten, barwnik przetwarzany przez organizm w witaminę A. Dwa miliardy ludzi w świecie cierpi na niedobór żelaza, ponad milion dzieci rocznie umiera z powodu braku witaminy A. W 2005 roku został wyhodowany złoty ryż-2, wytwarzający 23 razy więcej karetonoidów niż złoty ryż-1, dzięki wprowadzeniu genu syntazy fitoenowej (*psy*) z kukurydzy w połączeniu z desaturazą karotenową (*crtI*) z bakterii *Erwinia uredovora* [22].

W 2004 roku przeprowadzono po raz pierwszy doświadczenia polowe ze złotym ryżem-2 na Uniwersytecie w Luizjanie. Okazało się, że w warunkach polowych wytwarza on 3–4 więcej beta-karotenu niż w szklarni [22]. W 2005 Beyer uzyskał dodatkowe fundusze na wzbogacenie złotego ryżu w witaminę E, żelazo, cynk i poprawę jakości białka [Internet].

Od 1996 roku do 2005 roku światowa powierzchnia uprawy roślin transgenicznych wzrosła z 1,7 mln do 90 mln ha, czyli 53-krotnie [18]. Około 38% powierzchni uprawy znajduje się w krajach rozwijających się. Z krajów Unii Europejskiej, do Hiszpanii uprawiającej dotychczas odmiany transgeniczne, w 2005 roku dołączyły Czechy, Francja, Niemcy i Portugalia. Z krajów europejskich również Rumunia uprawia więcej niż 50 tys. ha transgenicznej soi.

Uprawa odmian genetycznie zmodyfikowanych dotyczy głównie 4 gatunków: soi uprawianej na powierzchni 54,4 mln ha (60% powierzchni upraw transgenicznych), kukurydzy – 21,2 mln ha (24%), bawełny 9,8 mln ha (11%) i rzepaku (canola) – 4,6 mln ha (5%) [18].

Biorąc pod uwagę zmodyfikowane cechy, najbardziej popularna była tolerancja na herbicydy (71% całkowitej powierzchni uprawy roślin transgenicznych), następnie odporność na owady (18%). Rośnie również powierzchnia upraw podwójnie zmodyfikowanych, czyli tolerancyjnych na herbicydy i odpornych na owady (11%) [18].

Zakładając, że globalna wartość rynku ochrony roślin i nasion wynosiła w 2004 r. odpowiednio 34,02 i 30 mld USD, to wartość rynku roślin genetycznie zmodyfikowanych wynosiła 5,25 mld USD, czyli odpowiednio 15% i 18%. Wartość rynku obliczona jest na podstawie cen sprzedaży nasion plus opłaty za zastosowane technologie [18].

Całkowita wartość produkcji z roślin genetycznie zmodyfikowanych wynosiła 44 mld USD w 2003 roku. Zysk netto dla producentów uprawiających rośliny transgeniczne wynosił w USA i Argentynie, odpowiednio 1,9 i 1,7 mld USD [18].

Tabela 5. Potencjalny efekt wprowadzenia wybranych roślin transgenicznych w Europie Gionesi, Sankula i Reigner [12]

Roślina	Cecha	Powierzchnia uprawy [mln ha]	Redukcja zużycia pestycydów [t]	Plon [mln t]	Dochód [mln E]
Kukurydza	odporność na owady	1,6	–53	+1,9	+249
Burak cukrowy	tolerancja na herbicydy	1,7	–2208	+5,1	+390
Ziemniak	odporność na zarazę	1,2	–7513	+0,9	+417
Razem		4,5	–9774	+7,9	+1056

W Europie dokonano analizy potencjalnego wpływu wprowadzenia do uprawy transgenicznej kukurydzy odpornej na owady, buraka tolerancyjnego na herbicydy totalne i ziemniaka odpornego na zarazę ziemniaka [12]. Założono, że uprawa kukurydzy będzie prowadzona w czterech krajach, buraka cukrowego w ośmiu i ziemniaka w dwunastu. Zbiorcze wyniki analizy przedstawiono w tabeli 5. Jak wynika z przedstawionych danych, zużycie pestycydów w 12 krajach Europy zmniejszyłoby się o 10 tys. t, plon trzech roślin wzrósł w sumie o 8 mln t, a zysk farmerów o 1 mld euro.

Dzięki rozwojowi inżynierii genetycznej jesteśmy w stanie wprowadzać do roślin transgenicznych geny pochodzące z wielu źródeł, teoretycznie możemy korzystać z puli genowej całej przyrody ożywionej. Jest to niesłychanie ważne, ponieważ dotychczas hodowca miał ograniczoną możliwość krzyżowania w obrębie tych samych lub blisko spokrewnionych gatunków. Kryterium celowości krzyżowania w celu uzyskania nowej zmienności genetycznej była płodność potomstwa.

Klasycznym przykładem wykorzystania genów z różnych puli genowych jest „złoty ryż", który powstał po wprowadzeniu do zwykłego ryżu 2 genów z żonkila i jednego z bakterii *Ervinia uredovora* [24].

Postęp hodowlany w przyszłości

Postęp hodowlany w przyszłości będzie determinowany przez:

1. Zwiększenie powierzchni uprawy odmian transgenicznych oraz rozwój genetyki i hodowli z wykorzystaniem metod biologii molekularnej, co stworzy możliwości tańszego tworzenia nowych odmian;
2. Zintegrowanie ale jednocześnie coraz większe współzawodnictwo pomiędzy klasyczną hodowlą roślin a biotechnologią.
3. Czynniki socjologiczne, ekonomiczne oraz polityczne determinujące akceptację przez społeczeństwa form transgenicznych.

W ostatnich kilku latach powierzchnia zasiewów odmian transgenicznych rośnie o kilkanaście procent w ciągu roku. Kontynentem, który zdecydowanie negatywnie

odnosi się do roślin genetycznie zmodyfikowanych jest Europa. Zwiększenie powierzchni upraw, szczególnie wśród krajów rozwiniętych, jest konieczne dla firm hodowlanych, ponieważ dzięki temu uzyskają one fundusze na komercjalizację nowych odmian. Koszt hodowli jednej odmiany transgenicznej był początkowo szacowany na 5 mln USD, obecnie wzrósł do 60 mln USD [14].

Wyhodowanie linii wsobnej, która może być odmianą, metodami klasycznej hodowli, kosztuje około 1 mln USD. Oznacza to, że skomercjalizowanie wprowadzenie do uprawy odmiany transgenicznej jest 50–60 razy droższe niż w wypadku konwencjonalnej hodowli. Oznacza to również, że aby odmiana transgeniczna została zaakceptowana przez farmerów, musi zawierać niespotykane w przyrodzie cechy. Tylko wtedy farmerzy mogą zarobić na uprawie nowych odmian. Przy niskich cenach za surowce rolnicze, uzyskanie zysku przez farmerów jest trudne. Aby pokonać ten problem, firmy hodowlane sprzedają nasiona odmian transgenicznych po cenach pokrywających 30% kosztów hodowli [14].

Aby dokonał się kolejny postęp w hodowli roślin, inżynieria genetyczna musi przezwyciężyć kilka problemów, które hamują możliwości handlowego tworzenia nowych odmian. Obecnie inżynieria genetyczna koncentruje się na przenoszeniu genów głównych o silnym działaniu. Natomiast większość cech interesujących rolnika determinowana jest poligenicznie. Sukces polegający na przeniesieniu wielu genów o słabszym, ale kumulatywnym działaniu, zakładając nawet stałość ich ekspresji, nie jest tak pewny [34].

Innym problemem jest ograniczenie miejsca ekspresji transgenów wyłącznie do pożądanych tkanek, organów lub okresu wegetacji. Jednym ze sposobów ominięcia problemu ekspresji konstytutywnej jest uzyskanie roślin transgenicznych, u których wprowadzone geny lub odpowiednie konstrukcje genowe będą ulegały ekspresji tylko w określonych organach rośliny (najlepiej w nieprzeznaczonych do bezpośredniego spożycia lub np. specyficznie w miejscu infekcji patogena) i w określonym czasie. Takie podejście wydaje się korzystne zarówno dla rośliny, jak również dla potencjalnych konsumentów. Kluczowe znaczenie dla realizacji takiego celu ma poszerzająca się wciąż wiedza na temat aktywności rejonów regulatorowych (promotorów). Stosunkowo niedawno rozpoczęto prace badawcze nad tworzeniem tzw. promotorów syntetycznych zawierających ściśle określone elementy regulatorowe *cis*, które mają za zadanie zredukowanie złożoności profili ekspresyjnych kontrolowanych genów [16, 26]. Obecnie, odnalezienie takiego zestawu elementów *cis*, który byłby aktywowany w pożądany sposób i miejscu, jest nadal trudnym zadaniem. Dlatego też poszukiwanie nowych promotorów oraz analiza szczegółowa elementów regulatorowych *cis*, obok pozyskiwania „nowych" genów, jest wysoce pożądana.

Dodatkowym problemem, który powinien być rozwiązany w przyszłości, jest brak precyzji dotyczący miejsca w genomie, gdzie dany gen powinien zostać wprowadzony. Idealny układ byłby wtedy, gdy transgen zostanie zintegrowany z genomem biorcy, tak aby dawał stabilną ekspresję, a ekspresja genów biorcy nie była zakłócana

lub wyciszana. Precyzyjna integracja transgenów z wykorzystaniem homologicznej rekombinacji możliwa u drożdży, zawodzi u roślin wyższych [34].

Ogromne znaczenie dla przyszłości zarówno klasycznej hodowli roślin, jak i biotechnologii ma poznanie genomu podstawowych roślin uprawnych. Najbardziej zaawansowane badania dotyczą zbóż. Wykazały one, że pszenica, ryż, kukurydza, jęczmień, sorgo, a także inne trawy są znacznie bliżej spokrewnione niż dotychczas sądzono. Poszczególne gatunki oddzieliły się od siebie 50–70 milionów lat temu, zasiedlając odrębne regiony świata. Oznacza to, że ich struktura genetyczna jest bardzo zbliżona. Poznano już genom ryżu, składający się 430 mln par nukleotydów. Sekwencjonowanie genomu kukurydzy i innych gatunków roślin jest obecnie realizowane. Pozwoli to zlokalizować nie tylko geny, ale określić ich funkcje, co powinno umożliwić ich przeniesienie i włączenie do najlepszych odmian [15].

Podstawowym zadaniem rolnictwa jest dostarczenie żywności dla szybko zwiększającej się ludności globu. Jest oczywiste, że zadanie to może być osiągnięte przy ścisłym współdziałaniu biotechnologii i klasycznej hodowli roślin z jednej strony, a z drugiej fizjologów, biochemików, statystyków i rolników.

Bez głębszego zrozumienia fizjologicznych procesów determinujących wielkość i jakość plonu, wiara, że biotechnologia pozwoli skoncentrować w jednej roślinie pożądane „geny plonowania" jest złudna. W związku z tym klasyczna hodowla roślin będzie musiała zacieśnić swe więzy z biotechnologią na etapie określenia funkcjonowania transgenów i końcowych etapach komercjalizacji odmian.

Biotechnologia pozwoli hodowcom określić dość szczegółowo szlaki syntezy różnych związków chemicznych wpływających na przebieg procesów fizjologicznych, które pozwalają roślinie wyrazić swój genetyczny potencjał. Ponadto powstaną rośliny charakteryzujące się nowymi cechami jakościowymi, zdolne do produkcji różnych związków chemicznych, takich jak plastyki czy farmaceutyki.

Należy również pamiętać o fakcie współzawodniczenia biotechnologii i hodowli klasycznej, jeśli chodzi o jej efekty, czas hodowli i przede wszystkim ich koszty.

Wiele osób uważa, że przyszłość hodowli roślin leży w genomice, szczególnie jeśli weźmie się pod uwagę krótszy czas potrzebny do uzyskania odmian transgenicznych. Jest jednak nieprawdą, że transgeniczna odmiana może być stworzona, przebadana i zaoferowana do sprzedaży w okresie 10 lat [13].

Owadobójcze działanie białka produkowanego przez *Bacilluss thuringensis* było znane od lat pięćdziesiątych. Pierwszy gen kodujący białko *Bt* został sklonowany w 1981 roku, regulację działania tego genu poznano w 1986 roku. Wprowadzenie konstruktu z tym genem do kukurydzy nastąpiło w 1990 r., a transgeniczna odmiana została sprzedana w 1997 roku. Upłynęło więc 16 lat od momentu sklonowania pożądanego genu. W takim samym czasie można uzyskać klasyczną odmianę, nie uwzględniając oczywiście odrębności gatunkowej roślin i bakterii [14].

Klasyczna hodowla zwiększa plony o 1–2% rocznie, wpływając jednocześnie korzystnie na niektóre inne cechy. Oznacza to, że odmiana transgeniczna, której

wyhodowanie trwa około 15 lat, musi plonować wyżej o 15–30% od klasycznych odmian lub zawierać wyjątkowo korzystne dla użytkownika cechy. Uzyskanie przyrostu plonów w granicach 30% jest bardzo wątpliwe nawet poprzez transgenezę. Nie ulega natomiast wątpliwości, że uzyskanie roślin transgenicznych i włączenie ich do programów klasycznej hodowli może dać bardzo obiecujące efekty [14].

Ogromną rolę w ilościowym i jakościowym kształtowaniu się postępu hodowlanego w przyszłości będą odgrywać uwarunkowania socjologiczne, ekonomiczne i polityczne. Po raz pierwszy w historii rozwoju nauki i rolnictwa, tak duża część ludzkości nie nadąża mentalnie za zachodzącymi zmianami. Taka sytuacja rodzi obawy o bezpieczeństwo łańcucha żywnościowego, co z kolei podważa sens wprowadzenia do uprawy odmian transgenicznych.

Zupełnie nieoczekiwanie Polska stała się liderem takich postaw, ponieważ nie tak dawno Rząd w projekcie ustawy zakazał nawet prowadzenia badań nad organizmami genetycznie zmodyfikowanymi. Takie stanowisko przejdzie do historii nauki, tym bardziej, że kojarzy się to z działalnością T. Łysenki – ojca „agrobiologii", który zakazywał prowadzenia badań genetycznych, jako niesłusznych ideologicznie.

Aby pokonać obawy ludzi przed organizmami genetycznie zmodyfikowanymi, potrzebna jest edukacja społeczeństw [4]. Oczywiście bogate społeczeństwa krajów rozwiniętych mogą sobie pozwolić na luksus wyboru produktów genetycznie zmodyfikowanych i konwencjonalnych. Takiego wyboru w wielu wypadkach nie mają głodujące, biedne społeczeństwa afrykańskie. Jednocześnie nikt nie powinien mieć złudzeń, że wymagane do 2025 roku podwojenie produkcji żywności może się dokonać za pomocą tradycyjnych odmian lub tym bardziej rolnictwa organicznego. Czy wprowadzenie do uprawy w Afryce i Azji, „złotego ryżu" zapobiegającego ślepnięciu 5000 dzieci dziennie, jest tylko „koniem trojańskim" służącym zwiększeniu uprawy odmian transgenicznych, czy rzeczywiście może przezwyciężyć choć w małej części niedożywienie i choroby [4]?

Podsumowanie

Dzięki naturalnej i sztucznej selekcji stosowanej przez człowieka uzyskano rośliny udomowione. Właściwości tych roślin były bardzo podobne do dzisiaj uprawianych gatunków. W okresie naukowej hodowli roślin, postęp w polepszaniu wielkości i jakości plonów był uzyskiwany dzięki wykorzystaniu zjawiska heterozji, bioróżnorodności oraz genów determinujących skrócenie źdźbła. Społeczeństwa krajów rozwiniętych obawiają się wprowadzenia do uprawy odmian transgenicznych. Ich obawy pobudzane są przez media, które dostarczają nie w pełni prawdziwych informacji o potencjalnych niebezpieczeństwach związanych z uprawą roślin transgenicznych. Obecnie jest oczywiste, że tylko połączenie wysiłków klasycznej hodowli roślin oraz biotechnologii może zapewnić żywność dla szybko zwiększającej się ludności świata.

Literatura

[1] Arnold. S., Baranowski B., Hensel W., Leskiewiczowa J., Łowmiański H., Topolski J., Zawistowicz-Adamska K., Żabko-Potopowicz A. 1964. Zarys historii gospodarstwa wiejskiego w Polsce. T1-3. PWRiL. Warszawa: 1– 1205

[2] Austin R.B., Ford M.A. 1989. Effect of nitrogen fertilizer on the performance of old and new values of winter wheat. Proc. XII Congress of Eucarpia. 12–16.09. Gottingen, 142–151.

[3] Austin R.B., Ford M.A, Morgan C.L. 1989. Genetic improvement in the field of winter wheat: a further evaluation. *J.Agic. Sc*. 112: 295–301.

[4] Borlaug E.N. 2000. Ending World Hunger. The promise of biotechnology and the threat of antiscience zealotry. *Plant Physiology* 124: 487–490.

[5] Borlaug E.N. 2003. From the Green Revolution to the Gene Revolution. Our 21st century challenge. University of Minnesota.10.10.2003: 1–5.

[6] Byszewski W., Podlaski S. 1976. Przekształcanie okrywy gruntów uprawnych pod wpływem nowoczesnej agrotechniki. *Zeszyty Probl. Post. Nauk Rol.* 177: 419–425.

[7] Duvick D.N., Cassman K.G. 1999. Post Green Revolution trends in yield potential of temperate maize in North-Central United States. *Crop Sc*. 39: 1622–1630.

[8] Duvick D. 2001. Biotechnology in the 1930s. The development of hybrid maize. *Nature Rev. Genet.* 2: 69–74.

[9] Fedoroff V.N. 2003. Prehistoric GM corn. *Science* 302: 1158–1159.

[10] Gaut I.B. 2006. Scientists trace corn ancestry from ancient grass to modern *Crop. Sci.* 27: 1158–1161.

[11] Gepts P. 2002. A comparison between crop domestication, classical plant breeding and genetic engineering. *Crop Sci*. 42: 1790–1790.

[12] Gionesi L., Sankula S., Reigner N. 2003. Plant biotechnology. Potential impact for improving pest management in European agriculture. The National Center for Food and Agricultural Policy: 1–8.

[13] Goodman M.M, Carson M. 2000. Reality vs myth. Corn breeding exotic and genetic engineering. *Ann.Corn Sorgum Res. Conf. Proc*. 55: 149–172.

[14] Goodman M.M. 2004. Plant breeding requirements for applied molecular biology. Symposium on Genomics and Plant Breeding: The Experience of the Initiative for Future Agricultural and Food Systems. *Crop Sci.* 44: 1913–1914.

[15] Goff A.S., Salmeron M.J. 2004. Skarb ukryty w genomach zbóż. *Świat Nauki* 32: 33–39.

[16] Gurr S.J, Rushton P.J. 2005. Engineering plants with increased disease resistance: how are we going to express it? *Trends Biotechnol.* 23(6): 283–290.

[17] Harlan J.R. 1992. Crops and man. 2nd ed., ASA, Madison, WI: 1–355.

[18] James C. 2005. Global status of commercialized Biotech/GM crops: 2005. International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications.Executive Summary. Brief 34. 8–15.

[19] Ladizinsky G. 1985.Founder effect in crop-plant revolution. *Econ.Bot*. 39. 191–198.

[20] Nowiński M. 1970. Dzieje upraw i roślin uprawnych. PWRiL: 1– 358.

[21] Overton M.1996. Agricultural revolution in England:The transformation of the Agrarian Economy 1500–1850.Cambridge University Press: 1 – 272.

[22] Paine J.A., Shipton C.A., Chaggar S., Howells R.M., Kennedy M.J., Vernon G., Wright S.Y., Hinchliffe E., Adams J.L., Silverstone A.L., Drake R. 2005. Improving the nutritional value of Golden Rice through increased pro-vitamin A content. *Natl. Biotechnol.* 23(4): 482–87.

[23] Piperno D.R., Flannery K.V. 2001. The earliest archeological maize (*Zea mays* L.) from highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. *Proc. Natl Acad. Sci.* (USA) 98: 2101–2103.

[24] Potrykus J. 2001. Golden rice and beyond. *Plant Physiology* 125: 1157–1161.

[25] Price T., Gebauer A., Keeley L. 1995. The spread of farming into Europe North of the Alps. W: T. Price and A. Gebauer (red.) Last hunters-first farmers. School of American Research Press, Santa Fe, NM: 1–358

[26] Rushton P.J., Reinstadler A., Lipka V., Lippok B., Somssich I., E. 2002. Synthetic plant promoters containing defined regulatory elements provide novel insights into pathogen- and wound-induced signalling. *Plant Cell* 14(4): 749–62.

[27] Sang T., Changbao L., Zhou A. 2006. Researches shake out basis for rice domestication. Science Daily. www.sciencedaily.com

[28] Sempołowski A. 1902. Historia i uszlachetnianie roślin gospodarskich. Warszawa: 1–329.

[29] Smil V. 1999. Long-range perspectives on inorganic fertilizers in global Agriculture. Travis P. Hignett Memorial Lecture, International Fertilizer Development Center. Muscle Shloas Al: 5–8.

[30] Swamintahan M.S. 2001. A century of mendelian breeding:impact on wheat. Development in plant breeding. Wheat: in a global environment, Kluwer Academic Publisher: 5–21.

[31] Szymczyk R. 2004. Efektywnośc hodowli roślin i jej znaczenie dla produkcji roślinnej. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupii Wielkiej. Zeszyt 79: 1–80.

[32] USDA 2004. Crop production annual summary. III. Agric. Stat. Serv., P.O. Box 62794. Springfield, IL.

[33] Wang M.L., Zhao Y., Chen F., Yin X.C. 2004. Inheritance and potentials of mutated dwarfing gene *ndf 1* in *Brassica napus*. *Plant Breeding* 123: 449–453.

[34] Welsh B. 2002. Quantative genetics, genomics and the future of plant breeding. Symposium on Quantative Genetics, Genomics and Plant Breeding in 21st century. Oxford Univ. Press. Oxford: 16–24.

[35] Vasal S., Villegas E. 2000. The millenium World Food Prize Laureates. The World Food Prize Foundation. USA: 1–8.

[36] Vogel O. 1989. Fueling the Green Revolution. *Agric. Res.*

The impact of breeding progress on plant production

Key words: plant breeding progress, plant production

Summary

Owing to natural and artificial selection, applied by the first farmers, some wild plants became transformed into domesticated forms. Their properties have been very similar to nowadays plants. At the stage of scientific breeding, significant progress in improving of quantity and quality of yield has been obtained owing to utilization of heterosis phenomenon, biodiversity and dwarfness genes from different sources. The societies of developed countries are afraid of introducing transgenic varieties to cultivation. Their fear is stimulated by the media which supply not fully true information about potential threats connected with cultivation of transgenic plants.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 23–30

Podstawy optymalnych technologii produkcji zbóż

Kazimierz Noworolnik
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
e-mail: leszcz@iung.pulawy.pl

Słowa kluczowe: zboża, technologia produkcji, plon ziarna, czynniki agrotechniczne

Wstęp

Wielkość plonu i jakość ziarna zbóż zależy od wielu czynników siedliskowych, agrotechnicznych i biologicznych. Znajomość ich wpływu na plonowanie zbóż jest potrzebna do opracowania technologii produkcji i musi być pozyskana z wyników doświadczeń. Wartości optymalne dotyczące poszczególnych czynników agrotechnicznych są zależne od warunków siedliskowych i biologicznych oraz ich wzajemnego oddziaływania na plon ziarna i jego jakość. Opracowanie optymalnych technologii produkcji poszczególnych gatunków zbóż wymaga kompleksowego poznania wszystkich czynników decydujących o wielkości i jakości plonu w danych warunkach siedliskowych i odpowiedniego dostosowania do nich zabiegów agrotechnicznych wykonywanych na danym polu [35].

Rodzaje doświadczeń agrotechnicznych

Naukowe podstawy technologii produkcji zbóż tworzy się na podstawie doświadczeń prowadzonych na kilku poziomach o charakterze poznawczym i utylitarnym. Badania podstawowe wstępne, prowadzone w warunkach częściowo kontrolowanych (mikropoletka, wazony) lub w warunkach polowych, mają na celu określenie reakcji roślin zbożowych na pojedyncze czynniki agrotechniczne w stabilnych i optymalnych warunkach siedliska, a następnie zbadanie współdziałania dwu lub trzech czynników agrotechnicznych. Wyniki doświadczeń prowadzonych w warunkach częściowo kontrolowanych są weryfikowane w następnym cyklu badawczym doświadczeń polowych wieloletnich wykonanych w Zakładach Doświadczalnych jed-

nostek naukowych, głównie w Instytucie Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa. Szczególne znaczenie mają doświadczenia wieloczynnikowe i wielopunktowe pozwalające na określenie bezpośrednich współdziałań między badanymi czynnikami agrotechnicznymi i biologicznymi, a w przypadku dużej serii doświadczeń – pośrednich współdziałań między wybranymi czynnikami agrotechnicznymi a niektórymi czynnikami siedliskowymi poprzez zestawienie punktów doświadczalnych w grupy różniące się warunkami edaficznymi (gatunek gleby, pH gleby, kompleks glebowo-rolniczy, przedplon) lub terminem siewu.

Badania nad agrotechniką zbóż prowadzi się także w ramach doświadczalnictwa terenowego Ośrodków Doradztwa Rolniczego (dawniej Wojewódzkich Ośrodków Postępu Rolniczego); ich zaletą jest możliwość zakładania doświadczeń polowych w dużych seriach wielopunktowych w różnych rejonach kraju i w warunkach szerokiej praktyki rolniczej. Tematyka badawcza w doświadczalnictwie terenowym ODR jest koordynowana przez IUNG w Puławach. Dzięki takim doświadczeniom określono współdziałania między różnymi czynnikami wpływającymi na plonowanie zbóż potrzebne do opracowania wariantów technologii uprawy gatunków zbóż dostosowanych do zróżnicowanych warunków siedliska.

W następnej kolejności są prowadzone doświadczenia łanowe, na dużych powierzchniach poletek (100–500 m^2), w których porównuje się efektywność produkcyjną i ekonomiczną kilku wariantów technologii uprawy danego zboża ustalonych na podstawie wyników wcześniej wspomnianych ścisłych doświadczeń polowych. Najlepsze warianty technologii są następnie wdrażane i upowszechniane po opracowaniu odpowiednich instrukcji uprawy.

Zaletą doświadczeń polowych (szczególnie łanowych) jest to, że warunki ich prowadzenia są zbliżone do praktyki, a wadą – ich większa kosztochłonność. Uzupełnieniem doświadczeń polowych są doświadczenia mikropoletkowe i wazonowe. Ich zalety to: mała kosztochłonność (małe zapotrzebowanie na nasiona i inne środki produkcji), możliwość równoczesnego badania większej liczby nowych odmian (słabo jeszcze rozmnożonych), eliminacja zmienności glebowej i ograniczenie wpływu warunków klimatycznych. Wadą jest to, że warunki tych doświadczeń daleko odbiegają od istniejących w szerokiej praktyce.

Czynniki wpływające na plonowanie zbóż

W technologii produkcji zbóż najważniejszymi czynnikami agrotechnicznymi są: nawożenie azotem, gęstość siewu i ochrona roślin. Ponadto ważne są: nawożenie fosforem i potasem, termin siewu i uprawa roli. Wśród czynników siedliskowych, oprócz warunków meteorologicznych, wyróżnia się jakość gleby (skład granulometryczny, odczyn, zasobność w składniki pokarmowe) oraz przedplon. Czynniki

biologiczne to: odmiany, chwasty, choroby i szkodniki. Trzy ostatnie czynniki mają charakter ograniczający plon.

Na podstawie doświadczeń przeprowadzonych w warunkach częściowo kontrolowanych [17–19, 23–25, 27, 29–33, 40], jak również polowych [2, 9, 10, 15, 16, 23, 28, 36, 37] stwierdzono, że głównym elementem struktury plonu ziarna zbóż jest liczba kłosów na jednostce powierzchni. Jej zmiany pod wpływem różnych czynników determinują zmienność plonowania zbóż zależną od tych czynników. Liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren są słabiej skorelowane z plonem ziarna. Duży wzrost obsady kłosów pod wpływem zwiększonej gęstości siewu i dawki azotu rzutuje na obniżenie liczby ziaren w kłosie lub masy 1000 ziaren, albo na jednoczesny spadek wartości obu tych elementów. Osiągnięcie optymalnego zagęszczenia kłosów w łanie zbóż jest więc najważniejszą przesłanką w aspekcie uzyskania wysokiego plonu ziarna i dobrej jego jakości.

Obsada kłosów zależy przede wszystkim od gęstości siewu, ale także od poziomu nawożenia (szczególnie azotem), jakości gleby, terminu siewu i właściwości odmian [2, 9, 10, 15, 23–25, 27–33, 39, 40]. Większe rozkrzewienie roślin uzyskuje się przy wysokich dawkach azotu, w dobrych warunkach glebowych i przedplonowych oraz przy optymalnym terminie siewu. W takich warunkach występuje mniejsza efektywność dużej gęstości siewu [15, 23, 27, 31]. Odmiany poszczególnych gatunków zbóż, zwłaszcza pszenicy ozimej i jęczmienia jarego, różnią się zdolnością do krzewienia. Różnice te wynikają z niejednakowych wymagań świetlnych i różnej tolerancji na gorsze warunki edaficzne [23–25, 27, 35, 40].

W syntetycznych pracach [23, 27, 28, 31, 37] o charakterze monograficznym wykazano, że spośród czynników agrotechnicznych – gęstość siewu, termin siewu i poziom nawożenia azotem najsilniej współdziałają ze sobą, jak też z innymi czynnikami (siedliskowymi, biologicznymi) w oddziaływaniu na plon ziarna zbóż. Plon ziarna zwiększa się wraz ze wzrostem obsady roślin do poziomu optymalnego zwarcia łanu. Dalsze zwiększanie obsady roślin wywołuje najpierw stabilizację plonu, a następnie jego spadek wskutek wypadania roślin i ograniczenia krzewistości produkcyjnej, co prowadzi do zmniejszenia się liczby kłosów na jednostce powierzchni [23, 28, 31, 35]. Niedobór światła spowodowany wzajemnym zacienianiem się roślin przy nadmiernym zwarciu łanu może ograniczać fotosyntezę i być przyczyną powstawania płonnych kłosków w kłosie, a w konsekwencji wytworzenia mniejszej liczby ziaren w kłosie.

Współdziałania gęstości siewu z innymi czynnikami stwierdzone w efekcie syntezy wyników wielopunktowej serii doświadczeń z jęczmieniem jarym prowadzonych w latach 1978–1995 w doświadczalnictwie terenowym WOPR [23] polegały na tym, że zwiększenie ilości wysiewu ziarna na jednostkępowierzchni było bardziej efektywne w gorszych warunkach glebowych, przy niższych dawkach azotu, w miarę opóźnienia terminu siewu, w stanowisku po zbożach, w warunkach mniej starannej uprawy roli i dużego zachwaszczenia pola oraz przy mniejszym nasileniu roz-

przestrzeniania się chorób w łanie. Większej gęstości siewu wymagają odmiany o słabszej zdolności do krzewienia się i odporniejsze na wyleganie roślin [23–25, 31, 32, 35, 40].

Duży dodatni wpływ na plonowanie i jakość ziarna zbóż wywiera nawożenie azotem, fosforem, potasem, a także magnezem. Azot jest czynnikiem potęgującym rozkrzewienie roślin i dlatego wyraźnie współdziała z innymi czynnikami agrotechnicznymi i siedliskowymi wpływając na plon ziarna wszystkich gatunków zbóż. Wyższe dawki N są bardziej efektywe na słabszych glebach, przy opóźnieniu terminu siewu i przy mniejszej obsadzie roślin [2, 9, 10, 15, 19, 20–23, 28, 35].

Siew w terminie optymalnym dla danego gatunku zboża sprzyja uzyskaniu wysokiego plonu ziarna. Spadek plonu wynikający z opóźnienia terminu siewu jest spowodowany zmniejszeniem rozkrzewienia produkcyjnego roślin wskutek skrócenia fazy ich krzewienia, a także zmniejszeniem długości pędów kłosonośnych, co ujemnie wpływa na ich plenność [15, 23–25, 27]. Ważny jest w takim wypadku wybór odmiany bardziej tolerancyjnej na opóźnienie siewu. Większa grupa takich odmian występuje w obrębie pszenicy ozimej i jęczmienia jarego.

Plonowanie zbóż zależy w znacznym stopniu od przedplonu [11, 15, 16, 36]. Lepszymi przedplonami są rośliny niezbożowe, zwłaszcza okopowe na oborniku. Największe wymagania co do przedplonu ma pszenica, najmniejsze zaś żyto. Duży wzrost udziału zbóż w strukturze zasiewów wywołuje konieczność ich uprawy w znacznej mierze po zbożach. Ujemny wpływ takiego stanowiska można złagodzić przede wszystkim przez właściwą ochronę roślin, a ponadto dobór odmian bardziej tolerancyjnych na choroby.

Ważnym elementem technologii uprawy jest ochrona łanu przed biologicznymi czynnikami agrotechnicznymi ograniczającymi plonowanie, gdyż choroby i szkodniki oprócz mechanicznych uszkodzeń roślin, powodują zmniejszenie powierzchni asymilacyjnej, a chwasty konkurują ze zbożami o składniki pokarmowe i wodę. Określeniu wielkości strat spowodowanych przez agrofagi i zbadaniu skuteczności środków ochrony roślin służą doświadczenia polowe Instytutu Ochrony Roślin [1, 8, 14]. Najbardziej podatna na choroby jest pszenica, a następnie jęczmień. Małe porażenie chorobami występuje w łanach owsa i mieszanek zbożowych.

Badania nad architekturą łanu i jakością ziarna

Mechanizm oddziaływania różnych czynników wpływających na wielkość i strukturę plonu ziarna zbóż można określić poprzez analizę cech architektury łanu. W łanie znajdują się rośliny o różnym stopniu rozkrzewienia (jednopędowe, dwupędowe i wielopędowe), a udział w łanie roślin o danym stopniu rozkrzewienia zależy od całokształtu warunków siedliskowo-agrotechnicznych. Większy udział roślin wielopędowych występuje w przypadku wczesnego i rzadkiego siewu, na zwięzłych i żyz-

nych glebach i po dobrych przedplonach [13, 27, 29, 31–34, 39]. Pędy roślin silnie rozkrzewionych różnią się znacznie długością – pęd główny i pierwszy boczny są z reguły wyższe od innych bocznych, z których najniższe są te, które wytworzyły się najpóźniej.

Ważny jest również wpływ czynników agrotechnicznych, siedliskowych i biologicznych na określone cechy jakościowe ziarna związane z kierunkiem jego użytkowania: konsumpcyjnym (pieczywo, kasze, płatki), pastewnym i przemysłowym (browarnym, gorzelniczym). Jedną z głównych cech jakościowych ziarna zbóż jest zawartość białka, która powinna być wysoka w przypadku jego przeznaczenia na cele konsumpcyjne i pastewne, niska zaś w przypadku jęczmienia dla celów browarnych. Czynniki wpływające dodatnio na plon ziarna oddziałują przeważnie ujemnie na zawartość w nim białka [21–23, 26, 28, 34, 35, 37, 38], co tłumaczy się efektem rozcieńczenia pobranego azotu w większej masie plonu biologicznego. Wyjątkiem jest nawożenie azotem, które wpływa jednocześnie na wzrost plonu ziarna i zawartości w nim białka. Wzrost dawki azotu do poziomu optymalnego wpływa również na poprawienie cech reologicznych ciasta i cech wypiekowych pszenicy. Inne czynniki agrotechniczne w mniejszym stopniu modyfikują cechy jakościowe ziarna zbóż, natomiast duży wpływ na te cechy wywierają właściwości odmianowe i warunki siedliskowe (głównie klimatyczne).

Na jakość ziarna wpływają też właściwości odmianowe. Odmiany pszenicy dzielą się na klasy pod względem wartości wypiekowej, a te które zalicza się do klasy elitarnej wykazują wyższą jakość od innych odmian niezależnie od czynników siedliskowo-agrotechnicznych. Podobnie jest z odmianami jęczmienia jarego, gdyż grupa najlepszych odmian pod względem wartości browarnej utrzymuje wyższą jakość od innych odmian w różnych warunkach uprawy.

Ekonomika i sposób opracowania technologii uprawy

W doświadczeniach łanowych [3–7], w których porównywano warianty kompleksowej technologii produkcji wybranych gatunków, różniące się stopniem intensywności nakładów, wykonano analizy ekonomiczne (nakłady pracy, koszty bezpośrednie produkcji, opłacalność produkcji brutto, efektywność krańcowa produkcji ziarna). Opłacalność wariantów intensywnych zależała od relacji cen ziarna do cen środków produkcji, bardzo zmiennej w ostatnich latach. W okresach występowania niskich cen ziarna bardziej opłacalne były mniej intensywne warianty technologii produkcji zbóż.

Przy opracowaniu technologii uprawy wybranych gatunków zbóż w danych warunkach edaficznych należy w pierwszej kolejności określić czynniki o charakterze stałym (niezależne od rolnika, siedliskowe), a następnie dopasować do nich czynniki o charakterze decyzyjnym, jakimi są czynniki agrotechniczne i odmiany. Spośród

czynników agrotechnicznych należy wyodrębnić termin siewu, który jest w dużej mierze zależny od warunków pogodowych i właściwie ma charakter agrotechniczno-siedliskowy oraz jest kolejnym po czynnikach edaficznych branym pod uwagę przy ustalaniu technologii uprawy. Dawki fosforu, potasu i magnezu zależą głównie od zasobności gleby w te składniki, a ta z kolei od wielkości dawek nawozów pod rośliny przedplonowe i od pobrania składników wraz z ich plonem. Większego zastanowienia wymaga określenie optymalnej dawki azotu ze względu na trudniejsze oznaczenie faktycznej zasobności gleby w ten składnik i liczne współdziałania dawki N z innymi czynnikami w aspekcie kształtowania rozkrzewienia produkcyjnego roślin determinującego optymalną zwartość łanu. Spośród pozostałych czynników agrotechnicznych najbardziej skomplikowane jest ustalenie optymalnej gęstości siewu z uwagi na wcześniej omawiane jej interakcje z wieloma czynnikami wpływającymi na plon zbóż.

Podsumowanie

W pracy przedstawiono koncepcję tworzenia technologii produkcji zbóż na ziarno na podstawie wyników badań. Scharakteryzowano typy doświadczeń stanowiące poziomy badawcze od badań podstawowych do utylitarnych i wdrożeniowych. Omówiono poszczególne czynniki agrotechniczne, siedliskowe i biologiczne wpływające na plony ziarna zbóż i uwzględnione w trakcie opracowywania technologii ich uprawy. Wyeksponowano kierunki współdziałań między głównymi czynnikami agrotechnicznymi (gęstość siewu, dawki azotu, termin siewu) oraz między poszczególnymi czynnikami agrotechnicznymi a różnymi czynnikami siedliskowymi i odmianami. Znajomość tych współdziałań jest podstawą konstruowania wariantów technologii uprawy gatunków zbóż dostosowanych do określonych zróżnicowanych warunków siedliska.

Literatura

[1] Adamczewski K., Praczyk T. 1999. Strategia zwalczania chwastów w uprawie zbóż. *Pam. Puł*. 114: 7–14.

[2] Fotyma E., Pietrasz-Kęsik G. 1993. Struktura plonu zbóż jarych zależnie od nawożenia azotem. *Fragm. Agron.* 4: 103–104.

[3] Harasim A. 1995. Wpływ niektórych czynników na plonowanie i pracochłonność uprawy pszenicy ozimej w warunkach produkcyjnych. *Pam. Puł.* 106: 35–45.

[4] Harasim A. 1999. Efektywność produkcji pszenicy ozimej w różnych stanowiskach w zależności od poziomu nawożenia azotem i ochrony roślin. *Pam. Puł*. 118: 491–505.

[5] Harasim A., Krasowicz S. 1996. Efektywność ekonomiczna wybranych technologii produkcji pszenicy i jęczmienia w latach 1989–1995. IUNG Puławy, R(333): 5–33.

[6] Harasim A., Noworolnik K. 1998. Porównanie intensywności i efektywności kilku technologii produkcji jęczmienia ozimego. *Pam. Puł.* 112: 61–66.

[7] Harasim A., Noworolnik K. 1998. Wpływ zróżnicowanego poziomu nawożenia mineralnego i ochrony roślin na efektywność produkcji jęczmienia jarego: *Pam. Puł.* 112: 67–74.

[8] Jańczak C. 1999. Zwalczanie infekcyjnych chorób zbóż w świetle postępu w rozwoju asortymentu fungicydów do opryskiwania. *Prog. Plant. Protect/Post. Ochr. Rośl.* 39(2): 805–808.

[9] Jaskulski D. 1999. Wpływ terminu i gęstości siewu oraz nawożenia azotem na plonowanie pszenicy jarej w warunkach małej ilości opadów. *Pam. Puł.* 118: 173–182.

[10] Jaśkiewicz B. 2001. Wykorzystanie nawożenia azotem przez odmianę pszenżyta ozimego Fidelio w zależności od gęstości siewu. *Biul. IHAR* 218/219: 229–305.

[11] Jończyk K. 2003. Czynniki kształtujące plonowanie pszenicy ozimej w różnych stanowiskach i systemach produkcji roślinnej. *Pam. Puł.* 132: 141–150.

[12] Koziara W., Borówczak F., Grześ S. 1998. Elementy struktury plonu jęczmienia jarego w zależności od deszczowania, nawożenia azotem i technologii uprawy. *Pam. Puł.* 112: 115–120.

[13] Kozłowska-Ptaszyńska Z. 1993. Zmiany w strukturze i architekturze łanu dwurzędowych i sześciorzędowych form jęczmienia jarego pod wpływem gęstości siewu. *Pam. Puł.* 102: 65–67.

[14] Lipa J. 1999. Nowoczesna ochrona zbóż. *Pam. Puł.* 114: 241–259.

[15] Mazurek J. 1999. Biologiczne podstawy plonowania roślin zbożowych. *Pam. Puł.* 114: 261–274.

[16] Mazurek J., Kuś J. 1992. Porównanie wymagań przedplonowych pszenżyta z innymi gatunkami zbóż. *Biul. IHAR* 181/182: 93–105.

[17] Mazurek J., Sułek A. 1996. Plonowanie pszenicy jarej na różnych glebach w zależności od gęstości siewu. *Pam. Puł.* 107: 5–12.

[18] Nieróbca P. 2004. Architektura łanu pszenżyta jarego i pszenicy jarej w warunkach różnej obsady roślin. *Biul. IHAR* 231: 223–229.

[19] Nieróbca P. 2004. Wpływ nawożenia azotowego, terminu siewu i ilości wysiewu na plon i elementy struktury plonu pszenżyta jarego. *Biul. IHAR* 231: 231–235.

[20] Noworolnik K. 1992. Plonowanie jęczmienia ozimego w zależności od nawożenia azotem i gęstości siewu w różnych warunkach siedliska. IUNG Puławy, R(297): 31–43.

[21] Noworolnik K. 1996. Efektywność nawożenia azotem jęczmienia jarego w warunkach doświadczeń terenowych. IUNG Puławy, R(332): 13–22.

[22] Noworolnik K. 1998. Wpływ właściwości odmian i czynników siedliskowych na reakcję jęczmienia jarego na gęstość siewu i nawożenie azotem. *Biul. IHAR* 207: 63–68.

[23] Noworolnik K. 2003. Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na plonowanie jęczmienia jarego w różnych warunkach siedliska. IUNG Puławy, Monogr. Rozpr. Nauk. 8: 66 ss.

[24] Noworolnik K., Leszczyńska D. 1998. Porównanie reakcji odmian jęczmienia jarego na termin siewu i gęstość siewu. *Pam. Puł.* 112: 163–168.

[25] Noworolnik K., Leszczyńska D. 2004. Wpływ gęstości i terminu siewu na wielkość i strukturę plonu ziarna odmian jęczmienia jarego. *Biul. IHAR* 231: 357–363.

[26] Noworolnik K., Sułek A.1999. Porównanie efektywności nawożenia zbóż jarych. *Pam. Puł.* 114: 289–293.

[27] Pecio A. 1995. Studia nad modelem rośliny i łanu jęczmienia jarego. IUNG Puławy, R(325): 84 ss.

[28] Pecio A. 2002. Środowiskowe i agrotechniczne uwarunkowania wielkości i jakości plonu ziarna jęczmienia browarnego. *Fragm. Agron*. 4(76): 4–112.

[29] Podolska G. 1995. Struktura plonu i architektura łanu odmian pszenżyta ozimego w zależności od warunków glebowych. IUNG Puławy, R(323): 91 ss.

[30] Podolska G. 1997. Reakcja odmian pszenicy ozimej na wybrane czynniki agrotechniczne. *Biul. IHAR* 204: 157–168.

[31] Podolska G. 1999. Budowa i wydajność łanu pszenicy ozimej w zależności od wybranych czynników agrotechnicznych i modelu rośliny. *Pam. Puł.* 116: 7–133.

[32] Podolska G. 2004. Efektywność agrotechnicznych oddziaływań w wykorzystaniu potencjału plonowania pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 231: 55–64.

[33] Podolska G., Mazurek J. 1999. Budowa rośliny i łanu pszenicy ozimej w warunkach zróżnicowanego terminu siewu i sposobu nawożenia azotem. II. Plonowanie, struktura plonu i budowa łanu. *Pam. Puł.* 118: 491–505.

[34] Podolska G., Stankowski S. 2001. Plonowanie i jakość ziarna pszenicy ozimej w zależności od gęstości siewu i dawki nawożenia azotem. *Biul. IHAR* 218/219: 127–136.

[35] Ruszkowski M. 1988. Podstawy naukowe i praktyczne koncepcji technologii produkcji zbóż. *Pestycydy* 1: 33–49.

[36] Smagacz J. 2004. Reakcja wybranych odmian pszenicy ozimej na przedplon. *Biul. IHAR* 231: 65–72.

[37] Stankowski S. 1994. Reakcja pszenżyta jarego na termin siewu, ilość wysiewu, rozstawę rzędów i głębokość siewu w uprawie na glebie lekkiej. Rozpr. habil., AR Szczecin, 159.

[38] Starczewski J., Koc G., Bombik A. 1995. Wpływ niektórych czynników agrotechnicznych na wysokość i jakość plonów zbóż ozimych. Mat. Konf. Agrometeorology of the cereals. IMGW, Warszawa: 217–220.

[39] Sułek A. 1997. Wpływ obsady roślin na plonowanie pszenicy jarej na różnych glebach. *Biul. IHAR* 204: 145–156.

[40] Sułek A. 2004. Określenie reakcji nowych rodów i odmian pszenicy jarej na wybrane czynniki agrotechniczne. *Biul. IHAR* 231: 139–145.

Principles of optimum production technology for the cereals

Key words: cereals, production technology, grain yield, agricultural factors

Summary

Paper reviews the literature dealing with the studies on some important environmental and agricultural factors affecting the yielding of cereals. The conception of composition of cereals' production technology was described on the basis of investigation results. The types of experiments creating the levels of studies from basic research to utilitarian investigations were characterized. Interactions among main agricultural factors (sowing rate, nitrogen rate, sowing date) as well as the interactions between agricultural and edaphic factors and the cultivars were exposed. Knowledge about these interactions is a base of creating production technology variants for various cereals, adaptated to particular environmental conditions.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 31–48

Żywność zmodyfikowana genetycznie i bezpieczeństwo jej stosowania

Janusz Zimny
Zakład Biotechnologii i Cytogenetyki Roślin,
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie,
05-870 Błonie
e-mail: j.zimny@ihar.edu.pl

Słowa kluczowe: żywność, bezpieczeństwo żywności, GMO, regulacje prawne

Wstęp

W ciągu ostatnich 40 lat populacja ludzka podwoiła się osiągając liczbę 6 miliardów i ciągle przyrasta. Oczekuje się, że ok. roku 2050 liczba ludzi na świecie osiągnie 9 miliardów [32]. Obecnie około 2 miliardów ludzi jest niedożywionych, a ok. 800 milionów cierpi głód. Według niektórych opinii agrobiotechnologia może pomóc w rozwiązaniu tego problemu. Czy jest to rzeczywiście możliwe przekonamy się w przyszłości, jednak już dziś zebraliśmy doświadczenia pozwalające ocenić rozwój i potencjał nowych technologii nastawionych na podniesienie wydajności światowego rolnictwa i dystrybucji żywności.

Wykorzystanie organizmów żywych i ich produktów jako pożywienia towarzyszyło rozwojowi cywilizacji od zarania dziejów ludzkości. Gdy człowiek zauważył, że może uprawiać rośliny i hodować zwierzęta o poprawionych cechach użytkowych, rozpoczęło się efektywne stosowanie biotechnologii. Pierwsze zapisy na temat procesów biotechnologicznych pochodzą z okresu ok. 5000 lat p.n.e. Nasi mniej odlegli przodkowie wytwarzali chleb, wino i piwo z zastosowaniem fermentacji, naturalnego procesu biologicznego, częściowo w celu zabezpieczenia żywności przed zepsuciem. Wiele z dzisiejszych produktów żywnościowych jest wytwarzanych tymi samymi metodami, które odkryto tysiące lat temu.

Problem głodu towarzyszył ludziom właściwie zawsze. W naszych czasach dzięki osiągnięciom nauk rolniczych udało się zminimalizować widmo głodu w Azji i Ameryce Środkowej. Tzw. „zielona rewolucja" w latach 1950–1965 była możliwa dzięki wysiłkom hodowców i postępowi w agrotechnice. Nowe odmiany oraz zastosowanie

pestycydów i nawozów sztucznych w uprawie roślin znacznie podwyższyły poziom plonowania, tak istotny dla krajów rozwijających się. Znany jest przykład Meksyku, który w roku 1944 pokrywał z importu połowę swego zapotrzebowania na pszenicę, w 1956 kraj ten był samowystarczalny, a w 1964 roku wyeksportował 0,5 mln ton pszenicy. Poza plonowaniem znaczący postęp osiągnięto w poprawie jakości produktów roślinnych wskutek ilościowych i jakościowych zmian białek, węglowodanów, włókna oraz składu chemicznego olejów. Wydaje się, że biologiczne możliwości organizmów zostały już w większości, wykorzystane i obecnie roczny przyrost plonów osiągany przez hodowlę roślin wynosi 1%, podczas gdy jeszcze w latach siedemdziesiątych wynosił 3%. W tej sytuacji dalszy postęp w efektywności wytwarzania żywności spodziewany jest dzięki zastosowaniu nowych technologii, które uzupełnią hodowlę roślin.

W latach sześćdziesiątych i siedemdziesiątych ubiegłego wieku wydawało się, że postęp w hodowli dokona się dzięki mutagenezie. I rzeczywiście rozwinęła się hodowla mutacyjna. Stosowano różne czynniki mutagenne, ale najczęściej promieniowanie jonizujące. Międzynarodowa Agencja Energii Atomowej (IAEA) wymienia 2000 nowych odmian wprowadzonych do uprawy, które zostały uzyskane poprzez mutacje genetyczne [3]. W nowoczesnej hodowli stosuje się też inne techniki, takie jak: otrzymanie nowych form poprzez krzyżowania oddalone i fuzje protoplastów, uzyskiwanie roślin o różnym poziomie ploidalności, wprowadzanie nowych metod selekcji roślin opartych na ich naturze genetycznej.

W ciągu ostatnich dwudziestu lat rozwinięto skuteczne metody transformowania roślin, czyli wprowadzania genów odpowiedzialnych za pożądane cechy do genomu biorcy. Genetyczna transformacja roślin przy użyciu wyizolowanych genów ma na celu wzbogacenie ich o nowe cechy użytkowe. Mogą to być cechy ułatwiające produkcję roślin lub zmniejszające jej koszty, takie jak: odporność na herbicydy, patogeny, szkodniki lub niekorzystne warunki środowiska. Przenoszenie genów z jednych gatunków roślin do drugich może zmieniać ich walory odżywcze, zdrowotne, techniczne lub smakowe.

Rośliny zmodyfikowane genetycznie (pomidory) zostały po raz pierwszy wykorzystane w rolnictwie w 1994 roku. W następnych latach uprawiano głównie soję, kukurydzę i rzepak. Według Clive'a Jamesa [18] powierzchnia upraw transgenicznych roślin uprawnych zwiększyła się z 1,6 miliona hektarów w roku 1996 do 90 milionów w roku 2005. Rośliny transgeniczne są uprawiane na dużą skalę w pięciu krajach: USA (55%), Argentynie (19%), Brazylii (10%), Kanadzie (6%) i Chinach (3%). Spośród krajów Unii Europejskiej tylko niektóre kraje – Hiszpania, Niemcy, Francja, Czechy, Portugalia – wprowadziły te rośliny do uprawy i to na bardzo małych powierzchniach. W 2005 r. uprawiano rośliny zmodyfikowane genetycznie w 21 krajach. W tym gronie znalazły się ostatnio m.in. Rumunia, Bułgaria, Filipiny, Paragwaj. W ciągu ostatnich dziesięciu lat uprawy te zostały zdominowane przez kilka gatunków, są to głównie tolerujące herbicydy odmiany soi i bawełny oraz odporne na szkodniki odmiany bawełny i kukurydzy.

Obok roślin komponentem żywności mogą też być produkty pochodzące od zmodyfikowanych genetycznie zwierząt i mikroorganizmów, jednak ze względu na marginalne ich znaczenie w wytwarzaniu żywności niniejszy artykuł poświęcony będzie głównie genetycznie zmodyfikowanym roślinom.

Rośliny transgeniczne a rośliny konwencjonalne

Rośliny są jednym z podstawowych składników pożywienia. Większość roślin, które spożywamy dzisiaj różni się od swoich naturalnych przodków. Na przestrzeni tysiącleci rolnicy, a później naukowcy, poszukiwali sposobów podnoszenia plonów oraz ulepszenia jakości spożywanej przez nas żywności poprzez hodowlę nowych i lepszych odmian roślin uprawnych. Działania te prowadzono głównie w celu zapewnienia wystarczającej ilości pożywienia, ale także ze względów społecznych, w celu osiągnięcia dobrostanu poszczególnych narodów czy krajów. W minionym stuleciu odnotowano znaczący postęp w procesie wytwarzania żywności. Postęp ten możliwy był głównie dzięki rozwojowi genetyki, nauki zajmującej się badaniem mechanizmów dziedziczenia genów oraz badaniem skutków oddziaływania genów na właściwości żywych organizmów.

Rośliny uprawne, które obecnie są wykorzystywane w produkcji powstały w wyniku selekcji najbardziej wartościowych genotypów, a także wnikliwej analizy potomstwa. Wprowadzenie nowych cech, takich jak odporność na choroby lub stworzenie bardziej efektywnej kombinacji genów rodzicielskich w potomstwie by zabezpieczyć lepszą jakość produktu, trwa zwykle ponad 10 lat. Dlatego hodowcy, obok klasycznych sposobów hodowli roślin, stosują nowe metody w celu przyśpieszenia hodowli pożądanych genotypów. Najnowszym tego typu narzędziem jest metoda bezpośredniego transferu genów charakteryzująca się zwiększoną precyzją i zapewniająca szczegółową informację o oczekiwanym produkcie końcowym. Konwencjonalne metody hodowli i inżynieria genetyczna są komplementarnymi sposobami uzyskiwania odmian o pożądanych cechach.

Korzyści wynikające ze stosowania roślin zmodyfikowanych genetycznie w produkcji żywności

Oczekuje się, że zastosowanie nowoczesnych technik biotechnologicznych w hodowli roślin przyniesie konkretne efekty w produkcji zarówno żywności, jak i innych, nie spożywczych produktów. Obecnie mówi się o trzech generacjach roślin zmodyfikowanych genetycznie. Pierwsza generacja zawierała geny warunkujące cechy istotne z punktu widzenia uprawy, takie jak tolerancja herbicydów, odporność na owady i choroby. Uprawa tych roślin przynosi korzyści rolnikom w postaci zmniejszenia nakładów na pestycydy i siłę roboczą.

Drugą generację stanowią rośliny, które mają ulepszone cechy ujawniające się w końcowym etapie ich zastosowania. Rośliny te są źródłem ulepszonych produktów żywnościowych z czego skorzystają bezpośrednio konsumenci. Wprowadzone geny mogą np. zmieniać skład reszt cukrowych lub funkcjonalność białek [9].

Trzecią, i jak dotąd najnowszą, generację reprezentują rośliny zmodyfikowane genetycznie, które funkcjonują jako biofabryki [9] wytwarzające konkretne substancje wykorzystywane w różnych gałęziach gospodarki (np. w przemyśle farmaceutycznym, włókienniczym, chemicznym, spożywczym itd.). Rośliny, u których genetycznie zmodyfikowano szlak syntezy kwasów tłuszczowych znajdują zastosowanie w produkcji olejów przemysłowych. Rośliny mogą także produkować biopolimery zastępujące związki ropopochodne w przemyśle tworzyw sztucznych. Jednak nie tylko rośliny, ale także mikroorganizmy i zwierzęta, wytwarzają materiały i surowce. Niektóre uzyskiwane tą metodą substancje, które mogą być wykorzystane do diagnostyki i terapii chorób, są już dostępne na rynku. Jak dotąd mamy do czynienia ze zmodyfikowanymi składnikami żywności pierwszej i drugiej generacji.

Ulepszony skład aminokwasowy lub zmieniona zawartość witamin [16], np. zmodyfikowany genetycznie ryż – „Golden Rice" (charakteryzujący się zwiększoną zawartością prowitaminy A), mogą poprawić jakość pożywienia. Wydłużenie okresu przechowywania umożliwiłoby nabywanie świeższych produktów (w supermarketach) i zmniejszenie strat spowodowanych ich przedwczesnym psuciem się podczas transportu i magazynowania. Modyfikacja genetyczna może także wpłynąć na polepszenie walorów smakowych owoców i warzyw, a także zmniejszyć zawartość alergenów w pożywieniu.

Modyfikacje zawartości olejów oraz struktury kwasów tłuszczowych w roślinach i nasionach są ważne ze względu na produkcję zdrowszej żywności. Najczęściej badania dotyczące kwasów tłuszczowych przeprowadzane są z wykorzystaniem rzepaku, trzeciej z kolei najważniejszej w świecie rośliny wykorzystywanej do produkcji oleju (oleje spożywcze, jadalne, jak również przemysłowe) [7]. Prowadzone są prace nad hodowlą rzepaku o wysokiej zawartości kwasu stearynowego, palmitynowo-mirystynowego i kwasu erukowego. Skomercjalizowana została już odmiana wytwarzająca dużą ilość kwasu laurynowego. Olej ten jest wykorzystywany w cukiernictwie, w produktach takich jak śmietanka do kawy czy masach kremowych. Zmodyfikowana soja i słonecznik mogą produkować w dużych ilościach cenny dla przemysłu spożywczego kwas oleinowy – jeden z ważniejszych nienasyconych kwasów tłuszczowych.

Tak więc głównym trendem rozwoju genetycznie modyfikowanych roślin drugiej generacji jest uzyskanie żywności o wzbogaconych wartościach odżywczych, ulepszonej funkcjonalności, a także lepszych walorach zdrowotnych. Wszystko to w efekcie ma przynieść bezpośrednie korzyści dla konsumenta.

W roku 1994 wprowadzono na rynek amerykański pomidory charakteryzujące się opóźnionym procesem dojrzewania. Wyciszono w nich jeden z genów, który w nie-

zmodyfikowanej roślinie odpowiada za rozkład pektyn w ścianach komórkowych, w wyniku czego następuje zmiękczenie, a w końcu psucie się pomidora. Uważano, że modyfikacja ta jest pożyteczna z dwóch powodów. Po pierwsze dojrzałe pomidory można zbierać, transportować i składować przez 10 dni, co umożliwia ich wygodną dystrybucję i sprzedaż. Po drugie oczekiwano też, że pomidory FlavrSavr, będą miały lepszy smak. Mimo to pierwsze genetycznie zmodyfikowane pomidory nie odniosły spodziewanego sukcesu komercyjnego [6]. Prace badawcze mające na celu polepszenie walorów smakowych pomidora, jak i innych roślin ogrodniczych trwają. W USA zmodyfikowane pomidory są głównie przetwarzane na keczup i pastę pomidorową, są to pomidory przemysłowe.

Jednym z najcenniejszych produktów rolniczych są oleje uzyskiwane z roślin. Niektórym tłuszczom zawartym w olejach przypisuje się funkcję żywieniowych czynników ryzyka chorób serca. Stanowi to siłę napędową działań zmierzających do otrzymania zmodyfikowanych tłuszczów i olejów roślinnych. Konsumenci oczekują oleju o niskiej zawartości nasyconych kwasów tłuszczowych, z niską zawartością cząsteczek zawierających konformację typu *trans*. Przemysł spożywczy wymaga, aby oleje były odporne na procesy utleniania, co zabezpieczałoby je przed powstawaniem przykrego zapachu i substancji toksycznych.

Na rynku znajduje się wiele naturalnych produktów leczniczych zawierających omega-3-kwasy tłuszczowe, takie jak kwas α-linolenowy, który okazał się skutecznym czynnikiem obniżającym poziom cholesterolu we krwi, a także czynnikiem zmniejszającym ryzyko agregowania płytek krwi i obniżającym ciśnienie. Oczekuje się, że metodami inżynierii genetycznej będzie można „przystosować" rośliny do wytwarzania pożądanych ilości substancji prozdrowotnych.

Innym ważnym składnikiem żywności jest skrobia. Skrobia jest polimerem – łańcuchem reszt cząsteczek glukozy – stanowiącym materiał zapasowy, który rośliny odkładają w nasionach bądź bulwach. Stanowiąc ważny dla ludzi składnik odżywczy ma jednocześnie duże znaczenie jako surowiec dla przemysłu. Skrobia w stanie naturalnym zawiera dwa polimery – amylozę i amylopektynę, substancje o szerokiej gamie zastosowań, również poza przemysłem spożywczym. Większość zastosowań przemysłowych powoduje zwykle konieczność jej modyfikacji metodami fizycznymi, chemicznymi bądź enzymatycznymi, by zmienić jej właściwości pod kątem konkretnych zastosowań. Zważywszy na wysoką cenę i szkodliwość dla środowiska procesów przetwarzania skrobi [19], korzystna jest produkcja różnego rodzaju naturalnej skrobi bądź jej pochodnych umożliwiająca pominięcie poszczególnych etapów jej przetwarzania. Wytworzono już transgeniczne rośliny, które mają za zadanie produkcję takiej skrobi [22]. Transgeniczne ziemniaki zmodyfikowano np. w celu zapobieżenia zjawisku hydrolizy skrobi, skutkującemu powstawaniem cukrów prostych podczas ich przechowywania, co zapobiega brązowieniu frytek i chipsów. Inne ziemniaki modyfikowano w celu zwiększenia zawartości skrobi, dzięki czemu pochłaniają one mniej oleju podczas smażenia, co sprawia, że otrzymywane z nich

chipsy zawierają mniej tłuszczu [5]. Trzeba podkreślić fakt, że wyhodowanie zmodyfikowanych roślin wymaga znajomości procesów syntezy skrobi w komórkach rośliny oraz przeprowadzenia szerokich badań mających na celu takie zmodyfikowanie roślin, które nie zakłóci w nich procesów fizjologicznych.

Wymienione tu oraz inne prace badawcze zwiększają możliwości produkowania zdrowszej żywności bądź wpływania na zwiększenie roli rolnictwa w zastępowaniu wyczerpujących się zasobów naturalnych. Istotna jest także wydajność procesów fizjologicznych prowadzących do syntezy substancji odżywczych. Zboża są najważniejszymi komponentami produktów żywnościowych. Ryż, jedna z podstawowych roślin uprawnych, stanowi główne pożywienie dla niemal połowy z 6 miliardów ludzi na świecie. Ze względu na stały wzrost populacji ludzkiej konieczne jest podniesienie plonów tej rośliny. Wobec tego naukowcy wracają, mimo nadprodukcji żywności w niektórych rejonach świata, do podstawowych zagadnień związanych z wydajnością roślin uprawnych – wiązania dwutlenku węgla.

Fotosynteza jest procesem zachodzącym w roślinach zielonych, który wykorzystuje energię słoneczną do przekształcania dwutlenku węgla i wody w glukozę, przy jednoczesnym uwolnieniu tlenu do atmosfery. Glukoza i inne cukry proste są niezbędne do wzrostu rośliny i tworzenia związków strukturalnych i zapasowych, takich jak: celuloza, skrobia i tłuszcze roślinne. Zwiększenie wydajności fotosyntezy i metabolizmu węgla roślin uprawnych zwiększyłoby produktywność rolnictwa i to jest najważniejsze wyzwanie, którego realizacja umożliwiłaby wykarmienie wzrastającej populacji ludzkości.

Przebieg procesu fotosyntezy nie jest identyczny u wszystkich organizmów. Rozróżnia się dwa systemy fotosyntezy tzw. C_3 i C_4 [8]. Ryż (C_3) charakteryzuje się mniejszą efektywnością procesu asymilacji dwutlenku węgla oraz wykorzystania energii niż kukurydza (C_4). Po wprowadzeniu do ryżu dwóch genów pochodzących z kukurydzy, które biorą udział w procesie fotosyntezy, wykazano, że nowe odmiany ryżu mogły zintensyfikować proces fotosyntezy i zwiększyć do 35% (w warunkach laboratoryjnych) wydajność plonów. Oczekuje się, że modyfikacja ta może być zastosowana także u innych roślin uprawnych charakteryzujących się procesem fotosyntezy typu C_3, takich jak np. pszenica [20].

Wpływ żywności zmodyfikowanej genetycznie na zdrowie ludzi

Powszechnie wiadomo, że rośliny stanowią bardzo bogate źródło substancji prozdrowotnych, ale często trudno jest je wskazać, szczególnie w przypadku, gdy za dany efekt odpowiedzialne jest połączone działanie kilku substancji. Istnieje też wiele roślin, które zawierają mniej substancji zdrowotnych lub nawet działają toksycznie. Mimo że mamy duże doświadczenie, które wykorzystujemy do przygotowywania

pożywienia, niewiele wiemy na temat substancji niepożądanych, np. takich jak alergeny. Modyfikacje genetyczne pozwalają na pogłębienie wiedzy na ten temat.

Stan naszej wiedzy na temat alergii uwarunkowanej pokarmowo jest daleki od zadawalającego. Na przykład nie jest jasne, w jaki sposób i dlaczego jedynie u niektórych osób obserwuje się reakcje alergiczne oraz dlaczego wśród tej grupy osób problem często ogranicza się jedynie do okresu dzieciństwa. Także nie jest do końca jasne, dlaczego alergie powodowane przez różnego rodzaju orzechy i zwierzęta wodne mają tendencję do utrzymywania się w ciągu całego życia osobnika. Mleko, jaja, soja oraz pszenica są głównymi przyczynami uczuleń na żywność u dzieci, podczas gdy orzechy, skorupiaki i ryby są najbardziej powszechną przyczyną alergii wśród osób dorosłych [25].

Alergeny są białkami. Odpowiedź na pytanie czy nowe (transgeniczne) białko uczyniłoby produkt bardziej alergicznym od swojego tradycyjnego odpowiednika można uzyskać m.in. poprzez: porównanie przewidywanej sekwencji aminokwasowej nowego białka z sekwencją białka, którego właściwości alergiczne są już znane, przeprowadzenie badań preparatu białkowego w celu wykonania charakterystyki typowej dla obecnie znanych alergenów, takiej jak określenie (rodzaju) reszt cukrowych (stopnia glikozylacji białka) i stabilności termicznej oraz monitorowanie procesu trawienia nowego białka.

W badaniach prowadzonych nad transgenicznymi roślinami chodzi o to by uzyskać odpowiedź na takie pytania jak: czy możliwe jest, by w wyniku procesu modyfikacji genetycznej istniejące w roślinie białka stały się alergenami? oraz czy modyfikacja taka mogłaby spowodować w sposób niezamierzony, że produkty białkowe nabywają własności toksycznych? [21]. Z drugiej strony pojawia się możliwość takiej modyfikacji genetycznej, która pozwala usunąć alergeny z produktów żywnościowych [17].

Żywność funkcjonalna to zwykłe produkty żywnościowe, które zawierają dodatkowe składniki bądź komponenty oddziałujące pozytywnie na organizm z medycznego i fizjologicznego punktu widzenia (nutraceutyki). Wartość światowej konsumpcji naturalnych nutraceutyków szacowana jest na 140 mld USD [13] i rośnie co rok o ok. 10%. Jednym z przykładów działania nutraceutyku jest tzw. paradoks francuski. Dane epidemiologiczne dowodzą, że Francja ma niską zachorowalność na choroby naczyń wieńcowych (zawały mięśnia sercowego) pomimo popularnej tam diety bogatej w tłuszcze i istniejących czynników ryzyka miażdżycy (w diecie: sery, mięsa). Wyniki badań Rimma i Biovennucciego wskazują na związek mniejszej zachorowalności na choroby układu krążenia z konsumpcją wina [24]. Podejrzewa się, że w zapobieganiu chorobom serca ważną rolę odgrywają polifenole znajdujące się w czerwonym winie. Polifenole mają hamować wytwarzanie peptydu – białka o nazwie endothelina-1 przez komórki naczyń krwionośnych. Endothelina powoduje zawężanie naczyń krwionośnych i przypuszcza się, że nadprodukcja tego białka jest kluczowym czynnikiem odpowiedzialnym za niedrożność naczyń tętniczych wskutek odkładania się złogów tłuszczowców. Istnieją jednak prace, które poddają w wątpliwość pozytywne działanie polifenoli [14].

Drogą modyfikacji genetycznej roślin można regulować zawartość nutraceutyków w roślinach. Mogą one przyczynić się do zmniejszenia prawdopodobieństwa pojawiania się niektórych chorób poprzez ich wykorzystanie w produktach żywnościowych, np. spożywanych przez większość społeczeństw w postaci chleba.

Szeroka gama badań naukowych dotyczy roli poziomu witamin i mikroelementów w procesach fizjologicznych zwierząt i ludzi. Sugeruje się, że witamina E, cynk i selen zmniejszają ryzyko wystąpienia chorób serca i prawdopodobnie polepszają funkcjonowanie systemu odpornościowego, a także wspomagają zwalczanie choroby Alzheimera. Opinie na temat zwiększania zawartości poszczególnych witamin w diecie są rozbieżne. Wydaje się, że zróżnicowana dieta jest prawdopodobnie najlepszym wyjściem. Jest jednak całkiem prawdopodobne, że niektóre grupy społeczne, a nawet poszczególne osoby, skorzystałyby na wprowadzeniu produktów żywnościowych wzbogaconych w pewne substancje [15].

Tematu do dyskusji o tym, jak z pożytkiem wykorzystać żywność zmodyfikowaną genetycznie dostarczył „złoty ryż". Miliony ludzi na świecie cierpi wskutek niedoboru witaminy A, który prowadzi do uszkodzenia wzroku oraz podwyższenia podatności na biegunkę, choroby oddechowe i odrę. Szacuje się, że w Południowo-Wschodniej Azji ok. 9 milionów dzieci w wieku 5–15 lat choruje na kseroftalmię (zmiany w budowie spojówki i rogówki obserwowane przeważnie u dzieci). Problem ten pojawia się też w pewnych rejonach Afryki, Ameryki Łacińskiej i Karaibów. Na świecie ok. 127 milionów dzieci poniżej 5 roku życia cierpi na niedobór witaminy A [28].

Ponieważ ryż ma wyjątkowo wysoki udział w światowej diecie, było czymś naturalnym, że stał on się przedmiotem intensywnych badań. Rośliny zwykle są bogate w prowitaminę A, β-karoten lub inne karotenoidy. W roślinach ryżu β-karoten występuje głównie w zielonych częściach rośliny, które nie są spożywane, lecz nie występuje w bielmie, tj. w tej części ziarna ryżu, która pozostaje po jego oczyszczeniu. Tradycyjna hodowla ryżu nie umiała rozwiązać tego problemu.

Ingo Potrykus ze Szwajcarskiego Państwowego Instytutu Technologii oraz Peter Beyer z Uniwersytetu w Freiburgu w Niemczech, poprzez wprowadzenie trzech obcych genów kodujących zdołali skonstruować pełny szlak biosyntezy β-karotenu w roślinach ryżu typu „japonica". Ziarno tego ryżu ma nieco żółtawą barwę i może dlatego, a może ze względu na duże nadzieje, jakie wiąże się z jego uprawą nazwano go „złotym ryżem". Oczekuje się, że problem niedoboru witaminy A w Azji zostanie rozwiązany w sposób skuteczny [11], niedrogi i trwały. Pojawienie się koncepcji złotego ryżu wywołało dyskusję na temat skuteczności dostarczania β-karotenu tą metodą [23].

Dzienna dawka witaminy A, w przypadku dzieci w wieku 1–6 lat powinna wynosić ok. 400 mikrogramów. By uzyskać aktywność, β-karoten musi zostać poddany działaniu enzymu w błonie śluzowej jelit lub w wątrobie. Podobnie jak witamina A, prowitamina jest rozpuszczalna w tłuszczach i dlatego potrzebna jest dieta tłuszczowa, aby umożliwić wchłanianie β-karotenu. Stąd trawienie, wchłanianie oraz transport β-karotenu wymagają sprawnego działania układu pokarmowego,

odpowiednich zasobów magazynowanego białka i tłuszczu, odpowiedniej ilości energii oraz białek i tłuszczów w diecie. Wskaźnik dawki dziennej w przypadku β-karotenu u ludzi zdrowych ustalono na poziomie 2,4 miligrama. Dostępne obecnie odmiany „złotego ryżu" zawierają około 1,6 mikrogramów β-karotenu na 1 gram suchej masy [23]. W 100 gramach złotego ryżu dostarczyć można 27 mikrogramów aktywnej witaminy A. Stanowi to 1,1% dziennego zapotrzebowania. Nie wydaje się by „złoty ryż" zbyt wiele wnosił do rozwiązania problemu niedoboru witaminy A. Z drugiej strony, wielkość dawki dziennego zapotrzebowania została określona w odniesieniu do optymalnych wymagań co do zakresu wzbogacania żywności, uwzględniając różnorodne oddziaływania witaminy A oraz β-karotenu, który sam pełni szereg funkcji fizjologicznych zapobiegając występowaniu chorób serca oraz niektórym nowotworom. Wiadomo powszechnie, że ilość β-karotenu wymagana do zapobieżenia najbardziej dotkliwym skutkom niedoboru witaminy A w krajach rozwijających jest znacznie niższa od poziomu określonego przez wielkość dziennego zapotrzebowania. Opracowywane już nowe formy „złotego ryżu" zawierać będą wyższe stężenia karotenoidów.

Wykorzystanie „złotego ryżu" jest popierane przez środowisko naukowe, jak i oficjalne instytucje, jednak napotyka na silny sprzeciw wśród przeciwników genetycznie modyfikowanych organizmów. Jedni uważają, że jest to doskonały przykład tego, jakie bezpośrednie korzyści może przynieść inżynieria genetyczna roślin dla konsumenta, w szczególności tego pochodzącego z krajów biednych o mniejszych możliwościach gospodarczych. Inni obawiają się tego, że „złoty ryż" będzie czymś w rodzaju konia trojańskiego, który otworzy drzwi dla innych zastosowań modyfikacji genetycznych i doprowadzi do zwiększenia poziomu akceptacji dla żywności otrzymywanej z GMO [31].

Istnieją ograniczenia kulturowe, finansowe i biologiczne uniemożliwiające dostarczenie ludziom β-karotenu. Dlatego czasem stosuje się zastrzyki, czy dodatki do żywności zawierające witaminę A. Oponenci odrzucają pogląd, że „złoty ryż" mógłby odegrać znaczącą rolę w łagodzeniu problemów wynikających z niedoboru witaminy A i tłumaczą entuzjazm innych osób ich chęcią propagowania idei stosowania modyfikacji genetycznych.

Obawy związane ze stosowaniem żywności zmodyfikowanej genetycznie

W Stanach Zjednoczonych żywność zmodyfikowana genetycznie była do początku lat dziewięćdziesiątych akceptowana. Potem dopiero konsumenci zaczęli zadawać sobie pytanie: „co my z tego mamy?". Nowości biotechnologiczne z dziedziny medycyny i farmacji (np. insulina wytwarzana w zmodyfikowanych bakteriach) były przyjmowane bez większych zastrzeżeń. W Europie pierwsza żywność zmodyfiko-

wana genetycznie, która pojawiła się na rynku nie była ani tańsza, ani smaczniejsza. Uwaga opinii publicznej skierowana była i jest do dziś na ocenę ryzyka stosowania tej nowej żywności i jego porównaniu z potencjalnymi korzyściami. Zaufanie konsumentów zostało naruszone po kilku wykrytych skażeniach żywności, które zresztą, nie były związane z GMO. Było to np. skażenie oliwy olejem silnikowym, czy skażenie żywności dioksynami, a wina glikolem. Jednocześnie ustalenie przyczyn choroby wściekłych krów podważyło ostatecznie zaufanie do naukowych metod stosowanych w produkcji żywności. Kwestionowano też wyniki badań nad nową żywnością oraz nad oceną ryzyka wskazując na niemożliwy do ustalenia efekt długofalowy i wielopokoleniowy. Oponenci wskazują też na działania skumulowane, zwiększoną alergenność i możliwość pojawienia się nowych patogenów, jako potencjalne skutki zastosowania inżynierii genetycznej w rolnictwie i produkcji żywności. Pojawiły się też głosy krytyki dotyczące zagrożeń dla środowiska [2] („superchwasty" i „superzwierzęta", zagrożenia dla ekosystemów glebowych, ograniczenie bioróżnorodności, wzrost odporności szkodników) oraz z obszaru przemysłu i gospodarki (praktyki monopolistyczne, brak kontroli wielkich koncernów) [12]. W Polsce, jak i w wielu innych krajach, uprawy transgeniczne traktuje się jako sprzeczne z koncepcją rolnictwa ekologicznego.

Często stawiane jest pytanie o szkodliwość zmodyfikowanych roślin. Na tak postawione pytanie nie można odpowiedzieć jednoznacznie. To tak, jak gdyby ktoś zapytał, czy grzyby są szkodliwe. Każdy organizm zmodyfikowany genetycznie może zawierać inny gen o innej funkcji. Oznacza to, że każdy przypadek powinien być badany oddzielnie i taka zasada jest stosowana w prawodawstwie europejskim i polskim (ang. „case by case") [10].

Produkty żywnościowe z GMO znajdujące się obecnie na rynkach międzynarodowych przeszły procedury oceny ryzyka i nie stanowią zagrożenia dla zdrowia ludzi [11]. Nie obserwowano też szkodliwego wpływu na zdrowie ludzi w efekcie spożywania tej żywności w krajach gdzie od wielu lat jest ona dopuszczona do spożycia (np. w USA). Podkreśla się jednak ciągle potrzebę dalszych badań.

Problemy związane z ochroną własności intelektualnej

Inwestycje są motorem postępu w biotechnologii. Ze względu na ryzyko z nimi związane inwestorzy oczekują, że będą czerpali zyski z rozwiązań opracowanych dzięki wyłożonym środkom. Jednym ze sposobów zapewnienia im takiej możliwości jest otoczenie wynalazków biotechnologicznych ochroną patentową. Wspomniani wyżej Potrykus i Beyer dołożyli starań by bezpłatnie udostępnić i upowszechnić technologię „złotego ryżu", a ponieważ wiele badań było finansowanych z pieniędzy publicznych, uważali, że nie powinno być z tym problemu. Jednakże do wytworzenia „złotego ryżu" użyto różnych konstruktów genowych, które zawierały wiele składni-

ków chronionych przez prawo ochrony własności intelektualnej W sumie wytworzenie „złotego ryżu" wymagało zastosowania ok. 70 opatentowanych wynalazków [29]. Wobec tego transfer i wykorzystanie technologii złotego ryżu, w zależności od kraju, w którym miałaby być ona stosowana, wymagałoby otrzymania wielu zezwoleń i umów dotyczących ochrony własności intelektualnej i zasad jej wykorzystania. Co więcej, znów w zależności od kraju, w którym miałaby być wykorzystywana technologia „złotego ryżu", należałoby uzyskać od 0 do 40 licencji. Jednakże, dzięki naciskom opinii publicznej, okazało się, że istnieje wiele dobrej woli w kwestii osiągnięcia porozumienia co do wykorzystania cudzych praw w celach humanitarnych. Stąd, udostępnienie „złotego ryżu" stało się możliwe na wskutek darowizny praw do korzystania z własności intelektualnej dokonanej przez wiele podmiotów prawnych, włączając takie firmy jak Syngenta, Bayer oraz Monsanto. W efekcie, w krajach rozwijających się, „złoty ryż" może być udostępniony bez opłat licencyjnych.

Regulacje prawne

Jak już wspomniano w pierwszej połowie lat dziewięćdziesiątych wprowadzono do uprawy w USA rośliny zmodyfikowane genetycznie. Pojawienie się nowych upraw pociągnęło za sobą konieczność prawnego uregulowania zasad stosowania produktów pochodzących od GMO na całym świecie.

Powstające w końcu lat dziewięćdziesiątych polskie prawo genowe tworzono w zgodzie z dokumentami normatywnymi o zasięgu międzynarodowym. Działo się tak ze względu na zobowiązania międzynarodowe oraz potrzeby gospodarki. Polskie prawo genowe musiało zostać zharmonizowane z obowiązującymi wcześniej aktami prawnymi. Są nimi:

— Agenda 21 (dokumenty końcowe konferencji Narodów Zjednoczonych „Środowisko i Rozwój" Rio de Janeiro, 3–14 czerwca 1992 r.);
— Konwencja o różnorodności biologicznej;
— Dyrektywa Parlamentu Europejskiego i Rady 2001/18/WE z 12 marca 2001 r. o celowym wprowadzaniu do środowiska genetycznie modyfikowanych organizmów.

Od października 1999 roku obowiązywało w Polsce rozporządzenie Ministra Ochrony Środowiska, Zasobów Naturalnych i Leśnictwa, które określało m.in. wymagania, jakim powinny odpowiadać oznakowanie i opakowanie produktu zawierającego organizmy genetycznie zmodyfikowane lub składającego się z takich organizmów, albo ich części, oraz wymagania, jakim powinna odpowiadać ocena zagrożenia dla środowiska i zdrowia ludzi załączona do wniosku o wydanie zezwolenia na zamierzone uwolnienie organizmów genetycznie zmodyfikowanych do środowiska w celach eksperymentalnych lub wprowadzenie do obrotu produktu zawierającego organizmy genetycznie zmodyfikowane lub składającego się z takich organizmów, albo ich części oraz zakresu badań i analiz niezbędnych do jej sporządzenia.

Od roku 2001 obowiązują dwa główne akty prawne regulujące kwestie związane z GMO w Polsce. Są nimi:

— Ustawa z dnia 22 czerwca 2001 r. o organizmach genetycznie zmodyfikowanych (Dz. U. z 2001 r. Nr 76, poz. 811 ze zm.);
— Ustawa z dnia 11 maja 2001 r. o warunkach zdrowotnych żywności i żywienia (Dz. U. z 2001 r. Nr 63, poz. 634 ze zm.).

Pierwsza z tych ustaw reguluje:

— zamknięte użycie organizmów genetycznie zmodyfikowanych;
— zamierzone uwalnianie GMO do środowiska, w celach innych niż wprowadzanie do obrotu;
— wprowadzanie do obrotu produktów GMO;
— wywóz za granicę i tranzyt produktów GMO;
— właściwość organów administracji rządowej do spraw GMO.

Druga zajmuje się wszelkimi aspektami wytwarzania żywności i żywienia. Artykuł 11 tej ustawy dotyczący nowej żywności głosi, że nowa żywność nie może stanowić zagrożenia dla zdrowia lub życia człowieka oraz środowiska oraz różnić się od żywności lub składników żywności, które ma zastąpić, w stopniu powodującym, że jej użycie lub spożycie byłoby niekorzystne ze względów zdrowotnych lub żywieniowych. Artykuł 12 Ustawy powołuje się na Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady nr 1829/2003. Rozporządzenie to m.in. przyznaje konsumentom prawo do informacji o tym, że nabywają produkty zmodyfikowane genetycznie, a także wprowadza obowiązek znakowania żywności zmodyfikowanej genetycznie.

Ustawa z 21 maja 2001 roku definiuje, czym jest GMO: „Organizm zmodyfikowany genetycznie to organizm inny niż organizm człowieka, w którym materiał genetyczny został zmieniony w sposób niezachodzący w naturalnych warunkach wskutek krzyżowania lub naturalnej rekombinacji" [30]. Według Rozporządzenia (WE) nr 1829/2003 Parlamentu Europejskiego i Rady [26], jeśli środek spożywczy zawiera ponad 0,9% GMO powinien być oznaczony jako: „genetycznie zmodyfikowana żywność". Napis na opakowaniu żywności: „genetycznie zmodyfikowana żywność" oznacza żywność zawierającą, składającą się lub wyprodukowaną z GMO. „Wyprodukowane z GMO" oznacza produkty uzyskane w całości lub części z GMO. Etykieta powinna zawierać obiektywne informacje stwierdzające, że żywność zawiera, składa się lub została wyprodukowana z GMO. Jeżeli żywność składa się z więcej niż jednego składnika produktu spożywczego, określenie „genetycznie zmodyfikowane" lub „wyprodukowane z genetycznie zmodyfikowanego (nazwa składnika)" pojawia się w wykazie w nawiasie, obok przedmiotowego składnika. Jeżeli nie istnieje wykaz składników produktu spożywczego, określenie „genetycznie zmodyfikowanie" lub „wyprodukowane z genetycznie zmodyfikowanego (nazwa organizmu)" umieszcza się wyraźnie na etykiecie. Ponadto, etykieta powinna dostarczać informacji odnośnie właściwości lub własności, które odróżniają genetycznie zmodyfikowaną żywność lub paszę od jej tradycyjnych odpowiedników w zakresie

składu, wartości lub skutków odżywczych, przewidywanego użycia żywności lub paszy oraz skutków zdrowotnych dla pewnych grup populacji, jak również wszelkich właściwości lub własności, które podnoszą kwestie etyczne lub religijne. Ustawa o GMO wskazuje również, że minister właściwy do spraw środowiska, sprawuje nadzór oraz kontrolę nad przestrzeganiem i stosowaniem zawartych w niej przepisów.

Innymi organami administracji państwowej sprawującymi kontrolę przestrzegania przepisów ustawy, a także kontrolę produktów GMO, w zakresie swoich kompetencji są ponadto:

1) Państwowa Inspekcja Sanitarna,
2) Państwowa Inspekcja Ochrony Roślin i Nasiennictwa,
3) Inspekcja Ochrony Środowiska,
4) Inspekcja Weterynaryjna,
5) Inspekcja Handlowa,
6) Państwowa Inspekcja Pracy,
7) organy administracji celnej w zakresie kontroli legalnego obrotu GMO,
8) Inspekcja Jakości Handlowej Artykułów Rolno-Spożywczych.

Dyrektywa Unii Europejskiej, jak też polska Ustawa o GMO, przewidują powstanie laboratoriów zajmujących się analizą próbek żywności i produktów rolnych. Takie laboratoria funkcjonują przy wymienionych wyżej inspekcjach państwowych. Jednocześnie wymienione akty prawne nakładają obowiązek powołania tzw. laboratoriów referencyjnych, których zadaniem będzie m.in.

— wykonywanie analiz i badań oraz wydawanie opinii w zakresie GMO;
— wykonywanie analiz i badań oraz wydawanie opinii w zakresie GMO w przypadku zaistnienia rozbieżności, kwestionowania lub potrzeby potwierdzenia wyników uzyskanych na podstawie analiz i badań wykonanych przez inne laboratoria, w tym przez laboratoria należące do państwowych inspekcji;
— przygotowywanie metodyk służących wykrywaniu GMO;
— posiadanie wzorców fragmentów DNA dla techniki PCR, które pozwolą na identyfikację rodzajów wprowadzonej modyfikacji genetycznej;
— organizowanie badań porównawczych w odniesieniu do poszczególnych metod analiz;
— ujednolicanie poszczególnych metod analiz;
— ujednolicanie metod i procedur badawczych;
— wdrażanie nowych metod badań;
— przekazywanie Ministrowi Środowiska informacji dotyczących metod analiz i badań porównawczych stosowanych przez laboratoria referencyjne państw członkowskich Unii Europejskiej;
— szkolenie pracowników laboratoriów Inspekcji w zakresie nowych metod analiz i badań;
— współpraca z laboratoriami referencyjnymi innych państw.

Zgodnie z art. 15 ustawy z dnia 22 czerwca 2001 r. o organizmach genetycznie zmodyfikowanych (Dz. U. Nr 76, poz. 811 z późn. zm.) 3 instytuty naukowe uzyskały zezwolenie Ministra Środowiska na wykonywanie analiz:

— Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie na przeprowadzanie badań i wydawanie opinii w zakresie roślin genetycznie zmodyfikowanych, produktów pochodzenia roślinnego i pasz;
— Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk w Warszawie na przeprowadzanie badań i wydawanie opinii w zakresie roślin genetycznie zmodyfikowanych, produktów pochodzenia roślinnego oraz mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych;
— Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt Polskiej Akademii Nauk w Jastrzębcu na przeprowadzanie badań i wydawanie opinii w zakresie genetycznie zmodyfikowanych zwierząt gospodarskich i przetworzonych produktów pochodzenia zwierzęcego.

W międzyczasie laboratorium w IHAR uzyskało w maju 2006 roku akredytację Polskiego Centrum Akredytacji na wykonywanie analiz żywności i pasz metodami jakościowymi (PCR) i ilościowymi (PCR w czasie rzeczywistym).

Ocena ryzyka szkodliwych skutków stosowania GMO dla zdrowia i środowiska

Zgodnie z dyrektywą Parlamentu Europejskiego i Rady 2001/18/WE z 12 marca 2001 r. o celowym wprowadzaniu do środowiska genetycznie zmodyfikowanych organizmów w Unii Europejskiej zwraca się szczególną uwagę na zachowanie zasad ostrożności, a także podkreśla się konieczność ochrony zdrowia ludzkiego i środowiska przy wprowadzaniu na rynek nowych produktów GMO. Dyrektywa ta określa m.in. zasady oceny ryzyka związanego z wprowadzaniem danego produktu do środowiska lub na rynek. Zgodnie z tą Dyrektywą ocena ryzyka w środowisku jest zdefiniowana jako „identyfikacja i ocena potencjalnych szkodliwych skutków działania dla zdrowia ludzkiego i środowiska zarówno bezpośrednich jak i pośrednich natychmiastowych bądź występujących z opóźnieniem, które mogą być wynikiem zamierzonego uwolnienia do środowiska lub wprowadzenia do obrotu". Bierze się tu pod uwagę możliwość kumulowania efektów i tzw. odległe skutki działania. Dyrektywa ta wprowadza obowiązkowe monitorowanie i badanie wpływu każdego produktu GMO zanim zostanie on wprowadzony do środowiska i do obrotu. Jednocześnie mówi ona również, że po uzyskaniu pozwolenia na wprowadzenie na rynek produktu GMO lub komponentu pochodzącego z GMO państwa członkowskie nie powinny zabraniać, ograniczać bądź hamować wprowadzania na rynek takich produktów i składników produktów żywnościowych [1].W Polsce, w celu uzyskania zgody na uwolnienie GMO do środowiska należy złożyć do Ministra Środowiska wniosek,

którego integralną częścią jest ocena zagrożeń związanych z użyciem GMO [27]. Zgodnie z wymienionymi dokumentami ocena ryzyka jest to proces szacowania prawdopodobieństwa wystąpienia i wagi niesprzyjających efektów, związanych z użyciem GMO. Dotyczy to efektów bezpośrednich, pośrednich, natychmiastowych i opóźnionych mających wpływ na człowieka lub środowisko, a także wpływu łącznego, skumulowanego i długoterminowego. Przeprowadzając ocenę ryzyka bierze się pod uwagę szereg czynników, takich jak:

— charakterystyka organizmów dawców i biorców – informacje dotyczące wprowadzonych genów i samego GMO,
— potencjalne konsekwencje związane z modyfikacją,
— ewentualne szkodliwe skutki dla ludzi- potencjalny wpływ organizmu zmodyfikowanego na środowisko.

Oceniając bezpieczeństwo żywności zmodyfikowanej bada się:

— bezpośredni wpływ na zdrowie (toksyczność),
— alergenność,
— występowanie specyficznych składników, które mogą mieć własności żywieniowe,
— stabilność wprowadzonego genu,
— efekty żywieniowe związane z modyfikacją genetyczną,
— wszelkie niezamierzone efekty wynikające z wprowadzenia genu.

Zgodnie z artykułem 10 Ustawy o GMO koordynacja kontroli i monitorowania użycia GMO należy do zakresu działania ministra właściwego do spraw środowiska. Każdy wniosek o udzielenie zgody na użycie GMO jest poddawany ocenie przez Komisję do spraw GMO przy Ministrze Środowiska, ale decyzję o wyrażeniu zgody lub odmowie podejmuje suwerennie minister. Wszelkie działania związane z GMO są więc od samego początku poddane kontroli państwowej. Używanie GMO bez zgody jest zagrożone karą pozbawienia wolności do lat 3.

Podsumowanie

W XX wieku byliśmy świadkami rozwoju technologii, które przyniosły znaczący postęp w procesie wytwarzania żywności. Na ten sukces złożyły się dokonania w dziedzinie agrotechniki, hodowli roślin oraz nauk o żywności. Dzisiejsze rośliny uprawne, są efektem hodowli metodą selekcji najbardziej wartościowych genotypów. Stworzenie bardziej efektywnej kombinacji genów rodzicielskich, by zabezpieczyć lepszą jakość produktu trwa w konwencjonalnej hodowli roślin zwykle ponad 10 lat, a możliwości takiej hodowli wyczerpują się. Przy wykorzystaniu nowych zdobyczy nauki możliwe stało się wzbogacenie roślin o nowe cechy użytkowe. Są to cechy ułatwiające produkcję lub zmniejszające koszty produkcji roślin, albo pozwalające na uprawę w niekorzystnych warunkach środowiskowych, a także zmieniające walory odżywcze lub smakowe produktów rolnych. Nowe technologie są z trudem akcepto-

wane przez opinię publiczną, której nastroje są często sztucznie podsycane. Jednocześnie wiele krajów świata uporało się już z wprowadzeniem regulacji prawnych określających normy postępowania ze zmodyfikowanymi organizmami i nową żywnością. W Polsce wszelkie kwestie związane z GMO są szczegółowo uregulowane, chociaż prawo to jest stale nowelizowane. W regulacjach duży nacisk kładzie się na zapewnienie bezpieczeństwa ludziom i środowisku. Funkcjonują odpowiednie służby odpowiedzialne za kontrolę działań związanych z GMO. W przepisach kładzie się duży nacisk na prawa i bezpieczeństwo konsumentów. Konsumenci zaś sami muszą decydować, czy nową żywność mogą zaakceptować, w myśl prawa są bowiem informowani o składzie artykułów żywnościowych. O losach żywności zmodyfikowanej genetycznie zdecydują prawa rynku i przekonania kupujących. Według Konfederacji Przemysłu Żywności i Napojów (Confederation of Food and Drink Industries in the EU (CIAA)) możliwa jest koegzystencja na rynku surowców żywnościowych wyprodukowanych metodami konwencjonalnymi, ekologicznymi, jak też na drodze modyfikacji genetycznych [4].

Literatura

[1] Anioł A., Zimny J., Podyma W., Janik-Janiec B. 2002. Krajowy program bezpieczeństwa biologicznego w Polsce. wyd. IHAR: 67.

[2] Cellini F., Chesson A., Colquhoun I., Constable A., Davies H.V., Engel K.H., Gatehouse A.M., Karenlampi S., Kok E.J., Leguay J.J., Lehesranta S., Noteborn H.P., Pedersen J., Smith M. 2004. Unintended effects and their detection in genetically modified crops. *Food & Chemical Toxicology* 42(7): 1089–1125.

[3] Chrispeels M.J., Sadava D.E. 2003. Plants, genes and crop biotechnology. 2 wyd. Jones and Bartlett, Sudbury, USA.

[4] Co-existence – the expectations of the food and drinks industries. 2006. Materiały z konferencji „Co-existence of genetically modified, conventional and organic crops – freedom of choice". 4–6 April 2006, Vienna, Austria.

[5] Curtis K.R., McCluskey J.J., Wahl T.I. 2002. Is China the market for genetically modified potatoe? *Agbioforum* 5(4): 175–178.

[6] Dan Ch. 2001. Lords of the harvest. Perseus Publishing, Wielka Brytania.

[7] Drexler H., Spiekermann P., Meyer A., Domergue F., Zank T., Sperling P., Abbadi A., Heinz E. 2003. Metabolic engineering of fatty acids for breeding of new oilseed crops: strategies, problems and first results. *J. of Plant Physiol*. 160(7): 779–802.

[8] Edwards G., Walker D.A. 1983. C_3 C_4 mechanisms and cellular and environmental regulation of photosynthesis. Packard Publishing, Wielka Brytania.

[9] Ermlich R. 2003. Discussion of current status of commercialization of plant biotechnology in the global marketplace. *J. of Plant Physiol*. 160(7): 727–734.

[10] Forsman Z.K. 2004. Community regulation of genetically modified organisms: a difficult relationship between law and science. *European Law J.* 10(5): 580–594.

[11] Genetically modified „golden rice" in the limelight again. 2005. *Asia Pacific Biotech News* 9(7): 281.

[12] Genetically modified organisms. Production, regulation, marketing. 2006. International Debates March: 66–69.

[13] Grant E.I., Kerr W.A. 2004. Bioprospecting or biopiracy? Intellectual property and traditional knowledge in biotechnology innovation. *J. of World Intellectual Prop.* 7: 35–52.

[14] Hansen A.S., Marckmann P., Dragsted L.O., Finne Nielsen I-L., Nielsen S.E., Grønbæk M. 2005. Effect of red wine and red grape extract on blood lipids, haemostatic factors, and other risk factors for cardiovascular disease. *Europ. J. of Clinical Nutr.* 59: 449–455.

[15] Hasler C.M. 2000. The changing face of functional foods. *J. of the Ame. College of Nutrition* 19(5): 499 – 506

[16] Herbers K. 2003 Vitamin production in transgenic plants. *J. of Plant Physiol.* 160(7): 821–829.

[17] Hoffmann-Sommergruber K. and the SAFE consortium. 2005. The SAFE project: Plant food allergies: Field to table strategies for reducing their incidence in Europe an EC-funded study. *Allergy* 60: 436–442.

[18] James C. 2005. Global status of commercialised transgenic crops. ISAAA Briefs 2005.

[19] Lloyd J.R., Springer F., Bulea A., Iller-Roeber B.M., Willmitzer L., Kossmann J. 1999. The influence of alteration in ADP-glucose phosphorylase activities on starch structure and composition in potato tubers. *Planta* 209: 230–238.

[20] Long S.P., Zhu X.-G., Naidu S.L., Ort D.R. 2006. Can improvement in photosynthesis increase crop yields? *Plant, Cell and Environment* 29: 315–330.

[21] Metcalfe D.D. 2003. Introduction: What are the issues in adressing the allergenic potential of genetically modified foods? *Environmental Health Perspectives* 111(6): 1110–1113.

[22] Miflin B.J. 2000. Crop biotechnology. Where now? *Plant Physiol.* 123: 17–27.

[23] Potrykus I. 2001. Golden rice and beyond. *Plant Physiol*. 125: 1157–1161.

[24] Rimm E.B., Biovannucci E.C. 1991. Prospective study of alcohol consumption and risk of coronary disease in men. *Lancet* 338, Is. 8765: 464–468.

[25] Rodemeyer M (red.). 2001 Harvest on the horizon. W: Future uses of agricultural biotechnology. The Pew Initiative on Food and Biotechnology.

[26] Rozporządzenie (WE) nr 178/2002 Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 28 stycznia 2002 r. ustanawiające ogólne zasady i wymagania prawa żywnościowego, powołujące Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności oraz ustanawiające procedury w zakresie bezpieczeństwa żywności.

[27] Rozporządzenie Ministra Środowiska z 8 lipca 2002, w sprawie określenia szczegółowego sposobu przeprowadzania oceny zagrożeń. Dz. U. 2002.107.944

[28] Singh V., West K. P. 2004. Vitamin A deficiency and xerophthalmia among school-aged children in Southeastern Asia. *Europ. J. of Clinical Nutr.* 58: 1342–1349.

[29] Thomas Z. 2005. Agricultural biotechnology and proprietary rights. W: Challenges and policy options. *J. of World Intellectual Prop*. 8(6): 713–734.

[30] Ustawa z dnia 22 czerwca 2001r. o organizmach genetycznie zmodyfikowanych Dz. U. 2001.76.811 ze zm. Dz. U. 2002.25.253, 2002.41.365.

[31] Weisenfeld U. 2003. Engagement in innovation management: Perceptions and interests in the GM debate. *Creativity and Innovation Management* 12(4): 211–220.

[32] World Population Prospects: The 2004 Revision, Volume III: Analytical report, United Nations Department of Economic and Social Affairs/Population Division: 5.

Genetically modified food and biosafety issues

Key words: food, food safety, GMO, GMO legal regulations

Summary

The goal of agriculture has always been to use the plants and animals as food and the source of necessary fuel and fiber. Crop plants originate in wild plants that have been improved for thousands of years. Genetic engineering is a continuation of this process and potentially can increase the food production values and its quality. The number of countries growing GM crops in 2005 reached 21. Although it seems that the use of such crops is expanding rapidly, there is still a dispute about potential health risks and unclear benefits. As a result of it the system of legal regulations concerning GMO has been introduced. The article discusses issues connected with present and future use of GM food. Also it describes legal regulations aimed at ensuring safety of GM products in Poland.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 49–61

Allelopatia w zbiorowiskach trawiastych

Halina Lipińska, Wanda Harkot
Katedra Łąkarstwa i Kształtowania Zieleni, Akademia Rolnicza w Lublinie
20-950 Lublin, Akademicka 15
e-mail: hllpl@yahoo.com

Słowa kluczowe: allelopatia, chwasty, motylkowate, trawy, użytki zielone

Wstęp

Zbiorowiska roślinne trwałych użytków zielonych składają się z wielu gatunków wieloletnich roślin zielnych z przewagą lub przynajmniej dużym udziałem traw, dlatego są określane jako zbiorowiska trawiaste. Bogactwo gatunków korzystnie wpływa na stabilność tych zbiorowisk. W nizinnej części Polski w większości zbiorowisk łąkowych i pastwiskowych liczba gatunków roślin naczyniowych kształtuje się w granicach od 17 do 33 [50]. Ich liczba zmienia się zarówno w ciągu sezonu wegetacyjnego jak i w kolejnych latach. W wielogatunkowych zbiorowiskach jednym z czynników modyfikujących wzrost i rozwój roślin jest ich wzajemne oddziaływanie allelopatyczne, w wyniku którego jedne gatunki zanikają, a inne pojawiają się lub zwiększają swoją liczebność. Uważa się, że to właśnie oddziaływanie allelopatyczne, a nie odrębność mikroklimatu lub gleby, decydują o wyróżnianiu się mikrofacji i to niezależnie czy oddziaływanie to jest dodatnie, czy ujemne. Wielu fitosocjologów nie akceptuje powyższego poglądu. Ich stanowisko wynika z faktu, że uzyskanie dowodów występowania allelopatii w warunkach polowych jest niezmiernie trudne. Jednakże, liczne dotychczasowe badania aktywności allelopatycznej różnych gatunków roślin użytków zielonych, zwłaszcza przeprowadzone w ostatnich latach, dostarczyły wielu informacji o chemicznych interakcjach roślin [4, 5, 13, 33, 52, 56].

Źródła substancji allelopatycznych na użytkach zielonych

W wielogatunkowych zbiorowiskach roślinnych użytków zielonych rośliny różnych gatunków i różne organy tych roślin są źródłem substancji allelopatycznych. Mogą one znajdować się w częściach nadziemnych (generatywnych i wegetatywnych) i podziemnych roślin zarówno żywych, jak i martwych, które znajdują się na powierzchni gleby, a także w glebie [5, 47]. Substancje allelopatyczne są uwalniane

z kiełkujących nasion wielu gatunków roślin łąkowych i mogą ujemnie wpływać na wschody oraz początkowy rozwój siewek [13, 25]. Jest to zjawisko bardzo ważne na nowo zakładanych lub podsiewanych łąkach i pastwiskach. Wiele związków allelopatycznych znajdujących się w nadziemnych częściach (np. liściach, łodygach, kwiatach) rozpuszcza się w wodzie, dlatego mogą być wymywane przez deszcz, mgłę lub krople rosy. Ważnym źródłem związków allelochemicznych są rozkładające się resztki roślinne. Na użytkach zielonych proces zamierania roślin występuje, choć w różnym nasileniu, w ciągu całego sezonu wegetacyjnego, niezależnie od warunków siedliskowych, poziomu nawożenia czy częstości użytkowania. W przyziemnej warstwie darni udział martwych i rozkładających się części roślin często przewyższa rozmieszczoną tam żywą biomasę. Specyficzne produkty metabolizmu wtórnego roślin są wydzielane przez systemy korzeniowe wielu gatunków roślin łąkowych. Substancje te mogą nagromadzać się w ryzosferze i wiele z nich wykazuje właściwości allelopatyczne. Mogą one wpływać na rozwój rosnących w ich najbliższym otoczeniu roślin i ich wrażliwość na choroby i szkodniki [16]. Wydzielone przez korzenie allelozwiązki mogą ponadto oddziaływać na glebowe makro- i mikrobiota oraz chemiczne i fizyczne właściwości gleby [5].

Znaczenie poszczególnych źródeł substancji allelopatycznych w kształtowaniu ekosystemów trawiastych jest trudne do określenia, bowiem substancje allelopatyczne wymywane z nadziemnych organów roślinnych (żywych lub martwych), a także uwalniane z korzeni (żywych lub martwych) mogą zostać zaadsorbowane przez koloidy glebowe, lub poszczególne frakcje związków humusowych. Mogą one również ulec degradacji mikrobiologicznej, która prowadzi do ich dezaktywacji bądź do powstania produktów toksycznych dla roślin. Ponadto substancje allelopatyczne mogą zostać wymyte w głąb profilu glebowego, poza zasięg systemu korzeniowego roślin, na co znacząco wpływa struktura gleby [18].

Allelopatyczne współoddziaływania traw

Pierwsze udokumentowane prace, w których stwierdzano, że jedną z przyczyn niekorzystnych zmian w składzie gatunkowym zbiorowisk trawiastych są wzajemne oddziaływania roślin o charakterze biochemicznym, pojawiły się dopiero w XX wieku. W Encyklopedii Rolniczej z 1900 roku Sempołowski napisał o *Poa pratensis* L., że „wyrasta nieraz bujnie, niekiedy łącznie z *Festuca rubra* L., rugując inne rośliny" [33]. W 1925 roku Alderman i Middleton [1] wykazali toksyczny (natury fitogennej) wpływ *Poa pratensis* na wzrost pomidorów, sugerując, że trawa ta może oddziaływać allelopatycznie także na inne gatunki roślin. Liczne późniejsze badania potwierdziły obecność substancji allelopatycznych w liściach i korzeniach *P. pratensis* zarówno żywych, jak i martwych [8, 30, 31, 32 34]. Większą aktywność allelopatyczną wykazywały substancje uwalniane z rozkładających się liści *P. pratensis*, niż z roz-

kładających się korzeni tego gatunku. Hamujący czy stymulujący wpływ wodnych wyciągów z liści *P. pratensis* zależał od ich stężenia, terminu pobrania liści do badań i wrażliwości rośliny akceptora [33]. Z kolei aktywność allelopatyczna wysuszonych i wymieszanych z piaskiem liści *P. pratensis* zależała od czasu ich rozkładu. W miarę postępującego rozkładu liści obserwowano nie tylko zanik toksyczności, ale nawet stymulujący efekt powstałych produktów [31]. Również wyciągi wodne z gleby pokrytej *P. pratensis* hamowały kiełkowanie nasion oraz wydłużanie korzeni i wzrost siewek *Dactylis glomerata* L., *Festuca pratensis* HUDS. i *Phleum pratense* L. Wzrost i rozwój siewek tych gatunków były także gorsze (zwłaszcza *Ph. pratense*) na glebie pobranej z pastwiska opanowanego przez *P. pratensis* niż na glebie wcześniej nieporośniętej roślinnością [32].

Wielu autorów zwraca uwagę na aktywność allelopatyczną różnych gatunków należących do rodzaju *Lolium*. Rozpuszczalne w wodzie związki z nadziemnych części *L. multiflorum* LAM. hamowały kiełkowanie nasion oraz początkowy rozwój *Avena* ssp. i *Bromus mollis* L. [39], a także *Ph. pratense* [29]. Zaobserwowano, że *Lolium perenne* L. może osłabiać początkowy rozwój *P. pratensis* [18], a także *L. multiflorum*, która ponadto rośnie wolniej w obecności własnych wydzielin [18, 53]. Wykazano, że w sąsiedztwie *Lolium rigidum* GAUDIN. siewki *L. multiflorum* i *D. glomerata* charakteryzowały się słabszym rozwojem korzenia zarodkowego [13]. Wysoka zdolność *L. rigidum* do współzawodniczenia z podobnymi grupami taksonomicznymi może mieć związek z autotoksycznością tego gatunku. Cheplick i Salvadori [11] uważają, że interakcje pomiędzy roślinami są bardziej intensywne, kiedy są one ze sobą spokrewnione. Spostrzeżenia te potwierdzają badania Canalsa i in. [9], w których wodne wyciągi z dojrzałych tkanek *L. rigidum* hamowały kiełkowanie i wzrost siewek osobników należących do tego samego gatunku. Z badań tych autorów wynika, że rozkładające się resztki roślin mogą działać autotoksycznie długo po obumarciu rośliny. W badaniach Wu i in. [58] wodne ekstrakty pszenicy istotnie hamowały kiełkowanie nasion oraz wzrost korzeni *L. rigidum*. To świadczy, że allelopatyczne właściwości jednych gatunków mogą zostać wykorzystane do biologicznej kontroli innych.

Aktywność allelopatyczną względem wielu gatunków traw roślin dwuliściennych wykazuje *Festuca pratensis*, która niekorzystnie wpływa na ich udział w runi [22]. Także aktywność allelopatyczna *F. rubra* pomaga temu gatunkowi w opanowywaniu wielu siedlisk łąkowych. Badania Falkowskiego [14] wykazały, że nasiona *P. pratensis* i *D. glomerata* istotnie gorzej kiełkowały na wodnych wyciągach z gleby, na której rosła *F. rubra* niż na wyciągach z gleby niepokrytej roślinnością trawiastą. Zwrócił on ponadto uwagę na sezonowość w nagromadzaniu się substancji allelopatycznych w glebie. Wykazał, że ilość hamujących wzrost substancji allelopatycznych w glebach wzrasta od wiosny do lata, a następnie zmniejsza się od lata do jesieni. Liczne badania wykazały, że *Festuca arundinacea* SCHREB. może oddziaływać allelopatycznie na wiele gatunków roślin łąkowych [12, 29, 44, 47], zwłaszcza

odmiany zainfekowane endofitem *Neotyphodium coenophialum* [2, 36, 48]. Zaobserwowano, że różnorodność gatunkowa była mniejsza na terenach gdzie uprawiano *F. arundinacea* zainfekowaną endofitem niż na terenach, gdzie *F. arundinacea* nie była zainfekowana [49].

Z licznych badań wynika, że *Phleum pratense* produkuje substancje toksyczne dla *Nicotiana tabacum* L., *Avena* spp., *P. pratensis* i *D. glomerata* [14], *A. repens* (L.) P. BEAUV., *B. inermis* i *Ph. arundinacea* [46]. *Ph. pratense* jest uznawana za gatunek mało konkurencyjny w zdobywaniu środków pokarmowych, dlatego uważa się, że tylko dzięki allelopatycznym oddziaływaniom może rosnąć w sąsiedztwie *Elytrigia repens* (L.) GOULD [38].

Z obserwacji zachowań *Bromus inermis* LEYSS. w zbiorowiskach trawiastych wynika, że gatunek ten często ustępuje z uprzednio opanowanych miejsc. Podstawową przyczyną tego zjawiska może być autoksyczność. Wyniki badań Benedicta [3] wykazały, że wydzieliny korzeniowe *B. inermis* zawierają substancje hamujące jej wzrost i rozwój. Również kiełkowanie nasion *P. pratensis* w warunkach oddziaływania wodnych wyciągów z gleby pokrytej *B. inermis* [14], jak i wydzielin korzeniowych siewek tego gatunku [21], było gorsze niż w obiektach kontrolnych. Zwraca się uwagę na allelopatyczne właściwości *Bromus tectorum* L. Obecność w glebie (na powierzchni 1 m^2) 43 ziarniaków *B. tectorum* ograniczała rozwój siewek *Agropyron cristatum* (L.) GAERTN., a 688 – całkowicie uniemożliwiała rozwój tych siewek [46].

Bardzo ubogie w gatunki towarzyszące są zbiorowiska *Arrhenatherum elatius* (L.) P. BEAUV. ex J. PRESL & C. PRESL. Stwierdzono, że gatunek ten osłabia rozwój *Elymus repens* (L.) GOULD i *P. pratensis*, a wodne wyciągi z gleby pokrytej tą trawą ujemnie wpływają na kiełkowanie nasion *P. pratensis* i *D. glomerata* [14]. Przypuszcza się, że dominacja *Anthoxanthum odoratum* L. w zbiorowiskach trawiastych jest wynikiem autostymulacji [45]. Również opanowywanie niektórych zbiorowisk trawiastych przez *Holcus lanatus* L. tłumaczy się jej właściwościami allelopatycznymi [43]. Kozłowski [25] podaje, że sąsiedztwo kiełkujących ziarniaków *H. lanatus* wpływa negatywnie na kiełkowanie nasion *F. pratensis* i *L. perenne* (odpowiednio o 33 i 24% gorsza zdolność kiełkowania niż w obiektach kontrolnych). Badania wielu autorów wskazują na znaczną aktywność allelopatyczną *A. repens*, zwłaszcza związków chemicznych uwalnianych podczas rozkładu rozłogów [55, 57]. Właściwości allelopatyczne *Poa annua* L. są prawdopodobnie przyczyną małej trwałości niektórych gatunków rosnących w jej sąsiedztwie [7]. Z kolei Timbal i in. [54] zwracają uwagę na słabszy wzrost i mniejszą suchą masę traw uprawianych w sąsiedztwie *Molinia coerulea* (L.) MOENCH.

Oddziaływania allelopatyczne między roślinami motylkowatymi i trawami

W wielogatunkowych zbiorowiskach roślinnych trwałych użytków zielonych występuje szereg gatunków roślin motylkowatych. Z wielu badań wynika, że między trawami i motylkowatymi może zachodzić zarówno współzawodnictwo o ograniczone zasoby środowiska, jak i chemiczne interferencje o podłożu allelopatycznym. Wyjaśnienie skomplikowanych reakcji pomiędzy trawami a motylkowatymi jest ważne nie tylko z poznawczego punktu widzenia, ale i praktycznego. Bardzo często obserwuje się ustępowanie roślin motylkowatych z runi łąkowej i pastwiskowej; nie zawsze jest to spowodowane warunkami siedliskowymi czy konkurencyjnością traw. Już w 1939 roku sugerowano, że szkodliwa chemiczna interakcja między korzeniami traw i motylkowatych jest przyczyną dominacji jednych z nich. Od tego czasu przeprowadzono wiele badań, w których oceniano wrażliwość gatunków motylkowatych na substancje allopatyczne uwalniane zarówno przez różne gatunki traw, jak i motylkowatych [18].

Słaby rozwój oraz krótkotrwałe utrzymywanie się *Medicago sativa* L. w runi trawiastej było powodem podjęcia licznych badań nad allelopatycznym wpływem różnych gatunków traw na kiełkowanie i wzrost tego gatunku. Przeprowadzone eksperymenty potwierdziły negatywny wpływ *Agrostis alba* L., *A. repens*, *B. inermis*, *F. pratenis*, *F. arundinacea*, *D. glomerata*, *L. perenne*, *Ph. arundinacea*, *Ph. pratense*, *P. pratensis* na początkowy rozwój, a także przeżywalność siewek lucerny [12]. Wykazano ponadto, że *A. repens* osłabia powstawanie brodawek korzeniowych na lucernie [57]. Aktywność allelopatyczna traw względem *M. sativa* zależy zarówno od gatunku, fazy rozwojowej, jak i części rośliny z której pochodzą allelozwiązki. Ekstrakty *A. repens* były bardziej toksyczne dla siewek *M. sativa*, gdy *A. repens* pobrano do badań w stadium wegetatywnym niż w późniejszych stadiach [55]. Z kolei ekstrakty z liści i łodyg *F. arundinacea* i *L. multiflorum* silniej hamowały kiełkowanie i wzrost siewek lucerny, gdy materiał do biotestów pobrano w stadium generatywnym, ale ekstrakty z korzeni tych gatunków pozyskane z roślin w stadium pełnej dojrzałości nie wpłynęły na początkowy wzrost i rozwój *M. sativa* [46].

Aktywność allelopatyczną wykazuje również *M. sativa* zarówno na trawy, jak i inne gatunki roślin motylkowatych. Stwierdzono, że ekstrakty z nadziemnych części *M. sativa* istotnie hamują kiełkowanie i wzrost siewek *Ph. pratense* [40]. Także korzenie *M. sativa* zawierają rozpuszczalne w wodzie związki, które silnie hamują rozwój wielu gatunków traw (*Ph. pratense*, *B. inermis*, *D. glomerata*, *Ph. arundinacea*, *Elymus* spp. i *Agropyron* spp.) i motylkowatych (*Trifolium pratense* L. i *T. repens* L., *Lotus corniculatus* L.). Przy czym ekstrakty z części nadziemnych były bardziej efektywne w ograniczaniu wzrostu testowanych roślin niż ekstrakty korzeniowe [45, 46]. Liczne wyniki badań świadczą o autotoksycznych właściwościach *M. sativa*. Uważa

się, że autoksyczność jest przyczyną słabszych wschodów i wzrostu siewek *M. sativa* na polach, na których wcześniej uprawiano ten gatunek [12, 23].

Od wielu lat istnieją problemy z utrzymywaniem się *Lotus corniculatus* w mieszankach z trawami, mimo że kiełkujące nasiona traw wpływają dodatnio na kiełkowanie nasion komonicy, która z kolei wpływa ujemnie na ich kiełkowanie [35]. Stwierdzono dobre współżycie *L. corniculatus* z *D. glomerata*, antagonistyczne zaś działanie *L. perenne* względem *L. corniculatus* [14]. Szczególne trudności z utrzymywaniem się *L. corniculatus* w runi występują, jeżeli jest wysiewana z *F. arundinacea*. Przyczyną tego zjawiska, obok oddziaływań konkurencyjnych, mogą być oddziaływania allelopatyczne. Właściwości allelopatyczne *F. arundinacea* są zróżnicowane w zależności od jego genotypu [44] i pory roku [51]. *F. arundinacea* produkuje substancje allelopatyczne głównie wiosną i jesienią, kiedy intensywnie się krzewi. Jednak ekstrakty z *F. arundinacea* zbieranej jesienią (wrzesień, październik) silniej hamowały rozwój *L. corniculatus*. Badane ekstrakty miały kwaśny odczyn. Wzrost pH ekstraktów (do odczynu obojętnego) korzystnie wpływał na kiełkowanie nasion, ale nie eliminował negatywnego wpływu *F. arundinacea* na *L. corniculatus*. Również nawożenie *F. arundinacea* azotem zwiększa hamujący wpływ tej trawy na *L. corniculatus* [35]. Początkowy rozwój siewek *L. corniculatus* hamują także wodne ekstrakty z korzeni i pędów wielu innych gatunków traw (*B. inermis*, *D. glomerata*, *Ph. pratense*, *F. rubra*) i motylkowatych (*T. pratense*, *T. repens*, *M. sativa* i *L. corniculatus*). W ich obecności (a zwłaszcza *Ph. pratense* i *M. sativa*) siewki *L. corniculatus* wytwarzały krótsze korzenie i pędy [46].

W wielu krajach (zwłaszcza europejskich) *Trifolium pratense* i *Trifolium repens* są powszechnie wysiewane w mieszankach z różnymi gatunkami traw. Jednak trudno znaleźć mieszanki, w których znajdują się jednocześnie te dwa gatunki koniczyn. Wykazano bowiem, że *T. pratense* i *T. repens* nie znoszą się wzajemnie [14]. Zwykle w mieszankach pastwiskowych wysiewana jest *T. repens*, a w mieszankach łąkowych *T. pratense*. Gatunki te są także stosowane do podsiewu zdegradowanych zbiorowisk trawiastych dla poprawy jakości paszy i wielkości plonów. Dlatego w licznych badaniach ocenia się wpływ różnych czynników na utrzymywanie się *T. pratense* i *T. repens* w zbiorowiskach trawiastych. Od dawna prowadzone są również badania, w których jest oceniana wrażliwość tych gatunków na allelopatyczne substancje uwalniane przez różne gatunki zarówno traw, jak i motylkowatych [14]. Wykazano, że wodne ekstrakty z korzeni i pędów *L. corniculatus* i *M. sativa* istotnie hamują wzrost siewek *T. pratense* i *T. repens* [17]. Zdaniem Breazu i in. [6] również wodne ekstrakty z pozostałości *T. repens* i *M. sativa* oraz *D. glomerata*, *F. pratensis*, *F. arundinacea* i *F. rubra* hamują, częściowo lub całkowicie, kiełkowanie nasion i wzrost korzeni *T. repens*. W licznych badaniach wykazano, że ekstrakty roślin motylkowatych silniej hamowały rozwój obu gatunków koniczyn niż ekstrakty z traw, ale ich reakcja na substancje allelopatyczne była różna. *A. elatius* i *D. glomerata* osłabiały rozwój *T. pratense*, lecz w niewielkim stopniu hamowały wzrost *T. repens*.

Z kolei *L. perenne* sprzyjała rozwojowi i trwałości *T. pratense* [14], a także wpływała korzystnie na początkowy rozwój *T. repens* [26]. Z wcześniejszych badań [46] wynika natomiast, że wydzieliny nasion *T. repens* hamują kiełkowanie nasion *L. perenne*. Wyniki te sugerują, że interferencje chemiczne między tymi gatunkami zachodzą w obu kierunkach, a na intensywność allelopatycznych oddziaływań tych gatunków może wpływać wiele czynników. Jednym z nich mogą być patogeny *L. perenne* (*Neotyphodium lolii*, *Puccinia coronata* CORDA). W pewnych warunkach endofit *Neotyphodium lolii* zwiększa allelopatyczną aktywność niektórych genotypów *L. perenne* względem *T. repens*. Ekstrakty z części nadziemnych genotypów zainfekowanych endofitami silniej hamowały wzrost *T. repen*s niż ekstrakty tych samych genotypów, lecz wolnych od *Neotyphodium lolii* [52].

Na pastwiskach południowo-wschodnich Stanów Zjednoczonych *Trifolium repens* jest powszechnie uprawiana w mieszankach z *F. arundinacea*. Czynnikiem utrudniającym wprowadzenie lub ograniczającym udział *T. repens* w runi z *F. arundinacea* są chemiczne interferencje tych gatunków. Pederson [42] wykazał zróżnicowaną reakcję 40 genotypów *T. repens* na allelopatyczne oddziaływania wyciągów z liści *F. arundinacea*. W trzynastu genotypach nie stwierdzono hamowania procesów kiełkowania, lub wydłużania korzeni pod wpływem wyciągów z liści *F. arundinacea*. Jeżeli ta właściwość jest dziedziczna, populacje *T. repens* niewrażliwe na allelopatyczne substancje *F. arundinacea* mogą z powodzeniem być wykorzystywane do mieszanek tych dwóch gatunków. Harkot i in.[22] wykazali, że wrażliwość *T. repens* i *T. pratense* na substancje allelopatyczne zawarte w wydzielinach korzeniowych siewek traw zależy od stopnia rozcieńczenia tych substancji i gatunku trawy. Wydzieliny *B. inermis* już w niższym stężeniu (odpowiadającym oddziaływaniu wydzielin jednej siewki), wydzieliny *D. glomerata*, *F. pratensis* i *P. pratensis* zaś dopiero w wyższym stężeniu (odpowiadającym oddziaływaniu wydzielin pięciu siewek tych gatunków) istotnie hamowały kiełkowanie nasion obu gatunków koniczyn. Kryszak i Rogalski [26] potwierdzili ujemny wpływ sąsiedztwa roślin *D. glomerata* i *P. pratensis* na początkowy wzrost i rozwój *T. repens*. Badania ich wykazały, że także *F. rubra* bardzo silnie spowalnia kiełkowanie nasion i wydłużanie korzeni *T. repens*. Ponadto, w obecności tej trawy obserwowali silniejsze porażenie *T. repens* chorobami grzybowymi niż w warunkach kontrolnych (o 58%). Z innych badań wynika, że również wodne ekstrakty z resztek *F. rubra*, *F. pratensis*, *F. arundinacea*, *D. glomerata*, *L. perenne*, częściowo lub całkowicie hamują kiełkowanie i wzrost korzeni *T. repens* [6]. Wrażliwość odmian *T. repens* na zastosowane ekstrakty była różna. Stwierdzono ponadto, że niższe stężenia ekstraktów z *F. arundinacea* i *F. rubra* (<75%) stymulowały, a wyższe hamowały kiełkowanie nasion *T. repens*.

W Australii zmniejszanie się udziału *Trifolium subterraneum* L. w runi pastwisk z *Phalaris* sp. jest wiązane ze szkodliwym wpływem resztek tej trawy pozostawionych na powierzchni gleby. Usunięcie resztek *Phalaris* przed pierwszymi deszczami jesiennymi wpłynęło pozytywnie na kiełkowanie i początkowy rozwój siewek *T. subterraneum*, co umożliwiło założenie pastwiska z udziałem tego gatunku [27].

Aktywność allelopatyczna innych gatunków roślin łąkowych

Na użytkach zielonych oprócz traw i roślin motylkowatych występuje wiele gatunków roślin z innych rodzin botanicznych. Niektóre z nich, gdy występują masowo, negatywnie wpływają na ilość i jakość plonów (np. gatunki nisko rosnące, rozetkowe, o grubych, silnie drewniejących łodygach, trujące i pasożytujace), a także na zdrowie i produkcyjność zwierząt oraz jakość produktów (np. mleka, serów itp.). Znaczną aktywnością allelopatyczną wyróżniają się *Achillea millefolium* L., *Bellis perennis* L., *Linum catharticum* L., *Plantago lanceolata* L. i *P. maior* L., a także *Taraxacum officinale* Web. czy *Luzula* ssp. [14]. Badania laboratoryjne wykazały, że ekstrakty z liści i korzeni *T. officinale* hamowały kiełkowanie *D. glomerata*, *F. pratensis*, *F. rubra* i *L. perenne*. Ujemny wpływ ekstraktów z korzeni był większy niż ekstraktów z liści. Substancje allelopatyczne zawarte w wodnych ekstraktach korzeni i liści *T. officinale* wpływały silniej na *D. glomerata* i *F. rubra* niż *F. pratensis* i *L. perenne* [15]. Na użytkach zielonych mogą występować w dużych ilościach różne gatunki z rodzaju *Rumex* ssp. Wiele z nich wykazuje właściwości allelopatyczne względem traw i motylkowatych. Stwierdzono, że inwazja oraz dominacja *Rumex obtusifolius* L. w runi z *L. perenne*, *P. pratensis*, *D. glomerata* i *T. repens* związana jest z mechanizmami allelopatycznymi [10]. Zaobserwowano silniejsze allelopatyczne oddziaływanie *R. obtusifolius* na trawy niż na *T. repens*. Z kolei właściwości allelopatyczne *R. crispus* L., *R. sylvestris* Wallr. i *R. alpinus* L. umożliwiły ich udaną inwazję na terytoria Ukraińskich Karpat. Wewnątrz granic pola fitogenicznego tych chwastów stwierdzano znacznie niższe plony traw niż w obiektach kontrolnych [24].

Obserwacje składu gatunkowego zbiorowisk roślinnych użytków zielonych wskazują, że niektóre gatunki traw i motylkowatych uniemożliwiają rozwój wielu gatunków chwastów w swoim sąsiedztwie. Dlatego w doświadczeniach próbowano określić, czy jest możliwa biologiczna kontrola chwastów na użytkach zielonych poprzez chemiczne interferencje sąsiadujących z nimi gatunków traw i motylkowatych. Wodne wyciągi z części nadziemnych *Holcus lanatus* L., *Hypochoeris radicata* L. i *T. repens* systematycznie hamowały rozwój *Plantago lanceolata* i *Rumex acetosa* [18]. Z kolei pozostałości *D. glomerata*, *Bromus wildenowii* Kunth., *F. arundinacea*, *L. perenne*, *H. lanatus* oraz *Phalaris aquatica* L. silnie osłabiały wschody oraz wydłużanie korzeni i pędów *Carduus nutans* L. Natomiast pozostałości *M. sativa*, *T. pratense*, *T. subterraneum* i *T. repens* wpływały stymulująco na pojawianie się i początkowy rozwój tego chwastu [56]. Według Millera [37] allelopatyczny wpływ *M. sativa* na niektóre gatunki chwastów może odegrać znaczącą rolę w badaniach nad herbicydami stosowanymi w uprawie *M. sativa*. Z kolei allelopatyczne właściwości *Festuca* sp. mogą być wykorzystane w zwalczaniu chwastów na różnych nawierzchniach trawnikowych (boiska, pola golfowe, trawniki). Badania Bertina i in. [5] wykazały bowiem, że odmiany: 'Oxford', 'Reliant II' i 'Rescue 911' (*F. longifolia*) oraz 'Sandpiper', 'Intrigue', 'Treazure' i 'Columbra' (*F. rubra* ssp. *commutata*) hamowały rozwój siewek *Digitaria sanguinalis* (L.) Scop. i *Lepidium sativum* L. Wydłużanie korzeni było silniej hamowane niż pędów.

Podsumowanie

Zbiorowiska trawiaste pełnią różnorodne funkcje w przyrodzie i gospodarce, co zmusza człowieka do coraz lepszego zrozumienia zasad ich funkcjonowania. Jednym z najmniej poznanych czynników, decydujących o bioróżnorodności i stabilności ekosystemów trawiastych, są allelopatyczne oddziaływania roślin wyższych. Postęp w badaniach allelopatii, jaki zaznaczył się w ostatnich latach, wyjaśnia przyczyny wielu zmian w strukturze zbiorowisk roślinnych użytków zielonych. Znajomość chemicznych interferencji między roślinami (dodatnich lub ujemnych), które określają wzajemną kompatybilność różnych gatunków, a nawet odmian, może być użyteczna w komponowaniu mieszanek pastwiskowych i łąkowych. Sezonowość w nagromadzaniu się substancji allelopatycznych w glebie może zostać wykorzystana w wyborze właściwego terminu siewu lub podsiewu. Aktywność allelopatyczna traw i motylkowatych jest bardzo ważna w rekultywacji zdegradowanych zbiorowisk trawiastych. Zróżnicowana reakcja siewek gatunków i odmian na chemiczne oddziaływania starej darni jest szczególnie ważna w przypadku renowacji łąk, pastwisk i trawników metodą podsiewu. Z kolei różna aktywność allelopatyczna genotypów danego gatunku może zostać wykorzystana w hodowli nowych odmian traw i motylkowatych. Znajomość oddziaływań allelopatycznych gatunków i odmian stwarza również realne możliwości wykorzystania tego zjawiska do zwiększenia bioróżnorodności oraz kontroli chwastów na użytkach zielonych. Należy jednak mieć na uwadze szczególną złożoność oddziaływań roślin w zbiorowiskach roślinnych użytków zielonych. Wynika ona nie tylko z właściwości fizykochemicznych gleby i aktywności mikroorganizmów, ale również z wielogatunkowej i wielowiekowej struktury zbiorowisk roślinnych. Złożoność tych oddziaływań sprawia, że kontrola ich wpływu jest często symboliczna, a eksperymentalnych wyników badań nie można wprost przenieść na stosunki panujące w przyrodzie. Nie zmienia to jednak faktu, że na użytkach zielonych zjawisko allelopatii jest jednym z czynników ekologicznych kształtujących warunki rozwoju roślin, a tym samym pełni funkcję czynnika limitującego lub kontrolującego.

Literatura

[1] Alderman W.H., Middleton J.A. 1925. Toxic relation of other crops to tomatoes. *Proc. Am. Soc. Hortic. Sci*. 22: 307–308.

[2] Ball D.M., Pederson J.F., Lacefield G.D. 1993. The tall fescue endophyte. *American Scientist* 81: 370–379.

[3] Benedict H.M. 1941. The inhibiting effect of dead roots on the growth of bromegrass. *J. Am. Soc. Agron*. 33: 1108–1109.

[4] Bertin C., Yang X., Weston L.A. 2003. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere. *Plant and Soil* 256: 67–83.

[5] Bertin C., Paul R.N., Duke, S.O. and Weston, L.A. 2003. Laboratory assessment of the allelopathic effects of fine leaf fescues. *J. Chem. Ecol.* 29: 1919–1937.

[6] Breazu I.T., Boller B., Stadelmann F.J. 1998. Grass/clover mixture merits, allelopathic influence among some grassland species and varieties. Breeding for a multifunctional agriculture. Proc. of the 21st Meeting of the Fodder Crops and Amenity Grasses Section of EUCARPIA, Kartause Ittingen, Switzerland, 98–99.

[7] Brede A.D. 1985. Competitive interactions of seedling *Poa annua* in turf. Proc. Southern Weed Society. 38th annual meeting, 95. (artykuł jednostronicowy)

[8] Buta J.G., Spaudling D.W. 1987. Growth inhibiting compounds in tall fescue involved in allelopathy of turfgrasses – abscisic acid and phenolics. W: Plant Growth Regulator Society of America, Proc. of the Plant Growth Regulator Society of America, Lincoln, Nebraska, USA, 61.

[9] Canals R.M., Emeterio L.S., Peralta J. 2005. Autotoxicity in *Lolium rigidum*: analyzing the role of chemically mediated interactions in annual plant populations. *J. Theoret. Biol*. 235: 402–407.

[10] Carballeira A., Carral E., Reigosa M.J. 1988. Asymetric small-scale distribution and allelopathy. Interaction between *Rumex obtusifolius* L. and meadow species. *J. Chem. Ecol.* 14: 1775–1786.

[11] Cheplick G.P., Salvadori G.M. 1991. Intraclonal and interclonal competition in the cleistogamous grass *Amphibromus scabrivalvis*. *Am. J. Bot*. 78: 1494–1502.

[12] Chung I.M., Miller D.A. 1995. Allelopathic influence of nine grass extracts on germination and seedling growth of alfalfa. *Agron. Journ*. 87: 767–772.

[13] Emeterio L.S., Arroyo A., Canals R.M. 2003. Allelopathic potential of *Lolium rigidum* GAUD. on the early growth of three associated pasture species. *Grass and For. Sci.* 59: 107–112.

[14] Falkowski M. 1958. Starzenie się łąk. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 13: 7–31.

[15] Falkowski M., Kukułka I., Kozłowski S. 1990. Biological properties and fodder value of dandelion. W: Soil grassland animal relationships. Proc. of 13th general meeting of the European Grassland Federation, Banska Bystrica: 208–211.

[16] Gawrońska A. 1997. Zmianowanie roślin a zmęczenie gleby. *Acta Acad. Agricult. Tech. Olst*. 64: 67–79.

[17] Grant E.A., Sallans W.G. 1964. Influence of plant extracts on germination and growth of eight forage species. *J. Brit. Grass. Soc*. 19: 191–197.

[18] Harborne J.B. 1997. Interakcje biochemiczne pomiędzy roślinami wyższym. W: Ekologia biochemiczna. PWN Warszawa: 275–297.

[19] Harkot W., Czarnecki Z., Lipińska H. 2000. Allelopatyczne oddziaływanie martwych liści wybranych gatunków traw gazonowych na początkowy rozwój *Lolium perenne*. Biochemiczne interakcje w oddziaływaniach środowiskowych. Mat. konf., IUNG Puławy 2–3 X 2000: 57–58.

[20] Harkot W., Lipińska H. 1996. Wpływ wydzielin korzeni siewek niektórych gatunków traw i koniczyn na kiełkowanie ich nasion. Mat. konf. „Teoretyczne i praktyczne aspekty allelopatii". Puławy IUNG, 10: 147–153.

[21] Harkot W., Lipińska H. 1997. Allelopatyczny wpływ stokłosy bezostnej (*Bromus inermis* LEYSS.) na kiełkowanie, początkowy wzrost i rozwój niektórych gatunków traw i motylkowatych. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 452: 185–197.

[22] Harkot W., Lipińska H., Kupczyk J. 1993. Allelopatyczny wpływ wydzielin korzeniowych siewek traw na kiełkowanie nasion *Trifolium repens* L. i *Trifolium pratense* L. *Frag. Agron*. 4: 221–222.

[23] Jennings J.A., Nelson C.J. 2002. Zone of autotoxic influence around established alfalfa plants. *Agron. Journ*. 94: 1104–1111.

[24] Komendar V.I., Lishchuk S.S. 1991. Peculiarities of biology and distribution of *Rumex* species in the Ukrainian Carpathians. *Ukrainskii Botanichnii Zhurnal* 48: 45–49.

[25] Kozłowski S. 1998. Czynniki warunkujące podsiew użytków zielonych – roślina. *Łąkarstwo w Polsce* 1: 31–44.

[26] Kryszak J., Rogalski M. 1997. Wpływ wybranych gatunków traw na początkowy wzrost *Trifolium repens*. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 451: 325–331.

[27] Leigh J.H., Halsall D.M., Holgate M. D. 1995. The role of allelopathy in legume decline in pastures. 1. The effects of pasture and crop residues on the germination, survival and production of subterranean clover in the field and nursery. *Aust. J. Agr. Res.* 46: 179–188.

[28] Lipińska H. 2005. Wpływ fitotoksyn korzeniowych traw na początkowy wzrost i rozwój *Lolium perenne*. *Łąkarstwo w Polsce* 8: 115–122.

[29] Lipińska H. 2005. Allelopathic effects of grasses and biodiversity of plant communities. *Grassland Science in Europe* 10: 380–383.

[30] Lipińska H., Harkot W. 1998. Fitotoksyny martwych korzeni *Poa pratensis* jako czynnik hamujący kiełkowanie nasion wsiewanych traw. *Łąkarstwo w Polsce* 1: 159–164.

[31] Lipińska H., Harkot W. 2000. Allelopatyczne oddziaływania liści *Poa pratensis* L. na początkowy wzrost i rozwój *Dactylis glomerata* L., *Festuca pratensis* Huds. i *Phleum pratense* L. *Łąkarstwo w Polsce* 3: 95–104.

[32] Lipińska H., Harkot W. 2000. Wpływ substancji allelopatycznych w glebie spod runi wiechlinowej na kiełkowanie oraz początkowy wzrost i rozwój wybranych gatunków traw. *Zesz. Nauk. AR w Krakowie* 368: 211–217.

[33] Lipińska H., Harkot W. 2005. Allelopathic effects of water leachates of *Poa pratensis* leaves. *Allelopathy Journ*. 16: 251–260.

[34] Lipińska H., Oleszek W. 2002. Application of RERS (Root Exudate Recirculating System) for the studies of allelopathic potential of *Poa pratensis*. *Allelopathy Journ*. 10: 39–44.

[35] Luu K.T., Matches A.G., Peters E.J. 1982. Allelopathic effects of tall fescue on birds trefoil as influenced by N fertilization and seasonal changes. *Agron. Journ*. 74: 805–808.

[36] Malinowski D.P., Alloush G.A., Belesky D.P. 1998. Evidence for chemical changes on the root surface of tall fescue in response to infection with the fungal endophyte *Neotyphodium coenophialum*. *Plant and Soil* 205: 1–12.

[37] Miller D.A. 1996. Allelopathy in forage crop systems. *Agron. Journ.* 88: 854–859.

[38] Murphy S.D., Aarssen L.W. 1995. Reduced seed set in *Elytrigia repens* caused by allelopathic pollen from *Phleum pratense*. *Can. J. Bot*. 73: 1417–1422.

[39] Naqvi H.H., Muller C.H. 1975. Biochemical inhibition (allelopathy) exhibited by Italian ryegrass (*Lolium multiflorum* L.). *Pak. J. Bot*. 7: 139–147.

[40] Nielsen K.F., Cuddy T.F., Woods W.B. 1960. The influence of the extracts of some crops and soil residues on germination and growth. *Can. J. Plant Sci.* 40: 188–197.

[41] Oleszek W. 1996. Allelopatia – rys historyczny, definicja, nazewnictwo. Mat. konf. „Teoretyczne i praktyczne aspekty allelopatii" IUNG Puławy 10: 5–15.

[42] Oswald H. 1950. Root exudates and seed germination. K. Lantbr. Hogsk. Ann. 16, Proc. of the Seventh International Botanical Congress. Stockholm: 789–796.

[43] Pederson G.A. 1988. Allelopathic effects of tall fescue on germination and seedling growth of white clover genotypes. Proc. of the XV International Grassland Congres, Nicea: 323–324

[44] Pedrol N., Ramos P., Bolano J.C., Reigosa M.J. 1996. Potentially allelopathic compounds production in velvetgrass under stress conditions. First World Congress on Allelopathy, Cadiz: 61.

[45] Peters E.J., Zam M.A.H. 1981. Allelopatic effects of tall fescue genotypes. *Agron. Journ.* 73: 56–58.

[46] Putnam A.R., Duke W.B., 1978. Allelopathy in agroecosystems. *Ann. Rev. Phyt*. 16: 431–451.

[47] Rice E.L. 1984. Allelopathy. Academic Press, New York: 422 ss.

[48] Sempołowski A. 1900. Trawy. Encyklopedia Rolnicza, t. X, Warszawa: 24.

[49] Smith A.E., Martin L.D. 1994. Allelopathic characteristics of three cool-season grass species in the forage ecosystem. *Agron. Journ*. 86: 243–246.

[50] Springer T.L. 1996. Allelopathic effects on germination and seedling growth of clovers by endophyte-free and–infected tall fescue. *Crop Sci.* 36: 1639–1642.

[51] Spyreas G., Gibson D.J., Middleton B.A. 2001. Effects of endophyte infection in tall fescue (*Festuca arundinacea*, *Poaceae*) on community diversity. *Inter. J. Plant Sci.* 162: 1237–1245.

[52] Stańko-Bródkowa B. 1996. Populacyjna struktura fitocenoz łąkowych. *Post. Nauk Rol*. 2: 49–60.

[53] Stephenson R.J., Posler G.L. 1988. The influence of tall fescue on the germination, seedling growth and yield of birdsfoot trefoil. *Grass and For. Sci.* 43: 273–278.

[54] Sutherland B.L., Hume D.E., Tapper B.A. 1999. Allelopathic effects of endophyte-infected perennial ryegrass extracts on white clover seedlings. *New Zeal. J. Agri. Res*. 42: 19–26.

[55] Takahashi Y., Otani I., Uozumi S., Yoden Y., Igarashi R. 1988. Studies on the allelopathie interactions among some grassland species. I. Effect of root exudates from some grass and legume species on the growth of their own species and other species. *J. Jap. Soc. Grassl. Sci.* 33: 338–344.

[56] Timbal J., Gelpe J., Garbaye J. 1990. Preliminary study of the effect of *Molinia coerulea* on growth and mycorrhizal status of northern red oak (*Quercus rubra*) seedlings. *Ann. Des Sci. For.* 47: 643–649.

[57] Touchette R., Lerouz G.D., Deschenes J.M. 1988. Allelopathic activity of quackgrass (*Agropyron repens*) extracts and residues of alfalfa (*Medicago sativa*). *Can. J. Plant Sci*. 68: 785–792.

[58] Wardle D.A., Nicholson K.S., Rahman A. 1996. Use of a comparative approach to identify allelopathic potential and relationship between allelopathy bioassays and „competition" experiments for ten grassland and plant species. *J. Chem. Ecol*. 22: 933–948.

[59] Weston L.A., Putnam A.R. 1985. Inhibition of growth, nodulation, and nitrogen fixation on legumes by quackgrass. *Crop Sci*. 25: 561–566.

[60] Wu H., Pratley J., Lemerle D., Haig T. 2000. Evaluation of seedling allelopathy in 453 wheat (*Triticum aestivum*) accessions against annual ryegrass (*Lolium rigidum*) by the equal-compertment-agar method. *Aust. J. Agri. Res*. 51: 937–944.

Allelopathy in grass communities

Key words: allelopathy, grasses, grasslands, legumes, weeds

Summary

Paper presents the recent achievements in the studies on allelopathic activity of grass and pasture plants, performed in numerous scientific centers all over the world. The advancement so clearly marked in the last years enabled to gain broader knowledge on the reasons of changes or stability of plant association structures in grasslands. Chemical interferences between the plants in grasslands appear to be quite useful for determination of the compatibility of different species or even varieties in some pasture and meadow mixtures. The seasonality in accumulation of the allelopathic substances in soil may be helpful in choosing the appropriate sowing or undersowing date. The allelopathic activity of grasses and legumes is of primary importance for the reclamation of degraded grass associations.

Differentiated response of the seedlings of species and varieties to chemical treatment of the old sward proves to be crucial in case of meadows, pastures and lawns renovation with an undersowing method. In turn, the varied allelopathic activity of genotypes of given species may be used to breed the new species of grasses and legumes. The knowledge on allelopathic reactions of species and varieties provides good potentialities to exploit this effect and enrich the biodiversity and weed control on grasslands.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 63–80

Biologiczne i agrotechniczne uwarunkowania produkcyjności bobiku

Bogdan Kulig, Tadeusz Zając
Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin
Akademia Rolnicza im. Hugona Kołłątaja w Krakowie
Al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków
e-mail: rrbkulig@cyf-kr.edu.pl

Słowa kluczowe: bobik, plonowanie, areał uprawy, cechy botaniczno-rolnicze, modelowanie

Wstęp

Bobik na paszę dla koni w Polsce i innych państwach europejskich w przeszłości uprawiano na lepszych glebach, o czym świadczą lokalne nazwy (niem. Pferdebohne, ang. horse bean i czes. bob koňský). Wprowadzenie do uprawy na ugorujące pole średniowiecznej trójpolówki roślin pastewnych, a więc: bobiku, koniczyny czerwonej, wyki jarej i buraków pastewnych miało miejsce w epoce Oświecenia, czyli 200–300 lat temu. Konsekwencją tego posunięcia był, obok zwiększenia plonu białka, wzrost produkcyjności roślin następczych głównie pszenic, wykorzystujących bardzo dobry przedplon. Współcześnie to rozwiązanie agrotechniczne jest nadal doceniane w systemie integrowanej produkcji roślinnej i zalecane do stosowania w ramach zrównoważonego rolnictwa [33, 51].

Zainteresowanie bobikiem jako wysokobiałkową rośliną strączkową w ostatnich 25 latach zmniejszyło się, czego odzwierciedleniem jest malejąca liczba publikacji naukowych (tab. 1).

Tabela 1. Piśmiennictwo dotyczące bobiku w latach 1980–2005

Wyszczególnienie	1980–1990	1991–1995	1996–2000	2001–2005	Baza
Polska*	203	335	257	63	AgroLibrex
Świat (bez Polski)	682	1800	951	275	Agris
Europa (bez Polski)	brak danych	193	93	48	Agris

* Polska publikacje naukowe i popularnonaukowe.

Tabela 2. Powierzchnia uprawy i plon nasion bobiku i bobu w wybranych krajach UE

Kraj	Powierzchnia [1000 ha]				Plon [dt · ha^{-1}]			
	1990	1995	2000	2005	1990	1995	2000	2005
Polska	47,2	12,5	20,4	11,8	26,2	19,6	21,0	23,9
Niemcy	27,5	25,5	17,7	15,7	37,0	33,8	34,9	38,0
Francja	23,1	11,5	26,7	100,6	38,5	33,8	37,7	36,7
Wielka Brytania	139,2	118,7	124,3	181,0	34,1	26,9	39,0	b.d.
Hiszpania	31,2	15,6	12,4	53,1	11,9	6,5	10,7	4,7
Włochy	104,0	63,3	47,8	48,5	11,0	15,6	15,0	17,9

żródło: Eurostat; b.d. – brak danych.

W znaczących państwach UE – Francji, Wielkiej Brytanii, Hiszpanii – obserwuje się w ostatnich latach wzrost areału przeznaczonego pod uprawę bobiku pomimo uzyskiwania zmiennych plonów (tab. 2).

Oprócz wysokiej produkcyjności, istotną zaletą uprawy bobiku jest oddziaływanie fitosanitarne i fitomelioracyjne. Jego uprawa przeciwdziała rozprzestrzenianiu się chorób roślin zbożowych oraz zwiększa liczbę dobrych przedplonów pod zboża, a palowy system korzeniowy poprzez fitomelioracyję poprawia fizyczne właściwości gleby oraz wzbogaca jej warstwę orną i podorną w związki azotowe zawarte w resztkach pożniwnych i wydzielinach korzeniowych. Silne i długotrwałe zacienianie gleby, związane z dużym indeksem powierzchni liści roślin i łanu, prowadzi do poprawy jej właściwości biologicznych. Uprawa bobiku sprzyja rozwojowi mikroorganizmów glebowych, ponieważ ryzosfera zarówno tradycyjnych, jak i samokończących odmian bobiku charakteryzuje się wysoką aktywnością mikroflory czynnej biorącej udział w metabolizmie związków azotowych i fosforowych. Udokumentowano, że uprawa bobiku stymulowała m.in. rozwój drobnoustrojów antybiotycznych z rodzaju *Streptomyces* [2].

Wielkość i jakość plonu nasion bobiku

Bobik umożliwia produkcję wysokobiałkowych pasz dla koni, bydła, trzody chlewnej i drobiu, a także wykorzystanie całych roślin i suszonych łodyg w żywieniu owiec i bydła. Roślina ta może dostarczać dużo zielonej masy o wysokiej zawartości białka w uprawach na zieloną paszę, przy wysiewie w mieszankach z innymi roślinami pastewnymi szczególnie wyką jarą, dla której pełni jednocześnie rolę podpory [46, 57].

Spośród wysokobiałkowych roślin strączkowych, bobik cechuje się dużym potencjałem plonowania [3, 6, 22, 27, 28, 30, 56]. Przy poprawnej agrotechnice plonuje w przedziale od 3 do 6 t nasion z ha, a zawartość białka w nasionach mieści się

w zakresie 26–32% [34]. Białkiem podstawowym w nasionach bobiku jest legumina, a w niewielkiej części globulina. Białko bobiku pokrywa zapotrzebowanie na aminokwasy egzogenne, z wyjątkiem aminokwasów siarkowych [7, 40]. Charakteryzuje się ono wysoką zawartością lizyny, czyniącą z tej rośliny strączkowej cenne uzupełnienie białka zbóż ubogich w ten aminokwas, natomiast. aminokwasem ograniczającym jego wartość biologiczną jest metionina (tab. 3). Wartość pokarmowa nasion bobiku jest ograniczana między innymi przez obecność substancji antyżywieniowych, do których zaliczamy taniny, inhibitory trypsyny oraz vicynę i convicynę. Jak wynika z danych zawartych w tabeli 4, wartość pokarmowa nasion ulega zmianom w zależności od warunków panujących w poszczególnych sezonach wegetacji [40]. Zmniejszenie zawartości tanin udało się uzyskać na drodze hodowlanej (wprowadzenie genu *3b*), efektem czego jest większa liczba zarejestrowanych odmian o obniżonej zawartości tanin. Zawartość tanin w tradycyjnych polskich odmianach bobiku wynosi 2–5 $mg \cdot g^{-1}$, a inhibitorów trypsyny 2–4 $TUI \cdot mg^{-1}$ [7, 40]. W Europie nasiona bobiku są wykorzystywane głównie w żywieniu trzody chlewnej i drobiu. Wartość energetyczna bobiku w żywieniu świń wynosi 12,76 MJ, a drobiu 10,08 MJ energii przemiennej (ME) na 1 kg nasion o wilgotności 12%. Udział tradycyjnych, pod względem składu chemicznego, odmian bobiku w dziennej dawce dla drobiu może wynosić 5–10%, a tuczników do 15% [7].

Tabela 3. Zawartość aminokwasów egzogennych w białku nasion bobiku [40]

Odmiana	Aminokwasy [$g \cdot 16\ g^{-1}$ N]										
	Thr	Val	Ile	Leu	Tyr	Phe	His	Lys	Arg	Cys	Met
1990											
Nadwiślański	3,2	4,3	3,8	6,9	2,6	3,7	2,5	5,9	8,1	1,5	0,5
Tom	3,3	4,3	3,6	6,6	2,8	3,3	2,5	5,8	9,7	1,1	0,6
1991											
Nadwiślański	3,9	4,7	4,0	7,6	3,2	4,1	2,7	6,7	8,4	1,5	0,7
Tom	4,0	4,4	4,1	8,2	3,4	4,4	2,7	7,0	8,7	1,3	0,8

Tabela 4. Wartość pokarmowa białka oraz zawartość substancji antyżywieniowych w nasionach bobiku w latach [40]

Odmiana	Strawność rzeczywista [%]		Wartość biologiczna [%]		Zawartość tanin $mg \cdot g^{-1}$ katechiny		Inhibitory trypsyny $JIT \cdot g^{-1}$	
	1990	1991	1990	1991	1990	1991	1990	1991
Nadwiślański	74	80	64	68	0,67	1,59	3459	3512
Tom	86	82	59	65	0,70	1,60	3839	3784

Charakterystyka botaniczno-rolnicza bobiku

Vicia faba L. jest rośliną jednoroczną wymagającą chłodnych warunków do dobrego rozwoju. W północnych strefach geograficznych bobik wysiewany jest wiosną, natomiast w obszarach ciepłych i podzwrotnikowych uprawiane są formy ozime. Odmiany ozime, które w Polsce nie są uprawiane, mają zwykle więcej rozgałęzień (4–6) niż odmiany jare (1–2). Bobik pochodzi z Azji Środkowej. Największa koncentracja jego uprawy występuje w zasięgu klimatu morskiego. Przyjmuje się, że formą pierwotną jest podgatunek *Vicia faba* ssp. *paucijuga*, występujący na obszarze od Afganistanu do Indii. Głównymi jego cechami są: krótka łodyga, małe liście i drobne nasiona (masa 1000 nasion poniżej 250 g) oraz przeważająca samopylność. Średnionasienny typ (*Vicia faba* ssp. *equina*) występuje na Środkowym Wschodzie i w Północnej Afryce z największą koncentracją w Egipcie. Muratova 1931 [cyt. za 13] grupuje odmiany: *minor*, *equina* i *major* w podgatunek *eufaba* w odróżnieniu od *paucijuga*, natomiast Cubero [8] wyróżnia cztery równoważne podgatunki: *paucijuga*, *minor*, *equina* i *major*.

U podgatunków *minor* i *paucijuga* stręki są krótkie i wzniesione (2–4 nasiona w strąku), a długie u *major* (8–12 nasion w strąku). U typu pośredniego (*V. faba* ssp. *equina*) występuje 4 do 8 nasion w strąku [11]. Wieloletnie doświadczenia i prace hodowlane prowadzone w różnych ośrodkach badawczych miały na celu zwiększenie plonu i jego stabilności. Ich przewodnim celem było dążenie do wyodrębnienia najlepiej przystosowanych genotypów oraz rejestracji w narodowych wykazach roślin uprawnych, rozmaitych ulepszanych odmian bobiku: krótkołodygowych, wcześnie zakwitających, odpornych na choroby *Ascochyta* i *Botrytis*, a zarazem wysokobiałkowych i o obniżonej zawartości tanin oraz niskiej zawartości vicyny i convicyny [4, 11, 35, 52].

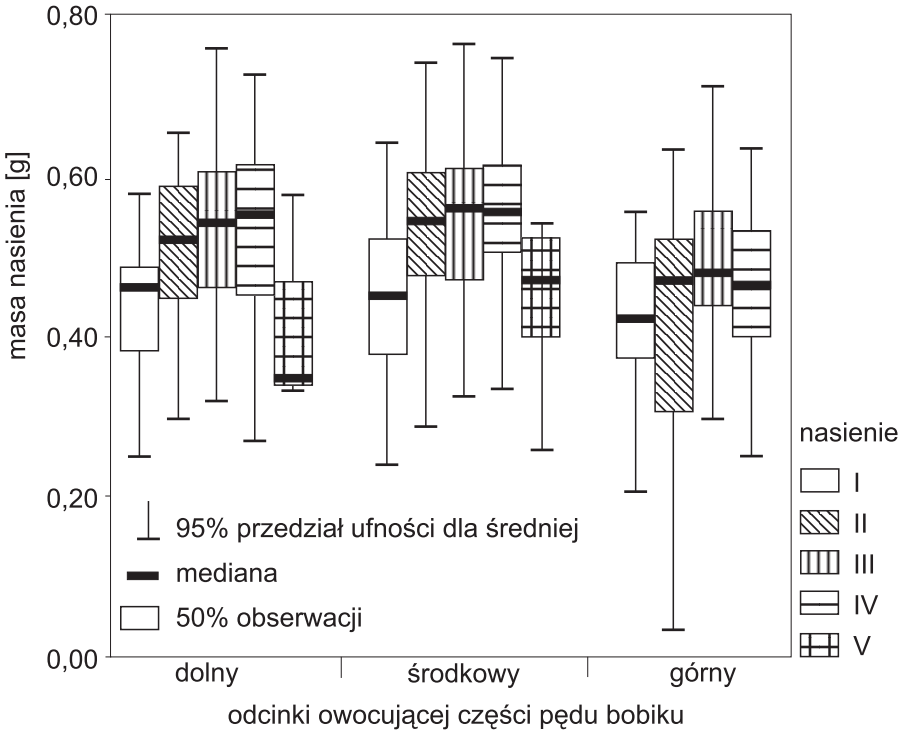
Hodowla bobiku doprowadziła do opracowania odmian z kwiatostanem szczytowym. Gen *ti* warunkujący zdeterminowany wzrost łodygi po wytworzeniu 3–7 węzłów zakwitających, był używany w wielu programach hodowlanych, ale jego wykorzystanie nie przyniosło znaczącego postępu w podniesieniu stabilności i wysokości plonu nasion [3, 26, 50]. W typie bobiku z kwiatostanem szczytowym dużo młodych zawiązków opada w późniejszym okresie ich rozwoju, chociaż warunki glebowo-klimatyczne oraz świetlne sprzyjają zawiązywaniu stręków na dolnych piętrach,. Pierwsze rody i odmiany z genem *ti* (ang. terminal inflorescence) w Polsce plonowały o 10–24% niżej niż odmiany tradycyjne, ale odznaczały się wczesnością i równomiernością dojrzewania [26, 35]. Odmiany i rody o szczytowym kwiatostanie, w porównaniu z tradycyjną odmianą ‘Nadwiślański’, charakteryzują się niższym wzrostem (średnio o 40 cm), wyższym procentem zawiązanych stręków, większą podatnością na choroby grzybowe i niższymi plonami. Te ostatnie wynikają, między innymi, ze słabych parametrów cech, mających bezpośredni wpływ na plon (liczba stręków i nasion z rośliny, masa nasion z rośliny i masa 1000 nasion). Większość

nowych polskich odmian bobiku znalazła się na liście OECD. Może to świadczyć o pokonaniu kilkudziesięcioletniego zastoju w hodowli bobiku [44]. Wskutek ulepszania podłoża genetycznego dla genu *ti* plony najnowszych odmian samokończących w badaniach COBORU nie ustępują istotnie odmianom tradycyjnym. Natomiast w warunkach Polski południowej odmiany tradycyjne charakteryzują się znacznie większym plonem nasion [3, 30, 56]. Oprócz zarejestrowanych w latach 2002–2004 odmian tradycyjnych o obniżonej ilości tanin ('Albus', 'Leo' i 'Olga'), w 2006 roku zarejestrowano następne trzy: 'Kasztelan', 'Merlin' i 'Mistral' [34]. Nasiona tych odmian powinny znaleć uznanie u hodowców trzody chlewnej i drobiu.

Bobik ma największe wymagania wodne spośród wszystkich roślin motylkowatych grubonasiennych. Według Klatta [cyt. za 44], optymalne miesięczne opady dla bobiku uprawianego na glebach średnich wynoszą od 50 do 90 mm, a na ciężkich od 42 do 76 mm. Wyniki badań krajowych odnoszących się do potrzeb wodnych bobiku w okresie wegetacji przedstawił w pracy przeglądowej Księżak [29]. Dla uniknięcia ujemnego oddziaływania deficytu wody i powiększania uprawy w strefach o mniejszej ilości opadów, hodowcy kładli szczególny nacisk na wczesność kwitnienia jako metody unikania suszy [42]. Czas do zakwitania ma zwykle wysoką odziedziczalność i proste podstawy genetyczne, np. u odmiany 'Optica' zidentyfikowano pojedynczy gen dominujący odpowiedzialny za wczesność zakwitania [11].

Bobik ma małe wymagania odnośnie temperatury. Według Michalskiej [37] optymalna średnia temperatura powietrza dla całego okresu wegetacji kształtowała się, w zależności od odmiany, w granicach od 13,8° do 14,1°C, natomiast temperatura maksymalna i minimalna wynosiła odpowiednio: 18,9° i 9,3°C. Optymalna w czasie kwitnienia średnia dobowa temperatura powietrza waha się od 15 do 17°C, a temperatura powyżej 20°C wpływa hamująco na wzrost i plonowanie bobiku [13, 20]. Wyższe temperatury w okresie wschodów i dojrzewania skracają długość tych faz rozwojowych, co może rzutować niekorzystnie na wielkość plonu nasion. Siewki bobiku znoszą okresowe przymrozki wiosenne nawet do 7°C [47].

Plon nasion nie zależy jednak tylko od wytworzonej biomasy, lecz jest modyfikowany przez warunki zewnętrzne wpływające na zawiązywanie i rozwój organów generatywnych oraz dystrybucję asymilatów [15, 16, 30]. Pozycja nasion w strąku decyduje o ich indywidualnej masie (rys. 1). Największą masę miały nasiona usytuowane w środkowej części strąka. Najdrobniejsze nasiona wykształciły się w strąkach usytuowanych w górnym odcinku owocującej części pędu. Obserwowana liczba nasion w tych strąkach była mniejsza oraz występowało w tych owocach najwięcej pustych miejsc. Łączna masa nasion ze strąka jest bardzo silnie skorelowana z masą całego strąka oraz z obserwowaną liczbą nasion i indywidualną masą pojedynczego nasienia. Najwyższą masę nasion 2,03 ±0,393 grama, miały strąki zgrupowane w środkowym odcinku części owocującej pędu. Udział masy nasion w całkowitej masie strąków pochodzących z odcinka dolnego, środkowego i górnego był zbliżony i wyniósł odpowiednio: 79,9 ±13,39, 79,7 ±13,82 i 77,7 ±16,18% [58].



Rysunek 1. Masa pojedynczego nasienia bobiku w zależności od jego pozycji w strąku oraz od usytuowania strąka na owocującej części pędu odmiany 'Nadwiślański' [58]

Plon nasion łanu bobiku determinują następujące jego elementy składowe (komponenty struktury): 1 – liczba roślin na jednostce powierzchni (najczęściej 1 m^2), 2 – liczba strąków na roślinie, 3 – liczba nasion w strąku i 4 – masa 1000 nasion, które wykształcają się kolejno w trakcie ontogenezy, a ich wartości wykazują stosunkowo dużą zmienność, zależną od warunków kształtowania się relacji pomiędzy czynnikami siedliskowymi [6, 43]. Należy podkreślić, że poza obsadą roślin na 1 m^2 powierzchni, pozostałe komponenty struktury plonu nasion, związane są z pojedynczą rośliną, decydując o jej produktywności i produkcyjności. Tak więc plon nasion z jednej rośliny uwzględnia konkurencję, która zachodzi przy nadmiernym zagęszczeniu, względnie kompensację, mającą miejsce w warunkach mniejszej obsady roślin, kiedy nasileniu ulega proces samoregulacji, o wpływie którego donosili liczni autorzy [9, 15,16, 22, 43].

Agrotechnika i jej współczesne uwarunkowania

Stosunkowo liczne badania jakie wykonano w kraju i na kontynencie wykazały, że uwarunkowania plonowania bobiku są wielorakie i mają zarówno podłoże biologiczne [13, 25, 41], jak i siedliskowe [10, 30, 37, 47] oraz agrotechniczne [3, 6, 24, 27, 48, 55]. Prusiński [43] podkreśla, że ze względu na większą wierność plonowania i mniejszą zależność produkcyjności od przebiegu warunków pogodowych, bobik 'Nadwiślański', wiodąca odmiana formy tradycyjnej, jest bardziej przydatny do uprawy na glebach lekkich i w rejonie o niedostatku opadów niż odmiany samokończące. W celu doskonalenia agrotechniki bobiku, stosunkowo niedawno podjęto badania nad uprawą mieszanek różnych gatunków roślin strączkowych [46, 57], a także mieszanek odmianowych bobiku [56].

Według badań COBORU większość polskich odmian bobiku plonuje na bardzo wysokim poziomie [34]. Tak duże możliwości produkcyjne łanu bobiku, wynikają z wysokiej efektywności fotosyntezy roślin, która w okresie maksymalnego ich wzrostu waha się w granicach 3,4–4,8% [12]. Znaczna niestabilność plonowania bobiku, ujawniająca się dużą przestrzenną i czasową zmiennością plonu nasion jest głównie następstwem wrażliwości na działanie czynników klimatycznych, których wpływ na plonowanie może być znacznie większy niż oddziaływanie czynników agrotechnicznych, takich jak: gęstość siewu, przedplon, głębokość orki czy poziom nawożenia. Duża zmienność plonowania bobiku w latach znajduje potwierdzenie w badaniach krajowych [3, 20, 37, 48, 56] oraz zagranicznych [15, 17, 19]. Niekorzystny przebieg pogody wyrażający się niedoborem wody na glebach lżejszych (mniej przydatnych dla bobiku) oraz nadmiar wody na glebach cięższych w stosunku do zapotrzebowania na wodę tej rośliny, są głównymi czynnikami wpływającymi ujemnie na wielkość plonu nasion bobiku. Przykładami potwierdzającymi to uogólnienie są wyniki badań, które uzyskali Songin i Czyż [48]; uprawiając bobik w województwie szczecińskim w niesprzyjających latach uzyskiwali plony w granicach 0,79–2,39 $t \cdot ha^{-1}$. Podobne wyniki uzyskali w Polsce południowej Bobrecka i in. [3]. Również Hebllethwaite [19] podaje, że 4 lata w ciągu 11-letniego doświadczenia z uprawą bobiku w Wielkiej Brytanii nie sprzyjały jego plonowaniu, a uzyskane w nich plony nasion wyniosły od 0,39 do 2,19 $t \cdot ha^{-1}$. Hruszka [20] prowadząc w rejonie Mazur (odznaczających się chłodniejszym klimatem w porównaniu do reszty Polski) 9-letnie badania nad bobikiem zauważyła, że w latach o optymalnych opadach wynoszących 44–66 mm w każdym z miesięcy wegetacji, uzyskiwano plony maksymalne, natomiast przy opadach przekraczających 2–3-krotnie wymienione wartości następował spadek plonów od 2 do 4 $t \cdot ha^{-1}$. Michalska [37] analizując plonowanie bobiku w latach 1973–1990 w warunkach produkcyjnych stwierdziła, że najmniejszy plon (1,4 $t \cdot ha^{-1}$) uzyskano w bardzo wilgotnym 1980 roku. Zdaniem Demidowicza [10] dobremu plonowaniu bobiku sprzyjają opady wynoszące 110 mm w czerwcu, 80 mm w maju i lipcu oraz 50 mm w sierpniu. Są to wartości wyższe niż podawane przez Rojka [44].

Alvino [1] wykazał, że nadmiar wilgoci może spowodować trwałe zahamowanie wzrostu i rozwoju roślin, rzutując także ujemnie na kształtowanie się współczynnika trwałości ulistnienia (ang. leaf area duration LAD), a w konsekwencji obniżenia plonu. Te wielokierunkowe oddziaływania wpływają na dynamikę gromadzenia suchej masy w organach nadziemnych oraz dystrybucję asymilatów. Grasshoff [15, 16] prowadząc modelowe doświadczenie z nawadnianiem plantacji bobiku w fazie kwitnienia i po kwitnieniu nakreślił cztery możliwości rozwoju łanu i plonowania bobiku. Z badań tych wynika, że o wysokości plonu nasion w największym stopniu decyduje odpowiednie zaopatrzenie w wodę po kwitnieniu, które korzystnie wpływa na wielkość fotosyntezy, wskaźnik LAD oraz gromadzenie suchej masy w nasionach.

Koszt materiału siewnego bobiku jest dużym wydatkiem dla rolnika, szczególnie odnosi się to do odmian samokończących, które zaleca się wysiewać w większej ilości [3, 6, 26]. Może on być częściowo zmniejszany przez wykorzystanie odmian o mniejszych nasionach, jednak rozmiar nasion wykazuje dodatnią korelację z plonem, a taka zależność limituje hodowlę odmian drobnonasiennych [11]. Zalecane do uprawy niskonakładowe technologie produkcji nasion bobiku zakładają obniżenie ilości wysiewu oraz zmniejszenie zużycia pestycydów. Jak donoszą Klasa i in. [24] rośliny bobiku odmiany 'Nadwiślański' opryskane w fazie 2–4 liści retardantami Cutles i Flordimex TH osiągnęły wysokość 72,4 i 62,6 cm wobec 98,8 cm w obiekcie kontrolnym, a tak silne zahamowanie wzrostu przy użyciu substancji chemicznych istotnie obniżyło liczbę strąków na roślinie i nasion w strąku. Grashoff [15] stosując wysiew 20 nasion na m^2 uzyskiwał plon nasion powyżej 6 $t \cdot ha^{-1}$. Wcześniej w modelowym doświadczeniu Day i in. [9] udowodnili, że zwiększenie liczby roślin bobiku od 9 do 98 sztuk na 1 m^2 daje przyrost plonu z 3,38 do 4,44 $t \cdot ha^{-1}$, ponieważ w bardzo rzadkim łanie rośliny wykształciły po 93,4 nasion, wobec 10,3 przy największym zagęszczeniu. Pełniejszego wyjaśnienia tych zależności dostarczają wyniki badań Zająca [55], w których porównano reakcję roślin odmiany 'Nadwiślański' na cztery warianty siewu, różniące się rozstawem rzędów (cm) i liczbą wysiewanych nasion (sztuk $\cdot m^{-2}$): wąskorzędowy 11 cm i 60, rozszerzony 22 cm i 30, pasowo-rzędowy 11+33 cm i 30 oraz szerokorzędowy 33 i 20. W tych badaniach bobik zareagował na zwiększenie rozstawu rzędów i zmniejszenie ilości wysiewanych nasion stosunkowo małym spadkiem plonu, gdyż przy wysiewie: 60, 30 i 20 nasion, plon wyniósł odpowiednio: 5,20, 4,96 i 4,51 $t \cdot ha^{-1}$, prawdopodobnie w wyniku samoregulacji zachodzących w łanie, ponieważ spadek obsady roślin był rekompensowany w istotny sposób wzrostem liczby strąków na roślinie i nasion, a także zwiększeniu masy 1000 nasion. Zmiany te zostały osiągnięte przy spadku wysokości roślin oraz zmniejszeniu się liczby liści i ich sumarycznej powierzchni na pędzie. Ten kierunek zmian poprawia indeks żniwny poprzez zwiększenie w nim udziału nasion oraz wydatnie zmniejsza się skłonność roślin i łanu do wylegania, jest to więc lepszy sposób od stosowania retardantów, a ponadto beznakładowy. Pilbeam i in. [39] podkreślają, że wraz ze zwiększeniem zgęszczenia roślin w łanie maleje

efektywność wykorzystania promieniowania fotosyntetycznie czynnego przez obie zróżnicowane morfologiczne formy bobiku. Pewnym wyjaśnieniem tych kwestii poznawczych były badania modelowe przeprowadzone przez Pommera i in. [41], w których wykonywano mechaniczną defoliacje (obcięcie) po 1/3 liści na różnych odcinkach łodygi. Jednak utrata części liści nie obniżyła w istotny sposób plonu nasion, ponieważ autorzy uważają, że funkcje asymilacyjne przejęły zielone strąki i nasiona, które przy normalnym ulistnieniu były bardzo ocienione. Należy zatem dążyć do zmniejszania ilości wysiewu, zmuszając rośliny do ograniczenia wzrostu elongacyjnego, z równoczesną intensyfikacją rozwoju generatywnego w kierunku wzrostu liczby wykształcanych strąków i nasion, co w świetle literatury jest możliwe [9, 15, 50].

Niedostateczne zagęszczenie roślin może potęgować niekorzystne rozgałęzianie się łodyg, co wpływa na opóźnienie dojrzewania strąków wykształconych na pędach bocznych. Jednak zbyt gęste łany również mogą ograniczać liczbę kwiatów i strąków na roślinie [53]. Żuk-Gołaszewska i in. [59] stwierdzili, że zwiększenie obsady roślin sprzyja ich porażeniu przez patogeny oraz że odmiany w niejednakowym stopniu i nie zawsze dodatnio reagują na zwiększenie ilości wysiewu.

Tabela 5. Pochłanianie PAR [%] przez łan bobiku oraz wielkość indeksu LAI [$m^2 \cdot m^{-2}$] w zależności od odmiany, gęstości siewu i rozstawy rzędów [31]

Ilość wysiewu[1]	Odmiana – rozstawa rzędów				Średnio
	‘Optimal’		‘Sonet’		
	12,5 cm	25 cm	12,5 cm	25 cm	
			20.V		
75%	43,0/0,88*	46,4/0,74	50,5/0,76	49,3/0,81	47,3/0,80
100%	47,2/1,08	44,7/0,82	46,2/0,93	51,9/0,95	47,5/0,95
Średnio	45,3/0,88		49,5/0,86		
NIR			r.n./r.n.		r.n./r.n.
			15.VI		
75%	89,2/4,05	89,5/3,91	78,8/2,51	85,7/3,36	85,7/3,45
100%	91,3/4,25	91,2/4,60	89,2/4,07	88,8/4,04	90,1/4,24
Średnio	90,3/4,20		85,5/3,49		
NIR			r.n./0,51		1,53/0,537
			15.VII		
75%	93,1/4,46	94,5/4,81	91,4/5,03	93,8/5,48	93,2/4,95
100%	96,1/5,10	97,5/5,63	95,5/5,62	96,9/5,94	96,5/5,57
rednio	95,3/5,00		94,4/5,52		
NIR/LSD			r.n./r.n.		0,68/0,464

[1] 100% – 70 nasion na m^2 dla odmiany ‘Optimal’ i 50 dla odmiany ‘Sonet’; * PAR/LAI; r.n. – różnice nieistotne

Wielkość powierzchni asymilacyjnej w dużym stopniu decyduje o ilości zaadsorbowanego promieniowania fotosyntetycznie czynnego i w konsekwencji o produkcji biomasy (tab. 5). Zdaniem Filka i Kościelniaka [14] decydująca część biomasy bobiku wytwarzana jest w okresie równoczesnego wzrostu wegetatywnego i generatywnego. W okresie maksymalnego rozwoju powierzchni liściowej bobiku wskaźnik LAI wahał się w przedziale 4,41–6,52 [30]. W badaniach Grasshoffa [16] indeks liściowy odmiany 'Minica' uprawianej bez nawadniania przekroczył w okresie maksymalnego rozwoju (przed 195 dniem roku) 6, natomiast po zastosowaniu nawadniania 8 $m^2 \cdot m^{-2}$. W badaniach Koteckiego [27] samokończąca odmiana 'Tibo' uzyskała pod koniec kwitnienia wartość LAI 4,06 , a odmiana tradycyjna 'Dino' 4,58. Na dużą zmienność maksymalnej wartości indeksu powierzchni liściowej [1,7–5,5], w zależności od sezonu wegetacyjnego, wskazują m.in. Kulig [30] i Grashoff [16].

Intensywnemu gromadzeniu suchej masy nasion towarzyszy zmniejszenie jej dystrybucji do łodyg oraz stopniowa redukcja powierzchni asymilacyjnej. Filek [13] wykazał, że w okresie intensywnego wzrostu strąków i napełniania nasion następuje zwiększenie aktywności fotosyntetycznej liści. Wysoka wartość indeksu LAI oraz duża masa organów wegetatywnych nie zawsze związane są z wysokim plonem nasion [30]. Wynika to z tego, że wartość indeksu liściowego jest w mniejszym stopniu skorelowana z masą strąków aniżeli z masą organów wegetatywnych. Fizjologicznym uzasadnieniem tego faktu jest m.in. zmniejszenie aktywności fotosyntetycznej liści ocienionych oraz konieczność zużywania większej ilości asymilatów w procesie oddychania [39].

Alternatywą agrotechniczną dla siewu czystego bobiku jest jego uprawa w mieszankach, głównie zbożowych [18, 21, 45] oraz z roślinami strączkowymi [57]. W przypadku doboru kryteriów oceny mieszanek zbożowo-strączkowych należy zwrócić uwagę, że nie może nim być wielkość plonu wyrażonego w fizycznych jednostkach masy, ponieważ wartość paszowa plonu mieszanek jest diametralnie różna zależna od doboru gatunków i bardzo zmiennego udziału nasion rośliny strączkowej w plonie. Ocena mieszanek zbożowo-strączkowych uwzględniająca zmienność plonów w latach, wyleganie i jednoczesne dojrzewanie wykazała, że najbardziej przydatnymi do uprawy na glebach kompleksu pszennego dobrego, są kolejno mieszanki: pszenżyta jarego z bobikiem, jęczmienia jarego z grochem, owsa z bobikiem [45]. Xiao i in. [54] prowadząc modelowe doświadczenie wazonowe z wykorzystaniem metody izotopowej (z użyciem N^{15}) wykazali, że bobik uprawiany z pszenicą przekazuje jej ok. 5% azotu wpływając na zwiększenie zawartości azotu słomie i ziarnie. A ponadto mieszanka ta sprzyja lepszemu brodawkowaniu bobiku, zwłaszcza na obiektach nawożonych azotem. Z badań Kuliga i Szafrańskiego [32] wynika, że odmiany samokończące bobiku są lepszym komponentem do mieszanek z pszenicą i pszenżytem jarym; szczegółowe dane zamieszczono w tabeli 6.

Tabela 6. Plonowanie odmian bobiku uprawianych w siewie czystym i w mieszankach [32]

Odmiana (I)	Sposób siewu (II)	Plon nasion / wartość energetyczna plonu		Udział ziarna* [%]	Zawartość i plon białka ogólnego	
		$t \cdot ha^{-1}$	$GJ \cdot ha^{-1}$		%	$kg \cdot ha^{-1}$
'Optimal'	A	3,40	53,4	—	28,6	827
	B	3,89	61,0	32,4	25,3	840
	C	4,35	68,6	37,8	23,7	876
Średnio		3,88	61,0	35,1	25,9	848
'Sonet'	A	3,79	59,6	—	28,8	936
	B	3,71	58,2	30,1	26,5	837
	C	3,82	60,2	29,6	25,1	828
Średnio		3,78	59,3	29,8	26,8	869
NIR(α = 0,05) dla I		r.n.	r.n.	r.n.	0,88	r.n.
NIR(ż = 0,05) dla II		0,274	r.n.	r.n.	1,00	r.n.
NIR(ż = 0,05) dla I x II		0,389	5,71	r.n.	r.n.	103

* Udział ziarna zbóż w plonie mieszanek.
A – siew czysty odmian; B – wysiew w mieszance z pszenicą jarą ; C – wysiew w mieszance z pszenżytem jarym.

Wartość przedplonowa bobiku dla roślin następczych

Obecnie poszukuje się nowych proekologicznych rozwiązań w produkcji rolniczej zgodnych z koncepcją zrównoważonego rozwoju (sustainable development), wykorzystującą również metody tradycyjne wypracowane wcześniej przez naukę i praktykę. Wiodącym celem gospodarowania w rolnictwie jest uzyskanie stabilnej wydajności uprawianych roślin w sposób niezagrażający środowisku naturalnemu i człowiekowi. Zakłada to między innymi obniżenie zużycia pestycydów i nawozów mineralnych nawet o 20–30%, czemu będzie towarzyszył jednak znacznie mniejszy, bo tylko kilkuprocentowy spadek plonów, przy zwiększonej opłacalności. Koncepcja ta zakłada, że część nakładów ponoszonych na te środki produkcji można zastąpić zabiegami agrotechnicznymi i biologicznymi, zastosowanymi zgodnie z najnowszą wiedzą rolniczą i ekologiczną. Wykorzystanie bobiku jako rośliny przedplonowej wpisuje się w ten trend. Rośliny bobiku wytwarzają palowy system korzeniowy z licznymi korzeniami bocznymi i brodawkami zawierającymi bakterie (*Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae*) wiążące azot. Ilość azotu zgromadzonego w częściach nadziemnych bobiku waha się w granicach 120–330 $kg \cdot ha^{-1}$ (średnio 151 kg), z czego 80% stanowi azot związany przez bakterie symbiotyczne [36].

Wpływ następczy roślin jest efektem kompleksowego oddziaływania na rośliny uprawne i edafon glebowy ich specyficznych wydzielin korzeniowych oraz resztek

pozbiorowych. Wartość przedplonową bobiku uprawianego w plonie głównym na nasiona ocenia się na podstawie pozostawionej masy resztek pożniwnych (korzeni i słomy pozostałej po omłocie), zależy ona także od tego, w jakiej kulturze pozostaje stanowisko. Bobik może pozostawiać (w zależności od formy morfologicznej) średnio od 3,6 do 4,2 t suchej masy na 1 ha, ale wartości te mogą się wahać w znacznie szerszych granicach od 1,9 do 7,2 t na 1 ha. Resztki pożniwne bobiku są bardziej wartościowe od zbóż, gdyż charakteryzują się wąskim stosunkiem C:N. Ilość azotu wnoszona do gleby w resztkach pożniwnych może wynosić 23–75 kg N · ha^{-1} [23, 33].

Siewy mieszane bobiku ze zbożami jarymi, chociaż w mniejszym stopniu niż czyste zasiewy bobiku, korzystnie wpływają na glebę i jej stan sanitarny oraz zwiększają wielkość i stabilność plonów. Wpływ następczy mieszanki strączkowo-zbożowej na plonowanie pszenicy ozimej jest korzystny, pod warunkiem utrzymania w łanie 50–75% udziału roślin bobiku [18]. Wykazano również, że bobik może mieć pewną wartość jako roślina ochronna dla wsiewek koniczyny, lucerny czy roślin kapustnych (rzodkiew, gorczyca). W tym ostatnim przypadku wsiewki śródplonowe zapobiegają stratom azotu przyczyniając się do ochrony środowiska glebowego [33].

Modelowanie wzrostu i rozwoju bobiku modele deterministyczne

Modele symulacyjne stają się coraz powszechniej stosowanym narzędziem w badaniach rolniczych. Powinny one stać się komplementarnym uzupełnieniem ścisłych doświadczeń polowych, umożliwiając pogłębione wnioskowanie. Modele te powinny wspomagać i wzbogacać wyniki badań rolniczych i przyczyniać się do kompleksowego rozwiązywania problemów rolniczych. Niosą one w sobie również walor edukacyjny, a w powiązaniu z modelami statystycznymi mogą być przydatnym narzędziem badawczym. Grashoff i Stokkers [17] opracowali deterministyczny model FABEAN na bazie modelu SUCROS87. Stützel [49] wykorzystał model FAGS do symulacji wzrostu i rozwoju tradycyjnej odmiany ‘Herz Freya’ oraz odmiany ‘Ticol’ ze szczytowym kwiatostanem. Peris i in. [38] wykorzystali model FABEAN do symulacji zmian produkcyjności bobiku w przewidywanych scenariuszach zmian klimatycznych w warunkach Szkocji. W wyniku symulacji autorzy ci uzyskali zmniejszenie potencjału plonowania bobiku w miarę podnoszenia się średniej temperatury nawet o 41–60% (w przypadku podniesienia temperatury o 3°C i w zależności od typu gleby oraz przewidywanego wzrostu sumy opadów) oraz skrócenie okresu wegetacji o około 10–15 dni. Boote i in. [5] adaptowali model CROPGRO do symulacji wzrostu, rozwoju i plonowania *Vicia faba* ssp. *major* ‘Almeda’ i ssp.*equina* ‘Brocal’. Po kalibracji model z dużą dokładnością symulował akumulację suchej masy nadziemnej, masy strąków oraz rozdział asymilatów do poszczególnych części

rośliny. Autorzy ci podają, że w przypadku suchej masy części nadziemnych badanych przez nich roślin wartość RMSE wynosiła 774, a w przypadku suchej masy nasion 370 kg · ha^{-1}. Kulig [30] bazując na 6-letnich badaniach przystosował model WOFOST do symulacji tradycyjnej ('Sonet') i samokończącej ('Optimal') odmiany bobiku. Weryfikacja modelu WOFOST pod kątem symulacji narastania powierzchni asymilacyjnej i gromadzenia suchej masy w okresie wegetacji roślin wykazała wysoką zgodność symulowanych i rzeczywistych wartości całkowitej suchej masy nadziemnej i suchej masy żywych organów nadziemnych oraz stosunkowo wysoką zgodność dla suchej masy nasion. Gorsze wyniki zgodności uzyskano dla suchej masy łodyg, a zwłaszcza liści oraz indeksu powierzchni liściowej. Porównanie plonów symulowanych i doświadczalnych wskazuje, że są one często obarczone dużymi błędami. Bote i in. [5] podkreślają, że kalibracja i weryfikacja modeli jest procesem ciągłym. Modelowanie i prognozowanie w rolnictwie jest zagadnieniem trudnym, gdyż na plon roślin wpływa duża liczba powiązanych ze sobą bezpośrednio i pośrednio czynników agrotechnicznych, glebowych i meteorologicznych.

Podsumowanie

W Polsce wyraźnie zmniejszył się areał uprawy bobiku, który w 1989 roku wynosił ok. 121 tys. ha, a w 2005 roku tylko około 12 tys. ha. Konsekwencją ograniczania powierzchni uprawy jest malejące zapotrzebowanie na materiał siewny, skutkiem czego jest zmniejszenie powierzchni zasiewów kwalifikowanych. Przyczyn zmniejszenia powierzchni uprawy roślin strączkowych, w tym bobiku na nasiona, należy upatrywać między innymi w małej stabilności plonowania gatunków roślin strączkowych i niedocenianiu roli właściwego zmianowania. Wydaje się jednak, że niekorzystna tendencja zmniejszania się powierzchni uprawy tej rośliny w niektórych państwach UE – Francja, Wielka Brytania i Hiszpania – została przełamana.

W pracy poruszono zagadnienia związane z wartością pokarmową nasion bobiku, z uwzględnieniem wybranych czynników antyżywieniowych. Ponadto szeroko omówiono agrotechniczne uwarunkowania produktywności bobiku w nawiązaniu do osiągnięć hodowli roślin oraz elementów fizjologii plonowania. W końcowej cześci pracy zawarto opis niektórych badań związanych z modelowaniem wzrostu i rozwoju bobiku. W związku z dynamicznym wzrostem liczby gospodarstw ekologicznych należałoby w większym stopniu zbadać możliwości uprawy bobiku, przydatność odmian oraz sposób produkcji materiału siewnego w tym systemie gospodarowania.

Poszukiwanie roślinnych zamienników białka zwierzęcego w żywieniu zwierząt i ograniczone zaufanie, jakie konsumenci w Europie wyrażają wobec żywności produkowanej z wykorzystaniem organizmów zmodyfikowanych genetycznie (śruta sojowa) oraz większe dopłaty bezpośrednie do roślin białkowych powinny być ważnymi bodźcami skłaniającymi do zwiększenia powierzchni zasiewów roślin strącz-

kowych: bobiku na glebach lepszych, grochu i łubinu zaś na glebach średnich i lżejszych. Ekspansji uprawy bobiku może sprzyjać również znaczący postęp hodowlany w odniesieniu do tego gatunku, wyrażający się między innymi szerszą ofertą odmian charakteryzujących się obniżoną ilością substancji nieżywieniowych.

Literatura

[1] Alvino A., Zerobi G., Frusciante L., Monti L.M. 1984. Behaviour of field bean lines with a water table maintained at different level. W: *Vicia faba* L.: agronomy, physiology and breeding. P.D.Hebbletwaite, T.C.K. Dawkins, M.C. Heath, G. Lockwood (red.), Martinus Nijhoff, Dr W. Funk Publ., The Hague: 95–102.

[2] Bis H., Marcinkowska K., Kulig B. 2000. Wpływ różnych wsiewek roślin na występowania mikroflory glebowej w ryzosferze odmian bobiku: Optimal i Sonet. Materiały konferencyjne. 35 Sympozjum Mikrobiologiczne, Toruń-Bachotek, 6–8 września 2000 r.: 30.

[3] Bobrecka-Jamro D., Pałka M. 1998. Plonowanie dwóch form bobiku w zależności od obsady i rozmieszczenia roślin w łanie. *Zesz. Nauk. A. R. w Krakowie*, ser. Sesja Naukowa 54(1): 229–237.

[4] Bond D.A., Duc G. 1993. Plant breeding as means of reducing antinutrional factors in grain legumes. W: Recent Advances of Research in Antinutritional Factors in Legume Seeds. A.F.B. van der Poel, J. Huisman, H.S. Saini (red.). Wageningen: 379–396.

[5] Boote K.J., Minguez M.I., Sau F. 2002. Adapting the CROPGRO legume model to simulate growth of faba bean. *Agron. J*. 94(4): 743–756.

[6] Borowiecki J., Księżak J., Lenartowicz W. 1997. Wpływ gęstości siewu na plon nasion wybranych odmian bobiku uprawianego na południu kraju. *Zesz. Probl. Postęp. Nauk Rol*. 446: 181–185

[7] Brzóska F. 2003. Wykorzystanie nasion roślin strączkowych w żywieniu zwierząt gospodarskich. W: Uprawa i wykorzystanie roślin strączkowych w żywieniu zwierząt. Karniowice, Luty 2003. Materiały konferencyjne: 32–46.

[8] Cubero J.L. 1974. On the evolution of *Vicia faba* L. *Theor. Appl. Genet.* 45: 47–108.

[9] Day D., Roughley R.J., Witty J.F. 1979. The effect of plant density, inorganic nitrogen fertilizer and supplementary carbon dioxide on yield of *Vicia faba* L. *J. Agric. Sci.* 93: 629–633.

[10] Demidowicz G. 1991. Wpływ warunków pogodowych na plonowanie bobiku odmiany Nadwiślański. *Pam. Puł.* 97: 157–168.

[11] Duc G. 1997. Faba bean (*Vicia faba* L.). *Field Crop. Res.* 53: 99–109.

[12] Fasheun A., Denett M.D. 1982. Interception of radiation and growth efficiency in field beans (*Vicia faba* L.). *Agric. Meteorol*. 26: 221–229.

[13] Filek W. 1990. Udział niektórych ekologiczno-fizjologicznych czynników w kształtowaniu produktywności bobiku (*Vicia faba* L. *minor*), *Zesz. Nauk. AR* w Krakowie, ser. Rozpr. hab.: 141 ss.

[14] Filek W., Kościelniak J. 1987. Change in the rate of biomass production and accumulation in field bean (*Vicia faba minor* Beck.). *Bull. Pol. Acad. Sci., Biol. Sci*. 35(46): 123–134.

[15] Grashoff C. 1990. Effect of pattern of water supply on *Vicia faba* L. 1. Dry matter partitioning and yield variability. *Neth. J. Agric. Sci.* 38: 21–44.

[16] Grashoff C. 1990. Effect of pattern of water supply on *Vicia faba* L. 2. Pod retention and filling, and dry matter partitioning, production and water use. *Neth. J. Agric. Sci*. 38: 131–143.

[17] Grashoff C., Stokkers, R. 1992. Effect of pattern of water supply on *Vicia faba* L. 4. Simulation studies on yield variability. *Neth. J. Agric. Sci*. 40: 447–468.

[18] Harasimowicz-Herman G. 1997. Wartość przedplonowa bobiku, zbóż i ich mieszanek dla pszenicy ozimej w warunkach regionu pomorsko-kujawskiego. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 369–376.

[19] Hebblethwaite P. 1982. The effect of water stress on the growth, development and yield of *Vicia faba* L. W: Faba bean improvement. G. Hawtin, C. Webb. (red.), Martinus Nijhoff Publ., The Haque: 165–175.

[20] Hruszka M. 1991. Wpływ warunków atmosferycznych na wzrost i rozwój bobiku w mikroregionie reszelskomrągowskim w latach 1977–1985. *Acta Acad. Agric. Olst., Agric.* 52(402): 137–146.

[21] Ignaczak S., Andrzejewska J. 1997. Rozwój i produktywność bobiku oraz zbóż w siewach jednogatunkowych i mieszanych. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 355–368.

[22] Jasińska Z., Kotecki A. 1998. Charakterystyka rodów i odmian o szczytowym kwiatostanie. Cz. I. Rozwój, cechy morfologiczne i plon nasion. *Zesz. Nauk. AR we Wrocławiu*, ser. *Rolnictwo* LXXII(347): 173–205.

[23] Jasińska Z., Kotecki A., Kozak M. 1997. Masa i skład chemiczny resztek pożniwnych wybranych odmian grochu i bobiku. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 239–246.

[24] Klasa A., Nowak G., Wierzbowska J., Gotkiewicz M. 1997. Badania nad stosowaniem regulatorów wzrostu w uprawie bobiku (*Vicia faba* ssp. *minor* Harz.). *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 199–208.

[25] Kostrej A. 1996. Fyziologicke ukazovatele rastu a produkcie bobu konskeho (*Vicia faba* L). *Rostl. Vyr*. 42: 275–278.

[26] Kotecki A. 1992. Charakterystyka rolnicza rodów bobiku o szczytowym kwiatostanie. *Fragm. Agron.* 9(2): 12–21.

[27] Kotecki A. 1994. Wpływ terminu siewu na rozwój, wielkość powierzchni asymilacyjnej liści i plonowanie dwóch form bobiku. *Zesz. Nauk. AR we Wrocławiu*, ser. *Rolnictwo* 62: 131–143.

[28] Kozak M. 1999. Wpływ przedplonów i nawożenia azotem na rozwój i plonowanie rzepaku. Cz. I. Plonowanie oraz wartość resztek pożniwnych grochu i bobiku. *Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu* 367: 9–24.

[29] Księżak K. 2006. Aktualny stan badań nad bobikiem. *Post. Nauk Rol*. 3: 25–37.

[30] Kulig B. 2004. Modelowanie wzrostu, rozwoju i plonowania zróżnicowanych morfologicznie odmian bobiku za pomocą modelu WOFOST. *Zesz. Nauk. AR w Krakowie*, Rozpr. hab. 295: 134 ss.

[31] Kulig B. 2006. Wpływ wsiewek poplonowych, gęstości siewu i rozstawy rzędów na plonowanie zróżnicowanych morfologicznie odmian bobiku. *Acta Agr. et Silv*. Ser. *Agr.* (w druku).

[32] Kulig B., Szafrański W. 2001. Plonowanie dwóch morfotypów bobiku w siewie czystym i w mieszankach z pszenicą i pszenżytem jarym. *Acta Agr. et Silv*. Ser. *Agr*. XXXIX: 5–15.

[33] Kulig B., Szafrański W. 2002. Residual effect of field bean with catch crops, and top dressing with nitrogen on the yield of winter and spring wheat. W: Pestovanie a využitie obilnín v tretom tismcroči. Materiały konferencyjne, Nitra padziernik 2002: 154–157.

[34] Lista opisowa odmian (praca zbiorowa), Słupia Wielka – COBORU 2005.

[35] Martyniak J. 2000. Sukcesy polskiej hodowli roślin strączkowych. Cz. I. Efekty ilościowe i baza twórcza hodowli. *Fragm. Agron.* 1(65): 35–45.

[36] Martyniuk S. 2002. Przyrodnicze i gospodarcze znaczenie procesu biologicznego wiązania azotu atmosferycznego. Aktywność drobnoustrojów w różnych środowiskach. AR w Krakowie: 131–143.

[37] Michalska B. 1993. Agroklimatyczne warunki uprawy bobiku w Polsce. Rozpr. AR w Szczecinie: 155 ss.

[38] Peris D.R., Crawford J.W., Grashoff C., Jeferies R.A., Porter J.R., Marshall B. 1996. A simulation study of crop growth and development under climate change. *Agric. For. Meteorol*. 79: 271–278.

[39] Pilbeam C.J., Hebblethwaite P.D., Nyongesa T.E., Ricketts M.E. 1991. Effect of plant population density on determinate and indeterminate forms of winter fleld beans (*Vicia faba*). 2. Growth and development. *J. Agric. Sci.* 116: 385–393.

[40] Pisulewska E., Hanczakowski P., Szymczyk B., Ernest T., Kulig B. 1996. Porównanie składu chemicznego, zawartości substancji antyżywieniowych i wartości pokarmowej nasion dziewięciu odmian bobiku (*Vicia faba* L.) uprawianego w dwóch sezonach wegetacyjnych. *Rocz. Nauk. Zoot*. 23(2): 253–266.

[41] Pommer G., Breuch-Moritz M., Fink K. 1984. Auswirkungen einer Verbesserung der Strahlungseindrilgung in Ackerbohnenbestande durch Blattenfernung auf Hülsenansatz und Ertrag. *Z. Acker-u. Pflanzebau* 153: 352–365.

[42] Poulsen M.H. 1974. Effect of mode of seed setting on yield and earliness in *Vicia faba* L. *Z. Pflanzenzuecht* 72: 120–131

[43] Prusiński J. 2003. Wpływ obsady roślin na plonowanie samokończących odmian bobiku (*Vicia faba* ssp. *minor*) uprawianego na glebie lekkiej. *Acta Sci. Pol., Agric*. 2: 107–118.

[44] Rojek S. 1986. Potrzeby wodne roślin motylkowych. *Fragm. Agron.* 2: 320.

[45] Rudnicki F., Kotwica K. 2002. Porównanie efektów uprawy jarych mieszanek zbożowo-strączkowych z udziałem jjczmienia, owsa lub pszenżyta. *Folia Univ. Agric. Stein., Agricultura* 228(91): 125–130.

[46] Sauermann W., Gronow J. 2002. Growing faba beans and field peas in mixtures. *Grain Legumes* 35(1): 8–9.

[47] Skjelvĺg A.O. 1981. Effects of climatic factors an the growth and development of the field bean (*Vicia faba* L. var. *minor*). *Acta. Agric. Scand.* 31: 358–381.

[48] Songin H., Czyż H. 1993. Rozwój i plonowanie odmian bobiku w zależności od terminu siewu. *Fragm. Agron*. 40(4): 166–168.

[49] Stützel H. 1995. A simple model for simulation of growth and development in faba beans (*Vicia faba* L.). 1. Model description. *Europ. J. Agron.* 4(2): 175–185.

[50] Stützel H., Aufhammer W. 1992. Grain yield in determinate and indeterminate cultivars of *Vicia faba* L. with different plant distribution patterns and population densities. *J. Agric. Sci.* 118: 343–352.

[51] Święcicki W., Święcicki W.K., Wiatr K. 1997. Historia, współczesne osiągnijcia i perspektywy hodowli roślin strączkowych w Polsce. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 15–32.

[52] Szempliński W. 1997. Plonowanie zbóż jako kryterium rolniczej oceny wartości przedplonowej różnych form bobiku. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 231–238.

[53] Tworkowski J., Szczurkowski S. 1997. Ocena wartości siewnej nasion roślin strączkowych i ich wschodów w polu. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 446: 441–446.

[54] Xiao Y., L. Li, F. Zhang. 2004. Effect of root contact on interspecific competition and N transfer between wheat and faba bean using direct and indirect 15N techniques. *Plant and Soil* 262: 45–54.

[55] Zając T. 1998. Wpływ rozstawy rzędów jęczmienia jarego i bobiku na produktywność i wartość ochronną dla koniczyny czerwonej. *Acta Agr. et Silv*. ser. *Agr*. 36: 91–106.

[56] Zając T., Kulig B. 2000. Plonowanie odmian bobiku o zrożnicowanym rytmie wzrostu uprawianych w siewie czystym i jako mieszaniny odmianowe. *Fragm. Agron*. 17(2): 109–119.

[57] Zając T., Kulig B., Szafrański W. 2003. Plonowanie oraz kształtowanie się cech morfologicznych roślin bobiku uprawianego w czystym siewie i w mieszankach z łubinem białym i wyką siewną. *Acta Agr. et Silv*. ser. *Agr.* 41: 57–69.

[58] Zając T., Strojny J., Kulig B. 2006. Analiza cech empirycznych i pośrednich strąków tradycyjnej odmiany bobiku (*Vicia faba* L.) Cz.I. Porównanie cech strąków rozmieszczonych na trzech odcinkach owocującej części pędu. *Acta Agr. Silv*. ser. *Agraria* (w druku).

[59] Żuk-Gołaszewska K., Fordoński G., Grochot G. 1997. Produkcyjność i zdrowotność nowych genotypów bobiku w zależności od obsady roślin. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol*. 439: 55–61.

Biological and agrotechnical conditions of faba bean productivity

Key words: faba bean, yielding, cropping area, botanical agricultural traits, modelling

Summary

Local names (Germ. Pferdebohne, Eng. horse bean, Czech bob koňský) show, that in the past, in Poland and other European countries, faba bean was grown on better soils as a feed for horses. Cropping area of faba bean in our country distinctly decreased, form 121000 ha in 1989 to 12000 ha in 2005. On the other hand, it seems that unfavorable tendency of decreasing this plant cropping area, has been suppressed. In significant EU countries, like France, Great Britain, Spain, an increase of faba bean

cropping areas has been observed. Apart from high productivity of this plant, main advantages of its growing are the phytosanitary and phytomelioration effects. Its growing counteracts the spread of cereal diseases and increases the number of good forecrops for cereals. Faba beans top root system, through phytomelioration, improves the physical soil conditions and enriches its ploughing and underploughing layers in nitrogen compounds (from postharvest residues and root exudates). Beside traditional cultivars ('Albus', 'Olga' and 'Leo'), with decreased tannin concentration, registered in years 2002–2004, next three cultivars ('Kasztelan', 'Merlin', 'Mistral') were registered in 2006. Their seeds should meet with approval of pig and poultry keepers. Growing of faba bean in the mixtures, mostly with cereals and other legumes, is an agrotechnical alternative for its growing in pure stand.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 81–91

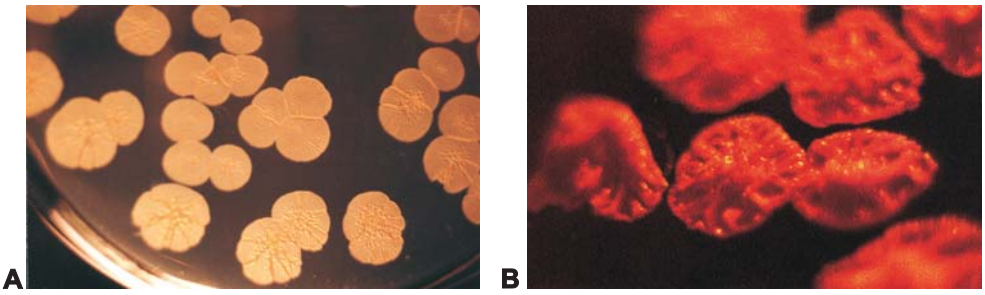
Pseudomonas stutzeri – bakteria kolonizująca endoryzosferę roślin

Maria J. Król, Andrzej Perzyński, Anna Leśniak
Zakład Mikrobiologii Rolniczej,
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
e-mail: mkj@iung.pulawy.pl

Słowa kluczowe: endoryzosfera, *Pseudomonas stutzeri*

Charakterystyka i występowanie

Bakterie z rodzaju *Pseudomonas* są najbardziej różnorodną i znaczącą ekologicznie grupą bakterii na naszej planecie. Szczepy tego rodzaju występują licznie we wszystkich naturalnych środowiskach: lądowym i wodnym [1]. *Pseudomonas stutzeri* (rys. 1), bakteria wyizolowana po raz pierwszy ze słomy, gleby i nawozu przez Burri i Stutzera w 1895 roku jako *Bacillus denitrificans* II natomiast w 1952 roku nazwana *P. stutzeri* przez Van Niela i Allena [49]. Następnie była izolowana z endoryzosfery ryżu i opisana, jako wiążąca azot w warunkach mikroaerofilnych przez Krotzky i Wernera [4, 15]. *Pseudomonas stutzeri* jest tlenową, Gram-ujemną, ruchliwą, zaokrągloną pałeczką z pojedynczą polarną rzęską, zawierającą substancję zapasową w postaci kwasu β-hydroksymasłowego (PHB), szeroko rozpowszechnioną w środowisku glebowym i wodnym [39]. Najczęściej była ona izolowana z ryżu, sorga i różnych gatunków traw [15]. Wiele szczepów jest również izolowanych z materiałów klinicznych [11]. Niektóre szczepy tej bakterii pochodzą z rośliny *Tillandsia recurvata*, rosnącej na dużych kaktusach (*Cardon*) w Santo Domingo Valley w regionie Baja California w Meksyku [38] oraz były izolowane jednokomórkowych alg – *Alexandrium lusitanicum* (Klasa: *Dinophyceae*) [36]. Glony te wytwarzają saksitoksynę (neurotoksynę – niebiałkową substancję organiczną), jedną z najsilniejszych toksyn występujących w przyrodzie, której nazwa pochodzi od morskich mięczaków *Saxidomus giganteus*, z których była początkowo wyodrębniona. Wytwarzanie saksitoksyny przez *Alexandrium lusitanicum* jest związane z *Pseudomonas stutzeri*, której obecność w tych jednokomórkowcach zwiększa jej produkcję [37].



Rysunek 1. Kolonie *P. stutzeri*: A – na agarze wzbogaconym i B – na agarze ziemniaczanym, szczep wyizolowany z endoryzosfery wydmuchrzycy piaskowej [16]

Wykorzystywanie różnych źródeł węgla podczas wiązania azotu cząsteczkowego

Z endoryzosfery jęczmienia i wydmuchrzycy piaskowej Król [16] wyizolowała 21 szczepów *P. stutzeri*, które scharakteryzowano biochemicznie pod względem wiązania wolnego azotu z niektórymi związkami organicznymi, jako źródłem węgla i energii. Stwierdzono, że szczepy te hydrolizowały z wielocukrów dekstrynę, z cukrów prostych – glukozę i maltozę; dekarboksylowały kwasy organiczne cyklu Krebsa: kwas fumarowy, kwas jabłkowy, bursztynowy i kwas glutarowy; asymilowały alkohole: glicerol i mannitol [18, 22].

Szczepy *P. stutzeri* nie metabolizowały z wielocukrów α-cyklodekstryny, wielu cukrów prostych (np. fruktozy, sacharozy, galaktozy i innych), szeregu kwasów karboksylowych (kwasu octowego, mrówkowego, propionowego czy galakturonowego) oraz różnych alkoholi (arabitolu, m-inozytolu i sorbitolu). Aminokwasy alifatyczne i aromatyczne oraz aminy i amidy jak również β-metylo-D-glukozyd i D-galaktolakton nie były wykorzystywane. Niektóre szczepy tej bakterii są zdolne do rozkładu policyklicznych aromatycznych węglowodorów (WWA), takich jak trichloroetylen, naftalen, ametylnaftalen, antracen i fenantren, które często znajdują się w glebach zanieczyszczonych związkami ropopochodnymi [9, 23, 41, 44].

Bakteria ta, oprócz wykorzystywania różnych związków węglowych jako źródła węgla i energii, może również redukować związki selenowe do elementarnego selenu [29] i – co jest charakterystyczne dla niektórych szczepów – dobrze znosi wysokie zasolenie [35].

Wytwarzanie kwasów hydroksymasłowych i alkanonianowych przez inne gatunki *Pseudomonas*

Z rodzaju *Pseudomonas* pochodzą również dwa szczepy bakterii z gatunków *Pseudomonas oxalaticus* (synonimy: *Alcaligenes eutrophus*, *Ralstonia eutropha* i inne) i *Pseudomonas oleovorans* gromadzące wewnątrzkomórkowo kwas β-hydroksymasłowy (PHB) lub hydroksyalkanonianowy (PHA) [28, 40]. Szczepy te są używane na skalę przemysłową (patenty) do wyrobu nowego, zbudowanego z jednostek kwasu 3-hydroksy-fenylo-alkanonianowego, bioekologicznego plastiku, który w glebie jest rozkładany w ciągu 30–40 dni [28]. Wytwarzanie kwasu β-hydroksymasłowego (PHB) przez niektóre szczepy bakterii z innych rodzajów było znane już od dawna. W latach dwudziestych (1923–1927) francuski mikrobiolog Lemoigne [25] stwierdził, że pewien szczep bakterii *Bacillus subtilis* zakwaszał w ciągu 24 godzin mineralną pożywkę przez tworzenie kwasu β-hydroksymasłowego w ilości równoważnej 1 g H_2SO_4 na litr. Znanych jest około 75 różnych rodzajów bakterii akumulujących wewnątrzkomórkowo poli(3-hydroksymaślany). Wybrane mikroorganizmy *Azotobacter chroococcum* i *Azospirillum brasilense*, gromadzące wewnątrzkomórkowo kwas β-hydroksymasłowy (PHB) jako energetyczną substancję zapasową, przedstawiono na rysunku 3A i B [12, 27].

W 1990 roku jeden z omawianych biopolimerów (biopol) był używany do produkcji plastikowych butelek, jako opakowanie szamponu, przez niemiecką firmę „Company" [28]. Koszt produkcji bakteryjnych polimerów (15 USD · kg^{-1}) jest większy niż syntetycznego plastiku (1 USD · kg^{-1}) i dlatego opracowuje się coraz tańsze metody jego produkcji dzięki roślinom transgenicznym (*Arabidopsis thaliana*) przez wszczepianie sklonowanych genów *phb* bakterii *Alcaligenes eutrophus* np. do cytosolu rośliny [28].

W naturalnym środowisku takim jak gleba, ścieki [46] czy słodka woda [32] występują różne mikroorganizmy mające zdolności wytwarzania również zewnątrzkomórkowej depolimerazy P(3HB) hydrolizującej poli(3-hydroksymaślany). Należą do nich dzikie szczepy *P. stutzeri* oraz inne gatunki *Pseudomonas*, np. *Pseudomonas lemoignei* i *Comamonas testosteroni*, wyizolowany z wody morskiej, oraz drobnoustroje takie jak: *Variovorax paradoxus*, *Zoogloea ramigera* [10] i inne. Natomiast depolimerazę poli(3-hydroksywalerianową) wytwarza także *Pseudomonas lemoignei* [33], a depolimerazę poli(3-hydroksyoktanową) *P. fluorescens* [42].

Mineralizacja związków fosforowych

Niektóre szczepy bakterii *P. stutzeri* mineralizują różne związki fosforu i wytwarzają specyficzne oksydoreduktazy, co było potwierdzone badaniami genetycznymi [50]. White i Metcalf [50] badali mineralizację nieorganicznych i organicznych

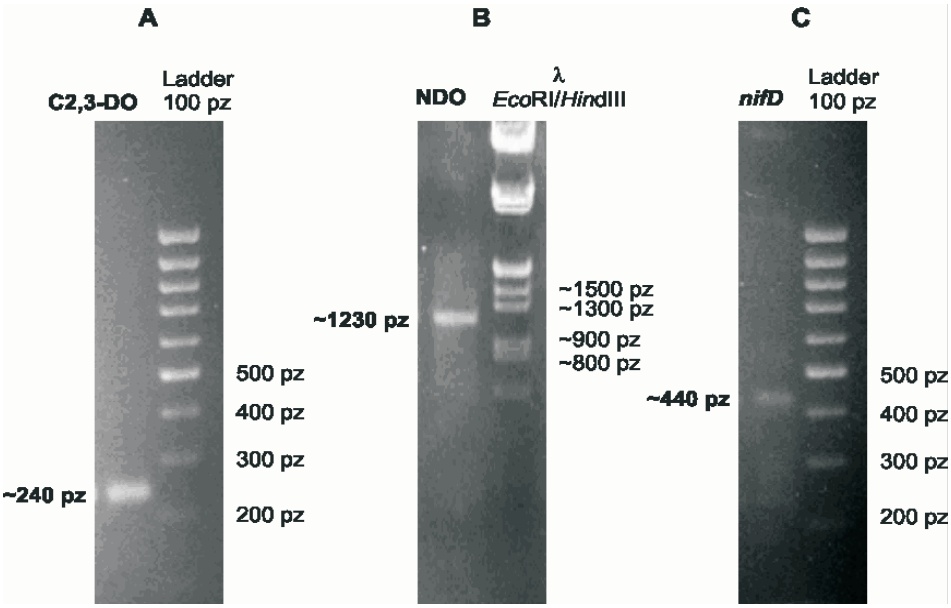
związków fosforowych przez kilka mutantów szczepu *P. stutzeri* WM88. Wszystkie z badanych mutantów, zawierających zmutowane geny *htx*, *ptx*, *phn*, rosły bardzo dobrze na pożywce mineralnej z K_2HPO_4, a tylko niektóre z nich rosły dobrze na pożywce z dodatkiem aminoetylofosforanu (Aepn) czy metylofosforanu (Mpn).

Genetyczne determinanty enzymów zaangażowanych w wykorzystywanie wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (WWA) jako substratu pierwotnego podczas wiązania N_2

W strefie korzeniowej roślin obserwuje się zwiększone tempo bioremediacji organicznych zanieczyszczeń w porównaniu z glebą nieryzosferową. Wiąże się to przede wszystkim z aktywnością metaboliczną mikroflory licznie zasiedlającej ryzosferę. Bakterie z gatunku *P. stutzeri* [15], zasiedlające komórki korzeni traw, mające zdolność wiązania azotu cząsteczkowego przy wykorzystywaniu węglowodorów aromatycznych jako jedynego źródła węgla i energii, potwierdzone badaniami genetycznymi oraz mineralizujące różne związki fosforu, mogą być przydatne w procesie fitoremediacji gleb skażonych związkami WWA bez uzupełniania środowiska azotem [19–21, 23, 24].

Zdolność mikroorganizmów do wykorzystywania węglowodorów jako źródła węgla uzależniona jest od enzymów uczestniczących w przemianach węglowodorów do acetylo-CoA. Głównymi enzymami zaangażowanymi w te procesy są dioksygenaza 2,3-katecholowa (C2,3-DO) i naftalenowa (NDO), katalizujące pierwsze etapy oksydacji węglowodorów aromatycznych. Geny kodujące C2,3-DO i NDO, jak również inne enzymy zaangażowane w degradację węglowodorów aromatycznych, takich jak toluen, fenantren czy antracen, są często zlokalizowane na plazmidach, np. NAH7 *P. putida* PpG7 [41], NCIB 9816 *P. putida* PaW736 [51] czy pKA1 *P. fluorescens* 5R [31]. Sanseverino i in. [41] wykazali, że plazmid NAH7 *P. putida*, który koduje geny (*nah*RQD) odpowiedzialne za syntezę enzymów w degradacji naftalenu, może także pośredniczyć w mineralizacji fenantrenu i antracenu, co udowodniono w badaniach ze szczepami *P. stutzeri* [19–21, 23, 24].

Król i in. [23] przebadali 12 szczepów bakterii *P. stutzeri*, wyizolowanych z endoryzosfery wydmuchrzycy piaskowej i z endoryzosfery jęczmienia jarego, w celu identyfikacji genów odpowiedzialnych za przebieg procesów, kodujących dioksygenazę katecholową (rys. 2A), [30], oksygenazę naftalenową (rys. 2B), [8] i nitrogenazę – gen *nifD* (rys. 2C), [44]. W wybranych szczepach *P. stutzeri* dodatkowo amplifikowano z całkowitego DNA fragment genu dla C2,3-DO z zastosowaniem primerów 5'-atttccctgcgcatgct-3' oraz '5- gaaggacctgatggggccgggcgtga-3', a specyficzność amplifikacji potwierdzano poprzez hybrydyzację typu dot-blot produktu PCR [23]. Wyniki



Rysunek 2. Amplifikacja PCR fragmentów genów dla C2,3-DO (A), NDO (B) oraz nifD (C) z genomowego DNA badanych szczepów z rodzaju *Pseudomonas* (objaśnienia w tekście) [23]

badań nad aktywnością nitrogenazy podczas wzrostu szczepów *P. stutzeri* w bezazotowych pożywkach mineralnych z WWA (benzen, naftalen, antracen, fenantren) potwierdzają informację genetyczną niezbędną do wykorzystania WWA jako źródła energii w procesie biologicznej redukcji azotu atmosferycznego [19–21, 23, 24].

Wykorzystanie benzenu jako jedynego źródła węgla w wiązaniu wolnego azotu

W środowisku glebowym benzen występuje w bardzo małych ilościach. Przede wszystkim znajduje się on w ropie naftowej w maksymalnej ilości do 0,4 g ·1000 cm^{-3} i benzynie. Wulkany i palące się lasy przyczyniają się do pojawienia się benzenu w środowisku. Biodegradacja samego benzenu została przeprowadzona w mieszance wieloskładnikowej związków aromatycznych z fenolem, toluenem, naftalenem, chlorobenzenem i trichloroetylenem przez szczep *Pseudomonas* sp. JS150 [6, 25]. Ten szczep syntetyzował niespecyficzną 1,2-dioksygenazę toluenową, podobną do tej, którą zidentyfikowano w szczepie *Pseudomonas putida*, która umożliwiała tlenową degradację toluenu, chlorobenzenu, p-dichlorobenzenu oraz fenolu jako jedynego źródła węgla [34]. Znana jest również tlenowa biodegradacja metylobenzenu (toluenu) do form orto-, meta- i paraksylenu przez monooksygenazy szczepów OX1, M1 i R1 *P. stutzeri*. Król i in. [21] stwierdzili również wykorzystywanie benzenu jako jedynego źródła węgla w wiązaniu wolnego azotu przez różne szczepy *P. stutzeri*.

Wykorzystanie węglowodorów dwu- i trójpierścieniowych

Z wykorzystywania naftalenu [2, 5], antracenu, fenantrenu [44] i pirenu [13] znane są przede wszystkim bakterie z rodzaju *Pseudomonas*, takie gatunki jak *P. fluorescens*, *P. putida* i *P. saccharofila* oraz *P. stutzeri*, wiążące wolny azot w obecności różnych substratów będących źródłem węgla i energii. Bosch i in. [2] stwierdzili, że bakterie z gatunku *P. stutzeri* szczepu AN10 przeprowadzały mineralizację naftalenu prawdopodobnie przy współdziałaniu jakiegoś innego mikroorganizmu. Inne – szczep P-16 *P. stutzeri* wyizolowany z gleby zanieczyszczonej krezolem (petrochemiczny środek do konserwacji drewna) z domieszką fenantrenu [42] – wykorzystywały ten związek w fazie rozpuszczonej jako jedyne źródło węgla i energii, a poza tym były zdolne do utleniania także naftalenu oraz 1- lub 2-metylonaftalenu. W innej pracy Grimberg, Stringfellow i Aitken [5] stwierdzili, że ten sam szczep *P. stutzeri* P16 mineralizował krystaliczny fenantren przy dodatku surfaktantu tergitolu NP-10, który zwiększał rozpuszczalność w fazie wodnej tego węglowodoru. Szczep *P. stutzeri* P-16 przeprowadzał również rozkład pirenu [13], głównie do pierwszego związku – cis-4,5-dihydroksy-4,5-dihydroksypirenu, w tlenowym cyklu mineralizacji (rys. 6), który był zaproponowany i opracowany przez Keith [14].

W badaniach Król i Perzyński [19–21, 24] stwierdzili, że szczepy *P. stutzeri*, wyizolowane ze strefy korzeniowej jęczmienia i wydmuchrzycy piaskowej były zdolne do wiązania N_2 wykorzystując naftalen, antracen i fenantren jako substrat pierwotny. Szczególnie wysoką aktywność nitrogenazy (w początkowym okresie inkubacji) zarówno przy naftalenie, jak i fenantrenie stwierdzono u szczepów 101, 102 i 103 pochodzących z endoryzosfery jęczmienia jarego oraz u niektórych szczepów wyizolowanych z wydmuchrzycy piaskowej z okolic Świnoujścia i Sobieszewa. Aktywność nitrogenazy szczepów *P. stutzeri*, hodowanych w pożywce z antracenem, charakteryzowała się niską aktywnością w wiązaniu N_2 w stosunku do szczepów *Azospirillum* spp. [20].

Wiązanie azotu w parabrodawkach korzeni zbóż

W ostatnich latach (1980–1990) były czynione próby przekształcenia układu asocjacyjnego bakterii mikroaerofilnych, wiążących N_2 przeważnie z rodzaju *Azospirillum* w układ endosymbiotyczny, w wyniku indukowania przez 2,4 D parabrodawek na korzeniach zbóż. Tchan i Kennedy [47] po raz pierwszy wprowadzili termin „parabrodawka" indukując je 2,4-D na korzeniach siewek pszenicy szczepionych *A. brasilense*. W latach dziewięćdziesiątych Tchan, Zeman i Kennedy [48] prowadzili niezależne badania nad indukcją parabrodawek za pomocą 2,4-D i szczepieniem roślin niemotylkowatych bakteriami z rodzaju *Azospirillum*. Wykazali oni powiązanie fotosyntezy i redukcji acetylenu w parabrodawkach dzięki zastosowaniu inhibito-

rów fotosyntezy, które hamowało redukcję C_2H_2. Następnie w 1991 r. Christiansen-Weniger [3] uzyskał spontaniczne mutanty *A. brasilense* wydzielające do środowiska jony amonowe NH_4, wiążące 2-krotnie więcej azotu niż szczepy dzikie.

W 1992 r. Król i Kobus [17] indukowali 2,4-D parabrodawki na korzeniach jęczmienia i kukurydzy szczepionych *A. lipoferum* i *P. stutzeri*. Wiązanie azotu w korzeniach z parabrodawkami było pięciokrotnie wyższe niż w korzeniach roślin kontrolnych. Parabrodawki zasiedlone przez szczep *P. stutzeri* miały inną organizację wewnętrzną – lateralnie umieszczone wiązki przewodzące – niż parabrodawki zasiedlone przez *A. lipoferum*, które miały centralnie umieszczone wiązki przewodzące. Obecnie wiadomo, że stosując 2,4-D bardzo łatwo można uzyskać parabrodawki. Mechanizm, poprzez który 2,4-D indukuje powstawanie tych struktur jest nieznany. Proces powstawania ich nie jest zależny od obecności bakterii. Jakkolwiek bakterie szczepionkowe wpływają na liczbę parabrodawek i mogą modyfikować ich kształt. Być może 2,4-D ułatwia bakteriom penetrowanie tkanek roślinnych przez stymulację produkcji celulaz. Trudno jest w tej chwili określić czy uzyskany model symbiozy pomiędzy roślinami zbożowymi i *Azospirillum* można było uznać za prawdziwą symbiozę. Wyjaśnienia wymaga mechanizm ewentualnego przekazywania związanego przez bakterie azotu roślinom.

Podsumowanie

P. stutzeri jest tlenową, Gram-ujemną, ruchliwą, zaokrągloną pałeczką z pojedynczą polarną rzęską, zawierającą substancję zapasową w postaci kwasu β-hydroksymasłowego (PHB), szeroko rozpowszechnioną w środowisku glebowym i wodnym. Najczęściej była ona izolowana z ryżu, sorga i różnych gatunków traw. Bakteria ta, oprócz wykorzystywania różnych związków węglowych (np. dekstryny, glukozy, maltozy, kwasu jabłkowego, fumarowego, bursztynowego lub alkoholi: glicerolu mannitolu) jako źródła węgla i energii, może redukować związki selenowe do elementarnego selenu i mineralizować różne związki fosforu, co było potwierdzone badaniami genetycznymi. Niektóre szczepy *P. stutzeri* są zdolne do rozkładu jednopierścieniowych (benzen) i wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (WWA), takich jak trichloroetylen, naftalen, metylnaftalen, antracen czy fenantren, które często są obecne w glebach zanieczyszczonych związkami ropopochodnymi.

Szczepy *P. stutzeri*, mające zdolność wiązania azotu cząsteczkowego i wykorzystania węglowodorów aromatycznych jako jedynego źródła węgla i energii (potwierdzone badaniami genetycznymi), są stosowane w bioremediacji gleb skażonych substancjami ropopochodnymi bez uzupełniania środowiska azotem. Bakterie z tego rodzaju, gromadzące wewnątrzkomórkowo kwas β-hydroksymasłowy (PHB), są używane również na skalę przemysłową (patenty *A. eutrophus*) do wyrobu bioekologicznego plastiku, zbudowanego z jednostek kwasu 3-hydroksy-fenylo-alkanonianowego.

Literatura

[1] Bergey's Mannual of Systematic Bacteriology. 1984–1989. Baltimore–Hong-Kong–London–Sydney. Murray RGE (red.) Williams & Wilkins. Tom: 1–4.

[2] Bosch R., Garcia-Valdes E., Moore E.R.B. 2000. Complete nucleotide sequence and evoluationary significance of a chromosomally encoded naphthalene-degradation lower pathway from *Pseudomonas stutzeri* AN10. *Gene* 245: 65–74.

[3] Christiansen–Weniger C. 1992. N2- fixation by ammonium-excreting *Azospirillum brasilense* in auxine induced root tumours of wheat (*Triticum aestivum*). *Biol. Fertil. Soils*13: 165–172.

[4] Desnoues N., Lin M., Guo X., Ma L., Carreńo-Lopeza R., Elmerich C. 2003. Nitrogen fixation genetics and regulation in a *Pseudomonas stutzeri* strain associated with rice. *Microbiology* 149: 2251–2262.

[5] Grimberg S.J., Stringfellow W.T., Aitken M.D. 1996. Quantifying the biodegradation of phenanthrene by *Pseudomonas stutzeri* P16 in the presence of a non-ionic surfactant. *Appl. Environ. Microbiol*. 62(7): 2387–2392.

[6] Haigler B.E., Pettigrew C.A., Spain J.C. 1992. Biodegradation of mixtures of substituted benzenes by *Pseudomonas* sp. strain JS150. *Appl. Environ. Microbiol*. 58(7): 2237–2244.

[7] Harayama S., Rekik M., Wubbolts M., Rose K., Leppik R.A., Timmis K.N. 1989. Characterization of five genes in upperpathway operon of TOL plasmid pWW0 from *Pseudomonas putida* and identification of the gene products. *J. Bacteriol*. 171: 5048–5058.

[8] Hamann C., Hegemann J., Hildebrandt A. 1999. Detection of polycyclic aromatic hydrocarbon degradation genes in different soil bacteria by polymerase chain reaction and DNA hybridisation. *FEMS Microbiol. Lett.* 173(1): 255–263.

[9] Hegeman G.D., Nickens D.G. 1991. Aerobic bacterial remediation of aliphatic chlorinated hydrocarbon contamination. U.S. Pat. 5, 024, 949, June 18.

[10] Hiraishi Tomohiro, Ohura Takeshi, Ito Shizue, Kasuya Ken-ichi, Doi Yoshiharu. 2000. Function of the catalytic domain of poly(3-hydroxybutyrate) depolymerase from *Pseudomonas stutzeri*. *Biomacromolecules* 1(3): 320–324.

[11] Holmes B. 1986. Identification and distribution of *Pseudomonas stutzeri* in clinical material. *J. Appl. Bacteriol*. 60: 401–411

[12] Kadouri D., Edelshtein Z., Jurkevich E., Y. Okon. 2002. Isolation of genes involved in poly – β-hydroxybutyrate (PHB) metabolism and stress endurance in *Azospirillum brasilense*. 9th International Symposium on Nitrogen Fixation with Non-legumes. September 1–5, Leuven, Belgium: 130.

[13] Kazunga Ch., Aitken M.D. 2000. Products from the incomplete metabolism of pyrene by polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.* 66(5): 1917–1922.

[14] Keith N. 2005. Pathway of pyrene. University Minnesota. Biochemistry, molecular biology and biophysics. Spring Semestr, December: 19.

[15] Krotzky A., Werner D. 1987. Nitrogen fixation in *P. stutzeri*. *Arch. Microbiol.* 147: 48.

[16] Król M. 1997. Drobnoustroje ryzosfery jęczmienia jarego. IUNG ISSN 1230-185X, H(13). Rozprawa habilitacyjna. Puławy: 1–125.

[17] Król M., Kobus J. 1995. Nitrogen fixation in para-nodules of barley and maize roots by introduced free-living diazotrophs. Nitrogen fixation: Fundamentals and applications. Kluwer Acad. Pub. Netherlands: 516.

[18] Król M.J., Kobus J., Eckert B. 1998. Characterization biochemical of free-living N_2-fixing bacteria isolated from the endorhizosphere of barley – *Hordeum sativum* and *Elymus arenarius*. 3rd European Nitrogen Fixation Conference. De Blije Werelt Lunteren, The Netherlands, September 20–24: 183.

[19] Król M.J., Perzyński A. 2002. *Pseudomonas stutzeri* – bakterie wiążące azot z wykorzystaniem naftalenu i fenantrenu jako jedynego źródła węgla i energii. *Pam. Puł*. 131: 81–91.

[20] Król M.J., Perzyński A. 2004. Wykorzystanie antracenu w wiązaniu wolnego azotu przez bakterie diazotroficzne. *Acta Agraria et Silvestria* Vol. XLII, 229–237.

[21] Król M., A. Perzyński. 2005. Wykorzystanie benzenu jako jedynego źródła węgla w wiązaniu wolnego azotu przez bakterie diazotroficzne. *Pam. Puł*. 140: 104–116.

[22] Król M.J., Perzyński A., Eckert B. 2002. *Pseudomonas stutzeri* – szczepy wyizolowane z endoryzosfery jęczmienia i wydmuchrzycy piaskowej. *Zesz. Nauk. AR Szczec. Agricultura* 226(90): 83–90.

[23] Król M. J., Wielbo J., Zielewicz-Dukowska J. 2005. Genetyczne determinanty enzymów umożliwiające wykorzystywanie WWA jako substrat pierwotny podczas wiązania N_2 przez *Pseudomonas stutzeri*. *Pam. Puł.* 140: 331–338.

[24] Kurek E., Król M.J., Zielewicz-Dukowska J., Perzyński A. 2001. Rozkład produktów naftowych zanieczyszczających glebę przez bakterie wykorzystujące azot atmosferyczny. Ekologia w przemyśle rafineryjnym. Konferencja naukowo-techniczna, Kielce 10–12.10, ISBN 83-915734-0-0: 153–162.

[25] Lee K., Gibson D.T. 1996. Toluene and ethylbenzene oxidation by purified naphthalene dioxygenase from *Pseudomonas* sp. NCIB 9816-4. *Appl. Environ. Microbiol*. 62(9): 3101–3106.

[26] Lemoigne M. 1927. Chemical origin of the products of dehydration and of polymerization of β-hydroxybutyric acid. Hydroxybutyric fermentation. *Bull. Soc. Chim. Biol*. 9: 446–53.

[27] Lenz R.W., Marchessault R.H. 2005. Bacterial polyesters: biosynthesis, biodegradable plastics and biotechnology. *Biomacromolecules* 6(1): 1–8.

[28] Lindsey K. 1998. Transgenic plant research. Harwood Academic Publishers. Amsterdam, The Netherlands: 201–219.

[29] Lortie L., Gould W.D., Rajan S., McCready R.G.L., Cheng K. 1992. Reduction of selenate and selenite to elemental selenium by a *Pseudomonas stutzeri* isolate. *Appl. Environ. Microbiol*. 58: p. 4042.

[30] Mesarch M.B., Nakatsu C.H., Nies L. 2000. Development of catechol 2,3-dioxygenase-specific primers for monitoring bioremediation by competitive quantitative PCR. *Appl. Envir. Microbiol.* 66: 678–683.

[31] Menn F.M., Applegate B.M., Slayer G.S. 1993. NAH plasmid-mediated catabolism anthracene and phenanthrene to naphtolic acids. *Appl. Environ. Microbiol*. 59: 1938–1942.

[32] Mukai K., Yamada K., Doi Y. 1994. Efficient hydrolysis of polyhydroxyalkanoates by *Pseudomonas stutzeri* YM1414 isolated from lake water. *Polym. Degrad. Stab*. 43(3): 319–327.

[33] Müller B., Jendrossek D. 1993. Purification and properties of a poly(3-hydroxyvalerate) depolymerase from *Pseudomonas lemoignei*. W: H.G. Schlegel and A. Syrinbüchel (red.), Proceedings of the International Symposium on Bactrial Polyhydroxyalkanoates, Gottingen, 1992. Goltze-Druck, Gottingen, Germany: 463–464.

[34] Nishino S.F., Spain J.C., Belcher L.A., Lichtfield C.D. 1992. Chlorobenzene degradation by bacteria isolated from contaminated groundwater. *Appl. Environ. Microbiol.* 58: 1719–1726.

[35] Ping S.Z., Lin Y.N., You C.B., Malik K.A. 1996. Salt tolerance of diazotroph *Alcaligenes faecalis* and its salt-tolerant association with host rice. *Develop. Plant Soil Sci*. 79: 87.

[36] Plumley F.G., Wie Z., Toivanen T.B., Doucette G.J., Franca S. 1999. Tn5 mutagenesis of *Pseudomonas stutzeri* SF/PS, a bacterium associated with *Alexandrium lusitanicum* (*Dinophyceae*) and paralytic shellfish poisoning. *Journal of Phycology* 35: 1390–1396.

[37] Plumley F.G., Lang A. Alaska Sea Grant. Paralytic Shellfish Poisoning: Bacteria as regulators of alexandrium growth and toxin synthesis, R/95-04. 2/1/2004- 1/31/2007: 3.

[38] Puente M. E., Bashan Y. 1994. The desert epiphyte *Tillandsia recurvata* harbours the nitrogen-fixing bacterium *Pseudomonas stutzeri*. *Can. J. Bot*. 72: 406–408.

[39] Rius Núria, Carme Fusté M., Guasp Caterina, Lalucat Jorge, Lorén José G. 2001. Clonal population structure of *Pseudomonas stutzeri*, a species with exceptional genetic diversity. *J. Bacteriol.* 183(2): 736–744.

[40] Sachin N., Isik K., Tamer A. Ü., Goodfellow M. 2000. Taxonomic position of *Pseudomonas oxalaticus* strain Ox1^T (DSM 1105^T) (Khambata and Bhat, 1953) and its description in the genus *Ralstonia* as *Ralstonia oxalatica* Comb. Nov. *Syst. Appl. Microbiol*. 23: 206–209.

[41] Sanseverino J., Applegate B.M., King J.M.H., Sayler G.S. 1993. Plasmid-mediated mineralization of naphthalene, phenanthrene, and anthracene. *Appl. Environ. Microbiol.* 59: 1931–1937.

[42] Schirmer A., Jendrossek D., Schlegel H.G. 1993. Degradation of poly(3-hydroxyoctanoic acid) [P(3HO)] by bacteria: purification and properties of a P(3HO) depolymerase from *Pseudomonas fluorescens* GK13. *Appl. Environ. Microbiol.* 59: 1220–1227.

[43] Stringfellow W.T., Aitken M.D. 1994. Comparative physiology of phenanthrene degradation by two dissimilar pseudomonads isolated from a creosote contaminated soil. *Can. J. Microbiol*. 40: 432–438.

[44] Stringfellow W.T., Aitken M.D. 1995. Copmetitive metabolism of naphthalene, methylnaphthalene and fluorene by phenanthrene-degrading pseudomonads. *Appl. Environ. Microbiol*. 61: 357.

[45] Stoltzfus, J.R., So R., Malarvizhi P.P., Ladha J.K., De Bruijn F.J. 1997. Isolation of endophytic bacteria from rice and assessment of their potential for supplying rice with biologically fixed nitrogen. *Plant Soil* 194: 25–36.

[46] Tanio T., Fukui T., Shirakura Y., Saito T., Tomita K., Kaiho T. 1982. An extracellular poly(3-hydroxybutyrate) depolymerase from *Alcaligenes faecalis*. *Eur. J. Biochem*. 124: 71–77.

[47] Tchan Y.T., Kennedy I.R. 1989. Possible N_2-fixing root nodules induced in non-legumes. *Agricultural Science* (AIAS Melbourne New Series) 2: 57–59.

[48] Tchan Y.T., Zeman A.M.M., Kennedy I.R. 1991. Nitrogen fixation in para-nodules of wheat roots by introduced free-living diazotrophs. *Plant Soil* 137: 43–47.

[49] Van Niel C.B., Allen M.B. 1952. A note on *Pseudomonas stutzeri*. *J. Bacteriol*. 64: 413.

[50] White A.K, Metcalf W.W. 2004. Two C – P lyase operons in *Pseudomonas stutzeri* and their roles in the oxidation of phosphonates, phosphite, and hypophosphite. *J. Bacteriol.* 186(14): 4730–4739.

[51] Yang Y., Chen R.F., Shiaris M.P. 1994. Metabolism of naphtalene, fluorene, and phenanthrene: preliminary characterization of cloned gene cluster from *Pseudomonas putida* NCIB 9816. *J. Bacteriol*. 176: 2158–2164.

Pseudomonas stutzeri – bacteria colonizing the plants endorhizosphere

Key words: endorhizosphere, *Pseudomonas stutzeri*

Summary

Pseudomonas stutzeri – bacteria colonizing the plants endorhizosphere (but also isolated from soil, manure, mud, stagnant water), can fix atmospheric nitrogen under microaerobic conditions at the free-living state and colonizing rice endophytically. Observed phenomenon was found to be closely associated with rice. Bacteria can grow in the intercellular space, especially inside the root cells, and multiply and fix dinitrogen there. The diazotroph *P. stutzeri* was described by Krotzky and Werner. This bacterium was also isolated from the interior of desert epiphyte *Tillandsia recurvata*, which grows on electrical cables and giant columnar cacti in semiarid zone of Baja California, Mexico. *Pseudomonas stutzeri* is an aerobic, motile, nonfermentative, denitrifying, Gram-negative rod-shaped with a polar monotrichous flagella, which can intracellulary accumulate poly(3-hydroxybutyrate) and various hydroxyalkonates as energy reserve material. Present new types of thermoplactic polyester are produced by certain bacteria (*Pseudomonas oxalaticus* i *Pseudomonas oleovorans*), which are totally biodegradable and could be melt processed intovarious consumer products including plastics, films and fibers.

Strains of *P. stutzeri* grow on starch, maltose, organic acids and alcohols as the sole carbon sources. *Pseudomonas stutzeri* can degrade carbon tetrachloride (used in some dry-cleaning agents) to carbon dioxide and other inert compounds, as where the other organisms that can degrade carbon tetrachloride produce chloroform. These bacteria are also being investigated for biodegradation of PAHs (naphthalene, anthracene, phenanthrene) and other toxic organic chemicals as well as for oxidation of phosphonates, phosphithe and hypophosphite.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 93–103

System antyoksydacyjny a toksyczność pyretroidów*

Anna Krzepiłko
Wydział Nauk Rolniczych w Zamościu, Akademia Rolnicza w Lublinie
ul. Szczebrzeska 102, 22-400 Zamość
e-mail: akrzepilko@wnr.edu.pl

Słowa kluczowe: pyretroidy, stres oksydacyjny, system antyoksydacyjny

Wstęp

Metabolizm tlenowy jest źródłem wolnych rodników tlenowych, cząsteczek zawierających niesparowany elektron, a więc charakteryzujących się wysoką reaktywnością. W komórce powstają one podczas fizjologicznych przemian metabolicznych, a zwłaszcza podczas procesu fosforylacji oksydacyjnej w mitochondriach. Przenoszenie wodorów i elektronów na tlen poprzez przenośniki oksydoredukcyjne łańcucha oddechowego prowadzi do stopniowej redukcji cząsteczki tlenu. Procesowi temu towarzyszy powstawanie reaktywnych form tlenu (ROS): anionorodnika ponadtlenkowego $O_2^{\cdot}$, nadtlenku wodoru H_2O_2, rodnika hydroksylowego $^{\cdot}OH$ [2].

Wolne rodniki powstają także podczas reakcji katalizowanych przez pewne enzymy: oksydazę ksantynową, oksydazę aldehydową, dehydrogenazę kwasu dihydroorotowego, oksydzę NADPH fagocytów, a także podczas aktywności peroksysomalnego łańcucha β-oksydacji kwasów tłuszczowych [2].

W warunkach zaburzonej równowagi pomiędzy produkcją reaktywnych form tlenu i działaniem systemów antyoksydacyjnych, określanej często terminem stresu oksydacyjnego, wolne rodniki mogą inicjować szereg reakcji biochemicznych prowadzących do degradacji i śmierci komórek [20].

Reaktywne formy tlenu mogą reagować niespecyficznie z cząsteczkami obecnymi w komórkach. Anionorodnik ponadtlenkowy może utleniać NADH, kwas

* Praca finansowana ze środków budżetowych na naukę w latach 2005–2008 jako projekt badawczy nr 2 P06T 09128.

askorbinowy, adrenalinę, grupy -SH aminokwasów i białek, może także redukować cytochrom c, jony metali grup przejściowych (Fe^{+3} do Fe^{+2}, Cu^{+2} do Cu^{+1}) i jony metali metaloprotein. Nadtlenek wodoru może utleniać grupy tiolowe, imidazolowe, fenolowe. Reaguje także z jonami metali grup przejściowych, co prowadzi do wytworzenia bardzo reaktywnego rodnika hydroksylowego. Reakcje rodnika hydroksylowego są mało specyficzne, powoduje on peroksydację lipidów, modyfikację białek, cukrów, zmiany w DNA.

W komórkach wszystkich żywych organizmów funkcjonują mechanizmy zapobiegające niekontrolowanym reakcjom wolnorodnikowym. Do najważniejszych należą enzymy systemu antyoksydacyjnego: dysmutazy ponadtlenkowe (SOD), katalazy (CAT), peroksydazy i współdziałające z nimi reduktazy. Dysmutazy ponadtlenkowe katalizują reakcję dysmutacji anionorodnika ponadtlenkowego do nadtlenku wodoru. Katalazy i peroksydazy usuwają nadtlenek wodoru. Peroksydaza glutationowa (GSP) katalizuje redukcję nadtlenku wodoru przez zredukowany glutation (GSH), w wyniku której powstaje woda i utleniony glutation (GSSG). Z peroksydazą glutationową współdziała reduktaza glutationowa, enzym katalizujący przemianę GSSG do GSH kosztem NADPH. Transferaza glutationowa (GST) katalizuje reakcję sprzęgania glutationu z różnymi związkami elektrofilowymi, np. aldehydowymi produktami peroksydacji lipidów. W usuwaniu reaktywnych form tlenu uczestniczy także duża grupa antyoksydantów: glutation, kwas askorbinowy, karotenoidy, tokoferol, cysteina, melaniny, flawonoidy roślinne, jony metali grup przejściowych a także kwas moczowy, bilirubina i inne produkty metabolizmu, które nie dopuszczają do rozprzestrzeniania się reakcji wolnorodnikowych, a w konsekwencji do uszkodzenia komórek [20, 25].

Pyretroidy – krótka charakterystyka

Pyretroidy są estrami alkoholi pierwszo- lub drugorzędowych (zawierających przynajmniej jedno wiązanie podwójne) i kwasu chryzantemowego – kwasu 3-(2,2-dimetylowinylo)-2,2-dimetylo cyklopropanokarboksylowego – lub halogenowych analogów tego kwasu [16]. Związki te są stosowane do niszczenia owadów w rolnictwie, medycynie weterynaryjnej i ochronie zdrowia. Wyróżnia się dwie grupy pyretroidów: pierwsza nie zawiera reszty cyjanowej (*cis* i *tran*s permetryna), druga zawiera grupę cyjanową (cypermetryna, deltametryna, fenwalerat). Typ I pyretroidów powoduje u szczurów objawy zatrucia określane jako T-syndrom. Szczury po podaniu tych pyretroidów charakteryzują się agresywnym zachowaniem, ataksją, drżeniem mięśni, konwulsjami i postępującym paraliżem, a także zwiększoną wrażliwością na bodźce zewnętrzne. Pyretroidy typu II indukują CS – syndrom przejawiający się nadwrażliwością, napadami padaczki, pląsawicą, ślinotokiem, występuje też odruch grzebania. Typ II pyretroidów atakuje centralny układ nerwowy, podczas gdy typ I nerwy

obwodowe [14]. Podstawowy mechanizm toksyczności pyretroidów na poziomie komórkowym wiąże się z blokowaniem kanałów przewodnictwa jonowego w komórkach nerwowych, co uniemożliwia przekazywanie impulsów nerwowych, prowadzi do paraliżu i śmierci owadów [9]. Związki te ingerują w funkcjonowanie kanałów przewodnictwa jonowego (kanały sodowe) w membranach komórek nerwowych na drodze blokowania receptorów nikotyno-acetylocholinowych oraz receptorów dla kwasu gamma-aminomasłowego. Powodują przedłużoną depolaryzację błony komórki nerwowej, zmieniają kinetykę otwierania i zamykania się kanałów sodowych zależnych od zmian napięcia. Otwarcie kanałów jonowych powoduje hyperekscytację układu nerwowego [17]. Typowym celem działania pyretroidow jest układ nerwowy, jednak związki te wpływają także na inne procesy metaboliczne. Hamują aktywność różnych enzymów, mogą oddziaływać genotoksycznie, zmieniać funkcjonowanie gruczołów dokrewnych [10].

Toksyczność pestycydów, w tym także pyretroidów, może być powiązana z generowaniem wolnych rodników. Podczas badania oddziaływań pestycydów na różne organizmy często stosowanymi markerami stresu oksydacyjnego są pomiary poziomu peroksydacji lipidów i aktywności wewnątrzkomórkowych mechanizmów ochrony antyoksydacyjnej, takich jak aktywność katalazy, dysmutazy ponadtlenkowej, peroksydazy glutationowej [8, 15, 17, 21].

Badania nad toksycznością pestycydów prowadzone są na różnych organizmach modelowych. Ponieważ pyretroidy stosowane są do niszczenia owadów, dlatego też w centrum zainteresowań naukowców znalazły się różne ich gatunki [9, 18]. Pyretroidy są również toksyczne dla ryb i bezkręgowców wodnych, stąd organizmy te pełnią często rolę biologicznych wskaźników zatrucia środowiska tymi związkami [7, 17, 18]. Organizmami modelowymi w badaniach toksyczności pyretroidów są także ssaki [8, 15] i linie komórkowe [3].

Oddziaływanie pyretroidów na system antyoksydacyjny komórek bezkręgowców

Częstym problemem podczas stosowania insektycydów jest pojawienie się odporności owadów na dany preparat, jest ona wynikiem różnych metabolicznych procesów, często wynikających z podniesienia aktywności esteraz, enzymów zaangażowanych w biotransformację tych związków [25]. Zwiększonej tolerancji na pyretroidy towarzyszy także zmiana aktywności transferazy glutationowej, enzymu zaangażowanego w metabolizm glutationu i ochronę antyoksydacyjną komórek. U karaczana prusaka (*Blattella germanica* L.) opornego na cypermetrynę związek ten dodatkowo indukuje oporność krzyżową na chlorpiryfos, czemu towarzyszy podniesienie aktywności transferazy glutationowej [18].

Podobne wyniki uzyskał zespół badający wyselekcjonowane kolonie *Nilaparvata lugens*, owada z rzędu pluskwiaków równoskrzydłych, które charakteryzowały się wzrostem oporności na permetrynę i lambda-cyhalotrynę [22]. Po działaniu tymi związkami wzrastał poziom transferazy glutationowej. Autorzy postulują, że GST chroni tkanki przed toksycznością pyretroidów, ponieważ związki te, obok swej aktywności neurotoksycznej, indukują stres oksydacyjny u owadów. Podwyższony poziom GST w opornych szczepach łagodzi indukowaną przez pyretroidy peroksydację lipidów i redukuje śmiertelność owadów.

Podobne wnioski sformułowali autorzy badający wpływ cypermetryny na aktywność GST u kraba (*Carcinus maenas*) [7]. Cypermetryna jest szczególnie toksyczna dla skorupiaków. Pyretroid ten stosowany jest na farmach łososi jako chemioterapeutyk. Dawka 5 mg · dm^{-3} stosowana w hodowli łososi jest letalna dla kraba, dlatego też gatunek ten może być organizmem biomonitoringującym stężenie cypermetryny w środowisku morskim. Krabom podawano cypermetrynę w dawce 10 ng i po 24 godz. stwierdzono znaczący wzrost aktywności GST, po 36 godz. od ekspozycji poziom GSH powracał do wyjściowego. Autorzy podkreślają możliwość wykorzystania zmian aktywności GST u tego kraba jako biomarkera wskazującego na obecność cypermetryny w środowisku.

Badania Kostaropoulos i in. potwierdziły, że wysoki poziom aktywności transferazy glutationowej jest skorelowany z wysoką odpornością na pyretroidy u owadów z rzędu motyli (*Spodoptera littoralis* Boisduval, *Spodoptera frugiperda* Smith), chrząszcza trojszyka (*Tribolium castaneum* Herbst) i przedstawiciela muchówek, komara (*Aedes aegypti*) [9]. Wzrost aktywności GST stwierdzono także u pszczół narażonych na pyretroidy. Organizmem modelowym do badania toksyczności pestycydów jest mącznik młynarek (*Tenebrio molitor* L.) ze względu na łatwość hodowli i dobrze poznany metabolizm. Larwom i poczwarkom *T. molitor* wstrzykiwano dekametrynę, miarą toksyczności tego pyretroidu była dawka KD_{50} (knocking down) która wynosiła dla larwy 34,1 ng na 1 owada, a dla poczwarki 34,6 ng na 1 owada w czasie 24 godzin. Stwierdzono, że odporność owadów na dekametrynę po podaniu pojedynczej dawki wzrasta, aby uzyskać efekt KD_{50} po 48 godzinach trzeba było zastosować w stadium larwalnym o wiele wyższą ponowną dawkę 56,7 ng na 1 owada. W doświadczeniu tym badano także aktywność transferazy glutationowej i stężenie zredukowanego glutationu, jednak u larw aktywność tego enzymu nie wzrastała po 24 godz. po podaniu insektycydu, natomiast stwierdzono wzrost poziomu zredukowanego glutationu. U poczwarek nie stwierdzono podwyższonego poziomu aktywności GST, ale spadało stężenie GSH. Stężenie GSH u larw, które przeżywały 48 godz. po injekcji dekametryną znacząco wzrastało. Przeprowadzone badania nie potwierdziły jednak pozytywnej korelacji pomiędzy stężeniem redukowanego glutationu a tolerancją na dekametrynę. Autorzy postulują, że wzrost aktywności transferazy glutationowej może być wynikiem oddziaływań regulacyjnych zachodzących pomiędzy enzymami detoksykacyjnymi a produkcją GSH, nie jest także wykluczone, że GST jest powiązana z detoksyfikacja pyretroidów.

Także badania Yu i Nguen nie potwierdziły zależności pomiędzy tolerancją na pyretroid a podwyższoną aktywnością transferazy glutationowej [25]. Selekcjonowano larwy tantnisia krzyżowiaczka (*Plutella xylostella* L.) w kierunku odporności na permetrynę. Po 21 generacjach ciągłej selekcji ich tolerancja na permetrynę wzrosła 600 razy w porównaniu do szczepów dzikich. Odporne na permetrynę szczepy nabyły także odporności krzyżowej na inne pyretroidy, ale pozostały wrażliwe na pestycydy fosforoorganiczne, karbaminiany, cyklodieny. Aktywność transferazy glutationowej w opornych szczepach była podobna jak w szczepie dzikim, podobnie jak aktywność enzymów zaangażowanych w metabolizm permetryny: esteraz, monooksydaz, reduktaz. Autorzy wysuwają sugestię, że przyczyną zwiększonej tolerancji nie jest nasilenie procesów detoksykacji, ale zmniejszenie wrażliwości nerwów spowodowane jakościowymi zmianami struktury kanałów sodowych komórek nerwowych.

Grupy alkilowe lub arylowe zawarte w cząsteczce pyretroidów mogą być atakowane przez transferazy [9]. Na podstawie badań chromatograficznych HPLC stwierdzono, że dekametryna wykazuje powinowactwo jako substrat do oczyszczonej GST z *T. molitor*. Dane te potwierdzono badając zdolność do inhibicji dekametryny w reakcji pomiędzy GST a typowym jej substratem 1-chloro-2,4-dinitrobenzenem. Na podstawie wykresu Lineweaver-Burka stwierdzono, że ten pyretroid jest inhibitorem kompetycyjnym GST izolowanej z *T. molitor*. Wyniki tego doświadczenia są szczególnie ważne, gdyż dostarczają dowodów na bezpośrednie oddziaływanie pyretroidu z transferazą glutationową.

Oddziaływanie pyretroidów na system antyoksydacyjny komórek kręgowców

Pyretroidy mogą oddziaływać na organizmy zwierząt wielokierunkowo, w sposób bezpośredni działając na układ nerwowy i w sposób pośredni powodując różnorodne zaburzenia metabolizmu. Z grupy wodnych kręgowców ryby są szczególnie wrażliwe na ekspozycję na pyretroidy. Ostre objawy zatrucia obserwuje się u ryb przy niskim stężeniu pyretroidów, jednak 3–20 razy mniejszym niż u ssaków [12]. O wyjątkowej podatności układu nerwowego ryb na pyretroidy świadczy fakt, że neurotoksyczne objawy u ryb nie zależą od typu pyretroidu.

U ryb, w przeciwieństwie do większości zwierząt, enzymy przeprowadzające hydrolizę pyretroidów i ułatwiające ich szybką biodegradacje są mniej aktywne [17]. Pyretroidy mogą także ulegać absorpcji na skrzelach ryb, co powoduje, że szybko przenikają do krwioobiegu i przez to zwiększa się ich toksyczne oddziaływanie. Badania prowadzone na słodkowodnej rybie żmijogłowie centkowanym (*Channa punctatus* BLOCH) potwierdziły różnorodne efekty toksycznego oddziaływania pyre-

troidów na ryby, łącznie ze stresem oksydacyjnym. Ryby eksponowano na dawkę 0,75 mg · dm^{-3} deltametryny przez 48 godzin. Skutki stresu oksydacyjnego badano w wątrobie, nerkach i skrzelach. Markerami stresu były: poziom peroksydacji lipidów, aktywność katalazy, peroksydazy glutationowej, transferazy glutationowej i stężenie wewnątrzkomórkowych antyoksydantów, takich jak kwas askorbinowy, zredukowany glutation, stężenie grup tiolowych związanych i niezwiązanych z białkami. Stężenie produktów peroksydacji lipidów po inkubacji z deltametryną wzrastało we wszystkich badanych narządach w porównaniu z próbą kontrolną, jednak najwyższą wartość, bo aż 182% kontroli, osiągało w skrzelach. Ekspozycja na deltametrynę powodowała znaczący spadek aktywności katalazy we wszystkich badanych organach. Natomiast poziom aktywności transferazy glutationowej i peroksydazy glutationowej wzrastał w nerkach i wątrobie, natomiast znacząco malał w skrzelach. Odpowiedzią komórek na toksyczność deltametryny było podwyższone stężenie zredukowanego glutationu, osiągające 52%, 338% i 386% kontroli, odpowiednio w wątrobie, nerkach i skrzelach. Stężenie grup tiolowych wzrastało w nerkach, ale obniżało się w skrzelach. Podobną tendencję stwierdzono dla kwasu askorbinowego, jego stężenie wzrastało w nerkach i wątrobie, ale obniżało się w skrzelach. Autorzy cytowanych badań podkreślają, że pojedyncza ekspozycja na deltametrynę powodowała stres oksydacyjny [17]. Deltametryna może być metabolizowana w komórkach na różne sposoby, szlaki biodegradacji są źródłem metabolitów o potencjalnym genotoksycznym działaniu.

Interesujące doświadczenia porównawcze przeprowadzono badając wpływ cypermetryny na aktywność dysmutazy ponadtlenkowej, katalazy, peroksydazy glutationowej oraz peroksydację lipidów w wątrobie i nerkach tilapii nilowej (*Oreochromis niloticus* L.) i karpia (*Cyprinus carpio* L.) [21]. Stwierdzono różnice w aktywności poszczególnych enzymów systemu antyoksydacyjnego u tych dwu gatunków ryb. Aktywność peroksydazy glutationowej u *C. carpio* była 268,27 razy wyższa niż u *O. niloticus*, aktywność katalazy *C. carpio* była niższa niż u *O. niloticus*, natomiast aktywność dysmutazy ponadtlenkowej nie różniła się znacząco u tych ryb. Po ekspozycji na niskie stężenie cypermetryny 3 mg · dm^{-3} co odpowiada 1/20 LD_{50} stwierdzono wzrost aktywności dysmutazy ponadtlenkowej i katalazy w wątrobie obu gatunków. W nerkach aktywność dysmutazy ponadtlenkowej wzrastała u obu gatunków, ale aktywność katalazy u *C. carpio* wzrastała aż 960%, podczas gdy u *O. niloticus* spadła o 276% w porównaniu z próbą kontrolną. Stwierdzono także, że ekspozycja *C. carpio* na cypermetrynę powodowała spadek aktywności peroksydazy glutationwej w wątrobie i jej wzrost w nerkach. U *O. niloticus* aktywność tego enzymu po działaniu cypermetryną wzrastała zarówno w nerkach, jak i w wątrobie. Cypermetryna powodowała też peroksydację lipidów mierzoną wzrostem stężenia dialdehydu malonowego (MDA) w badanych organach obu gatunków ryb. Autorzy cytowanych badań podkreślają, że zmiany aktywności badanych parametrów wskazują na stres oksydacyjny zachodzący w organizmach ryb. Aktywność enzymów

antyoksydacyjnych w wątrobie była wyższa niż w nerkach, a jednak po podaniu cypermetryny, to w nerkach stwierdzono większy przyrost aktywności tych enzymów, również wysoka aktywność peroksydazy glutationowej w nerkach zwiększa ochronę przed produktami peroksydacji lipidów. Wskazuje to na rolę nerek w detoksykacji cypermetryny i jej metabolitów.

Badając wpływ fenwaleratu i jego metabolitu, kwasu p-chlorofenyloizowalerianowego na erytrocyty szczura stwierdzono, że zarówno fenwalerat, jak i jego metabolit może powodować stres oksydacyjny w erytrocytach, przejawiający się znacznym obniżeniem aktywności niezbędnych do życia enzymów antyoksydacyjnych: katalazy, dysmutazy ponadtlenkowej, transferazy glutationowej i reduktazy glutationowej [15].

U ssaków o sprawnie działającym metabolizmie pyretroidy ulegają szybkiej detoksykacji i wydaleniu [11, 23]. Metabolity pyretroidów charakteryzują się stosunkowo krótkim półokresem rozpadu, dla cypermetryny podanej doustnie wartość ta wynosiła 16,5 godz., natomiast 13 godz. po aplikacji przez skórę [23]. Jednak u pracowników narażonych zawodowo na kontakt z pyretroidami aż u 76% występowały zmiany skórne, a aktywność enzymów antyoksydacyjnych była obniżona w porównaniu z grupą kontrolną [1].

Cypermetryna może powodować stres oksydacyjny w tkance mózgowej i wątrobowej szczurów [6]. W obu typach tkanek w czasie od 4 do 24 godz. od podania pestycydu stężenie substancji reagujących z kwasem tiobarbiturowym wzrastało, co świadczy o nasilonej peroksydacji lipidów. Równocześnie obserwowano obniżenie poziomu GSH, co także wskazuje na obecność oksydacyjnych uszkodzeń w badanych tkankach.

Objawy stresu oksydacyjnego zachodzą w różnym czasie od podania pyretroidu. Pojedyncza dawka cypermetryny lub fenwaleratu wynosząca zaledwie 0,001% LD_{50}, podana doustnie szczurom, powodowała zmiany aktywności dysmutazy ponadtlenkowej i katalazy w erytrocytach [8]. Stwierdzono, że maksymalny wzrost aktywności SOD następował po 14 dniach od podania cypermetryny, a po 7 dniach od podania fenwaleratu. Cypermetryna i fenwalerat stosowane łącznie powodowały wzrost aktywności SOD po 3 dniach.

Aktywność katalazy wzrastała maksymalnie trzeciego dnia po podaniu cypermetryny lub cypermetryny łącznie z fenwaleratem, natomiast maksymalną aktywność katalazy po podaniu fenwaleratu odnotowano po 7 dniach. Zastosowana w tym doświadczeniu niewielka dawka pyretroidów powodowała wzrost stężenia zredukowanego glutationu w erytrocytach w czasie pierwszych 3 dni po podaniu pestycydów. Wzrost stężenia GSH w erytrocytach może być rekcją neutralizującą toksyczność pyretroidów indukujących stres oksydacyjny. W poprzednio opisywanych doświadczeniach stężenie zredukowanego glutationu spada, co może być wynikiem wyczerpywania się ochronnych rezerw organizmu w odpowiedzi na znacznie wyższe dawki pyretroidu.

Stres oksydacyjny generowany przez pyretroidy powoduje zaburzenia aktywności systemu antyoksydacyjnego, ale wyniki doświadczeń uzyskane przez Gabbianelli

i in. mogą sugerować częściowe dostosowanie się systemu antyoksydacyjnego organizmu do stale obecnych, niskich dawek pyretroidu w pożywieniu [4]. Szczurom podawano cypermetrynę regularnie przez 60 dni w niskich dawkach, po zakończeniu eksperymentu nie stwierdzono znaczących zmian aktywności dysmutazy ponadtlenkowej i katalazy w erytrocytach. Stwierdzono jednak znaczący spadek aktywnośći peroksydazy glutationowej i nasilenie peroksydacji lipidów w porównaniu do kontroli. W innym doświadczeniu szczurom podawano cypermetrynę w dawce 0,1 LD_{50} przez 30 dni, po zakończeniu eksperymentu stwierdzono podwyższony poziom MDA, obniżoną aktywność katalazy i dysmutazy ponadtlenkowej [13]. Jednak wyniki cytowanych doświadczeń nie rozstrzygają jednoznacznie, jak wielkość dawki pyretroidu wpływa na aktywność enzymów antyoksydacyjnych.

Nasuti i in. porównali wpływ cypermetryny i permetryny stosowanych w niskiej i wysokiej dawce na erytrocyty szczurów [14]. Badane pyretroidy w niskich dawkach nie wpływały na aktywności peroksydazy glutationowej, katalazy i dysmutazy ponadtlenkowej. Wysokie dawki permetryny i cypermetryny powodowały znaczący wzrost aktywności katalazy i dysmutazy ponadtlenkowej, permetryna powodowała także obniżenie aktywności peroksydazy glutationowej w erytrocytach.

Podsumowanie

Organizmy tlenowe wytwarzają wolne rodniki jako rezultat fizjologicznych przemian metabolicznych. W warunkach stresu oksydacyjnego równowaga pomiędzy wytwarzaniem a usuwaniem reaktywnych form tlenu może zostać zaburzona. Pyretroidy wpływają na funkcjonowanie systemu antyoksydacyjnego komórek, co potwierdzają cytowane publikacje naukowe. Objawy stresu oksydacyjnego zależą od rodzaju organizmu, badanego organu, ilości i sposobu podawania pyretroidu.

Gabianelli postuluje, że cypermetryna może oddziaływać na system antyoksydacyjny komórki w dwojaki sposób [4]. Może indukować stres oksydacyjny w cytoplazmie i jako związek hydrofobowy może akumulować się w błonach biologicznych, niszczyć ich strukturę. Autorzy cytowanych prac zwracają uwagę, że ekspozycji na pyretroidy towarzyszy wzrost stężenia produktów peroksydacji lipidów. Nasuti i in. [14] sugerują, że pyretroidy typu I, takie jak permetryna, łatwiej przenikają przez błony biologiczne i silniej wpływają na aktywność enzymów wewnątrzkomórkowych. Natomiast pyretroidy typu II, np. cypermetryna, ze względu na bardziej hydrofilową budowę cząsteczki, wynikającą z obecności grupy cyjanowej, trudniej pokonują barierę, jaką jest błona komórkowa i silniej oddziałują na jej strukturę. Pod wpływem pyretroidów w komórkach generowane są wolne rodniki. Wysoka aktywność SOD jest powiązana ze wzrostem stężenia anionorodnika ponadtlenkowego w komórkach poddanych działaniu pyretroidów. Konsekwencją dysmutacji anionorodnika ponadtlenkowego jest wzrost stężenia nadtlenku wodoru. Obecność nad-

tlenku wodoru może powodować podwyższenie aktywności katalazy i peroksydazy glutationowej.

Dane dostępne w literaturze dostarczają wielu przykładów na szczególną rolę glutationu w toksyczności pyretroidow. Metabolizm glutationu jest ściśle powiązany z aktywnością enzymów antyoksydacyjnych. GSH zawiera grupę tiolową, która jest niezbędna dla transferazy glutationowej, która przekształca elektrofilowe związki do mniej toksycznych form [8]. Jest prawdopodobne, że wzrost stężenia GSH w odpowiedzi na ekspozycję na pyretroidy jest wynikiem nasilonej aktywności transferazy glutationowej. Nieprawidłowe funkcjonowanie systemu antyoksydacyjnego w komórkach może być przyczyną chorób i starzenia się organizmu [20]. Podwyższenie poziomu reaktywnych form tlenu i zmiana aktywności enzymów antyoksydacyjnych jest charakterystyczna dla powstawania i przebiegu licznych schorzeń: choroby Alzheimera, Parkinsona, miażdżycy, cukrzycy, alergii, kontaktowego zapalenia skóry i innych [24]. Badania epidemiologiczne potwierdzają zależność pomiędzy ryzykiem zachorowania na chorobę Alzheimera a skażeniem środowiska pestycydami [5]. Badania Schettgen przeprowadzone w Niemczech na dużej grupie osób zwracają uwagę, że cała badana populacja jest narażona na pestycydy, a głównym ich źródłem są pozostałości pestycydów w pożywieniu [19]. Badanie stresu oksydacyjnego indukowanego przez pyretroidy może dostarczyć użytecznej wiedzy na temat ekotoksykologicznych konsekwencji użycia pestycydów.

Literatura

[1] Amer M., Metwalli M., Abu el-Magd Y. 2002. Skin diseases and enzymatic antioxidant activity among workers exposed to pesticides. *East Mediterr Health J*. 8(2–3): 363–373.

[2] Bartosz G. 2003. Druga twarz tlenu. Wolne rodniki w przyrodzie. Wyd. drugie zmienione. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa: 447 ss.

[3] El-Tawil O., Abdel-Rahman M. 2001. The role of enzyme induction and inhibition on cypermethrin hepatotoxicity. *Pharmacol. Res.* 44(1): 33–40.

[4] Gabbianelli R., Falcioni G., Nasuti C., Cantalamessa F. 2002. Cypermethrin – induced plasma membrane perturbation on erythrocytes from rats: reduction of fluidity in the hydrophobic core and glutathione peroxidase activity. *Toxicol*. 175: 91–101.

[5] Gauthier E., Fortier I., Courchesne F., Pepin P., Mortimer J., Gauvreau D. 2001. Environmental pesticide exposure as a risk factor for Alzheimer's disease: a case-control study. *Environ Res*. 86(1): 37–45.

[6] Giray B., Gurbay A., Hincal F. 2001. Cypermethrin-induced oxidative stress in rat brain and liver is prevented by vitamin E or allopurinol. *Toxicol. Lett*. 118(3): 139–146.

[7] Gowlan B., Moffat C., Stagg R., Houlihan D., Davies I. 2002. Cypermethrin induces glutathione S-transferase activity in the shore crab, *Carcinus maenas*. *Mar. Environ.Res*. 54(2): 169–177.

[8] Kale M., Rathore N., John S., Bhatnagar D. 1999. Lipid peroxidatve damage on pyrethroid exposure and alterations in antioxidant status in rat erythrocytes: a possible involvement of reactive oxygen species. *Toxicol. Lett*. 105: 197–205.

[9] Kostaropoulos I., Papadopoulos A., Metaxakis A., Boukouvala E., Papadopoulou-Mourkidou E. 2001. Glutathione S-transferase in the defence against pyrethroids in insects. *Insect Biochem. Mol. Biol*. 31: 313–319.

[10] Krzepiłko A. 2002. Negatywne oddziaływanie pyretroidów na organizm ssaków. *Post. Nauk Rol*. 1: 69–76.

[11] Leng G., Kuhn K., Idel H. 1997. Biological monitoring of pyrethroids in blood and pyrethroid metabolites in urine: applications and limitations. *Sci. Total Environ*. 199: 173–181.

[12] Lutnicka H. 2001. Wpływ zanieczyszczenia wód pyretroidami na organizm ryb. Rozprawy naukowe AR w Lublinie. Zeszyt 252: 103 ss.

[13] Manna S., Bhattacharyya D., Mandal T., Das S. 2004. Repeated dose toxicity of alfa-cypermethrin in rats. *J. Vet. Sci.* 5(3): 241–245.

[14] Nasuti C., Cantalamessa F., Falcioni G., Gabbianelli R. 2003. Different effects of Type I and type II pyrethroids on erythrocyte plasma membrane properties and enzymatic activity in rats. *Toxicol*. 191: 233–244.

[15] Prasanthi K., Muralidhara Rajini P. 2005. Morphological and biochemical perturbations in rat erythrocytes following in vitro exposure to fenvalerate and its metabolite. *Toxicol. In Vitro.*19(4): 449–456.

[16] Różański L. 1996, Vademecum pestycydów. Wydawnictwo Agra-Enviro Lab. Poznań: 11–72.

[17] Sayeed I., Parvez S., Pandey S., Bin-Hafeez B., Haque R., Raisuddin S. 2003. Oxidative stress biomarkers of exposure to deltamethrin in freshwater fish, *Channa punctatus* BLOCH. *Ecotoxicol. Environ. Saf*. 56(2): 295–301.

[18] Scharf M., Neal J., Bennet G. 1998. Changes of insecticide resistance levels and detoxication enzymes following insecticide selection in the German cockroach, *Blattella germanica*. *Pest. Bioch. Phys*. 59: 67–79.

[19] Schettgen T., Heudorf U., Drexler H., Angerer J. 2002. Pyrethroid exposure of the general population-is this due to diet. *Toxicol. Lett.* 134: 141–145.

[20] Sies H., Caqdenas E. 1985. Oxidative stress: damage to intact cells and organs. *Philos. Trans. Soc. Lond. Biol. Sci.* 17(311): 617–631.

[21] Uner N., Oruc E., Canli M., Sevgiler Y. 2001. Effects of cypermethrin on antioxidant enzyme activities and lipid peroxidation in liver and kidney of the freshwater fish, *Oreochromis niloticus* and *Cyprinus carpio* (L.). *Bull. Environ. Contam. Toxicol*. 67(5): 657–664.

[22] Vontas J., Small G., Hemingway J. 2001. Glutathione S-transferases as antioxidant defence agents confer pyrethroid resistance in *Nilaparvata lugens*. *Biochem J*. 357(1): 65–72.

[23] Woollen B., Marsh J., Laird W., Lesser J. 1992. The metabolism of cypermethrin in man: differences in urinary metabolite profiles following oral and dermal administration. *Xenobiotica* 22: 983–991.

[24] Young I., Woodside J. 2001. Antioxidants in health and disease. *J. Clin. Pathol*. 54(3): 176–186.

[25] Yu S., Nguen S. 1996. Insecticide susceptibility and detoxication enzymes activities in permethrin-selected diamondback moth. *Pest. Bioch.Phys*. 56: 69–77.

Anti-oxydation system and the toxicity of pyrethroids

Key words: pyrethroids, oxidative stress, antioxidation system

Summary

Problems connected with negative effects of pyrethroids in antioxidant system in various organisms: insects, crabs, fishes and mammals are discussed. Synthetic pyrethroids are used widely as insecticides in agriculture, veterinary, storages and households. The target of the action of pyrethroids is the membrane sodium channel of the nerve. These insecticides have recently been shown to induce oxidative stress. Several studies showed that the activity of antioxidant enzymes (superoxide dismutase, catalase, glutathione peroxidase, glutathione S-transferase) could be used as biomarkers of exposure to pyrethroid.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 105–113

Preferencje pokarmowe roztoczy przechowalnianych

Ewa Szlendak
Katedra Entomologii Stosowanej,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,
ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa
e-mail: ewa_szlendak@sggw.pl

Słowa kluczowe: atraktanty, repelenty, enzymy, produkty spożywcze, roztocze, szkodniki magazynowe

Wstęp

Roztocze, które powszechnie występują w przechowalniach, w naszych warunkach klimatycznych są zwykle polifagami żerującymi na różnorodnych pokarmach. W ostatnim półwieczu prowadzono wiele badań określających niezbędne składniki diety oraz zbadano ich wpływ na parametry biologiczne tych pajęczaków. Znacznie mniej wiemy o substancjach wabiących i odstraszających zawartych w pokarmach, które wybierają roztocze. W ostatnich 20 latach zmieniły się nasze zwyczaje żywieniowe, gdyż na rynku jest coraz więcej produktów przetworzonych. Powstają liczne firmy przetwórcze, które wykorzystując nowe technologie produkują coraz to nowe produkty i wprowadzają je na rynek w różnorodnych formach. Obecnie na rynku dostępne są w szerokim asortymencie przetworzone lub poddane specyficznej obróbce technologicznej produkty mączno-zbożowe (płatki kukurydziane, ryż prażony, płatki owsiane i in.) czy warzywne (np. chipsy ziemniaczane). Produkty te zwykle nie tylko poddawane są obróbce mechanicznej czy fizycznej, ale niekiedy zawierają różnego rodzaju dodatki smakowe (zioła, aromaty i przyprawy), czy substancje konserwujące (np. sól) i trafiają na rynek w szczelnych opakowaniach. Mimo stosowania skomplikowanych metod prewencyjnych, nadal jednak w sklepach można kupić produkty porażone przez szkodniki.

Niewiele jest danych na temat atrakcyjności nowych produktów dla rozkruszków oraz badań określających dynamikę rozwoju tych roztoczy w okresie składowania i przechowywania produktów przetworzonych. W dostępnej literaturze liczne są doniesienia określające stopień porażenia przez szkodniki przechowalniane naturalnych, nie przetworzonych produktów spożywczych. Nieliczne są natomiast dane na temat atrakcyjności ich zmodyfikowanych różnymi metodami odpowiedników [28].

Formy oddziaływania roztoczy na kręgowce

Roztocze, z rodziny *Acaridae* tzw. rozkruszki (drobny, wydłużony, mączny, polowo-magazynowy, serowy czy korzeniowy), oraz roztoczki, *Glycyphagidae* (owłosiony, domowy, suszowy, czy brunatny) (rząd *Acaridida*, gromada *Acarida*) są pospolitymi szkodnikami występującymi w produktach spożywczych. Roztocze te powodują zanieczyszczenie przechowywanej żywności odchodami, wylinkami i wydzielinami oraz stanowią źródło alergenów, które u ludzi wywołują zmiany chorobowe, nazywane alergiami atopowymi [23, 24]. Same roztocze, ze względu na swoje niewielkie rozmiary mogą być przypadkowo zjadane przez kręgowce wraz z zanieczyszczonymi przez nie pokarmami. Możliwość przechodzenia roztoczy przez przewód pokarmowy ptaków i gryzoni badał Chmielewski [7, 8]. Autor ten prowadził badania in vitro, symulując doświadczalnie warunki panujące w przewodzie pokarmowym kręgowców, i próbował określić możliwość przeżycia w tych warunkach następujących gatunków roztoczy: *Carpoglyphus lactis* (L.), *Thyreophagus entomophagus* (LABOULBÈNE), *Acarus siro* (L.), *Tyrophagus putrescentiae* (SCHRANK), *Glycyphagus domesticus* (DE GEER), *Caloglyphus* sp. Najbardziej odporne na specyficzne warunki, naśladujące proces trawienia u kręgowców, okazały się roztocze z gatunków *C. lactis* i *T. entomophagus*. W kolejnych badaniach, prowadzonych przez tego autora, określono in vivo możliwość przeżycia roztoczy po przejściu przez przewód pokarmowy myszy białej (*Mus musculus* v. *alba*), wróbla domowego (*Passer domesticus*) i kury domowej. Najodporniejsze okazały się ponownie osobniki dwóch wcześniej wymienionych gatunków roztoczy, których w niewielki odsetek (1–7%) przechodził żywy, we wszystkich formach rozwojowych, przez przewód pokarmowy kręgowców. Wśród pozostałych gatunków, tylko pojedyncze osobniki *C. lactis* czy *G. domesticus*, w określonych, młodocianych stadiach przeżywały nieuszkodzone proces trawienia i po uwolnieniu z przewodu pokarmowego kręgowca były zdolne do dalszego rozwoju. W pracy Chmielewskiego [7] przedstawiony jest także krótki przegląd danych z literatury opisujących czasową obecność żywych roztoczy w moczu, płucach, plwocinie, czy najądrzu człowieka. Zakrojone na szeroką skalę badania dotyczące podobnych zagadnień prowadzili Li i in. [14]. Przebadano kał i mocz 1994 osób reprezentujących różne zawody, próbując określić, które z profesji wiążą się z ryzykiem wzmożonej ekspozycji na kontakt z roztoczami. Roztocze z gatunków *A. siro*, *T. putrescentiae*, *Dermatophagoides farinae* HUGHES, *D. pteronyssinus* (TROUESSART), *G. domesticus*, *G. ornatus* (KRAMER), *C. lactis*, *Tarsonemus granarius* LINDQUIST, wykryto w kale 4,61% osób, a w moczu 1,86% osób stwierdzono występowanie roztoczy z gatunków: *A. siro*, *T. putrescentiae*, *T. longior* (GERVAIS), *Aleuroglyphus ovatus* (TROUPEAU), *Caloglyphus berlesei* (MICHAEL), *C. mycophagus* (MÈGNIN), *C. hughesi* SAMSINAK, *Suidasia nesbitti* HUGHES, *Lardoglyphus konoi* (SASA et ASANUMA), *G. domesticus*, *Lepidoglyphus destructor* (SCHRANK), *C. lactis*, *D. farinae*, *D. pteronyssinus*, *Euroglyphus maynei*

(COOREMAN), *T. granarius* i *Tarsonemus hominis* DAHL. Istotną relację między wykonywanym zawodem i stopniem narażeniem na kontakt z roztoczami wykazano u osób pracujących w magazynach ziół, młynach i przechowalniach ryżu, oraz u górników, pracowników kolei, uczniów i nauczycieli.

Niekorzystny wpływ roztoczy obecnych w przechowywanych produktach wiąże się także z zagrzewaniem produktów spożywczych przez te szkodniki, przyspieszającym procesy rozkładu żywności. Obecność roztoczy i wydalanych przez nie produktów przemiany materii przyczynia się do zmian właściwości substancji odżywczych zawartych w przechowywanej żywności. W wyniku wzmożenia procesów enzymatycznych następuje m.in. rozpad polipeptydów i cukrów złożonych [3]. Podobne, istotne zmiany zawartości aminokwasów w innym pokarmie – w pyłku kwiatowym obserwowano po żerowaniu roztoczy z gatunków: *T. putrescentiae*, *C. lactis* i *G. domesticus* [26]. Zmianom biochemicznym obserwowanym po żerowaniu roztoczy towarzyszyły też zmiany właściwości organoleptycznych pyłku.

Produkty spożywcze zanieczyszczane przez roztocze

W badaniach prowadzonych od wielu lat próbuje się określić zakres pokarmów akceptowanych przez roztocze przechowalniane i ustalić kryteria wyznaczające preferencje pokarmowe tych zwierząt. Testowano między innymi wpływ różnych pokarmów (zarodków pszennych, płatków owsianych, mleka w proszku, serów, dyni oleistej i jej pestek) na rozwój i rozród roztoczy z gatunku *T. putrescentiae* [12]. Najlepszy pokarm dla tego gatunku roztoczy stanowiły zarodki pszenne. Roztocze z gatunku *A. siro* także mogą żerować na różnorodnych produktach pochodzenia roślinnego i zwierzęcego. Boczek [1] obserwował rozkruszki mączne na ziarnach zbóż, w mąkach, płatkach owsianych, mleku w proszku, w mące grochowej czy kartoflanej, w nasionach roślin oleistych (rzepaku, słoneczniku, sezamie, orzechach ziemnych) czy włóknistych (lnie, konopiach), w cebuli, w nasionach koniczyny, buraków, nasionach chwastów, w suszonych ziołach (liście mięty, pokrzywy i in.), w klejach roślinnych, w zupach w kostkach, w suszonym mięsie, sztucznym miodzie, w cynamonie, chałwie i herbatnikach, w próbkach siana, plewach, oborniku i in. Wśród tych pokarmów dobrą dietę dla rozkruszka mącznego stanowiły takie produkty przechowywane jak: suszone mięso, ser, sproszkowane mleko, ziarna zbóż, kasze, różne mąki, włącznie z grochową, chałwa, nasiona roślin oleistych czy włóknistych. Podobny zestaw produktów (świeże drożdże, zarodki pszenicy, suszone mięso, sproszkowane mleko, chałwa, nasiona roślin oleistych) stanowi, według Boczka i Czajkowskiej [2] odpowiednią dietę zarówno dla rozkruszka mącznego *A. siro* jak i innych gatunków roztoczy towarzyszących mu w przechowalniach: *A. farris* (OUDEMANS), *T. putrescentiae*, *C. lactis*, czy *Rhizoglyphus echinopus* (FUMOUZE & ROBIN).

Badania prowadzone przez Chmielewskiego [9] wykazały, że roztocze z gatunków *L. destructor* i *G. domesticus* chętnie zasiedlają nasiona buraków, traw, zbóż,

a także, że łatwo znaleźć je można w pyle pozyskanym z czyszczalni worków. Siedliskami tych gatunków bywają także gniazda wróbli i ule. Gatunki te spotyka się również w kurzu domowym. Porównanie miejsc występowania i produktów porażanych przez roztoczki, wskazuje na to, iż *G. domesticus* liczniej występuje niż *L. destructor* w próbach pochodzących z przechowywanych produktów owocowo-warzywnych, przypraw czy osypie z uli pszczelich.

Kolejne badania Chmielewskiego [10] dotyczyły określenia akarofauny występującej w suszonych, przechowywanych owocach. Okazało się, że na suszonych śliwkach, morelach, figach, daktylach i rodzynkach najczęściej spotykanymi roztoczami były gatunki: *C. lactis*, *G. domesticus*, *A. siro* i *T. putrescentiae* oraz gatunki roztoczy drapieżnych *Cheyletus eruditus* (SCHRANK) i *Melichares tarsalis* (BERLESE).

Czajkowska [11] prowadziła badania płodności i rozwoju roztoczy z gatunków: *A. siro*, *A. farris*, *T. putrescentiae*, *R. echinopus* i *C. lactis* hodowanych na 52 różnych gatunkach odpowiednio wysuszonych i zmielonych ziół. Rozwój roztoczy obserwowano na ziołach zawierających olejki eteryczne, witaminy, tłuszcze i woski. Nasiona i owoce były lepszymi pokarmami niż surowce pochodzące z innych części roślin. Ponadto badano wpływ na roztocze olejków, glikozydów i alkaloidów będących czynnymi składnikami ziół. Glikozydy, podobnie jak alkaloidy, silnie hamowały rozwój roztoczka suszowego, miały też niekorzystny wpływ na rozwój *A. siro* i *T. putrescentiae*, natomiast rozkruszek korzeniowy rozwijał się dobrze na dietach z domieszką glikozydów, aplikowanych roztoczom w różnych stężeniach.

Liczne badania prowadzone od ponad 50 lat na temat wpływu grzybów na rozwój i rozród roztoczy nadal nie do końca wyjaśniają, jakie jest ich oddziaływanie na biologię tych szkodników [13, 32, 27]. Grzyby stanowią podstawowy lub uzupełniający pokarm wielu gatunków roztoczy, a produkty przechowywane, porażone przez grzyby saprofityczne zapewniają niektórym gatunkom roztoczy odpowiednie warunki rozwoju. Roztocze żerując i przemieszczając się w przechowalniach, rozprzestrzeniają mikroorganizmy, stanowiąc ich mechaniczne wektory. Fragmenty plechy, podobnie jak i zarodniki grzybów, mogą być przenoszone zarówno na powierzchni ciała roztoczy, jak też w świetle przewodu pokarmowego. Zagrzewanie, nawilgacanie i infekowanie mikroorganizmami produktów zbożowych sprawia, że produkty te łatwo pleśnieją, tracą wartość i mogą zawierać mikotoksyny, które spożywane wraz z porażoną żywnością mogą mieć niekorzystny wpływ na zdrowie ludzi [17].

W ostatnich latach prowadzone są badania szacujące możliwości występowania i żerowania roztoczy w produktach poddanych obróbce technologicznej, takich jak płatki zbożowe, chipsy ziemniaczane, granulaty np. sojowe itp. W badaniach prowadzonych przez Thind i Clarke [28] w Wielkiej Brytanii próbowano wykryć obecność roztoczy w próbkach pokarmów przetworzonych, głównie typu płatków zbożowych. Analizie poddano 571 próbek pochodzących z produktów kupionych w sklepach i tyle samo próbek, które po nabyciu rozdano wolontariuszom, którzy przechowywali je

w domach przez kolejnych 6 tygodni. Po tym czasie produkty poddano szczegółowym badaniom, a roztocze znaleziono w 21% próbek pokarmów zakupionych w sklepach i w 38% próbek spośród 421 pokarmów zwróconych przez wolontariuszy. W większości przypadków próbki pokarmów zanieczyszczone były przez mniej niż 5 osobników, jednak kilka próbek zawierało więcej niż 20 roztoczy, a maksymalna ich liczba w próbce wyniosła 428 osobników.

Czynniki determinujące preferencje pokarmowe roztoczy

W kolejnej serii badań, wykorzystano testy arenowe do oceny atrakcyjności różnych produktów przechowywanych oraz wyodrębnionych z nich frakcji jako pokarmów roztoczy [18, 19, 20, 22]. Badania prowadzono na kilku gatunkach roztoczy tj. *A. siro*, *T. putrescentiae* i *C. lactis*. Wśród testowanych pokarmów były takie produkty jak mleko w proszku, zarodki pszenne, płatki, suszone drożdże, ryby, grzyby, mąka. Wśród tych produktów znalazły się pokarmy chętnie wybierane przez roztocze oraz pokarmy, które prawdopodobnie stanowią jedynie uzupełniające źródło pożywienia dla rozkruszków. W badaniach tych próbowano także oszacować atrakcyjność wybranych substancji wyizolowanych z produktów spożywczych (aminokwasów, kwasów tłuszczowych, alkoholi, trójglicerydów, monosacharydów i witamin) jako pokarmów rozkruszka drobnego *T. putrescentiae* [21]. Okazało się, że żaden pojedynczy testowany związek nie decyduje o atrakcyjności pokarmów wybieranych przez rozkruszka drobnego, a witaminy stanowiły atrakcyjny pokarm dla roztoczy tylko w limitowanym, wąskim zakresie stężeń. Podczas badań próbowano także opisać mechanizmy oddziałujące na proces selekcji i akceptacji pokarmu przez roztocze. Wyniki wskazują, iż rozkruszki wybierają pokarm, gdy spełnia on co najmniej dwa podstawowe warunki: brak jest w nim substancji repelentnych i zawiera substancje wabiące roztocze, choć ten drugi warunek ma znacznie mniejsze znaczenie przy wyborze pokarmu, niż pierwszy [21].

Jak wynika z przeprowadzonego przeglądu literatury, nie ma jasności czy roztocze przechowalniane wybierają określone pokarmy, czy też ten wybór jest przypadkowy. Znaczenie atraktantów zapachowych przy wyborze pożywienia przez roztocze próbowali określić m.in. Yoshizava i in. [34], Zdarkova [35] i Vanhaelen i in. [31]. Ponieważ potwierdzono doświadczalnie reakcję na bodźce stymulujące powonienie u *T. putrescentiae* [31, 34, 35] próbowano wyjaśnić mechanizm rozpoznawania i wyboru pożywienia przez te roztocze. Badania Žďarkowej [35] wskazują, że roztocze dostrzegają pokarm z odległości zaledwie tak małej jak 3 mm, ale wyczuwają zapachy ze znacznie większej odległości, odróżniając zapachy wabiące i odstraszające (repelentne). Badania Vanhaelen i in. [31] wskazują, iż różne gatunki grzybów, atrakcyjnych jako pokarm roztoczy, zawierały różne stężenia substancji wabiących. Sery stawały się atrakcyjnym pokarmem roztoczy w wyniku synergistycznego od-

działywania na roztocze wielu komponentów [34]. Wydaje się, że zapachowe i smakowe atraktanty dla roztoczy z gatunku *T. putrescentiae* stanowią mieszaninę kilku komponentów [21]. Mechanizm wabienia roztoczy przez określone związki zawarte w produktach żywnościowych jest jednak nadal nieznany. Schemat zachowań roztoczy związanych z wyborem pożywienia przedstawiono w pracy Pankiewicz-Nowicka i in. [21]. Bodźce zapachowe przywabiają roztocze, a smakowe, w połączeniu z zapachowymi, pozwalają na wybranie bądź odrzucenie oferowanego roztoczom pokarmu. Badania Thomas and Dicke [29, 30] ujawniły, że ekstrakty z grzybów lub ich plechy zawierają substancje atrakcyjne dla *A. siro* i tym samym stanowią nieobojętny dla tych zwierząt element diety. Wybór pokarmu wymaga również czasu, jako że niektóre gatunki roztoczy, w tym *R. echinopus*, przemieszczają się relatywnie wolno (1,5–5mm · min^{-1}) [4].

Obecność enzymów trawiennych determinuje możliwości troficzne organizmów. Roztocze przystosowane są do trawienia grzybów m.in. dzięki obecności lysozymów [6]. U roztoczy stwierdzono obecność enzymów proteolitycznych umożliwiających przyswajanie białek, wchodzących w skład zarodków zbóż, stanowiących często pokarm tych roztoczy. Stwierdzono, że rozkruszek mączny *A. siro* żerując na całym ziarnie zwykle wyjada bogate w proteiny zarodki i warstwę aleuronową, zostawiając nietknięty, bogaty w węglowodany endosperm [25]. Proteolityczne enzymy aktywne w procesach trawienia kazeiny stwierdzono u *Aleuroglyphus ovatus*, *C. lactis* i *Tyrophagus similis* Volgin [15,16]. Aktywność enzymów proteolitycznych w stosunku do kolagenowego proszku badano u *A. siro*, *G. destructor*, *G. domesticus*, *Rhizoglyphus callae* Oudemans, *R. robini* Claparede, *T. longior* Hirst i stwierdzono wysoką aktywność tych enzymów u trzech pierwszych wyżej wymienionych gatunków roztoczy i znacznie niższą u trzech pozostałych gatunków [5]. Autor wiąże uzyskane różnice z odmienną ekologią roztoczy. Te z niskim poziomem proteazy głównie zasiedlają poza miejskie tereny pokryte trawą, czy siano, a roztocze z wysokim poziomem tych enzymów są przez autora wskazywane jako synantropijne. W tej grupie znajdują się roztocze z rodzaju *Glycyphagus*, które zamieszkując między innymi w gniazdach ptasich, przystosowały się do trawienia różnego rodzaju substancji białkowych [33], a zdolność trawienia substancji białkowych u *A. siro* opisano wyżej. U roztoczy kurzu domowego także opisano szereg enzymów trawiennych, których obecność w wydalanych grudkach fekaliów odpowiedzialna jest za wywoływanie reakcji alergicznych u osób wrażliwych. Alergeny produkowane przez te roztocze są przez różnych autorów różnie klasyfikowane. W pracy Solarza [23] znajduje się wykaz alergenów roztoczy przypisanych do 10 różnych grup. Alergeny z grupy I to termolabilne glikoproteiny o składzie aminokwasów zbliżonym do proteinazy cysteinowej, syntetyzowane w jelicie środkowym, wykazujące aktywność proteolityczną i biorące udział w procesach trawienia pozakomórkowego; Podobne właściwości przypisuje się alergenom z grupy III, VI, IX będącym enzymami o aktywności proteinazy serynowej. W grupie IV znajdują się substancje białkowe, których funkcja zbliżona jest do amylazy, a grupie VIII białka o funkcji S-transferazy glutationowej [23].

Podsumowanie

Od ponad półwiecza prowadzone są badania, których celem jest określenie preferencji pokarmowych i wskazanie czynników, które wpływają na wybór pokarmu przez rozkruszki przechowalniane. Nadal jednak nie wiadomo, czy wybór pokarmu przez te szkodniki jest przypadkowy, czy też zależy od zawartości atraktantów i repelentów w produktach spożywczych. Obecność odpowiednich enzymów trawiennych umożliwiających efektywne wykorzystanie pokarmów determinuje możliwości troficzne organizmów i wpływa na wybór pożywienia. Wiedza na temat preferencji pokarmowych rozkruszków może pomóc w kontrolowaniu liczebności tych szkodników w przechowalniach i magazynach poprzez stosowanie pułapek, w których substancjami wabiącymi roztocze byłyby wyselekcjonowane pokarmy.

Literatura

[1] Boczek J. 1957. Rozkruszek mączny (*Tyroglyphus farinae* L.) morfologia, biologia i ekologia, szkodliwość oraz próby zwalczania *Rocz. Nauk Rol*. 75-A-4: 559–644.

[2] Boczek J., Czajkowska B. 1970. Roztocze jako szkodniki produktów przechowywanych w magazynach. Post. Nauk Rol. 3: 77–97.

[3] Boczek J. 1980. Zarys akarologii rolniczej. PWN: 354 ss.

[4] Boczek J., Pankiewicz-Nowicka D., Legutowska H. 1983. Taste attractiveness of stored potatoes habitat components for *Rhizoglyphus echinopus* (F. & R.) (*Acari*: *Acaridae*). *Rocz. Nauk Rol*. Seria E. 13(1-2): 17–20.

[5] Bowman 1981. Hide protease in stored product mites (*Astigmata*: *Acaridae*). *Comp. Biochem. Physiol*. 70B: 803–805.

[6] Childs M., Bowman 1981. Lysozyme activity in six species of economically important astigmatic mites. *Comp. Biochem. Physiol.* 70B: 615–617.

[7] Chmielewski W. 1970. Eksperymenty nad przechodzeniem roztoczy przez przewód pokarmowy kregowców. *Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol*. „Zagadnienia Akarologii" 109: 233–238.

[8] Chmielewski W. 1970. The passage of mites through the alimentary canal of vertebrates. *Ekol. Pol*. A 18/35: 741–756.

[9] Chmielewski W. 1987. *Glycyphagus destructor* (Schrank) i *Glycyphagus domesticus* (De Geer) (*Acarida*, *Glycyphagidae*) – siedliska i produkty porażane. *Prace Nauk. Inst. Ochr. Roślin* 28(1–2): 147–153.

[10] Chmielewski W. 1999. Szkodniki magazynowe krajowych i importowanych owoców suszonych. Symp. „Jakość zdrowotna żywności i żywienia". Białystok, 16–17 września, 1999, Streszczenia: B-31.

[11] Czajkowska B. 1972.Wpływ niektórych składników czynnych ziół na rozkruszki. *Herba Polonica* XVIII(1): 79–86.

[12] Gołębiowska Z. 1963. Rozkruszek drobny *T. putrescentiae* Schrank. Morfologia, biologia i ekologia *Prace Nauk. Inst. Ochr. Roślin* 5(2): 29–88.

[13] Hubert J., Stejskal V., Kubatova A., Munzbergowa Z., Vanova M., Žďarkova E. 2003. Mites as selective fungal carriers in stored grain habitats. *Exp. Appl. Acarol*. 29: 69–87

[14] Li C.P., Cui Y.B., Wang J., Yang Q.G., Tian Y. 2003. Acaroid mite, intestinal and urinary acariasis. *World J. Gastroenterol*. 9(4): 874–877.

[15] Matsumoto K., Shirasaka R., Anbe K. 1964. Digestive enzymes in grain mites. *Jap. J. Sanit. Zool*. 15: 118.

[16] Matsumoto K. 1965. Studies on the environmental factors for the breeding of grain mites. Part IV. Digestive enzymes of the grain mites. *Jap. J. Sanit. Zool*. 16: 86–89

[17] Miller J.D. 1995. Fungi and mycotoxins in grain: implications for stored product research. *J. Stored Prod. Res*. 31: 1–16.

[18] Pankiewicz-Nowicka D., Boczek J. Davis R. 1982. Some food preferences of *Acarus siro* L. (*Acarina*: *Acaridae*). *J. Georgia Entomol. Soc.* 17(4): 491–495.

[19] Pankiewicz-Nowicka D., Boczek J., Davis R. 1982. Food selection in *Tyrophagus putrescentiae* (Schrank) (*Acarina*: *Acaridae*). *J. Georgia Entomol. Soc*. 19(3): 317–321.

[20] Pankiewicz-Nowicka D., Boczek J. 1984. A comparison of food preference of some acarid mites (*Acarida*: *Acaroidea*). *Acarology* VI (vol.2): 987–992.

[21] Pankiewicz-Nowicka D., Boczek J., Davis R. 1986. Attraction by selected organic compounds to *Tyrophagus putrescentiae* (*Acari*: *Acaridae*) to selected organic compounds. *Ann. Entomol. Soc. Am*. 79: 293–299.

[22] Pankiewicz-Nowicka D., Boczek J., Davis R. 1987. Attraction of *Carpoglyphus lactis* (*Acarina*: *Acaridae*) to selected organic compounds. *Exp. Appl. Acarol*. 3: 307–315.

[23] Solarz K. 2002 W: Parazytologia i akaroentomologia medyczna. Deryło A.(red. nauk.). 4.3.2. Subclassis: Acari Latreille, 1795 – Podgromada Roztocze. Roztocze alergogenne 332–377. PWN: 507ss.

[24] Solarz K. 2003. *Pyroglyphidae* (*Acari*: *Astigmata*) Polski; fauna, biologia, ekologia i epidemiologia, ryzyko ekspozycji na roztocze z rodziny *Pyroglyphidae* w Polsce. Rozprawa habilitacyjna. Śląska Akademia Medyczna w Katowicach. *Ann. Acad. Med. Siles*. Supl. 52: 244 ss.

[25] Solomon M.E. 1962. Ecology of the flour mite, *Acarus siro* L. (=T*yroglyphus farinae* DeG.). *Ann. Appl. Biol*. 50: 178–184.

[26] Szczęsna T., Rybak-Chmielewska H., Chmielewski W. 1999. Effect of infestation of pollen loads with acarid mites on amino acid content and organoleptic characteristics of the product. *Pszczeln. Zesz. Nauk*. 43: 235–245.

[27] Szlendak E. 2006. Powiązania alergogennych roztoczy i grzybów W: Buczek A., Błaszak Cz. [red.] Stawonogi. Znaczenie epidemiologiczne. Wyd. Koliber, Lublin, 2006: 249–254.

[28] Thind B.B., Clarke P.G. 2001. The occurrence of mites in cereal-based foods destined for human consumption and possible consequences of infestation. *Exp. Appl. Acarol*. 25(3): 203–215.

[29] Thomas C.M., Dicke R.J. 1971. Response of the grain mite, *Acarus siro* (*Acarina*: *Acaridae*) to fungi associated with stored food commodities. *Ann. Entomol. Soc. Am*. 64: 63–68.

[30] Thomas C.M., Dicke R.J. 1972. Attraction of the grain mite, *Acarus siro* (*Acarina*: *Acaridae*) to solvent extracts of fungi associated with stored food commodities. *Ann. Entomol. Soc. Am*. 65: 1069–1107.

[31] Vanhaelen M., Vanhaelen-Fastre R., Geeraets J. 1980. Occurrence in mushrooms (*Homobasidiomycetes*) of cis- and trans-octa-1.5 dien-3-ol. attractans to the cheese mite, *Tyrophagus putrescentiae* (SCHRANK) (*Acarina*: *Acaridae*). *Experientia* 36: 406–407.

[32] Wakuliński W., Szlendak E., Boczek J. 2006. Relacje grzybów i roztoczy w przechowalni ziarna i zbóż. *Post. Nauk Rol*. 2: 35–42.

[33] Woodroffe G.E. 1953. An ecological study of insects and mites in the nests of certain birds in Britain. *Bull. Ent. Res*. 44: 739–772.

[34] Yoshizawa T., Yamamoto I., Yamamoto R. 1972. Isolation and structural elucidation of cheese components, which attract the cheese mite, *Tyrophagus putrescentiae*. *Mem Tokyo Univ. Agric*. 15: 1–29.

[35] Ždarkowa E. 1971. Orientation of *Tyrophagus putrescentiae* (SCHRANK) towards olfactory stimuli. W: M. Daniel and R. Bohumir (red.) Proc. 3rd Internat. Congr. Acarol. Czechoslovak Academy of Science, Prague: 385–389.

Food preferences of stored product mites

Key words: attractants, repellents, enzymes, food products, mites, stored product pests

Summary

Stored-product mites occurring under our climatic conditions, are usually polyphagous animals well adopted to survive on wide range of food products. Since more than a half century different studies have been performed to reveal what are the mite food preferences and what is a mechanism which allows them to select the product proper for their diet. But still, until now, there is not clear whether the mites can select their food or they are able to consume any product occurring in sufficiency in their surrounding. Although some well documented studies showed that mites can carefully select their food and that during selection important for them are two following factors: food must be free of repellents and contain some attractants; still the question stays unanswered what is a mechanism which allows them to make a proper choice. For sure the presence of certain types of digestive enzymes constitutes one of limitations influencing food selection by mites.

Postępy Nauk Rolniczych nr 1/2007: 115–121

Wydajność pracy i techniczne uzbrojenie w rolnictwie polskim po 1990 roku

Jan Zwolak
Katedra Ekonomiki i Organizacji Agrobiznesu,
Akademia Rolnicza w Lublinie
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin
e-mail: jzwolak@op.pl

Słowa kluczowe: działalność innowacyjna, model funkcji, równanie izokwanty, działalność badawcza i rozwojowa

Uwagi wstępne

Po roku 1990 rolnictwo polskie sukcesywnie było i jest poddawane modernizacji i restrukturyzacji technologicznej. Ważnym zakresem tych przemian jest stopień aplikacji innowacji w jednostkach gospodarczych rolnictwa. Postępująca stabilność względna rynku i wzrost konkurencyjności skłaniają do działań innowacyjnych w rolnictwie. Podejmowanie zatem z tego zakresu oceny ekonomicznej jest ciągle aktualnym zagadnieniem i potrzebnym nie tylko ze względu na identyfikację rzeczy[1], ale choćby nawet ocenę pośrednią skutków działalności innowacyjnej w rolnictwie [1, 2].

Niezbędnymi narzędziami badania stają się te, które integrują związki i zależności efektów produkcyjnych z relacją czynników (zjawisk) o charakterze ekstensywnym i intensywnym w rolnictwie województw w Polsce. Owe zależności mogą stanowić podstawę oceny siły i kierunku kształtowania zjawisk ekonomicznych, których porównanie w czasie przybliżyć może skutki działalności innowacyjnej w rolnictwie.

Aby rozwinąć podstawową tezę o wpływie działalności innowacyjnej na zmienność wyniku produkcyjnego i finansowego, należy poszukiwać takich narzędzi badania, które łączyłyby rolę postępu technicznego i wydajności pracy we wzroście sprzedanej produkcji towarowej integrującej popytowe skutki działalności innowacyjnej, dotyczące produkcji i rynku w rolnictwie [3]. Związki i zależności między wartością produkcji towarowej[2] a zjawiskiem technicznego uzbrojenia pracy i jej wydajności w rolnictwie w roku 1999, 2001 i 2004 były celem badania przedstawionego w niniej-

---

1 Elementy innowacji to zmiana istniejącego stanu rzeczy i nowość [1].
2 Wartość produkcji towarowej jest efektem i przedmiotem aplikacji innowacji w rolnictwie.

szym opracowaniu. Z kolei, aplikowany wpływ nauki w skłaniających warunkach (produkcja, rynek) stanowi o inspiracji procesów innowacyjnych w rolnictwie. Właściwym modelem do opisania roli tych zjawisk ekonomicznych we wzroście produkcji towarowej powiązanej z rynkiem jest model funkcji typu Cobba-Douglasa. Jego matematyczne przekształcenie w kierunku równania izokwanty, i izokwanty produkcji towarowej oraz badanie w zasięgu ekstremum technicznego uzbrojenia pracy, przy wyrażeniu cenami stałymi z roku 1999, pozwoliło przybliżyć skutki działalności innowacyjnej i ustalić ich zmiany w rolnictwie w roku 1999, 2001 i 2004.

Produkcja towarowa a wydajność pracy i jej techniczne uzbrojenie

Zależność wartości produkcji towarowej od wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia w rolnictwie w latach 1999, 2001 i 2004 przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1. Regresja wartości produkcji towarowej względem wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia w rolnictwie w roku 1990, 2001 i 2004 (ceny 1999)

Rok	*a*	Współczynniki regresji		Błąd standardowy		Test t		Poziom istotności		R^2
		*X*1	*X*2	*X*1	*X*2	*X*1	*X*2	*X*1	*X*2	
1999	5900393417	0,5121	–0,6567	0,2814	0,2814	1,8635	–2,0139	0,05	0,05	0,26
2001	4561306988	0,6287	–0,6424	0,2759	0,2879	2,2787	–2,2313	0,04	0,04	0,32
2004	7311283833	0,5543	–0,6178	0,2907	0,2475	1,9070	–2,4959	0,05	0,02	0,34

Źródło: dane GUS za odpowiednie lata. Obliczenia numeryczne.
a – wyraz wolny, *X*1 – wydajność pracy wyrażona wartością produkcji towarowej w zł na 1 osobę, *X*2 – techniczne uzbrojenie pracy wyrażone wartością brutto środków trwałych w zł na 1 osobę, R^2 – współczynnik determinacji.

Przyjęte do badania zmienne (tab. 1) wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia wyjaśniły zmienność wartości produkcji towarowej w badanych latach w 26–34%. Rósł także współczynnik korelacji wielorakiej (R) i wynosił 51–58%. Natomiast poziom istotności nie przekraczał 0,05 (5%).

Z danych w tabeli 1 wynika, że współczynniki regresji wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia wykazywały względną stabilność, przy czym wartości tych ostatnich były ujemne. Przyrost technicznego uzbrojenia pracy był więc związany ze zmniejszaniem się wartości produkcji towarowej[3]. Wyjaśnić to można tym, że postęp

[3] Wzrost technicznego uzbrojenia pracy przy danej wiedzy technicznej prowadzi do spadku krańcowej efektywności kapitału rzeczowego i te dwie tendencje stanowią o granicach wzrostu wydajności pracy [5].Tym samym niezbędny jest równolegle kapitał intelektualny.

techniczny[4] nie był na tyle nasilony [1] aby mógł ujawniać swoje skutki w makroskali. Elastyczność produkcji towarowej od wydajności pracy kształtowana była w 51–62% stałych przychodów względem skali tej produkcji. Natomiast parametr efektywności ogólnej (wyraz wolny) [7] względem roku 1999 wzrósł w roku 2004 o 24%. Oznacza to, że efektywność ogólna w ostatnio wymienionym roku wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia wzrosła, zwłaszcza w wymiarze mnożnikowym. Może to sugerować wzrost udziału produktywności środków trwałych ogółem w rolnictwie w roku 2004.

Z pomocą równań regresji Cobba-Douglasa przedstawionych w tabelarycznej konwencji w tabeli 1, wyznaczono równania izokwant[5] dla badanych lat, na podstawie których w zasięgu technicznego uzbrojenia pracy w województwach w każdym roku opracowano krzywe[6] (izokwanty) przedstawione na rysunku 1.

Z graficznej prezentacji krzywych (izokwant produkcji towarowej) wynika, że udział postępu technicznego we wzroście wydajności pracy w rolnictwie w badanych latach miał charakter izokwant niedorzecznych[7]. Cechy te potwierdza brak przeniesienia skutków postępu technicznego na wzrost wydajności pracy w badanych latach – dodatnie krańcowe stopy substytucji (wymienności)[8]. Krzywe (izokwanty) na rysunku 1 wskazują, że postęp techniczny wyrażony technicznym uzbrojeniem pracy w latach 1999 i 2001 w takim samym stopniu kształtował wydajność pracy, poziom

---

4 Wraz ze starzeniem się firm i zmniejszaniem się ich wielkości zdolność do wprowadzenia innowacji nie ulegała zmianie w ciągu ostatnich dwu lat [4].

5 Symboliczny zapis równania izokwanty: $X1 = \left(\frac{Y}{aX2^{c}} \right)^{\frac{1}{b}}$

a – wyraz wolny,
b – potęga przy $X1$,
c – potęga przy $X2$,
Y – wartość produkcji towarowej (zł),
$X1$ – wydajność pracy wyrażona produkcją towarową (zł/osobę),
$X2$ – techniczne uzbrojenie pracy wyrażone wartością brutto środków trwałych na osobę (zł/osobę).

6 Obliczenia pominięto w opracowaniu.

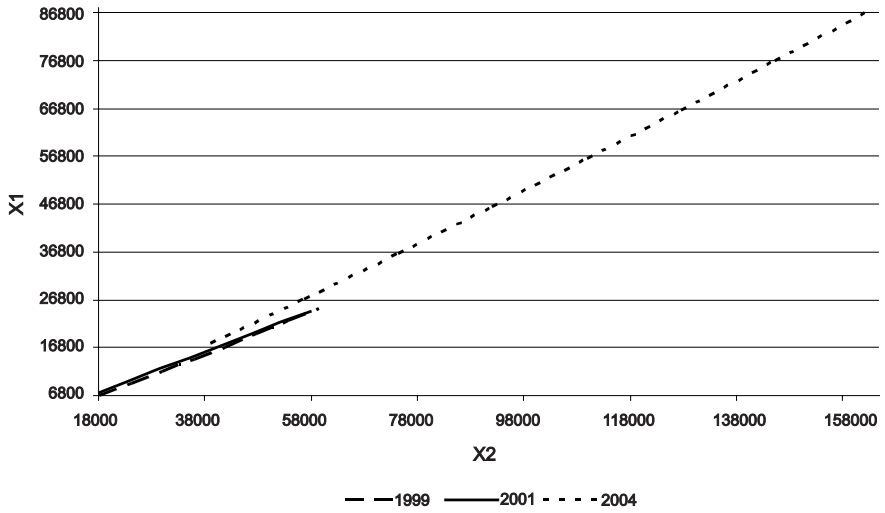
7 Średnie roczne tempo wzrostu postępu technicznego substytucyjnego wynosiło w latach 1989–1991 2,4%, a w latach 1992–1995 0,7% [6].

8 Potwierdzają to formuły krańcowych stóp substytucji:

1999 $\frac{\Delta X2}{\Delta X1} = -\frac{0{,}5121}{(-0{,}6567)}$

2001 $\frac{\Delta X2}{\Delta X1} = -\frac{0{,}6287}{(-0{,}6424)}$

2004 $\frac{\Delta X2}{\Delta X1} = -\frac{0{,}5543}{(-0{,}6178)}$



Rysunek 1. Wymienność opisana krzywymi izokwant produkcji towarowej między wydajnością pracy a jej technicznym uzbrojeniem
Źródło: Równania izokwant wyznaczone z pomocą danych (równań) w tabeli 1.

produkcji towarowej zaś był zbliżony, odpowiednio: 2077778801 zł i 2283572696 zł. Niewiele wyższy był on w roku 2004 względem roku 2001, bo wynosił 2413437793 zł (o 5,87%). Podobny był też charakter wpływu technicznego uzbrojenia pracy[9] na wzrost wydajności pracy w roku 2004 [8]. Ze względu na brak pełnej porównywalności poziomu osób zatrudnionych w rolnictwie w roku 2004[10] względem pozostałych zatrudnionych, utrudniona jest ocena zmiany wpływu poziomu technicznego uzbrojenia pracy w porównaniach między latami [10]. Ze wzrostu zasięgu technicznego uzbrojenia pracy w roku 2004 (ponad trzykrotnie dłuższa krzywa) można wnosić, że zróżnicowany był poziom technicznego uzbrojenia pracy w rolnictwie województw w roku 2004. Dowodzi to, że postęp techniczny istotnie różnicował wydajność pracy w rolnictwie w roku 2004, mimo iż dynamika wzrostu produkcji towarowej była niska, ale rosnąca. Wzrost zasięgu oddziaływania technicz-

9 Bariery procesów innowacyjnych mogą mieć charakter ekonomiczny, psychologiczny, techniczny czy też wewnętrzny i zewnętrzny [9].

10 Podstawą szacunku pracujących w gospodarstwie rolnym w roku 2004 był Narodowy Spis Powszechny Ludności i Mieszkań oraz Powszechny Spis Rolny 2002. Stąd do pracujących w gospodarstwie rolnym w rolnictwie w roku 2004 nie zaliczono osób pracujących, których gospodarstwo powyżej 1 ha produkowało na własne potrzeby. Dlatego też dane o liczbie pracujących w gospodarstwach indywidualnych za rok 2004 nie są w pełni porównywalne z latami poprzednimi [10].

nego uzbrojenia pracy na jej wydajność sugeruje potrzebę badania związków między tymi zjawiskami ekonomicznymi w kolejnych latach [11, 12].

Współdziałanie rolnictwa polskiego w europejskich powiązaniach rynkowych utrudnia uwzględnienie innowacji postępu technicznego pracy, będącego następstwem rynkowych przepływów zewnętrznych z rynku wtórnego o przestarzałej innowacji oraz europejskiego rynku zaopatrzenia rolnictwa polskiego w postęp europejski i światowy. Nie umniejsza to roli i funkcji własnych badań rozwojowych[11], których aplikacja może stanowić o niższych kosztach zastosowania postępu technicznego w rolnictwie [9]. Z ostatnio wskazanych uwarunkowań wynika potrzeba rozwijania naukowego kapitału intelektualnego i odpowiedniego poziomu nakładów w działalności badawczej i rozwojowej w Polsce i rolnictwie (tab. 2).

Tabela 2. Zatrudnienie i nakłady w działalności badawczej i rozwojowej w Polsce i rolnictwie w roku 1999, 2001 i 2004 (ceny bieżące)

Rok	Ogółem		Rolnictwo			
	zatrudnienie	nakłady*	zatrudnienie		nakłady*	
	osób	mln zł	osób	%	mln zł	%
1999	84510	4590,5	7653	9,05	339,9	7,40
2001	77232	4858,1	8023	10,38	400,1	8,23
2004	78362	5155,4	6628	8,45	446,4	8,66

* bez amortyzacji środków trwałych.
Źródło: Rocznik statystyczny GUS 2000, s. 300, Rocznik statystyczny GUS 2002, s. 310, Rocznik statystyczny GUS 2005, s. 420.

Z danych tabeli 2 wynika, że w roku 2001 wystąpił wzrost w udziale naukowego kapitału intelektualnego rolnictwa względem roku 1999 o 1,33 punktu procentowego, w roku 2004 zaś wystąpił regres o 0,6 punktu procentowego. Natomiast udział nakładów na działalność badawczą i rozwojową w Polsce i rolnictwie w cenach bieżących wzrastał. Udział zaś kapitału intelektualnego i nakładów na badania rozwojowe w rolnictwie w roku 2004 był podobny. Może to wskazywać na wzrost racjonalności i efektywności prowadzonych badań na rzecz potrzeb praktyki rolnictwa polskiego. Wskaźniki dynamiki[12] o podstawie zmiennej nakładów na działalność badawczą i rozwojową wskazują regres względem roku 2001, w roku 2004 w rolnictwie o 6,14 punktu procentowego. Swobodny przepływ wyników badań naukowych europejskich i światowych alokowanych w technicznych środkach produkcji

11 Czynniki determinujące dynamizm innowacyjny gospodarstw to przede wszystkim liczba i jakość krajowych naukowców, wyposażenie w środki trwałe i nakłady bieżące oraz strategia rozwoju nauki i techniki [9].

12 Wskaźnik dynamiki o podstawie zmiennej w roku 2001 wynosił 117,71%, w roku 2004 zaś wynosił 111,57%.

stosowanych w rolnictwie przyczynia się do wzrostu standaryzacji metod wytwarzania, a tym samym zestandaryzowania kosztów wytwarzania. Postępująca industrializacja w przyszłości nasili skutki innowacji postępu technicznego alokowane w zbiorze jednostek gospodarczych, a także w agregacji makroekonomicznej rolnictwa.

Podsumowanie

Z przeprowadzonych badań wynika, że:

1. Wykorzystanie funkcji produkcji typu Cobba-Douglasa może umożliwić rozliczenie wpływu na produkcję towarową postępu technicznego. Z kolei, narzędzie równania izokwanty umożliwia ocenę udziału postępu technicznego we wzroście wydajności pracy przy określonym poziomie sprzedanej produkcji towarowej w rolnictwie.
2. Na obecnym etapie aplikacji postępu technicznego w rolnictwie nie nasiliły się jego skutki na tyle, aby mogły być przeniesione na wzrost wydajności pracy wyrażonej sprzedaną produkcją towarową w roku 1999, 2001 i 2004. Jednak wyniki badań wykazały, że efektywność wydajności pracy i jej technicznego uzbrojenia względem roku 1999 określona ogólnym parametrem (wyrazem wolnym) wzrosła w roku 2004 o 24%, co oznacza jeszcze wyższą krotność tego wzrostu. Pojawiło się również w tym roku istotne zróżnicowanie w poziomie technicznego uzbrojenia pracy w rolnictwie badanych województw. Sugeruje to potrzebę powtórzenia badania w przyszłych latach.
3. Racjonalizacja naukowego kapitału intelektualnego i nakładów w działalności badawczej i rozwojowej w rolnictwie w roku 2004 wskazuje, na potrzebę komplementarnego powiększania tego kapitału, dla alokacji postępu technicznego i innowacji w rolnictwie polskim.

Literatura

[1] Baruk J. 2005. Istota innowacji. Ewolucja systemów innowacyjnych. *Przegląd Organizacji* 1: 11–14.

[2] Baruk J. 2005. Co pobudza przedsiębiorstwa do wdrażania innowacji? *Przegląd Organizacji* 7–8: 21–25.

[3] Baruk J. 2006. Nowe podejście do zarządzania innowacjami. *Przegląd Organizacji* 3: 8–11.

[4] Baruk J. 2006. Zdolności przedsiębiorstw do wprowadzania innowacji – opinie kierowników. *Przegląd Organizacji* 5: 15–18.

[5] Domański S.R. 2000. Endogenizacja formuły wzrostu M. Kaleckiego. *Ekonomista* 3: 325–337.

[6] Felbur S. 1996. Struktura gospodarki Polski i jej dostosowanie do integracji z Unią Europejską. *Ekonomista* 4: 425–451.

[7] Jasiński M. 1994. Postęp techniczny w funkcji produkcji typu Cobba-Douglasa. *Ekonomista* 1: 77–97.
[8] Kozioł K. 2006. Cele i bariery działalności innowacyjnej polskich przedsiębiorstw wysokiej technologii. *Przegląd Organizacji* 5: 21–23.
[9] Martin M. 2005. Czynniki determinujące dynamizm innowacyjny gospodarki. *Przegląd Organizacji* 3: 22–24.
[10] Rocznik statystyczny 2000, 2002 i 2005, GUS.
[11] Szemberg A. 1994. Aktywność inwestycyjna rolników i techniczne wyposażenie gospodarstw. *Komunikaty, Raporty, Ekspertyzy* 356: 3–47.
[12] Woś A. 1996. Drogi restrukturyzacji rolnictwa. *Wieś i Rolnictwo* 3: 61–79.

Work efficiency and technical equipment in Polish agriculture after 1990

Key words: innovative activity, function model, iso-quantum equation, research and developing activity

Summary

Innovative activity and technical progress in form of wor technicalk equipment were measured towards shaped market commodity production level regarding the share of technical progress in increasing work capacity in agriculture within 1999, 2001, 2004. The model of Comb-Douglas function and its mathematical conversion towards iso-quantum equation were applied. The survey showed negative impact of work technical equipment on relative growth of commodity production in surveyed years. This character of impact was confirmed by positive marginal substitution rates between work technical equipment and its efficiency in surveyed years. Only in 2004 the survey showed an increase of overall effectiveness concerning lately mentioned economic circumstances. It pointed the necessity to survey that problem in agriculture during next years.