



**WYDZIAŁ ROLNICTWA I BIOTECHNOLOGII
UNIwersYTET
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY W BYDGOSZCZY
KOŁO NAUKOWE BIOTECHNOLOGII**

VIII KONFERENCJA

**BIOTECHNOLOGIA:
DZIŚ NA UNIwersYTECIE
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZYM,
JUTRO W REGIONIE KUJAWSKO-POMORSKIM**

Streszczenia

Biotechnologia: dziś na U

o. 2010.

Bydgoszcz, 28 maja 2010



WYDZIAŁ ROLNICTWA I BIOTECHNOLOGII
UNIwersytet
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY W BYDGOSZCZY
KOŁO NAUKOWE BIOTECHNOLOGII

VIII KONFERENCJA

BIOTECHNOLOGIA:
DZIŚ NA UNIwersYTECIE
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZYM,
JUTRO W REGIONIE KUJAWSKO-POMORSKIM

Streszczenia

Biblioteka Główna UTP w Bydgoszczy



000000141722

Bydgoszcz, 28 maja 2010

KOMITET HONOROWY

Prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński
Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich
Dr hab. Ewa Szychaj-Fabisiak, prof. nadzw. UTP
Dziekan Wydziału Rolnictwa i Biotechnologii
Dr Ryszard Zamorski
Prodziekan Wydziału Rolnictwa i Biotechnologii
ds. Dydaktycznych i Studenckich
Prof. dr hab. inż. Sławomir Zawisza
Prodziekan ds. Nauki

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca: dr inż. Iwona Jędrzejczyk

Członkowie: dr inż. Dorota Olszewska
dr inż. Anna Kisiała
dr inż. Aleksandra Niklas-Nowak
mgr inż. Monika Rewers
Aldona Lewicka
Joanna Szymańska
Magdalena Szymańska
Joanna Wojciechowska
Małgorzata Iwańska
Agata Bator
Radosław Szarpatowski



95304

© Copyright

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Bydgoszcz 2010

Wydano za zgodą Rektora UTP

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Redaktor Naczelny
prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz, tel.: 52 3749482, 3749426
e-mail: wydawucz@utp.edu.pl <http://www.wu.utp.edu.pl>

Wyd. I. Ark. aut. 1,1. Ark. druk. 2,2. Papier druk. kl. III.
Oddano do druku i druk ukończono w maju 2010 r. Zamówienie nr 3/2010
Zakład Małej Poligrafii UTP Bydgoszcz, ul. Ks. A. Kordeckiego 20

10068/3

Sponsorami nagród VIII Konferencji „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko-pomorskim” są:

Roche Polska Sp. z o.o.

ul. Domaniewska 39 B
02-672 Warszawa
Tel.: 22 345 18 88
Fax: 22 345 18 74
E-mail: pl.kontakt@roche.com
www.roche.pl



Linegal Chemicals Sp. z o.o.

teren IChO PAN i IChF PAN
ul. Kasprzaka 44/52
01-224 Warszawa
Tel.: 22 631 16 27, 631 16 74, 631 72 81
Fax: 22 632 73 55
E-mail: info@linegal.com.pl,
linegal@linegal.com.pl
www.linegal.com.pl



Wydawnictwo Naukowe PWN S.A.

ul. Postępu 18
02-676 Warszawa
Tel.: 22 69 54 321
Fax: 22 69 54 288
www.pwn.pl



Patronat medialny nad Konferencją objęły:
Polskie Radio PIK oraz www.info.bydgoszcz.pl



UNIwersytet Technologiczno-Przyrodniczy

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej

KATARZYNA KIERZKOWSKA, CZESŁAW SADOWSKI

Patogeniczność i molekularna analiza wewnątrzgatunkowego
zróżnicowania genetycznego izolatów *Fusarium sambucinum* 7

MAGDALENA KOLENDĄ, ANNA BATURO

Wykorzystanie metody SCAR-PCR do wykrywania *Fusarium* spp.
w ziarnie pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) inokulowanej
mikotoksynotwórczymi izolatami *Fusarium culmorum* i chronionej
zróżnicowanymi dawkami fungicydów 8

MONIKA KRZYMIŃSKA, DARIUSZ PAŃKA

Wpływ *Neotyphodium lolii* na poziom związków fenolowych
produkowanych w życiu trwałej (*Lolium perenne* L.)
porażonej przez *Microdochium nivale* 9

PAULINA MIGACZ, ALEKSANDER LUKANOWSKI

Analiza molekularna wewnątrzgatunkowego zróżnicowania oraz
patogeniczność izolatów *Fusarium langsethiae* Torp & Nirenberg
z pszenicy ozimej 10

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii

PRZEMYSŁAW NOCNY, MAGDALENA TOMASZEWSKA-SOWA

Regeneracja roślin rożnika przerośniętego (*Silphium perfoliatum* L.)
z eksplantatów izolowanych liścieni i liści w kulturach *in vitro* 11

KATARZYNA ZADWORNA, ANNA FIGAS

Optymalizacja procesów regeneracji roślin rożnika przerośniętego
(*Silphium perfoliatum*) z eksplantatów wierzchołkowych siewek
w kulturach *in vitro* 12

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin

AGATA BUKALUK, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Polisomatyczność siewek różnych gatunków rodzaju *Beta* 13

MICHAŁ PEPKA, IWONA JĘDRZEJCZYK

Oznaczanie wielkości genomu wybranych gatunków drzew i krzewów
z rodzin: *Berberidaceae*, *Caprifoliaceae*, *Celastraceae*, *Oleaceae* i *Rosaceae*
metodą cytometrii przepływowej 14

ZUZANNA PIKULIK, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Endoreduplikacja w nasionach i siewkach różnych gatunków z rodziny <i>Fabaceae</i>	15
--	----

BEATA SIKORA, PAWEŁ NOWACZYK

Wykorzystanie techniki RAPD w analizie zmienności genetycznej <i>Capsicum</i> spp.	16
---	----

EDYTA WITCZAK, PAWEŁ NOWACZYK

Analiza technologiczna genotypów soft-flesh <i>Capsicum</i> spp.	17
---	----

Katedra Mikrobiologii**MARCIN KLIMEK, ZBIGNIEW PALUSZAK**

Przeżywalność pałeczek <i>Salmonella</i> Enteritidis w gnojowicy bydlęcej poddanej składowaniu i fermentacji beztlenowej w warunkach mezoofilnych	18
---	----

PAULINA KROCZAK, ZBIGNIEW PALUSZAK

Wpływ suszenia osadów pościekowych na ilość wybranych drobnoustrojów jelitowych	19
---	----

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych**SEBASTIAN GERKA, BEATA GŁOWACKA**

Organogeneza przybyszowa u psianki pepino (<i>Solanum muricatum</i> Aiton) w zależności od zawartości regulatorów wzrostu w pożywce	20
--	----

ANNA GUCZE, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Embriogeneza somatyczna u kaktusa z rodzaju <i>Astrophytum</i>	21
--	----

MALGORZATA HEISE, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Embriogeneza somatyczna u chryzantemy wielkokwiatowej odmian ‘Lady Vitroflora’ i ‘Lady Yellow’	22
--	----

MARTYNA LEWANDOWSKA, MALGORZATA ZALEWSKA

Wpływ składu pożywki na regenerację pędów przybyszowych z kwiatów języczkowatych chryzantemy wielkokwiatowej	23
--	----

WYDZIAŁ HODOWLI I BIOLOGII ZWIERZĄT**Katedra Biotechnologii Zwierząt****EMILIA CZYŻEWSKA, MARIA SIWEK**

Wykorzystanie cebulek włosowych i markerów mikrosatelitarnych w ocenie pochodzenia u bydła	24
--	----

**ILONA DOMAGAŁA, DOROTA SAWICKA, PAWEŁ LAKOTA,
MAREK BEDNARCZYK**

Przeżywalność *in vitro* i *in vivo* mrożonych-rozmrażanych pierwotnych komórek pleiowych kury 25

MONIKA ELMIANOWSKA, MAREK BEDNARCZYK

Ocena efektu profilaktycznego podawania *in ovo* synbiotyku kureczkom .. 26

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt

PIOTR MAJEWSKI, MARTA BOHACZYK, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Polimorfizm genu hormonu wzrostu w populacji polskich koni zimnokrwistych 27

OLIWIA WACHOWSKA, BEATA SITKOWSKA, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Polimorfizm genu hormonu wzrostu i jego wpływ na mleczność bydła 28

UNIwersytet KAZIMIERZA WIELKIEGO

Instytut Biologii Eksperymentalnej

JOANNA GUMIŃSKA, ANEFA OKONIEWSKA, WOJCIECH DONDESKI

Występowanie i właściwości fizjologiczno-biochemiczne bakterii heterotroficznych, występujących w toni wodnej jeziora Nawionek, w Zaborskim Parku Krajobrazowym 29

ANNA LATAŃSKA, JOANNA MORACZEWSKA

Wpływ mutacji w genie TPM3 na rozwój zaburzenia proporcji typu włókien w mięśniach szkieletowych 30

MAGDALENA MATEJA, ARTUR DZIAŁUK, JAROSŁAW BURCZYK

Analiza zmienności oraz struktury genetycznej jako podstawa opracowania programu rewitalizacji plantacji nasiennej limby (*Pinus cembra* L.) w Zakopanem 31

MONIKA SKIERA, ANDRZEJ OLEKSA, JAROSŁAW BURCZYK

Zmienność genetyczna pszczoły miodnej (*Apis mellifera*) z rejonu północno-wschodniej Polski na podstawie analizy DNA mitochondrialnego 32

DOROTA TOCHA, GRZEGORZ KŁOSOWSKI

Efekty zastosowania enzymów degradujących polisacharydy nieskrobiowe PNS w produkcji bioetanolu według założeń technologii BUS 33

Kolo Naukowe Biotechnologii 34

Patogeniczność i molekularna analiza wewnątrzgatunkowego zróżnicowania genetycznego izolatów *Fusarium sambucinum*

KATARZYNA KIERZKOWSKA, CZESŁAW SADOWSKI

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy

ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Fusarium sambucinum to występujący na całym świecie patogen licznych roślin uprawnych, w tym ziemniaka. Jest on głównym sprawcą suchej zgnilizny bulw, która powoduje znaczne straty, zwłaszcza w okresie ich przechowywania. Grzyb ten ponadto jest ważnym producentem nikotoksyn, przede wszystkim diacetosyseiropenolu i jego pochodnych, które mogą być przyczyną licznych zatrueń zarówno zwierząt, jak i ludzi. Jedną z metod ochrony roślin przed porażeniem grzybami jest stosowanie fungicydów. Jednak w przypadku *F. sambucinum* metoda ta staje się coraz bardziej nieefektywna, ze względu na uodpornianie się szczepów grzyba na stosowane do ochrony ziemniaków przed suchą zgnilizną fungicydy. W związku z tym, coraz większego znaczenia, jako forma zabezpieczenia ziemniaka przed chorobą, nabiera jego hodowla odpornościowa. Ze względu na przełamywanie odporności na fungicydy oraz hodowlę odpornych odmian ziemniaka, ważna jest znajomość zakresu zmienności grzyba i jego możliwości przystosowania się do nowych warunków. Badania dotyczyły 28 izolatów *F. sambucinum*, wyizolowanych z sucho gnijących bulw ziemniaka w latach 2005-2007. Analizowano wewnątrzgatunkową zmienność genetyczną z wykorzystaniem opartej na reakcji PCR metodzie RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Przetestowano łącznie 100 starterów, a do końcowych analiz wybrano 10 z nich, najwyraźniej obrazujących stopień zróżnicowania w obrębie analizowanych izolatów. Wykazano zarówno występowanie zróżnicowania genetycznego, jak i morfologicznego (barwa kolonii) w obrębie analizowanej populacji.

Wykorzystanie metody SCAR-PCR do wykrywania *Fusarium* spp. w ziarnie pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) inokulowanej mikotoksynotwórczymi izolatami *Fusarium culmorum* i chronionej różnicowanymi dawkami fungicydów

MAGDALENA KOLENDA, ANNA BATURO

Katedra Fitopatologii i Mikrobiologii Molekularnej

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy

ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Grzyby z rodzaju *Fusarium*, szczególnie *F. culmorum*, porażające zboża, oprócz obniżania ilości plonu i pogarszania jego jakości, stanowią zagrożenie ze względu na możliwość zanieczyszczania go mikotoksynami. Zdolność do ich tworzenia jest powszechnie spotykana u wielu rodzajów grzybów mikroskopowych, bytujących na roślinach rolniczych i płodach rolnych. Badania wykazują, że nieodpowiednie stosowanie fungicydów, zwłaszcza zbyt niskich dawek, może przynieść efekt niepożądany, zwiększając syntezę toksyn fuzaryjnych. Przedmiotem badań było ziarno pszenicy ozimej uzyskane z roślin opryskiwanych jednoskładnikowymi fungicydami, zawierającymi metkonazol i azoksystrobinę w trzech dawkach: zalecanej, zwiększonej oraz zmniejszonej w stosunku do dawki optymalnej i następnie inokulowanych izolatami *F. culmorum*. Po wyizolowaniu z zebranego ziarna DNA, wykorzystując technikę PCR, przeprowadzono analizy molekularne mające na celu zidentyfikowanie w próbach grzybów rodzaju *Fusarium* (ogólnie), *F. culmorum* i genów odpowiedzialnych za tworzenie mikotoksyn z grupy trichotecenów. Do tego celu użyto specyficznych starterów typu SCAR. Stwierdzono obecność wspomnianych grzybów we wszystkich próbach oraz genów z klasteru *Tri*, biorących udział w syntezie trichotecenów z grupy B (*Tri4*), a konkretnie deoksyniwalenolu – DON (*Tri7*). W badanych próbach nie stwierdzono genów odpowiedzialnych za syntezę niwalenolu (NIV). Wyniki wzbogacają o dane z analizy chromatograficznej, informujące o rzeczywistej zawartości trichotecenów z grupy B (DON i NIV) w próbkach ziarna. Nie zaobserwowano jednoznacznego wpływu dawek fungicydów na ilość mikotoksyn.

Wpływ *Neotyphodium lolii* na poziom związków fenolowych produkowanych w życicy trwałej (*Lolium perenne* L.) porażonej przez *Microdochium nivale*

MONIKA KRZYMIŃSKA, DARIUSZ PAŃKA

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Życica trwała (*L. perenne* L.) należy do traw o wysokiej wartości pokarmowej, dlatego też wykorzystuje się ją do skarmiania zwierząt. Często zasiedlana jest przez endofita *N. lolii*. Asocjacja grzyba z rośliną ma charakter mutualistyczny. Trawa dostarcza substancji pokarmowych, mikroorganizm produkuje metabolity, które „bronią” przed owadami i patogenami, a także pomagają tolerować suszę i inne stresy środowiskowe. Ponadto, stymulują wzrost i rozwój oraz wpływają na rozkrzewianie. Część produkowanych alkaloidów może jednak powodować niebezpieczne choroby u zwierząt, np. ryegrass staggers. Wpływ endofita na roślinę nie ogranicza się jednak tylko do wytwarzania określonych związków. Jest to również bardzo złożony wpływ na przebieg licznych procesów fizjologicznych gospodarza, który może wyrażać się między innymi stymulowaniem rośliny do uruchamiania specyficznych mechanizmów obronnych przed atakiem agrofagów. Celem badań było określenie wpływu *N. lolii* na poziom związków fenolowych produkowanych w roślinie-gospodarzu pod wpływem porażenia przez *M. nivale* – groźnego patogena traw. Doświadczenia przeprowadzono na czterech wyselekcjonowanych ekotypach życicy trwałej, zasiedlonych w naturalny sposób przez *N. lolii*. W dwóch przypadkach zaobserwowano istotny wpływ obecności endofita na poziom produkowanych związków fenolowych. Rośliny zasiedlone (E+) zawierały więcej fenoli w porównaniu z niezasiedlonymi (E-). Miało to także istotny wpływ na porażenie roślin przez sprawcę pleśni śniegowej traw. Kombinacje E+ posiadały mniej objawów chorobowych w stosunku do E-. W przypadku dwóch pozostałych ekotypów, obecność endofita nie miała wpływu na zawartość związków fenolowych. Uzyskane wyniki wskazują na potencjalne możliwości wykorzystania *N. lolii* do ochrony życicy przed atakiem patogenów.

Analiza molekularna wewnątrzgatunkowego zróżnicowania oraz patogeniczność izolatów *Fusarium langsethiae* Torp & Nirenberg z pszenicy ozimej

PAULINA MIGACZ, ALEKSANDER LUKANOWSKI

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Należące do patogenów polifagicznych grzyby z rodzaju *Fusarium* uznawane są za jeden z najbardziej rozpowszechnionych rodzajów grzybów w przyrodzie i jednocześnie przyczynę wielu chorób roślin. Pod koniec ubiegłego wieku z ziarna zbóż w Norwegii wyizolowano nieznany dotąd gatunek, morfologicznie podobny do *F. poae*, lecz tworzący charakterystyczną, niską prószystą grzybnię. Przyjęto opisywać tego typu kultury jako prószystą formę *F. poae*. Ostatnie lata szczegółowych badań morfologicznych, molekularnych i profilu tworzonych mikotoksyn dały jednak obraz gatunku odmiennego od dotychczas opisanych i pozwoliły wyodrębnić go jako nową jednostkę systematyczną – *F. langsethiae*, w sekcji *Sporotrichiella*. Celem przeprowadzonych badań było określenie wewnątrzgatunkowego zróżnicowania 24 izolatów *Fusarium langsethiae* uzyskanych z ziarna pszenicy ozimej uprawianej w różnych regionach Polski. W tym celu zastosowano metodę RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Przeprowadzone uprzednio testowanie 4 zestawów starterów OPERON: OPA, OPC, OPE, OPU pozwoliło na wybór 10 starterów spośród wszystkich 80 i wykorzystanie ich we właściwych analizach RAPD-PCR. Porównanie obrazów uzyskanych po elektroforezie na żelach agarozowych i statystyczne opracowanie wyników, przeprowadzone przy użyciu testu AMOVA (Analysis of Molecular Variance) pozwolą na bardziej szczegółowe określenie zróżnicowania wewnątrzgatunkowego pomiędzy badanymi izolatami oraz na wykreślenie, w oparciu o metodę UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), drzewa filogenetycznego (dendrogramu) obrazującego to zróżnicowanie.

Regeneracja roślin rożnika przerośniętego (*Silphium perfoliatum* L.) z eksplantatów izolowanych liścieni i liści w kulturach *in vitro*

PRZEMYSŁAW NOCNY, MAGDALENA TOMASZEWSKA-SOWA

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Rożnik przerośnięty (*Silphium perfoliatum* L.) z rodziny astrowatych (*Asteraceae*), pochodzi z centralnych i wschodnich obszarów USA oraz wschodniej części Kanady. Jest byliną dorastającą do 2,5 m, o dolnych liściach zrośniętych ogonkami w postaci kołnierzyka, żółtych kwiatach i owocach w formie niełupki. Uprawiany jest dla celów leczniczych, paszowych, energetycznych, jest też rośliną miododajną, ozdobną oraz pionierską, wykorzystywaną przy rekultywacji terenów. Celem badań była optymalizacja warunków regeneracji *S. perfoliatum* L. w kulturach *in vitro* z liścieni i fragmentów liści. Nasiona rożnika odkażano w 70% alkoholu etylowym przez 30 sekund, a następnie w 30% roztworze Ace przez 7 minut, na koniec płukano 3-krotnie wodą destylowaną. Sterylne nasiona pozbawiano okrywy nasiennej za pomocą skalpela i igły preparacyjnej. Wyizolowane zarodki wykładano na pożywkę MS o zredukowanej do połowy ilości soli mineralnych oraz sacharozy, bez regulatorów wzrostu. Probówki umieszczano w fitotronie w kontrolowanych warunkach 16 h fotoperiodu, natężeniu światła 2500 lux, temperaturze 23°C i wilgotności 70%. Uzyskane po kilku tygodniach liścienie i preparowane z siewek fragmenty blaszki liściowej wraz z ogonkami, pozbawione części dystalnej lub cięte wzdłuż, wykładano na pożywkę MS z dodatkiem auksyn i cytokinin w dwóch różnych stężeniach: 2 mg·dm⁻³ BAP i 1 mg·dm⁻³ IAA, 5 mg·dm⁻³ BAP i 0,05 mg·dm⁻³ IAA oraz 2,5 mg·dm⁻³ BAP i 0,45 mg·dm⁻³ ABA. Regenerację pędów przybyszowych odnotowano na wszystkich rodzajach pożywek, przy czym najlepszą okazała się pożywka wzbogacona w 5 mg·dm⁻³ BAP i 0,05 mg·dm⁻³ IAA. Pasaż pędów przeprowadzano co 4 tygodnie, a współczynnik namnożenia wynosił 4,7. W celu zaindukowania ryzogenezy zregenerowane pędy pasażowano na pożywkę MS bez regulatorów wzrostu.

Optymalizacja procesów regeneracji roślin różnika przerośniętego (*Silphium perfoliatum*) z eksplantatów wierzchołkowych siewek w kulturach *in vitro*

KATARZYNA ZADWORNA, ANNA FIGAS

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii
 Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
 Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
 ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Rożnik przerośnięty (*Silphium perfoliatum* L.) należy do rodziny *Asteraceae* i rodzaju *Silphium*, obejmującego około 23 gatunki. W środowisku naturalnym występuje w środkowej i wschodniej części Stanów Zjednoczonych i Kanady. Do Europy został sprowadzony w XVIII w. i uprawiany w ogrodach jako roślina ozdobna. W Polsce znany jest od niedawna. Roślinę charakteryzuje korzystna zawartość związków mineralnych i metabolitów pierwotnych: białka (bogatego w aminokwasy egzogenne), węglowodanów (glukoza, fruktoza, sacharoza, inulina) oraz kwasu L-askorbinowego. Ponadto, w organach rożnika przerośniętego wykryto metabolity wtórne takie jak: terpeny, olejki eteryczne, saponiny triterpenowe (oleanozydy), kwasy fenolowe, związki taninowo-garbnikowe, karotenoidy, flawonoidy. Dlatego ze względu na wielokierunkowe cechy użytkowe rożnik mógłby mieć zastosowanie w lecznictwie, skarmianiu zwierząt oraz jako roślina ozdobna, miododajna i energetyczna. Obecnie nie istnieje w Polsce wystarczające źródło materiału siewnego. Celem pracy była optymalizacja procesów regeneracji roślin rożnika przerośniętego z eksplantatów wierzchołkowych siewek w kulturach *in vitro*. W doświadczeniu wierzchołkowe części pędu układano na pożywki MS z dodatkiem regulatorów wzrostu. Zastosowano 4 warianty stężeń regulatorów wzrostu: $2.5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP + $0.45 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ ABA; $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP + $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA; $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP + $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ IAA; $0.5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ IAA + $4 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ KIN (o zmodyfikowanym składzie związków organicznych). Na pożywce MS z dodatkiem $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP + $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA uzyskano najwyższy odsetek eksplantatów z pędami bocznymi (38,33%). Pędy izolowano i pasażowano na pożywkę ukorzeniającą MS bez regulatorów wzrostu oraz namnażającą z dodatkiem $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP i $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA. Ukorzenione rośliny przeniesiono do warunków *ex vitro*.

Polisomatyczność siewek różnych gatunków rodzaju *Beta*

AGATA BUKALUK, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

U roślin wyższych w obrębie jednego organu mogą występować komórki o różnym poziomie ploidalności. Zjawisko takie nazywa się polisomatycznością. Jest ono konsekwencją endoreduplikacji, polegającej na amplifikacji jądrowego DNA, po której nie zachodzi mitoz. Komórki powstałe w wyniku tego procesu, charakteryzujące się podwyższoną zawartością DNA, nazywane są endopoliploidalnymi. Prawdopodobnie proces endoreduplikacji odgrywa ważną rolę podczas rozwoju organizmu, np. podczas wzrostu i różnicowania komórek, a także utrzymuje ich stan funkcjonalny i regulacyjny. Stosując cytometrię przepływową zbadano udział komórek z różną zawartością DNA w organach siewek dzikich i uprawnych gatunków z rodzaju *Beta*, zróżnicowanych pod względem cyklu życiowego oraz przynależności filogenetycznej. Wzrost siewek *Beta vulgaris* (burak cukrowy odmiana 'Arthur'), *B. atriplicifolia*, *B. orientalis*, *B. macrocarpa*, *B. palonga* i *B. trigyna* (buraki dzikie) odbywał się w warunkach *in vitro* na pożywiec MS w komorze fitotronowej w temperaturze $22 \pm 2 / 19 \pm 2^\circ\text{C}$, w 16/8 h fotoperiodzie. Analizie cytometrycznej poddano korzeń, hipokotyl i liścień w czterech stadiach rozwojowych: (I) siewka z korzeniem długości 1-1,5 cm, (II) siewka ze złożonymi liścieniami, (III) siewka z rozłożonymi liścieniami oraz (IV) siewka z pierwszą parą liści. Określono procentowy udział jąder z daną zawartością DNA i obliczono średnią ploidalność. W badanych organach stwierdzono obecność jąder komórkowych o zawartości DNA 2C, 4C, 8C, 16C i 32C. Najwyższą zawartość DNA (32C; 3 endocykle) odnotowano w korzeniu i hipokotylu, podczas gdy w liścieniu nie była ona wyższa niż 16C (1-2 endocykle). Podczas rozwoju roślin średnia ploidalność i liczba endocykli wyraźnie wzrosła w liścieniu wszystkich, i hipokotylu większości badanych gatunków, natomiast w korzeniu zaobserwowano spadek poziomu endopoliploidalności w późniejszych fazach rozwojowych.

Oznaczanie wielkości genomu wybranych gatunków drzew i krzewów z rodzin: *Berberidaceae*, *Caprifoliaceae*, *Celastraceae*, *Oleaceae* i *Rosaceae* metodą cytometrii przepływowej

MICHAŁ PEPKA, IWONA JĘDRZEJCZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Cytometria przepływowa (FCM) to szybka i bardzo dokładna metoda określania jądrowej zawartości DNA roślin. Powszechnie jest wykorzystywana przez botaników, genetyków, biotechnologów, hodowców roślin i producentów nasion. Pomiar zawartości DNA przeprowadza się najczęściej w młodych, świeżo zebranych liściach. W przypadku, gdy zawierają one związki fenolowe, mogące wpłynąć na właściwy pomiar, wskazane jest użycie nasion lub ich części. Dodatkowo nasiona można łatwiej transportować i przechowywać, co pozwala dowolnie planować i wykonywać analizy, nawet przy braku ciągłego dostępu do cytometru. Celem pracy było określenie jądrowej zawartości DNA w liściach i nasionach 15 gatunków drzew i krzewów, należących do rodzin: *Berberidaceae*, *Caprifoliaceae*, *Celastraceae*, *Oleaceae* i *Rosaceae*. Materiał roślinny zebrano w Ogrodzie Botanicznym Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy. Pomiar wielkości genomu wykonano za pomocą cytometru przepływowego CyFlow SL (Partec, Niemcy), natomiast analizę udziału jąder komórkowych z różną zawartością DNA wykonano przy użyciu cytometru Partec CCA. Właściwe analizy poprzedzono badaniami wstępnymi na zawartość inhibitorów wybarwiania DNA jodkiem propidyny. Stwierdzono, że badane gatunki mają małe i bardzo małe genomy. Zawartość 2C wahała się od 1,33 pg w nasionach jabłoni Niedźwiedzkiego 'Butterball', do 2,78 pg w liściach irgi rozkrzewionej. Żaden z badanych gatunków nie zawierał jąder endopoliploidalnych. Nie stwierdzono korelacji między wielkością genomu a długością, szerokością i masą nasion.

Endoreduplikacja w nasionach i siewkach różnych gatunków z rodziny *Fabaceae*

ZUZANNA PIKULIK, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Endoreduplikacja jest procesem powszechnie zachodzącym u roślin okrytozalążkowych, polegającym na replikacji jądrowego DNA bez zajścia mitozy. W jej efekcie w roślinie pojawiają się komórki endopoliploidalne, to znaczy zawierające więcej niż $4C$ DNA. Pomiędzy rodzinami, gatunkami, ekotypami oraz w obrębie pojedynczego organizmu (między poszczególnymi tkankami i fazami rozwojowymi) występują różnice w intensywności endoreduplikacji. Stosując cytometrię przepływową zbadano intensywność endoreduplikacji u 27 gatunków z rodziny *Fabaceae*, należących do 3 podrodzin (*Faboideae*, *Mimosoideae*, *Caesalpinioideae*). Analizie cytometrycznej poddano liścienie i osie zarodkowe dojrzałych nasion oraz młodych siewek. Określono procentowy udział jąder o różnej zawartości DNA i obliczono średnią ploidalność. We wszystkich próbach stwierdzono obecność jąder o zawartości $2C$ i $4C$, w większości również $8C$. Najwyższy poziom endopoliploidalności zaobserwowano w liścieniach nasienia *Phaseolus vulgaris* ($128C$). W osiach zarodkowych 22 gatunków intensywność endoreduplikacji była wyższa w siewkach niż w nasionach. Również w liścieniach 17 gatunków poziom endopoliploidalności był różny w zależności od stadium rozwojowego, przy czym nie zaobserwowano wyraźnego kierunku tej zależności. Stwierdzono także zróżnicowanie intensywności endoreduplikacji ze względu na pozycję systematyczną gatunku.

Wykorzystanie techniki RAPD w analizie zmienności genetycznej *Capsicum* spp.

BEATA SIKORA, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

We współczesnej hodowli roślin coraz częściej stosowane są techniki biologii molekularnej oparte na analizie DNA. W większości przypadków stosuje się metody wykorzystujące amplifikację DNA w łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR – Polymerase Chain Reaction). Do metod takich należy generowanie markerów molekularnych techniką RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Markery molekularne pozwalają na wprowadzenie bardziej obiektywnych kryteriów selekcji i doboru materiału rodzicielskiego, jak również w sposób znaczący skracają czas niezbędny na wyhodowanie nowej odmiany. Umożliwiają one badanie pokrewieństwa pomiędzy analizowanymi obiektami oraz ustalanie ich filogenezy, a także wnioskowanie o efekcie heterozji, poprzez badanie dystansu genetycznego pomiędzy liniami rodzicielskimi. Ponadto nie posiadają poważnych wad, jakimi odznaczają się konwencjonalne deskryptory morfologiczne, takich jak wpływ środowiska na ekspresję cechy, interakcje epistatyczne czy efekty plejotropowe. Celem niniejszej pracy była ocena przydatności markerów RAPD w hodowli papryki. Badania prowadzono z udziałem piętnastu 10-nukleotydowych primerów, dla dwudziestu genotypów z rodzaju *Capsicum*. Startery poddano ocenie pod kątem przydatności w identyfikacji gatunków, międzygatunkowych form mieszańcowych oraz analizie wyrównania genetycznego w obrębie linii hodowlanej. Równolegle przeprowadzono biometryczną analizę porównawczą badanego materiału roślinnego, w celu weryfikacji uzyskanych wyników. Zastosowane startery i procedury pozwoliły na opracowanie szybkiej i prostej metody analizy zmienności genetycznej *Capsicum* spp. i potwierdziły możliwość wykorzystania markerów molekularnych w hodowli papryki.

Analiza technologiczna genotypów soft-flesh *Capsicum* ssp.

EDYTA WIŁCZAK, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Miękki miąższ owoców typu soft-flesh mieszańców międzygatunkowych jest nową cechą, bardzo pożądaną pod względem technologicznym. Daje ona ogromne możliwości wykorzystania w przemyśle spożywczym i farmaceutycznym, pozwalając na efektywną obróbkę surowego materiału bez utraty jego wartości odżywczych oraz walorów smakowych. Owoce tego typu mogą stanowić dobry surowiec do produkcji past, przecierów i sosów paprykowych, dzięki możliwości mechanicznego oddzielania części niejadalnych. Materiał badawczy stanowiły owoce pięciu linii, które zostały wyselekcjonowane na drodze hybrydyzacji międzygatunkowej z mieszańców *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L. Oceniane genotypy różniły się pod względem morfologicznym i technologicznym. Dokonano ogólnego oszacowania wielkości plonu, z uwzględnieniem faz dojrzałości. Masa owoców dojrzałych zawierała się w granicach: 231-598 g, dojrzewających: 68-168 g, przejrzałych: 98-316 g. Masa łóżyska i nasion wynosiła od 2 do 3 g. Wydajność technologiczna, wyrażona jako udział oddzielonej tkanki perykarpu od części balastowych, takich jak skórka, resztki przegród wewnętrznych i łóżysko z nasionami, wahała się w granicach 53-56%.

Przeżywalność pałeczek *Salmonella* Enteritidis w gnojowicy bydlęcej poddanej składowaniu i fermentacji beztlenowej w warunkach mezofilnych

MARCIN KLIMEK, ZBIGNIEW PALUSZAK

Katedra Mikrobiologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Gnojowica bydlęca jest cennym nawozem naturalnym, jednak stwarza potencjalne ryzyko skażenia mikrobiologicznego gleby i wody. Występują w niej liczne mikroorganizmy, w tym także patogeny niebezpieczne dla zdrowia ludzi i zwierząt. Dlatego niezwykle istotny jest dobór właściwych i skutecznych metod uzdatniania tego nawozu. Celem pracy było określenie tempa eliminacji pałeczek *Salmonella* Enteritidis w gnojowicy bydlęcej, poddanej składowaniu oraz napowietrzaniu i fermentacji metanowej w warunkach mezofilnych w skali laboratoryjnej. Składowanie gnojowicy prowadzono przez okres 49 dni, pobierając próby po 1 godzinie od inokulacji, po 1 dniu, a następnie z interwałem 7-dniowym. Składowanie prowadzono w temperaturze 4 i 20°C. Napowietrzanie i fermentację metanową prowadzono w oddzielnych reaktorach przez 10 dni w temperaturze 35°C. Tu próby pobierano po 1 godzinie od inokulacji, a następnie codziennie. Liczbę bakterii oznaczono metodą NPL. Material z nośników posiewano na wodę peptonową (inkubacja 24 godz. w 37°C), następnie przenoszono na bulion RVS (24 godz. w 43°C), a ostatecznie przesiewano na agar BPLs (24 godz. w 37°C). Tempo eliminacji było wyraźnie większe w przypadku fermentacji i napowietrzania w warunkach mezofilnych niż podczas składowania. Dzielne tempo eliminacji dla składowania w 4°C wyniosło 0,07 [log NPL/dzień], a w 20°C - 0,12 [log NPL/dzień]. Teoretyczne czasy przeżycia wynosiły odpowiednio 125,73 i 67,75 dni. W procesie fermentacji uzyskano tempo eliminacji -0,59 [log NPL/dzień], a w procesie napowietrzania -0,50 [log NPL/dzień]. Teoretyczne czasy przeżycia dla tych metod wyniosły odpowiednio 12,94 i 14,48 dni.

Wpływ suszenia osadów pościekowych na ilość wybranych drobnoustrojów jelitowych

PAULINA KROCZAK, ZBIGNIEW PALUSZAK

Katedra Mikrobiologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Jedną z nowoczesnych metod przetwarzania osadów pościekowych jest ich suszenie z wykorzystaniem energii słonecznej. Tego typu rozwiązanie pozwala na znaczną redukcję objętości osadów stosunkowo niskim kosztem. Wadą tej metody są nierównomierne warunki panujące w hali suszarni, zależne bezpośrednio od warunków klimatycznych panujących na zewnątrz. Oznacza to konieczność dogrzewania hali w miesiącach zimowych lub przestój suszarni w tym okresie. Po wysuszeniu osady pościekowe mogą być przeznaczone do dalszego użytkowania w rolnictwie pod warunkiem, że pozbawione będą substancji szkodliwych, w tym drobnoustrojów wskaźnikowych. Celem pracy była ocena mikrobiologiczna osadów poddawanych procesowi termicznego suszenia i ocena efektywności ich higienizacji. Praca prowadzona była w oparciu o aktywność wybranych drobnoustrojów wskaźnikowych, takich jak: *E. coli*, *Enterococcus*, *Salmonella*. Materiał badawczy pozyskano z suszarni osadów w Iławie. Zmiany w ilości drobnoustrojów analizowano za pomocą standardowych pożywek wybiórczych oraz przy zastosowaniu tablic do określania najbardziej prawdopodobnej liczby bakterii (NPL). Wyniki wskazują, że nawet w miesiącach letnich, przy wysokich temperaturach powietrza i dużym nasłonecznieniu nie doszło do całkowitej higienizacji osadów. Oznacza to, że technologię suszenia osadów w suszarniach słonecznych należy wzbogacić o dodatkowe elementy przed ich wykorzystaniem na polach.

Organogeneza przybyszowa u psianki pepino (*Solanum muricatum* Aiton) w zależności od zawartości regulatorów wzrostu w pożywce

SEBASTIAN GERKA, BEATA GŁOWACKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Proces formowania organów na tkankach roślinnych nie zawierających merystemów nazywany jest organogenezą przybyszową i jest to jedna z metod wegetatywnego rozmnażania roślin w kulturach *in vitro*. Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu regulatorów wzrostu na tworzenie pędów przybyszowych u trzech form psianki pepino uzyskanych z wysiewu nasion. Eksplantaty wyjściowe stanowiły fragmenty międzywęzli inokulowane horyzontalnie na zmodyfikowaną pożywkę MS o zwiększonej o 50% zawartości wapnia i żelaza, zawierającą dodatkowo auksynę IAA oraz cytokininę BAP. Zawartość obu zastosowanych w pożywce regulatorów wzrostu wynosiła 0,5 i 1,0 mg·dm⁻³ we wszystkich możliwych kombinacjach. Obserwowano dynamikę początku powstawania pędów przybyszowych na poszczególnych eksplantatach. Po trzech miesiącach określono udział eksplantatów tworzących pędy przybyszowe, jak również liczbę uzyskanych pędów w przeliczeniu na eksplantat wyłożony i regenerujący. Tworzenie pędów przybyszowych przebiegało różnie u poszczególnych form rośliny. Najlepsze wyniki uzyskano u formy trzeciej, która najwcześniej podejmowała organogenezę i tworzyła najwięcej pędów. W przypadku formy pierwszej obserwowano najslabszą regenerację. Wykazano, że na przebieg organogenezy przybyszowej i liczbę uzyskanych pędów, zarówno w przeliczeniu na eksplantat wyłożony, jak i regenerujący, miały wpływ oba zastosowane regulatory wzrostu. W przypadku IAA zdecydowanie lepsze wyniki uzyskano przy wyższym z zastosowanych stężeń, wynoszącym 1,0 mg·dm⁻³, z kolei BAP lepiej wpływała na tworzenie pędów przybyszowych przy stężeniu 0,5 mg·dm⁻³.

Embriogeneza somatyczna u kaktusa z rodzaju *Astrophytum*

ANNA GUCZE, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych, Pracownia Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Materiał badawczy stanowił kaktus *Astrophytum asterias* (Zucc.) Lem., będący gatunkiem elitarnym, o wysokiej wartości jednostkowej, cennym przez kolekcjonerów. Celem doświadczenia była indukcja embriogenezy somatycznej na fragmentach siewek uzyskanych w warunkach *in vitro*. Badanie przeprowadzono w dwóch etapach. Pierwszy etap polegał na uzyskaniu sterylnych, wyrównanych siewek kaktusa. Eksplantaty pierwotne – nasiona, poddano dwustopniowej sterylizacji i inokulowano na zmodyfikowaną pożywkę MS ze zmniejszoną o połowę ilością makroskładników oraz sacharozy ($20 \text{ g} \cdot \text{dm}^{-3}$), bez regulatorów wzrostu. Zdolność kiełkowania wynosiła 53,77%. W drugim etapie testowano wpływ egzogennej auksyny 2,4-D (0, 1, 2 i $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) w warunkach obecności światła i ciemności, na liczbę zarodków somatycznych. Eksplantaty wtórne stanowiły fragmenty siewek (uzyskane w wyniku cięcia podłużnego) pozbawione korzenia zarodkowego. Zarodki somatyczne powstawały bezpośrednio z tkanek eksplantatu lub pośrednio poprzez nieorganizowaną tkankę kalusową. Zdecydowanie większą liczbę zarodków otrzymano na drodze embriogenezy pośredniej poprzez tkankę kalusową. W obecności światła najwięcej zarodków somatycznych zregenerowało na pożywce wzbogaconej w $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ 2,4-D, zaobserwowano jednak wśród nich formy wielozarodkowe. W ciemności natomiast najlepsze okazały się pożywki zawierające zarówno 2, jak i $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ 2,4-D, lecz odnotowano na nich obecność zarodków nieprawidłowych, z nieodróżnionym w pełni korzeniem. Ponadto zaobserwowano, iż w warunkach braku światła świeża masa eksplantatów na pożywce kontrolnej bez regulatorów wzrostu zwiększa się niemal dwukrotnie w porównaniu ze świeżą masą eksplantatów regenerujących na tej pożywce w obecności światła.

Embriogeneza somatyczna u chryzantemy wielkokwiatowej odmian 'Lady Vitroflora' i 'Lady Yellow'

MALGORZATA HEISE, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych, Pracownia Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Somatyczna embriogeneza jest procesem, w którym dwubiegunowa struktura, podobna do zarodka zygotycznego, rozwija się z komórek nie będących zygotą ani komórkami pleiowymi. Celem przeprowadzonych badań było uzyskanie zarodków somatycznych u dwóch odmian chryzantemy wielkokwiatowej (*Chrysanthemum x grandiflorum* Ramat./Kitam.) 'Lady Vitroflora' oraz 'Lady Yellow'. Eksplantaty w postaci prostokątnych fragmentów blaszek liściowych uzyskanych z środkowej części mikrosadzonek obu odmian, wyłożono na siedem zmodyfikowanych pożywek MS o pH = 5,8, których skład uzupełniono o regulatory wzrostu. Pożywki charakteryzowały się stałą zawartością auksyny 2,4-D ($4 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) oraz zmienną zawartością jednej spośród dwóch cytokinin – kinetyny lub 6-benzylaminopuryny ($1, 2$ lub $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$). Pożywka kontrolna MS K zawierała wyłącznie auksynę 2,4-D. Zarodki somatyczne regenerowały na drodze pośredniej embriogenezy somatycznej poprzez fazę kalusa. Po 10 tygodniach kultury z tkanki kalusowej, która obrosła eksplantaty, izolowano zarodki, znajdujące się w różnych stadiach rozwojowych. Najwięcej zarodków somatycznych u obu odmian uzyskano na pożywce zawierającej wyłącznie 2,4-D (MS K), jednakże obserwowano u nich liczne nieprawidłowości rozwojowe, czego nie zaobserwowano na pozostałych pożywkach. Auksyna jest więc czynnikiem wystarczającym do indukcji somatycznej embriogenezy u badanych odmian. Spośród pożywek zawierających auksynę i cytokininę, dla odmiany 'Lady Yellow' korzystniejszy był dodatek kinetyny w stężeniu 1 i $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$, natomiast dla 'Lady Vitroflora' – 6-benzylaminopuryny w stężeniu $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$. Oprócz zarodków na pożywce MS K uzyskano również liczne korzenie przybyszowe, których nie otrzymano na pożywkach zawierających cytokininę. W przeprowadzonych badaniach wykazano specyfikę odmianową chryzantemy wielkokwiatowej w zakresie embriogenezy somatycznej.

Wpływ składu pożywki na regenerację pędów przybyszowych z kwiatów języczkowatych chryzantemy wielkokwiatowej

MARTYNA LEWANDOWSKA, MALGORZATA ZALEWSKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy

ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Regeneracja pędów przybyszowych jest jedną z metod wegetatywnego rozmnażania roślin. Jest ona przede wszystkim wykorzystywana w hodowli mutacyjnej. Pędy przybyszowe powstają z eksplantatów, które nie zawierają tkanki merystematycznej, takich jak: międzywęzła, liście, łuski cebul czy płatki kwiatowe. W doświadczeniu badano wpływ trzech regulatorów wzrostu: NAA, BAP i kinetyny na proces organogenezy przybyszowej z kwiatów języczkowatych chryzantemy wielkokwiatowej odmiany 'Cool Time' w warunkach kultur *in vitro*. Eksplantaty pobrane z kwiatostanów poddano procesowi sterylizacji, a następnie umieszczono na zmodyfikowanej pożywce MS, uzupełnionej o następujące regulatory wzrostu: NAA (0,1; 0,2; 0,3; 0,5 mg·dm⁻³) oraz BAP (1; 2; 3; 5 mg·dm⁻³) lub NAA (0,1; 0,2; 0,3; 0,5 mg·dm⁻³) i kinetynę (1; 5; 10; 15 mg·dm⁻³). Eksplantaty inokulowano horyzontalnie, spodnią stroną płatka do pożywki. Aby ocenić dynamikę regeneracji w trakcie trwania kultury notowano pojawiające się pędy przybyszowe widoczne okiem nieuzbrojonym przez ścianki słoika. Po zakończeniu doświadczenia policzono także pędy przybyszowe widoczne jedynie pod binokulem i określono procentowy udział eksplantatów regenerujących. Stwierdzono, że wszystkie zastosowane regulatory wzrostu wywarły wpływ na tworzenie pędów przybyszowych. Za optymalne pożywki, na których powstało najwięcej pędów przybyszowych uznano te, które zawierały NAA w stężeniu 0,5 mg·dm⁻³ z dodatkiem 2 mg·dm⁻³ BAP lub 15 mg·dm⁻³ kinetyny.

Wykorzystanie cebulek włosowych i markerów mikrosatelitarnych w ocenie pochodzenia u bydła

EMILIA CZYŻEWSKA, MARIA SIWEK

Katedra Biotechnologii Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Mazowiecka 28, 85-089 Bydgoszcz

Markery molekularne stanowią ważne narzędzie badań genetycznych, wykorzystywane w hodowli zwierząt. Technika ta umożliwia przeprowadzenie wysokiej jakości oceny pochodzenia, co umożliwia szybką naprawę błędów mogących się pojawiać w rodowodach. Markery molekularne w hodowli zwierząt wykorzystywane są między innymi do analizy zmienności genetycznej, zarówno w obrębie rasy, jak i pomiędzy nimi, szacowania stopnia zimbredowania populacji oraz określenia dystansu genetycznego. Markery mikrosatelitarne (STR – Short Tandem Repeats) to powtórzenia dwu, trzech lub czterech nukleotydów występujące powszechnie w genomie kręgowców. Są to relatywnie małe, kodominujące markery, cechujące się wysokim polimorfizmem. Celem prezentowanej pracy było opracowanie szybkiej i skutecznej metody izolacji DNA z cebulek włosowych. Przetestowano różne warianty izolacji DNA (kit komercyjny, wysalanie, metoda izolacji fenol/chloroform). Docelowo DNA izolowano stosując modyfikowaną metodę organiczną. Po uzyskaniu DNA z cebulek włosowych określono genotypy wybranych osobników w populacji bydła mlecznego rasy holsztyno-fryzyjskiej odmiany czarno-białej, z trzech obór zarodowych położonych na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. W pracy przetestowano markery mikrosatelitarne, pochodzące z panelu zalecanego przez ISAG do oceny pochodzenia u bydła. Przebadano populację 53 krów: matek i córek wyselekcjonowanych na podstawie kart pokryć, w celu uzyskania zgodności buhajów, wykorzystywanych do pokrycia, z listą przekazaną przez SHH/Ż sp. z o.o. DNA z cebulek włosowych stanowiło matrycę w reakcji PRC (warunki optymalne dla każdego z markerów). Produkty reakcji PCR były rozdzielane na żelu poliakrylamidowym, a następnie genotypowane za pomocą automatycznego sekwenatora Globar Editio IR² DNA Analyser MEN^{1M}. Uzyskane wyniki analizowano wykorzystując SAGA GT software.

Przeżywalność *in vitro* i *in vivo* mrożonych-rozmrażanych pierwotnych komórek pleiowych kury

ILONA DOMAGAŁA, DOROTA SAWICKA, PAWEŁ ŁAKOTA,
MAREK BEDNARCZYK

Katedra Biotechnologii Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

W trakcie rozwoju embrionalnego pierwotne komórki pleiowe (PGCs) są prekursorami gamet zarodka. Zdolne do migracji w krwioobiegu komórki (*blood primordial germ cells*) w końcowym etapie kumulują się w zawiązkach gonad (*gonadal primordial germ cells*), gdzie zajmują określone miejsce w zależności od plei embrionu. Wykorzystanie modyfikowanych PGCs jest obecnie jedną z najbardziej obiecujących metod prowadzących do produkcji ptaków transgenicznych. Celem badań było określenie przeżywalności chimery pleiowych w zależności od postępowania z pierwotnymi komórkami pleiowymi (mrożenie lub jego brak) oraz pochodzenia komórek (krew lub gonady). Oceniano *in vitro* przeżywalność świeżych i rozmrażanych pierwotnych komórek pleiowych. Następnie przeprowadzono transfekcję komórek konstruktem PacGFP-C1, przy użyciu metody łączącej elektroporację z lipofekcją. Stransfekowane komórki iniekowano do zarodków bioreów i poddano inkubacji zakończonej wylęgiem piskląt. Uzyskano następujący procent wylęgu zarodków poddanych iniekcji bPGCs lub gPGCs oraz z grupy kontrolnej, odpowiednio: 66,7, 86,7 oraz 86,7. Kończącym etapem była obserwacja pod mikroskopem fluorescencyjnym (Fs09, filtr niebieski) wyizolowanych z kureząt gonad, wątroby, serca i krwi, umożliwiającą ocenę przeżywalności *in vivo* w wyżej wymienionych organach transfekowanych komórek. Oceniono trzynaście osobników poddanych w czasie rozwoju embrionalnego iniekcji gPGCs oraz sześć osobników zainiekowanych bPGCs. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że w obu grupach u 100% osobników zidentyfikowano znaczne ilości PGC, wykazujących ekspresję PacGFP-C1 w gonadach i wątrobie. Mniejsze ilości PGC emitujących zieloną fluorescencję stwierdzono w sercu i krwi, wartości te dla grupy zarodków zainiekowanych bPGCs lub gPGCs wynoszą odpowiednio: 83,3 i 33,3% lub 69,2 i 23% osobników.

Ocena efektu profilaktycznego podawania *in ovo* synbiotyku kureczkom

MONIKA ELMANOWSKA, MAREK BEDNARCZYK

Katedra Biotechnologii Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

W celu zapewnienia prawidłowego wzrostu ptaków stosuje się dodatki paszowe, tradycyjnie podawane w wodzie lub paszy, których zadaniem jest zaspokojenie potrzeb żywieniowych zwierząt i stymulowanie korzystnego profilu bakteryjnego. Wobec zakazu profilaktycznego stosowania antybiotyków, do coraz popularniejszych dodatków paszowych zalicza się między innymi synbiotyki. Termin ten odnosi się do połączenia prebiotyku z probiotykiem. Do prebiotyków zalicza się oligosacharydy z rodziny rafinozy, natomiast probiotykami nazywa się szczepy bakteryjne, które mogą korzystnie oddziaływać na organizm gospodarza. Dla zwiększenia efektywności podawania tych preparatów zaproponowano metodę *in ovo*, czyli podawanie synbiotyku bezpośrednio do komory powietrznej jaja w czasie inkubacji. Celem pracy było określenie wpływu podawania *in ovo* synbiotyku kureczkom na ich profil bakteryjny i cechy użytkowe. 1108 zapłodnionych jaj mieszańca Ross 308 i 249 zapłodnionych jaj Zielononóżki kuropatwianej zostało losowo rozdzielone do pięciu grup: ZERO, PRE, SYN1, SYN2, SYN3. W każdej z nich, w 12 dobie inkubacji, zainiekowano jaja odpowiednim preparatem: soli fizjologicznej (ZERO) lub prebiotyku (PRE) lub jednym z trzech wariantów synbiotyków (SYN1, SYN2, SYN3). Po wykluciu piskląt pobrano wymazy bakteryjne, po czym kureczka mieszańca Ross 308 odchowywano do 6 tygodnia życia. W celu przeprowadzenia analizy określono następujące cechy: masę ciała, przeżywalność i zużycie paszy oraz przeprowadzono uproszczoną dysekcję dla określenia masy tuszki i masy mięśnia piersiowego. Stwierdzono korzystny wpływ prebiotyku, synbiotyku 1 oraz synbiotyku 2 na oceniane cechy użytkowe kurecząt, w porównaniu z grupą kontrolną. Gorsze rezultaty uzyskano w przypadku synbiotyku 3.

Polimorfizm genu hormonu wzrostu w populacji polskich koni zimnokrwistych

PIOTR MAJEWSKI, MARTA BOILACZYK, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Analiza polimorfizmu genu hormonu wzrostu (GH), którego produkt wpływa na wiele ważnych gospodarczo cech zwierząt, w tym na wzrost, masę ciała, wydajność rzeźną czy skład chemiczny tuszy, jest szczególnie istotna w odniesieniu do gatunków i ras zwierząt o mięsnym kierunku użytkowania. Celem badań było określenie polimorfizmu genu hormonu wzrostu w populacji polskich koni zimnokrwistych. Materiałem badawczym była krew obwodowa pobrana z żyły jarzmowej zewnętrznej od osiemnastu osobników rasy polski koń zimnokrwisty, pochodzących ze Stadniny Koni Nowe Jankowice. Polimorfizm genu GH określono, stosując metodę PCR-RFLP. W tym celu amplifikowano fragment genu GH, używając następujących starterów – F: 5'TCAGGATGTGGGCGCC'TTC3' R: 5'TGGGCGTTCTGGATCGAGTATCT3'. Zastosowane startery flankowały fragment genu o długości 372 pz, obejmujący II i III ekson genu, przedzielone intronem. Następnie produkt amplifikacji poddano trawieniu enzymem restrykcyjnym AluI. Po inkubacji otrzymane fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 2,5% żelu agarozowym z dodatkiem bromku etydy. Genotypy poszczególnych osobników odczytywano poprzez porównanie obrazu otrzymanych fragmentów restrykcyjnych z markerem długości DNA pUC19 DNA/MspI. Następnie obliczono frekwencję alleli i genotypów w populacji. Przeprowadzona analiza nie wykazała polimorfizmu w locus GH/AluI. W badanej populacji genotyp homozygotyczny AA GH/AluI występował z frekwencją równą 100%. Uzyskane wyniki wskazują, że analizowaną populację polskich koni zimnokrwistych charakteryzował monomorfizm w układzie enzymatycznym GH/AluI.

Polimorfizm genu hormonu wzrostu i jego wpływ na wybrane cechy mleczne bydła

OLIWIĄ WACHOWSKĄ, BEATĄ SITKOWSKĄ, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy
ul. Mazowiecka 28, 85-789 Bydgoszcz

Gen hormonu wzrostu (GH), z uwagi na właściwości fizjologiczne i biochemiczne produktu jego ekspresji, został uznany za gen kandydujący, potencjalny QTL. Wykazano, iż na początku V eksonu genu występuje mutacja punktowa, której podłożem molekularnym jest substytucja C→G w kodonie CTG. Skutkuje ona zamianą leucyny (Leu) na walinę (Val) w pozycji 127 łańcucha aminokwasowego hormonu wzrostu. Przeprowadzone badania miały na celu określenie frekwencji genów i genotypów hormonu wzrostu oraz zbadanie wpływu polimorfizmu typu Leu/Val genu GH na cechy mleczności bydła. W badaniach własnych, stosując metodę PCR-RFLP, analizowano DNA 93 krów rasy holsztyno-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. Określono frekwencję alleli i genotypów genu GH oraz wpływ polimorfizmu Leu/Val na wydajność mleka, białka i tłuszczu (kg) oraz zawartość białka i tłuszczu (%) w mleku. Dane liczbowe pochodziły z bazy SYMILEK i dotyczyły laktacji 100-, 305-dniowej oraz długiej. Frekwencja alleli i genotypów kształtowała się następująco: Leu – 0,87, Val – 0,13, Leu/Leu – 0,74, Leu/Val – 0,26. Genotyp Val/Val nie wystąpił. Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała istotny wpływ badanego genotypu na wydajność mleka, białka, tłuszczu w okresie laktacji 100-dniowej. Ponadto, genotyp wpływał istotnie na wydajność tłuszczu w laktacji 305-dniowej i wydajność białka w laktacji długiej. Stwierdzono wysoce istotną zależność między genotypem genu GH a wydajnością mleka i białka w laktacji 305-dniowej.

Występowanie i właściwości fizjologiczno-biochemiczne bakterii heterotroficznych, występujących w toni wodnej jeziora Nawionek, w Zaborskim Parku Krajobrazowym

JOANNA GUMIŃSKA, ANETA OKONIEWSKA, WOJCIECH DONDESKI

Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
ul. J. K. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Bakterie heterotroficzne stanowią jedną z najliczniejszych grup wśród drobnoustrojów większości środowisk naturalnych. Główną ich funkcją jest rozkład materii organicznej i jej przemiany. Mineralizując substancję organiczną, odgrywają dużą rolę w krążeniu materii i energii zbiorników wodnych. Pomimo faktu, że bakterie heterotroficzne zbiorników wodnych zdolne są do metabolizowania różnych związków organicznych, wiadomości dotyczące ich aktywności respirometrycznej w zbiornikach wodnych są nadal skąpe i fragmentaryczne. Jezioro Nawionek, położone na terenie Zaborskiego Parku Krajobrazowego, jest oligotroficznym jeziorem lobeliowym, którego osady bogate są w CaCO_3 . Pod względem termicznym zaliczane jest do grupy jezior polimiktycznych, o stosunkowo jednorodnym środowisku wodnym. Celem pracy było zbadanie występowania bakterii w toni wodnej jeziora Nawionek oraz ich właściwości fizjologiczno-biochemicznych. Badania obejmowały oznaczenie w różnych porach roku ogólnej liczby bakterii planktonowych (OLB), liczebności bakterii heterotroficznych psychrofilnych, rosnących w temperaturze 22°C (jtk 22°C) i mezofilnych, rosnących w temperaturze 37°C (jtk 37°C) oraz określenie ich morfologii. Badano zdolność bakterii do rozkładu niektórych związków wielko- i drobnocząsteczkowych oraz aktywność respirometryczną heterotroficznych bakterii psychrofilnych w obecności skrobi, celulozy, sacharozy, fruktozy i glukozy.

Wpływ mutacji w genie TPM3 na rozwój zaburzenia proporcji typu włókien w mięśniach szkieletowych

ANNA LATAŃSKA, JOANNA MORACZEWSKA

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
ul. J. K. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Wrodzone zaburzenie proporcji typu włókien mięśniowych (CFMD) jest rzadką odmianą wrodzonej miopatii. Cechuje się niemocą mięśni, hipotonią, postępującym upośledzeniem zdolności ruchowych. Histologicznym zaburzeniem jest nieprawidłowość w wyglądzie włókien mięśniowych spowodowana hipotrofią włókien typu I oraz hipertrofią włókien typu II. CFMD jest chorobą cienkiego filamentu, gdyż mutacje w genach ACTA1 i TPM3, kodujących aktynę i γ -tropomiozynę (TM), są najczęstszym powodem rozwoju tej choroby. Celem pracy była biochemiczna charakterystyka tropomiozyny, zawierającej dwie mutacje odpowiedzialne za powstawanie CFMD u ludzi. Mutacje te polegały na zamianie reszty lizyny w pozycji 99 sekwencji TM na metioninę (L99M) oraz argininy w pozycji 167 na cysteinę (R167C). W pierwszym etapie wprowadzono mutacje punktowe do genu TM metodą ukierunkowanej mutagenezy. Następnie zmutowany gen wprowadzono do komórek bakteryjnych, w których dokonano ekspresji białka zmutowanej TM. Po wyizolowaniu i oczyszczeniu TM przeprowadzono analizy funkcyjne mutantów. W porównaniu z TM natywną, mutacja R167C wywołała znaczne osłabienie powinowactwa tropomiozyny do aktyny. Efekt mutacji L99M na oddziaływanie TM z aktyną był słabszy. Regulacja oddziaływań aktyny z miozyną przez TM była analizowana metodą pomiaru aktywności ATPazy aktomiozynowej. Mutacja R176C powodowała zniesienie aktywacji ATPazy przez jony Ca^{2+} . W przypadku mutacji L99M proces aktywacji był osłabiony. Hamowanie ATPazy aktomiozynowej również było silniej zaburzone w przypadku mutantu R167C, niż mutantu L99M. Otrzymane wyniki wskazują, że przyczyną CFMD na poziomie funkcjonalnym są zaburzenia w składaniu filamentów cienkich we włóknach typu I oraz nieprawidłowości w skurczu, w odpowiedzi na aktywujące stężenia jonów Ca^{2+} .

Analiza zmienności oraz struktury genetycznej jako podstawa opracowania programu rewitalizacji plantacji nasiennej limby (*Pinus cembra* L.) w Zakopanem

MAGDALENA MATEJA, ARTUR DZIAŁUK, JAROSŁAW BURCZYK

Katedra Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej

Wydział Nauk Przyrodniczych

Uniwersytet Kazimierza Wielkiego

ul. J. K. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Jedynym naturalnym miejscem występowania limby (*Pinus cembra* L.) w Polsce są Tatry. Ze względu na przystosowania do stresowych warunków abiotycznych, gatunek ten pełni ważną rolę w ochronie wysokogórskiego obszaru i restytucji lasu w reglu górnym. W gospodarce rezerwatuowej Tatrzańskiego Parku Narodowego coraz częściej obserwuje się zamieranie limby, co stwarza konieczność przeprowadzania zalesień, w oparciu o nasiona produkowane na plantacjach. Obecnie w Polsce brak legalnych źródeł materiału rozmnożeniowego limby – dlatego tak ważne jest podjęcie próby rewitalizacji plantacji nasiennej w Zakopanem. W tym celu podjęto badania zmienności i struktury genetycznej na tej plantacji. Analizy przeprowadzono na 71 osobnikach plantacji, z wykorzystaniem 10 mikrosatelitarnych loci DNA jądrowego oraz 10 loci zlokalizowanych w DNA chloroplastowym. Dodatkowo przeprowadzono analizę genu IFG, na podstawie którego można wnioskować o alpejskim lub karpackim pochodzeniu osobników znajdujących się na plantacji limby. Wyniki badań wykazały występowanie na plantacji 5 klonów (od 2 do 5 szepców na klon) oraz 59 osobników charakteryzujących się unikalnym genotypem. Zgodnie z przewidywaniami, większość osobników (83%) charakteryzowała się obecnością allelu typowego dla osobników pochodzenia karpackiego. Zgromadzone informacje będą mogły być wykorzystane w pracach nad rewitalizacją plantacji tak, aby mogła stać się ona legalnym źródłem nasion i zapewnić kontynuację istnienia zagrożonego gatunku.

Zmienność genetyczna pszczoły miodnej (*Apis mellifera*) z rejonu północno-wschodniej Polski na podstawie analizy DNA mitochondrialnego

MONIKA SKILKA, ANDRZEJ OLEKSA, JAROSŁAW BURCZYK

Katedra Genetyki, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
ul. J. K. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Znajomość zmienności genetycznej pszczoły miodnej jest niezwykle istotna dla właściwej ochrony zasobów genowych pszczół. Rodzime populacje *Apis mellifera mellifera* stały się zagrożone w związku z wprowadzaniem obcych ras – bardziej przydatnych z ekonomicznego punktu widzenia. Przeprowadzone badania miały określić poziom introgresji obcych podgatunków (*Apis mellifera carnica*) w populacjach pszczół północno-wschodniej Polski. Przebadano 83 rodziny, łącznie 1876 osobników z dwóch linii: Augustowskiej i Północnej. Analizy prowadzono na DNA mitochondrialnym, co umożliwiło ustalenie pochodzenia pszczół w linii matecznej i wykrycie matek z obcych linii. Do badań wykorzystano niekodujący fragment DNA, obejmujący region między pierwszą a drugą jednostką oksydazy cytochromowej (COI i COII). Przeprowadzono analizę PCR-RFLP z użyciem primerów E2, H2 oraz enzymu restrykcyjnego *DraI*. Analiza fragmentów restrykcyjnych pozwoliła na identyfikację haplotypów rodzimych (M4, M4') i obcych (C2). Badania wykazały, że aż 30% rodzin zawiera obce haplotypy. Co więcej, haplotyp C2 stwierdzono u prawie 22% przebadanych rodzin, pochodzących z zamkniętego rejonu hodowli w Puszczy Augustowskiej. Wyniki te wskazują, że introgresja obcych genów w rodzimych populacjach jest duża, co zagraża zachowaniu rodzimej puli genetycznej. W celu zwiększenia skuteczności ochrony zasobów genetycznych należy wykluczać z hodowli matki posiadające obcy haplotyp i prowadzić stałą kontrolę populacji. Kluczowe w tym względzie mogą być badania genetyczne, które jednoznacznie określają pochodzenie matek, dlatego też powinny stać się one wiarygodną alternatywą dla oceny opartej o cechy morfologiczne.

Efekty zastosowania enzymów degradujących polisacharydy nieskrobiowe PNS w produkcji bioetanolu według założeń technologii BUS

DOROTA TOCHA, GRZEGORZ KŁOSOWSKI

Zakład Biotechnologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego
ul. J. K. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Jednym z problemów, mogących wystąpić w trakcie produkcji bioetanolu (szczególnie w technologii beztętnieniowego uwalniania skrobi BUS), jest nadmierna lepkość podłoża fermentacyjnego, spowodowana występowaniem w surowcach pochodzenia roślinnego (żyto i pszenica) polisacharydów nieskrobiowych (arabanoksylany, β -glukan) oraz celobiozy. Utrudnia ona prowadzenie jednostkowych operacji technologicznych (mieszania, przepompowywania, wymiany ciepła, destylacji). Celem badań była ocena wpływu preparatów enzymatycznych degradujących PNS (ksylanazy, β -glukanazy, celulazy firmy Novozymes) na zmiany lepkości podłoża, przebieg i podstawowe wskaźniki fermentacji alkoholowej (energie, produktywność, wydajność) oraz stan fizjologiczny drożdży *S. cerevisiae*. Do pomiarów lepkości kinetycznej podłoża fermentacyjnych wykorzystano wiskozymetr kapilarny Ubbelohde'a. Hydrolizę skrobi prowadzono z zastosowaniem preparatu termostabilnej α -amylazy bakteryjnej (Termamyl S.C.) oraz amyloglukozydazy, pochodzącej z genetycznie modyfikowanego szczepu *A. niger* (SAN Extra L). Największą redukcję lepkości podłoża fermentacyjnego zaobserwowano po aplikacji preparatu ksylanazy, pochodzącej od genetycznie modyfikowanego szczepu *A. oryzae* (8-10 -krotny spadek w porównaniu z próbą kontrolną). Efekt występował zarówno na etapie procesu zacierania (hydroliza enzymatyczna skrobi), jak również w trakcie trzydobowej fermentacji. Odnotowano znaczący wzrost produktywności fermentacji w poszczególnych fazach, co było skorelowane z rosnącym szybciej stężeniem etanolu oraz wyższą wydajnością końcową etanolu (wzrost z 57,12 do 65,5 dm³ EtOH/100 kg⁻¹ skrobi). Nie stwierdzono negatywnego wpływu preparatu ksylanazy na żywotność i aktywność fermentacyjną drożdży.

Koło Naukowe Biotechnologii

Koło Naukowe Biotechnologii „BIOX” powstało w 2001 roku, z inicjatywy studentów kierunku Biotechnologia Wydziału Rolniczego ATR (obecnie Wydział Rolnictwa i Biotechnologii UTP w Bydgoszczy). Siedzibą Koła jest Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin, a funkcję opiekuna pełni prof. dr hab. inż. Elwira Śliwińska.



W roku akademickim 2009/2010 w pracach Koła uczestniczy 22 studentów biotechnologii, którym przewodniczy Aldona Lewicka.

Działalność Koła to przede wszystkim realizacja projektów badawczych oraz organizacja i uczestnictwo w wykładach, seminariach i konferencjach naukowych o tematyce biotechnologicznej. Ponadto, praca w Kole umożliwia studentom podnoszenie poziomu wiedzy teoretycznej oraz umiejętności praktycznych, wdraża do pracy naukowej, a tym samym podnosi ich kwalifikacje zawodowe.

Od 2001 roku Koło zrealizowało sześć projektów badawczych, które zostały zaprezentowane na krajowych konferencjach. Aktualnie prowadzone są prace nad projektami: „Porównanie różnych metod izolacji roślinnego DNA” oraz „Inhibitory wybarwiania w oznaczaniu wielkości genomów roślin metodą cytometrii przepływowej”.

Ważnym punktem działalności Koła Naukowego Biotechnologii jest organizacja corocznej konferencji „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym”, jutro w regionie kujawsko-pomorskim”, która stwarza możliwość prezentacji tematyki prac ma-

gisterskich studentów kierunku biotechnologia. Tegoroczna Konferencja jest już ósmą z tego cyklu, a od kilku lat aktywnie uczestniczą w niej również magistranci Instytutu Biologii Eksperymentalnej Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy.

Zainteresowanych działalnością Koła zapraszamy
na stronę internetową

<http://wr.utp.edu.pl/knb/>



Biblioteka Główna UTP w Bydgoszczy

95304

