

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie



# BIULETYN

## informacyjny



---

Wyniki oceny nauczycieli  
akademickich w 2016 r.

**s. 10-17**

6.2016 nr 3(101) ISSN 1899-7775

---



*Uroczystość wręczenia nominacji władzom jednoosobowym na kadencję 2016-2020*



*VII posiedzenie Konwentu Uniwersytetu Rolniczego*



**Redakcja**  
Szymon Sikorski – redaktor naczelny  
Izabella Majewska  
Monika Marszałik  
Paulina Czuryłowska

**Adres Redakcji**  
Biuro Informacji i Promocji  
Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie  
al. Mickiewicza 21  
31-120 Kraków  
tel. (+48) 12 662 41 95  
tel. (+48) 12 662 43 96  
e-mail: s.sikorski@ur.krakow.pl  
promocja@ur.krakow.pl

**Wydawca**  
Uniwersytet Rolniczy  
im. Hugona Kollątaja w Krakowie  
Wydano za zgodą Rektora UR  
**Fotografie:**  
Gabriel Wojcieszek, Adam Mróz

**Projekt okładki,**  
**opracowanie graficzne:**  
Paulina Czuryłowska  
**zdjęcie:** Katarzyna Nowak

Redakcja zastrzega sobie prawo  
do dokonywania skrótów i zmian  
redakcyjnych  
w nadesłanych tekstach

ISSN: 1899 - 7775  
Nakład: 1000 egz.  
Biuletyn Informacyjny  
Uniwersytetu Rolniczego  
im. Hugona Kollątaja w Krakowie  
dostępny jest w wersji elektronicznej  
na stronie internetowej uczelni  
www.ur.krakow.pl

**Skład, łamanie, druk:**  
Drukarnia DRUKMAR  
ul. Rzemieślnicza 10  
32-080 Zabierzów

## z życia Uczelni

|  |   |
|--|---|
| Informacja z przebiegu obrad Senatu UR.....                        | 4 |
| Uroczyste wręczenie aktów nominacyjnych na kadencję 2016-2020..... | 5 |

## nasze sukcesy

|   |    |
|---|----|
| Wystawa prac absolwentki Architektury Krajobrazu<br>mgr inż. arch. kraj. Anny Adamczyk-Wiraszki w Urzędzie Miasta Krakowa.....                              | 6  |
| „Nature Genetics” opublikował artykuł opisujący pełne odczytanie sekwencji<br>genomu marchwi – sukces międzynarodowego zespołu badawczego .....             | 7  |
| Dr hab. inż. Jacek M. Pijanowski po raz trzeci wybrany prezesem<br>Towarzystwa Rozwoju Obszarów Wiejskich .....   | 22 |
| Uniwersytet Rolniczy w elitarnym gronie uczelni wyższych najsukuteczniej<br>pozyskujących fundusze unijne w konkursach organizowanych w ramach POWER! ..... | 22 |

## nauka i współpraca międzynarodowa

|   |    |
|---|----|
| Wyniki oceny nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie<br>przeprowadzonej w 2016 r. na podstawie „Informacji o działalności nauczyciela<br>akademickiego za lata akademickie 2013/2014 – 2014/2015<br>(2011/2012 – 2014/2015 dla profesorów mianowanych)” ..... | 24 |
|---|----|

## współpraca z gospodarką

|  |    |
|--|----|
| Pracownicy i dyplomanci Katedry Dendrologii<br>i Architektury Krajobrazu w Pszczynie ..... | 34 |
| X Jubileuszowa Wystawa Polskiego Bydła Czerwonego w Szczyrzycu .....                       | 35 |
| Drugie Święto Kwitnącej Truskawki .....  | 37 |
| VII posiedzenie Konwentu Uniwersytetu Rolniczego .....                                     | 38 |
| Wspieranie rozwoju naukowego i badań przez firmę Novartis .....                            | 39 |

## konferencje

|   |    |
|---|----|
| Warsztaty naukowe z programu CEEPUS .....   | 40 |
| XXXV Ogólnopolska Szkoła Hydrauliki<br>„Współczesne problemy hydrauliki koryt otwartych” .....            | 41 |
| XXI Międzynarodowa Konferencja Naukowa ENVIRO 2016<br>„Problemy ochrony i kształtowania środowiska” ..... | 42 |
| Konferencja naukowa „Pszczoły w środowisku rolniczym” .....   | 43 |
| Międzynarodowa Konferencja Naukowa<br>„Statystyka na usługach gospodarki żywnościowej III” .....          | 44 |
| Publiczne obrony projektów studenckich .....  | 45 |
| II Międzynarodowa Konferencja Naukowa „Reforestation Challenges” .....                                    | 46 |

## nie tylko nauka

|   |    |
|---|----|
| XVI Ogólnopolskie Dni Owada „Bo z owadami nigdy nie wie się” .....                | 47 |
| Jubileusz 50-lecia ukończenia studiów na kierunkach Rolnictwo i Zootechnika ..... | 48 |

## kultura/studenci

|   |    |
|---|----|
| XV Olimpiada Języka Angielskiego.....         | 49 |
| II Mistrzostwa UR „W biegu na X piętro” ..... | 50 |

## nowości wydawnicze

|                         |    |
|-------------------------|----|
| „Nasz Złoty Wiek” ..... | 50 |
|-------------------------|----|



# Informacja z przebiegu obrad Senatu UR

w dniu 22 czerwca 2016 r.

**Rektor** poinformował, że:

- w okresie od ostatniego posiedzenia Senatu zmarła **Pani Grażyna Tarko** – emerytowany pracownik Wydziału Leśnego UR;
- został uhonorowany „medalem 200-lecia” przyznawanym osobom zasłużonym dla SGGW;
- do 31 maja br. ze wszystkich wydziałów UR **zgłoszono kandydatów** na członków Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów na kadencje 2017-2020;
- w dniach 3-4 czerwca 2016 r. uczestniczył w posiedzeniu KRASP, podczas którego został wybrany na funkcję przewodniczącego Konferencji Rektorów Uczelni Rolniczych i Przyrodniczych na kadencję 2016-2020;
- 4 czerwca odbył się Rektorski Dzień Dziecka;
- w dniach od 3-5 czerwca 2016 r. pod hasłem *Bo z owadami nigdy nie wie się* odbyły się XVI Ogólnopolskie Dni Owada.

**Senat** pozytywnie zaopiniował:

- zatrudnienie **dra hab. inż. Jana Banasia** na stanowisku profesora nadzwyczajnego w Zakładzie Urządzania Lasu, Geomatyki i Ekonomiki Leśnictwa Instytutu Zarządzania Zasobami Leśnymi;
- ponowne zatrudnienie **prof. dra hab. inż. arch. Bohdana Cherkesa** na stanowisku profesora nadzwyczajnego w Katedrze Gospodarki Przestrzennej i Architektury Krajobrazu;
- ponowne zatrudnienie **prof. dra hab. inż. Krzysztofa Gawrońskiego** na stanowisku profesora zwyczajnego w Katedrze Gospodarki Przestrzennej i Architektury Krajobrazu;
- ponowne zatrudnienie **prof. dra hab. inż. Krzysztofa Ostrowskiego** na stanowisku profesora zwyczajnego w Katedrze Melioracji i Kształtowania Środowiska;
- ponowne zatrudnienie **prof. dra hab. inż. Włodzimierza Sady** na stanowisku profesora zwyczajnego w Zakładzie Żywienia Roślin Instytutu Biologii Roślin i Biotechnologii.

**Senat** powołał kierunek studiów o profilu kształcenia ogólniakademickim *Biologia stosowana* i określił planowane efekty kształcenia dla studiów I stopnia (licencjackie) i II stopnia (magisterskie) studiów stacjonarnych od roku akademickiego 2017/2018 na Wydziale Hodowli i Biologii Zwierząt Uniwersytetu Rolniczego im. Hugona Kołłątaja w Krakowie.

**Senat** zatwierdził zmianę Uchwały Senatu nr 59/2012 z dnia 29 czerwca 2012 r., zmienionej uchwałą nr 18/2016 z dnia 26 lutego 2016 r. w sprawie określenia planowanych efektów kształcenia dla kierunków oraz poziomów i profili kształcenia.

**Senat** przyjął:

- sprawozdanie Kanclerza z wykonania powierzonych mu zadań za ostatni rok;
- sprawozdanie z działalności Biblioteki Głównej Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie za 2015 r.;
- sprawozdania z działalności Senackich Komisji za okres kadencji 2012-2016;
- informację Senackiej Komisji ds. Oceny Kadr o przeprowadzonej w roku 2016 ocenie nauczycieli akademickich.

**Senat** uchwalił plan rzeczowo-finansowy na 2016 r.

**Senat** przeznaczył dodatkowe środki na zwiększenie wynagrodzeń Rektora, Prorektorów i Dziekanów Uczelni.

Oryginał protokołu wraz z załącznikami znajduje się w Biurze Rektora Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie

# Uroczyste wręczenie aktów nominacyjnych na kadencję 2016-2020

Kraków, 22 czerwca 2016 r.

Po zakończeniu ostatniego w kadencji 2012-2016 posiedzenia Senatu UR, w Sali Senackiej odbyła się uroczystość stanowiąca dopełnienie wyboru Władz Uczelni. Uczestniczyli w niej przedstawiciele Uczelnianej Komisji Wyborczej oraz nominaci, którzy odebrali z rąk **prof. dr. hab. inż. Krzysztofa Gawrońskiego – przewodniczącego Uczelnianej Komisji Wyborczej** dokument potwierdzający elekcję. Po powitaniu przewodniczący poinformował, że zgodnie z przepisami prawa wybory trwały od grudnia 2015 do kwietnia 2016 roku. Na spotkaniu w dniu 14 czerwca 2016 r. Komisja podsumowała je i uznała za ważne.

Po ceremonii wręczenia głos zabrał **JM Rektor profesor Włodzimierz Sady**, który złożył gratulacje wszystkim wybranym oraz podkreślił, że jest to wyraz wielkiego zaufania ze strony Społeczności uniwersyteckiej. Przypomniał również zebrany, iż przed władzami Uczelni ciężka praca, którą należy pojmować jako służbę. Uroczystość zakończyły życzenia udanych wakacji.



*Spotkanie rozpoczął profesor Krzysztof Gawroński – przewodniczący Uczelnianej Komisji Wyborczej*

## Lista nominatów:

- JM Rektor Uniwersytetu Rolniczego im. Hugona Kołłątaja: prof. dr hab. inż. Włodzimierz Sady
- Kolegium Rektorskie: prof. dr hab. inż. Florian Gambuś – Prorektor ds. Nauki i Współpracy z Zagranicą, prof. dr hab. inż. Krzysztof Ostrowski – Prorektor ds. Organizacji i Rozwoju Uczelni, dr hab. inż. Sylwester Tabor, prof. UR – Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich
- Władze dziekańskie i prodziekani
- Wydział Rolniczo-Ekonomiczny:  
prof. dr hab. inż. Andrzej Lepiarczyk – dziekan, prof. dr hab. inż. Barbara Filipek-Mazur – prodziekan ds. nauki i współpracy, prof. dr hab. inż. Bogdan Kulig – prodziekan ds. kierunków: Rolnictwo, Ochrona Środowiska, Biogospodarka, Jakość i Bezpieczeństwo Środowiska, dr hab. inż. Andrzej Krasnodębski – prodziekan ds. kierunków: Zarządzanie i Ekonomia
- Wydział Leśny:  
dr hab. inż. Marcin Pietrzykowski – dziekan, dr hab. inż. Jarosław Socha – prodziekan ds. nauki i rozwoju, dr hab. inż. Krzysztof Słowiński – prodziekan ds. studentów
- Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt:  
prof. dr hab. inż. Czesław Klocek – dziekan, dr hab. inż. Paweł Nosal – prodziekan ds. organizacji i rozwoju, prof. dr hab. inż. Andrzej Sechman – prodziekan ds. dydaktycznych i studenckich
- Wydział Inżynierii Środowiska i Geodezji:  
prof. dr hab. inż. Krzysztof Gawroński – dziekan, dr inż. Andrzej Bogdał – prodziekan ds. studiów stacjonarnych na kierunkach: Inżynieria Środowiska oraz Inżynieria i Gospodarka Wodna, dr hab. inż. Leszek Książek – prodziekan ds. studiów stacjonarnych na kierunku Architektura Krajobrazu i studiów niestacjonarnych oraz spraw ogólnych, dr hab. inż. Jacek Pijanowski – prodziekan ds. studiów stacjonarnych na kierunkach: Geodezja i Kartografia oraz Gospodarka Przestrzenna
- Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa:  
prof. dr hab. inż. Stanisław Mazur – dziekan, dr hab. inż. Iwona Domagała-Świątkiewicz – prodziekan ds. studenckich i dydaktycznych, prof. dr hab. inż. Dariusz Grzebelus – prodziekan ds. nauki i współpracy
- Wydział Inżynierii Produkcji i Energetyki:  
prof. dr hab. inż. Sławomir Kurpaska – dziekan, dr hab. inż. Urszula Malaga-Toboła – prodziekan ds. dydaktycznych i studenckich, dr hab. inż. Sławomir Francik – prodziekan ds. organizacji i współpracy
- Wydział Technologii Żywności:  
dr hab. inż. Agnieszka Filipiak-Florkiewicz – dziekan, dr hab. Aleksandra Duda-Chodak – prodziekan ds. dydaktycznych i studenckich, prof. dr hab. inż. Jacek Domagała – prodziekan ds. dydaktycznych i studenckich, prof. dr hab. inż. Krzysztof Żyła – prodziekan ds. nauki i współpracy

# Wystawa prac absolwentki Architektury Krajobrazu mgr inż. arch. kraj. Anny Adamczyk-Wiraszki w Urzędzie Miasta Krakowa

Kraków, 15-30 kwietnia 2016 r.

W Holu Kamiennym Urzędu Miasta Krakowa prezentowana była wystawa prac absolwentki Architektury Krajobrazu mgr inż. arch. kraj. Anny Adamczyk-Wiraszki: *Wioski Świata ojców Salezjanów w projekcie koncepcyjnym Anny Adamczyk-Wiraszki*. Honorowy patronat nad wystawą objęli: ks. kardynał Stanisław Dziwisz, prof. Jacek Majchrowski – prezydent Miasta Krakowa; Bogusław Kośmider – przewodniczący Rady Miasta i JM Rektor UR prof. Włodzimierz Sady. W obecności władarzy Krakowa oraz zaproszonych gości otwarcia wystawy dokonał Bogusław Kośmider. W dalszej części dr hab. inż. Wojciech Przegon, prof. UR przedstawił sylwetkę autorki, podkreślając jej wyjątkową pracowitość jako studentki oraz dojrzały warsztat architekta krajobrazu czego potwierdzeniem jest projekt rekompozycji parku o wyjątkowych walorach kulturowo-edukacyjnych.

Warto przypomnieć, że Anna Adamczyk-Wiraszka w 2014 r. obroniła z wyróżnieniem dyplomową pracę magisterską: *Projekt koncepcyjny rekompozycji Parku Edukacji Globalnej <Wioski Świata> w Krakowie*. W 2015 r. ukazał się Jej album, w języku polskim, angielskim i włoskim: *Od idei do realizacji – projekt koncepcyjny rekompozycji Parku Edukacji Globalnej <Wioski Świata> w Krakowie*. W tym też roku otrzymała Nagrodę Miasta Krakowa w dziedzinie kultura i sztuka za pracę magisterską. Wystawa prezentowała osiągnięcia naszej Absolwentki szerokiemu gronu odbiorców. Jest też przykładem wzorowo prowadzonego procesu edukacyjnego.



Od lewej: dr hab. inż. Wojciech Przegon, prof. UR, Anna Adamczyk-Wiraszka, Bogusław Kośmider

# „Nature Genetics” opublikował artykuł opisujący pełne odczytanie sekwencji genomu marchwi – sukces międzynarodowego zespołu badawczego

9 maja 2016 r.

W czasopiśmie *Nature Genetics* ukazał się artykuł opisujący pełne odczytanie sekwencji genomu marchwi oraz wyjaśnienie historii ewolucji tego gatunku i genetycznych determinant warunkujących akumulację karotenoidów – pomarańczowych i żółtych barwników roślinnych o dużym znaczeniu prozdrowotnym. W genomie marchwi zidentyfikowano ponad 32 tysiące genów. Odczytanie sekwencji dodatkowych 35 przedstawicieli różnych populacji marchwi uprawnej i dzikiej pozwoliło na lepsze zrozumienie procesu udomowienia tego gatunku.

Autorami artykułu jest ponad 20 naukowców z wielu instytucji naukowych z USA, Chin, Włoch, Hiszpanii, Argentyny, Turcji, a także czteroosobowy zespół badaczy Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie pod kierunkiem **prof. dr. hab. inż. Dariusza Grzebelusa** (Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa). Koordynatorem całego projektu był **prof. Philipp W. Simon** z Uniwersytetu Stanowego Wisconsin i USDA-ARS, od wielu lat blisko związany również z naszą Uczelnią. W roku 2003 otrzymał on doktorat *honoris causa* naszego Uniwersytetu, a do dzisiaj pracownicy Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa we współpracy z **prof. Simonem** opublikowali ponad 20 artykułów naukowych dotyczących marchwi w wielu wiodących czasopiśmie naukowych z zakresu biologii roślin i ogrodnictwa.

Opisywane w publikacji badania mają charakter badań podstawowych i pozwoliły określić podstawy ważnych procesów biologicznych. Polska część badań była finansowana w ramach projektu badawczego: *Strukturalna i funkcjonalna analiza rejonu*

*genomu marchwi (Daucus carota L.) różnicującego formy dzikie i uprawne* w programie OPUS Narodowego Centrum Nauki. Należy jednak podkreślić potencjał, wynikający z poznania sekwencji genomu marchwi, dla bardziej efektywnego doskonalenia genetycznego nowych odmian. Hodowla roślin uprawnych w ostatnim czasie jest coraz silniej wspomaganą analizami molekularnymi.

Można mieć nadzieję, że uzyskane wyniki pozwolą na szersze wspomaganie prac związanych z hodowlą marchwi, również w programach hodowli prowadzonych w polskich spółkach hodowlano-nasiennych.

Publikacja artykułu naukowego stanowi duże osiągnięcie zespołu oraz ukoronowanie wieloletnich wysiłków udokumentowanych

Nature Genetics to jedno z najważniejszych czasopism naukowych z dziedziny genetyki (IF2014=29,352), publikujące artykuły o najwyższej jakości z zakresu genetyki i genomiki człowieka i innych organizmów, dotyczące m.in. genów odpowiedzialnych za choroby, genetyki nowotworów, genomiki rolniczej, genetyki rozwoju, regulacji ekspresji genów, genomiki farmakologicznej i ewolucji genomów.

wcześniejszymi pracami w czasopiśmie o niższym współczynniku wpływu.

Zapraszamy do zapoznania się z pełną wersją artykułu na kolejnych stronach **Biuletynu**.

Redakcja

nasze sukcesy

ARTICLES

**nature genetics**  
OPEN

## A high-quality carrot genome assembly provides new insights into carotenoid accumulation and asterid genome evolution

Massimo Iorizzo<sup>1,12</sup>, Shelby Ellison<sup>1</sup>, Douglas Senalik<sup>1,2</sup>, Peng Zeng<sup>3</sup>, Pimchanok Satapoomin<sup>4</sup>, Jiaying Huang<sup>5</sup>, Megan Bowman<sup>6</sup>, Marina Iovene<sup>7</sup>, Walter Sanseverino<sup>8</sup>, Pablo Cavagnaro<sup>9</sup>, Mehtap Yildiz<sup>10</sup>, Alicia Macko-Podgorni<sup>11</sup>, Emilia Moraska<sup>10</sup>, Ewa Grzebelus<sup>10</sup>, Dariusz Grzebelus<sup>10</sup>, Hamid Ashrafi<sup>11,12</sup>, Zhijun Zheng<sup>3</sup>, Shifeng Cheng<sup>3</sup>, David Spooner<sup>12</sup>, Allen Van Deynze<sup>11</sup> & Philipp Simon<sup>12</sup>

We report a high-quality chromosome-scale assembly and analysis of the carrot (*Daucus carota*) genome, the first sequenced genome to include a comparative evolutionary analysis among members of the easterid II clade. We characterized two new polyploidization events, both occurring after the divergence of carrot from members of the Asterales order, clarifying the evolutionary scenario before and after radiation of the two main asterid clades. Large- and small-scale lineage-specific duplications have contributed to the expansion of gene families, including those with roles in flowering time, defense response, flavor, and pigment accumulation. We identified a candidate gene, DCAR\_032551, that conditions carotenoid accumulation (Y) in carrot taproot and is coexpressed with several isoprenoid biosynthetic genes. The primary mechanism regulating carotenoid accumulation in carrot taproot is not at the biosynthetic level. We hypothesize that DCAR\_032551 regulates upstream photosystem development and functional processes, including photomorphogenesis and root de-etiolation.

Carrot (*Daucus carota* subsp. *carota* L.,  $2n = 2x = 18$ ) is a globally important root crop whose production has quadrupled between 1976 and 2013 (FAO Statistics; see URL), outpacing the overall rate of increase in vegetable production and world population growth (FAO Statistics; see URL) through development of high-value products for fresh consumption, juices, and natural pigments and cultivars adapted to warmer production regions<sup>1</sup>.

The first documented colors for domesticated carrot root were yellow and purple in Central Asia approximately 1,100 years ago<sup>2,3</sup>, with orange carrots not reliably reported until the sixteenth century in Europe<sup>4,5</sup>. The popularity of orange carrots is fortuitous for modern consumers because the orange pigmentation results from high quantities of alpha- and beta-carotenes, making carrots the richest source of provitamin A in the US diet<sup>6</sup>. Carrot breeding has substantially increased nutritional value, with a 50% average increase in carotene content in the United States as compared to 40 years ago<sup>7</sup>. Carotenes and luteins in red and yellow carrots, respectively, are also nutritionally important carotenoids, making carrot a model system to study storage root development and carotenoid accumulation.

Carrot is the most important crop in the Apiaceae family, which includes numerous other vegetables, herbs, spices, and medicinal plants that enhance the epicurean experience<sup>8</sup>, including celery, parsnip, arachaca, parsley, fennel, coriander, and cumin. The Apiaceae family belongs to the easterid II clade, which includes important crops such as lettuce and sunflower<sup>9</sup>. Genome sequences of easterid I species have been reported, but only two genomes<sup>10,11</sup> have been published among the other easterid II species.

Here we report a high-quality genome assembly of a doubled-haploid orange carrot, characterization of the mechanism controlling carotenoid accumulation in storage roots, and the resequencing of 10 accessions spanning the genetic diversity of the *Daucus* genus. Our comprehensive genomic analyses provide insights into the evolution of the asterid and several gene families. These results will facilitate biological discovery and crop improvement in carrot and other crops.

<sup>1</sup>Department of Horticulture, University of Wisconsin-Madison, Madison, Wisconsin, USA. <sup>2</sup>Vegetable Crops Research Unit, US Department of Agriculture-Agricultural Research Service, Madison, Wisconsin, USA. <sup>3</sup>Majiang Genomics Institute-Shenzhen, Shenzhen, China. <sup>4</sup>Department of Plant Biology, Michigan State University, East Lansing, Michigan, USA. <sup>5</sup>Institute of Biosciences and Bioresources, National Research Council, Bari, Italy. <sup>6</sup>Sección Botánica, Botánica, Barcelona, Spain. <sup>7</sup>National Scientific and Technical Research Council (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Cuyo, Argentina. <sup>8</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria La Consulta, La Consulta, Argentina. <sup>9</sup>Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agriculture, Yuzuncu Yil University, Van, Turkey. <sup>10</sup>Institute of Plant Biology and Biotechnology, University of Agriculture in Krakow, Krakow, Poland. <sup>11</sup>Plant Biotechnology Center, University of California, Davis, California, USA. <sup>12</sup>Present addresses: Plants for Human Health Institute, Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina, USA (M. Iorizzo) and Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina, USA (A. Van Deynze). Correspondence should be addressed to P. Simon (E-mail: simon@cornell.edu).  
Received 23 September 2015; accepted 11 April 2016; published online 9 May 2016; doi:10.1038/ng.3565

NATURE GENETICS | ADVANCE ONLINE PUBLICATION | 1

Pierwsza strona artykułu



# A high-quality carrot genome assembly provides new insights into carotenoid accumulation and asterid genome evolution

Massimo Iorizzo<sup>1,12</sup>, Shelby Ellison<sup>1</sup>, Douglas Senalik<sup>1,2</sup>, Peng Zeng<sup>3</sup>, Pimchanok Satapoomin<sup>1</sup>, Jiaying Huang<sup>3</sup>, Megan Bowman<sup>4</sup>, Marina Iovene<sup>5</sup>, Walter Sanseverino<sup>6</sup>, Pablo Cavagnaro<sup>7,8</sup>, Mehtap Yildiz<sup>9</sup>, Alicja Macko-Podgórn<sup>10</sup>, Emilia Moranska<sup>10</sup>, Ewa Grzebelus<sup>10</sup>, Dariusz Grzebelus<sup>10</sup>, Hamid Ashrafi<sup>11,12</sup>, Zhijun Zheng<sup>3</sup>, Shifeng Cheng<sup>3</sup>, David Spooner<sup>1,2</sup>, Allen Van Deynze<sup>11</sup> & Philipp Simon<sup>1,2</sup>

**We report a high-quality chromosome-scale assembly and analysis of the carrot (*Daucus carota*) genome, the first sequenced genome to include a comparative evolutionary analysis among members of the euasterid II clade. We characterized two new polyploidization events, both occurring after the divergence of carrot from members of the Asterales order, clarifying the evolutionary scenario before and after radiation of the two main asterid clades. Large- and small-scale lineage-specific duplications have contributed to the expansion of gene families, including those with roles in flowering time, defense response, flavor, and pigment accumulation. We identified a candidate gene, DCAR\_032551, that conditions carotenoid accumulation (*Y*) in carrot taproot and is coexpressed with several isoprenoid biosynthetic genes. The primary mechanism regulating carotenoid accumulation in carrot taproot is not at the biosynthetic level. We hypothesize that DCAR\_032551 regulates upstream photosystem development and functional processes, including photomorphogenesis and root de-etiolation.**

Carrot (*Daucus carota* subsp. *carota* L.;  $2n = 2x = 18$ ) is a globally important root crop whose production has quadrupled between 1976 and 2013 (FAO Statistics; see URLs), outpacing the overall rate of increase in vegetable production and world population growth (FAO Statistics; see URLs) through development of high-value products for fresh consumption, juices, and natural pigments and cultivars adapted to warmer production regions<sup>1</sup>.

The first documented colors for domesticated carrot root were yellow and purple in Central Asia approximately 1,100 years ago<sup>2,3</sup>, with orange carrots not reliably reported until the sixteenth century in Europe<sup>4,5</sup>. The popularity of orange carrots is fortuitous for modern consumers because the orange pigmentation results from high quantities of alpha- and beta-carotene, making carrots the richest source of provitamin A in the US diet<sup>6</sup>. Carrot breeding has substantially increased nutritional value, with a 50% average increase in carotene content in the United States as compared to 40 years ago<sup>6</sup>. Lycopene and lutein in red and yellow carrots, respectively, are also nutritionally important

carotenoids, making carrot a model system to study storage root development and carotenoid accumulation.

Carrot is the most important crop in the Apiaceae family, which includes numerous other vegetables, herbs, spices, and medicinal plants that enhance the epicurean experience<sup>7</sup>, including celery, parsnip, arracacha, parsley, fennel, coriander, and cumin. The Apiaceae family belongs to the euasterid II clade, which includes important crops such as lettuce and sunflower<sup>8</sup>. Genome sequences of euasterid I species have been reported, but only two genomes<sup>9,10</sup> have been published among the other euasterid II species.

Here we report a high-quality genome assembly of a doubled-haploid orange carrot, characterization of the mechanism controlling carotenoid accumulation in storage roots, and the resequencing of 35 accessions spanning the genetic diversity of the *Daucus* genus. Our comprehensive genomic analyses provide insights into the evolution of the asterids and several gene families. These results will facilitate biological discovery and crop improvement in carrot and other crops.

<sup>1</sup>Department of Horticulture, University of Wisconsin–Madison, Madison, Wisconsin, USA. <sup>2</sup>Vegetable Crops Research Unit, US Department of Agriculture–Agricultural Research Service, Madison, Wisconsin, USA. <sup>3</sup>Beijing Genomics Institute–Shenzhen, Shenzhen, China. <sup>4</sup>Department of Plant Biology, Michigan State University, East Lansing, Michigan, USA. <sup>5</sup>Institute of Biosciences and Bioresources, National Research Council, Bari, Italy. <sup>6</sup>Sequentia Biotech, Bellaterra, Barcelona, Spain. <sup>7</sup>National Scientific and Technical Research Council (CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Cuyo, Argentina. <sup>8</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria La Consulta, La Consulta, Argentina. <sup>9</sup>Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agriculture, Yuzuncu Yil University, Van, Turkey. <sup>10</sup>Institute of Plant Biology and Biotechnology, University of Agriculture in Krakow, Krakow, Poland. <sup>11</sup>Seed Biotechnology Center, University of California, Davis, California, USA. <sup>12</sup>Present addresses: Plants for Human Health Institute, Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Kannapolis, North Carolina, USA (M. Iorizzo) and Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina, USA (H.A.). Correspondence should be addressed to P. Simon (philipp.simon@ars.usda.gov).

Received 23 September 2015; accepted 11 April 2016; published online 9 May 2016; doi:10.1038/ng.3565



## RESULTS

## Genome sequencing and assembly

An orange, doubled-haploid, Nantes-type carrot (DH1) was used for genome sequencing. We used BAC end sequences and a newly developed linkage map with 2,075 markers to correct 135 scaffolds with one or more chimeric regions (Supplementary Figs. 1 and 2, and Supplementary Note).

The resulting v2.0 assembly spans 421.5 Mb and contains 4,907 scaffolds (N50 of 12.7 Mb) (Table 1), accounting for ~90% of the estimated genome size (473 Mb; Supplementary Table 1)<sup>11</sup>. The scaffold N50 of 31.2 kb is similar to those of other high-quality genome assemblies such as potato<sup>12</sup> and pepper<sup>13</sup>. About 86% (362 Mb) of the assembled genome is included in only 60 superscaffolds anchored to the nine pseudomolecules (Supplementary Table 2). The longest superscaffold spans 30.2 Mb, 85% of chromosome 4.

In mapping of unassembled Illumina reads against the assembled genome, 99.7% of the reads aligned (Supplementary Table 3), suggesting that the unassembled fraction of the carrot genome (~10%) likely consists of assembled duplicated sequences. No substantial sequence contamination was detected (Supplementary Fig. 3). In mapping of carrot ESTs<sup>14</sup>, genes identified from transcriptome analysis in 20 unique DH1 tissue types, and 248 ultraconserved genes from the Core Eukaryotic Genes<sup>15</sup> data set, ~94%, 98%, and 99.9% aligned to the carrot genome assembly, respectively, demonstrating that the assembly covers the majority of gene space (Supplementary Tables 4–6).

Mapping of 99.9% of 454 paired-end reads and 95.6% of paired-end BAC reads, within their estimated fragment lengths (Supplementary Table 7), confirmed an accurate assembly. A linkage map including 394 markers aligned with high collinearity to 36 superscaffolds (covering 343.5 Mb) demonstrates correct ordering and orientation of these superscaffolds (Supplementary Figs. 4 and 5).

Cytological evaluations using subtelomeric BAC clones and a telomeric probe indicated that the assembly extends into telomeric and subtelomeric regions, further supporting the high physical coverage of the carrot genome assembly (Fig. 1 and Supplementary Fig. 6).

Together, the assembly statistics and corroborating evaluations demonstrate that the assembly achieved standard parameters of high quality<sup>16</sup>. On the basis of genome coverage and length of sequence contiguity, the carrot genome assembly is one of the most complete genomes reported (Supplementary Table 8).

## Genome characterization

Carrot coding regions, tandem repeats, and mobile elements were characterized to evaluate the structural and functional features contributing to carrot evolution (Supplementary Note). Repetitive sequences accounted for 46% of the genome assembly (Table 1), of which 98% (193.7 Mb) were annotated as transposable elements (TEs) (Supplementary Table 9). Class II TEs accounted for 57.4 Mb—a greater amount of the genome than in similarly sized plant genomes, including rice (48 Mb)<sup>17</sup>. Given the abundance of class II TEs, we studied the evolution and distribution of insertion sites for two miniature inverted-repeat transposable element (MITE) class II families, *Tourist*-like *Krak*<sup>18</sup> and *Stowaway*-like *DcSto*<sup>19</sup>. The expansion of *DcSto* elements was characterized by multiple amplification bursts (Supplementary Fig. 7). Over 50% of *DcSto* and *Krak* insertion sites were located near (<2 kb away from) or inside predicted genes. However, no evidence was found to support their preferential insertion in genic regions (Supplementary Fig. 8), supporting the hypothesis that the impact of DNA transposons on gene function and genome evolution may reflect the interplay of stochastic events and selective pressure<sup>20</sup>.

Table 1 Statistics of the carrot genome and gene prediction

|                                 | Number         | Size     |
|---------------------------------|----------------|----------|
| <b>Assembly feature</b>         |                |          |
| Estimated genome size           |                | 473 Mb   |
| Assembled sequences (>500 bp)   | 4,826          | 421.5 Mb |
| N50                             |                | 12.7 Mb  |
| Superscaffolds                  | 89             | 382.3 Mb |
| N50 superscaffold               |                | 13.4 Mb  |
| Longest superscaffold           |                | 30.2 Mb  |
| Remaining scaffolds             | 3,379          | 37.2 Mb  |
| N50 scaffolds                   |                | 64.5 kb  |
| Remaining contigs               | 1,409          | 1.9 Mb   |
| Scaffigs                        | 30,938         | 386.8 Mb |
| N50 scaffigs                    |                | 31.2 kb  |
| Anchored sequences              | 60             | 361.1 Mb |
| Anchored and oriented sequences | 50             | 353 Mb   |
| GC content                      |                | 34.8%    |
| <b>Genome annotation</b>        |                |          |
| Total repetitive sequence       |                | 193.7 Mb |
| Gene models                     | 32,113         | 108.2 Mb |
| Genes in pseudomolecules        | 30,824 (96.0%) |          |
| Noncoding RNAs                  | 1,386          | 188.9 kb |

Tandem repeat-rich regions create a technical challenge to genome assembly<sup>21</sup>. By using RepeatExplorer<sup>22</sup> and cytology, we identified four major tandem repeat families accounting for ~7% of the DH1 genome and traced their evolutionary history in the *Daucus* genus (Supplementary Table 10). These tandem repeats included the carrot centromeric satellite Cent-Dc (CL1)<sup>23</sup> and three new tandem repeats (CL8, CL80, and CL81). In DH1 and related species, 39- to 40-bp Cent-Dc monomers were organized in a higher-order repeat structure (Supplementary Fig. 9). *Daucus* species distantly related to carrot were enriched for the CL80 repeat, which occupied most subtelomeric and pericentromeric regions (Fig. 1 and Supplementary Fig. 10). Conversely, the carrot CL80 sequence was associated with a knob on chromosome 1. Because Cent-Dc and CL80 were detected in members of the divergent *Daucus* clades (*Daucus* I and II), we hypothesize that their origin predates the estimated divergence of the two clades ~20 million years ago<sup>24</sup>. After *Daucus* radiated, these repeat families presumably underwent differential expansion and shrinkage of their repeat arrays and structural reorganization of monomers.

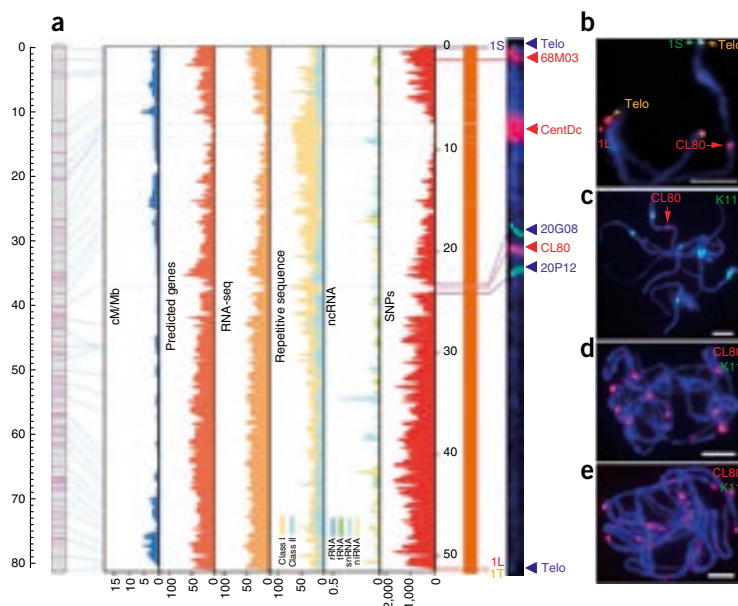
In assembly v1.0 gene annotation, 32,113 genes were predicted (Table 1 and Supplementary Note), of which 79% had substantial homology with known genes (Supplementary Tables 11 and 12). The majority (98.7%) of gene predictions had supporting cDNA and/or EST evidence (Supplementary Table 13), demonstrating the high accuracy of gene prediction. Relative to five other closely related genomes, carrot was enriched for genes involved in a wide range of molecular functions (Supplementary Table 14). We also identified 564 tRNAs, 31 rRNA fragments, 532 small nuclear RNA (snRNA) genes, and 248 microRNAs (miRNAs) distributed among 46 families (Fig. 1 and Supplementary Table 15).

## Carrot diversity analysis

To evaluate carrot domestication patterns, we resequenced 35 carrot accessions, representative *D. carota* subspecies, and outgroups (*Daucus syrticus*, *Daucus sahariensis*, *Daucus aureus*, and *Daucus guttatus*) (Supplementary Table 16). After filtering, 1,393,431 high-quality SNPs (accuracy >95%; Supplementary Note) were identified, with the largest number of diverging or alternate alleles in outgroups, a signature of genome divergence (Supplementary Table 17).



**Figure 1** Carrot chromosome 1 multi-dimensional topography and tandem repeat evolution. **(a)** The integrated linkage map for carrot is shown to the far left (the vertical bar to the left indicates genetic distance in cM). Lines connect a subset of markers to the pseudomolecule. Next, from left to right, are shown the cM/Mb ratio, predicted genes (percent of nucleotides/200-kb window), transcriptomes (percent of nucleotides/200-kb window), class I and class II repetitive sequences (percent of nucleotides/200-kb window), noncoding RNAs (percent of nucleotides/200-kb window), and SNPs (number of SNPs/100-kb window). Genes and TEs are more abundant in the distal and pericentromeric regions of the chromosomes, respectively. DNA pseudomolecules are shown in orange to the right. Gray horizontal lines indicate gaps between superscaffolds. Horizontal blue and red lines labeled on the right indicate the locations of BAC probes hybridized to pachytene chromosome 1 (see **b**); a horizontal yellow line indicates the location of the telomeric repeats. To the far right is a digitally straightened representation of carrot chromosome 1 probed with oligonucleotide probes to the telomeric repeats (Telo; blue) and the CL80 and Cent-Dc repeats (red) and with probes corresponding to BAC 68M03 (red) specific to chromosome 1 and BACs 20G08 and 20P12 (green) flanking the CL80 repeat. **(b–e)** FISH mapping of oligonucleotide probes to telomeric repeats (Telo; yellow) and the CL80 repeat (red) and probes corresponding to BAC clones specific to the termini of the short (1S; green) and long (1L; red) arms of carrot chromosome 1. **(c–e)** FISH mapping of the CL80 (red) and Cent-Dc (K11; green) repeats on the pachytene complements of DH1 **(c)**, *D. guttatus* **(d)**, and *Daucus littoralis* **(e)**. Cent-Dc did not generate any detectable signals in *D. guttatus* or *D. littoralis*. Scale bars, 5  $\mu$ m.



Phylogenetic and cluster analysis separated samples by geographical distribution relative to carrot's Central Asian center of origin (eastern or western) and cultivation status (wild, cultivated, open pollinated, or inbred) (Fig. 2a). Eastern wild accessions were most closely related to cultivated carrots, further demonstrating a primary center of carrot domestication in the Middle East and Central Asia<sup>3</sup>. Cluster analysis showed extensive allelic admixture (Fig. 2a), reflective of the outcrossing nature within carrot combined with extensive geographical overlap between wild and cultivated carrot lines<sup>4</sup>. This pattern was particularly evident in eastern wild and cultivated samples, likely caused by less intensive carrot breeding in eastern regions. Indeed, some eastern cultivated carrots still maintain primary taproot lateral branching and reduced pigmentation (Supplementary Fig. 11). In contrast, western cultivars clearly separated from wild and eastern cultivated carrots, and some inbred lines (I3 and I4) have a purified genetic pattern shared with western cultivated accessions, reflecting the intensive breeding practiced in western regions.

Nucleotide diversity ( $\pi$ )<sup>25</sup> estimates showed that wild carrots have a slightly higher level of genetic diversity than cultivated carrots (Supplementary Table 18), indicating the occurrence of a limited domestication bottleneck, consistent with previous findings<sup>3,26</sup>. When *D. carota* subspecies, which have morphological characteristics contributing to their sexual isolation relative to carrot<sup>27</sup>, were excluded from diversity estimates, this observation was more evident from comparative analysis (wild,  $\pi = 9.5 \times 10^{-4}$  versus cultivated,  $\pi = 8.6 \times 10^{-4}$ ). In contrast, a clear reduction in genetic diversity and heterozygosity was found in inbred lines (Fig. 2b and Supplementary Table 17), likely resulting from their use in hybrid carrot breeding programs<sup>28</sup>.

To identify genomic regions associated with domestication events, we computed pairwise population differentiation ( $F_{ST}$ ) levels for wild

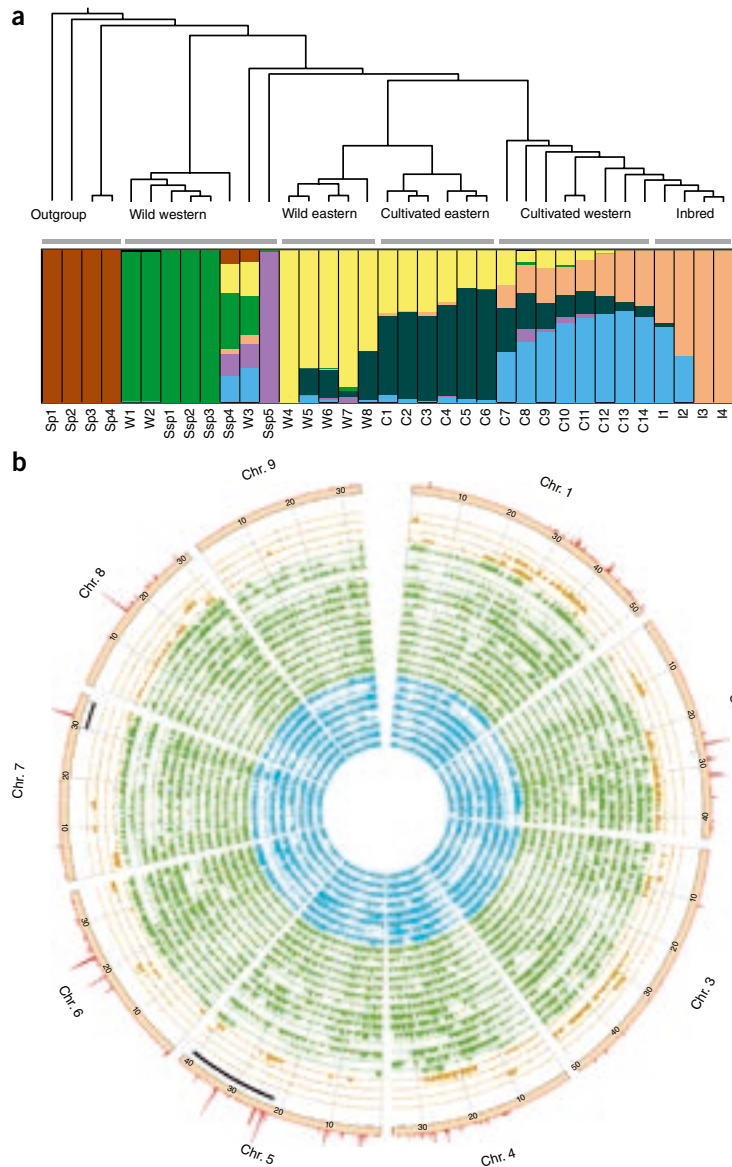
and cultivated eastern accessions<sup>29</sup>, as these samples resemble the genetic pool for primary carrot domestication. We identified local differentiation signals on chromosomes 2, 5, 6, 7, and 8. Peaks on chromosomes 5 and 7 overlap with previously mapped quantitative trait loci (QTLs) controlling carotenoid accumulation in tap root (Fig. 2b), a major domestication trait in carrot.

### Genome evolution

Comparative phylogenomic analysis among 13 plant genomes (Supplementary Table 19 and Supplementary Note) indicated that carrot diverged from grape ~113 million years ago, from kiwifruit ~101 million years ago, and from potato and tomato ~90.5 million years ago, confirming the previously estimated dating of the asterid crown group to the Early Cretaceous and its radiation in the Late–Early Cretaceous<sup>8</sup> (Fig. 3a and Supplementary Fig. 12). Further divergence between carrot and lettuce, both members of the euasterid II clade, likely occurred ~72 million years ago.

We identified two new whole-genome duplications (WGDs) specific to the carrot lineage, Dc- $\alpha$  and Dc- $\beta$ , superimposed on the earlier  $\gamma$  paleohexaploidy event shared by all eudicots (Fig. 3a,b). These WGDs likely occurred ~43 and ~70 million years ago, respectively (Fig. 3a). Estimating the timing of the Dc- $\beta$  WGD to around the Cretaceous–Paleogene (K–Pg) boundary further supports the hypothesis that a WGD burst occurred around that time, perhaps reflecting a selective polyploid advantage in comparison to diploid progenitors<sup>30</sup>. These results may also suggest a co-occurrence of the Dc- $\beta$  WGD with Apiales–Asterales divergence. To address this possibility, we compared the carrot genome with the genome of horseweed (*Conyza canadensis*) (Supplementary Note), an Asteraceae with a low-pass whole-genome assembly<sup>9</sup>. Pairwise paralog and ortholog gene divergence indicated

**Figure 2** Carrot genetic diversity. (a) Top, neighbor-joining phylogenetic tree of carrot and other *Daucus* accessions based on SNPs. Bottom, population structure of *Daucus* accessions. Each color represents a subpopulation, and each accession is represented by a vertical bar. The length of the colored segments in the vertical bars represents the proportion contributed by each subpopulation. (b) The 26 inner tracks depict the SNP frequency distributions for 100-kb non-overlapping windows in the 8 wild *D. carota* subsp. *carota* accessions (blue tracks), 14 open-pollinated cultivars and local land races (green tracks), and 4 inbred lines (orange tracks). The outermost track shows the positions of SNPs with the top 1% of  $F_{ST}$  values, estimated by comparing SNPs from wild and cultivated eastern accessions. The track below this shows the location of markers spanning the QTLs associated with the  $\gamma$  (chromosome 5) and  $Y_2$  (chromosome 7) loci<sup>40</sup>.



that a possible WGD occurred in the horseweed genome that does not overlap with the carrot Dc- $\beta$  event, as it occurred after divergence with carrot (Supplementary Fig. 13). This WGD is likely shared with lettuce and may represent a whole-genome triplication (WGT) recently described in lettuce that is basal to Asteraceae<sup>31</sup>.

Using methods previously described<sup>32,33</sup>, we reconstructed the carrot paleopolyploidy history. Carrot chromosomal blocks descending from the seven ancestral core eudicot chromosomes were highly fragmented and dispersed along the nine carrot chromosomes (Fig. 3c). The two lineage-specific WGDs were clearly evident from the distribution of the fourfold-degenerate transversion rates of carrot paleohexaploid paralogous genes, whereas genes from the shared eudicot  $\gamma$  WGT were largely lost, likely owing to extensive genome fractionation (Supplementary Fig. 14). Comparative analysis with the grape, tomato, coffee, and kiwifruit genomes identified a clear pattern of multipliers (1:5 or 1:6 ratio) (Fig. 3d). Depth analysis of duplicated blocks harboring paralogous genes under the Dc- $\alpha$  fourfold-degenerate transversion peak indicated over-retention of duplicated blocks. In contrast, duplicated blocks harboring paralogous genes under the Dc- $\beta$  peak retained a larger number of triplicated blocks (Fig. 3e). We suggest that at least 60 chromosome fusions or translocations and a lineage-specific WGT (Dc- $\beta$ ) followed by a WGD (Dc- $\alpha$ ) contributed to diversification of the 9 carrot chromosomes from the 21-chromosome intermediate ancestor.

Characterization of Dc- $\alpha$  and Dc- $\beta$  duplicated blocks demonstrated that extensive gene fractionation has occurred during the evolutionary history of the carrot genome (Supplementary Tables 20 and 21). Dc- $\alpha$  ohnologs are significantly enriched ( $P \leq 0.01$ ) in protein domains involved in selective molecule interactions (binding) and protein dimerization functions (Supplementary Table 22), supporting the gene dosage hypothesis<sup>34</sup>; this observation predicts that categories of genes encoding interacting products will likely be over-retained.

### Regulatory genes

Characterization of orthologous gene clusters across multiple genomes identified 26,320 carrot genes in 13,881 families, with 10,530 genes unique to carrot (Supplementary Fig. 15). Protein domains involved in regulatory functions (binding) and signaling pathways (protein kinases) were abundant among the genes unique to carrot (Supplementary Tables 23 and 24).

We identified 3,267 (10% of the total) regulatory genes in carrot, a number similar to that in tomato (3,209 regulatory genes) and rice (3,203 regulatory genes) (Supplementary Tables 25 and 26, and Supplementary Note). Overall, genomes that experienced WGDs after the  $\gamma$  paleohexaploidization event harbored more regulatory genes. In carrot, large-scale duplications represented the most common mode of



**Figure 3** Carrot genome evolution.

(a) Evolutionary relationships of the eudicot lineage (**Supplementary Fig. 12**). Circles indicate the ages of WGD (red) or WGT (blue) events. Age estimates for the *A. thaliana*, kiwifruit, lettuce, and Solanaceae WGD and WGT events and for the  $\gamma$  WGT event were obtained from the literature<sup>30,65,66</sup>. The polyploidization level of the kiwifruit WGDs (purple circles) awaits confirmation. Mya, million years ago.

(b) Age distribution of fourfold-degenerate sites for genes from the *D. carota*, *A. thaliana*, and *Solanum lycopersicum* genomes. The *x* axis shows fourfold-degenerate transversion rates; the *y* axis shows the percentage of gene pairs in syntenic or collinear blocks.

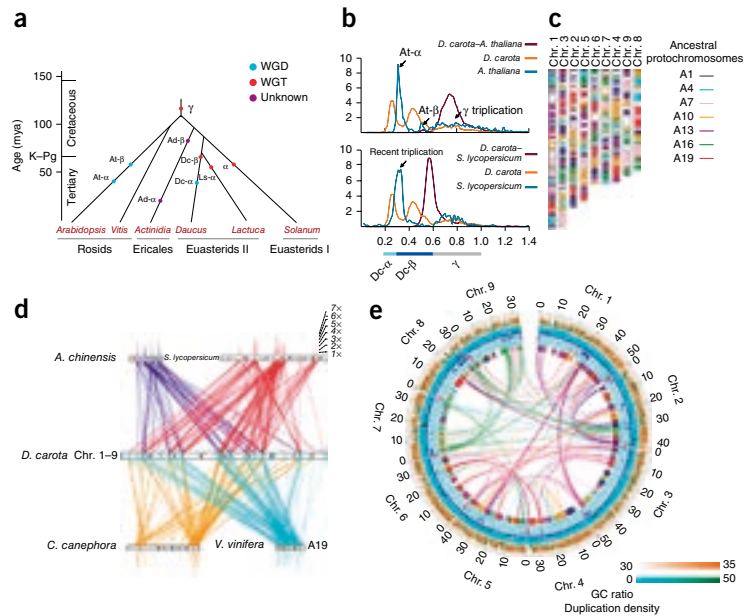
The  $\gamma$  peak represents the ancestral  $\gamma$  WGT shared by core eudicots; Dc- $\alpha$  and Dc- $\beta$  represent carrot-specific WGD and WGT events, respectively. (c) The distribution of remaining carrot duplicated blocks derived from the seven eudicot protochromosomes.

(d) Synteny of carrot protochromosome A19 with corresponding blocks on grape, coffee, tomato, and kiwifruit chromosomes. Vertical bars indicate the depth of primary correspondence to carrot protochromosome A19.

Of the 110 syntenic blocks identified in comparison of carrot and grape protochromosome A19, a substantial portion (43; 39.1%) correspond to 6 grape blocks.

A similar pattern was observed for the carrot–coffee, carrot–kiwifruit, and carrot–tomato comparisons, indicating that carrot has experienced either  $3 \times 2$  or  $2 \times 3$  WGD events. (e) Representation of carrot-specific genome duplications.

The tracks, from outermost to innermost, show GC content (%), density of tandem duplications (number per 0.5-Mb window), genes retained in the carrot Dc- $\alpha$  (cyan) and Dc- $\beta$  (blue) events, chromosomal blocks descending from the seven ancestral core eudicot protochromosomes (colored as in c), and duplicated segments derived from the Dc- $\alpha$  (dashed links; duplicates) and Dc- $\beta$  (solid links; triplicates) events.



regulatory gene expansion, with ~33% of these genes retained after the two carrot WGDs, demonstrating the evolutionary impact of large-scale duplications on plant regulatory network diversity<sup>34</sup> (**Supplementary Table 27**). Six regulatory gene families involved in lineage-specific duplications were expanded in carrot (**Supplementary Table 28**). The expanded families include a zinc-finger (ZF-GFR) regulatory gene family, the JmjC, TCP, and GeBP families, the B3 superfamily, and response regulators. The over-represented regulatory gene subgroups shared orthologous relationships with functionally characterized genes involved in cytokinin signaling, which can influence the circadian clock as well as plant morphology and architecture (**Supplementary Figs. 16–20**). For example, the expanded JmjC, response regulator, and B3-domain subgroups share ancestry with the *Arabidopsis thaliana* *REF6*, *PRR5*, *PRR6*, and *PRR7*; and *VRN1* genes, respectively, which regulate flowering time<sup>35–37</sup>, a major trait in plant adaptation and survival.

#### Pest and disease resistance genes

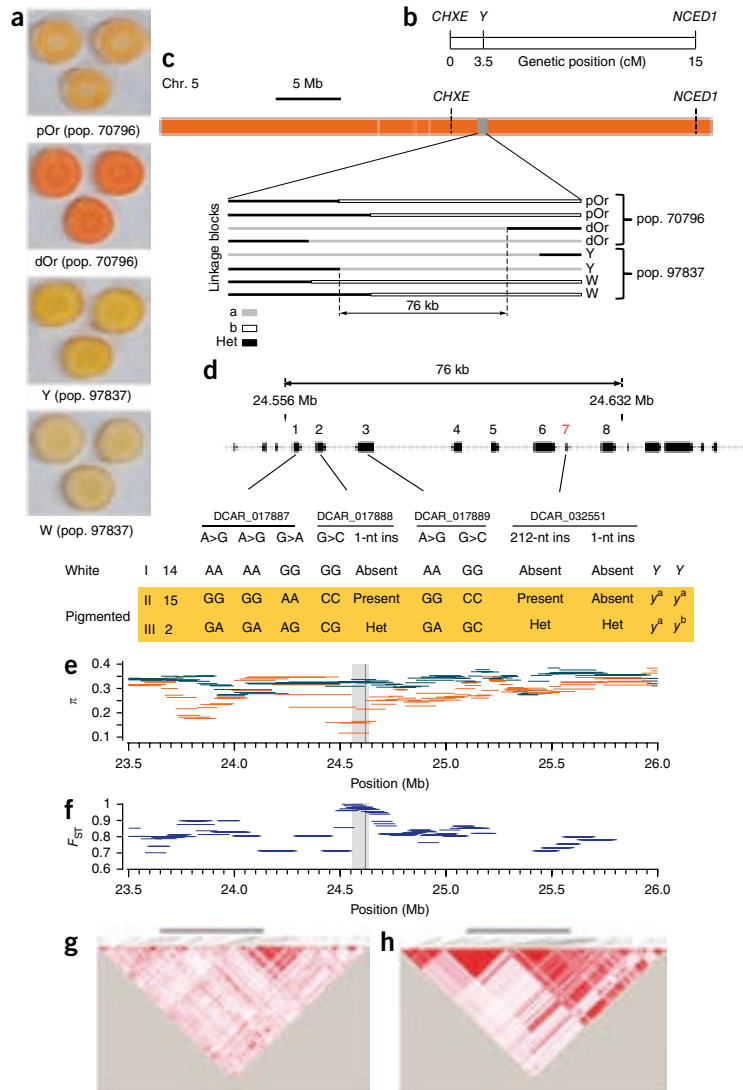
Using the MATRIX-R pipeline<sup>38</sup> with additional manual data curation, we predicted 634 putative pest and disease resistance (R) genes in carrot (**Supplementary Tables 29–34** and **Supplementary Note**). Most R gene classes were under-represented in carrot. The expanded orthologous subgroups included classes containing the NBS and LRR protein domains (NL) and coiled-coil NBS and LRR domains (CNL). Lineage-specific duplications contributed to the expansion and diversification of these R gene families in carrot and other genomes (**Supplementary Fig. 21** and **Supplementary Table 35**). Many R genes (206) were located in clusters, and these clusters tended to harbor genes from multiple R gene classes (**Supplementary Tables 36** and **37**). The expansion of the NL and CNL families might reflect evolutionary events generating tandem duplications, resulting in

preferential clustering on chromosomes 2 and 3–7, respectively (**Supplementary Fig. 22**). One cluster containing three RLK genes and one LRR gene, spanning only 50 kb, colocalized with the carrot *Mj-1* region, which controls resistance to *Meloidogyne javanica*, a major carrot pest<sup>39</sup> (**Supplementary Fig. 22**). This analysis demonstrates the important role of tandem duplications in the expansion of R genes in carrot. Additionally, R gene clusters may provide a reservoir of genetic diversity for evolving new plant–pathogen interactions.

#### A candidate gene controlling high carotenoid accumulation

Carotenoids were first discovered in carrot and named accordingly. The *Y* and *Y*<sub>2</sub> gene model explains the phenotypic differences between white and orange carrots<sup>40,41</sup>, with elevated carotenoid accumulation in homozygous-recessive genotypes (*yyy<sub>2</sub>y<sub>2</sub>*). In spite of the striking color variation attributed to these two genes, little is known about the molecular basis of carotenoid accumulation in carrot. Although homologs of all known carotenoid biosynthesis genes have been identified in carrot, none appear to be responsible for carotenoid accumulation<sup>42–46</sup>. Using two mapping populations, we demonstrated that *Y* regulates high carotenoid accumulation in both yellow and dark orange roots (**Fig. 4a**, **Supplementary Figs. 23** and **24**, **Supplementary Table 38**, and **Supplementary Note**), a result consistent with the previously proposed model<sup>41</sup>. Fine-mapping analysis identified a 75-kb region on chromosome 5 that harbors the *Y* gene (**Fig. 4b–e** and **Supplementary Fig. 25**). Of the eight genes predicted in this region, none had homology with known isoprenoid biosynthesis genes (**Supplementary Table 39**), implying that regulation of carotenoid accumulation in carrot roots by the *Y* locus extends beyond the isoprenoid biosynthesis genes. Within the 75-kb region, DCAR\_032551 was the only gene to have a mutation that

**Figure 4** Phenotypes, candidate genes, and transcriptome changes associated with carotenoid accumulation in carrot roots. **(a)** Phenotypes associated with the *Y* locus, including pale orange (pOr), dark orange (dOr), yellow (Y), and white (W) roots, from the indicated populations. **(b)** Previously published genetic map and location of the *Y* locus<sup>41</sup>. **(c)** Carrot chromosome 5 and the molecular markers used for fine-mapping of the 76-kb region in recombinant individuals are illustrated (**Supplementary Fig. 25**). Het, heterozygous. **(d)** The fine-mapped region controlling the *Y* locus. Numbers represent the eight genes predicted in this region. Gene 7, DCAR\_032551, was the only gene differentially expressed (upregulated) in RNA-seq analysis of yellow versus white and dark orange versus pale orange samples. Below are all the nonsynonymous SNPs (for example, G>A) and insertions (ins) identified in the four genes located in the 65-kb haplotype block associated with the *Y* locus in the resequencing samples (**Supplementary Table 40**). The number of accessions with each haplotype block classification (I–III; **Supplementary Table 17**) is given. The DCAR\_032551  $y^a$  variant harbors a 212-nt insertion in the second exon, and the  $y^b$  variant harbors a 1-nt insertion in the second exon. Het, heterozygous. **(e,f)** Nucleotide diversity ( $\pi$ ) estimated in wild (blue) and cultivated (orange) carrots (**e**) and the top 1% of  $F_{ST}$  values (blue) (**f**) in the 75-kb region (gray shading) of carrot chromosome 5. **(g,h)** Patterns of LD in wild (**g**) and cultivated (**h**) carrots. Red and white spots indicate regions of strong ( $r^2 = 1$ ) and weak ( $r^2 = 0$ ) LD, respectively. The gray bar indicates the position of the 75-kb fine-mapped region harboring the *Y* candidate gene.



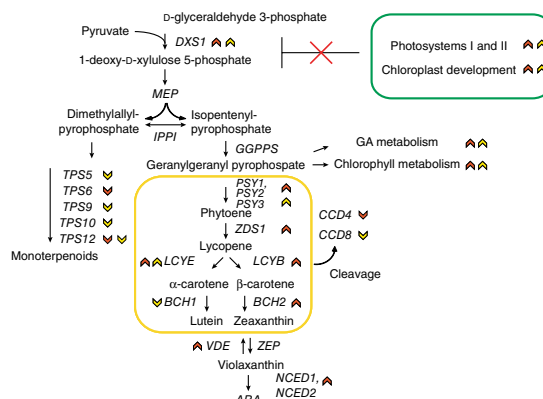
segregated with high carotenoid pigmentation. DCAR\_032551 harbors a 212-nt insertion in its second exon that creates a frameshift mutation in both yellow and dark orange carrots (**Supplementary Fig. 26** and **Supplementary Table 39**).

Using resequencing data, a haplotype block extending for 65 kb, with 64 kb overlapping the fine-mapped region, was associated with all but two highly pigmented root samples (C1 and I2) (**Supplementary Fig. 27**). In contrast, within the 65-kb region, seven haplotype blocks were detected in wild accessions. Polymorphism detection within the haplotype block identified eight nonsynonymous SNPs in four genes and two indels, including the 212-nt insertion in DCAR\_032551, in yellow and dark orange samples (**Fig. 4f** and **Supplementary Table 40**). No wild or cultivated white samples had the 212-nt insertion. The two highly pigmented ( $yy$ ) accessions, C1 and I2, that did not share the 65-kb haplotype block were heterozygous for the insertion. However, further analysis of DCAR\_032551 identified a 1-nt insertion in the second exon, 60 nt upstream of the 212-nt insertion site (**Fig. 4f** and **Supplementary Fig. 26**). The 1-nt insertion was in *trans* phase relative to the 212-nt insertion, indicating that these accessions harbor two frameshift mutations that likely disrupt functioning of the *Y* gene product. Thus, resequencing supports the central role of DCAR\_032551

in conditioning high pigment accumulation in carrot roots and identifies a second, independent mutation in this same gene, which we speculate should also be recessive to the wild-type allele.

To determine whether this region was ever under selection, we scanned for differences in nucleotide diversity, differentiation, and linkage disequilibrium (LD) between wild and cultivated accessions. An  $F_{ST}$  peak on chromosome 5, located between 24.4 and 25.0 Mb, overlapped the 75-kb fine-mapped region underlying DCAR\_032551 (**Figs. 2c** and **4g,h**). In this region, LD was increased in highly pigmented cultivated materials and nucleotide diversity was drastically reduced in cultivated carrots (wild,  $\pi = 3.1 \times 10^{-4}$  versus cultivated,  $\pi = 2.0 \times 10^{-4}$ ) (**Fig. 4g,h**). The 50-kb window encompassing the *Y* candidate gene had the highest level of differentiation ( $F_{ST} = 1.0$ ) and the lowest level of nucleotide diversity ( $\pi = 1.5 \times 10^{-4}$ ) among cultivated carrots. The selective sweep in the *Y* region is relatively short in comparison with those for other genes controlling carotenoid

**Figure 5** Working model of the regulation of carotenoid accumulation in carrot root. Upward- and downward-pointing arrows indicate upregulated and downregulated genes, respectively, in the yellow versus white (yellow arrows) and dark orange versus pale orange (orange arrows) comparisons. The orange box delimits the isoprenoid biosynthetic branch that leads to the carotenoid pathway. As shown in the green box, the majority of the upregulated genes in yellow and dark orange roots are involved in the photosynthetic pathway (Supplementary Table 45); genes that are included are involved in the assembly and function of photosystems I and II and plastid development. We hypothesize that loss of the constitutive repression mechanisms conditioned by genes involved in de-etiolation and photomorphogenesis in non-photosynthetic tissue, such as carrot roots, induces overexpression of *DXS1* and, consequently, activation of the metabolic cascade that leads to high levels of carotenoid accumulation in carrot roots.



accumulation, including the selective sweep for *yl* in maize, which extends 200 kb upstream and 600 kb downstream of the gene<sup>47</sup>. Rather, this scenario resembles the short sweep (60–90 kb) identified in maize around *teosinte branched1 (tb1)*, a major domestication-associated gene<sup>48</sup>. A short sweep may reflect the highly effective rates of recombination expected in an outcrossing species like carrot. Gene flow between wild and cultivated carrot followed by recurrent phenotypic selection that likely occurred throughout the history of carrot<sup>4</sup> may have had a role in increasing the recombination rate around the *Y* locus.

Selection signatures, including reduction in nucleotide diversity and a decrease in the number of haplotypes, associated with the *Y* gene region further support the inclusion of carotenoid accumulation as a major domestication trait—a trait that contributes substantial nutritional and economic value to modern carrots. Furthermore, the identification of a second haplotype block for pigmentation surrounding the *Y* candidate gene suggests that this gene has been selected multiple times. These results may elucidate the timing and origin of the pigmented taproot phenotype during carrot domestication.

#### A model for carotenoid accumulation in carrot roots

To investigate gene expression in the region of the *Y* candidate, comparative transcriptome analysis was performed for white versus yellow and pale orange versus dark orange roots (Supplementary Note). DCAR\_032551 was the only significantly differentially expressed (upregulated;  $P \leq 0.001$ ) gene in the *yy* (yellow and dark orange) relative to the *Y-* (white and pale orange) genotype (Supplementary Table 39), further supporting our mapping and resequencing results.

Weighted gene coexpression network analysis (WGCNA) indicated that DCAR\_032551 is coordinated with a set of 925 genes (Supplementary Table 41). Gene Ontology (GO) term enrichment analysis indicated that isoprenoid pathway genes were particularly enriched (Supplementary Table 42). Among cellular components, membrane terms and molecular function terms related to oxidative reactions and biological processes in response to acids and chemicals were highly enriched (Supplementary Table 43). Assuming a conserved function of *Y* in yellow and dark orange roots, we annotated genes that were differentially expressed (upregulated or downregulated) in white versus yellow and pale orange versus dark orange comparisons. This analysis identified a positive relationship between high carotenoid accumulation and overexpression of several light-induced genes, including those involved in photosynthetic system activation and function, plastid biogenesis, and chlorophyll metabolism (Supplementary Tables 44 and 45), an unexpected finding in non-photosynthetic root tissue. These findings tie into the WGCNA analysis as components of photomorphogenesis are located in the thylakoid membranes and involve many oxidative processes and chemical responses, including

hormonal regulation. Analysis of the 98 genes annotated in the plastid methylerythritol phosphate (MEP) and carotenoid pathways (Supplementary Table 46 and Supplementary Note) confirmed coordinated overexpression of several genes in these pathways and carotenoid accumulation in *yy* plants. Furthermore, an inverse relationship was observed between the majority of differentially expressed terpene synthase genes (Supplementary Table 47) and high carotenoid accumulation, consistent with substrate flux into the carotenoid pathway. *DXS1* and *LCYE* were the only genes in the MEP and carotenoid pathways that were differentially expressed in *yy* genotype samples with high carotenoid accumulation in both populations, suggesting that they possibly encode enzymes that regulate carotenoid accumulation. Although *LCYE* has not been reported to be a carotenoid regulatory gene target, its elevated expression may account for the relative abundance of lutein in yellow carrots and alpha-carotene in orange carrots. *DXS1* is a limiting factor in upregulation of the carotenoid pathway in *A. thaliana*<sup>49</sup>. *DXS1* expression is induced by light<sup>50,51</sup>, and it is the main DXS isoform catalyzing the biosynthesis of isoprenoid and carotenoid precursors in photosynthetic metabolism<sup>52,53</sup>. *DXS1* also regulates carotenoid accumulation in *A. thaliana* and tomato<sup>54,55</sup>. Overall, these results indicate that DCAR\_032551 is coexpressed with isoprenoid pathway genes and that overexpression of the light-induced/photosynthetic transcriptome cascades in orange and yellow carrot roots may explain elevated carotenoid accumulation.

The DCAR\_032551 gene product represents a plant-specific protein of unknown function, and mutants of the *A. thaliana* homolog PSEUDO-ETIOLATION IN LIGHT (PEL) have an etiolated phenotype, a phenotype associated with defective responses to light<sup>56</sup> (Supplementary Table 44). In many ways, the physiology and genetics of carotenoid accumulation in dark orange and yellow (*yy*) carrots are similar to the phenotypes of the *A. thaliana det*, *cop*, and *fus* de-etiolated mutants. These mutants lack the ability to inhibit the light-induced photosynthetic transcriptome cascade associated with de-etiolation and photomorphogenesis in non-photosynthetic tissues such as roots<sup>57</sup>. De-etiolated mutants grown in the dark have characteristics of light-grown seedlings, including carotenoid accumulation and overexpression of light-induced photosystem and plastid biogenesis genes<sup>58,59</sup>. In contrast, when exposed to light, these mutants demonstrate ectopic expression of genes involved in chloroplast formation<sup>58</sup>. Physiological studies have demonstrated that, unlike other species, carrots with carotenoid-rich roots have ectopic chloroplast accumulation when exposed to light<sup>44,60</sup> and that highly pigmented carrot roots have upregulation of photosystem-related genes in comparison with white roots<sup>27,61</sup>. These observations when coupled with the



transcriptome data presented here indicate that, similar to de-etiolated *A. thaliana* mutants, carrot roots with high levels of carotenoid accumulation may have lost the ability to inhibit the transcriptome cascade associated with de-etiolation and photomorphogenesis. The recessive nature of the *Y* gene in such roots is compatible with loss of the constitutive negative feedback function associated with the recessive *det*, *cop*, and *fus* mutants in *A. thaliana*. In addition, the *A. thaliana* homolog of the *Y* candidate produces a protein that interacts with genes such as *FAR1* and *COP9*, involved in the light signaling pathway (Supplementary Table 48). Our hypothesis is further supported by the WGCNA analysis indicating that DCAR\_032551 is coexpressed with *COP1* and *HY5* (Supplementary Table 41), genes both directly involved in the regulation of photomorphogenesis. Together, these findings make DCAR\_032551 a plausible regulatory candidate. Considering our results coupled with previous physiological studies<sup>44</sup>, we hypothesize that carotenoid accumulation in carrot taproot results from root de-etiolation, whereby the repression of photomorphogenic development typically found in etiolated roots is lifted. The resulting overexpression of *DXS1* provides precursors to the carotenoid biosynthetic pathway, which leads to an accumulation of carotenoids in orange and yellow (*yy*) carrot roots (Fig. 5).

## DISCUSSION

Vitamin A deficiency is a global health challenge<sup>62</sup>, making the development of sustainable vitamin A sources a priority for crop improvement. Its plentiful carotenoids make carrot an important source of provitamin A in the human diet<sup>6</sup>. Although carrot was a model organism to study plant development and totipotency in the 1950s<sup>63,64</sup>, the molecular basis of neither carrot growth nor phytochemical accumulation has been well described. The high-quality carrot genome sequence described here, in combination with mapping and comparative transcriptome analysis, demonstrates that carotenoid accumulation in carrot is controlled at the regulatory level and that root de-etiolation leading to overexpression of the photosynthetic transcriptome cascade may have an important role in this regulatory mechanism. These results provide the foundation for new genetic mechanisms regulating carotene accumulation in plants, with potential application to several crops.

This study included the first comparative genomic and phylogenomic analyses comprising members of the euasterid II clade and clarified the evolutionary events surrounding the radiation of the main asterid clades. The two new WGD events (Dc- $\alpha$  and Dc- $\beta$ ) identified provide a new tool to study genome polyploidization. The two WGDs specific to the carrot lineage and the new WGD identified in the horseweed genome, which is possibly shared with lettuce, prompt important evolutionary questions about the possible involvement of the latter WGD in the early radiation of the Asterales order. The carrot genome is the first chromosome-scale Apiaceae genome to be sequenced and will provide a foundation for future comparative genomic and evolutionary studies.

Resequencing diverse *Daucus* species emphasized a high level of variability in repetitive sequence structure and chromosomal location, demonstrated a high level of genetic diversity retained in cultivated carrots, and identified a genetic sweep associated with domestication. This information lays the groundwork for future studies on carrot domestication and chromosome evolution across the *Daucus* genus.

The high-quality carrot reference genome and large set of SNP markers will accelerate marker-facilitated trait mapping through genome-wide association studies and genomic selection. The carrot genome sequence will support crop improvement efforts and help identify additional candidate genes underlying isoprenoid and flavonoid

accumulation, biotic and abiotic stress resistance, and regulatory pathways controlling growth, flowering, seed production, and regeneration in tissue culture—all important traits for sustained agricultural production and improved human health.

**URLs.** Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) Statistics, <http://faostat3.fao.org/>; SOAPaligner, <http://soap.genomics.org.cn/soapaligner.html>; bb.tassel, <https://github.com/dsenalik/bb>; CheckMatrix, <http://www.atgc.org/XLinkage>; cp1 and cp2 scripts, <http://www.ars.usda.gov/pandp/Docs.htm?docid=25732>; RepeatMasker and RepeatModeler, <http://www.repeatmasker.org/>; Picard tools, <http://broadinstitute.github.io/picard/>; TargetP web-based predictor, <http://www.cbs.dtu.dk/services/TargetP/>; Arabidopsis database, <https://www.arabidopsis.org/Blast/index.jsp>. Information from this publication is available at <http://www.ars.usda.gov/pandp/Docs.htm?docid=25732>.

## METHODS

Methods and any associated references are available in the online version of the paper.

**Accession codes.** The genome assembly has been deposited at GenBank under accession LNRQ0000000 and at Phytozome. The version described in this paper is version LNRQ01000000. All raw reads have been deposited in the Sequence Read Archive (SRA) under umbrella project PRJNA285926, accessions SRP062070, SRP062113, and SRP062159. Further information is available through our website (see URLs).

*Note: Any Supplementary Information and Source Data files are available in the online version of the paper.*

## ACKNOWLEDGMENTS

The authors appreciate the financial support of the carrot industry and the following vegetable seed companies—Bejo, Carosem, Monsanto, Nunhems, Rijk Zwaan (RZ), Sumika, Takii, and Vilmorin—with additional thanks to RZ for providing DH1, BAC libraries, and BES. S.E. was supported by the National Science Foundation under grant 1202666. M. Iovene thanks the projects RGV-FAO (D.M.3824) for partial financial support and PONA3\_00025-BIOforIU for funding the acquisition of a fluorescence microscope. A.M.-P., E.M., E.G., and D.G. were supported by the Polish National Science Center, project 2012/05/B/NZ9/03401, and the statutory funds for science granted by the Polish Ministry of Science and Higher Education to the Faculty of Biotechnology and Horticulture, University of Agriculture in Krakow. The authors thank H. Ruess for assembly and annotation of the plastid genome and R. Kane for support in the development of plant materials.

## AUTHOR CONTRIBUTIONS

M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, H.A., A.V.D., and P. Simon conceived the project. M. Iorizzo, A.V.D., and P. Simon jointly supervised the research. M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, M. Iovene, W.S., E.G., D.G., S.C., D. Spooner, A.V.D., and P. Simon conceived and designed the experiments. M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, M. Iovene, P.Z., W.S., A.M.-P., and S.C. managed several components of the project. M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, M. Iovene, W.S., P.C., M.Y., E.G., D.G., and P. Simon performed material preparation and genetic mapping. M. Iorizzo, D. Senalik, P.Z., Z.Z., S.C., and J.H. performed sequencing and assembly. M. Iorizzo, D. Senalik, M. Iovene, A.M.-P., E.M., E.G., and D.G. performed evaluation and analysis of repetitive elements and *in situ* hybridization. M. Iorizzo, D. Senalik, P.Z., and S.C. performed evolution analysis. M. Iorizzo and W.S. performed the resistance gene analysis. M. Iorizzo and D. Senalik performed the transcription factor analysis and the isoprenoid and flavonoid biosynthetic pathway analysis. M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, M.B., and D. Spooner performed the resequencing analysis. M. Iorizzo, S.E., P. Satapoomin, and P. Simon performed the carotenoid accumulation analysis. M. Iorizzo, S.E., D. Senalik, P.Z., P. Satapoomin, M.B., M. Iovene, A.M.-P., E.G., D.G., D. Spooner, A.V.D., and P. Simon wrote the paper. M. Iorizzo and P. Simon organized the manuscript. A.V.D. and P. Simon coordinated the project.

## COMPETING FINANCIAL INTERESTS

The authors declare no competing financial interests.

Reprints and permissions information is available online at <http://www.nature.com/reprints/index.html>.



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International licence. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons licence, unless indicated otherwise in the credit line; if the material is not included under the Creative Commons licence, users will need to obtain permission from the licence holder to reproduce the material. To view a copy of this licence, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

- Simon, P.W. *et al.* in *Carrot. Handbook of Plant Breeding, Vegetables II* (eds. Prohens, J. & Nuez, F.) 327–357 (Springer, 2008).
- Zagorodskikh, P. New data on the origin and taxonomy of the cultivated carrot. *C.R. (Doklady) Acad. Sci. USSR* **25**, 522–525 (1939).
- Iorizzo, M. *et al.* Genetic structure and domestication of carrot (*Daucus carota* subsp. *sativus*) (Apiaceae). *Am. J. Bot.* **100**, 930–938 (2013).
- Simon, P.W. Domestication, historical development, and modern breeding of carrot. *Plant Breed. Rev.* **19**, 157–190 (2000).
- Arcsott, S.A. & Tanumiharjo, S.A. Carrots of many colors provide basic nutrition and bioavailable phytochemicals acting as a functional food. *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.* **9**, 223–239 (2010).
- Simon, P.W. Plant breeding for human nutritional quality. *Plant Breed. Rev.* **31**, 325–392 (2009).
- Rubatzky, V.E., Quiros, C.F. & Simon, P.W. *Carrots and Related Vegetable Umbelliferae* (CABI, 1999).
- Bremer, B. in *Asterids: The Timetree of Life* (eds. Hedges, S.B. & Kumar, S.) 177–178 (Oxford University Press, 2009).
- Peng, Y. *et al.* *De novo* genome assembly of the economically important weed horseweed using integrated data from multiple sequencing platforms. *Plant Physiol.* **166**, 1241–1254 (2014).
- Scaglione, D. *et al.* The genome sequence of the outbreeding globe artichoke constructed *de novo* incorporating a phase-aware low-pass sequencing strategy of F<sub>1</sub> progeny. *Sci. Rep.* **6**, 19427 (2016).
- Arumuganathan, K. & Earle, E.D. Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Mol. Biol. Rep.* **9**, 208–218 (1991).
- Potato Genome Sequencing Consortium. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature* **475**, 189–195 (2011).
- Kim, S. *et al.* Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nat. Genet.* **46**, 270–278 (2014).
- Iorizzo, M. *et al.* *De novo* assembly and characterization of the carrot transcriptome reveals novel genes, new markers, and genetic diversity. *BMC Genomics* **12**, 389 (2011).
- Parra, G., Bradnam, K. & Korff, I. CEGMA: a pipeline to accurately annotate core genes in eukaryotic genomes. *Bioinformatics* **23**, 1061–1067 (2007).
- Chain, P.S. *et al.* Genome project standards in a new era of sequencing. *Science* **326**, 236–237 (2009).
- International Rice Genome Sequencing Project. The map-based sequence of the rice genome. *Nature* **436**, 793–800 (2005).
- Grzebelus, D., Yau, Y.-Y. & Simon, P.W. *Master*: A novel family of PIF/Harbinger-like transposable elements identified in carrot (*Daucus carota* L.). *Mol. Genet. Genomics* **275**, 450–459 (2006).
- Macko-Podgorni, A., Nowicka, A., Grzebelus, E., Simon, P.W. & Grzebelus, D. *DcSto*: carrot *Stowaway*-like elements are abundant, diverse, and polymorphic. *Genetica* **141**, 255–267 (2013).
- Santiago, N., Herráiz, C., Gofí, J.R., Messegue, X. & Casacuberta, J.M. Genome-wide analysis of the *Emigrant* family of MITEs of *Arabidopsis thaliana*. *Mol. Biol. Evol.* **19**, 2285–2293 (2002).
- Miga, K.H. *et al.* Centromere reference models for human chromosomes X and Y satellite arrays. *Genome Res.* **24**, 697–707 (2014).
- Novák, P., Neumann, P., Pech, J., Steinhaisl, J. & Macas, J. RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads. *Bioinformatics* **29**, 792–793 (2013).
- Iovene, M. *et al.* Comparative FISH mapping of *Daucus* species (Apiaceae family). *Chromosome Res.* **19**, 493–506 (2011).
- Spalik, K. *et al.* Amphitropic amphiantarctic disjunctions in Apiaceae subfamily Apioideae. *J. Biogeogr.* **37**, 1977–1994 (2010).
- Nei, M. & Li, W.-H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **76**, 5269–5273 (1979).
- Rong, J. *et al.* New insights into domestication of carrot from root transcriptome analyses. *BMC Genomics* **15**, 895 (2014).
- Arbizu, C., Reitsma, K.R., Simon, P.W. & Spooner, D.M. Morphometrics of *Daucus* (Apiaceae): a counterpart to a phylogenomic study. *Am. J. Bot.* **101**, 2005–2016 (2014).
- Welch, J.E. & Grimbald, E.L. Jr. Male sterility in the carrot. *Science* **106**, 594 (1947).
- Weir, B.S. & Cockerham, C.C. Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* **38**, 1358 (1984).
- Vanneste, K., Baele, G., Maere, S. & Van de Peer, Y. Analysis of 41 plant genomes supports a wave of successful genome duplications in association with the Cretaceous–Paleogene boundary. *Genome Res.* **24**, 1334–1347 (2014).
- Truco, M.J. *et al.* An ultra-high-density, transcript-based, genetic map of lettuce. *G3* **3**, 617–631 (2013).
- Argout, X. *et al.* The genome of *Theobroma cacao*. *Nat. Genet.* **43**, 101–108 (2011).
- Salse, J. *et al.* Reconstruction of monocotyledonous proto-chromosomes reveals faster evolution in plants than in animals. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **106**, 14908–14913 (2009).
- Lang, D. *et al.* Genome-wide phylogenetic comparative analysis of plant transcriptional regulation: a timeline of loss, gain, expansion, and correlation with complexity. *Genome Biol. Evol.* **2**, 488–503 (2010).
- Noh, B. *et al.* Divergent roles of a pair of homologous jumonji/zinc-finger-class transcription factor proteins in the regulation of *Arabidopsis* flowering time. *Plant Cell* **16**, 2601–2613 (2004).
- Nakamichi, N. *et al.* *Arabidopsis* clock-associated pseudo-response regulators PRR9, PRR7 and PRR5 coordinately and positively regulate flowering time through the canonical CONSTANS-dependent photoperiodic pathway. *Plant Cell Physiol.* **48**, 822–832 (2007).
- Levy, Y.Y., Mesnage, S., Mylne, J.S., Gendall, A.R. & Dean, C. Multiple roles of *Arabidopsis VRN1* in vernalization and flowering time control. *Science* **297**, 243–246 (2002).
- Sanseverino, W. *et al.* PRGdb 2.0: towards a community-based database model for the analysis of R-genes in plants. *Nucleic Acids Res.* **41**, D1167–D1171 (2013).
- Simon, P.W., Matthews, W.C. & Roberts, P.A. Evidence for simply inherited dominant resistance to *Meloidogyne javanica* in carrot. *Theor. Appl. Genet.* **100**, 735–742 (2000).
- Buishand, J.G. & Gabelman, W.H. Investigations on the inheritance of color and carotenoid content in phloem and xylem of carrot roots (*Daucus carota* L.). *Euphytica* **28**, 611–632 (1979).
- Just, B.J., Santos, C.A., Yandell, B.S. & Simon, P.W. Major QTL for carrot color are positionally associated with carotenoid biosynthetic genes and interact epistatically in a domesticated × wild carrot cross. *Theor. Appl. Genet.* **119**, 1155–1169 (2009).
- Just, B.J. *et al.* Carotenoid biosynthesis structural genes in carrot (*Daucus carota*): isolation, sequence-characterization, single nucleotide polymorphism (SNP) markers and genome mapping. *Theor. Appl. Genet.* **114**, 693–704 (2007).
- Cloutault, J. *et al.* Expression of carotenoid biosynthesis genes during carrot root development. *J. Exp. Bot.* **59**, 3563–3573 (2008).
- Fuentes, P. *et al.* Light-dependent changes in plastid differentiation influence carotenoid gene expression and accumulation in carrot roots. *Plant Mol. Biol.* **79**, 47–59 (2012).
- Bowman, M.J., Willis, D.K. & Simon, P.W. Transcript abundance of phytoene synthase 1 and phytoene synthase 2 is associated with natural variation of storage root carotenoid pigmentation in carrot. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* **139**, 63–68 (2014).
- Wang, H., Ou, C.-G., Zhuang, F.-Y. & Ma, Z.-G. The dual role of phytoene synthase genes in carotenogenesis in carrot roots and leaves. *Mol. Breed.* **34**, 2065–2079 (2014).
- Palaisa, K., Morgante, M., Tingey, S. & Rafalski, A. Long-range patterns of diversity and linkage disequilibrium surrounding the maize *Y1* gene are indicative of an asymmetric selective sweep. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 9885–9890 (2004).
- Wang, R.-L., Stec, A., Hey, J., Lukens, L. & Doebley, J. The limits of selection during maize domestication. *Nature* **398**, 236–239 (1999).
- Ruiz-Sola, M.A. & Rodríguez-Concepción, M. Carotenoid biosynthesis in *Arabidopsis*: a colorful pathway. *Arabidopsis Book* **10**, e0158 (2012).
- Cordoba, E. *et al.* Functional characterization of the three genes encoding 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase in maize. *J. Exp. Bot.* **62**, 2023–2038 (2011).
- Kim, B.R., Kim, S.U. & Chang, Y.J. Differential expression of three 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase genes in rice. *Biotechnol. Lett.* **27**, 997–1001 (2005).
- Saladié, M., Wright, L.P., García-Mas, J., Rodríguez-Concepción, M. & Phillips, M.A. The 2-C-methylerythritol 4-phosphate pathway in melon is regulated by specialized isoforms for the first and last steps. *J. Exp. Bot.* **65**, 5077–5092 (2014).
- Walter, M.H., Hans, J. & Strack, D. Two distantly related genes encoding 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthases: differential regulation in shoots and apocarotenoid-accumulating mycorrhizal roots. *Plant J.* **31**, 243–254 (2002).
- Estévez, J.M., Cantero, A., Reindl, A., Reichler, S. & León, P. 1-Deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase, a limiting enzyme for plastidic isoprenoid biosynthesis in plants. *J. Biol. Chem.* **276**, 22901–22909 (2001).
- Lois, L.M., Rodríguez-Concepción, M., Gallego, F., Campos, N. & Boronat, A. Carotenoid biosynthesis during tomato fruit development: regulatory role of 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase. *Plant J.* **22**, 503–513 (2000).
- Ichikawa, T. *et al.* The FOX hunting system: an alternative gain-of-function gene hunting technique. *Plant J.* **48**, 974–985 (2006).

## ARTICLES

57. Huang, X., Ouyang, X. & Deng, X.W. Beyond repression of photomorphogenesis: role switching of COP/DET/FUS in light signaling. *Curr. Opin. Plant Biol.* **21**, 96–103 (2014).
58. Wei, N. & Deng, X.-W. The role of the *COP/DET/FUS* genes in light control of *Arabidopsis* seedling development. *Plant Physiol.* **112**, 871–878 (1996).
59. Lau, O.S. & Deng, X.W. The photomorphogenic repressors COP1 and DET1: 20 years later. *Trends Plant Sci.* **17**, 584–593 (2012).
60. Rodriguez-Concepcion, M. & Stange, C. Biosynthesis of carotenoids in carrot: an underground story comes to light. *Arch. Biochem. Biophys.* **539**, 110–116 (2013).
61. Bowman, M.J. *Gene Expression and Genetic Analysis of Carotenoid Pigment Accumulation in Carrot (Daucus carota L.)*. PhD thesis, Univ. Wisconsin–Madison, (2012).
62. Sherwin, J.C., Reacher, M.H., Dean, W.H. & Ngondi, J. Epidemiology of vitamin A deficiency and xerophthalmia in at-risk populations. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* **106**, 205–214 (2012).
63. Steward, F.C. Growth and organized development of cultured cells. III. Interpretation of the growth from free cell to carrot plant. *Am. J. Bot.* **45**, 709–713 (1958).
64. Vogel, G. How does a single somatic cell become a whole plant? *Science* **309**, 86 (2005).
65. Huang, S. *et al.* Draft genome of the kiwifruit *Actinidia chinensis*. *Nat. Commun.* **4**, 2640 (2013).
66. Jiao, Y. *et al.* A genome triplication associated with early diversification of the core eudicots. *Genome Biol.* **13**, R3 (2012).



## ONLINE METHODS

**Plant materials and sequencing.** Genome assembly used doubled-haploid NCBI BioSample SAMN03216637. Sequences included 3 paired-end Illumina libraries, 5 mate-paired Illumina libraries, and 40,693 BAC end sequences (Supplementary Tables 49 and 50). The abundance of 17-nt *k*-mers from 170- and 800-nt libraries (Supplementary Fig. 28) was used to estimate the genome size ( $k\_num/peak\ depth$ ) (Supplementary Note).

**De novo assembly.** Genome assembly used SOAPdenovo version 2.04 (ref. 67). Gaps were filled using GapCloser. This generated assembly v1.0 (Supplementary Table 51).

To guide the construction of superscaffolds and anchor the genome, an integrated linkage map was developed using JoinMap 4.0 (ref. 68). CheckMatrix (see URLs) was used to remove markers with inconsistent placement. The collinearity of common markers was inspected using MapChart 2.2 (ref. 69), and inconsistent markers were removed before merging maps. Markers in common were used as anchor points (Supplementary Tables 52 and 53). Marker order correlations between composite and component map linkage groups were calculated in SAS 9.2 using the PROC CORR Spearman function (Supplementary Table 54). Linkage groups were assigned to chromosomes, oriented, and numbered using published classification<sup>23</sup>.

To build superscaffolds and to identify chimeric scaffolds and correct them, 29,875 paired-end BACs, 20-kb and 40-kb Illumina mate-paired sequences, and 2,075 marker sequences mapped in the carrot integrated linkage map were aligned to the v1.0 assembly. For each scaffold or contig, unambiguously aligned sequences were visualized in GBrowse. Superscaffolding was initiated with scaffolds containing sequences of mapped markers. Scaffold connections supported by at least two paired-end BACs were annotated, and sequences were further connected using a custom Perl script (cp1; see URLs). The quality of each scaffold assembly and contiguity were verified by visually inspecting the coverage of large-insert libraries (20 and 40 kb) and the consistency of marker order along the linkage map.

Possible chimeric scaffolds (Supplementary Fig. 2) were identified as those containing sequences of markers mapped to different linkage groups or to distal locations of the same linkage group or those containing regions not covered by mate-paired sequences. Within each chimeric scaffold, the chimeric regions were identified as those regions not covered by mate-paired or paired-end BAC sequences and were then manually inspected. The midpoint between the closest unambiguously aligned paired-end sequences flanking the chimeric region was defined as the misassembly point. Corrected scaffolds were then used to progressively construct superscaffolds as described above. This process generated assembly v2.0 and nine carrot pseudomolecules (Supplementary Figs. 29 and 30, and Supplementary Table 55).

See the Supplementary Note for additional details.

**De novo assembly of the plastid and mitochondrial genomes** is described in the Supplementary Note.

**Genome quality evaluation.** The presence of possible sequence contamination was evaluated using DeconSeq<sup>70</sup> with scaffolds from the v2.0 assembly.

To evaluate the correctness of the assembled sequences, we used (i) an 8-kb 454 library of DH1 (SRA accession SRX1135252) and (ii) 4,717 paired-end BACs that were not used to join scaffolds into superscaffolds during assembly. Paired-end reads that aligned with both ends to a unique location in the carrot plastid genome or the v2.0 assembly were used to calculate the mean insert size.

A new linkage map including GBS SNP markers was developed to verify the order of the scaffolds and superscaffolds. GBS libraries were prepared as described by Elshire *et al.*<sup>71</sup>, with minimal modification. TASSEL version 4.3.11 (ref. 72) was used for analysis, with paired-end data preprocessed for TASSEL compatibility using a custom Perl script, bb.tassel (see URLs). SNPs were called using documented GBS pipeline procedures<sup>73</sup>. Sequences containing SNPs unambiguously aligned to the carrot genome assembly were kept (18,007 SNPs). SNPs scored as heterozygous but with an allele ratio *a:b* far from 1:1 were eliminated if the ratio was  $<0.3$  or  $>3.0$ , where *a* and *b* were the two alleles for a given SNP. Mapping was carried out as described<sup>74</sup> (Supplementary Fig. 31 and Supplementary Note).

FISH experiments were carried out to evaluate consistency and coverage of the carrot genome assembly in telomeric regions. Anther preparation and the FISH procedure were carried out according to published protocols<sup>75,76</sup> using five types of probes: (i) BAC probes specific for subtelomeric regions on the short (1S, 2S, 4S, 5S, 6S, 8S, 9S) and long (1L, 2L, 4L, 5L, 6L, 8L, 9L) arms of each chromosome, (ii) carrot chromosome-specific BAC probes<sup>23</sup>, (iii) telomeric probe (Telo), (iv) a probe corresponding to the CL80 repetitive sequence, and (v) plasmid K11 containing the putative carrot centromere repeat (Cent-Dc)<sup>23</sup> (Supplementary Table 56).

Gene space coverage was evaluated using carrot ESTs<sup>14</sup>, RNA-seq data from 20 different DH1 tissues (NCBI BioSamples SAMN03965304–SAMN03965323), and 258 ultraconserved genes from the Core Eukaryotic Genes data set. Previously published carrot ESTs<sup>14</sup> were aligned to the genome using BLASTN<sup>77</sup>; RNA-seq data from 20 different DH1 tissues (NCBI BioProject PRJNA291977) were assembled with Trinity r2013\_08\_14 and mapped to the assembly using TopHat v2.0.11 (ref. 78). Scaffolds from the carrot assembly were aligned to the Core Eukaryotic Genes data set<sup>15</sup> using CEGMA v2.4.

See the Supplementary Note for additional details.

**Repetitive sequences, gene prediction, and genome annotation.** RepeatMasker v3.2.9 (see URLs) was applied to screen the genome assembly for low-complexity DNA sequences and interspersed repeated elements using a custom library. *Ab initio* prediction with RepeatModeler version 1.1.0.4 (see URLs) generated a *de novo* repeat library from the assembled genome. RepeatMasker and LTR\_FINDER version 1.1.0.5 (ref. 79) were then used to identify and classify repeat elements in the genome (Supplementary Fig. 32 and Supplementary Table 9).

MITEs belonging to the *Tourist*-like *Krak*<sup>18</sup> and *Stowaway*-like *DeSto*<sup>19</sup> families were identified using TIRfinder<sup>80</sup>, including the carrot, kiwifruit, pepper, tomato, and potato genomes. MITE copies were grouped into families fulfilling the 80–80–80 criterion<sup>81</sup> (Supplementary Fig. 33 and Supplementary Tables 57–59). Consensus sequences were used to investigate intra- and inter-specific relationships among families with Circoletto<sup>82,83</sup> (Supplementary Fig. 34). *Stowaway*-like elements carrying insertions  $>10$  nt in length were removed from subsequent steps. Within-family similarity was calculated from a Kimura two-parameter pairwise distance matrix. The evolutionary history of related *DeSto* elements was investigated using MEGA6 (ref. 84).

Tandem repetitive sequences were analyzed with RepeatExplorer<sup>22</sup> and SegGrapher<sup>85</sup> using a subset of  $1 \times 10^7$  Illumina reads from DH1 and five resequenced genotypes representative of *Daucus* clades I and II. To select tandem repetitive sequences, the node/edge ratio (number of nodes/number of edges) among aligned sequences in each cluster was calculated. Clusters with a ratio  $>0.09$ , representing more than 0.05% of the genome, were selected for further analysis. Tandem repeats were identified using Tandem Repeats Finder v4.07b<sup>86</sup> (Supplementary Tables 60 and 61).

The abundance and localization of selected repetitive sequences in DH1 and other *Daucus* species were also investigated by FISH (Supplementary Note).

For gene model prediction, mobile element-related repeats were masked using RepeatMasker (see URLs). *De novo* prediction using AUGUSTUS v2.5.5 (ref. 87), GENSCAN v1.1.0 (ref. 88), and GlimmerHMM-3.0.1 (ref. 89) was trained using model species *A. thaliana* and *S. lycopersum* training sets. The protein sequences of *S. lycopersum*, *Solanum tuberosum*, *A. thaliana*, *Brassica rapa*, and *Oryza sativa* were mapped to the carrot genome using TBLASTN<sup>77</sup> (BLAST All 2.2.23) and analyzed with GeneWise version 2.2.0 (ref. 90). Carrot ESTs<sup>14</sup> were aligned to the genome using BLAT<sup>91</sup> and analyzed with PASA<sup>92</sup> to detect spliced gene models. RNA-seq reads from 20 DH1 libraries were aligned with TopHat 2.0.9 (ref. 78). Transcripts were predicted by Cufflinks<sup>93</sup>. All gene models produced by *de novo* prediction, protein homology searches, and prediction and transcript-based evidence were integrated using GLEAN v1.1 (ref. 94).

Putative gene functions were assigned using the best BLASTP<sup>77</sup> match to SwissProt and TrEMBL databases. Gene motifs and domains were determined with InterProScan version 4.7 (ref. 95) against the ProDom, PRINTS, Pfam, SMART, PANTHER, and PROSITE protein databases. GO IDs for each gene were obtained from the corresponding InterPro entries. All genes were aligned against KEGG (release 58) proteins.

miRNAs and sRNAs in the assembled genome were detected using INFERNAL<sup>96</sup> against the Rfam database (release 9.1). tRNA loci were detected using tRNAscan-SE v1.1.23 (ref. 97). rRNA was detected by homologous BLASTN<sup>77</sup> searches using the closest available species with complete sequences, *Panax ginseng*, *P. quinquefolius*, and *Thapsia garganica* (accessions KM036295.1, KM036296.1, KM036297.1, and AJ007917.1).

See the **Supplementary Note** for additional details.

**Resequencing.** Resequencing data under NCBI BioProject PRJNA291976 (BioSamples SAMN03766317–SAMN03766351) include 18 cultivated accessions, 13 wild accessions, and 4 other *Daucus* species (**Supplementary Table 16**).

DNA from single plants was extracted as described by Murray and Thompson<sup>98</sup>. Paired-end libraries with insert sizes of 250–350 nt were sequenced using Illumina technology at BGI.

Reads were mapped with BWA-MEM version 0.7.10 (ref. 99). Alignments were filtered using SAMtools version 0.1.19 (ref. 100). Duplicate reads were marked using MarkDuplicates from Picard tools version 1.119 (see URLs). GATK version 3.3-0 (ref. 101) was used to identify SNPs for each genotype.

The accuracy of SNP calls was evaluated with 3,202 previously characterized SNPs<sup>3</sup>. A random subset of 49,365 biallelic SNPs was analyzed with STRUCTURE v2.3.4 (ref. 102), and the most accurate population structure was determined by the method discussed in Evanno *et al.*<sup>103</sup>.

Phylogenetic analysis used PHYLIP v3.5 (ref. 104) with this same subset. Seqboot was used for bootstrapping with 1,000 replicates, and genetic distances were calculated using genDist. A neighbor-joining tree was created using the neighbor function, and a consensus tree was generated using consense.

See the **Supplementary Note** for additional details.

**Genome evolution.** Gene clusters with 13 other species were identified using OrthoMCL v2.0.2 (ref. 105) (**Supplementary Tables 19 and 62**).

Peptide sequence from 312 single-copy orthologous gene clusters was used to construct phylogenetic relationships and estimate divergence time. Alignments from MUSCLE<sup>106</sup> were converted to coding sequences. Fourfold-degenerate sites were concatenated and used to estimate the neutral substitution rate per year and divergence time. PhyML<sup>107</sup> was used to construct the phylogenetic tree.

The Bayesian Relaxed Molecular Clock (BRMC) approach was used to estimate the species divergence time using the program MCMCTREE v4.0, which is part of the PAML package<sup>108</sup>. The 'correlated molecular clock' and 'JC69' models were used. Published times for sorghum–rice (<55 million years ago, >35 million years ago)<sup>109–111</sup>, tomato–potato (<4 million years ago, >2 million years ago)<sup>112</sup>, and grape–rice (<130 million years ago, >240 million years ago)<sup>113</sup> divergence were used to calibrate divergence time.

Chromosome collinearity within carrot and between carrot and tomato, grape, and kiwifruit was evaluated with MCScan<sup>114</sup> (**Supplementary Table 63**). The synonymous mutation rate ( $k_s$ ) and fourfold-degenerate transversion rate were calculated using the HKY model<sup>115</sup>.

The paleopolyploid history was determined as described by Salse<sup>33</sup> (**Fig. 3c** and **Supplementary Figs. 35 and 36**). Grape–carrot syntenic blocks descending from the seven ancestral chromosomes were detected in carrot as compared with grape, kiwifruit, tomato, and coffee (**Supplementary Fig. 37**).

Divergence and WGD time points in the carrot and tomato genomes were estimated using a method described by Vanneste *et al.*<sup>30</sup> (**Supplementary Table 64**).

The comparative analysis with the horseweed genome<sup>9</sup> used the same gene prediction pipeline described earlier. In total 38,199 genes were predicted and clustered using OrthoMCL to find single-copy gene families across 14 species. A maximum-likelihood tree was reconstructed on the basis of the fourfold-degenerate sites from the 963 single-copy gene families. Reciprocal best BLASTN<sup>69</sup> hits within horseweed or between horseweed and other species were used to calculate the paralog/ortholog gene divergence (**Supplementary Fig. 13**).

We collected all syntenic blocks containing genes associated with the Dc- $\alpha$ , Dc- $\beta$ , and Dc- $\gamma$  WGD events (**Supplementary Table 65**). FUNC<sup>116</sup> was used to carry out a hypergeometric test to identify GO categories with over-representation or under-representation of Dc- $\alpha$  WGD retained and tandem duplicated genes.

See the **Supplementary Note** for additional details.

**Regulatory and resistance genes: gene family analysis.** We used PlantTFcat<sup>117</sup> to annotate possible candidate transcription factors, transcription regulators, and chromatin regulators, collectively referred to as regulatory genes. Eleven genomes, including *D. carota*, *S. lycopersicum*, *S. tuberosum*, *Coffea canephora*, *Actinidia chinensis*, *A. thaliana*, *B. rapa*, *Vitis vinifera*, *Prunus persica*, *Carica papaya*, and *O. sativa*, were screened and filtered for InterPro domains specific for each regulatory gene family.

Predicted regulatory gene classes were grouped with OrthoMCL as described. We then carried out a detailed analysis of expanded carrot regulatory gene families (**Supplementary Fig. 38** and **Supplementary Tables 66–79**). See the **Supplementary Note** for the classification of duplication modes of each regulatory gene. For phylogenetic analysis, multiple-sequence alignments with complete protein sequence were conducted using Clustal W<sup>118</sup> with default parameters. Phylogenetic trees were constructed using the neighbor-joining method, with pairwise deletion, using MEGA6 (ref. 84).

MATRIX-R<sup>38</sup> was used to annotate and classify R genes from nine species, including *D. carota*, *S. lycopersicum*, *S. tuberosum*, *C. canephora*, *Capsicum annuum*, *A. chinensis*, *A. thaliana*, *V. vinifera*, and *O. sativa*. Proteins identified via hidden Markov model (HMM) profiling were further analyzed using InterProScan version 5.0 (ref. 119) for conserved domains and motifs characteristic of R proteins (NBS, LRR, TIR, kinase, serine/threonine).

See the **Supplementary Note** for additional details.

**A candidate gene controlling carotenoid accumulation.** Mapping populations, 97837 ( $n = 253$ ) and 70796 ( $n = 285$ ), were used to study the Y locus that regulates carotenoid accumulation in carrot root, where 97837 was derived from an intercross between yellow- and white-rooted cultivars and 70796 was derived from a cross between a dark orange inbred carrot and a wild white-rooted carrot (**Supplementary Figs. 39–41**). Carotenoids were quantified as described by Simon and Wolff<sup>120</sup> and Simon *et al.*<sup>121</sup>.

Analysis of marker–trait associations was carried out with molecular markers considered as fixed effects in a linear model implemented in the GLM function of TASSEL<sup>72</sup>. The primers used for fine-mapping are reported in **Supplementary Table 80**. Genome assembly v2.0 was used as a reference to identify marker locations (**Supplementary Tables 81 and 82**). The genome-wide significance threshold was determined by the Bonferroni method<sup>122</sup>. QTL analysis for population 70796 used R package qtl<sup>123</sup> (**Supplementary Table 83**).

Resequencing of polymorphisms and phenotypes were used to identify the haplotype block associated with pigmented versus non-pigmented roots. SNPs covering the region associated with high carotenoid accumulation were loaded into TASSEL<sup>72</sup> and manually inspected to identify the start and end of the haplotype block. Sequence from the haplotype block and its flanking sequences were used for haplotype network analysis with PopArt v1.7 (ref. 124).

Haploview v4.2 (ref. 125) was used to calculate and visualize LD in the candidate region.  $F_{ST}$  analysis of 1,393,431 original filtered SNPs was conducted pairwise between each of the 35 resequenced genotypes using VCFTools<sup>126</sup> with default parameters. The top 1% of  $F_{ST}$  values were determined and visualized by a custom Perl script (cp2; see URLs). Nucleotide diversity ( $\pi$ ) was estimated in TASSEL<sup>72</sup> as described by Nei and Lin<sup>25</sup>.

See the **Supplementary Note** for additional details.

**Gene expression analysis.** Root tissue was collected from population 97837 plants with yellow ( $yyY_2Y_2$ ) and white ( $YYY_2Y_2$ ) genotypes, with two biological replicates per genotype, 80 d after planting. Root tissue was collected from population 70796 plants with dark orange ( $yyy_2y_2$ ) and pale orange ( $YYy_2y_2$ ) genotypes, with three biological replicates, 100 d after planting. Total RNA was extracted from whole-root tissue using the TRIzol Plus RNA Purification kit. RNA quantity and integrity were confirmed with an Experion RNA StdSens Analysis kit. All samples had RQI values above 8.0. Paired-end libraries (insert size of 133 nt) were sequenced on Illumina HiSeq 2000 lanes ( $2 \times 100$ -nt reads).

Filtered reads were aligned to the v2.0 genome assembly using TopHat v2.0.12 (ref. 78). The aligned read files were processed by Cufflinks v2.2.1 (ref. 93). Testing for differential expression was done at the level of genes, isoforms, and promoters. PCR was carried out to verify the 212-nt indel in the Y candidate gene (DCAR\_032551) (**Supplementary Fig. 42**).

Expression values were  $\log_2$  transformed, and the WGCNA package<sup>127</sup> in R with signed correlations was used to determine gene coexpression modules with a soft threshold value  $\beta$  of 10 and a treecut value of 0.6. Functional annotation of genes within this module was determined by BLASTP search of protein sequences within this module against the *A. thaliana* TAIR10 (ref. 128) predictions, and GO enrichment analysis based on BLASTP best hits to TAIR10 was performed using AgriGO<sup>129</sup> and PANTHER<sup>130</sup>.

Genes that were simultaneously upregulated or downregulated in both yellow and dark orange samples, relative to the white and pale orange samples, were manually annotated. GO annotations and subcellular localization are also reported.

See the **Supplementary Note** for additional details.

**Identification of flavonoid and isoprenoid pathway genes.** The peptide sequences for carrot predicted genes were aligned against annotated flavonoid and isoprenoid pathway genes in the KEGG database (**Supplementary Tables 46, 84, and 85**). BLASTP<sup>69</sup> was carried out using default parameters. Sequences with <50% identity, <50 residues were excluded. Peptide sequences from genomes having orthologous relationships with retained carrot genes were extracted from the genome evolution analysis. Genes annotated from the *A. thaliana* and tomato genomes were manually verified. Multiple-sequence alignments were generated with Clustal W<sup>118</sup>. Phylogenetic analyses were carried out using MEGA6 (ref. 84) (**Supplementary Figs. 43 and 44**). Carrot peptide sequences annotated as InterProScan IDs IPR001906 and IPR005630 and containing the N-terminal domains PF011397 and PF03936 (**Supplementary Table 47**) along with known terpene synthases (TPSs) from seven other species were used for analysis with MEGA. The amino acid substitution models tested were WAG, mtREV, Dayhoff, JTT, VT, Blossum62, and CpREV. The tree with the highest AICc value was obtained with the JTT+F model with estimation of the gamma distribution. The phylogenetic tree was then rooted at the split between the type I (TPS-c, TPS-e, TPS-f, and TPS-h) and type III (TPS-a, TPS-b, and TPS-g) subfamilies (**Supplementary Fig. 45**).

See the **Supplementary Note** for additional details.

67. Luo, R. *et al.* SOAPdenovo2: an empirically improved memory-efficient short-read *de novo* assembler. *Gigascience* **1**, 18 (2012).
68. Van Ooijen, J.W. *JoinMap 4: Software for the Calculation of Genetic Linkage Maps in Experimental Populations* (Kyazma, 2006).
69. Voorrips, R.E. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *J. Hered.* **93**, 77–78 (2002).
70. Schmieder, R. & Edwards, R. Fast identification and removal of sequence contamination from genomic and metagenomic datasets. *PLoS One* **6**, e17288 (2011).
71. Elshire, R.J. *et al.* A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS One* **6**, e19379 (2011).
72. Bradbury, P.J. *et al.* TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* **23**, 2633–2635 (2007).
73. Glaubitz, J.C. *et al.* TASSEL-GBS: a high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *PLoS One* **9**, e90346 (2014).
74. Cavagnaro, P.F. *et al.* A gene-derived SNP-based high resolution linkage map of carrot including the location of QTL conditioning root and leaf anthocyanin pigmentation. *BMC Genomics* **15**, 1118 (2014).
75. Dong, F. *et al.* Development and applications of a set of chromosome-specific cytogenetic DNA markers in potato. *Theor. Appl. Genet.* **101**, 1001–1007 (2000).
76. Iovene, M., Grzebelus, E., Carputo, D., Jiang, J. & Simon, P.W. Major cytogenetic landmarks and karyotype analysis in *Daucus carota* and other Apiaceae. *Am. J. Bot.* **95**, 793–804 (2008).
77. Aitschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* **215**, 403–410 (1990).
78. Kim, D. *et al.* TopHat2: accurate alignment of transcriptomes in the presence of insertions, deletions and gene fusions. *Genome Biol.* **14**, R36 (2013).
79. Xu, Z. & Wang, H. LTR\_FINDER: an efficient tool for the prediction of full-length LTR retrotransposons. *Nucleic Acids Res.* **35**, W265–W268 (2007).
80. Gambin, T. *et al.* TIRfinder: a web tool for mining class II transposons carrying terminal inverted repeats. *Evol. Bioinform. Online* **9**, 17–27 (2013).
81. Wicker, T. *et al.* A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nat. Rev. Genet.* **8**, 973–982 (2007).
82. Darzentas, N. Circoletto: visualizing sequence similarity with Circos. *Bioinformatics* **26**, 2620–2621 (2010).
83. Krzywinski, M. *et al.* Circos: an information aesthetic for comparative genomics. *Genome Res.* **19**, 1639–1645 (2009).
84. Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. & Kumar, S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* **30**, 2725–2729 (2013).
85. Novák, P., Neumann, P. & Macas, J. Graph-based clustering and characterization of repetitive sequences in next-generation sequencing data. *BMC Bioinformatics* **11**, 378 (2010).
86. Benson, G. Tandem repeats finder: a program to analyze DNA sequences. *Nucleic Acids Res.* **27**, 573–580 (1999).
87. Stanke, M. *et al.* AUGUSTUS: *ab initio* prediction of alternative transcripts. *Nucleic Acids Res.* **34**, W435–W439 (2006).
88. Burge, C. & Karlin, S. Prediction of complete gene structures in human genomic DNA. *J. Mol. Biol.* **268**, 78–94 (1997).
89. Majoros, W.H., Pertea, M. & Salzberg, S.L. TigrScan and GlimmerHMM: two open source *ab initio* eukaryotic gene-finders. *Bioinformatics* **20**, 2878–2879 (2004).
90. Birney, E., Clamp, M. & Durbin, R. GeneWise and Genomewise. *Genome Res.* **14**, 988–995 (2004).
91. Kent, W.J. BLAT—the BLAST-like alignment tool. *Genome Res.* **12**, 656–664 (2002).
92. Campbell, M.A., Haas, B.J., Hamilton, J.P., Mount, S.M. & Buell, C.R. Comprehensive analysis of alternative splicing in rice and comparative analyses with *Arabidopsis*. *BMC Genomics* **7**, 327 (2006).
93. Trapnell, C. *et al.* Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. *Nat. Protoc.* **7**, 562–578 (2012).
94. Elisk, C.G. *et al.* Creating a honey bee consensus gene set. *Genome Biol.* **8**, R13 (2007).
95. Zdobnov, E.M. & Apweiler, R. InterProScan—an integration platform for the signature-recognition methods in InterPro. *Bioinformatics* **17**, 847–848 (2001).
96. Nawrocki, E.P. & Eddy, S.R. Infernal 1.1: 100-fold faster RNA homology searches. *Bioinformatics* **29**, 2933–2935 (2013).
97. Lowe, T.M. & Eddy, S.R. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Res.* **25**, 955–964 (1997).
98. Murray, M.G. & Thompson, W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Res.* **8**, 4321–4325 (1980).
99. Li, H. & Durbin, R. Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics* **25**, 1754–1760 (2009).
100. Li, H. *et al.* The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics* **25**, 2078–2079 (2009).
101. McKenna, A. *et al.* The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Res.* **20**, 1297–1303 (2010).
102. Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945–959 (2000).
103. Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* **14**, 2611–2620 (2005).
104. Felsenstein, J. PHYLIP—Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics* **5**, 164–166 (1989).
105. Li, L., Stoeckert, C.J. Jr. & Roos, D.S. OrthoMCL: identification of ortholog groups for eukaryotic genomes. *Genome Res.* **13**, 2178–2189 (2003).
106. Edgar, R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Res.* **32**, 1792–1797 (2004).
107. Guindon, S. *et al.* New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Syst. Biol.* **59**, 307–321 (2010).
108. Yang, Z. PAML 4: phylogenetic analysis by maximum likelihood. *Mol. Biol. Evol.* **24**, 1586–1591 (2007).
109. Zhang, G. *et al.* Genome sequence of foxtail millet (*Setaria italica*) provides insights into grass evolution and biofuel potential. *Nat. Biotechnol.* **30**, 549–554 (2012).
110. Paterson, A.H., Bowers, J.E. & Chapman, B.A. Ancient polyploidization predating divergence of the cereals, and its consequences for comparative genomics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 9903–9908 (2004).
111. Paterson, A.H. *et al.* The *Sorghum bicolor* genome and the diversification of grasses. *Nature* **457**, 551–556 (2009).
112. Tomato Genome Consortium. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* **485**, 635–641 (2012).
113. Jaillon, O. *et al.* The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature* **449**, 463–467 (2007).
114. Wang, Y. *et al.* MCScanX: a toolkit for detection and evolutionary analysis of gene synteny and collinearity. *Nucleic Acids Res.* **40**, e49 (2012).
115. Hasegawa, M., Kishino, H. & Yano, T. Dating of the human–ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *J. Mol. Evol.* **22**, 160–174 (1985).
116. Prüfer, K. *et al.* FUNC: a package for detecting significant associations between gene sets and ontological annotations. *BMC Bioinformatics* **8**, 41 (2007).
117. Dai, X., Sinharoy, S., Udvardi, M. & Zhao, P.-X. PlantTFcat: an online plant transcription factor and transcriptional regulator categorization and analysis tool. *BMC Bioinformatics* **14**, 321 (2013).
118. Larkin, M.A. *et al.* Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics* **23**, 2947–2948 (2007).
119. Jones, P. *et al.* InterProScan 5: genome-scale protein function classification. *Bioinformatics* **30**, 1236–1240 (2014).



120. Simon, P.W. & Wolff, X.Y. Carotenes in typical and dark orange carrots. *J. Agric. Food Chem.* **35**, 1017–1022 (1987).
121. Simon, P.W., Wolff, X.Y., Peterson, C.E. & Kammerlohr, D.S. High carotene mass carrot population. *HortScience* **24**, 174–175 (1989).
122. Bland, J.M. & Altman, D.G. Multiple significance tests: the Bonferroni method. *Br. Med. J.* **310**, 170 (1995).
123. Broman, K.W. & Sen, S. *A Guide to QTL Mapping with R/qtl* (Springer, 2009).
124. Leigh, J.W. & Bryant, D. POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods Ecol. Evol.* **6**, 1110–1116 (2015).
125. Barrett, J.C., Fry, B., Maller, J. & Daly, M.J. Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics* **21**, 263–265 (2005).
126. Danecek, P. *et al.* The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics* **27**, 2156–2158 (2011).
127. Langfelder, P. & Horvath, S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics* **9**, 559 (2008).
128. Lamesch, P. *et al.* The *Arabidopsis* Information Resource (TAIR): improved gene annotation and new tools. *Nucleic Acids Res.* **40**, D1202–D1210 (2012).
129. Du, Z., Zhou, X., Ling, Y., Zhang, Z. & Su, Z. agriGO: a GO analysis toolkit for the agricultural community. *Nucleic Acids Res.* **38**, W64–W70 (2010).
130. Mi, H., Muruganujan, A. & Thomas, P.D. PANTHER in 2013: modeling the evolution of gene function, and other gene attributes, in the context of phylogenetic trees. *Nucleic Acids Res.* **41**, D377–D386 (2013).



# Dr hab. inż. Jacek M. Pijanowski po raz trzeci wybrany prezesem Towarzystwa Rozwoju Obszarów Wiejskich



Lublin, 20 czerwca 2016 r.

W trakcie Walnego Zgromadzenia Członków Towarzystwa Rozwoju Obszarów Wiejskich dokonano wyborów członków Zarządu Głównego. Na stanowisko Prezesa TROW po raz kolejny został wybrany **dr hab. inż. Jacek M. Pijanowski**. W skład Zarządu Głównego weszli przedstawiciele ośrodków naukowych i badawczych z: Politechniki Warszawskiej, Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach, Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu oraz Wyższej Szkoły Inżynieryjno-Ekonomicznej w Rzeszowie.

Powołane w 1997 r. stowarzyszenie ma za zadanie koordynację działalności naukowej, praktycznej i edukacyjnej w zakresie rozwoju obszarów wiejskich w Polsce. Ta aktywność przejawia się w inspirowaniu i prowadzeniu przez członków towarzystwa badań naukowych i działalności wdrożeniowej związanej z szeroko pojętym rozwojem obszarów wiejskich, popularyzowaniu tej tematyki, ale także w prezentowaniu stanowisk i opinii w sprawach dotyczących teoretycznych i praktycznych aspektów rozwoju obszarów wiejskich.

Opracowanie:  
dr inż. Barbara Prus  
sekretarz Zarządu Głównego TROW



Dr hab. inż. Jacek M. Pijanowski  
w trakcie obrad TROW,  
fot. Sylwia Cyrankiewicz-Gortyńska

## Uniwersytet Rolniczy w elitarnym gronie uczelni wyższych najskuteczniej pozyskujących fundusze unijne w konkursach organizowanych w ramach POWER!

Strategie podejmowane przez władze uczelni na rzecz promocji studiowania są wieloaspektowe. Znaczącą rolę w tych działaniach odgrywają poszczególne wydziały, czy działy merytoryczne, także pojedynczy pracownicy, którzy w pracy zespołowej, zaczynając od małych rzeczy – dokonują wielkich. Biuro Programów Dydaktyczno-Naukowych poprzez aktywny udział w konkursach dydaktycznych organizowanych przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBiR) odgrywa ważną, pośrednią – bo kaskadową rolę w promocji na rzecz zachęcania młodzieży do studiowania w Uniwersytecie Rolniczym. W nowej perspektywie finansowej – od 2015 roku zostało ogłoszonych 10 konkursów w ramach

Programu Operacyjnego Wiedza, Edukacja, Rozwój. W większości konkursów Uniwersytet Rolniczy brał udział.

Pierwszy konkurs został ogłoszony w maju 2015 r. i dotyczył obsługi systemów antyplagiatowych. Uczelnia aplikowała w partnerstwie z Uniwersytetem Przyrodniczym we Wrocławiu. Wśród 113 wniosków zakwalifikowanych do oceny formalno-merytorycznej, pozytywnie ocenionych zostało 56 proc. projektów. Wniosek UR: *Wspólna uniwersytecka inicjatywa antyplagiatowa Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie oraz Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu* znalazł się na 9 miejscu listy rankingowej projektów ocenionych pozytywnie, skierowanych do dofinansowania.

NCBiR anulowało konkurs w niedługim czasie po ogłoszeniu list rankingowych.

Kolejny konkurs, którego nabór rozpoczął się w czerwcu 2015 r., dotyczył Programu Rozwoju Kompetencji. Wśród ok. 425 wniosków zakwalifikowanych do oceny formalno-merytorycznej, pozytywnie ocenionych zostało ok. 14 proc. projektów. Dwa wnioski napisane przez zespół Biura Programów Dydaktyczno-Naukowych: *Szansa na sukces po UR* oraz *Poszukuję specjalistów po UR* znalazły się odpowiednio na 35 i 44 miejscu na liście rankingowej projektów ocenionych pozytywnie, zakwalifikowanych do dofinansowania. Realizacja obu projektów została rozpoczęta w kwietniu br. Dofinansowanie w wysokości 3.151.457,88 zł

(suma dla obu projektów) jest przeznaczona na wsparcie kompetencji studentów będących na 6 semestrze studiów inżynierskich I stopnia wszystkich wydziałów Uczelni, z kierunków: dietetyka, technologia żywności i żywienie człowieka, rolnictwo, ochrona środowiska, zootechnika, biotechnologia, ogrodnictwo, inżynieria środowiska, inżynieria i gospodarka wodna, technika rolnicza i leśna, zarządzanie i inżynieria produkcji, ochrona zasobów leśnych, gospodarka leśna. Do końca stycznia 2019 r. 840 studentów weźmie udział w certyfikowanych szkoleniach i zajęciach warsztatowych, zajęciach projektowych oraz wizytach studyjnych organizowanych we współpracy z otoczeniem społeczno-gospodarczym. Studenci na początku i na zakończenie projektu wezmą udział w bilansie kompetencji, zapewnione im zostanie doradztwo zawodowe.

W czerwcu 2015 r., uczelnie mogły ubiegać się także o inne środki. Został ogłoszony konkurs na projekty w Programie *Studiujesz? Praktykuj!*. Wśród 369 wniosków zakwalifikowanych do oceny formalno-merytorycznej, pozytywnie ocenionych zostało 30 proc. projektów. Z 95 aplikacji zakwalifikowanych do dofinansowania, aż 5 wniosków napisanych przez zespół Biura Programów Dydaktyczno-Naukowych znalazło się na liście rankingowej, wyprzedzając znane Uniwersytety i Politechniki.

Biurowo pozyskało fundusze dla Uniwersytetu Rolniczego na organizację i przeprowadzenie wysokiej jakości programów staży krajowych i zagranicznych w całkowitej wysokości dla wszystkich 5 projektów w kwocie 10.305.318,40 zł. Adresatami wsparcia zwycięskich projektów są studenci UR – 833 osoby, będące na ostatnim i przedostatnim semestrze studiów stacjonarnych pierwszego stopnia: *Staż – pierwszy krok do sukcesu* – dla studentów Wydziału Technologii Żywności, *Nasz stażysta, to idealny Twój pracownik* – dla studentów z Wydziału Inżynierii Produkcji i Energetyki, *Zacznij od stażu, a osiągniesz sukces* – dla studentów Wydziału Rolniczo-Ekonomicznego, *Profesjonalny geodeta na rynku pracy* oraz *Dobry staż – pewna przyszłość* – oba projekty skierowane dla studentów Wydziału Inżynierii Środowiska i Geodezji.

Realizacja wszystkich projektów stażowych rozpoczęła się 1 kwietnia br. i będzie trwała do 31 grudnia 2017 roku. Skuteczność pozyskiwania projektów przez Zespół Biura Programów Dydaktyczno-Naukowych w nowej perspektywie finansowej w ramach POWER wynosi 100 proc. Dofinansowanie pozyskane z POWER dla UR od maja 2015 do kwietnia 2016 wyniosło 13.456.776,28 zł!

Zespół Biura Programów Dydaktycznych nie próżnuje. W czerwcu 2016 r. **mgr inż. Urszula Jabłońska – Korta** – kierownik Biura została poinformowana o wynikach oceny formalnej dwóch projektów złożonych w ramach drugiej edycji kolejnego konkursu ogłoszonego w kwietniu br. na Programy Rozwoju Kompetencji. Oba projekty, obejmujące wsparciem studentów większości Wydziałów UR na łączną wartość dofinansowania ok. 3 milionów – zostały zakwalifikowane do kolejnej oceny formalno-merytorycznej. W okresie około 7 miesięcy, do wiadomości publicznej podane zostaną wyniki tego konkursu i lista rankingowa.

Okres wakacyjny dla zespołu Biura – jak co roku – również i tym razem nie będzie, tzw. „sezonem ogórkowym”. Do 29 lipca istniała możliwość aplikowania w kolejnym konkursie ogłoszonym przez NCBiR – na Międzynarodowe Programy Kształcenia. Większość Wydziałów zaangażowała się w opracowywanie koncepcji programów kształcenia w języku obcym, planowanie działań dla międzynarodowych szkół letnich, skorzystania z możliwości zaproszenia wybitnych wykładowców z zagranicy, a także – i wreszcie: rekrutacji studentów spoza granic kraju – a więc olbrzymią szansę wypełnienia limitów przyjęć w trakcie rekrutacji na poszczególne kierunki studiów.

Natomiast od 1 sierpnia do 30 września br. będziemy mieli szansę aplikowania w konkursie na projekty podnoszące kompetencje kadry dydaktycznej Uczelni w ramach wspierania zmian organizacyjnych i podnoszenia kompetencji kadr w systemie szkolnictwa wyższego. Środki będzie można pozyskać na wspieranie innowacyjnych umiejętności dydaktycznych (learning-by-doing, design-thinking), umiejętności informatycznych (posługiwanie się profesjonalnymi bazami danych i ich wykorzystanie

W siedzibie naszego Biura organizujemy spotkania informacyjne dla zainteresowanych, konsultujemy, doradzamy i pomagamy w formalnościach. Jednakże w tworzeniu koncepcji badań liczymy na naszych naukowców. Dzięki nim aktualnie na Uniwersytecie Rolniczym realizowanych jest 13 dużych projektów naukowych: 7 w ramach Programu Badań Stosowanych, 3 – w ramach Programu Strategicznego BIOSTRATEG i 3 w ramach Programu GEKON – Generatora Koncepcji Ekologicznych.

w procesie kształcenia), w zakresie prowadzenia dydaktyki w języku obcym, a także w zakresie zarządzania informacją.

Próbujemy także pomagać w zdobywaniu środków na projekty badawcze. W maju 2016 r. NCBiR w kooperacji z firmą Synthos, uruchomiło 30 mln zł na wsparcie badań naukowych i prac nad nową generacją produktów w przemyśle chemicznym. Środki mają pomóc w rozwoju m.in. ekologicznych antydegradantów i biopesticydów. W czerwcu br. NCBiR ogłosiło III konkurs na projekty w ramach Programu Strategicznego „Środowisko Naturalne, Rolnictwo i Leśnictwo” – BIOSTRATEG.

Należy też pamiętać o ośrodkach pozyskanych z innych mechanizmów i strumieni finansowych, jak np. te z Narodowego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej (choćby sztandarowy projekt realizowany przez Uniwersytet: Środowisko bez barszczu Sosnowskiego), czy o projektach pozyskiwanych i realizowanych w ramach HORYZONT 2020. Obecnie Uczelnia realizuje 2 takie projekty. W projekcie na mobilne międzynarodowe studia doktoranckie – jesteśmy liderem.

Zapraszamy do współpracy, a niezdecydowaną jeszcze młodzież pomaturalną do studiowania w Uniwersytecie Rolniczym. Dodatkowa oferta w postaci np. certyfikowanych, specjalistycznych szkoleń branżowych, staży krajowych i zagranicznych – pozwala na robienie czegoś więcej, niż tylko podstawowy program studiów – na podnoszenie kompetencji zawodowych oczekiwanych przez pracodawców w nowoczesnym społeczeństwie gospodarki opartej na wiedzy – a to już coś!

Opracowanie: mgr Anna Liberek

# Wyniki oceny nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie przeprowadzonej w 2016 r. na podstawie „Informacji o działalności nauczyciela akademickiego za lata akademickie 2013/2014 – 2014/2015 (2011/2012 – 2014/2015 dla profesorów mianowanych)”

Zgodnie z zapisem w ustawie, Prawo o szkolnictwie wyższym (art. 132) oraz z § 78-85 Statutu Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie nauczyciele akademicy podlegają okresowej ocenie. Jest ona przeprowadzana nie rzadziej niż co 2 lata, z wyjątkiem mianowanych nauczycieli akademickich posiadających tytuł naukowy profesora, którzy powinni być oceniani nie rzadziej niż raz na 4 lata. Prezentowana informacja obejmuje lata akademickie 2013/2014 – 2014/2015 (2011/2012 – 2014/2015 w przypadku profesorów mianowanych).

## Zakres oceny

Okresowa ocena pracowników naukowo-dydaktycznych obejmuje aktywność naukową oraz pracę dydaktyczno-wychowawczą i organizacyjną w Uczelni. Mogli oni również przedstawić, wliczane w tegorocznej ocenie do działalności naukowej, swoje osiągnięcia w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych. W przypadku natomiast pracowników dydaktycznych ten ostatni rodzaj działalności oprócz działalności dydaktyczno-wychowawczej i organizacyjnej ocenia się obligatoryjnie. Jednocześnie pracownicy ci mogli opcjonalnie przedstawiać do oceny także swoje osiągnięcia naukowe, których punktację połączono z działalnością w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych. Dodatkowo, przy ocenie pracowników posiadających tytuł naukowy profesora lub stopień doktora habilitowanego uwzględnia się osiągnięcia w zakresie kształcenia młodej kadry naukowej.

Ocenę, której dotyczy niniejsze sprawozdanie, przeprowadzono na wiosnę 2016 r. na podstawie danych zamieszczonych przez pracowników w „Informacji o działalności nauczyciela akademickiego za lata akademickie 2013/2014 - 2014/2015 (2011/2012 - 2014/2015 w przypadku profesorów zatrudnionych na podstawie aktu mianowania)”. Formularz ten, który dostępny był na stronie internetowej Uczelni pod adresem: [http://kadry.ur.krakow.pl/zasoby/77/Informacja\\_o\\_dzialalnosci\\_nauczyciela\\_akademickiego\\_2014.pdf](http://kadry.ur.krakow.pl/zasoby/77/Informacja_o_dzialalnosci_nauczyciela_akademickiego_2014.pdf) opracowała Senacka Komisja ds. Oceny Kadr w oparciu o wcześniej obowiązujący dokument „Informacja o działalności nauczyciela akademickiego za lata akademickie

Tabela 1. Zestawienie liczby nauczycieli akademickich ocenionych w 2016 r. za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15)<sup>(a)</sup>

| Stanowisko               | Wydział      |                    |             |             |             |             |             |          |            |           |                     | Razem        |
|--------------------------|--------------|--------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|----------|------------|-----------|---------------------|--------------|
|                          | WR-E         | WL                 | WHIBZ       | WIŚiG       | WBiO        | WIPIE       | WTŻ         | UCMW     | Stud. J.O. | Stud. WF  | Inne <sup>(b)</sup> |              |
| Profesor zwyczajny       | 16           | 8                  | 7           | 6           | 4           | 6           | 6           | -        | -          | -         | -                   | 53           |
| Profesor nadzwyczajny    | 10           | 3                  | 7           | 1           | 8           | 5           | 8           | -        | -          | -         | -                   | 42           |
| Profesor nadzwyczajny UR | 1            | 7/1 <sup>(c)</sup> | 4           | 4           | 3           | 3           | 6/1         | 2        | -          | -         | -                   | 30/2         |
| Adiunkt dr hab.          | 19           | 22                 | 17          | 19          | 24/1        | 13          | 21          | 1        | -          | -         | -                   | 136/1        |
| Adiunkt dr               | 46           | 34/1               | 21          | 33          | 22/1        | 15          | 38/1        | 4        | -          | -         | 2                   | 215/3        |
| Asystent dr              | 8            | 7                  | 10          | 9           | 3           | 4           | 5           | -        | -          | -         | -                   | 46           |
| Asystent mgr             | 2            | 1                  | 2           | 1           | 2           | 2           | -           | -        | -          | -         | -                   | 10           |
| Pracownicy dydaktyczni   | 7            | 3                  | 2           | 7           | 2           | 5           | 6           | -        | 22         | 13        | 1                   | 68           |
| <b>Razem</b>             | <b>109/0</b> | <b>85/2</b>        | <b>70/0</b> | <b>80/0</b> | <b>68/2</b> | <b>53/0</b> | <b>90/2</b> | <b>7</b> | <b>22</b>  | <b>13</b> | <b>3</b>            | <b>600/6</b> |

(a) dotyczy profesorów mianowanych  
(b) Biblioteka Główna, Centrum Kultury i Kształcenia Ustawicznego  
(c) kursywą oznaczono ilość ocen negatywnych

Tabela 2. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

## WYDZIAŁ ROLNICZO - EKONOMICZNY

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 16           | 10           | 1               | 19              | 46         | 8           | 2            | 7                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 97 - 1141    | 75 - 428     | 362             | 76 - 349        | 45 - 573   | 40 - 220    | P            | 15 - 61                               |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 291,6        | 251,7        | 362,0           | 224,3           | 161,0      | 132,8       | P            | 34,1                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 191 - 435    | 189 - 467    | 275             | 135 - 476       | 185 - 462  | 194 - 352   | P            | 301 - 536                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 260,3        | 296,0        | 275,0           | 313,2           | 277,6      | 246,8       | P            | 377,6                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 19 - 129     | 13 - 73      | 47              | 10 - 57         | 7 - 44     | 11 - 34     | P            | 15 - 39                               |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 59,0         | 40,5         | 47,0            | 26,6            | 19,9       | 19,0        | P            | 21,6                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 0               | 0               | 0          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
(b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
(c) - ocena naukowa nieobligatoryjna

Tabela 3. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ LEŚNY**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 8            | 3            | 7               | 22              | 34         | 7           | 1            | 3                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 100 - 427    | 45 - 84      | 67 - 761        | 71 - 739        | 16 - 413   | 42 - 290    | 165          | 49 - 87                               |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 248,9        | 63,2         | 340,4           | 244,8           | 146,4      | 144,9       | 165,0        | 73,1                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 155 - 268    | 220 - 350    | 168 - 351       | 184 - 578       | 165 - 417  | 115 - 296   | 179          | 271 - 459                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 205,8        | 272,2        | 230,86          | 302,1           | 262,8      | 215,8       | 179,0        | 332,4                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 17 - 62      | 28 - 49,5    | 9 - 138         | 15 - 83         | 9 - 45     | 13 - 44     | 13           | 11 - 14                               |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 38,2         | 39,5         | 56,9            | 36,5            | 22,5       | 23,3        | 13,0         | 13,9                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 1               | 0               | 1          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa

Tabela 4. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ HODOWLI I BIOLOGII ZWIERZĄT**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 7            | 7            | 4               | 17              | 21         | 10          | 2            | 2                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 194 - 847    | 82 - 526     | 92 - 549        | 121 - 496       | 72 - 733   | 72 - 239    | P            | 58 - 116                              |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 464,3        | 263,8        | 272,9           | 245,9           | 203,7      | 138,4       | P            | 87                                    |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 252 - 487    | 244 - 451    | 235 - 469       | 227 - 556       | 179 - 429  | 147 - 364   | P            | 394 - 472                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 395,4        | 327,6        | 321,8           | 333,2           | 288,7      | 246,2       | P            | 433                                   |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 36 - 83      | 21 - 93      | 20 - 53         | 16 - 87         | 10 - 35    | 8 - 40      | P            | 17 - 22                               |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 56,1         | 52,3         | 35,9            | 38,9            | 22,9       | 19,2        | P            | 19,5                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 0               | 0               | 0          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa

Tabela 5. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ INŻYNIERII ŚRODOWISKA I GEODEZJI**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 6            | 1            | 4               | 19              | 33         | 9           | 1            | 7                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 182 - 664    | 131          | 111 - 332       | 66 - 400        | 36 - 322   | 71 - 275    | 79           | 5 - 81                                |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 299,7        | 131,0        | 217,3           | 199,8           | 131,8      | 156,3       | 79,0         | 44,0                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 177 - 398    | 386          | 320 - 387       | 343 - 585       | 143 - 485  | 322 - 439   | 304          | 349 - 599                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 312,6        | 386,0        | 344,8           | 409,7           | 358,0      | 375,0       | 304,0        | 463,0                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 27 - 101     | 39           | 21 - 51         | 17 - 85         | 15 - 47    | 15 - 66     | 19           | 15 - 42                               |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 69,8         | 39,0         | 40,3            | 43,1            | 21,0       | 26,3        | 19,0         | 26,0                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 0               | 0               | 0          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa

Tabela 6. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ BIOTECHNOLOGII I OGRODNICTWA**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 4            | 8            | 3               | 24              | 22         | 3           | 2            | 2                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 96 - 369     | 64 - 246     | 134 - 395       | 24 - 575        | 15 - 257   | 258         | P            | 5 - 20                                |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 237,8        | 162,0        | 244,7           | 215,0           | 95,0       | 258,0       | P            | 12,5                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 118 - 309    | 146 - 290    | 182 - 460       | 151 - 435       | 121 - 544  | 404         | P            | 323 - 364                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 193,0        | 214,5        | 295,7           | 303,8           | 288,2      | 404,0       | P            | 343,0                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 27 - 109     | 13 - 67      | 20 - 88         | 13 - 109        | 5 - 34     | 7           | P            | 3 - 10                                |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 64,0         | 40,7         | 43,7            | 38,5            | 18,1       | 7,0         | P            | 6,5                                   |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 0               | 1               | 1          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa

Tabela 7. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ INŻYNIERII PRODUKCJI I ENERGETYKI**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 6            | 5            | 3               | 13              | 15         | 4           | 2            | 5                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 109 - 330    | 155 - 627    | 111 - 318       | 58 - 577        | 56 - 331   | 52          | P            | 22 - 61                               |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 199,2        | 290,7        | 201,3           | 202,3           | 142,3      | 52,0        | P            | 36,6                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 176 - 329    | 326 - 476    | 357 - 521       | 229 - 443       | 192 - 475  | 79          | P            | 285 - 435                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 289,2        | 384,7        | 434,7           | 327,3           | 352,5      | 79,0        | P            | 358,0                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 29 - 102     | 17 - 73      | 69 - 104        | 20 - 82         | 10 - 60    | 3           | P            | 9 - 40                                |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 67,8         | 42,8         | 82,0            | 40,9            | 26,2       | 3,0         | P            | 23,8                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 0               | 0               | 0          | 0           | 0            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa

Tabela 8. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

**WYDZIAŁ TECHNOLOGII ŻYWNOSCI**

| Informacje  | Stanowisko   |              |                 |                 |            |             |              |                                       |
|---|--------------|--------------|-----------------|-----------------|------------|-------------|--------------|---------------------------------------|
|   | Prof. zwycz. | Prof. nadzw. | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent dr | Asystent mgr | Pracownicy dydaktyczni <sup>(c)</sup> |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 6            | 8            | 6               | 21              | 38         | 5           | -            | 6                                     |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 291 - 742    | 127 - 596    | 80 - 1134       | 139 - 970       | 34 - 609   | P           | -            | 14 - 109                              |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 485,9        | 328,9        | 399,0           | 421,0           | 228,1      | P           | -            | 53,0                                  |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 264 - 442    | 186 - 492    | 243 - 471       | 203 - 442       | 66 - 440   | P           | -            | 328 - 435                             |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 383,8        | 305,1        | 359,8           | 349,6           | 306,3      | P           | -            | 355,0                                 |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 41 - 76      | 15 - 65      | 26 - 57         | 14 - 84         | 8 - 34     | P           | -            | 16 - 30                               |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 60,5         | 37,8         | 44,8            | 33,6            | 20,4       | P           | -            | 20,0                                  |
| Oceny negatywne   | 0            | 0            | 1               | 0               | 1          | 0           | -            | 0                                     |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punktacja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobowiązkowa



Tabela 9. Wyniki oceny działalności naukowej <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15 (2011/12 – 2014/15) <sup>(b)</sup>

UNIWEITYECKIE CENTRUM MEDYCYN WETERYNARYJNEJ

| Informacje  | Stanowisko      |                 |                    |                         |
|---|-----------------|-----------------|--------------------|-------------------------|
|   | Prof. nadzw. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt naukowy dr | Adiunkt nauk.-dydak. dr |
| Liczba ocenianych pracowników                           | 2               | 1               | 2                  | 2                       |
| Zakres punktów za działalność naukową <sup>(a)</sup>    | 87 – 150        | 196             | 152                | 59 – 95                 |
| Średnia liczba punktów za dział. naukową <sup>(a)</sup> | 118,5           | 196,0           | 152,0              | 72,0                    |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną                    | 39 – 267        | 317             | n. d.              | 181 – 209               |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną            | 153,0           | 317,0           | n.d.               | 195,0                   |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną                  | 30 – 34         | 17              | 23                 | 12 - 22                 |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną          | 32,0            | 17,0            | 23,0               | 17,0                    |
| Oceny negatywne   | 0               | 0               | 0                  | 0                       |

(a) - wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych, działalność naukowa obejmuje lata kalendarzowe 2014 – 2015 (2012 – 2015) <sup>(b)</sup>  
 (b) - dotyczy mianowanych profesorów (punkcja przeliczona na okres dwuletni)  
 (c) - ocena naukowa nieobligatoryjna

Tabela 10. Wyniki oceny działalności w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych <sup>(a)</sup>, dydaktycznej i organizacyjnej nauczycieli akademickich za lata 2013/14 – 2014/15

JEDNOSTKI OGÓLNOUCZELNIANE

| Informacje   | Stanowisko |                    |            |           |            |
|--|------------|--------------------|------------|-----------|------------|
|  | Adiunkt    | Starszy wykładowca | Wykładowca | Lektor    | Instruktor |
| Liczba ocenianych pracowników  | 2          | 27                 | 5          | 2         | 2          |
| Zakres punktów za działalność podnoszenie kwalifikacji zawodowych <sup>(a)</sup>         | 14         | 4 – 85             | 8 – 58     | 10 – 25   | 5 – 18     |
| Średnia liczba punktów za działalność podnoszenie kwalifikacji zawodowych <sup>(a)</sup> | 14,0       | 16,8               | 22,2       | 17,5      | 11,5       |
| Zakres punktów za dział. dydaktyczną   | 10         | 208 – 728          | 209 – 448  | 500 – 521 | 365 – 371  |
| Średnia liczba punktów za dział. dydaktyczną   | 10,0       | 383,0              | 333,2      | 510,5     | 368,0      |
| Zakres punktów za dział. organizacyjną   | 18         | 6 – 39             | 15 – 40    | 12        | 12 – 17    |
| Średnia liczba punktów za dział. organizacyjną   | 18,0       | 18,9               | 21,2       | 12,0      | 14,5       |
| Oceny negatywne  | 0          | 0                  | 0          | 0         | 0          |

(a) - opcjonalnie wraz z osiągnięciami w zakresie działalności naukowej za lata kalendarzowe 2014 – 2015

Tabela 11. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Rolniczo-Ekonomicznego z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |    |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|----|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3  | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |    |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 1  | 1   | 6  | 3   | 5  | 0 | 0                       | 2   | 11 | 3   | 0 | 0 | 2                         | 1   | 7  | 2   | 4 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 1  | 2   | 3  | 3   | 1  | 0 | 0                       | 3   | 4  | 3   | 0 | 0 | 1                         | 3   | 1  | 3   | 2 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 0  | 0   | 1  | 0   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 0  | 0   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 1  | 5   | 7  | 5   | 1  | 0 | 0                       | 4   | 12 | 2   | 1 | 0 | 1                         | 3   | 6  | 8   | 1 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 6  | 9   | 9  | 14  | 7  | 0 | 2                       | 5   | 30 | 8   | 0 | 0 | 7                         | 4   | 22 | 10  | 2 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 0  | 2   | 2  | 1   | 1  | 0 | 0                       | 1   | 4  | 1   | 0 | 0 | 1                         | 0   | 3  | 2   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 2  | 1   | 1  | 1   | 2  | 0 | 2                       | 2   | 3  | 0   | 0 | 0 | 1                         | 3   | 3  | 0   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 11   | 20  | 29 | 27  | 17 | 0 | 4                       | 17  | 65 | 17  | 1 | 0 | 13                        | 14  | 43 | 25  | 9 | 0 |

Tabela 12. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Leśnego z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |    |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|----|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3  | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |    |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 2  | 1   | 2  | 3   | 0  | 0 | 0                       | 6   | 2  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 4  | 1   | 2 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 0  | 1   | 1  | 1   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 3  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 2  | 1   | 0 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 2  | 1   | 0  | 0   | 4  | 0 | 0                       | 1   | 5  | 1   | 0 | 0 | 1                         | 2   | 1  | 1   | 1 | 1 |
| Adiunkt dr hab.               | 2  | 3   | 6  | 7   | 3  | 0 | 2                       | 0   | 13 | 6   | 0 | 0 | 2                         | 2   | 7  | 9   | 1 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 4  | 2   | 9  | 8   | 7  | 1 | 0                       | 2   | 23 | 6   | 0 | 0 | 2                         | 5   | 13 | 9   | 2 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 2  | 2   | 0  | 3   | 1  | 0 | 0                       | 1   | 6  | 1   | 0 | 0 | 2                         | 0   | 3  | 3   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 0  | 0   | 2  | 1   | 0  | 0 | 0                       | 1   | 1  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 3  | 0   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 12   | 10  | 20 | 23  | 15 | 1 | 2                       | 11  | 53 | 15  | 0 | 0 | 7                         | 10  | 33 | 24  | 6 | 1 |

Tabela 13. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Hodowli i Biologii Zwierząt z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |   |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|---|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |   |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 2  | 1   | 0  | 1   | 3 | 0 | 0                       | 0   | 5  | 2   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 4  | 1   | 0 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 1  | 1   | 3  | 1   | 1 | 0 | 0                       | 1   | 5  | 1   | 0 | 0 | 1                         | 1   | 3  | 1   | 1 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 1  | 0   | 1  | 1   | 1 | 0 | 0                       | 1   | 1  | 2   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 1  | 2   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 1  | 4   | 5  | 6   | 1 | 0 | 0                       | 3   | 8  | 6   | 0 | 0 | 2                         | 1   | 7  | 5   | 2 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 1  | 2   | 10 | 6   | 2 | 0 | 0                       | 5   | 10 | 6   | 0 | 0 | 0                         | 5   | 10 | 5   | 1 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 0  | 2   | 1  | 3   | 1 | 0 | 0                       | 0   | 4  | 3   | 0 | 0 | 1                         | 1   | 1  | 2   | 2 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 0  | 1   | 0  | 1   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 6  | 11  | 20 | 19  | 9 | 0 | 0                       | 10  | 35 | 20  | 0 | 0 | 4                         | 11  | 28 | 16  | 6 | 0 |

Tabela 14. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Inżynierii Środowiska i Geodezji z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |    |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|----|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3  | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |    |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 1  | 0   | 2  | 3   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 5  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 2  | 2   | 0 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 0  | 0   | 1  | 0   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 0  | 0   | 1  | 1   | 2  | 0 | 0                       | 0   | 4  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 3  | 1   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 2  | 2   | 8  | 2   | 5  | 0 | 0                       | 1   | 18 | 0   | 0 | 0 | 3                         | 2   | 5  | 7   | 2 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 4  | 4   | 10 | 9   | 4  | 0 | 0                       | 4   | 22 | 4   | 1 | 0 | 3                         | 3   | 18 | 7   | 0 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 1  | 1   | 4  | 1   | 0  | 0 | 0                       | 1   | 6  | 0   | 0 | 0 | 1                         | 1   | 3  | 2   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 1  | 1   | 2  | 1   | 1  | 0 | 0                       | 0   | 5  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 1  | 3   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 9  | 8   | 28 | 17  | 12 | 0 | 0                       | 6   | 61 | 6   | 1 | 0 | 7                         | 10  | 33 | 22  | 2 | 0 |

Tabela 15. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |    |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|----|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3  | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |    |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 0  | 1   | 2  | 0   | 1  | 0 | 0                       | 1   | 1  | 2   | 0 | 0 | 1                         | 0   | 1  | 1   | 1 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 0  | 2   | 4  | 1   | 1  | 0 | 0                       | 1   | 6  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 3  | 2   | 1 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 0  | 1   | 1  | 1   | 0  | 0 | 0                       | 1   | 1  | 1   | 0 | 0 | 1                         | 0   | 0  | 1   | 1 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 3  | 5   | 6  | 5   | 4  | 1 | 0                       | 4   | 15 | 4   | 1 | 0 | 1                         | 2   | 13 | 6   | 2 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 4  | 3   | 5  | 4   | 3  | 1 | 1                       | 2   | 11 | 5   | 0 | 0 | 1                         | 2   | 11 | 5   | 1 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 0  | 0   | 1  | 0   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 0  | 1   | 0  | 0   | 1  | 0 | 0                       | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 0  | 0   | 1 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 7  | 13  | 19 | 11  | 10 | 2 | 1                       | 9   | 37 | 13  | 1 | 0 | 4                         | 7   | 29 | 15  | 7 | 0 |

Tabela 16. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Inżynierii Produkcji i Energetyki z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |   |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|---|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |   |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 0  | 2   | 2  | 2   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 5  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 2  | 1   | 1 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 1  | 0   | 1  | 3   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 5  | 0   | 0 | 0 | 1                         | 0   | 2  | 0   | 2 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 0  | 1   | 1  | 1   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 3  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 3  | 0   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 2  | 1   | 3  | 3   | 3 | 0 | 0                       | 2   | 6  | 4   | 0 | 0 | 1                         | 1   | 7  | 2   | 1 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 2  | 2   | 5  | 4   | 2 | 0 | 0                       | 2   | 11 | 2   | 0 | 0 | 2                         | 1   | 7  | 3   | 2 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 0  | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 1  | 0   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 1  | 0   | 2  | 2   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 4  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 2   | 1  | 1   | 1 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 6  | 6   | 15 | 15  | 5 | 0 | 0                       | 4   | 35 | 8   | 0 | 0 | 4                         | 6   | 23 | 7   | 7 | 0 |

Tabela 17. Oceny przyznane pracownikom Wydziału Technologii Żywności z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |    |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|----|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3  | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |    |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Profesor zwyczajny            | 0  | 2   | 2  | 2   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 5  | 1   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 4  | 2   | 0 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny         | 2  | 0   | 3  | 2   | 1  | 0 | 0                       | 2   | 2  | 4   | 0 | 0 | 1                         | 1   | 3  | 2   | 1 | 0 |
| Profesor nadzwyczajny UR      | 2  | 0   | 0  | 1   | 2  | 1 | 0                       | 2   | 2  | 2   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 4  | 1   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.               | 1  | 3   | 9  | 6   | 2  | 0 | 0                       | 0   | 18 | 3   | 0 | 0 | 2                         | 1   | 11 | 6   | 1 | 0 |
| Adiunkt dr                    | 3  | 6   | 15 | 7   | 5  | 1 | 0                       | 7   | 23 | 4   | 3 | 0 | 3                         | 6   | 20 | 6   | 2 | 0 |
| Asystent dr i asystent mgr    | 0  | 0   | 0  | 0   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 0  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 0  | 0   | 0 | 0 |
| Pracownicy dydaktyczni        | 1  | 2   | 3  | 0   | 0  | 0 | 0                       | 0   | 6  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 1   | 5  | 0   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 9  | 13  | 32 | 18  | 10 | 2 | 0                       | 11  | 56 | 14  | 3 | 0 | 6                         | 10  | 47 | 17  | 4 | 0 |

Tabela 18. Oceny przyznane pracownikom Uniwersyteckiego Centrum Medycyny Weterynaryjnej UJ – UR z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności            | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |   |     |   |   | Działalność dydaktyczna |     |   |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |   |     |   |   |
|--------------------------------|--|-----|---|-----|---|---|-------------------------|-----|---|-----|---|---|---------------------------|-----|---|-----|---|---|
|                                | 5  | 4,5 | 4 | 3,5 | 3 | 2 | 5                       | 4,5 | 4 | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4 | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                     | Liczba osób z daną oceną   |     |   |     |   |   |                         |     |   |     |   |   |                           |     |   |     |   |   |
| Profesor nadzwyczajny UR       | 0  | 0   | 1 | 1   | 0 | 0 | 1                       | 0   | 0 | 0   | 1 | 0 | 0                         | 0   | 2 | 0   | 0 | 0 |
| Adiunkt dr hab.                | 0  | 0   | 1 | 0   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 1 | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 1 | 0   | 0 | 0 |
| Adiunkt naukowy dr             | 0  | 0   | 1 | 0   | 0 | 0 | nie dotyczy             |     |   |     |   |   | 0                         | 0   | 1 | 0   | 0 | 0 |
| Adiunkt nauk. – dydaktyczny dr | 0  | 1   | 1 | 0   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 2 | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 1 | 1   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy  | 0  | 1   | 4 | 1   | 0 | 0 | 1                       | 0   | 3 | 0   | 1 | 0 | 0                         | 0   | 5 | 1   | 0 | 0 |

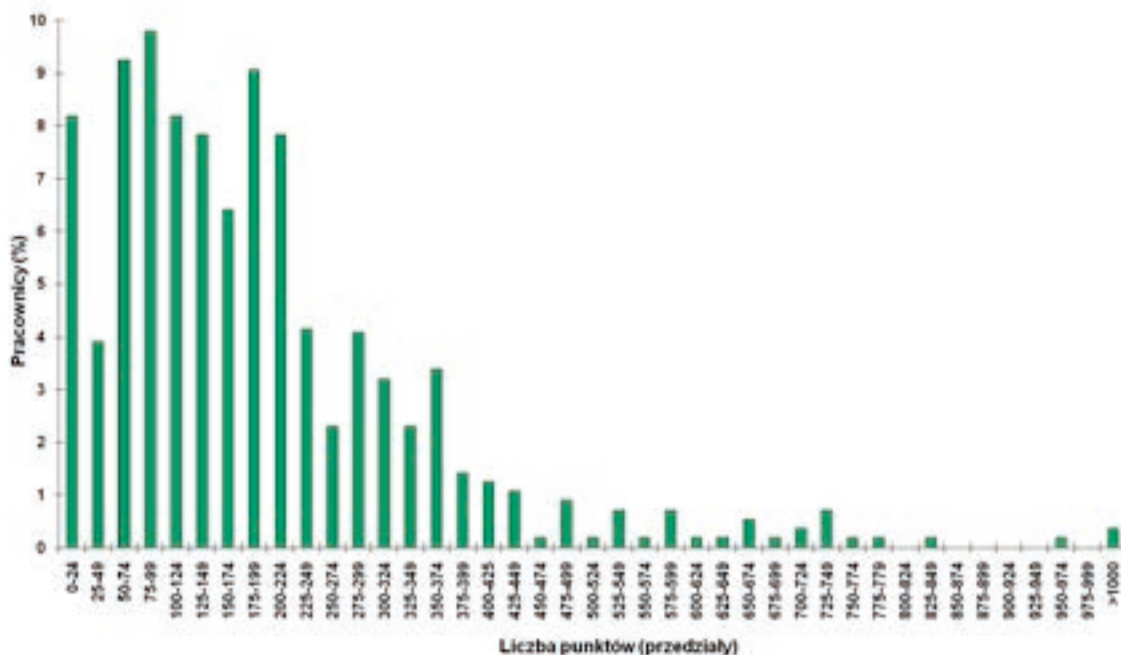
Tabela 19. Oceny przyznane pracownikom Jednostek Ogólnouczeniowych z podziałem na zajmowane stanowiska

| Rodzaj działalności           | Działalność naukowa i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych |     |    |     |   |   | Działalność dydaktyczna |     |    |     |   |   | Działalność organizacyjna |     |    |     |   |   |
|-------------------------------|--|-----|----|-----|---|---|-------------------------|-----|----|-----|---|---|---------------------------|-----|----|-----|---|---|
|                               | 5  | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                       | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 | 5                         | 4,5 | 4  | 3,5 | 3 | 2 |
| Stanowisko                    | Liczba osób z daną oceną   |     |    |     |   |   |                         |     |    |     |   |   |                           |     |    |     |   |   |
| Adiunkt                       | 0  | 0   | 0  | 0   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 0  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 0  | 0   | 0 | 0 |
| Starszy wykładowca            | 2  | 5   | 10 | 5   | 5 | 0 | 1                       | 2   | 16 | 8   | 0 | 0 | 2                         | 2   | 14 | 9   | 0 | 0 |
| Wykładowca                    | 0  | 1   | 2  | 2   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 5  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 5  | 0   | 0 | 0 |
| Lektor                        | 0  | 1   | 0  | 1   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 |
| Instruktor                    | 0  | 1   | 0  | 1   | 0 | 0 | 0                       | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 | 0                         | 0   | 2  | 0   | 0 | 0 |
| Wszyscy nauczyciele akademicy | 2  | 8   | 12 | 9   | 5 | 0 | 1                       | 2   | 25 | 8   | 0 | 0 | 2                         | 2   | 23 | 9   | 0 | 0 |

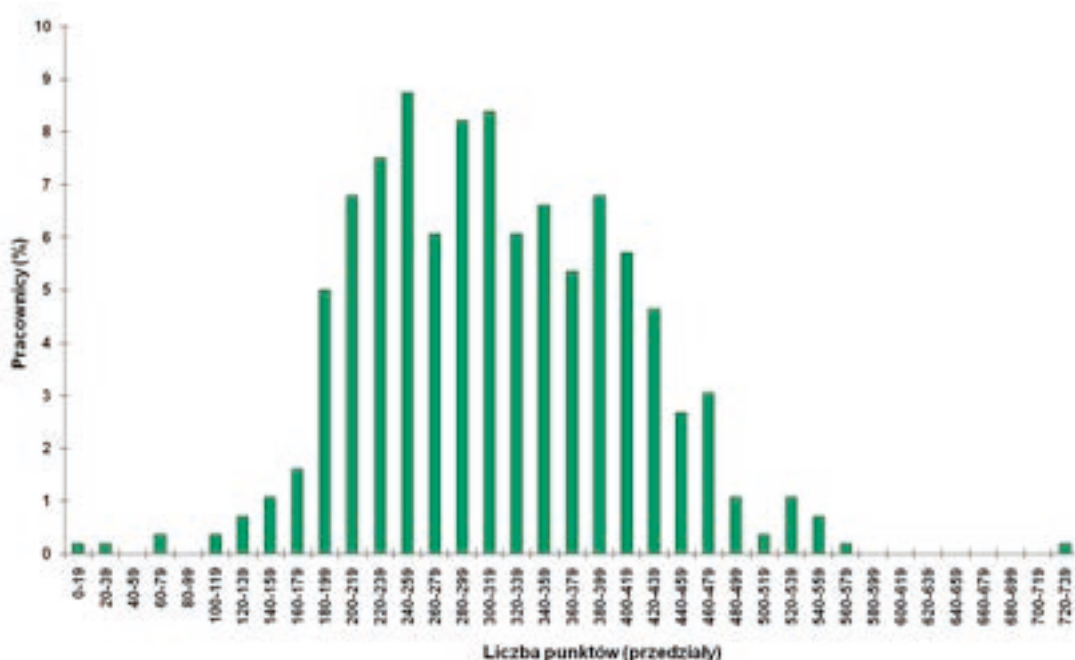
Tabela 20. Średnia punktacja za działalność naukową, dydaktyczną i organizacyjną na danym stanowisku w całej Uczelni oraz na wszystkich stanowiskach zajmowanych przez nauczycieli akademickich UR

| Rodzaj działalności | Stanowisko       |                  |                    |                 |            |          |                           | Wszyscy nauczyciele akademicy UR |
|---------------------|------------------|------------------|--------------------|-----------------|------------|----------|---------------------------|----------------------------------|
|                     | Prof. zwycz. (a) | Prof. nadzw. (a) | Prof. nadzwycz. UR | Adiunkt dr hab. | Adiunkt dr | Asystent | Pracownik dydaktyczny (a) |                                  |
| Naukowa (b)         | 318,2            | 247,3            | 286,4              | 254,1           | 162,9      | 147,2    | 28,3                      | 194,4                            |
| Dydaktyczna         | 291,0            | 298,5            | 307,1              | 331,5           | 301,5      | 270,0    | 372,7                     | 315,1                            |
| Organizacyjna       | 58,8             | 42,0             | 48,7               | 36,5            | 21,6       | 22,2     | 18,9                      | 31,0                             |

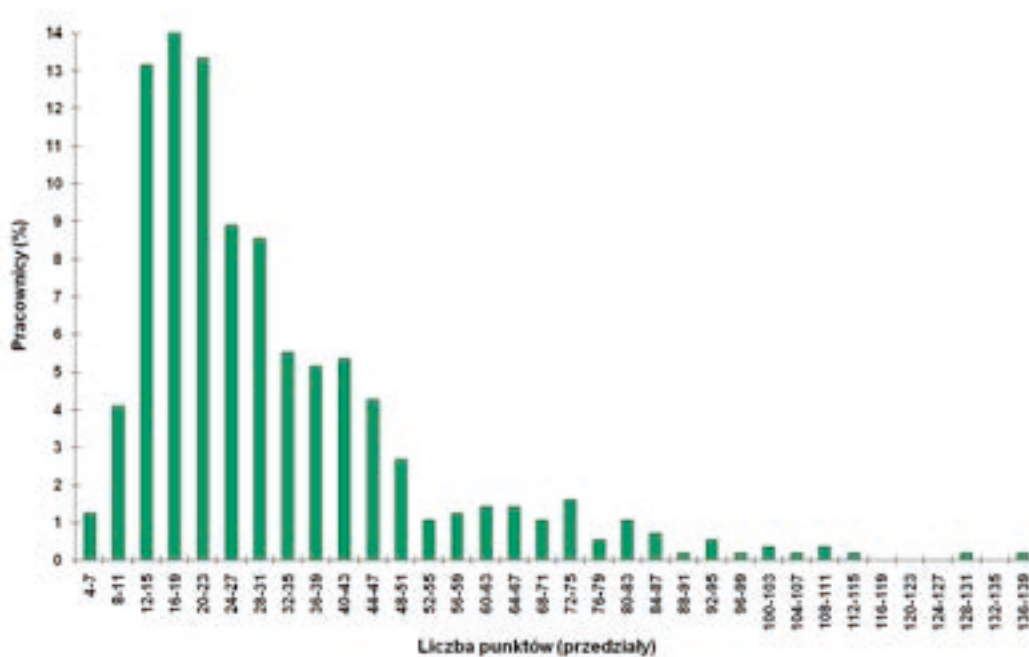
(a) starszy wykładowca, wykładowca, lektor, instruktor,  
 (b) wraz z osiągnięciami z zakresu podnoszenia kwalifikacji zawodowych  
 (c) punktacja profesorów mianowanych przeliczona na okres dwuletni



Rys. 1. Rozkład punktów uzyskanych za działalność naukową i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych przez nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie w latach 2014-2015 (2012-2015). Okres 2012-2015 dotyczy profesorów mianowanych, w prezentacji uwzględniono połowę punktów uzyskanych przez nich w tym okresie.



Rys. 2. Rozkład punktów uzyskanych za działalność dydaktyczną przez nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie w latach 2013/2014-2014/2015 (2011/2012-2014/2015). Okres 2012-2015 dotyczy profesorów mianowanych, w prezentacji uwzględniono połowę punktów uzyskanych przez nich w tym okresie.



Rys. 3. Rozkład punktów uzyskanych za działalność organizacyjną przez nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie w latach 2013/2014-2014/2015 (2011/2012-2014/2015). Okres 2012-2015 dotyczy profesorów mianowanych, w prezentacji uwzględniono połowę punktów uzyskanych przez nich w tym okresie.

2011/2012 - 2012/2013". Wprowadzono do niego szereg zmian na wniosek władz Uczelni i wydziałów, członków komisji i poszczególnych nauczycieli akademickich. Zmiany te polegały na rozszerzeniu formularza i wprowadzeniu punktacji nie tylko tak, jak to było dotychczas za działalność naukową, ale także za podnoszenie kwalifikacji zawodowych, pracę dydaktyczno-wychowawczą i organizacyjną. Ustanowiono też kryteria pozwalające, na podstawie uzyskanej liczby punktów, przyporządkować nauczycielom akademickim oceny za poszczególne rodzaje działalności. Przy przydzielaniu punktów za publikacje naukowe kierowano się wykazem czasopism sporządzonym przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego wykorzystywanym przy ocenie parametrycznej jednostek. W przypadku prac współautorskich każdy autor otrzymywał liczbę punktów przypisaną dla danego czasopisma lub monografii, niezależnie od liczby współautorów.

### Kryteria oceny

Warunkiem otrzymania pozytywnej oceny było uzyskanie z każdego rodzaju

działalności punktacji na poziomie co najmniej 24% średniej liczby punktów na danym wydziale i na określonym stanowisku. Uwzględniano przy tym ewentualnie krótszy niż standardowo podlegający ocenie okres zatrudnienia, przerwy w pracy i zmiany zajmowanego stanowiska. Dodatkowymi warunkami otrzymania pozytywnej oceny za działalność dydaktyczną było zrealizowanie obowiązującego pensum i pozytywne oceny jakości prowadzenia zajęć dydaktycznych w oparciu o ankietę studencką, a także protokół hospitacji. Aby całościowy wynik był pozytywny należało zostać pozytywnie ocenionym za wszystkie rodzaje działalności obowiązujące pracownika.

Podczas opracowywania formularza „*Informacja o działalności nauczyciela akademickiego za lata akademickie 2013/2014 - 2014/2015 (2011/2012 - 2014/2015 dla profesorów mianowanych)*” członkowie Senackiej Komisji ds. Oceny Kadr mieli świadomość zróżnicowania specyfiki wydziałów oraz form działalności poszczególnych grup nauczycieli. Dlatego kryteria przyznawania ocen za osiągnięcia w określonych rodzajach działalności odniesiono do średnich

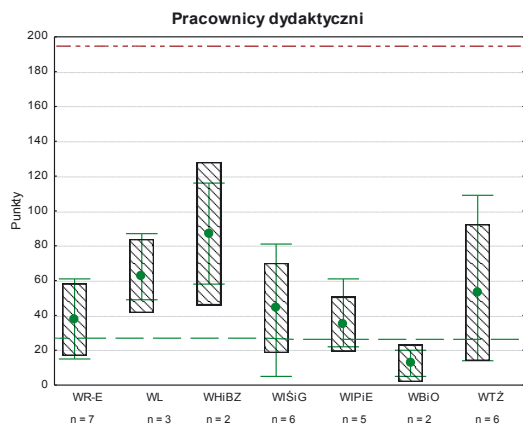
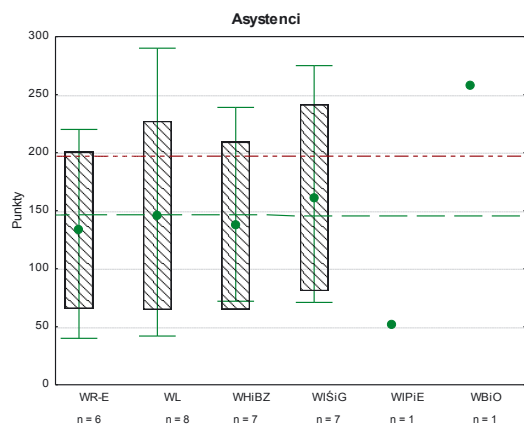
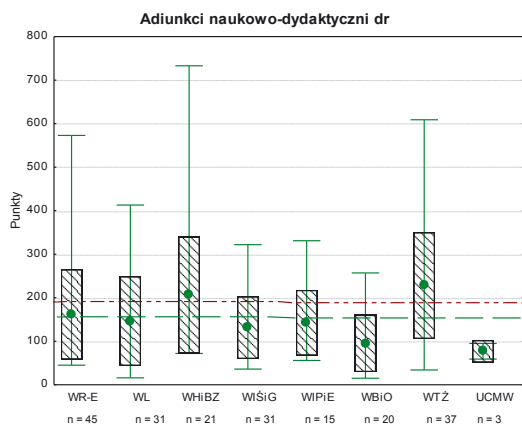
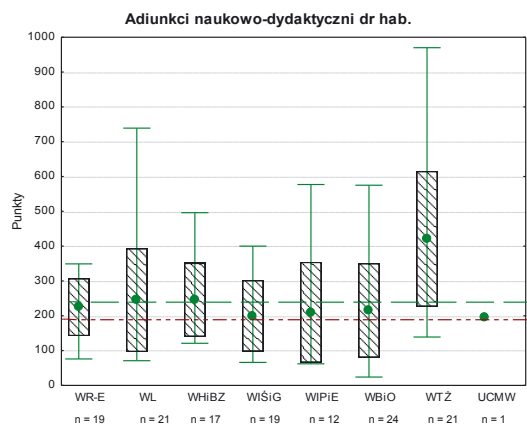
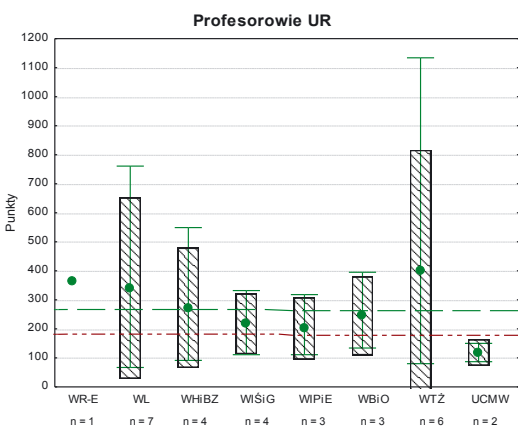
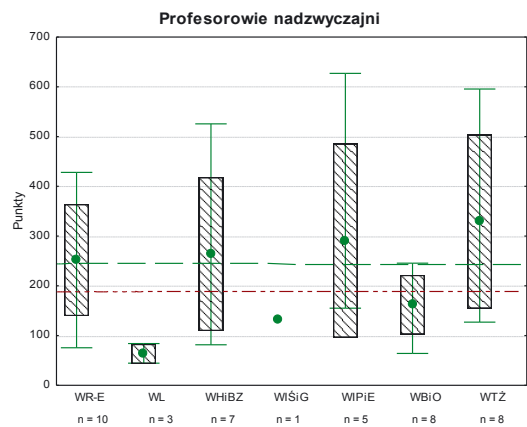
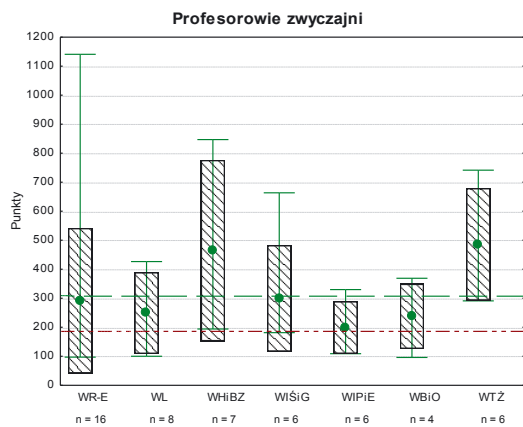
punktacji odpowiadających konkretnym stanowiskom na wydziałach.

Ocenę samodzielnych nauczycieli akademickich oraz pracowników jednostek ogólnouczeniowych (Studium Języków Obcych, Studium Wychowania Fizycznego, Biblioteka Główna i Centrum Kultury i Kształcenia Ustawicznego), a także Uniwersyteckiego Centrum Medycyny Weterynaryjnej UJ - UR, przeprowadziła Senacka Komisja ds. Oceny Kadr. Natomiast pozostałych niesamodzielnych nauczycieli akademickich oceniali komisje wydziałowe, a następnie Komisja Senacka oceny te weryfikowała i zatwierdzała. Stroną administracyjną oceny zajmował się Dział Spraw Pracowniczych i Socjalnych.

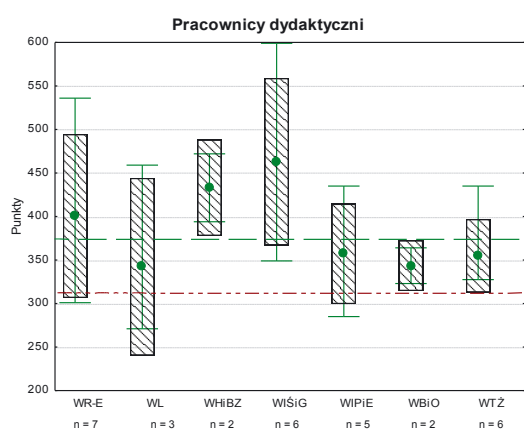
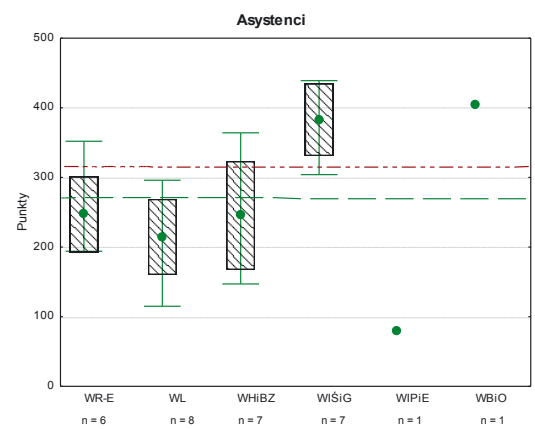
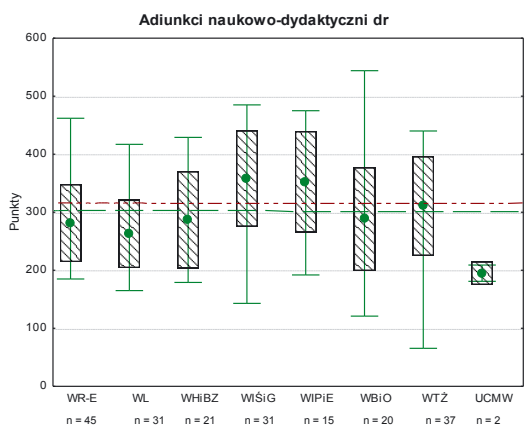
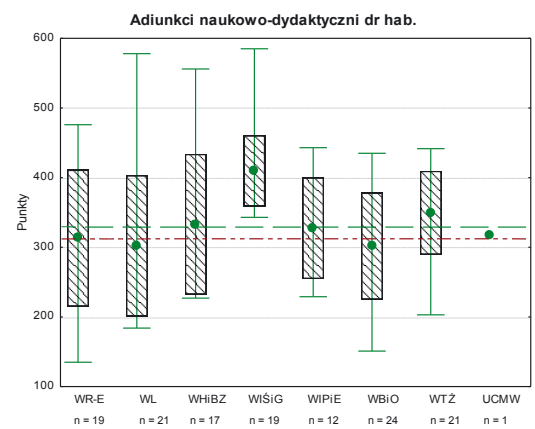
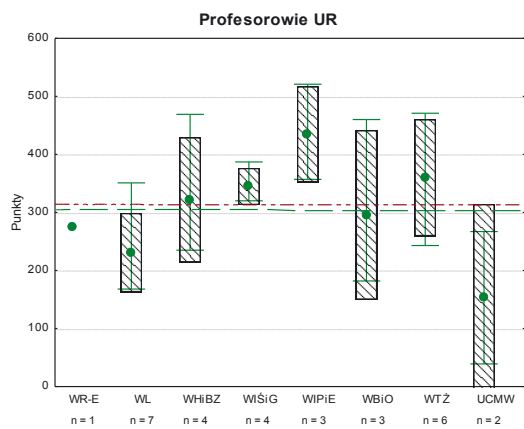
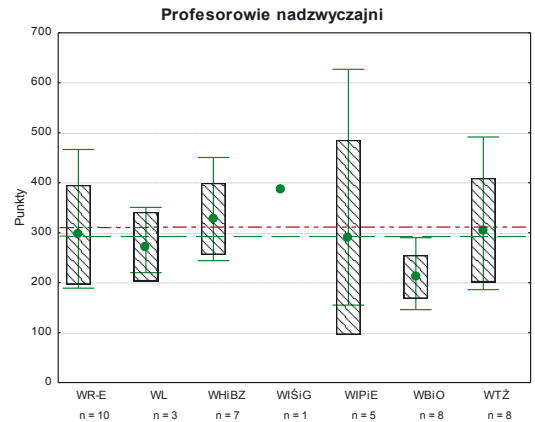
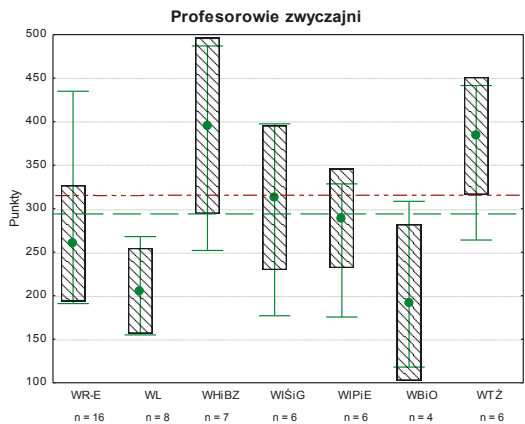
### Wyniki

Ogółem oceniono 600 osób, w tym 261 samodzielnych pracowników naukowo-dydaktycznych. Całkowitą ocenę negatywną uzyskało 6 osób, w tym trzech samodzielnych i trzech niesamodzielnych nauczycieli akademickich. Pozostałe osoby oceniono pozytywnie. Spośród ocen negatywnych, 5 spowodowanych było brakiem spełnienia

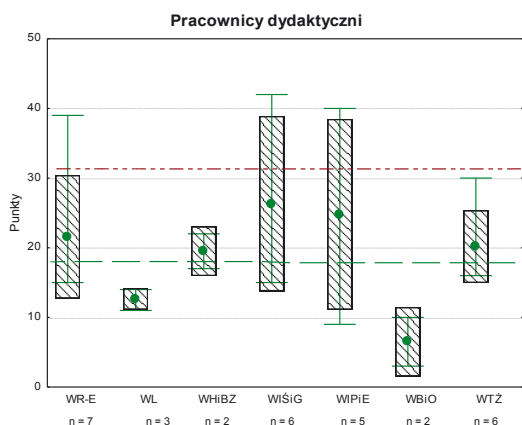
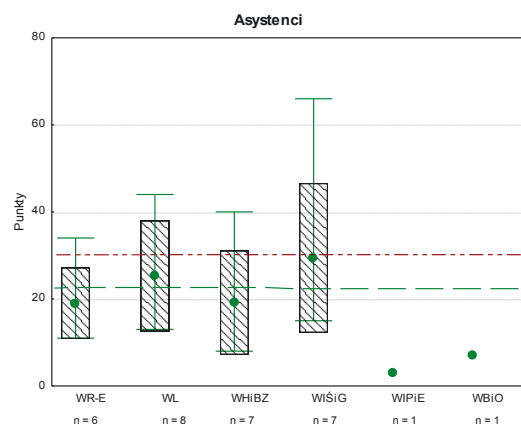
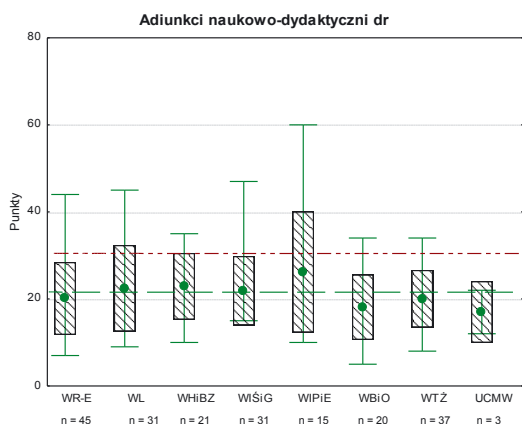
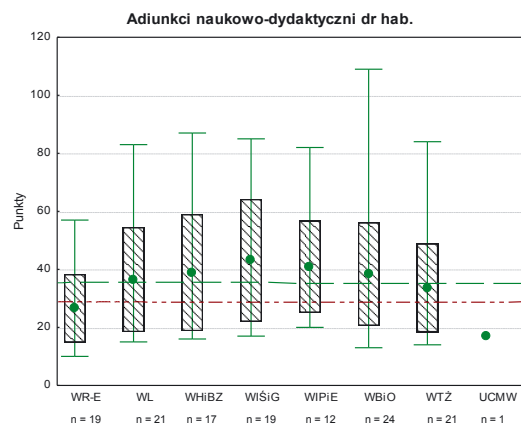
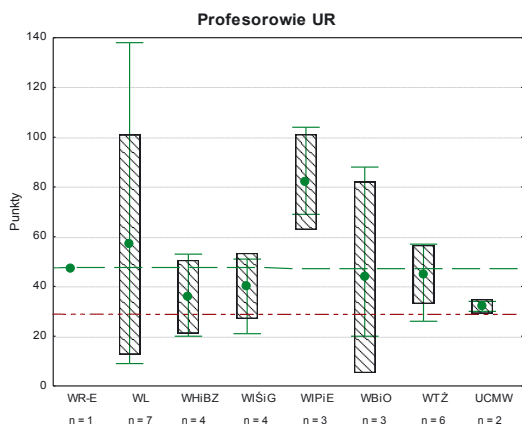
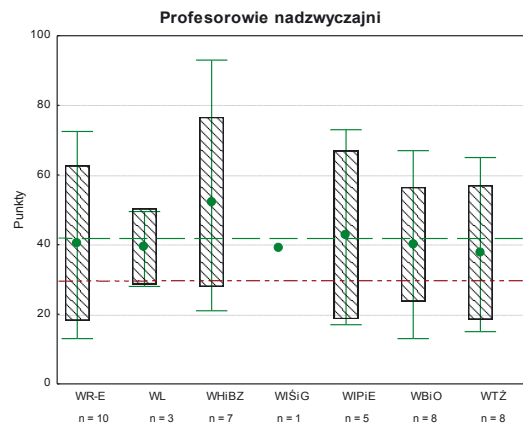
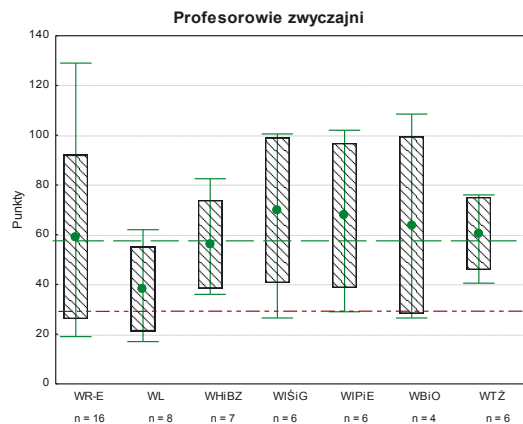




Rys. 4. Wyniki oceny działalności naukowej i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych nauczycieli akademickich UR zatrudnionych na poszczególnych wydziałach. Oznaczenia: • – średnia liczba punktów, ramki – odchylenia standardowe, wąsy – wartości min-max, linie przerywane długie oraz krótkie odpowiednio: wartości średnie wyliczone dla wszystkich zatrudnionych na danym stanowisku w UR i dla wszystkich nauczycieli akademickich Uczelni.



Rys. 5. Wyniki oceny działalności dydaktycznej nauczycieli akademickich UR zatrudnionych na poszczególnych wydziałach. Oznaczenia: • – średnia liczba punktów, ramki – odchylenia standardowe, wąsy – wartości min-max, linie przerywane długie oraz krótkie odpowiednio: wartości średnie wyliczone dla wszystkich zatrudnionych na danym stanowisku w UR i dla wszystkich nauczycieli akademickich Uczelni.



Rys. 6. Wyniki oceny działalności organizacyjnej nauczycieli akademickich UR zatrudnionych na poszczególnych wydziałach. Oznaczenia: • – średnia liczba punktów, ramki – odchylenia standardowe, wąsy – wartości min-max, linie przerywane długie oraz krótkie odpowiednio: wartości średnie wyliczone dla wszystkich zatrudnionych na danym stanowisku w UR i dla wszystkich nauczycieli akademickich Uczelni.

kryterium wymaganego za działalność naukową, a jedna powstała na skutek negatywnej oceny działalności organizacyjnej. Szczegółowe zestawienie w tym względzie przedstawia tabela 1. W kolejnych tabelach 2-10 zebrano wyniki oceny działalności naukowej pracowników poszczególnych wydziałów oraz Uniwersyteckiego Centrum Medycyny Weterynaryjnej UJ-UR i jednostek ogólnuczelnianych, przy czym należy zaznaczyć, że do przedstawienia informacji o działalności naukowej nie byli zobligowani pracownicy dydaktyczni. W związku z tym, że niektórzy takie dane podali to umieszczono je w tabelach, nie są to jednak informacje pełne. Następną grupą tabel (11-19) prezentuje zestawienie liczby nauczycieli akademickich, z podziałem na stanowiska, zatrudnionych w poszczególnych wydziałach i w UCMW oraz jednostkach ogólnuczelnianych, którym przyznane zostały określone oceny w trzech kategoriach działalności. Ostatnia tabela (tab. 20) mieści średnią punktację za powyższe działalności na danym stanowisku w całej Uczelni oraz na wszystkich stanowiskach zajmowanych przez nauczycieli akademickich UR

### Analiza wyników

W celu zobrazowania rozkładu punktów uzyskanych za działalność naukową wraz z osiągnięciami w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych przez wszystkich ocenianych nauczycieli akademickich wykonano rysunek 1. Widać na nim m.in., że najwięcej osób w całej Uczelni, bo prawie 10 proc., uzyskało od 75 do 99 pkt. Około 7 proc. pracowników zgromadziło mniej niż 25 punktów, a udział osób które zebrały 375 i więcej punktów w sumie nie przekracza 10 procent.

Na kolejnych dwóch wykresach (rys. 2 i 3), w analogiczny sposób przedstawiono dystrybucję punktacji za działalność dydaktyczną i organizacyjną. Znamienne jest to, że o ile w przypadku działalności naukowej i organizacyjnej, liczba ocenianych, którzy uzyskali wyniki znacznie przewyższające wartości średnie (por. tab. 20) jest znacząca,

to w odniesieniu do działalności dydaktycznej tylko 9 ocenianych osiągnęło punktację powyżej 1,7 wartości średniej, co było warunkiem uzyskania oceny 5 za tę działalność. Powyższe kryterium, z perspektywy dokonanej oceny wydaje się zbyt wysokie, trzeba jednak mieć na względzie to, że ustalone ono zostało *a priori* na długo przed przeprowadzeniem oceny, kiedy nie był jeszcze znany rozkład punktacji uzyskanej za osiągnięcia pracowników.

Następne rysunki typu ramka - wąsy podzielono na trzy grupy, w których zaprezentowano porównawcze zestawienia średniej liczby punktów za poszczególne rodzaje działalności uzyskanych przez nauczycieli akademickich zatrudnionych na wydziałach i w UCMW ze względu na zajmowane stanowiska. Przykładowo, z analizy pierwszej grupy (rys. 4) dotyczącej działalności naukowej i w zakresie podnoszenia kwalifikacji zawodowych wynika, że na wszystkich wydziałach adiunkci naukowo dydaktyczni z habilitacją uzyskali większą średnią liczbę punktów niż średnia uczelniana dla wszystkich stanowisk, a najlepszy wynik w tym względzie dotyczy adiunktów z Wydziału Technologii Żywności. Również rozrzut punktacji reprezentowany przez odchylenie standardowe (ramka) i wartości min – max. (wąsy) są na tym wydziale największe. Kolejne grupy wykresów (rys. 5 oraz 6) w podobnej formie prezentują osiągnięcia z zakresu działalności dydaktyczno – wychowawczej i organizacyjnej.

Na podstawie informacji zebranych podczas przeprowadzonej w 2016 roku oceny nauczycieli akademickich Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie można stwierdzić, że w okresie, którego ocena ta dotyczyła nastąpił znaczący rozwój kadry naukowo-dydaktycznej. Szczególnie pozytywna jest rosnąca liczba uzyskiwanych stopni naukowych doktora habilitowanego. Podstawą tego rozwoju była głównie działalność naukowa, co znalazło odzwierciedlenie w wysokiej punktacji. Znaczne są również osiągnięcia pracowników w działalności dydaktyczno-wychowawczej. Oprócz realizowania

procesu dydaktycznego, często w wymiarze przekraczającym pensum, wielu z nich opracowuje nowe programy lub modyfikuje istniejące, udziela się w działalności naukowej studentów, a niektórzy piszą skrypty. Ogólnie nauczyciele akademicy w naszej Uczelni są wysoko oceniani w zakresie prowadzenia zajęć dydaktycznych przez przełożonych, o czym świadczą wyniki hospitacji oraz przez studentów, co z kolei wynika z ankiet studenckich. Liczni pracownicy angażują się w działalność organizacyjną, najczęściej na rzecz macierzystych wydziałów, ale jest również wielu, którzy aktywnie działają na szczeblu Uczelni oraz poza nią.

Wciąż utrzymuje się jednak pewne zróżnicowanie pomiędzy wydziałami, tak pod względem działalności naukowej jak i dydaktycznej i organizacyjnej. Zapewne po części ma to związek z różną ich specyfiką, ale bez wątpienia istotną rolę odgrywa tu także indywidualna aktywność poszczególnych pracowników. Jest to wyraźnie widoczne gdy porówna się średnie arytmetyczne i wartości miar rozproszenia punktacji w poszczególnych grupach na różnych wydziałach oraz ich zakresy w obrębie tych samych stanowisk. Są w naszej Uczelni nauczyciele akademicy przodujący w publikowaniu swoich prac w renomowanych czasopismach czy też patentujący lub wdrażający swoje osiągnięcia, jak również stosunkowo liczna grupa osób, którzy prezentację swojej działalności naukowej ograniczają do lokalnych konferencji i czasopism lub monografii o ograniczonym zasięgu. Obecnie, chcąc powiększać renomę naszej Uczelni i zdobywać w terminie kolejne awanse naukowe osoby te powinny znacząco zaktywizować swoją działalność, szczególnie w obszarze naukowym. Pozytywnym symptomem w tym aspekcie wydaje się być relatywnie wysoka punktacja uzyskana za działalność naukową przez adiunktów na wydziałach Technologii Żywności oraz Hodowli i Biologii Zwierząt.

Opracowanie:

Prof. dr hab. inż. Krzysztof Surówka  
Przewodniczący Senackiej Komisji  
ds. Oceny Kadry

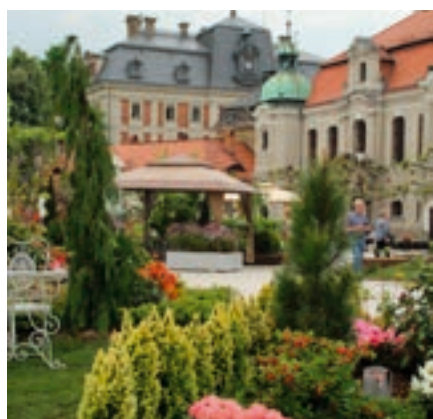


# Pracownicy i dyplomanci Katedry Dendrologii i Architektury Krajobrazu w Pszczynie

**Pszczyna, DAISY DAYS, maj 2016 r.**

Pszczyna – to jedno z piękniejszych miast południowej Polski, przyciągające miłośników historii, architektury i zabytkowych parków, w ostatnich latach zyskało jeszcze jedną atrakcję. W 2012 r. zgodnie z przyjętą strategią rozwoju miasta, Księżna Daisy – żona księcia Jana Henryka XV właściciela ogromnych majątków na Dolnym i Górnym Śląsku, w tym dóbr pszczyńskich, stała się oficjalną ikoną miasta. Wprowadziła Maria Teresa Oliwia Cornwallis-West – rodowita Angielka (zwana Księżną Daisy von Pless) spokrewniona z dworem panującym w Wielkiej Brytanii, po rozwodzie w 1923 roku z księciem von Hochberg, opuściła Pszczynę na zawsze (swoje życie zakończyła w Książu) i nie wiemy dokładnie jaki wpływ wywarła na obraz pałacu, parku i miasta, ale pamięć o niej pozostała na ziemi Pszczyńskiej żywa do dzisiaj.

Pracownicy wówczas jeszcze Wydziału Ogrodniczego AR w Krakowie już w końcu lat 80-tych ubiegłego wieku rozpoczęli badania dendrologiczne w parku zamkowym i w terenach zieleni Pszczyny. Obecnie w mieście i jego okolicach odbywają także swoje zajęcia studenci



*Pszczynski Rynek – Ogrodowe wielowyspie, fot. Piotr Muras*

kierunków: Ogrodnictwo, Sztuka Ogrodowa i Architektura Krajobrazu. Swoje prace dyplomowe realizują tutaj także dyplomanci KDiAK pod opieką **dr hab. inż. Małgorzaty Frazik-Adamczyk** i **dr hab. inż. Piotra Murasa**. Efektem są inwentaryzacje dendroflory Parku Zamkowego, a także pełna inwentaryzacja rodzaju *Rhododendron* w parku, mieście i na cmentarzach Pszczyny. W ostatnich latach powstały także pod opieką **dr inż. arch. Magdaleny Swaryczewskiej** i **dr inż. arch. Leszka Byliny** prace dyplomowe z zakresu architektury krajobrazu. Praca inżynierska: *Projekt rekompozycji terenu przed stajniami książęcymi w Pszczynie*, wykonana przez **Agatę Gackowską** na kierunku Architektura Krajobrazu pod opieką **dr hab. inż. Piotra Murasa** i **dr inż. arch. Leszka Byliny**, została przekazana Zarządowi Zieleni Miasta Pszczyna.

W tegorocznych obchodach DAISY DAYS, wzięli udział także pracownicy KDiAK. Już 19 maja 2016 r. ramach cyklu wykładów otwartych *Studium muzealne* organizowanych przez Muzeum Zamkowe w Pszczynie wykład: *O różanecznikach i azaliach - jak książęce skarby zawędrowały pod strzechy*, wygłosił **dr hab. inż. Piotr Muras**. W dniach 20-22 maja br. najważniejszym wydarzeniem były niewątpliwie OGRODY DAISY organizowane pod honorowym patronatem Związku Szkółkarzy Polskich we współpracy ze szkółkarzami z regionu południowej Polski. W piątek 20 maja, gdy trwały gorączkowe prace zmieniające zabytkowy pszczyński rynek w bajkowe, zaaranżowane małą architekturą i pełne roślin ogrodowe-wielowyspie, [fot. 1] odbyła się w nowo wyremontowanych Stajniach Książęcych skierowana dla urzędników samorządowych konferencja, którą zorganizowały Urząd

Miejski w Pszczynie i Agencja Promocji Ziemi Pszczyńskiej. Konferencję poświęconą roli roślin ozdobnych w terenach zieleni miejskiej, ich doboru, zaleceniom jakościowym i pielęgnacji prowadziła **Marta Wesołowska** – kierownik Referatu Promocji Miasta. Patronem wydarzenia był Związek Szkółkarzy Polski, a jego członkowie byli też głównymi prelegentami. Wykład specjalny przygotowany przez **dr hab. inż. Piotra Murasa** i **dr inż. Magdaleny Nawrotek** (KDiAK): *Drzewo w mieście – dobór, sadzenie i pielęgnacja w aspekcie zmian klimatycznych* wygłosił **Piotr Muras**.

DAISY DAYS, jako niezwykle i niepowtarzalne wydarzenie artystyczno-kulturalne, którego animatorzy uwzględniają bliskość i duży potencjał wielu gospodarstw szkółkarstwa ozdobnego z rejonu pomiędzy Pszczyną i Bielsko-Białą jest dla Uniwersytetu Rolniczego ważnym wydarzeniem, min. dla zachowania związków pomiędzy Uczelnią i bardzo licznym gronem naszych absolwentów. Dni Daisy stają się także okazją do zaprezentowania dorobku naukowego pracowników, pochwalenia się pracami naszych absolwentów oraz nawiązania współpracy z władzami samorządowymi.

*Opracowanie: dr hab. inż. Piotr Muras*



*Wykład dr. hab. inż. Piotra Murasa, fot.: Ewa Kapica*

# X Jubileuszowa Wystawa Polskiego Bydła Czerwonego w Szczyrzycu

Szczyrzyc, 4-5 czerwca 2016 r.

Polskie bydło czerwone (pc) odradza się jak przysłowiowy Feniks z popiołów i jest dowodem na to, że zamiłowanie ludzi do hodowli i ich solidna systematyczna praca wcześniej lub później przynosi pozytywne efekty. Do szczęśliwych należy też zaliczyć fakt, że mimo prób zaniechania lub przeniesienia wystawy krajowej pc ze Szczyrzycy do Ludźmierza, przetrwała ona zawirowania dziejowe i odbyła się po raz dziesiąty właśnie w Szczyrzycu, gdyż miejsce posiada wspaniałą tradycję wystawienniczą, sięgającą międzywojnia. Miałem zaszczyt i przyjemność brać udział w powojennych wystawach towarzysząc **mgr. Janowi Bujwidowi** uznanemu seniorowi hodowli bydła pc., **prof. Juliuszowi Jakóbcowi** ówczesnemu pracownikowi naukowemu Wyższej Szkoły Rolniczej w Krakowie i równocześnie v-ce dyrektorowi

naukowemu Instytutu Zootechniki w Polsce oraz mojemu ojcu **inż. Stanisławowi Szarkowi** pracownikowi Małopolskiej Izby Rolniczej. W tamtym okresie polskie bydło czerwone było zrejonizowane na terenie całej Polski i liczyło 25 proc. populacji bydła w kraju. Warto przypomnieć, że wówczas wystawy w Szczyrzycu były połączone z aukcjami głównie buhajków zarodowych, ale także jałowic i krów. Pamiętam Wystawę w 1968 r. na której wystawiono ponad 100 buhajków pc, które poprzez aukcję rozprzedano na teren całej Polski (Staliński Z., Karłowicz W. i Jan Szarek, 1968, *Wstępna analiza związku między wystawową a handlową oceną buhajów*). Pamiętam także owocną działalność hodowlaną nad bydłem pc **dr. inż. Stanisława Pisulewskiego** – ówczesnego dyrektora Hodowli Zarodowej w Krakowie,

**mgr. Romana Głusia, inż. Jerzego Matykiewicza, Mieczysława Kapery, inż. Władysława Kolarczyka, mgr. inż. Jana Macki, dr. inż. Stanisława Staszczaka** i wielu innych. W ówczesnych latach znane były kilkupokoleniowe rodzinne hodowle bydła pc m.in.: O.O. Cystersów ze Szczyrzycy, Drożdów, Stawarów i Romerów z Jodłownika, Bartosich i Czerwińskich z Gruszowa, Bielów z Krzesławic, Stojków z Komornik, Bujwidów z Wolicy Raciechowickiej, Macków z Tymbarku itp.

Obecnie wyróżniające się hodowle pc to hodowle: **Jana Solarczyka** z Wróblówki, **Piotra Rydla** z Rumian, **Antoniego Sukty** z Poręby, **Marka Kuśnierza** z Zalesia, PAN z Popielna i OHZ z Przyrzeczyn Zdroju itp.

Jako komisarz Wystaw od I do X zobowiązany jestem stwierdzić, że obserwowałem



Typowa krowa polskiego bydła czerwonego

Tabela 1. Championki i Super Championki X Jubileuszowej Wystawy w Szczyrzycu.

| Lp | nr kat | Nazwa i nr zwierzęcia    | Ogólna ocena | Wystawca                                   |
|----|--------|--------------------------|--------------|--|
| 1  | 1      | Wierzba PL005370020054   | 87           | <b>Agnieszka Cabała</b> z Podpłopienia     |
| 20 | 26     | Barwa PL005297837797     | 86           | <b>Jan Solarczyk</b> z Wróblówki           |
| 27 | 36     | Prima PL005269153214     | 86           | <b>Jadwiga i Jan Litwin</b> z Czarnej Góry |
| 35 | 51     | Biza PL005297837735      | 87           | <b>Jan Solarczyk</b> z Wróblówki           |
| 51 | 75     | Iskra 150 PL005244580288 | 87           | <b>GR O.O. Cystersów</b> ze Szczyrzycy     |
| 56 | 83     | Belinda PL005201307248   | 87           | <b>Edward Solarczyk</b> z Czarnego Dunajca |
| 67 | 97     | Pola PL005214492931      | 86           | <b>Paweł Poręba</b> z Zamieścia            |
| 71 | 106    | Winocha PL005160366195   | 88           | <b>Wojciech i Ewa Łukasz</b> z Krempach/*  |
| 70 | 105    | Pyza PL005192540808      | 87           | <b>Józef Król</b> z Męciny/**              |

/X<sup>iXX</sup> - Super Championki X Jubileuszowej Wystawy/\* - program doskonalenia rasy/

\*\* - program ochrony zasobów genetycznych

Szczegółową charakterystykę jałowic i krów podano w Katalogu Wystawy

z każdą następną wystawą wyraźny postęp w przygotowaniu zwierząt do prezentacji. Na szczęście nie zdarzają się już przypadki, że zwierzęta prosto z pastwiska były przywożone na wystawę. Kolejne wystawy zarówno od strony organizacyjnej jak i merytorycznej przeprowadzane były na wysokim poziomie fachowym przez pracowników Przedstawicielstwa Federacji – **mgr. Wojciecha Rasińskiego** i **mgr. Piotra Kowola**. Nie musimy się martwić o przyszłość hodowli polskiego bydła czerwonego, bo istnieje zapotrzebowanie na jałowice tej rasy w kraju i zagranicą. **Piotr Rydel** sprzedał ze swojej hodowli kilkadziesiąt jałowic i krów do Niemiec. **Marek Kuśnier** podobnie sprzedał partię jałowic i krów pc do jednego z parków krajobrazowych w ostatnim roku. Odebrałem też kilka telefonów z prośbą o informację, gdzie można nabyć krowy i jałowice pc. Warunkiem dalszego rozwoju hodowli tej wspaniałej jedynej rasy rodzimej jest przywrócenie i nadanie właściwej rangi pasterstwu w Polsce Południowej, m.in. wypasu polskiego bydła czerwonego na halach Gorców i Pienin.

Na Wystawę do Szczyrzycy w 2016 r. Hodowcy przywieźli 79 krów i jałowic pbc a w tym 10 jałowic w wieku 12-16 m-cy, 8 jałowic w wieku 17-20 m-cy, 4 krowy w I laktacji z programu doskonalenia rasy (pdr), 8 krów w I laktacji z programu ochrony zasobów genetycznych (pozg), 5 krów w II

i III lak. pdr, 17 krów w II i III lak. z pozg, 4 krowy w IV i V lak. z pdr, 12 krów w IV i V lak. z pozg, i 11 krów w VI i wyższej lak. Krowy i jałowice oceniła Komisja w składzie: **prof. Jan Trela** – przewodniczący, **Roman Januszewski** – sędzia główny, **Wiesław Iwulski** – asystent sędziego.

*Opracowanie: prof. dr hab. inż. Jan Szarek, komisarz X Jubileuszowej Krajowej Wystawy Polskiego Bydła Czerwonego w Szczyrzycu.*

*Zdjęcia: mgr Krzysztof Paleczny  
Instytut Zootechniki w Balicach*

Serdeczne gratulacje pragnę przekazać wszystkim Organizatorom X Wystawy, a szczególnie: **Wacławowi Drożdżowi** – prezesowi KZHBPC, **Pawłowi Stawarzowi** – wójtowi Gminy w Jodłowniku i oraz **Panom Wojciechowi Rasińskiemu** i **Piotrowi Kowolowi** z Przedstawicielstwa Federacji w Zabierzowie.



*Prof. Robert Eckert – wicedyrektor IZ w Balicach wręcza podziękowania dla organizatorów 10-ciu kolejnych wystaw pc w Szczyrzycu*



# Drugie Święto Kwitnącej Truskawki

Galica Murowana, 10 czerwca 2016 r.

Już po raz drugi do Galicy Murowanej na zaproszenie Polskiego Instytutu Truskawki (PIT), który tworzą firma StanFlex i Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, przyjechali producenci truskawki, aby podsumować rok działalności. Przypominamy, że PIT powstał 29 czerwca 2015 r i wówczas założono, że co roku odbywać się będą spotkania, mające na celu wymianę doświadczeń.

W minionym roku PIT zorganizował serię szkoleń dla producentów truskawki, które prowadzili pracownicy naukowcy UR. Podobnie było i tym razem. W sekcji naukowej zaprezentowano 12 referatów, których rozległa tematyka ogniskowała się zarówno wokół zagadnień związanych z fizyczną produkcją owoców, czyli przygotowaniem podłoża, ochroną, nawożeniem, warunkami optymalnego przechowywania, jak i sposobom pozyskiwania środków unijnych na założenie i rozwój plantacji.

W przerwach uczestnicy spotkania mogli zapoznać się z dwoma doświadczalnymi

planacjami prowadzonymi przez PIT. Jedna chroniona była wyłącznie daszkami, druga wyposażona była w dodatkowe boczne kurtyny, wspomagające utrzymanie optymalnej temperatury.

Najważniejszym punktem spotkania stała się jednak dyskusja, w której praktycy mogli zadawać pytania naukowcom. To kolejny przykład wdrażania w czyn strategii UR, którą można scharakteryzować określeniem **NAUKA-PRAKTYCE**.

W spotkaniu uczestniczył **prof. dr hab. inż. Stanisław Mazur** – dziekan Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa oraz **dr hab. Iwona Domagała-Świątkiewicz** – prodziekan ds. Studenckich i Dydaktycznych BiO. Wyrażali oni radość, że inicjatywa ta, tak wspaniale się rozwija.

*Opracowanie: dr Szymon Sikorski*

**Polski Instytut Truskawki powstał 29 maja 2015 r. w Galicy Murowanej na terenie Stacji Doświadczalnej Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa UR. W projekt ten zaangażowane są dwa podmioty Uniwersytetu Rolniczego i firma StanFlex – kierowana przez Stanisława Bogdała. Współpraca ta ma na celu opracowanie optymalnych w naszym klimacie naukowych metod produkcji truskawki deserowej. Działania naukowe koordynuje dr hab. inż. Monika Bieniasz z Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa. Należy podkreślić, że w zespole tym pracują również osoby z innych wydziałów UR. Firma StanFlex odpowiada za wdrożenia rozwiązań naukowych do praktyki oraz pozyskiwanie praktycznych informacji i uwag od producentów.**

współpraca z gospodarką



*Od lewej: Stanisław Bogdał – właściciel firmy StanFlex i prof. dr hab. inż. Stanisław Mazur – dziekan Wydziału Biotechnologii i Ogrodnictwa*



*Święto, jak zwykle, stało się okazją do wymiany doświadczeń*



# VII posiedzenie Konwentu Uniwersytetu Rolniczego

Podzamcze Chęcińskie, 24 czerwca 2016 r.

Na zaproszenie **Adama Jarubasa – marszałka województwa świętokrzyskiego** ostatnie w tej kadencji posiedzenie Konwentu UR odbyło się w województwie świętokrzyskim. Witając zebranych marszałek podkreślił związki województwa z Uczelnią, które nie ograniczają się wyłącznie do stale rosnącej liczby studentów, lecz podkreślił również znaczenie rozwijającej się współpracy naukowej. Do tego tematu nawiązał również **JM Rektor UR profesor Włodzimierz Sady**, który zaznaczył, że kooperacja z krakowskim ośrodkiem akademickim może jeszcze się poszerzyć, dzięki potencjałowi Związku Uczelni Innotechkrak.

W części merytorycznej zebrani wystąpili wystąpienia **Tomasza Hałatkiewicza** – dyrektora Świętokrzyskich i Nadnidziańskich Parków Krajobrazowych, poświęconego wypasowi owiec na Podniziu, realizowanego w ramach projektu *Life+*. Zebrani wielokrotnie podkreślali, że działa te zbieżne są z programami realizowanymi w Małopolsce

*VII posiedzenie Konwentu w obiektywie*

i na Śląsku. Dostrzeżono przy tym korzyści wynikające z programu, który tworząc nowe miejsca pracy, rozciąga się poza obszar strictly biologiczny.

W dalszej części wystąpił **Andrzej Pa-cocha** – kierownik Departamentu Rozwoju Obszarów Wiejskich i Środowiska. Dokonał on charakterystyki produkcji rolniczej i ogrodniczej w regionie świętokrzyskim. Zaznaczył, że średni obszar gospodarstw rolnych wynosi tam 4,45 ha, zaś obserwuje się trend polegający na powiększaniu arealu szczególnie przez rolników prowadzących działalność agroturystyczną. Wspomniał także o powstających grupach producenc-kich, które znacząco wpływają na zwiększenie opłacalności produkcji rolnej, zawłaszcza ogrodniczej i rybnej.

Kierunki badań prowadzonych na Wydziałach UR przybliżył zebrany **dr hab. inż. Piotr Bugajski** (pracownik Wydziału Inżynierii Środowiska i Geodezji), pełnomocnik rektora ds. współpracy

z województwem świętokrzyskim. W wystąpieniu często powoływał się na własne doświadczenia i kontakty, gdyż urodził się w dawnym województwie Kieleckim. Oferta badań spotkała się z dużym zainteresowaniem zarówno ze strony **Adama Jarubasa**, jak i **Stanisława Dąbrowy – wicemarszałka województwa śląskiego**.

Kolejnym punktem porządku było wystąpienie **dr. inż. Marcina Kobuszewskiego** – dyrektora Centrum Transferu Technologii UR, poświęcone możliwościom współpracy Uczelni z podmiotami gospodarczymi.

Kończąc zebranie dyskusję zdominowała sprawa retencji wód, gdyż wobec pojawiającego się coraz częściej niedoboru deszczu, polskie rolnictwo może stanąć w niedługiej perspektywie przed koniecznością nawadniania upraw. Ten problem w równej mierze dotyczy Małopolski jak i Świętokrzyskiego.

*Opracowanie: dr Szymon Sikorski*



# Wspieranie rozwoju naukowego i badań przez firmę Novartis



Rozwój nauki jest uzależniony od wielu czynników, wśród których ogromne znaczenie ma możliwość zastosowania wyników badań w praktyce. Dlatego też współpraca z przedsiębiorstwami pozwala na ukierunkowanie badań naukowych i poszukiwanie rozwiązań problemów, które pojawiają się między innymi przy wdrażaniu nowych metod i aparatury.

Uniwersytet Rolniczy zgodnie z zapisanym w Statucie artykule 3. dotyczącym promowania ochrony zdrowia społeczeństwa i ochrony środowiska naturalnego, świadczenia usług badawczych oraz transferu technologii do gospodarki, aktywnie poszukuje przedsiębiorstw chętnych do współpracy.

Katedra Fizjologii i Endokrynologii Zwierząt, jako jednostka nauk podstawowych, ustawicznie stawia nowe wyzwania naukowe i opracowuje projekty badawcze mające na celu rozwiązywanie problemów związanych ze wzrostem i rozwojem organizmu, a także zdrowiem ludzi i zwierząt. Wszystkim badaniom przyświeca idea wykorzystania uzyskanych wyników przez praktykę, a to jest możliwe dzięki spotkaniom takim, jak konferencje i zjazdy naukowe.

Współpraca z firmą farmaceutyczną Novartis rozpoczęła się w 2010 r. przy okazji przygotowań do II Zjazdu Polskiego Towarzystwa Neuroendokrynologicznego, współorganizowanego przez Katedrę Fizjologii i Endokrynologii Zwierząt Uniwersytetu

Firma **Novartis** dostarcza rozwiązania mające na celu zaspokojenie potrzeb i oczekiwań pacjentów oraz ich opiekunów. Koncern Novartis, z siedzibą główną w Bazylei, w Szwajcarii, posiada bogate portfolio produktów leczniczych obejmujące leki innowacyjne i generyczne oraz preparaty okulistyczne. Novartis jest jedyną firmą o zasięgu globalnym, która zajmuje czołową pozycję we wszystkich wymienionych tu obszarach. W 2015 r. grupa Novartis odnotowała sprzedaż netto na poziomie 49,4 mld dol., z czego 8,7 mld dol. przeznaczyła na badania i rozwój. Grupa zatrudnia około 118 tys. pełnoetatowych pracowników, a produkty lecznicze oferowane przez firmę dostępne są w ponad 180 krajach na całym świecie.

Więcej informacji znajduje się na stronie internetowej <http://www.novartis.com>.

współpraca z gospodarką



Rolniczego w Krakowie. Kontakty z przedstawicielami firmy Novartis pozwoliły na dalszą współpracę przy kolejnych projektach badawczych z zakresu neuroendokrynologii. Dyskusja nad możliwością rozwiązywania problemów doprowadziła do opracowania nowych metod diagnostycznych, modeli doświadczalnych, których wciąż brakuje, a także do pogłębienia wiedzy o regulacji mechanizmów wzrostu i rozwoju organizmu.

Dzięki wsparciu takich firm jak Novartis naukowcy mają możliwość prezentacji swoich wyników, konfrontacji i nawiązywania współpracy z innymi ośrodkami naukowymi w kraju jak i poza jego granicami.

*Uczestnicy międzynarodowych konferencji naukowych organizowanych w latach 2010-2016 przez Katedrę i wspieranych przez firmę Novartis*

*Opracowanie:*

*prof. dr hab. Krystyna Pierzchała-Kozieć*



# Warsztaty naukowe z programu CEEPUS

Nitra, 9-11 maja 2016 r.

W ramach projektu *Landscape management – sustainable land use perspectives in the Central European Region* (CIII-CZ-0311-08-1516), studenci studiów magisterskich i doktoranckich Wydziału Inżynierii Środowiska i Geodezji, pod kierunkiem **dr inż. Agnieszki Policht-Latawiec**, uczestniczyli w warsztatach naukowych z programu CEEPUS. Zorganizował je Słowacki Uniwersytet Rolniczy w Nitrze, a dotyczyły one problematyki ochrony wód powierzchniowych oraz metod oceny jej jakości. Oprócz studentów: **Natalii Koczur**, **Pauliny Ranozek**, **Sylwii Regiec**, **Renaty Zbylut** i doktorantów: **Joanny Krużel** i **Łukasza Borka** z Uniwersytetu

Rolniczego w Krakowie w warsztatach uczestniczyli studenci ze Słowackiego Uniwersytetu Rolniczego w Nitrze, z Uniwersytetu im. Mendela w Brnie oraz z Uniwersytetu Oradejskiego w Oradei (Rumunia). Brali oni udział w zajęciach teoretycznych i praktycznych, zapoznali się z aktami prawnymi dotyczącymi jakości wody w: Polsce, na Słowacji, w Czechach i w Rumunii. W ramach nabywania umiejętności praktycznych studenci pobierali próbki wody z rzeki Nitry. Poznali metody oznaczeń podstawowych parametrów fizykochemicznych wody, wykonali pomiary temperatury, odczynu, przewodności elektrolitycznej i stężenia substancji rozpuszczonych

– aparatem SENSION MM 150 oraz mętności pobranej wody – używając aparat firmy HACH LANGE. W laboratorium zapoznali z możliwościami nowego urządzenia (DR 6000 Spektrofotometr UV-VIS z technologią RFID), a następnie wykonali kolejne analizy parametrów chemicznych i biologicznych wody.

W ramach integracji kulturowej uczestnicy mogli zobaczyć miejsca związane z tradycją, kulturą oraz historią Nitry i Bratysławy. Zdobyta wiedza i umiejętności zostaną wykorzystane do przygotowania prac dyplomowych.

*Opracowanie:*

*dr inż. Agnieszka Policht-Latawiec*



*Pamiątkowe zdjęcie uczestników warsztatów*

# XXXV Ogólnopolska Szkoła Hydrauliki „Współczesne problemy hydrauliki koryt otwartych”

Krasiczyn, 9-12 maja 2016 r.

Pod auspicjami Komitetu Gospodarki Wodnej Polskiej Akademii Nauk, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie zorganizował w Krasiczynie (Podkarpacie) XXXV Ogólnopolską Szkołę Hydrauliki (OSH2016). Patronat nad Szkołą objęli: JM Rektor UR w Krakowie oraz Wojewoda Podkarpacki. Szkoła została zorganizowana przy współudziale Regionalnego Zarządu Gospodarki Wodnej w Krakowie.

Tematyka tegorocznej Szkoły obejmowała zagadnienia związane z hydrauliką koryt otwartych w warunkach powodziowych, wpływem retencji powodziowej zbiorników na transformację fali powodziowej, zastosowaniem hydroinformatyki w inżynierii rzecznej, zmianami hydro-morfologicznymi koryt aluwialnych i zwirodennych w warunkach powodzi, eko-hydrauliką w warunkach gospodarczego



Przełławka dla ryb na rzece San w Przemyślu: góra: bystrotok – widok z lewego brzegu, dół: przełławka ryglowa – widok z prawego brzegu.



Uczestnicy Szkoły

wykorzystania rzek, zarządzaniem obszarami chronionymi w korytach rzecznych w warunkach powodziowych. Celem Szkoły było upowszechnianie wyników aktualnych prac badawczych z tego właśnie zakresu.

W ramach konferencji ogłoszono 7 wykładów, 25 referatów oraz zaprezentowano 7 posterów. Zaproszenie do wygłoszenia referatu dotyczącego *Przestrzeni dla Rzeki*, w formie wideokonferencji przyjął specjalista z zakresu gospodarki wodnej z firmy ReQuest, Holandia.

Uczestnicy wzięli udział w wycieczce studialnej na przeławkę dla ryb na Sanie w Przemyślu oraz mieli możliwość zaznajomienia się z warunkami jej pracy oraz eksploatacji. Przeławka, która obejmuje całą szerokość koryta powstała po przebudowaniu stopnia wodnego, składa się



Dziedziniec Zamku w Krasiczynie

W Szkole wzięło udział 55 osób, które reprezentowały środowisko akademickie, instytucje państwowe oraz firmy branżowe, m.in.: Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Szkołę Główną Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Politechnikę Warszawską, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Politechnikę Gdańską, Politechnikę Krakowską, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Instytut Budownictwa Wodnego PAN, Instytut Geofizyki PAN, Instytut Meteorologii i Gospodarki Wodnej PIB, Uniwersytet Jagielloński oraz Rejonowy Zarząd Gospodarki Wodnej w Krakowie, WTU Sp. z o.o., DHI.

z przepławki ryglowej i bystrotoku. Dodatkowo obejmuje ujęcie wody i kanał dla kajaków. W ramach wycieczki zaplanowano zwiedzanie głównych zabytkowej części miasta i twierdzy Przemyśl.

Jubileusz XXXV Ogólnopolskiej Szkoły Hydrauliki uczczono sesją, w ramach której przedstawiono historię powstania Szkoły, uhonorowano jej pierwszych organizatorów oraz wspomniano najciekawsze wydarzenia z początkowych edycji. Sesja, która była bogato ilustrowana materiałem zdjęciowym spotkała się z zainteresowaniem i uznaniem uczestników Szkoły.

Opracowanie: dr hab. inż. Leszek Książek,  
prof. dr hab. inż. Wojciech Bartnik,  
dr inż. Jacek Florek

Sponsorami Szkoły obok Komitetu Gospodarki Wodnej Polskiej Akademii Nauk byli: Katedra Inżynierii Wodnej i Geotechniki, Wydział Inżynierii Środowiska i Geodezji Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie oraz firma DHI Polska Sp. z o.o.



# XXI Międzynarodowa Konferencja Naukowa ENVIRO 2016 „Problemy ochrony i kształtowania środowiska”

Wieliczka, 1-3 czerwca 2016 r.

Tegoroczna już XXI Konferencja zorganizowana została przez Katedrę Krajinného Plánovania a Pozemkových Uprav Slowackiego Uniwersytetu Rolniczego w Nitrze, Katedrę Melioracji i Kształtowania Środowiska Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie, Komitet Nauk Agronomicznych II Wydziału PAN oraz Stowarzyszenie Inżynierów i Techników Wodnych i Melioracyjnych. Jej celami były stworzenie forum do prezentacji najnowszych prac i wymiana osiągnięć naukowych partnerów krajowych i zagranicznych, dotyczących współczesnych problemów ochrony i kształtowania środowiska.

W Konferencji uczestniczyli pracownicy nauki z obu uniwersytetów – organizatorów oraz z SGGW w Warszawie, Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, Lublinie i w Poznaniu, Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy i Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie, Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie, Uniwersytetu Gdańskiego i Opolskiego, Uniwersytetu Ekonomicznego w Krakowie, Politechniki Warszawskiej i Krakowskiej oraz z Wyższej Szkoły Inżynieryjno-Ekonomicznej w Rzeszowie. Brali w niej też udział przedstawiciele praktyki melioracyjnej, reprezentujący Małopolski Zarząd Melioracji i Urzędzeń Wodnych, Wielkopolski Zarząd Melioracji i Urzędzeń Wodnych oraz Stowarzyszenie Inżynierów i Techników Wodnych i Melioracyjnych.

W referatach nadesłanych przez ośrodki naukowe zaprezentowano wyniki badań terenowych i laboratoryjnych obejmujące tematykę:

- przyrodniczo-techniczne i gospodarcze uwarunkowania kształtowania i ochrony zasobów wodnych,

- uwarunkowania meteorologiczne, hydrologiczne, hydrogeologiczne i geotechniczne kształtowania zasobów wodnych,
- rolę małej retencji w gospodarowaniu wodą na terenach wiejskich,
- wpływ zagospodarowania zlewni na jakość zasobów wodnych,
- rekultywację i zagospodarowanie terenów zdegradowanych,
- oddziaływanie budowli hydrotechnicznych na stabilność koryt cieków oraz na ilość i jakość wód,
- funkcjonowanie oczyszczalni ścieków w przeciwdziałaniu degradacji zasobów wodnych,
- kształtowanie i rozwój obszarów wiejskich,
- specyfikę szacowania nieruchomości w sąsiedztwie zbiorników wodnych,
- współczesne technologie pozyskiwania danych przestrzennych na potrzeby kształtowania i ochrony środowiska,
- techniki geodezyjne, satelitarne i klasyczne w monitorowaniu budowli hydrotechnicznych,
- geomatykę, zarządzanie obszarami wiejskimi i krajobrazem,
- planowanie i zagospodarowanie obszarów wiejskich.

Na Konferencję zgłoszono ogółem 108 oryginalnych prac naukowych, które zostaną opublikowane w czasopiśmie naukowym: *ACTA Scientiarum Polonorum, Formatio Circumiectus* (38 prac), *Annals of Warsaw University of Life Sciences – SGGW Land Reclamation* (10 prac), *Geomatics, Landmanagement and Landscape* (3 prace), *Inżynieria Ekologiczna* (19 prac) oraz *Journal of Ecological Engineering* (38 prac).

Podczas Konferencji, w której uczestniczyło 150 osób, w tym 11 osób z zagranicy,



Otwarcie Konferencji Enviro 2016

wygłoszono 25 referatów z tego 2 przez pracowników Slowackiego Uniwersytetu Rolniczego oraz zaprezentowano 99 posterów.

W ramach programu uczestnicy, którzy zechcieli zobaczyć Kaplicę św. Kingi i inne, nie mniej piękne miejsca w Kopalni Soli Wieliczka mogli uczestniczyć w jej zwiedzaniu przemierzając wraz z przewodnikiem cieszącą się od lat niesłabnącą popularnością, klasyczną trasę turystyczną. Była to magiczna podróż labiryntem solnych korytarzy, gdzie uczestnicy mogli poznać unikalne pejzaże niezwyklej komór, odkryć tradycję i historię wielickiej kopalni.

Opracowanie:

prof. dr hab. inż. Krzysztof Ostrowski,  
dr inż. Agnieszka Policht-Latawiec,  
dr inż. Wioletta Żarnowiec

W Konferencję, ze wsparciem finansowym, zaangażowały się: Haldex Spółka Akcyjna z siedzibą w Katowicach, FABRYKA ARMATUR JAFAR SA, Pracownia Projektowa PWG-Instal, Zakład Robót Melioracyjno-Kanalizacyjnych HYDROBUD B. Pysz, U. Pysz Sp.J., HYDROZ Sp. z o.o. Sp. Komandytowa, PROMONT MAZANEK – Instalacje przemysłowe, sanitarne i wentylacyjne, VINEW Wojciech Winiarski oraz KB BIURO PROJEKTÓW. Dziękujemy.

# Konferencja naukowa „Pszczoły w środowisku rolniczym”

Kraków, 3 czerwca 2016 r.

Blisko 200. uczestników, zarówno naukowców – w tym przedstawicieli Polskiej Akademii Umiejętności, jak i praktyków przybyło na konferencję poświęconą znaczeniu pszczół w środowisku rolniczym. Zgodnie z założeniami organizatorów konferencja stała się okazją do wymiany doświadczeń z zakresu wpływu czynników zewnętrznych na stan rodzin pszczelich.

Otwierając konferencję **profesor Florian Gambuś – Prorektor ds. Organizacji i Rozwoju Uczelni** podkreślił ogromne znaczenie, jakie dla rozwoju nauki mają kontakty z praktykami. W wystąpieniu odwołał się do wpływu produkcji rolniczej na środowisko, dostrzegając

w niej wieloaspektowych zagrożeń nie tylko dla owadów, ale także dla ludzi.

W pierwszej części konferencji – prowadzonej przez **profesora Mariana Tischera** (na zdjęciu po prawej stronie) naukowcy zdefiniowali kluczowe i krytyczne czynniki mające negatywny wpływ na kondycję rodzin pszczelich. Wiele miejsca poświęcono tematyce ograniczania skutków oddziaływania monokultur wielkoobszarowych, które w połączeniu z nadmierną chemizacją produkcji negatywnie wpływają na dobrostan zapylaczy. Prelegenci zgodnie stwierdzali, że rozdrobnienie małopolskich gospodarstw rolnych stwarza możliwość

utrzymywania bioróżnorodności, która sprzyja owadom.

W drugiej części – której moderatorem był **dr hab. Józef Kania, prof. UR**, głos zabrali praktycy – pszczelarze, którzy nie tylko współuczestniczyli w organizacji konferencji, ale również bardzo czynnie włączyli się do dyskusji. Ta właśnie wymiana doświadczeń i obserwacji stanowiła największą wartość konferencji. Kończąc spotkanie wszyscy wyrazili gotowość do przygotowania i wzięcia udziału w kolejnej konferencji naukowo-praktycznej poświęconej zapylaczom, w tym pszczołom.

*Opracowanie: dr Szymon Sikorski*



*W trakcie Konferencji poruszono szereg ważnych dla pszczelarzy zagadnień. Zaproponowana tematyka zgromadziła bardzo wielu praktyków*

# Międzynarodowa Konferencja Naukowa „Statystyka na usługach gospodarki żywnościowej III”

Wisła, 8-10 czerwca 2016 r.

Z okazji jubileuszu 60-lecia Katedry Statystyki i Ekonometrii odbyła się w Wisłej, Międzynarodowa Konferencja Naukowa zorganizowana przez **prof. dr. hab. Karola Kukułę**. Honorowy patronat nad Konferencją objął JM Rektor UR **prof. dr. hab. inż. Włodzimierz Sady**. Konferencję otworzył **prof. dr. hab. inż. Andrzej Lepiarczyk** – dziekan Wydziału Rolniczo-Ekonomicznego. Następnie **prof. Kukuła** przywitał gości z ośrodków naukowych krajowych i zagranicznych, tj. z Belarusian State Agricultural Academy, SGGW w Warszawie, IERiGŻ-PIB w Warszawie, UR w Krakowie, UEK w Krakowie, UE w Poznaniu, UP w Poznaniu, US w Szczecinie, ZUT w Szczecinie, UE w Katowicach, UWM w Olsztynie, PWSZ w Gorzowie Wielkopolskim, IUNG w Puławach, WSOWL we Wrocławiu, MWSE w Tarnowie oraz z wydawnictwa Wiadomości Statystycznych. Wśród osób obecnych na konferencji było 48 profesorów i doktorów habilitowanych. Konferencję zaszczyliło swą obecnością wielu wybitnych specjalistów w swoich dziedzinach, pełniących także rozmaite funkcje organizacyjne i publiczne, co wniosło dodatkowy, trudny



Od lewej prof. dr. hab. inż. Bogdan Kulig,  
prof. dr. hab. inż. Andrzej Lepiarczyk  
i prof. dr. hab. Karol Kukuła

do przecenienia, wymiar praktyczny wymiany poglądów odnośnie perspektyw rozwoju rolnictwa i kwestii metodologicznych badań nad tym problemem.

Obrady rozpoczęło wystąpienie **profesora Karola Kukuły**, który przedstawił historię Katedry. Zaprezentował on postać założyciela Katedry, **prof. zw. dr. hab. Stefana Schmidta**, który kierował Katedrą w latach 1956-1960 i był osobowością o wybitnych osiągnięciach naukowych. Ponadto nakreślone zostały sylwetki kolejnych kierowników: **doc. dr. hab. Jana Pocięja** (1964-1987) i **prof. dr. hab. Karola Kukuły** (od 1992).

Następnie wygłoszono 30 referatów. Tematyka była w dużej mierze kontynuacją zagadnień z poprzednich konferencji z lat 2006 i 2012, prezentowanych przez matematyków, ekonometryków, statystyków i ekonomistów rolnych.

Przedstawiciele wszystkich ośrodków zgodnie uznali, że tematy poruszane



Gratulacje składa prof. dr. hab. Jarosław Gołbiewski – dziekan Wydziału Nauk Ekonomicznych SGGW w Warszawie

na Konferencji były niezwykle aktualne i służące na dalsze badania, zaś nadesłane artykuły zostały zakwalifikowane do publikacji w wybranych czasopismach: *Acta Scientiarum Polonorum* seria *Oeconomia*, *Metody Ilościowe w Badaniach Ekonomicznych* oraz *Problemy Drobnych Gospodarstw Rolnych*.

Opracowanie: dr inż. Janina Szewczyk  
sekretarz naukowej Konferencji



Dyskusja na sali obrad



# Publiczne obrony projektów studenckich

Kraków, 13 czerwca 2016 r.

Wzorem lat ubiegłych, w Kampusie przy ul. Balickiej 253a odbyły się obrony projektów studenckich z kierunku Geodezja i Kartografia, wykonanych w bieżącym roku akademickim pod kierunkiem **prof. dr hab. inż. Urszuli Litwin**. Gościem honorowym uroczystości był **dr hab. inż. Stanisław Małek, prof. UR – Prorektor ds. Nauki, Wdrożeń i Współpracy Międzynarodowej**. Ponadto w obronach udział wzięli: przedstawiciele władz dziekańskich, pracownicy Wydziału Inżynierii Środowiska i Geodezji, przedstawiciele samorządu terytorialnego i mieszkańcy miejscowości, w których znajdują się projektowane tereny i oczywiście dyplomanci. Prezentowane koncepcje projektowe przedstawiały zagospodarowanie przestrzenne terenu przy tamie w Dobczycach oraz założenia dworsko-parkowego w Toporzysku (gmina Jordanów).

W tym roku obronom towarzyszyła wystawa projektów wykonanych w latach 2013-2016 przez kilkuset studentów pod kierunkiem pracowników Katedry Geodezji Rolnej, Katastru i Fotogrametrii: **prof. dr hab. inż. Urszuli Litwin** (kierownik Katedry, prowadzącej przedmiot „Projektowanie

Terenów Osiedlowych”) oraz **dr. inż. arch. Przemysław Bastera** (adiunkta prowadzącego przedmiot „Projektowanie Terenów Zurbanizowanych”). W dniach 10-17 czerwca na wystawie zaprezentowano ponad 60 plansz projektowych (formatu B1 lub większych), w znakomitej większości dotyczących zagospodarowania przestrzennego wsi Strzelce Wielkie (gmina Szczurowa). Przedstawiono koncepcje rewitalizacji przepływającego niegdyś przez całą miejscowość strumienia Młynówka oraz zmian w otoczeniu istniejących obszarów zabudowanych.

Projekty wykonano na podstawie wielopłaszczyznowych badań (wykonanych w ramach grantu – współpracy międzynarodowej), przy wykorzystaniu różnych materiałów geodezyjnych oraz podziale całego terenu projektowanego na mniejsze strefy projektowe. Przedstawienie analiz stanu istniejącego i wyników badań terenowych wraz z ogólnymi wytycznymi stało się etapem poprzedzającym wykonanie projektu koncepcyjnego całego terenu wraz z rozwiązaniami szczegółowymi we wszystkich strefach. Uwagę zwiedzających wystawę przykuła

olbrzymia plansza projektowa (długości około 7 metrów!) przedstawiająca na podkładzie mapy sytuacyjno-wysokościowej w skali 1:500 projekt koncepcyjny centrum miejscowości i otoczenia Młynówki, wraz z wizualizacją całego tego terenu.

We wszystkich projektach wykorzystanie odpowiednich materiałów geodezyjnych przyczyniło się do zlokalizowania oraz zawarcia w dokumentacji poszczególnych form krajobrazowych, a nawet odtworzenia XIX-wiecznych rozwiązań przestrzennych. W opracowaniach wykorzystano: ortofotomapę (skala 1:2000, 1:5000), plan zagospodarowania terenu (skala 1:2000, 1:5000), mapę katastralną (skala 1:2000, 1:5000), mapę sytuacyjno-wysokościową (skala 1:1000, 1:2000, 1:5000) oraz mapę ewidencyjną (1:20000). Umożliwiło to praktyczne zastosowanie przez studentów kierunku Geodezja i Kartografia wiedzy i umiejętności nabytych w trakcie studiów.

*Opracowanie:*

*dr inż. arch. Przemysław Bastera*

*Zdjęcia:*

*dr inż. arch. Bogusława Kwiatkowska-Bastera*



Projekt koncepcyjny centrum i otoczenia Młynówki



Sesja posterowa



# II Międzynarodowa Konferencja Naukowa „Reforestation Challenges”

Kraków – Rudy Raciborskie, 27-29 czerwca 2016 r.

Ponad 140. przedstawicieli świata nauki, praktyki oraz studenci z: Polski, Czech, Hiszpanii, Rumunii, Serbii, Słowacji, Szwecji, Turcji, USA, uczestniczyło w II Międzynarodowej Konferencji poświęconej tematyce zalesiania, zorganizowanej pod patronatem JM Rektora UR **prof. dr. hab. inż. Włodzimierza Sady** oraz IUFRO (Międzynarodowej Unii Leśnych Organizacji Badawczych).

Otwierając obrady **dr hab. inż. Sylwester Tabor, prof. UR – Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich** wskazał, że tegoroczna konferencja stanowi kontynuację naukowych spotkań zapoczątkowanych w zeszłym roku w Belgradzie, w Serbii, które poświęcone są wypracowaniu naukowych metod zalesiania terenów zdegradowanych.

W sesji plenarnej wystąpili zaproszeni goście, w tym **dr inż. Konrad Tomaszewski** – dyrektor generalny Lasów Państwowych, **prof. dr hab. Janusz Sowa** – przewodniczący Rady Naukowej Leśnictwa przy Premierze RP, którzy odnieśli się do aktualnych

wyzwań stojących przed służbami leśnymi oraz nakreślili kierunki rządowej polityki dotyczącej ochrony ekosystemów leśnych.

**Prof. dr hab. Stanisław Orzeł** – dziekan Wydziału Leśnego, zaprezentował historię i scharakteryzował profil działalności naukowej pracowników Wydziału. W dalszej części prezentowane były wyniki badań prowadzonych nad rozwojem idei leśnych gospodarstw węglowych (**dr inż. Konrad Tomaszewski**) oraz efektami stosowania sadzonek z zakrytym systemem korzeniowym w różnych warunkach siedliskowych (**dr inż. Kazimierz Szabla** – dyrektor RDLP w Katowicach). Do tego tematu nawiązał również **dr hab. inż. Stanisław Małek, prof. UR – prorektor ds. Nauki, Wdrożeń i Współpracy Międzynarodowej** (kierownik Zakładu Ekologii Lasu i Rekultywacji, Instytutu Ekologii i Hodowli Lasu), który skoncentrował się na doskonaleniu optymalizacji produkcji sadzonek w szkółkach kontenerowych oraz ekologicznych i hodowlanych uwarunkowaniach



Otwarcia Konferencji dokonał *dr hab. inż. Sylwester Tabor, prof. UR – Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich*

przebudowy drzewostanów świerkowych w Beskidzie Śląskim i Żywieckim. Temat ten kontynuowany był zarówno w czasie sesji posterowej jak i sesji terenowej.

Ogółem wygłoszono 26 referatów w tym 5 referatów plenarnych i zaprezentowano 27 posterów. Obrady zakończyła dyskusja, która stała się forum wymiany poglądów oraz dała możliwość zacieśnienia współpracy naukowej. W oparciu o zaprezentowane wyniki, rekomendacje ośrodków badawczych oraz konkluzje dyskusji plenarnych, komitet naukowy przygotował i opublikował wnioski z konferencji, które zostały przekazane do Dyrekcji Generalnej Lasów Państwowych w Warszawie oraz do centrali IUFRO w Wiedniu.

W drugim dniu Konferencji uczestnicy udali się do Nadleśnictwa Rudy Raciborskie – gdzie na terenie szkółki kontenerowej w Nędzy oraz obszarów po wielkopowierzchniowych pożarach mogli obejrzyć praktyczne efekty prowadzonych działań i badań, o których dyskutowano w Krakowie. Obszerne materiały z Konferencji dostępne są stronie internetowej: <http://reforestation-challenges.pl>.

Opracowanie: *dr Szymon Sikorski*



Pamiątkowe zdjęcie uczestników Konferencji

# XVI Ogólnopolskie Dni Owada „Bo z owadami nigdy nie wie się”

Kraków, 3-5 czerwca 2016 r.

Prawie 6 tys. osób odwiedziło XVI Ogólnopolskie Dni Owada, które w tradycyjnie odbywały się na Wydziale Biotechnologii i Ogrodnictwa Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie.

Piątek był dniem edukacyjnym. Goście, oprócz odwiedzenia wystawy, mieli również możliwość wysłuchania wykładów i prelekcji o tematyce entomologicznej. W sobotę natomiast w Klubie Akademickim „ARKA” odbyło się *Międzypokoleniowe Spotkanie Dziadków i Wnucząt*, podczas którego studenci przebrani za owady umilali czas zgromadzonym gościom, zachęcając do uczestnictwa w różnego rodzaju aktywnościach. W sobotę Dni Owada odwiedziły między innymi dzieci, które wcześniej spotkały się z **profesorem Florianem Gambusiem – Prorektorem ds. Organizacji i Rozwoju Uczelni**, w ramach Rektorskiego Dnia Dziecka na UR.

Przez cały czas trwania Dni Owada, odwiedzający mieli możliwość odbycia rozmów ze specjalistami oraz poznania tajemnic procesów życiowych owadów, pajęczaków czy skorpionów.

Wszyscy chętni mieli wyjątkową okazję skosztowania produktów z zakresu „owadziej kuchni”. Serwowane były m.in. larwy mączniaka, szarańcza w tempurze, szarańcza w cieście naleśnikowym, świerszcze w miodzie, czy świerszcze w czekoladzie. Jak zapewniał **prof. dr hab. inż. Kazimierz Wiech** (inicjator i pomysłodawca wydarzenia), owady są cennym źródłem białka. Smakują natomiast jak – prażony słonecznik, popcorn, czy ... rosół. Tak relacjonowali wszyscy ci, którzy ich skosztowali.

Podczas wydarzenia prezentowane były również rośliny i zwierzęta owadożerne, owady preparowane, exlibrisy oraz fotografie

Jednostki naukowo-badawcze biorące udział w „Dniach Owada”: Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa Uniwersytetu Rolniczego (Katedra Ochrony Roślin), Wydział Rolniczo-Ekonomiczny (Katedra Ochrony Środowiska Rolniczego), Wydział Leśny (Katedra Ochrony Lasu i Entomologii Leśnej), Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt (Katedra Zoologii i Ekologii). Koło Naukowe Hodowli Owadów i Pajęczaków Egzotycznych Uniwersytetu Rolniczego. Uniwersytet Rzeszowski – Katedra Agroekologii i Architektury Krajobrazu, Muzeum Zoologiczne Uniwersytetu Jagiellońskiego.

o tematyce entomologicznej. Nowością były wyjątkowe obrazy ze skrzydeł motyli. Dzieci wykonywały sobie „owadzie” tatuaże, a także odwiedziły „owadzią wróżkę”. Ponadto mogły lepić z masy solnej najróżniejsze gatunki owadów, czy namalować je na kartce papieru.

Przez trzy dni odbywały się kiermasze – produktów pszczelich i sprzętu pszczelarzkiego, owadów krajowych i egzotycznych, produktów pszczelich, akcesoriów entomologicznych, literatury o tematyce entomologicznej, ogrodniczej oraz przyrodniczej. Dużym zainteresowaniem cieszyły się świecące skorpiony! Zakupić można było także oryginalne maskotki kształtem przypominające owady, a także figurki, motyle i wiele innych.

Po zakończeniu tegorocznej XVI już edycji Dni Owada, **profesor Kazimierz Wiech** zorganizował spotkanie z wszystkimi osobami, które włączyły się w organizację wydarzenia, podczas którego podziękował im za ogromne zaangażowanie.

Opracowanie:  
mgr inż. Izabella Majewska,  
rzecznik prasowy UR



# Jubileusz 50-lecia ukończenia studiów na kierunkach Rolnictwo i Zootechnika

Kraków, 18 czerwca 2016 r.

Uroczystości Jubileuszowe rozpoczęły się w Kolegiacie Akademickiej przy ul. św. Anny Mszą świętą sprawowaną w intencji absolwentów i Uczelni. Następnie uczestnicy przeszli do Sali Senackiej UR, gdzie w imieniu organizatorów Zjazdu przedstawiciele władz Uczelni: **dr. hab. inż. Sylwester Tabora, prof. UR – Prorektora ds. Dydaktycznych i Studenckich, prof. dr. hab. inż. Andrzeja Lepiarczyka** – dziekana Wydziału Rolniczo-Ekonomicznego i **prof. dr. hab. inż. Czesława Klocka** – dziekana Wydziału Hodowli i Biologii Zwierząt, powitał **prof. dr. hab. inż. Bogusław Nowosad**. Przedstawił on krótką historię życia Jubilatów, absolwentów ówczesnej WSR, przedstawiając warunki studiowania i ówczesną atmosferę w Uczelni. Podkreślił również, że Zjazd stanowi też Jubileusz 50-lecia małżeństwa dla 17 par. Wracając do roku 1966 zaznaczył, że mury Uczelni opuściło wówczas ok. 130 absolwentów, którzy w większości w swojej pracy zawodowej związani byli z różnymi

sektorami szeroko pojętego rolnictwa. Na podkreślenie zasługuje fakt, iż z tego grona, w Uczelni na różnych stanowiskach zatrudnienie znalazło 18 osób.

Następnie **Prorektor Sylwester Tabor** nawiązując do studiów i swojego rodzinnego domu serdecznie wszystkich przywitał. Przedstawił warunki studiowania, odnosząc sytuację dnia dzisiejszego do czasów kiedy studiowali Jubilaci. Po czym nastąpiło wręczenie honorowego dyplomu.

W czasie wspólnego obiadu, wydanego w Dworku Uniwersytetu w Mydlnikach, w imieniu władz toast za pomyślność Jubilatów i dalszy rozwój Uczelni wniósł **prof. Czesław Klocek**. Ostatnim punktem programu był wieczór towarzyski. Rozpoczęto go uczczeniem pamięci 27 nieżyjących już koleżanek i kolegów. Odczytano także telegramy i listy z kraju i z zagranicy, od osób, które nie przybyły na spotkanie. Uczestnicy Zjazdu otrzymali również fotoalbum, przygotowany przez organizatorów, zawierający

Wyrażamy wdzięczność za możliwość spotkania się w swojej Uczelni. Szczególne podziękowania kierujemy pod adresem **JM Rektora Włodzimierza Sady** za życzliwość, pomoc w organizacji Jubileuszu oraz szczodrość i koleżeńskie podejście do naszego spotkania.

Organizatorzy Zjazdu:

Stanisław Kogut, Helena Nazimek-Rajda, Bogusław Nowosad, Wanda Ormian, Marian Ormian, Zofia Wójcik-Misiewicz

archiwalne fotografie absolwentów z 1966 r. oraz fotografie z kolejnych sześciu zjazdów, którego profesjonalne opracowanie wykonała absolwentka **Lidia Pasadyn**.

W atmosferze serdeczności, przy anegdotach, żartach i śpiewie spotkanie trwało do późnych godzin wieczornych.

*Opracowanie:*

*na podstawie otrzymanych materiałów*

*Redakcja*

*Były wspomnienia, żarty, śpiewy – Jubilatom dopisywał dobry humor*





# XV Olimpiada Języka Angielskiego

Kraków, 14 kwietnia 2016 r.

Organizacja Olimpiad Językowych ma na UR bogatą tradycję. Ich głównym celem jest zainteresowanie studentów kulturą i historią danego kraju, jak również uświadomienie faktu, że nauka języka może przybierać inne formy niż tradycyjna szkolna lekcja lub lektorat. Może ona polegać na własnej pracy z wykorzystaniem technik cyfrowych, być traktowana jako hobby lub służyć do jego rozwijania, być pomocna w nawiązywaniu kontaktów z osobami z innych krajów.

## Organizacja Olimpiady

Olimpiada Języka Angielskiego organizowana jest przez Studium Języków Obcych co drugi rok, naprzemiennie z Olimpiadą Języka Niemieckiego. Dzięki takiemu rozwiązaniu każdy student naszej Uczelni ma szansę uczestniczenia w olimpiadzie w trakcie trwania lektoratu i sprawdzenia swoich wiadomości w podstawowych sprawnościach językowych: słuchaniu, czytaniu i mówieniu, w innej formie niż tradycyjny test lub egzamin.

Olimpiada składa się z dwóch etapów: pisemnego i ustnego. Etap pierwszy sprawdza ogólną znajomość języka obcego i ma na celu wyłonienie finalistów – studentów, którzy uzyskali w części pisemnej najlepsze wyniki. Osoby te przechodzą do drugiego etapu, który sprawdza umiejętność komunikacji w języku obcym.

## Tegoroczne zmagania

Eliminacje pisemne tegorocznej Olimpiady odbyły się 14 kwietnia w siedzibie Studium Języków Obcych przy ulicy Marka 37, zaś część finałowa – ustna, do której zakwalifikowało się 8 osób – 21 kwietnia br.

Podczas trwania eliminacji pisemnych Studium Języków Obcych przeprowadziło ankietę, aby dowiedzieć się czegoś więcej o uczestnikach. Pytania dotyczyły nauki języka angielskiego, kontaktów z krajami anglojęzycznymi oraz wykorzystania języka obcego w życiu codziennym.

## Tegoroczni laureaci

W czwartek 21 kwietnia 2016 r. odbył się finał XV Olimpiady Języka Angielskiego.

Decyzją Komisji Konkursowej w składzie:

mgr Grażyna Pilat-Kościńska,

mgr Aleksandra Szafarska,

mgr Marta Janda-Pajak oraz mgr Alicja

Grzesikowska – laureatami zostali:

I Aleksandra Kamińska II rok WHiBZ,

II Hannah Luśtyk II rok WBiO,

III Agnieszka Kapuścińska II rok WTŻ,

III Dorota Kościelniak I rok WTŻ,

IV Stefan Gosik II st. II rok WHiBZ,

V Grzegorz Bednarz I rok Studium

Doktoranckie,

VI Maciej Strójwąg I rok WIŚiG,

VI Katarzyna Nadziakiewicz III rok WIŚiG.

Serdecznie gratulujemy i zapraszamy do udziału w olimpiadach językowych w kolejnych latach.

Opracowanie: dr Elżbieta Kloc,

Zespół Języka Angielskiego



Laureaci XV Olimpiady Języka Angielskiego

## XV Olimpiada w liczbach

W tym roku do eliminacji pisemnych zgłosiło się 50 osób. Najliczniej reprezentowani byli

studenci Wydziałów: Technologii Żywności – 11 osób, Biotechnologii – 8 osób oraz

Hodowli i Biologii Zwierząt – 6 osób. Zabrakło

przedstawicieli Gospodarki Przestrzennej,

Architektury Krajobrazu, Zarządzania

i Marketingu oraz Ochrony Środowiska. Wśród

uczestników zdecydowanie przeważały kobiety

– 36 osób oraz studenci pierwszego

(19 osób) i drugiego roku (16 osób).

W olimpiadzie wzięli udział również studenci III

roku (7 osób), studiów magisterskich (6 osób)

oraz doktoranckich – 2 osoby.



# II Mistrzostwa UR „W biegu na X piętro”

Kraków, 18 maja 2016 r.

Około godziny 18 w Kampusie przy al. 29 Listopada zaczęło się robić tłoczno. Z minuty na minutę liczba studentów czekających przed budynkiem ARKI się powiększała, aż wreszcie osiągnęła imponującą sumę 158 osób. Spytacie po co? Otóż w tym właśnie dniu odbywały się II Mistrzostwa Uniwersytetu Rolniczego „W Biegu na X piętro”. Zaczęliśmy od rozgrzewki. Trzeba było ją przeprowadzić na parkiecie klubu. Niestety na zewnątrz było jeszcze dość zimno i deszczowo. Potem przeszliśmy do budynku Domu Studenckiego „Oaza”. Tu na parterze rozstawione było stanowisko startu. Za prawidłowe mierzenie czasu i bezpieczeństwo zawodników odpowiedzialni byli niezawodni pracownicy Studium Wychowania Fizycznego UR z kierownikiem **mgr. Januszem Zacharą** na czele. O zagrzewającą do walki muzykę, zadbał **Emil Szandula** – pracownik Centrum Kultury. Aby ukończyć bieg trzeba było pokonać 180 schodów. Żeby go wygrać trzeba było zbliżyć się do ubiegłorocznego zwycięzcy, a wynik był ogromnie wysrubowany. Wynosił około 31 sekund.

Bieg odbywał się w kategoriach: pracownik, studentka i student. Nagrody ufundował jak zwykle nasz niezawodny szef i przyjaciel **dr hab. inż. Sylwester Tabor prof. UR – Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich**. Za pierwsze miejsce – matę samopompującą, sprzęt niezwykle przydatny na kempingach i kamienistych plażach. Każdy

zawodnik dostał też, zaraz po dobiegnięciu na linię mety, banana i napój izotoniczny.

Rozdanie nagród odbyło się w ARCE, i co najważniejsze, już zaraz po zakończeniu imprezy, wiele osób deklarowało regularny trening i poprawienie wyniku. To znak, że nasza młodzież chce korzystać z imprez, eventów i ofert Studium Wychowania Fizycznego.

Dziękujemy wszystkim uczestnikom i zapraszamy za rok!

*Opracowanie: Komitet Organizacyjny, w składzie: Studium WF, AZS UR, Centrum Kultury i Kształcenia Ustawicznego, kierownictwo Zespołów Domów Studenckich*

## Wyniki tegorocznych Mistrzostw

### • Pracownicy

I miejsce – mgr Jerzy Lipczyński / 35,45 s /

II miejsce – mgr Józef Brzuchacz / 44,48 s /

### • Studentki

I miejsce – Dominika Bieć / 34,48 s /

II miejsce – Beata Opiat / 41,15 s /

III miejsce – Małgorzata Błaż / 42,70 s /

### • Studenci

I miejsce – Paweł Czyszczon / 31,93 s /

II miejsce – Wojciech Grzegorzcyk / 32,15 s /

III miejsce – Ryszard Poprawa / 33,77 s /



Rozdanie nagród w Klubie ARKA,  
fot. Róża Działoch

## „Nasz Złoty Wiek” – trzytomowa publikacja Uniwersytetu Trzeciego Wiek

Kraków, 1 lipca 2016 r.

**Anna Pinter i Grażyna Tworek**, znane są od wielu lat jako inicjatorki nowatorskich programów naukowych, jak i szeregu wyjątkowych przedsięwzięć. Tym razem, na 660 stronach zawarły w skrócie historię Uniwersytetu Trzeciego Wiek.

Ten 3 tomy „NASZ ZŁOTY WIEK” powstał nakładem wielkiego zaangażowania Zespołu Redakcyjnego w składzie: **prof. dr hab. Kazimierz Wiech, Anna Pinter, Grażyna Tworek, Kinga Szablewska, Irena Wójcik-Dobrowolska, Małgorzata Wagner-Niczyporuk, Grażyna Śliwa, Grażyna Augustyn, Janina Żółcińska** i wielu innych Słuchaczy biorących bezpośrednio udział w konferencjach, referatach i w życiu naszej uniwersyteckiej społeczności.

Jest to kronika pisana przez pryzmat wydarzeń mających miejsce od początku istnienia UTW, a więc od roku 2010 poprzez następne 6 lat, to jest do dnia dzisiejszego. Nieliczne egzemplarze stanowią szczególną wartość jako dokument UTW, dlatego należy potraktować je jako unikaty.

*Opracowanie: słuchacze UTW UR*



*Anna Pinter i Grażyna Tworek – słuchaczki Podyplomowego Studium Uniwersytetu Trzeciego Wiek przy Uniwersytecie Rolniczym w Krakowie przekazały publikację JM Rektorowi UR prof. dr. hab. inż. Włodzimierzowi Sady*

Zachęcamy do obejrzenia filmu z zawodów, który dostępny jest na stronie: [www.youtube.com/watch?v=9Z5vgVaNR9k&amp;feature=youtu.be](http://www.youtube.com/watch?v=9Z5vgVaNR9k&amp;feature=youtu.be)  
Montaż – Emil Szandula



*Jubileusz 50-lecia ukończenia studiów na kierunkach Rolnictwo i Zootechnika  
– pamiątkowe zdjęcie uczestników Zjazdu*



*XVI Ogólnopolskie Dni Owada jak zwykle przyciągnęły tysięczne grono gości*

## W następnym numerze:

- Reportaż z uroczystej inauguracji Nowego Roku Akademickiego 2016/2017
- Relacje z konferencji naukowych
- III Małopolskie Targi Żywności „Zasmakuj z UR”

