

Podsumowanie Analizy Zagrożenia Agrofagiem (Ekspres PRA) dla <i>Cocksfoot mottle virus</i>						
Obszar PRA: Rzeczpospolita Polska						
Opis obszaru zagrożenia: W przypadku łąk i pastwisk, gdzie wysiewa się <i>Dactylis glomerata</i> cały obszar PRA, ze szczególnym uwzględnieniem województw: warmińsko-mazurskiego, podlaskiego, małopolskiego i podkarpackiego, gdzie według danych GUS z 2016 r. występuje największy udział powierzchni trwałych użytków zielonych w stosunku do ogólnej powierzchni użytków rolnych w Polsce (GUS 2016). W przypadku upraw zbóż (głównie pszenicy) cały obszar PRA.						
Główne wnioski <i>Cocksfoot mottle virus</i> (CfMV) ma dosyć wąski zakres roślin żywicielskich i dotychczas powodował poważne straty jedynie na polach produkcyjnych <i>Dactylis glomerata</i> . Jednakże najnowsze wyniki badań wskazują na liczne przypadki porażenia roślin na polach uprawnych pszenicy w Ohio, w USA, co może wskazywać na zagrożenie CfMV także dla upraw tego gatunku. Ponadto wirus może zakażać także inne gospodarczo ważne gatunki zbóż: jęczmień, żyto i owies. Dotychczas obecność CfMV stwierdzono na terenie Europy (Wielka Brytania, Norwegia, Dania, Francja, Niemcy, Rosja), w Azji (Japonia), a także w Ameryce Północnej (Kanada i Stany Zjednoczone) oraz w Nowej Zelandii. W Polsce wirus wykryto po raz pierwszy na roślinach <i>D. glomerata</i> w województwie śląskim w 2016 roku (Trzmiel i Jeżewska, 2017) i dotychczas było to jedyne doniesienie o jego występowaniu na obszarze PRA. Naturalnym sposobem rozprzestrzenienia się wirusa jest przenoszenie przez wektory skrzypionki <i>Oulema melanopa</i> i <i>O. lichensis</i> , które licznie występują na terenie całej Polski. Jednakże obecność wektorów nie jest konieczna, gdyż CfMV przenosi się łatwo mechanicznie wraz z sokiem porażonych roślin poprzez zranienia roślin powstałe w trakcie zabiegów agrotechnicznych np. w trakcie koszenia, powodując często nieświadome rozprzestrzenianie wirusa w jak i pomiędzy uprawami, szczególnie kiedy brak jest widocznych objawów choroby. Dowodem na to jest sukcesywne rozprzestrzenianie CfMV w Nowej Zelandii, gdzie nie występują wektory wirusa. Wysiewanie nasion traw sprowadzanych z różnych źródeł wydaje się być bezpieczne, gdyż nie potwierdzono przenoszenia wirusa tą drogą. Ochrona roślin przed wirusami polega na systematycznej kontroli materiału roślinnego, w tym wypadku głównie <i>D. glomerata</i> oraz na likwidowaniu zainfekowanych roślin oraz bytujących na nich wektorów owadów. Ponadto, w celu zapobiegania rozprzestrzeniania wirusa z wszelkich możliwych źródeł infekcji, bardzo ważne jest zachowanie higieny podczas zabiegów fitosanitarnych i pielęgnacyjnych poprzez mycie i dezynfekcję maszyn i narzędzi.						
Ryzyko fitosanitarne dla zagrożonego obszaru (indywidualna ranga prawdopodobieństwa wejścia, zadomowienia, rozprzestrzenienia oraz wpływu w tekście dokumentu)	Wysokie	<input type="checkbox"/>	Średnie	X	Niskie	<input type="checkbox"/>
Poziom niepewności oceny: (uzasadnienie rangi w punkcie 18. Indywidualne rangi niepewności dla prawdopodobieństwa wejścia, zadomowienia, rozprzestrzenienia oraz wpływu w tekście)	Wysoka	<input type="checkbox"/>	Średnia	X	Niska	<input type="checkbox"/>
Inne rekomendacje: Monitoring plantacji nasiennych <i>D. glomerata</i> pod kątem występowania <i>Cocksfoot mottle virus</i> .						

Ekspresowa Analiza Zagrożenia Agrofagiem: *Cocksfoot mottle virus*

Przygotowana przez: dr Katarzyna Trzmiel, mgr Magdalena Gawlak, lic Agata Olejniczak, dr Tomasz Kałuski

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,
Władysława Węgorka 20; 60-318 Poznań

E-mail: k.trzmiel@iorpib.poznan.pl

Data: 26.06.2018

Raport został wykonany w ramach Programu Wieloletniego 2016-2020: „Ochrona roślin uprawnych z uwzględnieniem bezpieczeństwa żywności oraz ograniczenia strat w plonach i zagrożeń dla zdrowia ludzi, zwierząt domowych i środowiska”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Etap 1 Wstęp

Powód wykonania PRA: Wyniki biologicznych i molekularnych testów diagnostycznych wykonanych w Zakładzie Wirusologii i Bakteriologii (IOR-PIB) dla roślin *Dactylis glomerata* z objawami pstrości liści, które zebrano na Śląsku w 2016 r., wykazały obecność wirusa pstrości kupkówki *Cocksfoot mottle virus* w badanych roślinach. Było to pierwsze i jak na razie jedyne doniesienie o występowaniu tego wirusa w Polsce (Trzmiel i Jeżewska, 2017). Wirus przenosi się przez wektory skrzypionki *Oulema melanopa* i *O. lichensis*, które licznie występują na terenie całej Polski poza tym wirus łatwo przenosi się mechanicznie.

Dotychczas CfMV powodował infekcje *D. glomerata* na terenie Norwegii, Wielkiej Brytanii, Danii, Francji, Niemiec, Rosji (Mały i van Regenmortel, 2010). Najnowsze wyniki badań wskazują na liczne przypadki porażenia pszenicy na polach produkcyjnych w Ohio w USA (Hodge i in., 2018), co może wskazywać na nowe zagrożenie CfMV dla upraw tego gatunku.

W przypadku masowego wystąpienia wirusa w Polsce może on także stanowić zagrożenie dla upraw gospodarczo ważnych gatunków zbóż, głównie pszenicy.

Obszar PRA: Rzeczpospolita Polska

Etap 2 Ocena zagrożenia agrofagiem

1. Taksonomia:

Królestwo: Wirusy i wiroidy

Rodzina: -

Rodzaj: *Sobemovirus*

Nazwa powszechna: *Cocksfoot mottle virus* (CfMV)

2. Informacje ogólne o agrofagu:

Wirus pstrości kupkówki (*Cocksfoot mottle virus*, CfMV) został po raz pierwszy stwierdzony w porażonych roślinach *Dactylis glomerata* w Wielkiej Brytanii w 1963, a następnie w wielu krajach Europy (Norwegia, Dania, Francja, Niemcy), Azji (Japonia) oraz w Ameryce Północnej (Kanada, USA) i w Nowej Zelandii (Munthe, 2004). W Polsce obecność CfMV potwierdzono w jednej lokalizacji w 2016 r. (Trzmiel i Jeżewska, 2017). Naturalnym sposobem rozprzestrzeniania

się wirusa w naturze jest pół-trwałe przenoszenie CfMV przez wektory – skrzypionki (*Oulema melanopa* i *O. lichensis*). Jednakże obecność owadów nie jest konieczna do rozprzestrzeniania patogenu, gdyż wirus bardzo łatwo przenosi się także w mechaniczny sposób wraz z sokiem porażonych roślin. Nie potwierdzono przenoszenia przez nasiona dlatego źródłem infekcji mogą być jedynie zielone części porażonych roślin lub infekcyjne wektory (Serjeant, 1967).

Budowa

CfMV ma sferyczne wiriony o średnicy 30 nm. Genom wirusa tworzy pojedyncza nić (+) ssRNA o wielkości 4082 nt, do której 5' końca przyłączone jest białko Vpg, natomiast 3' koniec nie jest poliadenylowany (Tamm, 2000). Genom wirusa zawiera 4 otwarte ramki odczytu nazwane: ORF1, ORF2a, ORF2b i ORF3. ORF1 koduje białko P1, które jest odpowiedzialne za przemieszczanie wirusa. Nachodzące na siebie ORF2a i ORF2b kodują odpowiednio białko Vpg oraz RNA-zależną RNA polimerazę, natomiast ORF3 koduje białko płaszczka (Tamm i Truve, 2000).

Cykl życiowy

Wirusy są pasożytami bezwzględnyymi, a więc namnażają się tylko i wyłącznie w komórkach żywych. Mogą przetrwać w porażonych roślinach tak długo jak długo będzie ona wykazywać funkcje życiowe.

Rośliny żywicielskie

CfMV ma stosunkowo wąski zakres roślin żywicielskich. W warunkach naturalnych infekuje i wywołuje straty plonów głównie *D. glomerata*, rzadziej *Triticum eastivum*, a sztucznie poprzez mechaniczną inokulację w warunkach doświadczalnych, może być także przeniesiony na inne gatunki zbóż: *Hordeum vulgare*, *Avena sativa*, *Secale cereale* oraz kilka gatunków traw (Serjeant, 1967; Mohamed i Mossop, 1981; Delmiglio i in., 2010).

Symptomy

Wirus wywołuje zahamowanie wzrostu oraz systemiczną pstrość, bądź chlorotyczną mozaikę porażonych liści *D. glomerata* oraz innych gospodarzy, towarzyszy temu nekrotyzacja końcówek liści prowadząca do całkowitego zamierania bardziej podatnych odmian (Rongli i in., 1994). Mechaniczna inokulacja wywoływała ostrzejsze objawy mozaiki bądź chlorotycznej pasiastości porażonych liści *D. glomerata* i pszenicy oraz słabsze objawy u roślin owsa, jęczmienia oraz żyta (Toriyama, 1982).

Wykrywanie i identyfikacja

Do wykrywania wirusa stosowane są techniki: biologiczne, serologiczne oraz molekularne. Podstawową metodą jest wykorzystanie tzw. roślin wskaźnikowych, w tym wypadku *D. glomerata*, *T. eastivum*, *H. vulgare*, *A. sativa*, *S. cereale* w teście biologicznym. Dostępne są diagnostyczne testy serologiczne (test DAS-ELISA), które dzięki użyciu zestawu specyficznych przeciwciał i koniugatu np. (Cat No RT-0727, DSMZ, Braunschweig, Niemcy) umożliwiają specyficzną identyfikację CfMV. Molekularne testy RT-PCR z zastosowaniem opublikowanych par starterów CfCP-F1/CfCP-R2 (GATGGAGCCAGTCTCTCG / ATCCGTCAATCTTCAAGC) (Delmiglio, 2008) oraz CfMV-F/CFMV-R (GCCCAAGTGTCTGTTTCGAT / GACTTCATGGACGTGTGCAG) (Trzmiel i Jeżewska, 2017) pozwalają na amplifikację pełnej sekwencji kodującej gen białka płaszczka CfMV.

3. Czy agrofag jest wektorem?	Tak	<u>Nie X</u>
4. Czy do rozprzestrzenienia lub wejścia agrofaga potrzebny jest wektor?	Tak	<u>Nie X</u>

CfMV przenosi się przez wektory, którymi są skrzypionki *Oulema melanopa* i *O. lichensis*, licznie występujące na terenie całej Polski (Mapa Bioróżnorodności, 2018; Pasqual i in., 2018). Jednakże obecność wektorów nie jest konieczna do rozprzestrzenienia wirusa, czego przykładem są nowe lokalizacje porażonych przez CfMV traw w Nowej Zelandii, gdzie nie występują żadne jego

wektory (Delmiglio i in., 2010). Wirus przenosi się łatwo mechanicznie z rośliny na roślinę, nie potwierdzono przenoszenia przez nasiona (Serjeant, 1967).

5. Status regulacji agrofaga

Wirus nie podlega regulacjom.

6. Rozmieszczenie

Kontynent	Rozmieszczenie	Komentarz na temat statusu na obszarze występowania	Źródła
Ameryka Północna	Kanada	szeroko rozpowszechniony	Alderman i in., 2016
	USA Oregon	obecny na polach produkcyjnych kupkówki	Alderman i in., 2016
	Ohio	obecny na polach produkcyjnych pszenicy	Hodge i in., 2018
Azja	Japonia	rozpowszechniony na pastwiskach w północnej i centralnej części kraju	Toriyama, 1982
Europa (poza UE)	Norwegia	obecny, brak danych	Munthe, 1988
	Rosja	obecny, brak danych	Ryabov i in., 1996
Europa (UE)	Dania	obecny, brak danych	Tamm, 2000
	Francja	obecny, brak danych	Hariri i Lapierre, 1978
	Niemcy	obecny, brak danych	Rabenstein i Smitch, 1979
	Polska	obecny, występowanie potwierdzono lokalnie w południowej Polsce	Trzmiel i Jeżewska, 2017
	Wielka Brytania	wykryty i po raz pierwszy zidentyfikowany, obecnie brak danych	Serjeant, 1967
Australia i Oceania	Nowa Zelandia	Północna wyspa Nowej Zelandii	Mohamed, 1980
		Południowa wyspa Nowej Zelandii	Campbell i Guy, 2001

7. Rośliny żywicielskie i ich rozmieszczenie na obszarze PRA.

Nazwa naukowa rośliny żywicielskiej (nazwa potoczna)	Występowanie na obszarze PRA	Komentarz	Źródła (dotyczy występowania agrofaga na roślinie)
--	------------------------------	-----------	--

<i>Dactylis glomerata</i> (Kupkówka pospolita, Rżniączka pospolita, Rajgras niemiecki)	Tak	Pospolicie występujący gatunek dziko rosnący na łąkach, pastwiskach i przydrożach. Również jako gatunek uprawny.	Serjeant, 1967
<i>Triticum aestivum</i> (Pszenica zwyczajna)	Tak	Roślina uprawna na całym obszarze PRA.	Serjeant, 1967 Hodge i in., 2018
<i>Hordeum vulgare</i> (Jęczmień zwyczajny)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Roślina uprawna na całym obszarze PRA	Serjeant, 1967
<i>Avena sativa</i> (Owies zwyczajny)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Roślina uprawna na całym obszarze PRA	Serjeant, 1967
<i>Secale cereale</i> (Żyto zwyczajne)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Roślina uprawna na całym obszarze PRA	Toriyama, 1982
<i>Holcus lenatus</i> (Kłósówka wełnista)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Pospolicie występujący gatunek dziko rosnący na łąkach, pastwiskach i przydrożach. Groźny chwast.	Mohamed i Mossop, 1981
<i>Phalaris tuberosa</i> (Mozga)	Nie		Mohamed i Mossop, 1981
<i>Festuca novae-zelandiae</i> (Kostrzewa nowozelandzka)	Nie		Delmiglio i in., 2010
<i>Lolium perenne</i> (Życica trwała)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Pospolicie występujący gatunek dziko rosnący na łąkach, pastwiskach i przydrożach. Również jako gatunek uprawny.	Delmiglio i in., 2010
<i>Lolium multiflorum</i> (Życica wielokwiatowa, Rajgras włoski, Kąkolnica)	Tak	(Potencjalny gospodarz) Kenofit, występuje dość rzadko	Delmiglio i in., 2010
<i>Poa anceps</i> (Kostrzewa)	Nie		Delmiglio i in., 2010
<i>Poa cita</i>	Nie		Delmiglio i in., 2010
<i>Chionochloa rubra</i>	Nie		Delmiglio i in., 2010
<i>Dichelachne crinita</i>	Nie		Delmiglio i in., 2010

8. Drogi przenikania

CfMV może być przenoszony na znaczne odległości z terenu pierwotnego występowania choroby wraz z resztkami zainfekowanych roślin (głównie skoszonej kupkówki pospolitej) znajdujących się w niewyczyszczonych narzędziach oraz na oponach kół maszyn stosowanych podczas transportu. Na podstawie dostępnej literatury wiadomo, że mechaniczne przenoszenie wirusa odgrywa bardzo ważną rolę w rozprzestrzenieniu tego patogenu. Na terenie Nowej Zelandii, gdzie nie występuje żaden z jego owadzych wektorów, CfMV wykryto w 1976 r. w jednej lokalizacji w północnej części wyspy, a w 1993 r. potwierdzono nowe ognisko choroby oddalone o 870 km od pierwotnego źródła (Campbell i Guy, 2001). Ponadto, prawdopodobne jest również przenoszenie wirusa wraz z infekcyjnymi wektorami (skrzyptionkami), które mogą się znaleźć na środkach transportu, opakowaniach itp. W przypadku, kiedy infekcyjne owady przenikną na podatne gatunki roślin (kupkówka pospolita, pszenica) mogą doprowadzić do ich infekcji nie tylko na sąsiednich, ale także na bardziej oddalonych uprawach.

Możliwa droga przenikania	Porażone rośliny (np. ścięte na pastwiskach trawy – głównie <i>D. glomerata</i>).		
Krótki opis, dlaczego jest rozważana jako droga przenikania	Źródłem patogenu mogą być niewidoczne w ogólnej masie porażone rośliny. Możliwość rozprzestrzenienia w przypadku składowania chorych roślin w sąsiedztwie innych pastwisk lub upraw, np. pszenicy.		
Czy droga przenikania jest zakazana na obszarze PRA?	Nie		
Czy agrofag był już przechwycony tą drogą przenikania?	Nie		
Jakie stadium jest najbardziej prawdopodobnie związane z tą drogą przenikania?	Nie dotyczy		
Jakie są ważne czynniki do powiązania z tą drogą przenikania?	Warunki transportu, obecność wektorów		
Czy agrofag może przeżyć transport i składowanie w tej drodze przenikania?	Tak		
Czy agrofag może zostać przeniesiony z tej drogi przenikania na odpowiednie siedlisko?	Wirus może zostać przeniesiony na obecne w Polsce rośliny żywicielskie (np. wysiewane na pastwiskach lub rosnące na nieużytkach <i>D. glomerata</i> lub uprawianą na całym obszarze PRA pszenicę) przez pospolicie występujące w Polsce wektory – <i>Oulema melanopa</i> i <i>O. lichensis</i> .		
Czy wielkość przemieszczana tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat wielkości przemieszczania skoszonych traw tą drogą		
Czy częstotliwość przemieszczania tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat częstotliwości przemieszczania skoszonych traw tą drogą.		
Ocena prawdopodobieństwa wejścia	<u>Niskie X</u>	Średnie	Wysokie
Ocena niepewności	Niska	Średnia	<u>Wysoka X</u>

Możliwa droga przenikania	Maszyny i narzędzia używane do zabiegów
---------------------------	--

	agrotechnicznych i pielęgnacyjnych upraw oraz do wszelkiego rodzaju transportu.		
Krótki opis, dlaczego jest rozważana jako droga przenikania	Źródłem patogenu mogą być pozostające, na oponach kół maszyn i na samych narzędziach, resztki materiału roślinnego porażonego przez CfMV. Możliwość rozprzestrzenienia w przypadku używania zainfekowanych narzędzi i maszyn na innych pastwiskach lub uprawach głównie pszenicy.		
Czy droga przenikania jest zakazana na obszarze PRA?	Nie		
Czy agrofag był już przechwycony tą drogą przenikania?	Nie		
Jakie stadium jest najbardziej prawdopodobnie związane z tą drogą przenikania?	Młode rośliny są bardziej podatne na infekcje.		
Jakie są ważne czynniki do powiązania z tą drogą przenikania?	Warunki transportu, obecność wektorów		
Czy agrofag może przeżyć transport i składowanie w tej drodze przenikania?	Tak		
Czy agrofag może zostać przeniesiony z tej drogi przenikania na odpowiednie siedlisko?	Wirus może zostać przeniesiony na obecne w Polsce rośliny żywicielskie (np. wysiewane na pastwiskach lub rosnące na nieużytkach <i>D. glomerata</i> , lub uprawianą na całym obszarze PRA pszenicę). W przypadku pojawienia się pierwotnych zakażeń wirus może dalej się rozprzestrzeniać przez przez pospolicie występujące w Polsce wektory – <i>Oulema melanopa</i> i <i>O. lichensis</i> .		
Czy wielkość przemieszczana tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat wielkości przemieszczania patogenu tą drogą		
Czy częstotliwość przemieszczania tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat częstotliwości przemieszczania patogenu tą drogą.		
Ocena prawdopodobieństwa wejścia	<u>Niskie X</u>	Średnie	Wysokie
Ocena niepewności	<u>Niska X</u>	Średnia	Wysoka

Możliwa droga przenikania	Infekcyjne wektory - <i>O. melanopa</i> i <i>O. lichensis</i> . (obecne np. na środkach transportu, na opakowaniach itp.).		
Krótki opis, dlaczego jest rozważana jako droga przenikania	Źródłem patogenu mogą być zawierające wirusa chrząszcze, które jeżeli przedostaną się i trafią na uprawy podatnych gatunków roślin: kupkówki pospolitej i pszenicy, mogą przenieść wirusa nie tylko na sąsiednie ale także bardziej oddalone lokalizacje.		
Czy droga przenikania jest zakazana na obszarze PRA?	Nie		
Czy agrofag był już przechwycony tą	Nie		

drogą przenikania?			
Jakie stadium jest najbardziej prawdopodobnie związane z tą drogą przenikania?	Nie dotyczy		
Jakie są ważne czynniki do powiązania z tą drogą przenikania?	Obecność podatnych roślin żywicielskich		
Czy agrofag może przeżyć transport i składowanie w tej drodze przenikania?	Tak		
Czy agrofag może zostać przeniesiony z tej drogi przenikania na odpowiednie siedlisko?	Wirus może zostać przeniesiony na obecne w Polsce rośliny żywicielskie (np. wysiewane na pastwiskach lub rosnące na nieużytkach <i>D. glomerata</i> lub uprawianą na całym obszarze PRA pszenicę).		
Czy wielkość przemieszczana tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat wielkości przemieszczania patogenu tą drogą		
Czy częstotliwość przemieszczania tą drogą przenikania sprzyja wejściu agrofaga?	Brak danych na temat częstotliwości przemieszczania patogenu tą drogą.		
Ocena prawdopodobieństwa wejścia	<u>Niskie X</u>	Średnie	Wysokie
Ocena niepewności	Niska	Średnia	<u>Wysoka X</u>

Wysoka niepewność oceny wynika z braku danych na temat przewozu traw używanych jako pokarm dla bydła, jak i braku danych na temat występowania CfMV oraz infekcyjnych wektorów w najbliższym sąsiedztwie obszaru PRA.

9. Prawdopodobieństwo zasiedlenia w warunkach zewnętrznych (środowisko naturalne i zarządzane oraz uprawy) na obszarze PRA

Obecność roślin żywicielskich

CfMV tak jak i inne wirusy potrafi przetrwać w tkankach zainfekowanych roślin. Na obszarze PRA powszechnie występuje główna roślina żywicielska wirusa *D. glomerata* oraz jedna z podstawowych i gospodarczo ważnych upraw – pszenica jak również wektory – skrzypionki. Poza tym w naturalnej florze Polski występują chwasty, np. *L. perenne*, *H. lenatus* – potencjalni żywiele wirusa, na które CfMV był przenoszony na drodze „sztucznej” inokulacji mechanicznej w warunkach doświadczalnych.

Klimat

Warunki klimatyczne Polski w okresie wegetacyjnym sprzyjają występowaniu i rozwojowi infekcji wirusowej w warunkach polowych. Optymalną temperaturą do namnażania wirusów jest przedział od 18 do 25°C, przy czym mają one zdolność do przetrwania w temperaturze sięgającej nawet 80°C. Ponadto warunki klimatyczne panujące w Polsce sprzyjają także rozwojowi wektorów owadzych CfMV (*Oulema melanopa* i *O. lichensis*). W przypadku pojawienia się infekcji może dojść do masowego rozprzestrzenienia się wirusa pomiędzy roślinami na plantacji jak i w sąsiedztwie.

Ocena prawdopodobieństwa zadomowienia w warunkach zewnętrznych	Niskie	Średnie	<u>Wysokie X</u>
Ocena niepewności	Niska	<u>Średnia X</u>	Wysoka

10. Prawdopodobieństwo zasiedlenia w uprawach pod osłonami na obszarze PRA

Na podstawie dostępnej literatury wiadomo, że zakres roślin gospodarzy dla CfMV nie obejmuje roślin uprawianych pod osłonami. Z tego też względu prawdopodobieństwo przedostania się i zasiedlenia tego rodzaju upraw wydaje się być znikome.

Ocena prawdopodobieństwa zasiedlenia w uprawach chronionych	<u>Niskie X</u>	Średnie	Wysokie
Ocena niepewności	<u>Niska X</u>	Średnia	Wysoka

11. Rozprzestrzenienie na obszarze PRA

Naturalne rozprzestrzenienie

Wirus pstrości kupkówki przenosi się naturalnie przez wektory owadzie – skrzyponki (*Oulema melanopa* i *O. lichensis*), które licznie występują na całym obszarze PRA. CfMV nie przenosi się przez nasiona. Natomiast przenoszenie mechaniczne jest bardzo łatwe i często odgrywa znaczącą rolę przy rozprzestrzaniu wirusa.

Rozprzestrzenienie z udziałem człowieka

Wirus może rozprzestrzenić się przede wszystkim wraz z zainfekowanym materiałem roślinnym (np. fragmenty porażonych roślin, ścięte trawy) jak również wraz z sokiem porażonych roślin i wraz z ich resztkami obecnymi na narzędziach używanych podczas prac agrotechnicznych lub też na oponach kół maszyn wykorzystywanych do wszelkiego rodzaju transportu. W ten sposób wirus może przenosić się na inne rośliny w obrębie tej samej, sąsiadującej lub nawet oddalonych od siebie plantacji. CfMV nie przenosi się przez nasiona stosowane jako materiał siewny.

Ocena wielkości rozprzestrzenienia na obszarze PRA	Niska	Średnia	<u>Wysoka X</u>
Ocena niepewności	Niska	<u>Średnia X</u>	Wysoka

12. Wpływ na obecnym obszarze zasięgu

Ze względu na szerokie rozpowszechnienie na pastwiskach i polach produkcyjnych, głównie *D. glomerata*, CfMV powodował dotkliwe straty w Wielkiej Brytanii i Norwegii (Upstone, 1969; Rognli i in., 1994). Wyniki badań prowadzonych w Nowej Zelandii potwierdzają szybkie tempo rozprzestrzeniania patogenu, gdzie nowo założone i regularnie koszone pastwiska zostały opanowane przez wirozę w ciągu około 3 lat. Po 3,5 latach od momentu potwierdzenia pierwotnego źródła infekcji odsetek porażonych roślin wynosił już 80% (Campbell i Guy, 2001). Wykazano również, że jednogatunkowe uprawy są znacznie bardziej narażone na porażenia i szybsze tempo rozprzestrzeniania choroby niż pastwiska obsiewane mieszkankami traw (Munthe, 2004).

Z uwagi na zróżnicowaną reakcję odmian *D. glomerata* na zakażenia wywoływane przez CfMV można zaobserwować tylko niewielkie chlorotyczno – pasiaste przebarwienia liści u odmian tolerancyjnych, silne białawe przebarwienia z nekrotycznymi końcówkami liści i skarłowacenie chorych roślin aż po zamieranie całych roślin w kilka tygodni po zakażeniu, które prowadzi do 100% strat u odmian podatnych. Pomimo podjęcia wielu wysiłków nie udało się uzyskać pełnej odporności roślin *D. glomerata* na CfMV. Istnieją jedynie odmiany o wyższej tolerancji dla tej wirozy (Bitman i in., 2006).

12.01 Wpływ na bioróżnorodność

Wirus pstrości kupkówki ma dosyć wąski zakres roślin żywicielskich w obrębie rodziny Poaceae. Naturalni gospodarze wirusa – *D. glomerata* i *Lolium spp.* to popularne gatunki, które są powszechnie wysiewane na pastwiskach, łąkach, trawnikach oraz występują naturalnie jako pospolite chwasty na terenie niemal całej Europy, Azji, Ameryce Północnej i Południowej oraz

w Australii. Porażone chwasty stanowią rezerwar wirusa, który według najnowszych danych (Hodge i in., 2018) może stać się zagrożeniem dla jednej z najważniejszych gospodarczo upraw – pszenicy. Wirus łatwo przenosi się mechanicznie przez co szybko rozprzestrzenia się na nowe rośliny. Zwalczanie wektorów, higiena przy wykonywaniu zabiegów agrotechnicznych jak również obsiewanie łąk i pastwisk przez mieszanki traw zawierające gatunki odporne spowalniają rozwój choroby (Munthe, 2004).

Ocena wielkości wpływu na bioróżnorodność na obecnym obszarze zasięgu	Niska	<u>Średnia X</u>	Wysoka
Ocena niepewności	Niska	<u>Średnia X</u>	Wysoka

12.02 Wpływ na usługi ekosystemowe

Usługa ekosystemowa	Czy szkodnik ma wpływ na tę usługę?	Krótki opis wpływu	Źródła
Zabezpieczająca	Tak	Wyniki badań wskazują na potencjalne zagrożenie CfMV dla bardzo ważnych gospodarczo upraw zbóż, głównie pszenicy. Infekcje traw pospolicie wysiewanych na łąkach i pastwiskach prowadzą do strat plonów i mniej wydajną produkcję pasz dla bydła.	Hodge i in., 2018 brak w tej kategorii
Regulująca	Nie		
Wspomagająca	Nie		
Kulturowa	Tak	Wirus może wpływać na pogorszenie doznań estetycznych poprzez obniżenie walorów estetycznych porażonych roślin traw wysiewanych na trawnikach, i w parkach	brak w tej kategorii
Ocena wielkości wpływu na usługi ekosystemowe na obecnym obszarze zasięgu		Niska	<u>Średnia X</u> Wysoka
Ocena niepewności		Niska	<u>Średnia X</u> Wysoka

12.03 Wpływ socjoekonomiczny

Ze względu na zakażanie, szybkie tempo rozprzestrzenienia i doprowadzanie do strat w plonowaniu, CfMV stanowił problem w uprawie, szczególnie *D. glomerata*, na terenie Wielkiej Brytanii (Upstone, 1969) oraz w Norwegii (Rognli i in., 1994). Stosowanie ochrony przed wektorami – skrzypionkami, zachowywanie higieny podczas wykonywania prac agrotechnicznych i wysiewanie mieszanek zawierających odporne odmiany różnych gatunków traw powodowało jedynie spowolnienie rozprzestrzenienia, ale niecałkowitą eliminację tego patogenu. Skuteczna walka z wirozą wymaga używania odpornych odmian *D. glomerata* – głównego gospodarza CfMV.

Intensywne badania nad stworzeniem takich odmian podjęto na terenie Kanady. Jednakże, pomimo wielu wysiłków i nakładu kosztów nie udało się osiągnąć zamierzonego celu. Uzyskano jedynie odmiany o wyższej tolerancji na infekcje CfMV (Bitmann i in., 2006).

Ocena wielkości wpływu socjoekonomicznego na obecnym obszarze zasięgu	Niska	Średnia X	Wysoka
Ocena niepewności	Niska	Średnia	Wysoka X

Na ocenę niepewności wpływa brak aktualnych danych na temat zagrożenia CfMV na obszarze występowania np. w Wielkiej Brytanii, Norwegii, Danii, Niemczech czy we Francji.

13. Potencjalny wpływ na obszarze PRA

Czy wpływ będzie równie duży, co na obecnym obszarze występowania? **Tak/Nie**

W Polsce nie prowadzono dotychczas regularnych badań przesiewowych nad występowaniem CfMV. Jak na razie wirus ten wykryto i opisano na roślinach *D. glomerata* pochodzących tylko z jednej lokalizacji na Śląsku. Podczas obserwacji uprawy pszenicy zlokalizowanej w sąsiedztwie pastwiska, na którym rosły chore rośliny nie stwierdzono innych roślin podejrzanych o porażenia wirusowe. Niemniej, warto podkreślić, że powszechne występowanie zarówno roślin gospodarzy, wektorów – *Oulema melanopa* i *O. lichensis* oraz zbliżone warunki klimatyczne jakie panują w Polsce i na terenie obecnego zasięgu patogenu sprawiają, że CfMV posiada dogodne warunki do rozwoju infekcji na całym obszarze PRA. W przypadku pojawienia się nowych ognisk choroby, uwzględniając szybkie tempo mechanicznego przenoszenia wirusa na kolejne rośliny, CfMV może stać się potencjalnym zagrożeniem także w Polsce.

13.01 Potencjalny wpływ na bioróżnorodność na obszarze PRA

Wirus pstrości kupkówki ma dosyć wąski zakres roślin żywicielskich w obrębie rodziny Poaceae. Naturalni gospodarze wirusa – głównie *D. glomerata* i *Lolium spp.* to popularne gatunki, które są powszechnie wysiewane na pastwiskach, łąkach, trawnikach oraz występują jako pospolite chwasty na terenie całej Polski. Porażone chwasty stanowią rezerwuar wirusa, który według najnowszych danych (Hodge i in., 2018) może stać się zagrożeniem dla jednej z kluczowych upraw w Polsce – pszenicy. Wirus łatwo przenosi się mechanicznie, przez co szybko rozprzestrzenia się na nowe rośliny. Zwalczanie wektorów, higiena przy wykonywaniu zabiegów agrotechnicznych oraz obsiewanie łąk i pastwisk przez mieszanki zawierające odporne gatunki traw spowalniają rozwój choroby (Munthe, 2004).

Jeśli Nie

Ocena wielkości wpływu na bioróżnorodność na potencjalnym obszarze zasiedlenia	Niska	Średnia	Wysoka
Ocena niepewności	Niska	Średnia	Wysoka

13.02 Potencjalny wpływ na usługi ekosystemowe na obszarze PRA

Jeśli Nie

Ocena wielkości wpływu na usługi ekosystemowe na potencjalnym obszarze zasiedlenia	Niska	Średnia	Wysoka
Ocena niepewności	Niska	Średnia	Wysoka

13.03 Potencjalny wpływ socjoekonomiczny na obszarze PRA

Jeśli Nie

Ocena wielkości wpływu socjoekonomiczny na potencjalnym obszarze zasiedlenia	Niska	Średnia	Wysoka
--	-------	---------	--------

Ocena niepewności	Niska	Średnia	Wysoka
-------------------	-------	---------	--------

14. Identyfikacja zagrożonego obszaru

D. glomerata i *Lolium* spp. – główni gospodarze CfMV występują na terenie całej Polski. Cały obszar PRA narażony jest na wystąpienie tego patogenu, ze szczególnym uwzględnieniem województwa śląskiego gdzie odnotowano pierwszy przypadek infekcji CfMV, jak również województw: warmińsko-mazurskiego, podlaskiego, podkarpackiego i małopolskiego, gdzie według danych GUS z 2016 roku (GUS 2016), znajduje się największy udział trwałych użytków zielonych w stosunku do powierzchni gruntów ornych.

15. Zmiana klimatu

Symulacje zmian klimatu na podstawie różnych modeli i scenariuszy prowadzą do konkluzji, że klimat ulegnie ociepleniu. Różnice temperatury w porównaniu do obecnego klimatu w latach 2035-2070 będą wynosiły od ok. 1.4 do ok. 1,8°C wg scenariuszy RCP 4.5 oraz 6.0 w różnych porach roku. W przypadku scenariusza RCP 8.5 zmiany te będą wynosić od ok. 1.9 do ok. 2.5°C. Dla okresu 2071-2100 różnice pomiędzy scenariuszami są zdecydowanie większe. wg. scenariusza RCP 4.5 zmiany będą wynosić od ok. 2.1 do 2.6°C, wg scenariusza RCP 6.0 można spodziewać się wzrostów temperatury od ok. 2.5 do 3°C, natomiast najbardziej pesymistyczny scenariusz RCP 8.5 przewiduje wzrosty temperatury od 3.6 do 4.6°C.

Na okres zimowy składają się jesień (wrzesień-listopad) oraz zima (grudzień-luty), a na okres letni wiosna (marzec-maj) i lato (czerwiec-sierpień), a pomiędzy tymi porami roku występują duże różnice w zmianach opadów. Największe wzrosty opadów prognozowane są w zimie (2036-2065 od 13,8% do 18,4%, 2071-2100 od 18% do 33,9%), natomiast najmniejsze w lecie (2036-2065 od -1,3% do 2,1%, 2071-2100 od -7,8% do 0,1%). Równie istotne są duże różnice pomiędzy 9 i 95 percentylem projekcji (w niektórych przypadkach sięgające nawet 100mm) utrudniające oszacowanie zmian opadów w przyszłości.

Przewidywane zmiany klimatyczne mogą sprzyjać zwiększeniu arealów upraw pszenicy oraz obszaru występowania kupkówki pospolitej – jednych z głównych roślin żywicielskich wirusa. Dodatkowo zmiany mogą wpłynąć na wzrost populacji skrzypionek, będących wektorami CfMV.

15.01 Który scenariusz zmiany klimatu jest uwzględniony na lata 2050 do 2100*

Scenariusz zmiany klimatu: RCP 4.5, 6.0, 8.5 (patrz załącznik 1) (IPPC 2014).

15.02 Rozważyć wpływ projektowanej zmiany klimatu na agrofaga. W szczególności rozważyć wpływ zmiany klimatu na wejście, zasiedlenie, rozprzestrzenienie oraz wpływ na obszarze PRA. W szczególności rozważyć poniższe aspekty:

Czy jest prawdopodobne, że drogi przenikania mogą się zmienić na skutek zmian klimatu? (Jeśli tak, podać nową ocenę prawdopodobieństwa i niepewności)	Źródła
Nie	Opinia ekspercka
Czy prawdopodobieństwo zasiedlenia może się zmienić wraz ze zmianą klimatu? (Jeśli tak, podać nową ocenę prawdopodobieństwa i niepewności)	Źródła
Nie	Opinia ekspercka
Czy wielkość rozprzestrzenienia może się zmienić wraz ze zmianą klimatu? (Jeśli tak, podać nową ocenę wielkości rozprzestrzenienia i niepewności)	Źródła
Nie	Opinia ekspercka

Czy wpływ na obszarze PRA może się zmienić wraz ze zmianą klimatu? (Jeśli tak, podać nową ocenę wpływu i niepewności)	Źródła
Nie	Opinia ekspercka

Na ocenę niepewności wpływa brak aktualnych danych na temat zagrożenia CfMV na obszarze występowania np. w Wielkiej Brytanii, Norwegii, Danii, Niemczech czy we Francji.

16. Ogólna ocena ryzyka

Ze względu na brak odpornych odmian *D. glomerata* – głównego gospodarza wirusa oraz szybkie tempo opanowywania i rozprzestrzenienia na nowych siedliskach (około 3 lata), CfMV może stać się potencjalnym zagrożeniem dla upraw i produkcji traw również na obszarze PRA. Ponadto, według najnowszych danych (Hodge i in., 2018) wirus może licznie występować i przez to stać się zagrożeniem także dla jednej z najważniejszych gospodarczo upraw – pszenicy. Patogen może rozprzestrzenić się na terenie PRA wraz z zainfekowanym materiałem roślinnym, infekcyjnymi wektorami lub może zostać wwieziony z miejsc dotychczasowego występowania wraz z pozostałościami chorych roślin obecnymi na oponach kół maszyn wykorzystywanych do transportu. Do grupy szczególnie zagrożonych upraw należą dwa naturalne gatunki żywicielskie wirusa pszenica i kupkówka pospolita. Ze względu na brak lub niepewność aktualnych danych na temat występowania CfMV na wyżej wymienionych gatunkach w najbliższym otoczeniu obszaru PRA określenie ogólnej oceny ryzyka jest bardzo trudne.

Etap 3. Zarządzanie ryzykiem zagrożenia agrofagiem

17. Środki fitosanitarne

17.01 Opisać potencjalne środki dla odpowiednich dróg przenikania i ich oczekiwaną efektywność na zapobieganie wprowadzenia (wejście i zasiedlenie) oraz/lub na rozprzestrzenienie.

Możliwe drogi przenikania (w kolejności od najważniejszej)	Możliwe środki
<p>Wirus może przedostać i rozprzestrzenić się, z obecnych już na terenie PRA zainfekowanych roślin traw i zbóż, na sąsiadujące zdrowe rośliny poprzez żerujące na nich infekcyjne wektory – skrzypionki (<i>Oulema melanopa</i> i <i>O. lichensis</i>), które licznie występują na całym obszarze PRA.</p> <p>Innym sposobem rozprzestrzenienia jest przenoszenie mechaniczne wirusa. Źródłem infekcji stają się skażone resztkami porażonych roślin lub sokiem z chorych roślin maszyny wykorzystywane w agrotechnice np. do koszenia pastwisk i łąk.</p> <p>Jak wynika z literatury istotną rolę w rozprzestrzenieniu CfMV odgrywa także transport poprzez przenoszenie wirusa z resztkami porażonych roślin obecnymi na oponach kół używanych pojazdów i maszyn.</p> <p>Z uwagi na brak dowodów na przenoszenie wirusa przez nasiona stosowanie materiału nasiennego pozyskiwanego z różnych źródeł wydaje się być bezpieczne.</p>	<p>Monitoring upraw i eliminowanie porażonych roślin.</p> <p>Zwalczanie wektorów w regionie występowania choroby.</p> <p>Zachowanie higieny poprzez mycie i dezynfekcję sprzętu używanego w agrotechnice.</p> <p>Zachowanie higieny poprzez mycie i dezynfekcję sprzętu używanego w agrotechnice.</p>

17.02 Środki zarządzania eradykacją, powstrzymaniem i kontrolą

Do najważniejszych metod kontroli patogenu należy monitoring upraw i eliminowanie porażonych roślin oraz zwalczanie wektorów w regionie występowania choroby (użycie insektycydów). W związku z łatwością przenoszenia wirusa drogą mechaniczną konieczne jest zachowanie higieny przy wykonywaniu zabiegów agrotechnicznych poprzez mycie i dezynfekcję sprzętu używanego w agrotechnice w tym i tego wykorzystywanego do transportu.

Próba walki z wirusem były intensywne badania nad stworzeniem odmian odpornych, które podjęto na terenie Kanady. Jednakże, pomimo wielu wysiłków i nakładu kosztów nie udało się osiągnąć zamierzonego celu. Uzyskano jedynie odmiany o wyższej tolerancji na infekcje CfMV (Bitmann i in., 2006). Wykorzystywanie mieszanek różnych gatunków traw w tym odmian odpornych w obsiewaniu łąk i pastwisk spowalnia rozwój choroby (Munthe, 2004).

18. Niepewność

Niepewność prawidłowo wykonanej oceny ryzyka wynika z braku szczegółowych badań nad występowaniem wirusa na terenie Polski oraz z braku aktualnych danych na temat występowania CfMV w najbliższym sąsiedztwie obszaru PRA.

19. Źródła

- Alderman, S.C., Martin, R.C., Gilmore, B.S., Martin, R.R., Hoffman, G.D., Sullivan, C.S., Anderson, N.P., 2016. First report of *Cocksfoot mottle virus* infecting *Dactylis glomerata* L. in Oregon and the United States. *Plant Dis.* 100(5): 1030.
- Bitmann, S., Acharya, S.N., Hunt, D.E., 2006. Haida-VR orchardgrass. *Can. J. Plant Sci.* 86: 177–179.
- Campbell, W.A., Guy, P.I., 2001. Cocksfoot mottle virus spreads to the South Island of New Zealand. *Australasian Plant Pathology* 30: 217-220.
- Delmiglio, C. 2008. The incidence and phylogenetic analysis of viruses infecting New Zealand's native grasses. PhD thesis, University of Auckland, New Zealand.
- Delmiglio, C., Pearson, M.N., Lister, R.A., Guy, P.L., 2010. Incidence of cereal and pasture viruses in New Zealand's native grasses. *Ann. Appl. Biol.* 157: 25-36.
- GUS 2016 <https://stat.gov.pl/obszary-tematyczne/roczniki-statystyczne/roczniki-statystyczne/rocznik-statystyczny-rzeczypospolitej-polskiej-2016,2,16.html> (dostęp 11.05.2018)
- Hariri, D. and H. Lapierre. 1978. Le virus de necrose et mosaïque du dactyle (*Dactylis glomerata* L.) 281, Centre National de Recherches Agronomique INRA, Versailles, France.
- Hodge, B.A., Paul, P.A., Stewart, L.R., 2018. First report of *Cocksfoot mottle virus* infecting wheat (*Triticum aestivum*) in Ohio. *Plant Dis.* 102 (2): 464
- IPCC, 2014: Summary for policymakers. In: *Climate Change 2014: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Part A: Global and Sectoral Aspects. Contribution of Working Group II to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Field, C.B., V.R. Barros, D.J. Dokken, et al.,(eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, pp. 1-32.https://ipcc-wg2.gov/AR5/images/uploads/WG2AR5_SPM_FINAL.pdf
- Mahy, B.W.J., van Regenmortel, M.H.V., eds. 2010. *Desk Encyklopedia of Plant and Fungal Virology*. Academic Press, Oxford.
- Mapa Bioróżnorodności, 2018. Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności. http://baza.biomap.pl/pl/taxon/species-oulema_gallaeciana-chrysomela_lichenis/default/tr/y (dostęp 2018-05-11)
- Mohamed, N. A. 1980. Cocksfoot mottle virus in New Zealand. *N. Z. J. Agric. Res.* 23: 273-275.
- Mohamed, N. A., Mossop, D.W. 1981. Cynosurus and Cocksfoot Mottle Viruses: a comparison. *J. gen. Virol.* 55: 63-74.
- Munthe, T. 1988. Norske undersøkelser vedrørende hundergrasmosaikkvirus. *Växtskyddsrapport* 53: 90. Sveriges lantbruksuniversitet, Uppsala.
- Munthe, T. 2004. Cocksfoot mottle. In H. Lapierre P. A. Signoret (Eds.), *Viruses and virus diseases of Poaceae (Gramineae)* (pp. 735–739). Paris: INRA.
- Pasquali in., 2018 *Fauna Europaea - all European animal species on the web: Oulema melanopus* https://fauna-eu.org/cdm_dataportal/taxon/fe05413c-387d-41cf-9c2a-b278ed2b4681 (dostęp 11.05.2018)
- Rabenstein, F., and H. B. Schmidt. 1979. Nachweis des Knäulgrascheckungs-Virus (cocksfoot mottle virus) in der DDR. *Arch. Phytopathol. Pflanzenschutz* 15: 351- 354.
- Rognli, G.A., Aastveit, K., Munthe, T. eds. 1994. *Breeding Fodder Crops for Marginal Conditions*, 308-310.

- Ryabov, E. V., A. A. Krutov, V. K. Novikov, O. V. Zheleznikova, S. Y. Morozov, and S. K. Zavriev. 1996. Nucleotide sequence of RNA from the sobemovirus found in infected cocksfoot shows a luteovirus-like arrangement of the putative replicase and protease genes. *Phytopathology* 86: 391-397.
- Serjeant, E.P., 1967. Some properties of cocksfoot mottle virus. *Ann. appl. Biol.* 59: 31-38.
- Tamm, T. 2000. Cocksfoot mottle virus: the genome organisation and translation strategies. PhD thesis, University of Tartu, Estonia.
- Tamm, T., Truve, E., 2000. RNA-binding activities of cocksfoot mottle sobemovirus proteins. *Virus Research* 66: 197-207.
- Toriyama, S., 1982. Cocksfoot Mottle Virus in Japan. *Ann. Phytopath. Soc. Japan* 48: 514-520.
- Trzmiel, K., Jeżewska, M., 2017. First report of *Cocksfoot mottle virus* infecting *Dactylis glomerata* L. in Poland. *Plant Dis.* 101: 1067.
- Upstone, M.E., 1969. Epidemiology of Cocksfoot mottle virus. *Ann. appl. Biol.* 64: 49-55.

Załącznik 1

Tabela 1. Modele zmiany temperatury w okresie zimowym wg scenariuszy RCP 2.6, 4.5, 6.0 i 8.5. Wartości 5% i 95% oznaczają odpowiedni percentyl.

RCP 2.6	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
CanESM2	9,85	9,80	0,54	0,65
CNRM-CM5	9,69	9,82	1,03	0,93
GISS-E2-H	8,95	8,67	1,04	0,30
GISS-E2-R	8,71	8,54	-0,26	-0,88
HadGEM2-AO	10,28	10,01	0,92	0,54
HadGEM2-ES	10,58	10,49	0,58	1,06
IPSL-CM5A-LR	10,24	10,08	2,24	1,73
IPSL-CM5A-MR	9,99	9,71	0,52	-0,08
MIROC5	10,38	10,52	0,69	1,28
MIROC-ESM	10,58	10,83	1,39	1,76
MPI-ESM-LR	9,08	8,75	-0,49	-0,14
MPI-ESM-MR	8,89	9,12	0,37	0,43
MRI-CGCM3	8,79	9,06	-0,63	0,20
NorESM1-M	9,69	9,84	0,65	0,31
NorESM1-ME	9,75	10,10	0,24	0,62
ŚREDNIA:	9,70	9,69	0,59	0,58
5,00%	8,77	8,63	-0,53	-0,36
95,00%	10,58	10,61	1,65	1,74
RCP4.5	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
ACCESS1-0	10,11	11,01	0,08	1,43
ACCESS1-3	10,52	11,14	1,31	1,79
CanESM2	9,84	10,44	1,04	1,59
CCSM4	9,65	10,20	0,17	-0,15
CMCC-CM	10,79	11,92	3,07	4,43
CMCC-CMS	10,14	11,27	2,72	2,99
CNRM-CM5	9,85	10,53	1,15	2,68
GISS-E2-H	9,38	10,22	1,31	2,70
GISS-E2-H-CC	9,41	9,64	0,73	0,79
GISS-E2-R	9,49	9,77	0,65	0,67
GISS-E2-R-CC	9,34	9,62	0,30	0,69
HadGEM2-AO	10,60	11,65	1,48	2,55
HadGEM2-CC	10,26	11,40	1,70	3,28
HadGEM2-ES	10,93	11,86	2,00	2,19
inmcm4	8,64	9,00	-0,12	1,07
IPSL-CM5A-LR	10,54	11,15	2,74	3,11
IPSL-CM5A-MR	10,38	11,10	1,25	1,91
IPSL-CM5B-LR	10,29	10,47	0,55	2,74
MIROC5	11,00	11,54	1,34	2,52
MIROC-ESM	10,89	11,44	1,58	2,24
MPI-ESM-LR	9,22	9,52	-0,40	0,18
MPI-ESM-MR	9,52	9,56	1,12	1,04
MRI-CGCM3	9,19	9,90	-0,67	0,78
NorESM1-M	9,90	10,45	1,02	1,43
NorESM1-ME	9,61	10,21	0,43	1,52
ŚREDNIA:	9,98	10,60	1,06	1,85
5,00%	9,20	9,53	-0,34	0,28
95,00%	10,92	11,82	2,74	3,25
RCP6.0	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
CCSM4	9,65	10,27	0,28	0,57
GISS-E2-H	9,79	10,41	1,54	1,66
GISS-E2-R	9,48	9,87	0,99	0,96

HadGEM2-AO	10,13	11,52	0,99	1,54
HadGEM2-ES	10,40	12,95	1,66	2,32
IPSL-CM5A-LR	10,47	11,55	2,42	3,20
IPSL-CM5A-MR	10,29	11,83	0,55	1,94
MIROC5	10,65	11,84	0,71	2,74
MIROC-ESM	10,76	12,26	1,55	2,80
MRI-CGCM3	9,25	10,05	-0,14	1,01
NorESM1-M	9,57	10,92	0,78	2,01
NorESM1-ME	9,59	11,22	0,12	1,88
ŚREDNIA:	10,00	11,22	0,95	1,89
5,00%	9,38	9,97	0,00	0,78
95,00%	10,70	12,57	2,00	2,98
RCP 8.5	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
ACCESS1-0	10,38	13,39	1,93	4,04
ACCESS1-3	10,85	13,19	1,61	3,66
CanESM2	10,62	13,05	1,39	2,99
CCSM4	9,91	11,83	0,40	1,96
CMCC-CESM	11,06	12,78	3,55	6,50
CMCC-CM	11,33	14,06	3,45	6,83
CMCC-CMS	10,82	13,73	2,69	5,96
CNRM-CM5	10,58	11,79	2,21	4,41
GISS-E2-H	10,02	11,82	1,40	3,63
GISS-E2-H-CC	10,15	11,38	1,23	2,91
GISS-E2-R	9,80	11,33	1,32	3,17
GISS-E2-R-CC	10,27	11,23	1,90	2,42
HadGEM2-AO	10,92	13,59	1,87	4,34
HadGEM2-CC	11,51	14,29	3,76	5,87
HadGEM2-ES	11,89	14,48	2,13	4,54
inmcm4	9,00	10,12	0,70	2,19
IPSL-CM5A-LR	11,25	13,83	3,29	5,85
IPSL-CM5A-MR	11,25	13,12	1,13	3,52
IPSL-CM5B-LR	10,93	13,00	3,23	5,84
MIROC5	11,47	13,48	1,99	4,46
MIROC-ESM	11,67	13,97	2,36	4,55
MPI-ESM-LR	9,99	11,95	0,33	2,47
MPI-ESM-MR	10,02	11,69	1,02	2,80
MRI-CGCM3	10,12	11,28	0,48	2,34
MRI-ESM1	9,85	11,61	0,63	2,83
NorESM1-M	10,40	12,00	1,11	2,63
NorESM1-ME	10,25	11,77	1,55	2,96
ŚREDNIA:	10,60	12,58	1,80	3,91
5,00%	9,82	11,25	0,42	2,24
95,00%	11,62	14,22	3,52	6,34

Tabela 2. Modele zmiany temperatury w okresie letnim wg scenariuszy RCP 2.6, 4.5, 6.0 i 8.5. Wartości 5% i 95% oznaczają odpowiedni percentyl.

RCP 2.6	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
CanESM2	9,11	9,20	18,69	18,77
CNRM-CM5	9,26	9,14	18,05	18,35
GISS-E2-H	9,12	8,08	18,12	17,88
GISS-E2-R	8,95	7,80	17,90	17,28
HadGEM2-AO	9,61	9,74	20,84	20,41
HadGEM2-ES	10,00	9,87	20,38	20,66
IPSL-CM5A-LR	10,00	9,51	19,34	19,17

IPSL-CM5A-MR	9,31	8,89	19,13	18,63
MIROC5	10,91	11,14	19,71	19,53
MIROC-ESM	10,27	9,98	19,65	20,22
MPI-ESM-LR	8,52	8,61	17,82	17,99
MPI-ESM-MR	8,24	8,40	18,12	18,07
MRI-CGCM3	8,25	8,91	17,65	17,57
NorESM1-M	9,63	9,81	18,85	18,97
NorESM1-ME	9,26	9,72	18,85	19,00
ŚREDNIA:	9,36	9,25	18,87	18,83
5,00%	8,25	8,00	17,78	17,50
95,00%	10,46	10,33	20,50	20,47
RCP4.5	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
ACCESS1-0	9,34	10,14	19,96	20,91
ACCESS1-3	9,37	10,64	20,53	21,36
CanESM2	9,44	9,75	19,30	19,68
CCSM4	9,35	9,79	19,63	20,25
CMCC-CM	10,18	11,18	18,87	19,48
CMCC-CMS	9,42	9,89	18,99	19,68
CNRM-CM5	9,36	10,48	18,24	19,43
GISS-E2-H	9,27	10,01	18,63	19,48
GISS-E2-H-CC	10,47	10,95	19,00	19,32
GISS-E2-R	8,81	9,38	18,29	18,52
GISS-E2-R-CC	9,09	9,43	18,45	18,46
HadGEM2-AO	9,85	10,50	21,97	22,00
HadGEM2-CC	9,84	10,73	20,26	20,64
HadGEM2-ES	10,58	10,97	21,20	21,93
inmcm4	8,38	8,80	17,94	18,26
IPSL-CM5A-LR	9,96	10,85	19,56	20,00
IPSL-CM5A-MR	9,63	9,93	19,58	20,39
IPSL-CM5B-LR	9,77	10,19	19,03	19,97
MIROC5	11,59	11,88	19,54	20,30
MIROC-ESM	10,50	10,66	20,23	21,24
MPI-ESM-LR	8,79	9,17	18,58	18,90
MPI-ESM-MR	9,09	9,33	18,88	19,17
MRI-CGCM3	8,46	9,00	17,89	18,07
NorESM1-M	10,02	10,29	19,49	19,96
NorESM1-ME	9,43	10,46	18,79	19,89
ŚREDNIA:	9,60	10,18	19,31	19,89
5,00%	8,53	9,03	18,00	18,30
95,00%	10,56	11,14	21,07	21,82
RCP6.0	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
CCSM4	9,06	9,59	19,21	20,03
GISS-E2-H	9,41	10,07	18,84	19,61
GISS-E2-R	8,86	9,53	18,41	19,02
HadGEM2-AO	9,30	10,54	20,61	22,90
HadGEM2-ES	10,05	11,25	20,62	22,83
IPSL-CM5A-LR	10,11	11,10	19,41	20,46
IPSL-CM5A-MR	9,37	10,58	19,15	20,67
MIROC5	10,99	12,75	19,58	20,42
MIROC-ESM	10,11	11,39	19,83	21,80
MRI-CGCM3	8,57	8,96	17,64	18,49
NorESM1-M	9,43	10,78	18,80	20,31
NorESM1-ME	9,19	10,47	18,73	20,21
ŚREDNIA:	9,54	10,58	19,24	20,56
5,00%	8,73	9,27	18,06	18,78
95,00%	10,51	12,00	20,61	22,86

RCP 8.5	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
ACCESS1-0	10,25	12,42	21,62	24,39
ACCESS1-3	10,26	11,55	21,48	23,92
CanESM2	9,43	11,26	20,12	23,17
CCSM4	9,96	10,77	20,02	21,56
CMCC-CESM	10,34	11,89	18,76	20,17
CMCC-CM	10,24	13,20	18,89	21,40
CMCC-CMS	9,48	11,44	19,25	21,66
CNRM-CM5	9,79	10,99	19,07	20,76
GISS-E2-H	9,63	11,51	19,30	20,88
GISS-E2-H-CC	10,62	12,43	19,27	21,05
GISS-E2-R	10,23	11,11	18,97	19,88
GISS-E2-R-CC	9,86	11,39	18,87	20,35
HadGEM2-AO	10,49	12,31	22,44	25,87
HadGEM2-CC	11,36	12,65	21,41	24,62
HadGEM2-ES	10,80	12,63	22,08	25,74
inmcm4	8,52	9,71	18,23	19,96
IPSL-CM5A-LR	10,70	13,23	20,11	22,81
IPSL-CM5A-MR	9,97	11,78	20,10	22,71
IPSL-CM5B-LR	10,45	11,98	19,87	22,07
MIROC5	11,76	14,07	20,43	22,37
MIROC-ESM	10,84	12,46	21,01	23,90
MPI-ESM-LR	9,32	10,66	18,86	20,85
MPI-ESM-MR	8,63	10,11	19,15	20,94
MRI-CGCM3	9,09	10,20	18,49	19,77
MRI-ESM1	8,53	10,39	18,47	20,39
NorESM1-M	9,97	11,62	19,65	22,23
NorESM1-ME	9,75	11,32	19,36	21,54
ŚREDNIA:	10,01	11,67	19,83	22,04
5,00%	8,56	10,14	18,48	19,90
95,00%	11,20	13,22	21,94	25,40

Tabela 3. Modele zmiany opadu w okresie zimowym wg scenariuszy RCP 2.6, 4.5, 6.0 i 8.5. Wartości 5% i 95% oznaczają odpowiedni percentyl.

RCP 2.6	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
CNRM-CM5	149,2	142,3	116,2	112,6
GISS-E2-H	137,9	137,1	119,5	108,2
GISS-E2-R	149,5	140,8	110,6	98,0
HadGEM2-AO	122,7	121,7	101,7	89,7
HadGEM2-ES	133,7	123,3	107,1	98,9
IPSL-CM5A-LR	140,7	148,7	109,5	119,3
IPSL-CM5A-MR	128,2	143,3	105,0	116,2
MIROC5	147,7	154,2	103,7	111,2
MIROC-ESM	166,9	180,7	146,0	166,7
MPI-ESM-LR	128,3	142,1	101,9	100,3
MPI-ESM-MR	125,6	145,3	96,6	109,0
MRI-CGCM3	111,4	122,3	90,8	107,4
NorESM1-M	144,4	139,6	110,7	109,1
NorESM1-ME	135,0	136,1	120,8	103,4
ŚREDNIA:	137,2	141,2	110,0	110,7
ZMIANA (%):	2,4	5,4	11,0	11,7
5,00%	118,745	122,09	113,62	114,675
95,00%	155,59	163,475	153,01	158,885
RCP 4.5	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
ACCESS1-0	140,9	127,2	111,3	119,0

ACCESS1-3	137,9	135,9	116,3	122,9
CCSM4	158,0	155,3	101,7	107,1
CMCC-CM	128,2	121,1	124,7	128,3
CMCC-CMS	131,5	152,1	119,0	127,5
CNRM-CM5	157,2	157,1	110,5	121,3
GISS-E2-H	148,5	146,4	113,4	114,8
GISS-E2-H-CC	134,4	145,4	106,7	116,9
GISS-E2-R	138,8	142,9	107,2	95,4
GISS-E2-R-CC	143,3	140,2	110,7	99,8
HadGEM2-AO	120,3	117,4	103,2	113,3
HadGEM2-CC	129,8	125,0	130,1	129,4
HadGEM2-ES	119,1	138,2	115,4	116,4
inmcm4	157,3	146,3	99,4	114,5
IPSL-CM5A-LR	133,5	152,0	107,6	111,6
IPSL-CM5A-MR	136,7	121,8	113,6	115,7
IPSL-CM5B-LR	153,2	159,1	108,4	118,1
MIROC5	160,6	156,6	102,8	120,5
MIROC-ESM	165,4	175,6	159,6	174,0
MPI-ESM-LR	148,7	136,2	101,6	96,9
MPI-ESM-MR	146,7	153,7	102,1	101,3
MRI-CGCM3	120,0	136,2	109,4	100,6
NorESM1-M	140,0	144,5	113,4	114,4
NorESM1-ME	144,5	140,6	119,0	125,3
ŚREDNIA:	141,4	142,8	112,8	116,9
ZMIANA (%):	5,5	6,6	13,8	18,0
5,00%	120,045	121,205	101,615	97,335
95,00%	160,21	158,8	129,29	129,235
RCP 6.0	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
CCSM4	145,2	151,7	106,2	110,2
GISS-E2-H	138,5	145,2	100,3	121,2
GISS-E2-R	161,1	147,1	116,7	102,5
HadGEM2-AO	120,0	130,4	104,8	100,0
HadGEM2-ES	138,9	119,8	119,5	115,4
IPSL-CM5A-LR	141,3	135,4	113,6	123,3
IPSL-CM5A-MR	123,2	133,0	113,0	124,6
MIROC5	160,6	181,9	109,0	119,4
MIROC-ESM	158,3	170,6	162,3	170,0
MRI-CGCM3	126,8	131,7	113,7	113,4
NorESM1-M	135,6	129,3	113,9	131,4
NorESM1-ME	137,3	127,1	119,5	121,4
ŚREDNIA:	140,6	141,9	116,0	121,1
ZMIANA (%):	4,9	5,9	17,1	22,2
5,00%	121,76	123,815	102,775	101,375
95,00%	160,825	175,685	138,76	148,77
RCP 8.5	2036-2065 IX-XI	2071-2100 IX-XI	2036-2065 XII-II	2071-2100 XII-II
ACCESS1-0	132,2	125,1	111,9	129,5
ACCESS1-3	139,5	137,1	129,6	142,1
CCSM4	170,6	150,0	115,4	130,5
CMCC-CESM	145,8	185,1	148,7	185,7
CMCC-CM	133,9	133,6	123,2	136,4
CMCC-CMS	140,6	145,6	114,2	142,9
CNRM-CM5	169,3	171,9	120,0	131,9
GISS-E2-H	154,4	158,5	99,6	119,0
GISS-E2-H-CC	133,8	144,9	107,8	112,2
GISS-E2-R	148,5	140,0	111,6	106,2
GISS-E2-R-CC	147,9	136,4	107,8	109,4

HadGEM2-AO	114,6	125,8	106,0	117,9
HadGEM2-CC	125,9	117,6	121,0	144,0
HadGEM2-ES	121,4	121,6	120,2	141,6
inmcm4	146,0	153,5	99,6	130,9
IPSL-CM5A-LR	150,4	144,3	108,8	118,4
IPSL-CM5A-MR	119,4	145,3	130,7	134,5
IPSL-CM5B-LR	150,0	162,1	114,1	130,9
MIROC5	157,1	173,5	119,5	129,7
MIROC-ESM	167,7	182,5	163,9	195,1
MPI-ESM-LR	129,8	123,4	107,0	118,0
MPI-ESM-MR	125,8	150,6	129,2	133,1
MRI-CGCM3	133,9	128,8	102,7	135,0
MRI-ESM1	142,7	146,8	97,0	111,7
NorESM1-M	140,5	151,3	114,8	128,9
NorESM1-ME	136,2	150,1	126,1	135,6
ŚREDNIA:	141,5	146,4	117,3	132,7
ZMIANA (%):	5,6	9,3	18,4	33,9
5,00%	119,9	122,05	99,6	109,975
95,00%	168,9	180,25	144,2	175,275

Tabela 4. Modele zmiany opadu w okresie letnim wg scenariuszy RCP 2.6, 4.5, 6.0 i 8.5. Wartości 5% i 95% oznaczają odpowiedni percentyl.

RCP 2.6	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
CNRM-CM5	148,0	143,2	245,0	239,9
GISS-E2-H	111,5	102,8	219,1	224,3
GISS-E2-R	140,1	127,8	248,3	244,2
HadGEM2-AO	118,2	118,4	140,0	173,4
HadGEM2-ES	125,3	141,0	186,6	172,8
IPSL-CM5A-LR	129,3	126,9	238,0	243,0
IPSL-CM5A-MR	122,4	132,0	212,0	229,4
MIROC5	135,8	134,1	218,7	216,9
MIROC-ESM	142,6	145,4	242,0	257,1
MPI-ESM-LR	144,3	141,4	201,4	191,9
MPI-ESM-MR	127,8	130,1	199,5	181,1
MRI-CGCM3	112,4	117,4	214,6	227,8
NorESM1-M	118,8	120,2	214,0	227,7
NorESM1-ME	131,7	135,0	206,2	195,2
ŚREDNIA:	129,2	129,7	213,2	216,1
ZMIANA (%):	7,3	7,7	2,7	4,1
5,00%	112,085	112,29	170,29	173,19
95,00%	145,595	143,97	246,155	248,715
RCP 4.5	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
ACCESS1-0	146,2	152,3	186,7	159,9
ACCESS1-3	154,0	157,1	172,1	174,4
CCSM4	116,9	127,8	193,9	187,7
CMCC-CM	127,9	127,2	199,1	195,3
CMCC-CMS	135,7	159,2	214,3	216
CNRM-CM5	141,7	160,1	239,4	235,2
GISS-E2-H	113,5	113,1	225,9	212,3
GISS-E2-H-CC	130,5	146,8	223,7	202,3
GISS-E2-R	141,2	134,1	234,1	222,2
GISS-E2-R-CC	125,7	132,3	209,3	241,1
HadGEM2-AO	122,9	135,2	141	140,5
HadGEM2-CC	159,1	147,0	158,3	173
HadGEM2-ES	135,9	146,2	160,9	162,6
inmcm4	100,4	109,8	204	184,1

IPSL-CM5A-LR	129,9	131,9	247,4	237
IPSL-CM5A-MR	126,2	127,6	208,2	206,6
IPSL-CM5B-LR	114,3	129,0	232,5	226
MIROC5	134,8	150,5	237,8	225,8
MIROC-ESM	147,4	154,1	256,5	236,9
MPI-ESM-LR	145,9	140,0	182,8	171,3
MPI-ESM-MR	120,8	128,4	172,8	181,1
MRI-CGCM3	116,0	123,6	223,2	231,3
NorESM1-M	120,9	127,8	195,4	190,7
NorESM1-ME	140,1	135,2	208,7	188,4
ŚREDNIA:	131,2	137,3	205,3	200,1
ZMIANA (%):	9,0	14,0	-1,1	-3,6
5,00%	113,62	114,675	158,69	160,305
95,00%	153,01	158,885	246,2	236,985
RCP 6.0	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
CCSM4	135,1	126,9	199,1	210,6
GISS-E2-H	101,7	105,9	208,5	208,6
GISS-E2-R	136,1	143,2	212,3	224,0
HadGEM2-AO	134,6	124,3	158,1	124,0
HadGEM2-ES	132,3	135,7	177,9	159,7
IPSL-CM5A-LR	132,3	129,9	231,4	239,7
IPSL-CM5A-MR	120,2	116,9	230,0	191,5
MIROC5	141,4	145,4	217,8	236,3
MIROC-ESM	154,5	159,9	264,9	265,0
MRI-CGCM3	107,8	122,4	237,3	240,3
NorESM1-M	129,6	125,3	202,5	201,5
NorESM1-ME	128,7	126,1	204,4	193,4
ŚREDNIA:	129,5	130,2	212,0	207,9
ZMIANA (%):	7,6	8,1	2,1	0,1
5,00%	105,055	111,95	168,99	143,635
95,00%	147,295	151,925	249,72	251,415
RCP 8.5	2036-2065 III-V	2071-2100 III-V	2036-2065 VI-VIII	2071-2100 VI-VIII
ACCESS1-0	152,4	139,4	152,2	133,6
ACCESS1-3	145,4	176,8	160,9	151,8
CCSM4	123,2	133,4	197,0	176,6
CMCC-CESM	165,4	169,6	230,6	228,9
CMCC-CM	148,0	130,3	208,4	181,8
CMCC-CMS	150,3	161,7	211,2	188,4
CNRM-CM5	158,5	171,7	241,1	246,8
GISS-E2-H	124,4	117,7	203,8	206,6
GISS-E2-H-CC	145,9	133,5	250,2	215,3
GISS-E2-R	146,0	138,4	253,7	220,3
GISS-E2-R-CC	128,6	132,0	226,1	216,9
HadGEM2-AO	122,0	128,3	134,0	93,9
HadGEM2-CC	144,6	175,4	158,0	133,5
HadGEM2-ES	137,4	142,3	156,1	132,4
inmcm4	119,9	117,3	177,2	163,0
IPSL-CM5A-LR	121,4	120,4	233,1	213,0
IPSL-CM5A-MR	126,8	136,3	194,8	175,2
IPSL-CM5B-LR	130,3	142,0	220,0	220,0
MIROC5	154,4	145,0	214,3	232,2
MIROC-ESM	148,2	178,3	263,4	264,2
MPI-ESM-LR	139,0	147,4	182,5	152,4
MPI-ESM-MR	150,1	151,0	182,2	151,0
MRI-CGCM3	125,9	152,5	229,5	246,9
MRI-ESM1	140,5	160,7	224,5	235,6
NorESM1-M	127,6	129,7	205,6	192,8
NorESM1-ME	131,7	147,7	213,4	204,5

ŚREDNIA:	138,8	145,3	204,8	191,4
ZMIANA (%):	15,3	20,7	-1,3	-7,8
5,00%	121,55	118,375	153,175	132,675
95,00%	157,475	176,45	252,825	246,875

Tabela 5 Wartości referencyjne (okres 1986-2015) i zmiany w stosunku do przewidywanej wartości temperatury wg scenariuszy RCP 2.6, 4.5, 6.0, 8.5

		IX-XI	XII-II	III-VI	VII-X
1986-2015 →		8,5	-0,7	8,1	17,6
RCP 2.6	2036-2065	1,2	1,29	1,26	1,27
	2071-2100	1,19	1,28	1,15	1,23
RCP 4.5	2036-2065	1,48	1,76	1,5	1,71
	2071-2100	2,1	2,55	2,08	2,29
RCP 6.0	2036-2065	1,5	1,65	1,44	1,64
	2071-2100	2,72	2,59	2,48	2,96
RCP 8.5	2036-2065	2,1	2,5	1,91	2,23
	2071-2100	4,08	4,61	3,57	4,44

