

**ZASOBY GENOWE  
ROŚLIN UŻYTKOWYCH  
NA RZECZ HODOWLI**



Symposium Naukowe

**ZASOBY GENOWE  
ROŚLIN UŻYTKOWYCH  
NA RZECZ HODOWLI**

**STRESZCZENIA**

**Kazimierz Dolny, 6-8 wrzesień 2017 r.**

Organizatorzy:

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy  
w Lublinie  
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR-PIB w Radzikowie

Komitet Organizacyjny:

Prof. dr hab. Wanda Kociuba	UP Lublin, przewodnicząca
Prof. dr hab. Jerzy Henryk Czembor	KCRZG, IHAR – PIB, Radzików
Prof. dr hab. Wojciech Święcicki	IGR PAN, Poznań
Dr Zbigniew Segit	UP Lublin
Dr Aneta Kramek	UP Lublin
Dr Mirosław Sitarek	IO, Skierniewice
Mgr Agnieszka Osińska	KCRZG, IHAR – PIB, Radzików

Sekretariat:

Dr Magdalena Zapalska  
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin  
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie  
ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin  
Tel.: (prefix) 081 445 60 46 lub 609 554 108  
e-mail: magdalena.zapalska@up.lublin.pl

Prof. dr hab. Wanda Kociuba  
Tel.: (prefix) 081 445 60 05 lub 506 372 049  
e-mail: wanda.kociuba@up.lublin.pl

Opracowanie redakcyjne:

Dr Aneta Kramek  
Prof. dr hab. Wanda Kociuba  
Dr Zbigniew Segit

Projekt okładki:

Dr Aneta Kramek  
Prof. dr hab. Wanda Kociuba

Autorzy ponoszą odpowiedzialność za treść streszczeń

## Spis treści

### Sesja I – Gromadzenie zasobów genowych – Referaty

Jerzy H. Czembor, Grzegorz Gryziak, Marcin Zaczyński, Magdalena Ryjak, Urszula Piechota, <i>Gromadzenie i zachowanie zasobów genowych roślin użytkowych w Polsce</i> . . . . .	13
Denise F. Dostatny, Wiesław Podyma, Grzegorz Hodun, <i>Znaczenie ekspedycji w gromadzeniu zasobów genowych</i> . . . . .	16
Mirosław Sitarek, <i>Realizacja zadań w kolekcjach roślin sadowniczych utrzymywanych w IO w Skierniewicach w ramach PW na lata 2015-2020</i> . . . . .	17
Grzegorz Hodun, Małgorzata Hodun, <i>Gromadzenie i ocena zasobów genowych winorośli w Instytucie Ogrodnictwa. Dawne odmiany jabłoni w województwie podlaskim – ekspedycje i ochrona pozyskanych genotypów</i> . . . . .	19
Bartosz Tomaszewski, <i>Gromadzenie gatunków łąkowo-pastwiskowych w Ogrodzie Botanicznym KCRZG IHAR-PIB w Bydgoszczy</i> . . . . .	20
Wojciech Święcicki, Paweł Barzyk, <i>Krajowa kolekcja rodzaju <i>Lupinus sp.</i>, <i>Pisum sp.</i> i <i>Ornithopus sp.</i></i> . . . . .	21
Wojciech Rybiński, <i>Lędzwan siewny w krajowych zbiorach kolekcyjnych jako perspektywiczna roślina strączkowa</i> . . . . .	23
Teresa Nowak, <i>Zasoby wybranych dzikich gatunków spokrewnionych z roślinami uprawnymi na przykładzie wschodniej części Garbu Tarnogórskiego (Wyżyna Śląska)</i> . . . . .	24
Mariusz Chojnowski, Dorota Kruczyńska, Elżbieta Kapusta, Waldemar Treder, <i>Kolekcja aktywna nasion roślin ogrodniczych w banku genów Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach</i> . . . . .	25

### Sesja I – Gromadzenie zasobów genowych – Postery

Bartłomiej Płonkowski, Jerzy H. Czembor, <i>Kolekcja owsa w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych</i> . . . . .	29
Grażyna Mańkowska, Grzegorz Oleszak, Tomasz Wróbel, <i>Gromadzenie zasobów genowych konopi siewnych <i>Cannabis sativa L.</i></i> . . . . .	30
Kamilla Kuźdowicz, <i>Charakterystyka kolekcji form uprawnych i gatunków dzikich buraka pod względem pochodzenia</i> . . . . .	31
Zbigniew Kołtowski, <i>Zasoby genowe w kolekcji roślin miododajnych</i> . . . . .	32
Elżbieta Kapusta, <i>Kolekcja dzikich gatunków <i>Allium</i> w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach</i> . . . . .	33

Marta Olas-Sochacka, <i>Zabezpieczanie zasobów genowych czosnku pospolitego (<i>Allium sativum</i> L.) w kriobanku genów</i> . . . . .	34
Justyna Wójcik-Seliga, <i>Kolekcja roślin z rodzaju <i>Fragaria</i> prowadzona w Instytucie Ogrodnictwa</i> . . . . .	35
Jadwiga Treder, Anna Borkowska, Maria Maj, Dariusz Maj, <i>Zasoby genowe ozdobnych roślin cebulowych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach</i> . . . . .	36
Alicja Kwiecień, <i>Ekspedycje terenowe prowadzone w 2016 roku w celu pozyskiwania nowych obiektów roślin warzywnych</i> . . . . .	37
Dorota E. Kruczyńska, <i>Odmiany odporne na parcha w kolekcji jabłoni Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach</i> . . . . .	38
Agnieszka Głowacka, Elżbieta Rozpara, <i>Charakterystyka pomologiczna niemieckich odmian czereśni w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa</i> . . . . .	39
Konrad Woliński, Maciej Niedzielski, Wiesław Podyma, Jerzy Puchalski, <i>Kriogeniczny bank genów historycznych odmian jabłoni w PAN Ogrodzie Botanicznym – CZRB w Powsinie</i> . . . . .	40
J. Sznajder, Alicja Z. Kucharsk, Narcyz Piórecki, Elżbieta Żygała, Anna Sokół-Łętowska, Joanna Kolniak-Ostek, Dagmara Lib, <i>Różnorodność fizykochemiczna odmian i form gruszy z Arboretum w Bolestraszcach</i> . . . . .	41
Malwina Dobiesz, Agnieszka I. Piotrowicz-Cieślak, Barbara Adomas, <i>Charakterystyka białek w nasionach łubinu białego (<i>Lupinus albus</i> L.) przechowywanych w różnych temperaturach przez 29 lat</i> . . . . .	42

## Sesja II – Charakterystyka zmienności – Referaty

Börner A., Nagel M., Rehman Arif M.A., Agacka-Mołdoch M., Börner M., Lohwasser U., Riewe D., Wiebach J., Altmann T., <i>Plant genetic resources – conservation and exploitation for research activities</i> .	45
Jan Schmidt, <i>Charakterystyka zmienności wybranych obiektów koniczyny białej zgromadzonych w długoterminowej przechowalni Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie</i> . . .	46
Karolina Kaźmińska, Krzysztof Sobieszek, Małgorzata Targońska-Karasek, Aleksandra Korzeniewska, Katarzyna Niemirowicz-Szczytt, Grzegorz Bartoszewski, <i>Analiza zmienności genetycznej kolekcji odmian i linii dyni olbrzymiej (<i>Cucurbita maxima</i> Duchesne)</i> . . . . .	47
Ewelina Pióro-Jabrucka, Katarzyna Bączek, Olga Kosakowska, Izabela Szymborska-Sandhu, Zenon Węglarz, <i>Zmienność rozwojowa i chemiczna pierwiosnki lekarskiej (<i>Primula veris</i> L.) występującej we wschodniej Polsce</i> . . . . .	48

Włodzimierz Majtkowski, <i>Waloryzacja roślin drzewiastych krótkiej rotacji w kolekcji roślin energetycznych w Ogrodzie Botanicznym KCRZG IHAR-PIB w Bydgoszczy</i> . . . . .	49
Anna Smolarska, Joanna Nociń, Kinga Smolińska, Jerzy H. Czembor, <i>Przydatność technologii Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS) w kolekcjach Banków Genów</i> . . . . .	50
Joanna Ukalska, Wanda Kociuba, Krzysztof Ukalski, <i>Metody statystyczne do grupowania obiektów kolekcyjnych na przykładzie kolekcji pszenżyta ozimego</i> . . . . .	51

## Sesja II – Charakterystyka zmienności – Postery

Wanda Kociuba, Aneta Kramek, <i>Charakterystyka materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego zgromadzonych w latach 2000-2016</i> . . . . .	55
Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska, Urszula Piechota, Kinga Smolińska, <i>Charakterystyka zmienności odmian miejscowych jęczmienia pod względem odporności na choroby</i> . . . . .	56
Henryk Bujak, Kamila Nowosad, <i>Ocena odporności na rdzę brunatną linii wsobnych żyta ozimego</i> . . . . .	59
Kamila Nowosad, Henryk Bujak, Józef Adamczyk, Krzysztof Wójcik, <i>Wykorzystanie markerów SSR do oceny różnicowania genetycznego kolekcji linii wsobnych kukurydzy</i> . . . . .	60
Monika Żurek, Tomasz Lubas, Roman Warzecha, <i>Ocena zmienności fenotypowej obiektów kukurydzy w kolekcji KCRZG</i> . . . . .	62
Paweł Barzyk, Wojciech Święcicki, <i>Ocena odporności na antraknozę (<i>Colletotrichum lupini</i>) wybranych kombinacji krzyżówkowych lubinu żółtego</i> . . . . .	63
Anna Litwiniec, Judyta Ostrowska, Beata Choińska, Aleksander Łukanowski, <i>Ocena materiałów hodowlanych buraka cukrowego z zastosowaniem markerów związanych z odpornością na rizomanię oraz identyfikacja cytoplazmy typu dzikiego w badanych materiałach</i> . . . . .	64
Barbara Skibowska, Maria Gośka, Małgorzata Malicka, <i>Identyfikacja genotypów o podwyższonej tolerancji na stres suszy w materiałach hodowlanych buraka cukrowego</i> . . . . .	65
Sandra Cichorz, Małgorzata Malicka, Maria Gośka, <i>Analiza podobieństwa genetycznego materiałów matecznych buraka cukrowego (<i>Beta vulgaris</i> L.) o różnym potencjale gynogenetycznym</i> . . . . .	66
Joanna Piskorz, Agnieszka Przewodowska, <i>Zróżnicowanie cech odmian wczesnych w kolekcji polowej ziemniaka tetraploidalnego</i> . . . . .	67
Urszula Skomra, <i>Zróżnicowanie obiektów w kolekcji rodzaju <i>Humulus</i> utrzymywanej w IUNG-PIB w Puławach</i> . . . . .	68

Hanna Olszak-Przybyś, Urszula Skomra, Grażyna Korbecka-Glinka, <i>Zróżnicowanie genetyczne dzikiego chmielu w Polsce. . . . .</i>	69
Anna Depta, Karolina Kursa, <i>Zróżnicowanie zawartości poszczególnych alkaloidów w obrębie rodzaju Nicotiana . . . . .</i>	70
Anna Czubacka, Anna Depta, <i>Wpływ obcej cytoplazmy na odporność tytoniu na wirusa Y ziemniaka . . . . .</i>	71
Karolina Kursa, Anna Czubacka, <i>Charakterystyka profilu alkaloidowego u wybranych odmian Nicotiana rustica L. . . . .</i>	72
Aleksandra Korzeniewska, Teresa Gałęcka, Katarzyna Niemirowicz- Szczytt, <i>Charakterystyka form dyni zwyczajnej (Cucurbita pepo L.) pod względem cech owoców i nasion . . . . .</i>	73
Anna Forycka, Artur Adamczak, Waldemar Buchwald, <i>Charakterystyka morfologiczna arcydzięgla litwora (Angelica archangelica L.) . . . . .</i>	74
Bożena Matysiak, <i>Zimotrwałość taksonów z rodzaju Rosa w warunkach Polski centralnej . . . . .</i>	75
Anna Lisek, Jerzy Lisek, <i>Ocena zróżnicowania genetycznego odmian winorośli zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach przy użyciu techniki ISSR. . . . .</i>	77
Aleksandra Machlańska, Mirosław Sitarek, <i>Zróżnicowanie morfologiczne kwiatów wybranych odmian brzoskwini zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa . . . . .</i>	78
Grażyna Silska, <i>Promocja lnu zasobnego w związku bioaktywne chroniące zdrowie (Linum L.) . . . . .</i>	79
Izabela Szymborska-Sandhu, Ewelina Pióro-Jabrucka, Katarzyna Bączek, Zenon Węglarz, <i>Charakterystyka populacji miodownika melisowatego (Melittis melissophyllum L.) pochodzącego z rejonu wschodniej Polski . . . . .</i>	80
Alicja Z. Kucharska, Narcyz Piórecki, Tomasz Sozański, Anna Sokół-Łętowska, Elżbieta Żygała, Agata Czyżowska, Dagmara Lib, <i>Badania fizykochemiczne i medyczne surowców z kolekcji bolestraszyckiej . . . . .</i>	81
Urszula Piechota, Aleksandra Pietrusińska, Jerzy H. Czembor, <i>Nowoczesne technologie genotypowania wykorzystywane w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB . . . .</i>	82

### Sesja III – Wykorzystanie zasobów genowych – Referaty

Edward Arseniuk, <i>Wykorzystanie zasobów genowych w hodowli roślin i pracach badawczych . . . . .</i>	85
Grzegorz Gryziak, Marcin Zaczyński, Aleksandra Pietrusińska, Jerzy H. Czembor, <i>Wykorzystanie zasobów genowych zgromadzonych</i>	



<i>w przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych. . . . .</i>	86
Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska, Urszula Piechota, Kinga Smolińska, <i>Wykorzystanie w hodowli jęczmienia źródeł odporności na mączniaka prawdziwego i rdzę karłową . . . . .</i>	87
Dorota Michałowska, <i>Zasoby genowe ziemniaka i ich wykorzystanie w hodowli . . . . .</i>	89
Marcin Pelc, <i>Prowadzenie regeneracji zasobów genowych traw w ZDOO w Lisewie w ramach Programu Wieloletniego 1.2 MRiRW, IHAR-PIB . . . . .</i>	90
Anna Depta, Grażyna Korbecka-Glinka, Teresa Doroszevska, <i>Odporność typu va i tolerancja na wirus Y ziemniaka (PVY) w obrębie odmian uprawnych Nicotiana tabacum . . . . .</i>	91

### Sesja III – Wykorzystanie zasobów genowych – Postery

Denise F. Dostatny, Grzegorz Kloc, Dorota Dziubińska, Mieczysław Babalski, <i>Obecne użytkowanie dawnych gatunków i odmian zbóż . . . .</i>	95
Magdalena Ryjak, Przemysław Matysik, Marcin Zaczyński, Grzegorz Gryziak, <i>Udostępnianie z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych obiektów i informacji na przykładzie wyników oceny krajowych, ozimych odmian pszenicy zwyczajnej (Triticum aestivum L.) wyhodowanych przed 1939 rokiem . . . . .</i>	96
Leśniowska-Nowak Justyna, Zapalska Magdalena, Kociuba Wanda, Segit Zbigniew, Doliński Romuald, Kawęcka Magdalena, Maga Kornelia, Mrozek Małgorzata, Barchacka Karolina, <i>Identyfikacja genotypów pszenicy twardej (Triticum durum Desf.) o zwiększonej tolerancyjności na stres oksydacyjny . . . . .</i>	97
Aleksandra Pietrusińska, Urszula Piechota, Grzegorz Gryziak, Jerzy Henryk Czembor, <i>Wykorzystanie krajowych i światowych zasobów genowych w pracach badawczych oraz hodowlanych . . . . .</i>	98
Roman Prażak, Wanda Kociuba, Aneta Kramek, <i>Ocena porażenia przez rdzę brunatną (Puccinia recondita Rob. ex Desm. f. sp. tritici) linii mieszańcowych Aegilops variabilis Eig. i Aegilops kotschy Boiss. z Triticum aestivum L. . . . .</i>	99
Lubas T., Żurek M., Warzecha R., <i>Charakterystyka dawnych odmian populacyjnych kukurydzy jako źródeł bioróżnorodności . . . . .</i>	100
Anna Trojak-Goluch, <i>Wykorzystanie gatunków z rodzaju Nicotiana w najnowszej, krajowej hodowli odpornościowej tytoniu. . . . .</i>	101
Marcin Pelc, <i>Wartość użytkowa dostępnych na krajowym rynku mieszanek trawnikowych dedykowanych na gleby lekkie, suche . . . .</i>	102

---

Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina, Katarzyna Maria Wojciechowicz, Hanna Pudelska, <i>Poszukiwanie nowej zmienności genetycznej w obrębie rodzajów Lupinus, Pisum i Vicia – krzyżowania oddalone i androgeneza</i> . . . . .	103
Krzysztof Klimont, Agnieszka Osińska, Grzegorz Gryziak, Zbigniew Kołtowski, Szymon Suchecki, <i>Badanie przydatności wybranych gatunków roślin miododajnych do rekultywacji terenów po eksploatacji siarki metodą podziemnego wytopu</i> . . . . .	104
Grzegorz Gryziak, <i>Nowoczesne rozwiązania w przechowalni długoterminowej KCRZG podnoszące jakość i bezpieczeństwo obiektów</i>	106
Monika Agacka-Mołdoch, Krzysztof Jończyk, Urszula Skomra and Andreas Börner, <i>Wigor i żywotność nasion wybranych odmian pszenicy ozimej (Triticum aestivum L.) w zależności od systemu produkcji roślinnej</i> . . . . .	107
Indeks nazwisk . . . . .	109

*Sesja I*

*Gromadzenie zasobów genowych*

*Referaty*



## Gromadzenie i zachowanie zasobów genowych roślin użytkowych w Polsce

**Jerzy H. Czembor, Grzegorz Gryziak, Marcin Zaczynski,  
Magdalena Ryjak, Urszula Piechota**

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy  
j.h.czembor@ihar.edu.pl*

Polska jest krajem o stosunkowo dużej różnorodności biologicznej na tle innych krajów europejskich. Warunkuje to klimat przejściowy, brak dużych, naturalnych barier przy jednocześnie zróżnicowanej rzeźbie terenu, duża zmienność glebowa oraz wciąż ekstensywne użytkowanie dużej części obszarów rolniczych. Zróżnicowanie obszarów rolniczych odgrywa ważną rolę w zapewnianiu w dłuższej perspektywie bezpieczeństwa żywnościowego kraju.

Zarówno w Polsce, jak i w innych krajach na całym świecie, prowadzone są liczne działania zmierzające do odwrócenia procesu zanikania różnorodności genetycznej w rolnictwie. Polegają one głównie na wspieraniu podmiotów angażujących się w prowadzenie ochrony zasobów genetycznych i w zrównoważone wykorzystywanie tych zasobów. W pracach tych kluczowe jest łączenie działań służących ochronie zasobów genetycznych z podejściem uwzględniającym często bardzo zróżnicowane potrzeby użytkownika końcowego. Konieczne jest zaangażowanie i współpraca środowisk naukowych, zarówno w badania tych zasobów, jak i w działalność edukacyjno-doradczą, skierowaną nie tylko do rolników, naukowców i hodowców, ale obejmującą całe społeczeństwo. Ochrona zasobów genowych wpisuje się w realizację postanowień międzynarodowych aktów prawnych takich jak Konwencja o różnorodności biologicznej (CBD) 1994, Międzynarodowy Traktat o zasobach genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa (ITPGRFA) 2004, 2 Globalny Plan Działań dla Ochrony i Zrównoważonego Wykorzystania Roślinnych Zasobów Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa (GPA) 2011.

Na podstawie danych dostępnych na stronie FAO WIEWS – World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture (<http://www.fao.org/wiews/map-test/en/>) można stwierdzić, że KCRZG IHAR-PIB zajmuje siedemnaste miejsce na świecie wśród instytucji gromadzących roślinne zasoby genowe pod względem wielkości zbiorów (liczby obiektów), a zbiory KCRZG są w tym względzie trzecie co do wielkości w Europie (po Niemczech-IPK i Rosji-VIR) i drugie w Unii Europejskiej.

Zasoby genowe są przechowywane w formie nasion (przechowalnia długoterminowa), w ciekłym azocie, jako kolekcje kultur tkankowych, kolekcje polowe, kolekcje DNA i z wykorzystaniem innych metod. W połowie 2017 roku w przechowalni długoterminowej KCRZG zdeponowanych było ponad 76 tys. obiektów roślin rolniczych. Wśród nich są również obecnie rzadkie czy nawet nieuprawiane już odmiany roślin użytkowych – łącznie 362 gatunki należące do 31 rodzajów.

Za prowadzenie długoterminowej przechowalni nasion odpowiada KCRZG, IHAR-PIB. Każdy obiekt powinien być reprezentowany w kolekcji podstawowej

i aktywnej. Obiekt, który trafia do banku genów, jest poddawany procedurom zgodnym z międzynarodowymi standardami (FAO. 2014). Próba nasion dzielona jest na dwie części. Pierwsza z nich trafia do kolekcji aktywnej, tj. takiej kolekcji, z której nasiona są udostępniane zainteresowanym osobom (temp. 0 °C). Druga część trafia do kolekcji podstawowej. Jest to żelazna rezerwa banku genów – nasiona z niej nie są nikomu udostępniane i są przechowywane w -18 °C. Herbarium KCRZG posiada bogatą kolekcję nasion, kwiatostanów oraz arkuszy zielnikowych (ponad 20 tysięcy obiektów). Kolekcja kwiatostanów jest materiałem referencyjnym dla obiektów zdeponowanych w długoterminowej przechowalni. Corocznie do herbarium jest włączanych ponad 100 nowych obiektów.

W grupie roślin rolniczych w kolekcjach polowych utrzymywanych jest corocznie średnio ponad 1900 obiektów. Są to głównie zasoby genetyczne ziemniaka, buraka, roślin łąkowo-pastwiskowych, traw i innych jednoliściennych, roślin rekultywacyjnych i na cele energetyczne, motylkowatych drobnonasiennych. Utrzymywanie materiału w kolekcji polowej jest pracochłonne i wiąże się z ryzykiem utraty materiału (związane z niekorzystnymi czynnikami środowiska). Jednak daje ono możliwość regeneracji (namnażania) obiektów oraz sporządzania ich obserwacji i oceny. Liczba obiektów zabezpieczonych/utrzymywanych w kulturach *in vitro* to średnio ponad 1700 obiektów (głównie ziemniaka), a w ciekłym azocie ponad 90 obiektów (żyta).

W latach 2015-2020 Program Ochrony Zasobów Genowych Roślin Użytkowych jest realizowany w ramach Programu Wieloletniego IHAR-PIB pt. *Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju* jako Obszar1. Dotyczy on roślin rolniczych i innych użytkowych, roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz pokrewnych gatunków dzikich. Za prowadzenie kolekcji rolniczych i innych użytkowych oraz ich dzikich krewniaków odpowiada KCRZG, IHAR-PIB, a za prowadzenie kolekcji roślin ogrodniczych i ich dzikich krewniaków IO. W grupie roślin rolniczych i innych użytkowych oraz ich dzikich krewniaków uwzględnione są następujące kolekcje: żyta, pszenicy jarej i ozimej, grochu, łubinów i seradeli, gatunków marginalnych roślin strączkowych, pszenicy twardej, pszenżyta, gryki, kukurydzy, ziemniaka, roślin zielarskich, leczniczych i aromatycznych, chmielu, tytoniu, konopi, roślin motylkowatych drobnonasiennych, łąkowo-pastwiskowych, rekultywacyjnych i energetycznych oraz traw. KCRZG IHAR-PIB współpracuje z szeregiem instytucji, które gromadzą, zachowują, waloryzują i regenerują zasoby genowe we własnych kolekcjach, a następnie materiał roślinny przekazują w formie nasion do centralnej przechowalni lub utrzymują w warunkach polowych lub z wykorzystaniem innych technik oraz przekazują dane waloryzacyjne do centralnej bazy danych EGISSET. Kolekcje tworzą (1) odmiany i populacje miejscowe zbierane podczas ekspedycji krajowych i zagranicznych, ze szczególnym uwzględnieniem krajów sąsiedzkich oraz uzyskane w drodze wymiany, (2) dzikie gatunki spokrewnione z roślinami uprawnymi, dziko rosnące rośliny jadalne i rośliny towarzyszące uprawom polowym, (3) odmiany polskie skreślone z krajowego rejestru, nowe polskie odmiany zarejestrowane w COBORU oraz linie i inne materiały hodowlane polskiego pochodzenia o szczególnych cechach dla hodowli, (4) cenne materiały zagranicznego pochodzenia stanowiące źródło poszukiwanych cech.

Nowe obiekty są pozyskiwane zarówno w trakcie ekspedycji własnych realizowanych na terenie kraju, jak i poza granicami Polski (głównie kraje ościenne) oraz na drodze wymiany z innymi jednostkami naukowo-badawczymi, ogrodami botanicznymi czy bankami genów. Corocznie prowadzona jest waloryzacja, regeneracja obiektów włączonych do poszczególnych kolekcji oraz ich rozmnażanie, aby mogły być zdeponowane do przechowalni długoterminowej. Dane waloryzacyjne przekazywane są do bazy danych EGISSET. Obecnie podjęto próbę prowadzenia w sposób systematyczny dokumentacji fotograficznej. Baza danych EGISSET umożliwia udostępnianie użytkownikom danych poprzez wyszukiwarke obiektów, dane również są przesyłane na międzynarodowe portale internetowe, między innymi EURISCO (European Seed Catalogue) i europejskie bazy danych. Scentralizowany system ma za zadanie gromadzenie i udostępnianie danych Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG) o kolekcjach objętych Krajowym Programem Zasobów Genowych Roślin Użytkowych. Zasoby genowe zdeponowane w przechowalni KCRZG i innych kolekcjach *ex situ* udostępniane poprzez stronę internetową EGISSET.

1. AEGIS (2017) Agreed crop-specific standards, available at: <http://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas-quality-management-system-for-aegis/genebank-standards/agreed-standards/>
2. Genebank Standards for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome, 2014. E-ISBN 978-92-5-108262-1.
3. Konwencja o Różnorodności Biologicznej, sporządzona w Rio de Janeiro dnia 5 czerwca 1992 r. (Dz.U. z 2002 r. Nr 184, poz. 1532).
4. Konwencja o dostępie do informacji, udziale społeczeństwa w podejmowaniu decyzji oraz dostępie do sprawiedliwości w sprawach dotyczących środowiska (Konwencja z Aarhus), ratyfikowana w 2001 r. (Dz. U. z 2003 r. Nr 78 poz. 706).
5. Międzynarodowy Traktat o zasobach genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa, sporządzony w Rzymie dnia 3 listopada 2001 r. (Dz. U. z 2006 r. Nr 159, poz. 1128)
6. The Global Crop Diversity Trust 2006. *Foundation for Food Security*. <http://www.croptrust.org>

## Znaczenie ekspedycji w gromadzeniu zasobów genowych

**Denise F. Dostatny<sup>1</sup>, Wiesław Podyma<sup>2</sup>, Grzegorz Hodun<sup>3</sup>**

*,Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie*  
*<sup>2</sup>Pracownia Genetyki i Zasobów Genowych Roślin – Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny -Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej, ul. Prawdziwka 2, 02-973 Warszawa*

*<sup>3</sup>Zakład Zasobów Genowych Roślin Ogrodniczych – Instytut Ogrodnictwa ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice*

W harmonii z ustaleniami Konwencji o Różnorodności Biologicznej kraje członkowskie FAO opracowały i przyjęły w roku 2011 Drugi Globalny Plan Działań dla Ochrony i Zrównoważonego Wykorzystania Roślinnych Zasobów Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa, który jest kontynuacją Planu Działań z roku 1996. Plan ten przewiduje, między innymi, zbieranie zasobów genetycznych w terenie. Komisja ds. Zasobów Genetycznych dla Żywności i Rolnictwa FAO opracowała Kodeks Postępowania w zakresie zbioru zasobów genowych, który propaguje działania, przyczyniające się do minimalizacji utraty różnorodności genetycznej zbieranych populacji.

W okresie ostatnich 10 lat, pracownicy Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych skupili się na wyjazdach krajowych, w celu zabezpieczenia jeszcze istniejącego bogactwa genetycznego w ekosystemach rolniczych. W trakcie wyjazdów zaobserwowano wyraźną erozję genetyczną lokalnych odmian roślin uprawnych, ich wypieranie przez odmiany nowoczesne lub zaprzestanie uprawy niektórych gatunków. Można powiedzieć, że następuje zanikanie starych odmian zwłaszcza zbóż na terenie całej Polski. W latach 2007 – 2016 przeprowadzono 38 ekspedycje, podczas których zebrano 1732 obiektów, w tym 37 obiektów starych odmian zbóż (2% udziału zbóż w zebranych materiałach) oraz 15 obiektów lokalnych populacji żyta, a także 8 obiektów lokalnych populacji kukurydzy. Natomiast w latach 1994 – 2006 przeprowadzono 42 ekspedycje, podczas których zebrano 3251 obiektów, w tym 248 obiektów starych oraz miejscowych odmian zbóż (8% udziału w zebranych materiałach). Dla porównania w 1984 oraz 1985 roku podczas dwóch ekspedycji zebrano 155 obiektów i ponad połowę stanowiły stare i/lub miejscowe odmiany zbóż. Spadek występowania lokalnych odmian w ostatnich 20 latach pokazuje nam, że ekspedycje są istotnym elementem gromadzenia zasobów genetycznych roślin na terenie kraju. Inne grupy roślin takich jak warzywa czy drzewa owocowe zachowały się w kilku enklawach na terenie Polski.

Wskazana jest dalsza organizacja wyjazdów kolekcyjnych w celu zebrania materiału genetycznego oraz śledzenia postępującej erozji genetycznej w naszym kraju.



## **Realizacja zadań w kolekcjach roślin sadowniczych utrzymywanych w IO w Skierniewicach w ramach PW na lata 2015-2020**

***Mirosław Sitarek***

*Zakład Zasobów Genowych Roślin Ogrodniczych*

*Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice*

*miroslaw.sitarek@inhort.pl*

Początki kolekcji roślin sadowniczych w Skierniewicach sięgają lat 1926-1928. Założono wtedy pierwszy sadowniczy obiekt doświadczalny – Sad Pomologiczny, który funkcjonował na potrzeby Katedry Sadownictwa SGGW. W 1957 roku, wraz z przeniesieniem Katedry Sadownictwa do Ursynowa, Sad Pomologiczny został ostatecznie przekazany Instytutowi Sadownictwa, a od 2011 roku kolekcje są utrzymywane w strukturze Instytutu Ogrodnictwa. Z chwilą ustanowienia przez Radę Ministrów programu wieloletniego na lata 2015-2020 pod nazwą „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, dofinansowanie uzyskały także kolekcje IO.

Łącznie we wszystkich kolekcjach cząstkowych charakterystycznych dla danego gatunku lub rodzaju utrzymywanych jest około 6 tys. genotypów roślin sadowniczych. W większości przypadków są to kolekcje polowe, wyjątek stanowią winorośl i śliwa. Najbardziej podatne na przemarzanie odmiany winorośli są utrzymywane w tunelu foliowym, zaś około 50% odmian śliw jest dodatkowo utrzymywana w owadoszczelnym karkasie w celu zabezpieczenia przed rozprzestrzenianiem się wirusa szarki. Największymi są: kolekcja jabłoni – ponad 1300 genotypów, następnie gruszy, winorośli, czereśni i śliwy. Oprócz gatunków uprawianych na skalę towarową w kolekcjach gromadzone są także genotypy roślin sadowniczych o mniejszym znaczeniu gospodarczym, jak: aktinidia, bez czarny, dereń jadalny, jagoda kamczacka, rokitnik, róża owocowa, a także podkładki i dzikie gatunki drzew owocowych, obiekty pochodzące z ekspedycji (najczęściej stare odmiany). Do głównych zadań kuratorów zajmujących się poszczególnymi kolekcjami należą: utrzymanie zgromadzonych genotypów, poszerzanie kolekcji o „nowe” odmiany, charakterystyka/ocena zgromadzonego materiału roślinnego, opracowywanie danych paszportowych i waloryzacyjnych, udostępnianie obiektów zgodnie z procedurami, współpraca z kuratorami innych kolekcji krajowych i zagranicznych.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Gromadzenie i ocena zasobów genowych winorośli w Instytucie Ogrodnictwa

*Jerzy Lisek*

*Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach,*

*e-mail: Jerzy.Lisek@inhort.pl*

W kolekcji winorośli Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach zgromadzone łącznie 318 genotypów (stan na 1 stycznia 2017). Do kolekcji są systematycznie pozyskiwane dzikie formy z rodzaju *Vitis*, podkładki dla winorośli, odmiany uprawne i klony hodowlane. Celem kolekcji jest zachowanie biologicznej różnorodności oraz wstępna, ale metodyczna ocena wartości użytkowej odmian w warunkach centralnej Polski. Zgromadzone genotypy stanowią świadectwo rozwoju materialnego społeczeństwa, materiał do prac badawczych i hodowlanych oraz ograniczonego udostępniania w celach niekomercyjnych. Obiekty cechuje duże zróżnicowanie pod względem pochodzenia geograficznego i genetycznego, przeznaczenia owoców, biologii oraz cech użytkowych. Do ocenianych cech należą: przebieg faz fenologicznych; podatność krzewów na uszkodzenia mrozowe oraz najważniejsze choroby grzybowe, plenność krzewów, masa gron i jagód, termin osiągnięcia dojrzałości zbiorczej, zawartość ekstraktu oraz smak owoców. Priorytetem kolekcji jest gromadzenie odmian polskiej hodowli (Triumf Polski, Jadwiga, Iza Zaliwska, Danmarpa Polonia, Jutrzenka); wstępna ocena odmian przerobowych dla potrzeby szybko rozwijającego się w Polsce winiarstwa oraz odmian deserowych, cenionych w uprawie amatorskiej. Dla winiarstwa przydatne są zarówno winorośl właściwa – odmiany tradycyjne (Riesling, Traminer, Pinot Noir) i współczesne (Milia, Cabernet Dorsa, Dornfelder), mrozoodporne mieszańce międzygatunkowe (Seyval, Marechal Foch, Frontenac) i mieszańce międzywewnątrzgatunkowe (Solaris, Felicia, Regent, Cabernet Mitos). Winogrona deserowe cechuje zróżnicowanie: pory dojrzewania owoców – od początku sierpnia (Siewierny Rannyj) do połowy października (Katharina); barwy owoców – od zielonożółtej (Aron), przez szaroróżową (Reliance), różowoczerwoną (Suffolk Red), fioletowogranatową (Saturn), po granatowoczarną (Muscat Bleu); masy jagód – od 1 g (Somerset) do 15 g (Chryzolit) i kształtu jagód – od kulistego (Chrupka Żłota) do długo elipsoidalnego z przewężeniem (Philipp). Smak i aromat owoców jest różnorodny, od neutralnego czyli typowego dla winogron (Century), poprzez muszkatołowy (Palatina), truskawkowy (Einset) i owoców tropikalnych (Ananasnyj Rannyj). Kilkanaście odmian tworzy beznasienne jagody (Canadice, Mars).

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach *ex situ*, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Dawne odmiany jabłoni w województwie podlaskim – ekspedycje i ochrona pozyskanych genotypów

**Grzegorz Hodun, Małgorzata Hodun**

*Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice  
grzegorz.hodun@inhort.pl*

Województwo podlaskie w przeważającej mierze stanowią niziny. Nieliczne tereny pagórkowate występują głównie w jego północnej części, na terenie Pojezierza Suwalskiego. Województwo to charakteryzuje się stosunkowo chłodnym klimatem i generalnie słabymi glebami – Suwałki, jedno z większych jego miast, nazywane są polskim biegunem zimna, a gleby klasy IV, Vi VI stanowią 93% wszystkich gruntów ornych tego województwa. Pomimo warunków zasadniczo niesprzyjających uprawie drzew owocowych znajdują się w nim rejony, w których rośliny te dobrze rosną i owocują od dziesiątek lat. W celu zidentyfikowania dawnych odmian drzew owocowych występujących w wybranych rejonach województwa podlaskiego oraz przeniesienia części z nich do kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach, w latach 2007–2014 zorganizowano 3 ekspedycje.

W 2007 roku w gminach: Jeleniewo, Rutka-Tartak, Szypliszki i Wiżajny, położonych na północ od Suwałk, zbadano 8 stanowisk, z których pobrano zrazy 8 starych odmian jabłoni. W 2012 roku eksplorację dawnych odmian drzew owocowych prowadzono w gminach: Dąbrowa Białostocka, Suchowola, Goniądz, Jaświły, Korycin i Janów, znajdujących się na południe, południowy-wschód i południowy-zachód od Suwałk. Z 16 zbadanych stanowisk pozyskano zrazy 45 genotypów jabłoni. W roku 2014 poszukiwania prowadzono w 20 stanowiskach w gminach: Sztabin, Lipsk, Sidra i Bargłów Kościelny. Pobrano z nich zrazy 38 dawnych odmian jabłoni. Łącznie podczas trzech ww. ekspedycji pozyskano 91 genotypów tego gatunku, które po rozmnożeniu przeniesiono do kolekcji polowych Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach (*ochrona ex situ*).

Wśród zinwentaryzowanych obiektów stwierdzono zarówno odmiany kiedyś często uprawiane w sadach tradycyjnych, jak i rzadko w nich występujące. Z odmian popularnych, spotykanych licznie w całej Polsce, znaleziono na eksplorowanych terenach województwa podlaskiego m.in. 'Papierówkę', 'Ananasa Berżenickiego', 'Glogierówkę', 'Kronselską', 'Kosztelę', 'Malinową Oberlandzką', 'Antonówkę Półtorafuntową', 'Grafsztynka Inflanckiego', 'Renetę Kulona', 'Boikena' i 'Żeleźniaka'. Z jabłoni rzadko uprawianych w sadach tradycyjnych odnotowano tu np. odmiany: 'Deans Küchenapfel', 'Książę Albrecht Pruski' i 'Reneta Szampańska'. Unikatowymi okazały się m.in. odmiany: 'Roter Bellefleur', 'Steirischer Marschansher' i 'Wunder aus Repten', spotkane do tej pory tylko w województwie podlaskim. W województwie tym znaleziono także kilka siewek jabłoni nieustępujących odmianom szlachetnym pod względem wyglądu i smaku owoców.

## Gromadzenie gatunków łąkowo-pastwiskowych w Ogrodzie Botanicznym KCRZG IHAR-PIB w Bydgoszczy

**Bartosz Tomaszewski**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Krajowe Centrum Roślinnych  
Zasobów Genowych w Radzikowie, Ogród Botaniczny KCRZG, ul. Jeździecka 5,  
85-687 Bydgoszcz*

Bogactwo polskiej przyrody w znacznej mierze związane jest z obszarami rolniczymi. Trwałe użytki zielone (TUZ) stanowią najbardziej przyjazny dla środowiska sposób wykorzystania gruntów użytkowanych rolniczo, wobec tego powinny być szczególnie mocno eksponowane i wspierane w celu utrzymania ich walorów produkcyjnych oraz niezwykle dużej bioróżnorodności. Trwałe użytki zielone (TUZ), czyli łąki i pastwiska, zajmują w Polsce ok. 21% powierzchni gruntów ornych, tj. około 4 tys. ha. Niektóre typy występujących w Polsce łąk i pastwisk należą do najbogatszych w gatunki biocenozy Europy, i bardzo często są to biocenozy o bardzo specyficznym składzie i wiele związanych z nimi roślin i zwierząt nie występuje poza środowiskiem rolniczym. W 2015 roku w Ogrodzie Botanicznym Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych rozpoczęto realizację zadania „Gromadzenie, charakterystyka, ocena, dokumentacja oraz udostępnianie zasobów genetycznych gatunków roślin łąkowo-pastwiskowych”, w ramach Programu Wieloletniego na lata 2015-2020 pt. „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”. Głównym celem realizowanego tematu jest zabezpieczenie przed utratą zasobów genetycznych gatunków roślin łąkowo – pastwiskowych poprzez ich zbiór oraz utrzymywanie w stanie żywym w warunkach *ex situ*. Kolekcja roślin łąkowo-pastwiskowych obejmuje zarówno gatunki gromadzone w kolekcjach polowych, jak i zdeponowane w długotrwałej przechowalni nasiennej KCRZG w Radzikowie, z wyłączeniem gatunków roślin z rodziny motylkowatych (*Fabaceae*), traw (*Poaceae*) i turzyc (*Cyperaceae*). Wśród zgromadzonych obiektów są gatunki występujące na nielicznych stanowiskach w skali kraju. Niektóre z nich na siedliskach naturalnych charakteryzuje spadek liczby stanowisk lub wyraźny ubytek osobników na stanowiskach. W kolekcji znajdują się również gatunki reprezentujące różne kategorie zagrożenia. Zdecydowana większość obiektów kolekcji łąkowo-pastwiskowej to gatunki neutralne wobec kontyentalizmu. Zebrane obiekty reprezentują fitocenozy z klasy *Molinio-Arrhenetheretea* (półnaturalne i antropogeniczne darniowe zbiorowiska łąkowe i pastwiskowe) oraz *Festuco-Brometea* (ciepłolubne murawy o charakterze stepowym). Zgromadzone zasoby genetyczne umożliwią zachowanie, odtworzenie i wzbogacanie zdegradowanych ekosystemów o charakterze łąkowo-pastwiskowym.

## Krajowa kolekcja rodzaju *Lupinus* sp., *Pisum* sp. i *Ornithopus* sp.

Wojciech Święcicki, Paweł Barzyk

Poznańska Hodowla Roślin z/s w Tulcach, Oddział w Wiatrowie

E-mail: wswi@igr.poznan.pl

Omawiane kolekcje powstawały w Wiatrowie od końca lat sześćdziesiątych, początkowo z zamiarem gromadzenia materiału wyjściowego do hodowli. Wyraźny wzrost liczby obiektów i zakresu zmienności, jako efekt aktywnej współpracy spowodowały – decyzją tzw. Porozumienia Międzyresortowego z 1978 roku – włączenie tych kolekcji do krajowego banku genów roślin użytkowych.

Kolekcja łubinów obejmuje około 1250 obiektów reprezentujących 24 gatunki występujące w dwu centrach pochodzenia – w basenie Morza Śródziemnego i na kontynentach amerykańskich. Większość zgromadzonych zasobów należy do trzech gatunków uprawnych – *L. albus* (389 obiektów), *L. angustifolius* (395 obiektów) i *L. luteus* (383 obiekty). Zgromadzono także linie należące do dzikich gatunków „śródziemnomorskich i amerykańskich” oraz jedyne, uprawnego gatunku południowoamerykańskiego (*L. mutabilis*) i dwa nowe gatunki, opisane w ostatnich dekadach – *L. anatolicus* i mieszańiec międzygatunkowy *L. xhispanicoluteus*. Zbiory pochodzą z rejonów naturalnego występowania oraz z krajowych i zagranicznych ośrodków badawczych i hodowlanych. W ramach grupy roboczej ECP/GR opracowano międzynarodową bazę danych kolekcji *Lupinus*, obejmuje dane paszportowe 14 tys. obiektów zgromadzonych w 13 centrach. [http://www.igr.poznan.pl\\_](http://www.igr.poznan.pl_) w Biologiczne Bazy Danych.

Rodzaj *Ornithopus* reprezentowany jest przez 112 linii należących do 12 gatunków, np. *O. sativus*, *O. compressus* i *O. isthmocarpus*. Obiekty zgromadzone w latach większego znaczenia seradeli w rolnictwie (1970/1980) są obecnie zabezpieczone w przechowalni długoterminowej IHAR.

W kolekcji *Pisum* przechowuje się prawie 3 tys. linii w tym dzikie ekotypy subsp. *elatius*, *abyssinicum*, *humile* i *fulvum* oraz wiele odmian reprezentujących różne kierunki użytkowania. Do rodzaju tego należy tylko jeden gatunek (*P. sativum* sensu lato), ale o bardzo szerokiej zmienności cech jednogenowych. Jej opracowanie doprowadziło do wydzielenia około 100 taksonów na poziomie odmian botanicznych. Część zmienności wykraczającą poza klucz botaniczny usystematyzowano w grupach i typach mutacji. Na wyróżnienie zasługuje zestaw kilkuset linii typowych dla genów – dawców cech o znanym sposobie dziedziczenia i lokalizacji na chromosomach. Charakterystyka i analiza zmienności doprowadziła do zidentyfikowania około 30 nowych genów, które włączono do międzynarodowego banku *Pisum*.

Omawiane zbiory podlegają systematycznej waloryzacji z uwzględnieniem cech morfologicznych, fizjologicznych i użytkowych, w tym jakościowych i charakterystyki genotypu. Na przykład dla kolekcji *Pisum* tworzona jest baza danych genotypu i charakterystyka zawartości ogólnej i składu jakościowego oligosacharydów (związki antyżywniowe grochu), a dla *Lupinus* charakterystyka zawartości ogólnej i składu jakościowego alkaloidów (związki antyżywniowe łubinów).

Kolekcje rodzaju *Lupinus* i *Pisum* cieszyły się dużym zainteresowaniem użytkowników, stanowiły materiał wyjściowy zarówno w badaniach naukowych, jak i hodowli. Dzięki temu np:

- w rodzaju *Lupinus* –
  - zidentyfikowano dwa nowe gatunki,
  - przeprowadzono analizę zależności między klasami pochodzenia obiektów (populacje dzikie, rasy miejscowe, materiał badawczy, odmiany), a zawartością alkaloidu i tłuszczu w nasionach,
  - w łubinie białym zidentyfikowano materiał wyjściowy o podwyższonej zawartości tłuszczu i odporności na antraknozę,
  - wyselekcjonowano dawców takich cech, jak odporność na *Fusarium* i *Colletotrichum*, termoneutralność i samokończenie wegetacji, które okazały się być „kamieniami milowymi” dla postępu w hodowli łubinów,
- w rodzaju *Pisum* –
  - przeprowadzono analizę zależności między ewolucją rodzaju oraz klasami pochodzenia obiektów, a zawartością oligosacharydów w nasionach,
  - zidentyfikowano około 30 nowych cech dla których zbadano sposób dziedziczenia, sprzężenia oraz lokalizację na chromosomach,
  - włączono do kolekcji linie ze zrekombinowanym układem alleli blisko sprzężonych genów, niewystępującym w warunkach naturalnych i tzw. typie dzikim *Pisum*,
  - utworzono bank genów i linii typowych/dawców dla mapy chromosomów *Pisum*,
  - linie/dawcy cech związanych z architekturą liścia i łodygi były wykorzystane w tworzeniu nowego morfotypu odmiany uprawnej.



## Lędwian siewny w krajowych zbiorach kolekcyjnych jako perspektywiczna roślina strączkowa

**Wojciech Rybiński**

*Instytut Genetyki Roślin PAN, Strzeszyńska 34; 60-479 Poznań*

W ramach programu wieloletniego koordynowanego przez Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – IHAR Radzików prowadzona jest kolekcja marginalnych roślin strączkowych obejmująca między innymi obiekty z rodzajów: *Vicia*, *Cicer*, *Lens* i *Lathyrus* reprezentowanych przez takie gatunki jak: wyka siewna (*Vicia sativa* L.), ciecierzycą (*Cicer arietinum* L.), soczewica (*Lens culinaris* L.) i lędwian siewny (*Lathyrus sativus* L.). Pod względem ilościowym dominującymi są obiekty z rodzaju *Lathyrus* z jego głównym przedstawicielem – lędwianem siewnym. Należy on najstarszych gatunków uprawnych, a znany był już 8000 lat przed Chrystusem. Historia uprawy lędwianu na terenie Polski nie jest bliżej znana. Według Profesora Milczaka z UP w Lublinie lędwian siewny dotarł do Polski (rejon Podlasia) towarzysząc soczewicy jako chwast już w XVII wieku wraz z osadnictwem tatarskim. W miarę ekspansji obu gatunków na dalsze tereny, przewagę adaptacyjną uzyskiwał lędwian siewny, stając się z czasem gatunkiem dominującym. Wspomina o nim w encyklopedii rolniczej polski przyrodnik żyjący w XVIII wieku ks. Krzysztof Kluk. Pierwsze dane o hodowli lędwianu w Polsce (rejon Gdańska) pochodzą z 1937 roku. Dopiero po wielu latach na podstawie obiecujących doświadczeń polowych z lokalnymi formami lędwianu przeprowadzonych w Białej koło Radzyna Podlaskiego (1991) i dalszych prac rozpoczęto selekcję indywidualną, a prowadzenie hodowli twórczej w Nochowcu od roku 1993 doprowadziło do rejestracji dwóch odmian lędwianu siewnego – Derek i Krab, dotąd jedynych w krajowym rejestrze. Mimo uzyskania niewątpliwego postępu hodowlanego i niezaprzeczalnych zalet użytkowych (wysoka zawartość białka – do 32%, odporność na niskie temperatury, wybitna odporność na suszę, tolerancja na rodzaj gleb, wyższa odporność na pęknięcie dojrzałych strąków niż grochu, znaczna odporność polowa na choroby grzybowe) lędwian siewny nadal ma marginalne znaczenie w polskim rolnictwie. Jedną z przyczyn tego stanu rzeczy jest konieczność poprawienia niektórych niekorzystnych cech użytkowych jak również mało poznana pula genowa, którą reprezentują w Polsce dwie uzyskane odmiany oraz nieliczne formy lokalnie uprawiane dotąd na Podlasiu. W celu wzbogacenia wspomnianej puli genowej i poszerzenia zakresu zmienności genetycznej cech rozpoczęto gromadzenie obiektów reprezentowanych obecnie przez własne indukowane mutanty, lokalne formy z Podlasia oraz obiekty pochodzenia zagranicznego – odmiany uprawne i lokalne genotypy. W ramach wystąpienia konferencyjnego przedstawiono ich pochodzenie, opis botaniczny, charakterystykę morfologiczną oraz wartość użytkową z ewaluacji polowych uzupełnionych przez wyniki składu chemicznego nasion w odniesieniu do zawartości białka, jego składu aminokwasowego, tłuszczu, profilu kwasów tłuszczowych oraz czynników antyżywnościowych.

## Zasoby wybranych dzikich gatunków spokrewnionych z roślinami uprawnymi na przykładzie wschodniej części Garbu Tarnogórskiego (Wyżyna Śląska)

*Teresa Nowak*

*Uniwersytet Śląski, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra Botaniki  
i Ochrony Przyrody*

*ul. Jagiellońska 28; 40-032 Katowice; teresa.nowak@us.edu.pl*

Rośliny są nie tylko istotnym elementem środowiska przyrodniczego, ale stanowią także niewyczerpane źródło korzyści dla człowieka. Pozyskiwane są ze stanu dzikiego lub z upraw. Dla udoskonalania odmian uprawnych bardzo ważne są pokrewne gatunki dziko rosnące, które mogą wspomagać rośliny uprawne m.in. w zakresie odporności na choroby czy przystosowania do lokalnych warunków siedliskowych.

W trosce o zachowanie różnorodności gatunkowej roślin dziko rosnących, także z myślą o przyszłych hodowlach, prowadzone są badania, które mają na celu dobór najbardziej efektywnych metod ich ochrony. Pierwszym i najważniejszym zadaniem jest jednak określenie ich statusu zagrożenia poprzez zbadanie rozmieszczenia i zasobów flor zarówno w skali lokalnej, regionalnej jak również w skali kraju czy kontynentu.

W niniejszej pracy przeprowadzono analizę flory rodzimych roślin naczyniowych na terenie wschodniej części Garbu Tarnogórskiego pod kątem występowania dzikich pokrewnych gatunków roślin dla grupy roślin ozdobnych. Garb Tarnogórski jest mezoregionem fizyczno-geograficznym położonym w północnej części Wyżyny Śląskiej. Teren ten jest zróżnicowany pod względem użytkowania. Znajdujemy tu tereny przemysłowe (fragment Górnośląskiego Okręgu Przemysłowego, Olkuski Okręg Rudny), silnie zurbanizowane jak również rolnicze i rejon o roślinności naturalnej i półnaturalnej (np. dolina Białej Przemszy). Badany obszar obejmował ok. 600 km<sup>2</sup>, a rozmieszczenie odnotowywanych gatunków podawano dla kwadratów o boku 2 km (stanowisko).

Na podstawie dostępnych materiałów (katalogi, monografie, oferty szkółek ogrodniczych) sporządzono listę dzikich pokrewnych gatunków dla uprawnych odmian roślin ozdobnych w Polsce, która obejmowała ponad 800 gatunków, a następnie przeanalizowano florę analizowanego mezoregionu (Nowak 1999). Na 799 gatunków rodzimych aż 355 zaklasyfikowano jako dzikie pokrewne ozdobnym roślinom uprawnym. Reprezentowały one 85 rodzin botanicznych, z których najliczniejsze były: *Asteraceae* (25 gatunków), *Fabaceae* (23 gatunki), *Poaceae* (22 gatunki), *Rosaceae* (22 gatunki), *Lamiaceae* (21 gatunków) i *Ranunculaceae* (19 gatunków). Dla każdego gatunku określono stan zasobów (liczbę stanowisk) oraz spektrum siedliskowe. Pod względem statusu zagrożenia odnotowano zarówno gatunki pospolite jak również chronione oraz rzadkie i zagrożone w województwie śląskim.

Nowak T. 1999. Atlas rozmieszczenia roślin naczyniowych na terenie wschodniej części Garbu Tarnogórskiego (Wyżyna Śląska). Materiały, Opracowania 2. Centrum Dziedzictwa Przyrody Górnego Śląska, Katowice.



## **Kolekcja aktywna nasion roślin ogrodniczych w banku genów Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach**

*Mariusz Chojnowski, Dorota Kruczyńska, Elżbieta Kapusta,  
Waldemar Treder*

*Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice  
e-mail: Mariusz.Chojnowski@inhort.pl*

Kolekcja zasobów genowych roślin ogrodniczych aktualnie obejmuje około 15 tys. obiektów, z czego ponad 9 tys. stanowią nasiona roślin warzywnych znajdujące się w przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR-PIB w Radzikowie. W roku 2016 podjęta została decyzja o przeprowadzeniu inwentaryzacji obiektów gromadzonych od 1981 roku przez były Instytut Warzywnictwa a następnie przez Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach. Przygotowano procedurę gwarantującą bezpieczne postępowanie z inwentaryzowanymi materiałami. Prace te wykonywane są w Zakładzie Zasobów Genowych Roślin Ogrodniczych Instytutu Ogrodnictwa i obejmują ocenę ilościową oraz jakościową zgromadzonych nasion roślin warzywnych. W wypadku posiadania odpowiedniej ilości nasion danego obiektu, spełniających niezbędne wymagania jakościowe, próba dzielona jest na podpróby przeznaczone do: a) kolekcji bazowej zlokalizowanej w przechowalni długoterminowej KCRZG IHAR-PIB w Radzikowie, b) nowo tworzonej kolekcji aktywnej roślin ogrodniczych w ZZGRO IO w Skierniewicach, oraz c) dwóch kopii bezpieczeństwa przesyłanych do KCRZG IHAR-PIB w celu umieszczenia ich w banku genów o odległej lokalizacji geograficznej oraz do depozytu w Światowym Banku Nasion na wyspie Svalbard.

Obiekty nie spełniające kryteriów ilościowych bądź jakościowych przeznaczone są do regeneracji lub rozmnożenia. Pozwala to na uzyskanie odpowiedniej ilości nasion do prawidłowego zarządzania materiałami w banku genów. Kolekcja aktywna zasobów genowych roślin ogrodniczych, poza nasionami roślin warzywnych, obejmować będzie nasiona innych gatunków, w tym roślin ozdobnych i gatunków dzikich pokrewnych roślin ogrodniczych. Badania prowadzone w kolekcji obejmują prace nad metodami oceny nasion dla potrzeb banku genów m.in. testy wigoru nasion, metody oznaczania i przełamania spoczynku oraz digitalizację i automatyzację oceny nasion z wykorzystaniem komputerowej analizy obrazu.

Obiekty gromadzone w kolekcji aktywnej dostępne są dla celów hodowlanych, naukowych i edukacyjnych w ramach wielostronnego systemu dostępu i podziału korzyści (MLS) po zaakceptowaniu Standardowego Porozumienia o Przekazaniu Materiału (sMTA). Mogą być także udostępniane rolnikom, ogrodnikom i hobbystom w celach prywatnych, po zaakceptowaniu Uproszczonego Porozumienia o Przekazaniu Materiału (MTA).

Praca jest prowadzona w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.



*Sesja I*

*Gromadzenie zasobów genowych*

*Postery*



## Kolekcja owsa w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych

**Bartłomiej Płonkowski, Jerzy H. Czembor**

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – KCRZG,  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowy Instytut Badawczy IHAR PIB,  
Radzików, 05-870 Błonie  
b.plonkowski@ihar.edu.pl*

Owies (*Avena sativa* L.) jest rośliną uprawną o przeznaczeniu na paszę dla zwierząt, żywność oraz o zastosowaniu przemysłowym. Owies jest siódmym ekonomicznie najważniejszym zbożem na świecie. Gatunek ten jest uprawiany na całym świecie, większość jego upraw znajduje się na półkuli północnej, w Północnej Ameryce, Europie i Azji. Głównymi producentami są Rosja, Kanada, Finlandia i Polska (FAOSTAT, 2017). Owies wśród zbóż jest lepiej przystosowany do chłodnego i wilgotnego klimatu oraz kwaśnych gleb niż inne zboża, jest wrażliwy na niedobory wody i wysokie temperatury podczas wytwarzania ziarniaków i fazy dojrzewania (Murphy and Hoffman, 1992). Owies jest dobrym źródłem włókna pokarmowego, nienasyconych kwasów tłuszczowych i białka, jest zalecany w diecie bezglutenowej.

Kolekcja owsa w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – KCRZG w Radzikowie posiada 2620 obiektów, wliczając 138 dzikich gatunków, 240 odmian lokalnych oraz 66 odmian starych.

Najważniejsze cele prowadzenia kolekcji owsa to: zachowanie zasobów genowych owsa i jego dzikich krewniaków poprzez przechowywanie a także charakterystyka i ewaluacja obiektów na potrzeby hodowli, reintrodukcji starych odmian oraz prac badawczych. Cele te są realizowane poprzez:

Trzyletnie doświadczenie polowe (2015-2017), w którym wykonywana jest: charakterystyka rozmnażanych materiałów – identyfikacja botaniczna oraz charakterystyka morfologiczna;

Ewaluację rozmnażanych materiałów – ocena podstawowych cech użytkowych rolniczych oraz ocena podstawowych cech technologicznych.

Ponad to, uzupełniane są dane paszportowe, ewaluacyjne oraz fotograficzne; regenerowane są wybrane materiały kolekcyjne; przekazywane są wiechy regenerowanych obiektów do referencyjnego herbarium Banku Genów.

## Gromadzenie zasobów genowych konopi siewnych *Cannabis sativa* L.

**Grażyna Mańkowska, Grzegorz Oleszak, Tomasz Wróbel**

*Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, 60-630 Poznań, ul. Wojska  
Polskiego 71 b*

Konopie *Cannabis sativa* L. są gatunkiem należącym do rodziny konopiowatych *Cannabaceae*, rodzaju *Cannabis*, oraz rośliną jednoroczną, rozdzielнопłciową, dwupienną lub jednopienną. Charakteryzują się mnóstwem form o zróżnicowanych biologicznych i morfologicznych cechach oraz różnej wartości gospodarczej. Na powstanie tych różnic wpłynęły warunki geograficzno-klimatyczne i glebowe, a także człowiek, który starał się rozwinąć i utrwalić cenne cechy użytkowo – gospodarcze konopi.

Gromadzenie odmian i ekotypów konopi to nie tylko zachowanie różnorodności biologicznej, ale także dostarczenie zróżnicowanego materiału wyjściowego do hodowli i zabezpieczenie wieloletniego dorobku hodowców. W przypadku konopi jest to szczególnie ważny element, ponieważ do niedawna uprawa konopi, z uwagi na zagrożenie narkomanią, była zakazana w wielu krajach.

Kolekcja konopi w Instytucie Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich prowadzona jest w ramach ogólnopolskiego Programu Wieloletniego 2014–2020 *Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju* finansowanego przez IHAR w Radzikowie. W kolekcji gatunku *Cannabis sativa* L. utrzymywanej w IWNiRZ w Poznaniu zgromadzono 172 obiekty reprezentujące odmiany z różnych rejonów świata oraz cenne polskie rody hodowlane. W przechowalni długoterminowej IHAR w Radzikowie znajdują się 63 obiekty.

Ważnym zagadnieniem jest określenie cech użytkowych materiałów zgromadzonych w kolekcji. Dla danych obiektów, poza cechami paszportowymi, określa się cechy morfologiczne i biologiczne oraz wartość użytkową. Są to cenne informacje dla hodowców przy wyborze wartościowych komponentów rodzicielskich.

W celu określenia cech użytkowych obiektów zgromadzonych w kolekcji IWNiRZ, zakładane są doświadczenia w hali wegetacyjnej oraz w warunkach polowych w Zakładzie Doświadczalnym Pętkowo (woj. wielkopolskie). W czasie wegetacji prowadzone są obserwacje faz rozwojowych konopi (wschody, kwitnienie, dojrzewanie), stanu roślin na jednostce powierzchni oraz występowania chorób i szkodników. Po zbiorze roślin dokonuje się pomiarów cech morfologicznych (długości ogólne, długości techniczne łodyg, oraz grubości łodyg konopnych). Wskaźnikiem jakości nasion jest ocena masy tysiąca nasion (MTN), którą określa się zgodnie z przyjętymi zasadami ISTA.

W badaniach jakościowych materiału siewnego obiektów wykonuje się również tzw. badania specjalne. W okresie kwitnienia pobierane są próbki kwiatostanów w celu oznaczenia zawartości substancji halucynogennej  $\Delta^9$  THC – tetrahydrokannabinolu (THC) oraz kannabidiolu (CBD).

## Charakterystyka kolekcji form uprawnych i gatunków dzikich buraka pod względem pochodzenia

**Kamilla Kuźdowicz**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-Państwowy Instytut Badawczy, Oddział Bydgoszcz k.kuzdowicz@ihar.bydgoszcz.pl*

Gatunek burak zwyczajny (*Beta vulgaris* L.) prawdopodobnie wyodrębnił się około 2000 lat p.n.e. z lokalnych, dzikich, bardzo zróżnicowanych populacji buraka nadmorskiego (*B. maritima*) porastających nawadniane tereny dawnej Persji. Początkowo użytkowane były tylko liście, głównie do celów leczniczych i przyprawowych, rzadziej jako warzywo. Nieco później wyodrębniły się formy korzeniowe. Oba typy buraka (liściowy i korzeniowy) bardzo łatwo się krzyżowały między sobą dając naturalne mieszańce z wyraźnie ukształtowanym korzeniem spichrzowym. Z biegiem czasu zwiększał się też rejon ich występowania. Już na 1000 lat p.n.e. buraki były znane na Sycylii, skąd trafiły do Europy. Centra genowe wieloletnich gatunków dzikich buraka leżą w Azji Mniejszej i w Górach Kaukazu. Gatunki jedno- i dwuletnie zasiedlają głównie rejony basenu Morza Śródziemnego, wybrzeża zachodniej i północnej Europy oraz wulkaniczne wyspy Makronezji.

Celem niniejszej pracy jest charakterystyka kolekcji buraka należącej do banku genów Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie pod względem pochodzenia. Obecnie liczy ona ponad 600 obiektów, głównie form uprawnych, które w większości zostały zgromadzone przez Oddział Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Bydgoszczy.

Pochodzenie skolekcjonowanych zasobów genowych buraka jest ściśle związane z jego hodowlą oraz sytuacją geopolityczną kraju. Na podstawie zachowanych dokumentów dla zgromadzonych obiektów opracowano dane paszportowe w formie elektronicznej, które pozwalają na sprawne śledzenie ich genezy (data pozyskania, kraj pochodzenia, dawca, miejsce zbioru i/lub rozmnożenia i in.). Próby zebranych w kolekcji form uprawnych pochodzą z dawnych polskich i zagranicznych ośrodków hodowli buraka cukrowego i pastewnego oraz z krajowych i międzynarodowych ekspedycji naukowych. Natomiast gatunki dzikie ze światowych kolekcji rodzaju *Beta* i indywidualnej wymiany materiału roślinnego. Duża część zgromadzonych w kolekcji obiektów reprodukowana była we własnym zakresie w IHAR-PIB w Bydgoszczy oraz w dawnej stacji hodowli buraka w Nawrze i Kończewicach.

Badania prowadzone są w ramach programu wieloletniego: zad.1.2; 3-1-02-0-03

## Zasoby genowe w kolekcji roślin miododajnych

**Zbigniew Koltowski**

*Instytut Ogrodnictwa, Zakład Pszczelnictwa w Puławach*

Jednym z elementów działalności Instytutu Ogrodnictwa Zakładu Pszczelnictwa w Puławach jest prowadzenie Kolekcji Roślin Miododajnych. W Pracowni Zapyłania Roślin w ramach realizowanego w Instytucie wspólnie z IHAR Radzików Programu Wieloletniego – Zasoby Genowe, gromadzone są i utrzymywane możliwie duże zasoby roślin miododajnych, które są również opisywane, oceniane i później także rozpowszechniane wśród pszczelarzy. Podstawowe cele realizowane w kolekcji to przede wszystkim wykonanie wszelkich prac zabezpieczających przed utratą zasobów genowych roślin miododajnych, ich utrzymanie w stanie żywym w warunkach *ex situ*, ich charakterystyka i ocena oraz zwiększanie różnorodności genetycznej roślin użytkowych dla pszczół poprzez upowszechnianie materiału rozmnożeniowego oraz informacji o roślinach miododajnych. Dodatkowym celem zadania jest podnoszenie świadomości społeczeństwa w zakresie znaczenia roślinnych zasobów genowych.

W Kolekcji Roślin Miododajnych aktualnie utrzymywane są 243 gatunki. Są to taksony bardzo zróżnicowane morfologicznie, wśród których możemy wymienić: 31 gatunków jednorocznych; 17 dwuletnich; 107 gatunków wieloletnich (bylin); 9 krzewinek i półkrzewów; 41 taksonów (gatunków i mieszańców) krzewów i 38 gatunków drzew. Wszystkie taksony zgromadzone w kolekcji utrzymywane są w stanie żywym *ex situ*. Jest to swoisty bank genów dla gatunków roślin miododajnych.

W roku 2016 w ramach realizowanego zadania opracowano i przekazano do centralnej bazy danych dane paszportowe dla wszystkich gatunków utrzymywanych w kolekcji. Opracowano również niektóre dane waloryzacyjne i przekazano je do centralnej bazy danych EGISET zgodnie z formatem zastosowanym w deskryptorach. Dane te, dotyczące roślin miododajnych będą w kolejnych latach na bieżąco aktualizowane i przekazywane do centralnej bazy danych. Corocznie wiosną wysiewane są nasiona roślin rocznych, a pod koniec pierwszej połowy roku roślin dwuletnich. Z większości gatunków zbierane są nasiona, które są przechowywane w roboczej kolekcji nasion. W kolekcji zgromadzono nasiona 140 gatunków. Próbkami nasion przekazano wiele lat temu do długotrwałego przechowywania w banku genów Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie. W ramach wymiany partnerskiej do kolekcji roślin miododajnych pozyskiwane są nowe gatunki, które nie były jeszcze badane pod kątem wartości pszczelarskiej, ale istnieją przesłanki, że mogą stanowić cenne uzupełnienie bazy użytkowej pszczół w Polsce. Realizowana jest także akcja rozpowszechniania roślin miododajnych, w ramach której przeciętnie w ciągu roku wysyłanych jest około 100 przesyłek zawierających materiał rozmnożeniowy roślin miododajnych do odbiorców z różnych rejonów Polski. Przez cały czas Kolekcja Roślin Miododajnych jest dostępna jako ekspozycja dla odwiedzających ją pszczelarzy, studentów i młodzieży szkolnej. Ponadto przeprowadzanych jest po kilka lub kilkanaście szkoleń w ramach propagowania sposobów wykorzystania zasobów genowych roślin miododajnych zgromadzonych w kolekcji.



## Kolekcja dzikich gatunków *Allium* w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach

**Elżbieta Kapusta**

Instytut Ogrodnictwa, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice  
e-mail: elzbieta.kapusta@inhort.pl

Kolekcja wieloletnich gatunków z rodzaju *Allium* w Instytucie Ogrodnictwa (wcześniej Instytut Warzywnictwa) istnieje od 1975r. i liczy 130 obiektów. W kolekcji znajdują się zarówno gatunki nadające się do spożycia, jak szczypiorek, siedmiolatka a także gatunki dzikie o walorach dekoracyjnych, takie jak np. *Allium nutans*, *Allium hymenorhizum*, *Allium rubens*, *Allium senescens*, *Allium ledebourianum*, *Allium altaicum*, *Allium tricocum*, *Allium albidum*, *Allium chinese*, *Allium fistulosum*, *Allium moly*, *Allium odorum* i wiele innych. Pochodzą one z ekspedycji przeprowadzonych na terenie Syberii, Azji oraz Polski a także z wymiany z ogrodami botanicznymi.

Zgromadzone genotypy różnią się wieloma cechami morfologicznymi min. pokrojem i wielkością roślin, barwą, szerokością i długością liści, typem i barwą kwiatostanów. Odznaczają się także cennymi właściwościami zdrowotnymi, odżywczymi, składem chemicznym oraz posiadają cechy dekoracyjne. Wiele nieznanych u nas gatunków *Allium* wykorzystuje się jako rośliny przyprawowe a także w medycynie ludowej. Gatunki *Allium nutans*, *Allium ledeborianum*, *Allium chinese*, *Allium altaicum*, *Allium moly* bez większych trudności można wprowadzić do uprawy amatorskiej. Są to rośliny wieloletnie, które na jednym miejscu mogą rosnąć przez kilka lat.

W ostatnich latach obserwuje się coraz większe zainteresowanie uprawą tych mało znanych roślin. Dzikie formy są cenne, gdyż stanowią źródło bogatej zmienności genetycznej. Dlatego też jednym ze sposobów uchronienia takich materiałów przed zaginięciem jest ich zabezpieczanie w kolekcjach. Z związku ze zmianą lokalizacji kolekcji wykonana zostanie stopniowa racjonalizacja i inwentaryzacja poprzez pozostawienie gatunków cennych pod względem morfologicznym i użytkowym, a także w celu wyeliminowania duplikatów.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, krio-konserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Zabezpieczanie zasobów genowych czosnku pospolitego (*Allium sativum* L.) w kriobanku genów

**Marta Olas-Sochacka**

*Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice,  
e-mail: marta.olas@inhort.pl*

W ramach zadania 1.3 Programu Wieloletniego IHAR-PIB/IO kontynuowano działania związane z krioprezerwacją czosnku pospolitego. Corocznie zabezpieczane są kolejne obiekty czosnku w ciekłym azocie. Aktualnie w kriobanku zostało zdeponowanych 168 obiektów tego gatunku (82 z polskiej kolekcji, 51 z czeskiej kolekcji, a 34 z niemieckiej kolekcji). Stanowią one bezpieczny duplikat kolekcji polowej obejmującej 539 obiektów. Obiekty pochodzące z zagranicznych kolekcji zostały zdeponowane w polskim kriobanku genów w postaci „black box” na podstawie porozumienia podpisanego 28 marca 2011 przez trzech partnerów (Czechy, Niemcy, Polska) na okres dwudziestu lat.

W 2016 roku poddano krioprezerwacji 10 obiektów czosnku pospolitego (7 tworzących pędy kwiatostanowe i 3 nie tworzące pędów kwiatostanowych). Krioprezerwację przeprowadzono metodą witrifikacji. Stożki wzrostu pędów o wielkości 1,5mm izolowano z cebulek powietrznych (czosnek tworzący pędy kwiatostanowe) bądź ząbków (czosnek nie tworzący pędów kwiatostanowych). Eksplantaty traktowano mieszaniną krioprotektantów: roztwór wstępny (2M glicerol i 0,4M sacharoza) przez 20 minut oraz roztwór PVS3 [50% glicerol (w/v) i 50% sacharoza (w/v)] przez 120 minut. Następnie eksplantaty zanurzano bezpośrednio w ciekłym azocie. Ocenę przeżywalności przeprowadzano 2 tygodniach od rozmrożenia, a regeneracji po 6 tygodniach od rozmrożenia.

Średnia przeżywalność obiektów nie tworzących pędów kwiatostanowych wynosiła 95,6%, natomiast regeneracja 80%. W przypadku obiektów tworzących pędy kwiatostanowe średnia przeżywalność wynosiła 82%. Z kolei regeneracja 70%, dwa obiekty spośród siedmiu wykazały obecność endogennych bakterii.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 «Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków», finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Kolekcja roślin z rodzaju *Fragaria* prowadzona w Instytucie Ogrodnictwa

**Justyna Wójcik-Seliga**

Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

e-mail: justyna.wojcik@inhort.pl

Kolekcja polowa roślin z rodzaju *Fragaria* jest zlokalizowana w Sadzie Pomologicznym w Skierniewicach. Zgromadzono w niej 228 taksonów, w tym 214 odmian uprawnych truskawki wielkoowocowej gatunku *Fragaria grandiflora* Ehrh. i *Fragaria x ananassa* Duch. W kolekcji jest również 8 odmian poziomki (*Fragaria Vesca* L.) oraz 6 gatunków pozyskanych z dzikich stanowisk. Dużym problemem w uprawie roślin z rodzaju *Fragaria* jest rozwijający się w glebie grzyb *Verticillium dahliae* Kleb. W celu uniknięcia porażenia bylin przez tego patogena kolekcja ta prowadzona jest w pojemnikach. Każdy genotyp jest reprezentowany przez 4 rośliny, które rosną w wypełnionych substratem donicach o wymiarach 80 cm x 20 cm. Liczba taksonów w kolekcji zmienia się. Podyktowane jest to pozyskiwaniem nowych odmian z krajowych i zagranicznych programów hodowlanych. W kolekcji prowadzi się szczegółowe obserwacje dotyczące cech morfologicznych i fenologicznych. Łącznie ocenia się 48 cech według deskryptora 'Strawberry' opracowanego przez UPOV (International Union for the Protection of New Varieties of Plants). Na podstawie zebranych danych wykonuje się opisy pomologiczne odmian.

Dodatkowo w celu lepszego poznania nowo pozyskanych genotypów bada się ich wartość gospodarczą w tym plonowanie oraz jakość owoców. W kolekcji co roku prowadzi się obserwacje fenologiczne związane z terminem początku, pełni oraz końca kwitnienia i owocowania, a w okresie wegetacji wielokrotnie monitoruje się kolekcję pod kątem zdrowotności roślin. Szczegółową uwagę zwraca się na uszkodzenia spowodowane przez mróz, choroby i szkodniki. Zdrowotność materiału ocenia się przy pomocy 9° skali bonitacyjnej, gdzie 1 – to rośliny martwe, a 9 – rośliny zdrowe. Owoce wybranych genotypów analizuje się pod względem chemicznym oraz określa się ich parametry jakościowe.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, krio-konserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Zasoby genowe ozdobnych roślin cebulowych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach

*Jadwiga Treder, Anna Borkowska, Maria Maj, Dariusz Maj*

*Instytut Ogrodnictwa  
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3  
96-100 Skierniewice*

Kolekcja ozdobnych roślin cebulowych w Instytucie Ogrodnictwa obejmuje obecnie 790 taksonów (odmian i gatunków) w obrębie 4 rodzajów: tulipan, narcyz, lilia i mieczyk. Najlicniejszą grupę stanowią tulipany obejmując 424 taksony. Jest to największa kolekcja tulipanów w Polsce i zawiera przedstawicieli ze wszystkich grup klasyfikacyjnych, z wyjątkiem tulipanów Rembrandta. Spośród zgromadzonych taksonów na szczególną uwagę zasługują odmiany wyhodowane w Polsce (np. Agalia, Giewont) a także odmiany zagraniczne, lecz noszące imiona znanych postaci z polskich (np.: tulipany, Jan Paweł II, Anna Komorowska, Irena Sendlerowa, Maria Kaczyńska, Lech Kaczyński, Kopernik, Jolanta Kwaśniewska itp). Odmiany te cieszą się bardzo dużym zainteresowaniem wśród zwiedzających kolekcje a także podczas wystaw kwiatów. Odmiany te cieszą się bardzo dużym zainteresowaniem osób zwiedzających kolekcje oraz wystawy kwiatów.

W kolekcji mieczyków, lilii i narcyzów również znajdują się odmiany i polskiej hodowli jak również klony hodowlane. Cenne czy też nowo zakupione obiekty są uprawiane w karkasie. Obiekty, które są mniej liczne są rozmnażane wegetatywnie lub metodą *in vitro* w celu uzupełnienia ich stanu w kolekcjach. Kolekcje roślin cebulowych podczas kwitnienia są licznie odwiedzane przez amatorów, hobbystów, studentów i uczniów, a także są cennym źródłem wiedzy dla producentów zajmujących się reprodukcją i uprawa kwiatów cebulowych. Cebule tulipanów i innych gatunków będących w zasobach kolekcyjnych są udostępniane na zasadzie wymiany z innymi opiekunami i właścicielami kolekcji w kraju jak również są nieodpłatnie udostępniane i przekazywane do ogrodów szkolnych i przedszkolnych w celu popularyzacji wiedzy na ich temat. Nowe obiekty są do kolekcji są pozyskiwane w drodze wymiany lub zakupu z profesjonalnych gospodarstw. Wiedza na temat posiadanych zasobów w kolekcjach ozdobnych roślin cebulowych jest upowszechniania podczas wystaw kwiatów, a także w formie wykładów i prelekcji podczas szkoleń i konferencji. W każdym sezonie wykonywane są obserwacje dotyczące terminów, kwitnienia, wysokości roślin, wartości dekoracyjnej jak również opisy wykonywane wg. deskryptorów UPOV, pod kątem wybranych cech morfologicznych. Informacje te służą do opracowywania danych paszportowych oraz wprowadzania danych do centralnej bazy danych EGISET

## Ekspedycje terenowe prowadzone w 2016 roku w celu pozyskiwania nowych obiektów roślin warzywnych

**Alicja Kwiecień**

*Instytut Ogrodnictwa, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice*

*e-mail: alicja.kwiecien@inhort.pl*

W 2016 roku Instytut Ogrodnictwa (InHort) zorganizował 5 ekspedycji na tereny województw: kujawsko-pomorskiego, podkarpackiego i małopolskiego, podlaskiego, lubuskiego, mazowieckiego. Najwięcej miejscowych i lokalnych odmian roślin warzywnych znaleziono w ogródkach przydomowych na terenach wschodniej i południowo-wschodniej części Polski. W innych rejonach kraju odmiany miejscowe występowały mniej licznie.

Podczas ekspedycji zebrano 241 prób 20 gatunków roślin warzywnych, 4 obiekty dzikiej róży, które zostały włączone do kolekcji Instytutu Ogrodnictwa, oraz po jednym obiekcie kolendry, gorczycy i bardzo starej odmiany miejscowej jęczmienia. Nasiona tej odmiany przekazano do kolekcji Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie.

Pracownicy InHort uczestniczyli także w ekspedycji zagranicznej na terenie Łotwy i Estonii, której organizatorem był IHAR-PIB w Radzikowie. Z tej ekspedycji pochodziło 381 prób różnych gatunków roślin min.:

- nasiona i cebule roślin warzywnych (222 obiekty z 22 gatunków, *Allium sp.* i *Allium nutans*)
- materiał rozmnożeniowy gatunków sadowniczych (jabłoni, dzika róża, malina, porzeczka czarna,)
- nasiona roślin rolniczych
- nasiona i części wegetatywne roślin zielarskich
- nasiona chwastów i dzikich pokrewnych roślin uprawnych.

Dane paszportowe obiektów pozyskanych w ramach ekspedycji wpisano do komputerowej bazy danych.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, krio-konserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Odmiany odporne na parcha w kolekcji jabłoni Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach

**Dorota E. Kruczyńska**

Instytut Ogrodnictwa, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

e-mail: dorota.kruczynska@inhort.pl

Skierniewicka kolekcja jabłoni jest jedną ze starszych w zasobach genowych Instytutu Ogrodnictwa (InHort). Do struktur Instytutu włączona została w 1951 roku, wraz z powstaniem Instytutu Sadownictwa. Początkowo składała się z około 500 obiektów. Obecnie liczba genotypów zwiększyła się do 1 200. W ramach kolekcji gromadzi się odmiany uprawiane niegdyś na terenie Polski, skreślone z krajowego rejestru, genotypy zebrane w czasie ekspedycji oraz wytworzone w ramach krajowych i zagranicznych programów hodowlanych. Zasoby genowe jabłoni stanowią ciekawy materiał do porównań a także do wykorzystania w hodowli twórczej.

W kolekcji jabłoni interesującą grupę stanowią odmiany genetycznie odporne na parcha jabłoni – groźną chorobę tego gatunku powodowaną przez grzyb *Venturia inaequalis*. Hodowla tego typu odmian zaczęła się na początku XX wieku. Geny odporności znaleziono w roślinach występujących w środowisku naturalnym. U większości odmian gen odporności na parcha pochodzi od *Malus floribunda* 821 (Vf) ale korzysta się także z genów odporności znalezionych u innych gatunków min.: *Malus micromalus* 2438 (Vm), *Malus pumila* R 12740-7A (Vr), *Malus baccata* Hansen's #2 (Vb), *Malus baccata jacki* (Vbj), typy 'Antonówki' (VA). Pierwsze odmiany parchoodporne trafiły do kolekcji InHort w latach 70. ubiegłego wieku w wyniku realizacji programu amerykańskiego (współprac z USA). Aktualnie kolekcja odmian odpornych liczy 144 genotypy. Pochodzą one głównie z USA i Kanady oraz krajów europejskich w tym min.: Belgii, Czech, Estonii, Francji, Holandii, Litwy, Łotwy, Niemiec, Rosji, Szwajcarii, Ukrainy, Włoch. Corocznie materiał ten jest oceniany pod kątem zdrowotności, rozwoju faz fenologicznych, terminów dojrzewania owoców. Wybrane genotypy są także poddawane ocenie jakości wewnętrznej owoców.

Praca jest prowadzona w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Charakterystyka pomologiczna niemieckich odmian czereśni w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa

**Agnieszka Głowacka, Elżbieta Rozpara**

*Instytut Ogrodnictwa, Zakład Odmianoznawstwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3,  
96-100 Skierniewice  
agnieszka.glowacka@inhort.pl*

Do końca 2016 roku w kolekcji czereśni zlokalizowanej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach k/Skierniewic zgromadzono 305 taksonów. Znajdują się wśród nich zarówno odmiany występujące dziś powszechnie w sadach czereśniowych, jak też odmiany bardzo stare, dziś już niespotykane w uprawie, a także najnowsze osiągnięcia hodowlane. Na zachowywanych obiektach prowadzi się ocenę wytrzymałości drzew na mróz, wrażliwości pąków kwiatowych i kwiatów na przymrozki, przebiegu faz fenologicznych, plenności drzew i jakości owoców. Wykonywane są także opisy pomologiczne wybranych cech, właściwych dla czereśni na podstawie deskryptora UPOV. Wśród zgromadzonych w kolekcji genotypów znajdują się odmiany krajowe i zagraniczne, w tym ponad 20 odmian pochodzących z Niemiec. Obserwujemy wśród nich duże zróżnicowanie ze względu na: siłę wzrostu i pokrój drzew, termin i intensywność kwitnienia, plonowanie drzew oraz termin dojrzewania i cechy jakościowe owoców. Większość z niemieckich odmian czereśni wyróżnia się wysoką zdrowotnością drzew, ale nie wszystkie plonują zadowalająco w warunkach klimatycznych naszego kraju. Zawodne są przede wszystkim te odmiany, które dla dobrego zawiązania owoców i plonowania potrzebują stosunkowo wysokiej temperatury w czasie kwitnienia i zaraz po kwitnieniu. Wśród zgromadzonych w kolekcji niemieckich odmian czereśni jest grupa odmian dawnych, z których znane i cenione w naszym kraju są takie jak: 'Kunzes Kirsche' ('Kunzego'), 'Gubińska', 'Schneidera Późna' ('Kozerska'), 'Hedelfińska', 'Büttnera Czerwona'. W ostatnich latach popularna w polskich sadach jest odmiana 'Regina' otrzymana w 1957 r. w Sadowniczej Stacji Doświadczalnej w Jorku, a rozpowszechniona w uprawie w latach osiemdziesiątych ubiegłego wieku. Jest ona interesująca ze względu na późny termin dojrzewania i wysoką jakość owoców, które są mało podatne na pęknięcie, dobrze znoszą transport i mają wysoką wartość handlową. Niestety w warunkach klimatycznych naszego kraju jej drzewa nie zawsze plonują zadowalająco. Regularnym i obfitym plonowaniem wyróżnia się natomiast odmiana 'Karina'. Jest ona jednak stosunkowo rzadko wybierana do uprawy, ponieważ wyglądem i smakiem owoców ustępuje innym odmianom o późnym terminie dojrzewania. Warto podkreślić, że niemieckie odmiany czereśni ze względu na wysoką mrozoodporność, jakość owoców i smak były w przeszłości i są nadal wykorzystywane w hodowli nowych odmian.



## **Kriogeniczny bank genów historycznych odmian jabłoni w PAN Ogrodzie Botanicznym – CZRB w Powsinie**

*Konrad Woliński, Maciej Niedzielski, Wiesław Podyma,  
Jerzy Puchalski*

*Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności  
Biologicznej  
w Powsinie, ul. Prawdziwka 2, 02-973 Warszawa  
e-mail: kwolinski@obpan.pl*

Od 2009 roku w PAN Ogrodzie Botanicznym – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, przechowywane są długoterminowo historyczne odmiany jabłoni (*Malus domestica*). Do tego celu posłużono się technikami kriogenicznymi, zamrażając pąki spoczynkowe tego gatunku w ultra niskiej temperaturze par ciekłego azotu (-160°C). W banku kriogenicznym znajduje się obecnie 207 starych odmian tego gatunku.

W ramach prowadzonych prac badano zamrażania na każdą z odmian, poprzez szacowanie stopienia uszkodzeń na podłużnych przekrojach pędów i pąków. Końcowym testem efektywności przyjętej metody była okulizacja pąków poddanych zamrożeniu na ukorzenionych, skarłających podkładkach sadowniczych (M 26). Pozytywny wynik regeneracji uzyskano dla niemal 75% odmian. W odniesieniu do pąków okulizacja przyniosła pozytywne rezultaty dla bez mała 39% z nich. W najlepszym pod tym względem sezonie 2015/2016 zregenerowano 86% odmian, przy regeneracji pąków na poziomie 55,5%.

Pozwala to stwierdzić, że głębokie zamrażanie i przechowywanie pąków jabłoni w ultra niskich temperaturach par ciekłego azotu jest metodą skuteczną i odpowiednią dla większości odmian. Wyróżnia się przy tym wysokim stopniem odizolowania materiałów w niej zgromadzonych od niekorzystnych czynników otoczenia. Wybrana przez nas i sprawdzona w działaniu metodyka pozwala na szybkie i skuteczne włączanie nowych obiektów zbieranych wprost z drzew rosnących w sadach do kolekcji kriogenicznej tego rodzaju.



## Różnorodność fizykochemiczna odmian i form gruszy z Arboretum w Bolestraszcach

**J. Sznajder<sup>1</sup>, Alicja Z. Kucharsk<sup>1</sup>, Narcyz Piórecki<sup>2,3</sup>, Elżbieta Żygała<sup>2</sup>, Anna Sokół-Łętowska<sup>1</sup>, Joanna Kolniak-Ostek<sup>1</sup>, Dagmara Lib<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Technologii Owoców, Warzyw i Nutraceutyków Roślinnych, <sup>2</sup>Arboretum i Zakład Fizjografii w Bolestraszcach,

<sup>3</sup>Uniwersytet Rzeszowski, Katedra Turystyki i Rekreacji

Prace nad utworzeniem kolekcji dawnych odmian gruszy, która jest elementem *Kolekcji dawnych odmian drzew owocowych w Bolestraszcach*, rozpoczęto w 2002 roku. Materiał do jej utworzenia pochodzi ze zbiorów terenowych w województwie podkarpackim i na terenach przygranicznych Ukrainy Zachodniej. Do pobrania materiału rozmnożeniowego wybierano stare, owocujące drzewa (sprzed II wojny światowej i starsze), zwykle z widocznym miejscem szczepienia. Wśród zebranych odmian są zarówno odmiany znane z literatury, jak też odmiany i formy lokalne. Bardzo ważne jest to, że wszystkie zebrane odmiany i formy były uprawiane na tym terenie od dziesiątków lat i charakteryzują się doskonałym przystosowaniem do miejscowych warunków glebowo-klimatycznych. W kolekcji zgromadzono odmiany i formy z ponad 300 obiektów odnalezionych w terenie. Pierwszy sad gruszowy założono w 2004 roku. W trzech sadach o łącznej powierzchni 2,90 ha, wysadzono 600 drzew. Obecnie wchodzą one w okres owocowania, dlatego przystąpiono do ich identyfikacji, a także do badania właściwości fizykochemicznych.

Celem pracy było zbadanie zmienności cech fizykochemicznych owoców gruszy zgromadzonych w Arboretum. Oznaczono właściwości fizyczne (44 odmiany i formy) i chemiczne (35 odmian i form) owoców zebranych w sierpniu 2016 r. W pracy oceniono masę i wielkość owoców (długość i szerokość), a także ich podstawowy skład chemiczny (sucha masa, ekstrakt, cukry, kwasowość ogólna, pektyna, popiół) i zawartość witaminy C.

Stwierdzono, że badane owoce charakteryzowały się dużą zmiennością pod względem właściwości fizycznych i chemicznych. Masa owoców gruszy wynosiła 30–256 g, długość 40–89 mm, a szerokość 37–76 mm. Sucha masa, ekstrakt, cukry, pektyna oraz popiół stanowiły odpowiednio: 16–25%, 11–21%, 4,4–12,0% i 0,3–1,5%. Wśród cukrów najwięcej było fruktozy (3–10%), następnie sacharozy (do 4%) i glukozy (do 3%). Kwasowość ogólna nie była wysoka, wynosiła od 0,12 do 0,82% w przeliczeniu na kwas jabłkowy. Zawartość witaminy C w owocach była niewielka i wynosiła 0,6 – 5,3 mg/100g.

Z przedstawionych danych wynika, że wybrane grusze zgromadzone w Arboretum charakteryzują się dużą różnorodnością w szczególności pod względem cech fizycznych, ale także i chemicznych. Najciekawsze formy mogą stanowić dobry materiał do rejestracji odmian, a zidentyfikowane odmiany mogą być rozmnażane i oferowane do uprawy w terenie, w którym zostały odnalezione.

## Charakterystyka białek w nasionach łubinu białego (*Lupinus albus* L.) przechowywanych w różnych temperaturach przez 29 lat

Malwina Dobiesz<sup>1</sup>, Agnieszka I. Piotrowicz-Cieślak<sup>1</sup>, Barbara Adomas<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ul. Oczapowskiego 1A, 10-718 Olsztyn

<sup>2</sup>Katedra Chemii, Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, Zespół Toksykologii Środowiska Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ul. Prawocheńskiego 17, 10-726 Olsztyn

Celem badań była ocena wigoru i żywotności oraz charakterystyka białek nasion łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) odm. Iryd przechowywanych długoterminowo. Nasiona łubinu przechowywano w hermetycznie zamkniętych słojach typu twist w temperaturze  $-14^{\circ}\text{C}$  oraz w warunkach laboratoryjnych (temp. około  $20^{\circ}\text{C}$ ). Przy użyciu higrometru włosowego określono wilgotność względną powietrza (RH), która wynosiła dla nasion przechowywanych w  $-14^{\circ}\text{C}$  44% (RH), zaś dla warunków laboratoryjnych 34% (RH). Na początku eksperymentu – 1987 rok – zawartość wody w nasionach wynosiła  $8.8\% \pm 0.1$ . Izolację białka wykonano według metody Rubio et al. (1998) z modyfikacjami. Z nasion wyizolowano białka 2S (frakcja albuminowa) i wykonano elektroforezę SDS PAGE oraz elektroforezę dwukierunkową. Uzyskane wyniki analizowano przy użyciu programów komputerowych Image Lab i PDQuest.

Nasiona przechowywane w  $-14^{\circ}\text{C}$  kiełkowały w 86.3%, natomiast przechowywane w  $+20^{\circ}\text{C}$  nie kiełkowały. Przewodność elektryczna wycieku eksudatów z nasion była osiem razy wyższa dla nasion przechowywanych w  $+20^{\circ}\text{C}$  w porównaniu do nasion przechowywanych w temperaturze  $-14^{\circ}\text{C}$ .

Zawartość konglutyn w nasionach przechowywanych w  $-14^{\circ}\text{C}$  wynosiła  $14 \text{ mg} \times \text{g}^{-1}$  dla  $\gamma$  konglutyn,  $4 \text{ mg} \times \text{g}^{-1}$  dla  $\delta$  konglutyny oraz  $69 \text{ mg} \times \text{g}^{-1}$  dla  $\beta$  konglutyny, natomiast w nasionach przechowywanych w  $+20^{\circ}\text{C}$  wynosiła odpowiednio: 15.5, 3 i  $65 \text{ mg} \times \text{g}^{-1}$ . Obrazy elektroforetyczne uzyskanych frakcji ( $\gamma$ ,  $\delta$  i  $\beta$  konglutyn) z nasion przechowywanych w temperaturze  $-14^{\circ}\text{C}$  i  $+20^{\circ}\text{C}$  wyraźnie się różniły. Różnice dotyczyły głównie intensywności poszczególnych prążków, ale również liczby prążków w poszczególnych frakcjach. Ścieżki odpowiadające  $\gamma$  i  $\delta$  konglutynom uzyskane z nasion przechowywanych w  $-14^{\circ}\text{C}$  i w  $+20^{\circ}\text{C}$  charakteryzowały się obecnością kilku intensywnych pasm polipeptydowych o masach od 23.0 do 10.3 kDa.

Ogólne wzory badanych frakcji białkowych uzyskane w 2D elektroforezie były podobne dla nasion przechowywanych w  $-14^{\circ}\text{C}$  i w  $+20^{\circ}\text{C}$ , jednak liczba spotów i ich intensywność była różna.

W całym zakresie mas cząsteczkowych, obserwowano średnio 310 plam białkowych na mapach wygenerowanych dla nasion przechowywanych w  $-14^{\circ}\text{C}$  i 228 na mapach stworzonych dla nasion przechowywanych w temperaturze pokojowej. Większość podjednostek polipeptydowych mieściła się w zakresie pH 4.5-7 i masie cząsteczkowej 10-97 kDa. Największe zróżnicowanie polipeptydów pomiędzy analizowanymi wariantami zaobserwowano w zakresie od 20 do 45 kDa ( $-14^{\circ}\text{C}$ : 175,  $+20^{\circ}\text{C}$ : 115 plam białkowych) oraz od 65 do 97 kDa ( $-14^{\circ}\text{C}$ : 103,  $+20^{\circ}\text{C}$ : 75 plam białkowych). Trzydzieści białek poddano analizie z wykorzystaniem spektrometrii masowej i wykazano, że  $\beta$  konglutyny odpowiadają za wigor i żywotność nasion.

*Sesja II*

*Charakterystyka zmienności*

*Referaty*



## Plant genetic resources – conservation and exploitation for research activities

**Börner A.<sup>\*1</sup>, Nagel M.<sup>1</sup>, Rehman Arif M.A.<sup>1,2</sup>, Agacka-Mołdoch M.<sup>1,3</sup>, Börner M.<sup>1,4</sup>, Lohwasser U.<sup>1</sup>, Riewe D.<sup>1</sup>, Wiebach J.<sup>1</sup>, Altmann T.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany

<sup>2</sup>Nuclear Institute of Agriculture and Biology (NIAB), Faisalabad, Pakistan

<sup>3</sup>Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Puławy, Poland

<sup>4</sup>Enza Zaden, Research and Development B.V., Enkhuizen, The Netherlands  
<sup>\*</sup>boerner@ipk-gatersleben.de

Plant genetic resources play a major role for global food security. The most significant and widespread mean of preserving plant genetic resources is *ex situ* conservation. Today about 1,750 *ex situ* genebanks world-wide maintain 7.4 million accessions. One of the ten largest *ex situ* collections of our globe is located at the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Gatersleben, Germany, conserving 150,000 accessions from 3,200 plant species and 780 genera. Since the majority of genebank holdings globally is maintained as seed, seed storability is of exceptional importance for germplasm conservation.

At IPK research on seed longevity was initiated for a range of crops and wild relatives stored over decades. Historical germination data accumulated during 35 years of seed germination monitoring were analysed to predict species specific seed longevities. The study considered 75 species comprising 79,075 accessions and 157,402 observations. Beside interspecific differences variation was also detected within species and genetic analyses were initiated in barley, wheat, oilseed rape and tobacco.

In addition, mass spectrometry based untargeted metabolite profiling experiments were performed in order to detect biochemical changes coinciding with loss in seed germination. GC-MS analysis of the polar metabolome of wheat and barley identified glycerol and related intermediates as highly correlated to germination rate. Therefore, the lipidomic composition of a wheat panel was investigated using high-resolution liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS). A high proportion of tentative oxidized lipids was detected, suggesting lipid oxidation as the causal trigger for membrane degradation.

Beside research on seed storability genebank accessions and genetic stocks have been extensively used for genetic and genomic studies. Data on mapping of loci/marker trait associations for a range of different traits will be presented.

## Charakterystyka zmienności wybranych obiektów koniczyny białej zgromadzonych w długoterminowej przechowalni Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie\*

*Jan Schmidt*

*Instytut Hodowli Aklimatyzacji Roślin, Ogród Botaniczny KCRZG w Bydgoszczy*

Celem opracowania było porównanie zmienności polskich odmian koniczyny białej z ekotypami zebranymi na terenie Karpat. Materiałem do badań były obiekty koniczyny białej (*Trifolium repens*) zgromadzone w przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów. Obejmowały one 13 polskich odmian (Alka, Armena, Armena, Arta, Astra, Dara, Podkowa, Radi, Rawo, Rema, Romena, Santa, Wota) oraz 23 ekotypów zebranych podczas ekspedycji w latach 1997–2006 na terenie Karpat (Beskidy, Bieszczady, Gorce, Orawa, Podhale). Obiekty te zostały wysadzone w kolekcji roboczej w 2015 roku. Rośliny posadzone w trzypowtórzeniowym doświadczeniu (10 roślin na powtórzenie, w rozstawie 1m x 1m). Obserwowano i mierzono następujące cechy morfologiczne: długość i szerokość środkowego listka, wysokość roślin, obecność znaczka „V” na listku. Z cech rolniczych oceniano w 9 stopniowej skali: stan roślin po zimie, gęstość rozmieszczenia rozłogów, obfitość wytwarzania pędów generatywnych, zdrowotność roślin i stan roślin przed zimą. Badano również szybkość odrastania po skoszeniu (określono ją wysokością odrostu po 14 dniach od skoszenia). Wczesność roślin określono liczbą dni od 01.04 do momentu pełni kwitnienia. Dla waloryzowanych obiektów obliczono średnie i wykonano analizę skupień, na której podstawie wyodrębniono 7 grup obiektów. Odmiany utworzyły 5 skupień w tym dwa jednoelementowe, natomiast ekotypy dwa w tym jedno jednoelementowe, w którym znalazł się ekotyp z Podhala (POLPDH03 129). Porównanie różnicowania ekotypów i odmian wskazało większe różnicowanie wśród tych ostatnich. Odmiany posiadały większy potencjał plonotwórczy (wyższe rośliny, szersze i dłuższe listki intensywniejszy odrost, a ekotypy charakteryzowały się lepszą zdrowotnością oraz potencjałem produkcji nasiennej (większą liczbę pędów kwiatostanowych).

\* Opracowanie zrealizowane w ramach Programu Wieloletniego *Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju*, Zadanie 1.2. finansowane przez MRiRW

## **Analiza zmienności genetycznej kolekcji odmian i linii dyni olbrzymiej (*Cucurbita maxima* Duchesne)**

**Karolina Kaźmińska, Krzysztof Sobieszek, Małgorzata Targońska-Karasek, Aleksandra Korzeniewska, Katarzyna Niemirowicz-Szczytt, Grzegorz Bartoszewski**

*Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogrodnictwa Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie*

Dynia olbrzymia należy do gatunków roślin dyniowatych o dużym zróżnicowaniu genetycznym i znaczeniu ekonomicznym. Wysoka zawartość związków karotenoidowych, cukrowców i suchej masy sprawia, że dynia olbrzymia stanowi wartościowy surowiec w przemyśle spożywczym ale także znajduje zastosowanie w produkcji pasz. Ze względu na brak konieczności stosowania środków ochrony roślin dynia może być z powodzeniem wykorzystywana w uprawach ekologicznych. Znaczącą rolę w hodowli twórczej tego gatunku odgrywa otrzymywanie odmian mieszańcowych. Istotnym elementem w hodowli mieszańców  $F_1$  jest selekcja najbardziej odległych linii rodzicielskich. Badania zmienności genetycznej prowadzą do określenia poziomu zmienności wewnątrz gatunkowej, identyfikacji odmian oraz pomagają w selekcji linii w programach hodowlanych. Pomimo iż dynia olbrzymia charakteryzuje się wysokim zróżnicowaniem genetycznym, na poziomie molekularnym jej zmienność genetyczna jest słabo scharakteryzowana i wykorzystywana w hodowli.

Markery SSR należą do najbardziej niezawodnych i najczęściej wykorzystywanych w tego typu badaniach. W niniejszej pracy testowano jądrowe markery SSR zidentyfikowane dla *C. moschata* i *C. pepo*, z których wyselekcjonowano 23 wysoce informatywne markery w celu oceny zmienności genetycznej kolekcji 85 prób *C. maxima* wstępnie scharakteryzowanych morfologicznie. Kolekcja składała się z odmian i linii hodowlanych pochodzących z Europy, Ameryki Północnej, Azji, Australii i Nowej Zelandii (w tym było 40 odmian lokalnych z Europy Środkowej). W oparciu o wyniki genotypowania oraz analizy statystyczne wytypowano dwie główne grupy składające się z 26 i 55 obiektów. Grupa pierwsza składała się z obiektów należących do azjatyckich i amerykańskich odmian, natomiast grupa druga z obiektów z Europy i Ameryki Północnej. Obiekty ozdobne, australijskie oraz z Nowej Zelandii znalazły się poza głównymi grupami. Odzwierciedla to ich dystans genetyczny względem pozostałych obiektów. Analiza PCoA (Principal coordinate analysis) pozwoliła na wydzielenie grup odmian. Niniejsza praca wskazuje, że wytypowany zestaw 23 markerów SSR może stanowić użyteczne narzędzie do badań zmienności genetycznej dyni olbrzymiej, w tym zarządzania kolekcjami tego gatunku w bankach genów.

## Zmienność rozwojowa i chemiczna pierwiosnki lekarskiej (*Primula veris* L.) występującej we wschodniej Polsce

**Ewelina Pióro-Jabrucka, Katarzyna Bączek, Olga Kosakowska,  
Izabela Szymborska-Sandhu, Zenon Węglarz**

*Katedra Roślin Warzywnych i Leczniczych*

*Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu*

*Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie*

*ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa*

Pierwiosnka lekarska (*P. veris* L.= *P. officinalis* (Hill.) L., rodzina *Primulaceae*) występuje w Polsce rzadko, głównie na niżu. Rośnie w widnych lasach mieszanych, na suchych, słonecznych łąkach, pastwiskach i skarpach. Zagrozeniem dla gatunku jest m.in. przekształcanie wielogatunkowych łąk, w łąki uprawne oraz niekontrolowany zbiór roślin ze stanu naturalnego dla celów leczniczych i ozdobnych np. do ogródków przydomowych. Surowcem zielarskim u pierwiosnki lekarskiej są organy podziemne tj. kłącza z korzeniami oraz kwiaty. Surowce te wchodzi w skład mieszanek i preparatów ziołowych o działaniu wykrztuśnym i moczopędnym. Celem przeprowadzonych badań była ocena zmienności rozwojowej i chemicznej ośmiu populacji pierwiosnki lekarskiej, występującej we wschodniej części Polski. Z każdej populacji wybrano losowo 10 kwitnących osobników na których przeprowadzono szczegółowe obserwacje i pomiary. Określono procentowy udział roślin kwitnących w populacji, liczbę pędów kwiatostanowych, liczbę kwiatów oraz liczbę wykształconych owoców na roślinie. Oceniono masę nasion z rośliny i ich wartość siewną (masa 1000 nasion, zdolności kiełkowania) oraz masę kwiatów z rośliny. Kwiaty scharakteryzowano pod względem zawartości i składu związków flawonoidowych. Stwierdzono istotne różnice między populacjami. Udział roślin kwitnących w populacji wahał się od 72 (Spieszyn) do 92 (Ruś) procent. Najmniej pędów kwiatostanowych wytworzyły rośliny z populacji Siemiatycze (3 szt./roślinę), a najwięcej z populacji Drohiczyn 2 (9,8 szt./roślinę). Największe zróżnicowanie dotyczyło natomiast liczny (CV=45%) i masy kwiatów (CV=50%), a także zawartości zidentyfikowanych związków flawonoidowych tj. 3-O-rutynozydu izoramnetyny (CV=54%), 3-O-glukozydu izoramnetyny (CV=48%) i rutozydu (CV=44%). Pod względem wartości siewnej nasion, oceniane populacje były mniej zróżnicowane. Masa 1000 nasion mieściła się w granicach 0,772-0,872 g, natomiast zdolność kiełkowania wynosiła od 38,10 do 51,50%.

Praca zrealizowana została wg Programu Wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, w ramach zadania 1.2. „Prowadzenie kolekcji zasobów genowych roślin leczniczych i aromatycznych (w tym przyprawowych) z wyłączeniem roślin chronionych na terenie Polski”.



## Waloryzacja roślin drzewiastych krótkiej rotacji w kolekcji roślin energetycznych w Ogrodzie Botanicznym KCRZG IHAR-PIB w Bydgoszczy

**Włodzimierz Majtkowski**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Krajowe Centrum Roślinnych  
Zasobów Genowych  
w Radzikowie, Ogród Botaniczny, Bydgoszcz*

W 1994 r. w Ogrodzie Botanicznym KCRZG w Bydgoszczy rozpoczęto gromadzenie gatunków roślin, które mogą być źródłem biomasy do celów energetycznych. Biomasa jest uważana za największe potencjalne źródło energii odnawialnej w Europie i innych umiarkowanych strefach klimatycznych. W kolekcji gromadzono i waloryzowano popularne gatunki uprawiane na cele energetyczne, takie jak: wierzba, topola, ślazowiec pensylwański, miskant olbrzymi oraz inne potencjalne gatunki, które w przyszłości mogą być stosowane na plantacjach energetycznych.

Na podstawie prowadzonej waloryzacji wykazano, że do gatunków, z których pozyskiwano najwyższe plony biomasy należy topola (*Populus* sp.), której sztabry wysadzono w kolekcji w czerwcu 2006 r., w rozstawie 1 x 1,5 m. Począwszy od 2009 r. każdego roku wycinano po 10 roślin, tzn. do 2015 r. zbadano plon roślin 3 – 9-letnich. W 2015 r. zebrano również II plon z roślin, ściętych po raz pierwszy w 2009 r. (odrosty 6-letnie), w 2010 r. (odrosty 5-letnie) oraz w 2011 r. (odrosty 4-letnie). Najwyższe plony w wysokości 28 kg s.m./roślinę (= 186,9 t/ha) uzyskano w wariantach: III + VI (tzn. I ścięcie po 3 latach po wysadzeniu, II – po następnych 6 sezonach). Plony uzyskane w tym wariantach były 2,5 x wyższe od plonów z 9 – letnich roślin, wcześniej nie ścinanych.

W marcu 2015 i 2016 r. przeprowadzono ocenę plonowania topoli wysadzonej w kolekcji w czerwcu 2006 r., w układzie szpalerowym (3 – rzędowym), w rozstawie 1 x 1,5 m. Oceniane rośliny nie były wcześniej ścinane. Uzyskane wyniki świadczą o istotnym wpływie kierunku nasadzeń na rozwój roślin. Z 3-rzędowego szpaleru, wysadzonego na osi PN-PD, uzyskano 1,5 x wyższy plon (45,6 kg s.m./rośl.), niż z roślin rosnących na osi WSCH.-ZACH. (30,19 kg/rośl.) pomimo, że rośliny w drugim wariantach były o rok starsze (pędy 10-letnie). Wysokość roślin w obu wariantach była zbliżona (pomiędzy 12,4 – 12,5 m), jednak różniły się obwodem pnia, który wynosił odpowiednio: 42,7 cm i 12,0 cm.

Uzyskane wyniki badań wskazują na możliwość zastosowania topoli w szpalerach śródpolnych. Korzyścią z uprawy w tej technologii jest możliwość uzyskiwania plonów biomasy „energetycznej” w wysokości ponad 200 t s.m./ha w 9-10 roku uprawy. Nasadzenia śródpolne spełniają ponad to szereg pozytywnych funkcji, takich jak: poprawa mikroklimatu, zwiększenie bioróżnorodności, poprawa stosunków wilgotnościowych, zatrzymywanie śniegu, wiatru, urozmaicanie krajobrazu; stanowią bazę pokarmową i lęgową ptaków, nietoperzy i innych pożytecznych organizmów, chronią przed kurzem i hałasem.

## Przydatność technologii Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS) w kolekcjach Banków Genów

*Anna Smolarska, Joanna Noceń, Kinga Smolińska,  
Jerzy H. Czembor*

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli  
i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie  
a.smolarska@ihar.edu.pl, j.nocen@ihar.edu.pl*

Pod koniec 2016r. Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych zostało wyposażone w urządzenie do sekwencjonowania DNA typu NGS (*ang.* Next Generation Sequencing – Sekwencjonowanie Nowej Generacji). Technologia NGS umożliwia analizę różnych fragmentów DNA reprezentowanych przez wiele kopii w trakcie trwania jednej reakcji. W efekcie zwiększona zostaje nie tylko liczba badanych prób, ale także wiarygodność otrzymanych wyników sekwencjonowania. W porównaniu z wykorzystywanym dotychczas sekwenatorem kapilarnym, koszty oraz czas przeprowadzania reakcji w przeliczeniu na jednostkę uzyskanej informacji są wielokrotnie niższe.

Ze względu na niskie zróżnicowanie cech morfologicznych gatunków w obrębie rodzaju *Avena*, prawidłowa identyfikacja obiektów na tej podstawie jest bardzo problematyczna. Sekwenator MiSeq Illumina stosowany jest w laboratorium molekularnym do weryfikacji taksonomicznej obiektów zaklasyfikowanych do tego rodzaju, wchodzących w skład kolekcji KCRZG. Umożliwia to uwiarygodnienie informacji opisujących poszczególne obiekty z rodzaju *Avena*, usunięcie z Banku duplikatów obiektów, a w przyszłości identyfikację akcesji przynależących do innych rodzajów.

Wystąpienie opisze zasadę działania systemu MiSeq Illumina oraz przedstawi korzyści płynące z pracy na takim urządzeniu i pierwsze efekty identyfikacji obiektów z Banku Genów KCRZG.

## **Metody statystyczne do grupowania obiektów kolekcyjnych na przykładzie kolekcji pszenżyta ozimego**

**Joanna Ukalska<sup>1</sup>, Wanda Kociuba<sup>2</sup>, Krzysztof Ukalski<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Zakład Biometrii, Katedra Ekonometrii i Statystyki, Wydział Zastosowań Informatyki*

*i Matematyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa*

*joanna\_ukalska@sggw.pl, krzysztof\_ukalski@sggw.pl*

<sup>2</sup>*Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Obiekty kolekcyjne gromadzone przez lata w kolekcji zasobów genowych podlegają systematycznej ocenie. Jednym z ważniejszych aspektów tej oceny jest grupowanie obiektów, które może uwzględniać jedną lub większą liczbę cech. Celem pracy jest przedstawienie statystycznych metod grupowania wielocechowego oraz pokazanie, na ich podstawie, możliwości wnioskowania o podobieństwie obiektów kolekcyjnych.

Materiał badawczy stanowiła kolekcja zasobów genowych pszenżyta ozimego (*× Tritico-secale* Wittmack) prowadzona od 1982r. przez Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Do analizy wykorzystano dane dotyczące 11 cech fenotypowych (morfologicznych i fenologicznych, składowych plonu i zawartości białka) zebrane dla 183 obiektów ewaluowanych w latach 1988-91. Średnie genotypowe oszacowano za pomocą estymatorów BLUP. Na ich podstawie wyznaczono wielocechową średnią dla badanego czterolecia. W analizach uwzględniono również średnią wieloletnią uzyskaną przy wykorzystaniu danych dla obiektów kolekcyjnych badanych w latach 1982-2008. Zastosowano analizę składowych głównych w celu zbadania zróżnicowania badanych cech. Wielocechowe podobieństwo obiektów zbadano za pomocą hierarchicznej analizy skupień metodą Warda. Do wyznaczenia liczby grup wykorzystano indeksy Calińskiego i Harabasza, Bakera i Huberta, Huberta i Levine'a oraz indeks Silhouette. Cechy najsilniej dyskryminujące wydzielone grupy genotypów wskazano za pomocą analizy zmiennych kanonicznych.



*Sesja II*

*Charakterystyka zmienności*

*Postery*



## Charakterystyka materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego zgromadzonych w latach 2000-2016

**Wanda Kociuba, Aneta Kramek**

*Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Prowadzona w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin od 1982 roku kolekcja pszenżyta jest corocznie wzbogacana o nowe materiały pozyskiwane z krajowych i zagranicznych instytucji badawczych i naukowych. W ten sposób w latach 2000-2016 zbiory kolekcyjne pszenżyta zostały poszerzone o 253 nowe obiekty, w tym 81 odmian, 72 rody hodowlane oraz 100 wartościowych materiałów hodowlanych. Większość obiektów (76,7%) pochodziła z krajowych ośrodków hodowli pszenżyta.

Celem niniejszej pracy była charakterystyka nowych obiektów pszenżyta ozimego włączonych do kolekcji w latach 2000-2016 pod względem wartości cech użytkowych oraz polowej odporności na choroby grzybowe. Badane obiekty były oceniane w 4-letnim cyklu jednopowtórzeniowych doświadczeń polowych prowadzonych w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach koło Naęczowa. Corocznie 625 ziarniaków każdego z analizowanych genotypów wysiano ręcznie na 5-cio rzędkowe poletka o powierzchni 2 m<sup>2</sup>, przy rozstawie rzędów 20 cm. W okresie wegetacji dokonano oceny porażenia badanych obiektów przez mączniaka właściwego, rdzę brunatną, septoriozę liści i kłosów oraz fuzariozę w oparciu o 9-cio stopniową skalę wg COBORU. Przeprowadzono również pomiar wysokości roślin oraz cech plonotwórczych kłosa, tj.: długość kłosa, liczba kłosków w kłosie, liczba i masa ziarn z kłosa. Obliczono także masę 1000 ziarn oraz określono zawartość białka w ziarnie badanych obiektów. Dla wszystkich obiektów obliczono średnie wieloletnie analizowanych cech oraz określono zakres zmienności w latach badań.

Uzyskane wyniki wskazują na zróżnicowanie badanych materiałów zarówno pod względem analizowanych cech użytkowych, jak również polowej odporności na choroby grzybowe. Największą zmiennością charakteryzowały się takie cechy, jak: liczba i masa ziarn z kłosa, MTZ oraz wysokość roślin, przy czym była ona niższa niż u obiektów kolekcyjnych ocenianych przed 2000 rokiem. Nowe obiekty pszenżyta ozimego charakteryzowały się również niższą polową odpornością na choroby grzybowe w porównaniu do starszych materiałów kolekcyjnych. Obiekty te poszerzają zakres zmienności w obrębie rodzaju *Triticosecale* i mogą stanowić wartościowe źródło zmienności w pracach hodowlanych i badawczych.

## Charakterystyka zmienności odmian miejscowych jęczmienia pod względem odporności na choroby

**Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska, Urszula Piechota,  
Kinga Smolińska**

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – KCRZG,  
Pracownia Gromadzenia i Oceny Roślin – PGIOR,  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-Państwowy Instytut Badawczy I HAR-PIB,  
Radzików, 05-870 Błonie  
j.h.czembor@ihar.edu.pl*

Na przełomie XIX i XX wieku na dużych obszarach Europy i Ameryki Północnej nastąpił proces zastąpienia odmian miejscowych odmianami bardziej jednolitymi genetycznie, powstałymi w wyniku selekcji w obrębie odmian miejscowych, a następnie hodowli rekombinacyjnej. Procesowi temu równolegle towarzyszyła intensyfikacja metod uprawy jęczmienia związana głównie ze stosowaniem nawozów mineralnych i zwiększeniem gęstości zasiewów. Te dwa czynniki spowodowały pojawienie się zagrożenia związanego ze znacznie większą wrażliwością upraw jęczmienia na patogeny, a w szczególności na mączniaka prawdziwego. Już ponad 100 lat temu w Niemczech zaobserwowano pierwsze epifitozy tej choroby związane z intensyfikacją uprawy jęczmienia. Skłoniło to fitopatologów, genetyków i hodowców do poszukiwania źródeł odporności na tę chorobę w grupie odmian miejscowych, które były jedynymi formami uprawnymi jęczmienia aż do końca XIX wieku. Odmiany te wciąż odgrywają znaczącą rolę gospodarczą na terenach, gdzie nastąpiło udomowienie jęczmienia, a także w tych krajach, gdzie przeważają surowe warunki środowiska (słabe gleby, niedostatek wilgoci, warunki wysokogórskie) oraz system prymitywnego rolnictwa. Obecnie odmiany miejscowe są uprawiane na powierzchni ok. 8.5 mln ha., i stanowi to około 14% całej powierzchni uprawy jęczmienia, głównie w krajach Bliskiego Wschodu, Etiopii i Północnej Afryki. W tych regionach świata odmiany miejscowe są uprawiane na około 85 % całkowitej powierzchni upraw jęczmienia. Według ogólnie akceptowanej teorii uznaje się monocentryczne pochodzenie jęczmienia, jakim jest teren tzw. Żyznego Półksiężycza na Bliskim Wschodzie. Jęczmień uprawny powstał w wyniku spontanicznych mutacji prowadzących do powstania niełamliwej osadki kłosowej w powszechnie występującym na tym obszarze *Hordeum spontaneum*. Zróżnicowanie jęczmienia wzrosło w wyniku jego rozprzestrzeniania się na coraz to nowe obszary zasiedlane przez ludzi kultur rolniczych. Wyróżniono 36 agroekologicznych grup tzw. starego świata.

Na obszarze Afryki wyróżniono 3 grupy agroekologiczne: Północno-Afrykańską (Maroko, Algieria, Tunezja, Libia), Egipską (Egipt) i Etiopską (Etiopia i Erytrea). Jednym z obszarów charakteryzujących się dużym zróżnicowaniem roślin uprawnych jest Afryka Północna. Wielu autorów wskazuje na potrzebę zachowania zróżnicowania roślin uprawnych w tym regionie poprzez program tworzenia kolekcji banków genów oraz organizowanie systematycznych ekspedycji badawczych w celu zgromadzenia tych kolekcji. Intensywne prace nad charakterystyką odmian miejscowych jęczmienia pod kątem poszukiwania źródeł cech przydatnych w ho-



dowli nowych plennych odmian jęczmienia sięgają w Polsce początków lat 70-tych ubiegłego stulecia. W latach 1970-1983 w Zakładzie Doświadczalnym IHAR Bąków oceniono w warunkach polowych i szklarniowych ponad 3500 odmian jęczmienia pod względem ich odporności na mączniaka. Około 10% z nich pochodziło z Etiopii. W wyniku tych badań wykazano obecność odporności warunkowaną genem *mlo* w 36 obiektach pochodzących z Etiopii. Gen odporności *mlo* jest efektywny i jest powszechnie wykorzystywany w programach hodowlanych jęczmienia prowadzonych przez wszystkie znaczące firmy hodowlane w Europie. Mimo, że odmiany z tą odpornością uprawiane są od 30 lat na znacznym areale, to nie znaleziono rasy fizjologicznej *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* posiadającej gen wirulencji komplementarny do tej odporności.

Uprawiany w Polsce jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) porażany jest przez liczne patogeny grzybowe, z których najważniejszym gospodarczo jest mączniak prawdziwy (*B. graminis* f. sp. *hordei*). W Europie Środkowej patogen ten występuje każdego roku i może powodować straty plonu sięgające do 30%. Szacuje się, że obniżenie plonu powodowane przez tę chorobę w ostatnich latach w warunkach Europy Środkowej wynosi ok. 10%.

Prezentowane są wyniki badań otrzymane w latach 1996 – 2017 w Pracowni Genetyki Stosowanej – PGS, ZGiHR i w Pracowni Gromadzenia i Oceny Roślin – PGIOR, KCRZG w IHAR-PIB mających na celu określenie zmienności genetycznej w grupie odmian miejscowych jęczmienia pod względem odporności na choroby: mączniaka prawdziwego, rdzę karłową i plamistość siatkową. Uwzględniono materiały pochodzące głównie z Północnej Afryki i Bliskiego Wschodu. Próby nasion (ponad 4000) pozyskano z kolekcji KCRZG IHAR-PIB; National Small Grains Collection, USDA-ARS, Aberdeen, USA; Australian Winter Cereals Collection, Tamworth, Australia; The Leibniz Institute of Plant Genetic and Crop Research (IPK), Gatersleben, Niemcy; International Center for Agricultural Research in the Dry Areas – ICARDA, Aleppo, Syria. W badaniach mających na celu poszukiwanie źródeł odporności na mączniaka prawdziwego wykorzystywane były kolekcje izolatów mączniaka prawdziwego otrzymanych z Eidgenössische Technische Hochschule – ETH Zurich, Riso National Laboratory, Roskilde, Dania; Danish Institute for Plant and Soil Science, Lyngby, Dania oraz z kolekcji własnej. Prace prowadzono zarówno metodami tradycyjnymi, polegającymi na fenotypowym określaniu odporności odmian miejscowych i wyselekcjonowanych z nich linii na patogeny po zakażeniu izolatami o znanych wirulencjach w warunkach kontrolowanych lub przy infekcji naturalnej w warunkach polowych i z wykorzystaniem technik wykorzystujących markery molekularne.

Prezentowane są badania odmian miejscowych pochodzących z Afryki Północnej. Stwierdzono obecność roślin odpornych w 159 odmian miejscowych. Na podstawie uzyskanych wyników postulowano obecność 8 genów odporności *mlo*, *Mla1*, *Mla6*, *Mla14*, *Mla22*, *Mla23*, *Mlat*, *Mlp*. W 155 liniach stwierdzono inne geny od tych, które są obecnie wykorzystywane w hodowli. W badaniach tych wykazano obecność odporności typu *Mlo* w 3 liniach pochodzących z populacji zebranej w 1982 roku w okręgu Al Azziyah, w Trypolitanii. Jest to jedyne doniesienie o obecności odporności typu *Mlo* w odmianach miejscowych jęczmienia pochodzących z innych krajów niż Etiopia. Inna grupa materiałów to odmiany miejscowe z krajów z regionu Morza Śródziemnego, Bliskiego Wschodu i Kau-

kazu. Zidentyfikowano m. in. nowe źródła odporności z genami *Mla3* i *Mlat*. W grupie tej odmiany miejscowe z Izraela wykazały najwyższy poziom odporności na mączniaka.

Równolegle, na mniejszą skalę badano odmiany miejscowe jęczmienia (ok. 1300) pod względem odporności na rdzę karłową (*Puccinia hordei*) oraz plamistość siatkową (*Pyrenophora teres*). Wyselekcjonowano 22 linie odporne na rdzę karłową, które następnie przetestowano izolatami różnicującymi w celu określenia genów odporności. Do badań, których celem jest poszukiwanie źródeł odporności jęczmienia na choroby, włączone zostały również gatunki dzikie jęczmienia *H. spontaneum* i *H. bulbosum*.

Podsumowując, przebadano łącznie ponad 4000 odmian miejscowych, z których wyselekcjonowano 197 linii charakteryzujących się efektywną odpornością na populację mączniaka prawdziwego w Polsce oraz 22 linie odporne na rdzę karłową. Wyselekcjonowane i scharakteryzowane nowe źródła genetycznej odporności na te patogeny stanowią cenny materiał wyjściowy do hodowli odpornościowej jęczmienia.

## Ocena odporności na rdzę brunatną linii wsobnych żyta ozimego

**Henryk Bujak, Kamila Nowosad**

*Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa*

Rdza brunatna wywoływana przez grzyb *Puccinia recondita* stanowi znaczne zagrożenie dla upraw żyta, ponieważ znaczna część materiałów hodowlanych wykazuje wysoką podatność na tego patogena.

Celem badań była zatem ocena polowej odporności linii wsobnych żyta ozimego na aktualne rasy rdzy brunatnej w warunkach naturalnej infekcji. Materiał badawczy stanowiło 200 linii wsobnych żyta pochodzących z kolekcji Katedry Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. Linie stanowią unikalne, homozygotyczne materiały genetyczne żyta, które zostały wyprowadzone w trakcie wieloletniego chowu wsobnego. Materiałem wyjściowym do wprowadzania linii były zarejestrowane i uprawiane polskie oraz zagraniczne odmiany, a także populacje lokalne żyta ozimego. Stopień wsobności linii wynosił od 12 do 46, dlatego można je uznać za wyrównany, homogenny i homozygotyczny materiał badawczy. Linie różnią się pomiędzy sobą wieloma cechami morfologicznymi, użytkowymi oraz odpornością na porażenie przez patogeny. Linie zostały wysiane w doświadczeniu polowym w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym Swojec należącym do Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu. Nasiona otrzymane w poprzednim roku w wyniku samozapylenia wysiewano punktowo w rozstawie 20 x 5 cm na polstkach dwurzędkowych. Polowa ocena porażenia genotypów żyta przez rdzę brunatną (*Puccinia recondita*) wykonana została zgodnie z przyjętą przez CBOBORU metodyką. Oceny przeprowadzono w skali 9-cio stopniowej, gdzie ocena 9 oznacza pełną odporność, czyli brak objawów porażenia, natomiast ocena 1 to brak odporności, czyli silne porażenie liści obejmujące większość blaszek liściowych. W roku 2016 poddano ocenie 200 linii żyta ozimego. Wyniki ocen polowych zostały opracowane statystycznie, a w celu ich prawidłowego opracowania dane eksperymentalne zostały poddane transformacji zgodnie ze wzorem podanym przez Węgrzyna i in. (1996). Spełnienia warunków koniecznych do analizy, czyli uzyskania ciągłości i normalności rozkładu umożliwiło przeprowadzenie jednoczynnikowej analizy wariancji zgodnie z modelem kompletnej randomizacji (ANOVA), a to z kolei pozwoliło na sprawdzenie istotności zróżnicowania badanych genotypów żyta ozimego. Stwierdzono duże zróżnicowanie badanych linii żyta w odporności na porażenie przez rdzę brunatną. Brak objawów porażenia odnotowano jedynie u dziewięciu linii (UP6\_34, UP6\_35, UP6\_36, UP6\_37, UP6\_44, UP6\_47, UP6\_48, UP6\_49 i UP6\_50), które można uznać za odporne i rekomendować do prac hodowlanych.

## Wykorzystanie markerów SSR do oceny różnicowania genetycznego kolekcji linii wsobnych kukurydzy

**Kamila Nowosad<sup>1</sup>, Henryk Bujak<sup>1</sup>, Józef Adamczyk<sup>2</sup>,  
Krzysztof Wójcik<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa

<sup>2</sup>Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR

<sup>3</sup>Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o. o. Oddział Kobierzyce

Markery SSR (Simple Sequence Repeats) mają wiele zastosowań w genetyce i hodowli roślin ze względu na ich multialleliczną naturę, kodominacyjny sposób dziedziczenia, powszechność w genomie oraz łatwość analizy. Obecnie są szeroko stosowane do uzupełniania genetycznych map sprzężeń kilku gatunków zbóż, w tym kukurydzy oraz podziału materiałów na grupy heterogenne. Celem badań była analiza różnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy z wykorzystaniem markerów SSR i utworzenie drzewa obrazującego dystans genetyczny pomiędzy nimi. Materiał badawczy stanowiły linie wsobne kukurydzy, pochodzące z kolekcji firm hodowlanych, które są w dużym stopniu homozygotyczne i zostały wyprowadzone z materiałów wyjściowych o różnym pochodzeniu. Genomowe DNA do badań wyizolowane zostało przy użyciu zestawów kolumniekowych firmy Qiagen do izolacji DNA z tkanek roślinnych. Wyizolowane DNA genomowe posłużyło do analiz molekularnych mających na celu określenie dystansu genetycznego pomiędzy badanymi genotypami kukurydzy. Do analizy różnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy wykorzystano amplifikowane sekwencje mikrosatelitarne (SSR) dostępne w bazie danych MaizeGDB ([www.maizegdb.org](http://www.maizegdb.org)). W pierwszym etapie badań przetestowano 50 par starterów, a na podstawie uzyskanych wartości współczynnika PIC do dalszych prac wybrano 20 par. Uzyskane produkty polimorficzne przekształcono na system binarny, a otrzymana macierz poddana została analizom statystycznym. Wykryty polimorfizm DNA pozwolił na obliczenie współczynników podobieństwa genetycznego pomiędzy badanymi liniami kukurydzy oraz wykreślenie dendrogramu obrazującego dystans genetyczny pomiędzy nimi. Dendrogram podobieństwa genetycznego został wykonany z zastosowaniem metody UPGMA na podstawie podobieństwa genetycznego obliczonego według wzoru Nei (1978). Dodatkowo wykonano analizę składowych głównych (PCA). Obliczenia wykonano w programie R wykorzystując pakiet ADEgenet oraz Pegaz. Podobieństwo genetyczne uzyskane dla badanych linii kukurydzy mieściło się w przedziale 0,17 do 0,92. Uzyskane wartości podobieństwa genetycznego wskazują na duże zróżnicowanie analizowanego materiału. Dendrogram podzielił analizowane linie na dwie główne gałęzie. Najbardziej odrębne od reszty badanych linii były genotypy: LK1, LK9, SM/7/15, SM4/14, SM10/14, SM28/14, SM11/14, SM2/14, SM1/16. Genotypy tworzące drugi kład (skupienie) dzielą się na 2 główne podgrupy. Nie udało się na dendrogramie wyraźnie wyróżnić podziału na linie pochodzące z Hodowli Roślin Smolice i Małopolskiej Hodowli Roślin,

ponieważ grupowały się one naprzemiennie. Świadczy to o podobnym tle genetycznym materiałów pochodzących z obydwu firm. Przeprowadzona analiza składowych głównych również nie pozwoliła na wyróżnienie grup linii zawierających materiał pochodzący tylko z jednej firmy hodowlanej (rys. 8). Rozmieszczenie linii w przestrzeni dwóch pierwszych składowych głównych wskazuje, że są one w większości podobne genetycznie. Większość z nich grupuje się w środku układu współrzędnych utworzonych przez składowe PC1 i PC2. Najdalej od grupujących się genotypów ulokowały się z jednej strony linii LK12, LK14, SM53/15 i SM2/16, a z drugiej LK1, LK5, SM2/14, SM28/14 i SM1/16. Te dwie grupy linii różnią się najmocniej pomiędzy sobą oraz znacznie odbiegają genetycznie od pozostałych.

## Ocena zmienności fenotypowej obiektów kukurydzy w kolekcji KCRZG

**Monika Żurek, Tomasz Lubas, Roman Warzecha**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin- Państwowy Instytut Badawczy  
w Radzikowie*

*Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Pracownia Kukurydzy i Pszenżyta*

W latach 2015- 2017 wykonano ocenę cech morfologicznych 150 obiektów pochodzących z kolekcji kukurydzy w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie. Cechy oceniano według metodyki CPVO/UPOV wykorzystywanej przez COBORU. Ocenie poddano cechy morfologiczne dotyczące zarówno pokroju rośliny, tj.: antocyjanowe zabarwienie pochwy liściowej oraz zakończenie blaszki pierwszego liścia, szerokość blaszki liściowej, wysokość rośliny, jak również cechy dotyczące budowy wiechy i kolby (zabarwienie antocyjanowe podstawy plewy w środkowej części osi głównej wiechy oraz pylników, ustawienie bocznych rozgałęzień oraz kąt między nimi a osią główną w dolnej trzeciej części wiechy, liczba pierwszych rozgałęzień bocznych, antocyjanowe zabarwienie znamion). Oceniano również cechy warunkujące wczesność kukurydzy- termin kwitnienia wiechy oraz termin pojawienia się znamion. Po zbiorze izolowanych kolb z poletek przeprowadzono ocenę cech morfologicznych kolb oraz ziarniaków (kształt, długość oraz średnica kolby, liczba rzędów ziarna, typ ziarna, barwa wierzchołka ziarna, barwa strony grzbietowej ziarna, zabarwienie plew rdzenia antocyjanem). Ponadto oceniono odporność obiektów kukurydzy na głównię guzowatą, fuzariozę łodyg oraz wyleganie korzeniowe. Oceniane obiekty charakteryzowały się dużą zmiennością cech morfologicznych.

Prace prowadzono w ramach programu wieloletniego pt. „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR-PIB a finansowanego przez MRiRW (Zad. 1.2; temat 3-1-02-0-11).

## **Ocena odporności na antraknozę (*Colletotrichum lupini*) wybranych kombinacji krzyżówkowych łubinu żółtego**

***Paweł Barzyk, Wojciech Święcicki***

*Poznańska Hodowla Roślin z/s w Tulcach, Oddział w Wiatrowie*

*E-mail: wswi@igr.poznan.pl*

Do najważniejszych, ulepszanych cech odmian łubinu żółtego należą, oprócz plonu nasion, niska zawartość alkaloidów i odporność na antraknozę. Pierwotnym materiałem wyjściowym dla hodowli odpornościowej były nieliczne obiekty kolekcyjne, wyselekcjonowane na podstawie danych paszportowych oraz testów fitopatologicznych. Oceniano porażenie w dwu środowiskach (warunki polowe oraz kontrolowane – szklarniowe) oraz różnych fazach wzrostu roślin przy zapewnieniu korzystnych warunków dla rozwoju antraknozy (źródło infekcji i wysoka wilgotność). Jako wzorce zastosowano odmiany Mister (odporna) i Teo (podatna). O ostatecznej ocenie odporności decydowały wyniki uzyskane w obu typach testów.

W 2016 roku testowano 40 linii wyselekcjonowanych we wcześniejszych pokoleniach z różnych kombinacji krzyżówkowych na tle odmian wzorcowych. W doświadczeniu polowym objawy porażenia wystąpiły głównie na strąkach. Na 4 obiektach nie zaobserwowano żadnych objawów porażenia antraknozą. We wzorcowej odmianie podatnej odsetek porażonych strąków osiągnął 60%, a w odmianie odpornej nie przekroczył 45%. W doświadczeniu szklarniowym stwierdzono dużą zmienność poziomu odporności – 4,2 do 8,6 (skala 10<sup>0</sup>). U 10 obiektów wykazano niższy stopień porażenia od wzorca odporności, a dla 5 obiektów różnica była statystycznie istotna. Uwzględniając wyniki obu testów, najbardziej wartościowym źródłem odporności okazały się dwie linie – Z-687 i Z686. Porównanie wyników oceny odporności na antraknozę uzyskanych w 2016 roku z oceną materiałów kolekcyjnych i mieszańcowych z lat wcześniejszych wykazuje systematyczny wzrost odporności jako efekt skutecznej procedury badawczej.



## Ocena materiałów hodowlanych buraka cukrowego z zastosowaniem markerów związanych z odpornością na rizomanię oraz identyfikacja cytoplazmy typu dzikiego w badanych materiałach

*Anna Litwiniec<sup>1</sup>, Judyta Ostrowska<sup>1</sup>, Beata Choińska<sup>1</sup>,  
Aleksander Łukanowski<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>Institut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Oddział Bydgoszcz, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Pracownia Biotechnologii

<sup>2</sup>Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich w Bydgoszczy, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Zakład Fitopatologii Molekularnej

W toku realizacji Programu Wieloletniego IHAR-PIB na lata 2015-2020, Zad.2.4 prowadzone są prace mające na celu podniesienie odporności buraka cukrowego na rizomanię. Ze względu na pojawiające się patotypy wirusa posiadające zdolność do przełamania odporności konieczne jest łączenie różnych jej źródeł w jednej odmianie. Odporność na rizomanię wywodzi się z zasobów genowych buraka dzikiego *B. vulgaris* ssp. *maritima*. Celem niniejszej pracy była identyfikacja materiałów posiadających odporność na BNYVV, ocena występowania wybranych produktów PCR w materiałach hodowlanych buraka oraz porównanie do źródeł odporności wywodzących się z gatunków dzikich.

W niniejszym badaniu analizowano materiały hodowlane buraka F1. Przeprowadzono reakcje PCR z zastosowaniem wybranych starterów segregujących z odpornością. Następnie dokonano rozdziału elektroforetycznego uzyskanych produktów i skonstruowano dendrogram podobieństwa genetycznego na bazie uprzednio opracowanego dendrogramu dla gatunków dzikich. Z pomocą RFLP oraz HRM i sekwencjonowania ujawniono obecność wybranych SNP w rejonach opisywanych jako związane z różnymi źródłami odporności. Przeprowadzono również analizę regionów minisatelitarnych DNA mitochondrialnego.

Na podstawie dendrogramu podobieństwa genetycznego oraz zgodnie z dostępnym opisem, dwa podstawowe skupienia materiałów hodowlanych były determinowane głównie komponentem matczym. Jednocześnie z zastosowaniem markerów mtDNA ujawniono obecność nietypowego dla materiałów hodowlanych profilu minisatelit dla jednego z badanych obiektów, co wskazuje na obecność cytoplazmy odbiegającej od typu Owena oraz od dotychczas opisanych typów wg Fénart i in. (2008). Bazując na danych fenotypowych udało się zidentyfikować materiały cenne, które mimo wysokiej zawartości wektora charakteryzowały się bardzo niską oznaczoną zawartością wirusa. Dokonano wyodrębnienia kilku grup profili HRM, wskazujących na nagromadzenie SNP w badanym obszarze opisywanym jako posiadający SNP typowe dla Rz2, co zostało następnie potwierdzone poprzez sekwencjonowanie (5 SNP). Oceniono również populację pod kątem SNP opisywanego jako segregujący ze źródłem Rz1 z zastosowaniem RFLP. Uzyskane wyniki wskazują na obecność znaczącego zróżnicowania genotypowego i fenotypowego badanych materiałów, a ustalenie konsekwencji poszczególnych polimorfizmów dla odporności i interakcji gospodarza z wirusem wymaga dalszych badań.



## **Identyfikacja genotypów o podwyższonej tolerancji na stres suszy w materiałach hodowlanych buraka cukrowego**

***Barbara Skibowska, Maria Gośka, Małgorzata Malicka***

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,  
o/Bydgoszcz,*

*Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Pracownia Cytogenetyki  
i Metodyki Hodowli*

Zmieniające się sukcesywnie środowisko wymusza na hodowcach prowadzenie prac w kierunku tworzenia nowych form buraka cukrowego o podwyższonej tolerancji na stres suszy. Stres wodny jest czynnikiem abiotycznym, który powoduje fizjologiczne i biochemiczne zmiany w roślinie, co skutkuje znacznymi stratami w plonie korzeni i cukru. Burak cukrowy jest rośliną wrażliwą na deficyt wody w glebie, jednakże w materiałach hodowlanych buraka cukrowego występują genotypy, które charakteryzują się większą tolerancją na stres suszy.

Celem pracy jest wybór oraz selekcja genotypów buraka cukrowego wśród wielonasiennych diploidalnych materiałów hodowlanych typu cukrowego, cukrowo-normalnego i normalnego o podwyższonej tolerancji na stres suszy, a także o korzystnych cechach gospodarczych, jak: wysoki plon korzeni i wysoka zawartość cukru oraz niska zawartość melasotworów.

Prace badawcze w kierunku tolerancji na suszę przeprowadzono na zróżnicowanym genetycznie materiale hodowlanym obejmującym diploidalne wielonasienne formy buraka cukrowego w trzech typach użytkowych. Wysiano nasiona dwóch linii typu 2xZ, dwóch linii typu 2xN oraz dwóch linii typu 2xZN oraz wzorzec (odmiana Pewniak i Janosik). Założono doświadczenia w warunkach kontrolowanych w pojemnikach wypełnionych glebą oraz w warunkach polowych, w których brały udział te same linie ojcowskie. Przeprowadzono ocenę cech morfologicznych roślin oraz przyrostów liści i korzeni w zależności od wilgotności gleby. Przyjęto dwa poziomy wilgotności gleby. W badanym materiale obserwowano zróżnicowanie w wielkości blaszek liściowych oraz masy korzeni w zależności od genotypu. Jeden genotyp typu cukrowego charakteryzował się wyższą tolerancją na stres suszy niż pozostałe genotypy typu normalnego i cukrowo-normalnego. Masa części nadziemnej i podziemnej analizowanych roślin w tym genotypie była wyższa w porównaniu do pozostałych genotypów oraz kontroli. Wstępna selekcja prowadzona na zróżnicowanym diploidalnym wielonasiennym materiale hodowlanym wskazuje na możliwości wyboru genotypów tolerancyjnych na stres suszy.

W celu zabezpieczenia wystarczającej ilości nasion oraz przeprowadzenia oceny wartości gospodarczej poszczególnych linii ojcowskich założono doświadczenie polowe. W okresie wegetacji przeprowadzono ocenę cech morfologicznych roślin tj. stanu ulistnienia rośliny, wielkości i kształtu rozet liściowych. Po zbiorze korzeni oznaczono średnie wartości sześciu cech dla badanych genotypów. Analiza uzyskanych wyników wykazała wyraźne zróżnicowanie między poszczególnymi cechami użytkowymi buraka cukrowego.

## **Analiza podobieństwa genetycznego materiałów matecznych buraka cukrowego (*Beta vulgaris* L.) o różnym potencjale gynogenetycznym**

**Sandra Cichorz, Małgorzata Malicka, Maria Gośka**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,  
o/Bydgoszcz,*

*Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Korzeniowych, Pracownia Cytogenetyki  
i Metodyki Hodowli*

W ostatnich kilkunastu latach nieodzownym elementem strategii tworzenia wysokowydajnych odmian mieszańcowych buraka cukrowego stało się wykorzystanie najnowszych osiągnięć w dziedzinie kultur *in vitro*. Otrzymanie roślin haploidalnych, a następnie podwojonych haploidów (DH) z zastosowaniem kultur niezapłodnionych załączków umożliwia uzyskanie w jednym pokoleniu całkowicie homozygotycznych linii z heterozygotycznego materiału. Linie DH wyprowadzone na drodze gynogenezy posiadają 100% homozygotyczność pod względem wszystkich *loci*, co nie jest możliwe do uzyskania tradycyjnymi metodami hodowlanymi. Jednakże wykorzystanie linii DH w hodowli w znacznym stopniu uwarunkowane jest efektywną metodą ich otrzymywania z różnych materiałów wyjściowych. Dotychczasowe wyniki badań wskazują na dużą zależność zdolności regeneracyjnych od genotypu rośliny matecznej. Celem przeprowadzonych badań była ocena podobieństwa genetycznego roślin donorowych buraka o różnym potencjale gynogenetycznym z zastosowaniem markerów molekularnych typu ISSR oraz RAPD.

Materiał wyjściowy do badań obejmował 10 linii wielonasiennych diploidalnych zapylaczy buraka cukrowego. Genomowe DNA wyizolowano z liści według zmodyfikowanej metody Davisa, natomiast jakość i ilość DNA została oceniona spektrofotometrycznie i elektroforetycznie. Do reakcji PCR użyto łącznie 15 wyselekcjonowanych starterów ISSR oraz RAPD. Na podstawie porównania współwystępowania określonych produktów reakcji PCR w rozdziale elektroforetycznym wyznaczono współczynnik podobieństwa genetycznego wg Nei'a i Li oraz opracowano dendrogramy metodą analizy skupień UPGMA, wskazujące odległość genetyczną między badanymi obiektami. Dodatkowo przeprowadzono analizę głównych współrzędnych PCoA.

W przeprowadzonych reakcjach ISSR-PCR największy stopień polimorfizmu uzyskano z następującymi starterami: ISSR1, ISSR2, ISSR3, ISSR4. Dla porównania w analizach RAPD-PCR najbardziej polimorficzne okazały się startery: RAPD1, RAPD2, RAPD3, RAPD4. Wartość współczynnika podobieństwa genetycznego wg Nei'a i Li, oszacowana na podstawie analiz ISSR-PCR oraz RAPD-PCR, zawierała się w przedziale od 0,46 do 0,81. Na podstawie wykresów rozmieszczenia analizowanych obiektów w układzie dwóch pierwszych współrzędnych głównych stwierdzono, że badane linie buraka cukrowego dzielą się na 3 grupy, co pokrywało się z podziałem uzyskanym z zastosowaniem analizy skupień. Różnice w profilach amplifikacyjnych osobników matecznych umożliwiły molekularną ocenę zróżnicowania badanych genotypów. Dodatkowo zaobserwowano występowanie pewnych produktów charakteryzujących poszczególne typy cukrowości buraka.

## Zróznicowanie cech odmian wczesnych w kolekcji polowej ziemniaka tetraploidalnego

**Joanna Piskorz, Agnieszka Przewodowska**

*IHAR PIB w Radzikowie, Oddział w Boninie, Pracownia Zasobów Genowych  
Kultur In vitro  
piskorz@ziemniak-bonin.pl*

Celem utrzymywania kolekcji polowej ziemniaka tetraploidalnego jest zapewnienie ochrony przed utratą poprzez utrzymanie w stanie żywym w warunkach *ex situ*, charakterystyka i ocena oraz udostępnianie nowej puli genetycznej ziemniaka tetraploidalnego dla obecnego i przyszłego wykorzystania w hodowli nowych odmian, pracach badawczych i działalności szkoleniowej na rzecz wyżywienia i rolnictwa, zwiększanie różnorodności genetycznej roślin na obszarach wiejskich oraz podnoszenie świadomości społeczeństwa w zakresie znaczenia roślinnych zasobów genowych. Utrzymanie zasobów genowych tetraploidalnych form ziemniaka rozmnażanych wegetatywnie w kolekcji polowej (ilościowo i jakościowo) odbywa się poprzez wysadzenie doświadczenia poletkowego z odmianami i obserwacji poszczególnych odmian w okresie wegetacji. W agrotechnice stosuje się 4-letni płodozmian, nawożenie organiczne i mineralne dostosowane do zasobności gleby oraz ochronę zabezpieczającą roślin przeprowadzoną zgodnie z zasadami poprawnej technologii. Wszystkie odmiany wysadzone w pole podlegają charakterystyce i dokładnej ocenie. Identyfikowane są cechy botaniczne (łodyga, liść, kwiatostan i owoc), zebrane materiały oceniane są pod względem cech morfologicznych (kolor skórki, kolor miąższu, kształt bulw, głębokość oczek), ze szczególnym uwzględnieniem ważnych cech jakości w hodowli nowych odmian ziemniaka jadalnego. Dla poszczególnych odmian określany jest typ wczesności. Typ wczesności danej odmiany określa ilość dni wegetacji. Bardzo wczesna- do 90 dni wegetacji, wczesna- od 96 do 109 dni, średnio wczesna- od 110 do 124 dni, średnio późna- od 125 do 139, późna- od 140 do 145 dni oraz bardzo późna- powyżej 146 dni wegetacji. Dla odmian wczesnych określone zostały cechy botaniczne rośliny, a następnie cechy morfologiczne bulw. Bulw obiektów cennych (wyróżniających się pod względem ocenianych cech) zostają przekazane do przechowywania w postaci kultur in vitro do Pracowni Zasobów Genowych i Kultur In vitro IHAR-PIB, Oddział w Boninie;

W 2017 roku zostało wysadzonych 70 odmian ziemniaka, z czego 21 to odmiany wczesne. Odmiany pozyskiwane są do kolekcji polowej na drodze współpracy i wymiany informacji z przedstawicielami hodowli polskiej i zagranicznej. Corocznie kolekcja powiększana jest o nowo zrejonizowane odmiany rodzime i zagraniczne. W roku 2017 wprowadzono do kolekcji 10 nowych obiektów, w tym 2 odmiany hodowli polskiej, jedna pochodzi z Hodowli Ziemniaka Zamarte Sp. z o.o. Grupa IHAR – Bojar, jedna z Pomorsko-Mazurskiej Hodowli Ziemniaka Sp. z o. o. z siedzibą w Strzekęcinie – Stokrotka, oraz 5 odmian hodowli niemieckiej i 3 odmiany hodowli holenderskiej.

Wyniki obserwacji i przeprowadzonych badań stanowią bazę dla celów upowszechnieniowych na wystawach promujących wykorzystywanie zasobów genetycznych ziemniaka, wspierających zrównoważony rozwój i dostosowanie do lokalnych i oraz wspieranie branży na każdym etapie jej działalności.

## Zróznicowanie obiektów w kolekcji rodzaju *Humulus* utrzymywanej w IUNG-PIB w Puławach

**Urszula Skomra**

*Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-Państwowy Instytut Badawczy  
w Puławach.*

*urszula.skomra@iung.pulawy.pl*

Chmiel zwyczajny (*Humulus lupulus* L.) jest gatunkiem dwupiennym. Uprawiane są wyłącznie rośliny żeńskie, których owocostany zwane szyszkami są przede wszystkim wykorzystywane jako surowiec dla przemysłu piwowarskiego. Rośliny męskie nie mają znaczenia gospodarczego, ale są niezbędne do prowadzenia prac hodowlanych.

Zasoby genowe rodzaju *Humulus* zgromadzone w IUNG-PIB w Puławach obejmują: polskie i zagraniczne odmiany chmielu oraz cenne materiały hodowlane uzyskane przez polskich hodowców, a także rośliny męskie. Obiekty utrzymywane są w kolekcji polowej. Aktualnie kolekcja liczy 416 obiektów, z czego 54% stanowią odmiany chmielu pochodzące z czternastu różnych krajów.

Obiekty kolekcyjne rodzaju *Humulus* są charakteryzowane pod względem cech morfologicznych i użytkowych, przy czym każdy obiekt jest badany przez 3 sezony wegetacyjne. W latach 2013, 2015 i 2016 charakteryzowano 40 obiektów. Były to odmiany chmielu pochodzące z Polski, Republiki Czeskiej, USA, Niemiec, Francji, Belgii, Japonii oraz Nowej Zelandii. Charakterystyka obejmowała cechy morfologiczne i użytkowe, takie jak: pokrój roślin, barwa pędu głównego, gęstość ulistnienia, wysokość osadzenia pierwszych pędów owocujących, długość pędów bocznych i międzywęźli, wskaźnik skręcalności pędów, wielkość szyszek oraz ich barwa i kształt, a także zawartość alfa kwasów.

Badane obiekty charakteryzowały się znacznym zróżnicowaniem morfologicznym. Największą zmienność obserwowano w odniesieniu do wysokości osadzenia pierwszych pędów plonujących oraz długości pędów bocznych. Najmniej zróżnicowana była długość międzywęźli. Jedną z najważniejszych cech jakościowych chmielu jest zawartość alfa kwasów w szyszkach. Metabolity te odpowiadają za specyficzny gorzkawy smak piwa. Badane obiekty charakteryzowały się bardzo dużym zróżnicowaniem zawartości alfa kwasów w granicach od 1,6% do 11,3%.

Zgromadzone w kolekcji odmiany chmielu cechuje duże zróżnicowanie pod względem cech morfologicznych i użytkowych. Kolekcja może zatem stanowić bogate źródło zmienności genetycznej wykorzystywanej w hodowli chmielu. Należy podkreślić, że jest ona również jedyną w Polsce kolekcją rodzaju *Humulus*, a o jej unikalnym charakterze stanowi nie tylko ogromna różnorodność zgromadzonych obiektów, ale również fakt, że chroni ona i zachowuje dorobek polskich hodowców chmielu.

## Zróżnicowanie genetyczne dzikiego chmielu w Polsce

**Hanna Olszak-Przybyś, Urszula Skomra, Grażyna Korbecka-Glinka**  
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-Państwowy Instytut Badawczy  
w Puławach  
holszak@iung.pulawy.pl

Chmiel zwyczajny (*Humulus lupulus* L.) jest rośliną wieloletnią, dwupienną powszechnie występującą w strefie klimatu umiarkowanego. Do celów piwowarskich uprawia się jedynie osobniki żeńskie, które wykształcają owocostany zwane szyszkami. Szyszki zawierają gruczoły lupuliny bogate w kwasy goryczkowe oraz olejki eteryczne odpowiedzialne za aromat. Obecność osobników męskich na plantacjach produkcyjnych oraz w ich pobliżu jest niepożądana, gdyż prowadzi do zapyleń kwiatostanów i zaziarnienia szyszek. W konsekwencji uzyskuje się surowiec o gorszych parametrach jakościowych. Z drugiej strony osobniki męskie chmielu są niezbędne w hodowli do tworzenia nowych odmian i zwiększania różnorodności genetycznej. Stanowią też źródło odporności na choroby i szkodniki, takie jak mączniak rzekomy, czy mączniak prawdziwy chmielu (Stajner i in.2008).

Dziko rosnący chmiel z terenów Europy, Azji oraz Ameryki północnej został już przebadany pod względem zróżnicowania genetycznego, brak jest natomiast danych dotyczących zróżnicowania genetycznego dzikiego chmielu występującego na obszarze Polski. Celem badań była ocena zróżnicowania genetycznego osobników męskich pochodzących z różnych rejonów Polski przy pomocy markerów mikrosatelitarnych. Materiał roślinny stanowiło 85 osobników męskich pozyskanych ze stanowisk naturalnych z takich regionów Polski jak: Dolny Śląsk, Wyżyna Krakowsko-Częstochowska, Pojezierze Iławsko-Ostródzkie, Pojezierze Kaszubskie, Kotlina Kłodzka, Bieszczady oraz Beskidy. Do badań włączono również odmiany hodowlane pochodzenia polskiego i czeskiego, a także odmianę botaniczną chmielu północno-amerykańskiego *Humulus lupulus* var. *neomexicanus*. Wszystkie wyżej wymienione obiekty genotypowano przy pomocy 10 markerów mikrosatelitarnych (H1GT16, H1GT17, H1GA27, H1GA23, H1AGA7, H1AGA8, H1AGA6, H1GA31, 10316546, 10316577, 10316399) według metodyki opisanej przez Stajner i in. (2005). Po rozdziale produktu PCR na sekwenatorze kapilarnym wykonano analizę długości fragmentów przy pomocy programu Genemapper 5.0. Macierz dystansów genetycznych obliczono w programie Microsatellite analyzer (MSA) 4.05. Analiza skupień wykonana przy użyciu algorytmu Neighbor-Joining wykazała brak wyraźnego zróżnicowania genetycznego wśród badanych osobników męskich pochodzących z różnych rejonów Polski. Świadczy to o istnieniu pokrewieństwa genetycznego pomiędzy badanymi osobnikami, jak również o tym, że rozmieszczenie geograficzne nie determinuje różnic genetycznych wśród tych osobników.

## Zróżnicowanie zawartości poszczególnych alkaloidów w obrębie rodzaju *Nicotiana*

**Anna Depta, Karolina Kursa**

Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Uprawy Nawożenia  
i Gleboznawstwa

– Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Rodzaj *Nicotiana*, należący do rodziny *Solanaceae*, liczy ponad 70 gatunków. Naturalne występowanie dzikich gatunków tytoniu ogranicza się do terenu obu Ameryk, Australii i Afryki. Jedynie *Nicotiana tabacum* i *Nicotiana rustica*, jako rośliny przemysłowe, uprawiane są na całym świecie. Charakterystyczną cechą gatunków rodzaju *Nicotiana* jest ich duże zróżnicowanie. Dotyczy ono cech morfologicznych, cytologicznych i odpornościowych, jak również składu chemicznego. Najważniejszymi związkami chemicznymi dla gatunków *Nicotiana* są alkaloidy, cukry redukujące i białka właściwe. Za alkaloid główny, stanowiący o jakości tytoniu uznaje się nikotynę. Towarzyszą jej alkaloidy wtórne, do których zaliczamy między innymi nornikotynę, anabazynę, anatabinę i miozminę.

Do oznaczania alkaloidów w surowcu tytoniowym wykorzystano dojrzałe liście. Zliofilizowano je i zmielono, a następnie poddano procesowi ekstrakcji. Procedurę tę przeprowadzono w eterze tert-butylo-metylowym (MTBE) z dodatkiem wzorca wewnętrznego (IS) – chinoliny. Następnie gotowy ekstrakt analizowano na chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrem mas (GC/MS).

Otrzymane wyniki wskazują na duże zróżnicowanie pod względem zawartości alkaloidów w obrębie rodzaju *Nicotiana*. Metabolitem wtórnym występującym najczęściej była nikotyna. Duże jej stężenia odnotowano w obrębie sekcji *Rusticae*, gdzie osiągały one wartości od 0,7244 % dla *Nicotiana rustica* var. *pumila* do 1,8552 % dla *Nicotiana rustica* var. *brasilia*. W niższych stężeniach nikotyna występowała także wśród obiektów należących do sekcji *Paniculatae*, *Petunioides*, *Suaveolentes*, *Sylvestres* oraz *Undulatae*. Gatunki z sekcji *Noctiflora*, *Tomentosae* i *Trigonophylla*, a także niektóre gatunki z sekcji *Suaveolentes* nie zawierały w swoim składzie nikotyny. Dla nich alkaloidem dominującym była nornikotyna, w stężeniu od 0,0066 % dla *N. setchelli* do 0,5053 % dla *N. africana*. Cechą charakterystyczną dla dzikich krewniaków tytoniu była zróżnicowana obecność pozostałych alkaloidów wtórnych, wśród których najczęściej występowała anabazyna, a najrzadziej miozmina. *Nicotiana alata*, należąca do sekcji *Alatae*, nie zawierała w swoim składzie żadnych z oznaczanych alkaloidów.

Wykorzystanie gatunków z rodzaju *Nicotiana* w programach hodowlanych, mających na celu poprawę cech jakościowych tytoniu uprawnego sprawia, że scharakteryzowanie składu chemicznego surowca tytoniowego jest niezmiernie istotne.



## Wpływ obcej cytoplazmy na odporność tytoniu na wirusa Y ziemniaka

*Anna Czubacka, Anna Depta*

*Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,  
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

Kolekcja odmian uprawnych tytoniu gromadzona i utrzymywana w Instytucie Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB w Puławach obejmuje także formy cytoplazmatycznie męskoosterylne (cms). Pierwsze formy cms zostały włączone do kolekcji w latach 70-tych XX wieku. Zostały one otrzymane w oparciu o genotyp jądrowy odmiany Zamojska 4. Część z nich jest efektem prac hodowlanych prowadzonych w IUNG, inne zostały otrzymane od ośrodków naukowych z Rosji i Zimbabwe. Formy te są tworzone w celu ochrony prawa hodowcy do odmiany, ponieważ sterylność roślin zapobiega nieautoryzowanej produkcji nasion. Cytoplazmatyczna męska sterylność jest wynikiem mutacji w genomie cytoplazmatycznym albo powstaje na skutek zastąpienia cytoplazmy natywnej, cytoplazmą pochodzącą z innego gatunku. Zmiany te prowadzą do utraty płodności w wyniku wystąpienia niezgodności pomiędzy genomem jądrowym i cytoplazmatycznym. Cytoplazmatyczna męska sterylność jest dziedziczona po formie matecznej. Formy cms są morfologicznie zbliżone do odmiany wyjściowej. Obserwowane różnice dotyczą zwykle budowy organów generatywnych męskich. Jednak obca cytoplazma może wpływać także na inne cechy roślin, takie jak np. poziom odporności na choroby. Aby określić wpływ obcej cytoplazmy na odporność form cms tytoniu na wirusa Y ziemniaka (PVY) wykonano doświadczenie z zastosowaniem sztucznej inokulacji w warunkach kontrolowanych. Badaniu poddano odmianę Zamojska 4 oraz jej formy cms. Znalazły się wśród nich te z podstawioną cytoplazmą z gatunków rodzaju *Nicotiana*, jak również forma Zamojska 4 cms *tabacum* z cytoplazmą mutanta otrzymanego w obrębie gatunku *N. tabacum*.

Rośliny utrzymywano w szklarni, gdzie poddano je sztucznym inokulacjom dwoma izolatami PVY zróżnicowanymi pod względem wirulencji. Prowadzono obserwacje objawów chorobowych, a następnie wykonano testy serologiczne metodą DAS-ELISA.

Oba użyte izolaty PVY spowodowały symptomy chorobowe zarówno na odmianie Zamojska 4, jak i jej formach cms. W przypadku łagodniejszego izolatu obserwowano wyłącznie łagodne objawy takie jak chlorotyczne plamy blaszki liściowej i przejaśnienia nerwów liści. Izolat silniejszy spowodował wystąpienie nekrozy nerwów liści na roślinach należących do form alloplazmatycznych z cytoplazmą pochodzącą od *N. eastii*, *N. occidentalis*, *N. suaveolens* i *N. undulata*, podczas gdy odmiana Zamojska 4 zareagowała przejaśnieniami nerwów.

## Charakterystyka profilu alkaloidowego u wybranych odmian *Nicotiana rustica* L.

**Karolina Kursa, Anna Czubacka**

Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Uprawy Nawożenia  
i Gleboznawstwa –

Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czarторыskich 8, 24-100 Puławy

*Nicotiana rustica* L. zwana także machorką była bardzo ważnym surowcem przemysłu tytoniowego w okresie międzywojennym. Stosowano ją przede wszystkim do produkcji nikotyny na skalę przemysłową, ponieważ gatunek ten charakteryzuje wysoka zawartość alkaloidu głównego. Dodatkowo wykorzystywano ją do produkcji kwasu nikotynowego i kwasu cytrynowego dla przemysłu spożywczego oraz do wytwarzania środków owadobójczych. Obecnie *Nicotiana rustica*, zwana także tytoniem bakun uprawiana jest przede wszystkim niekomercyjnie na potrzeby własne. Sporządza się z niego produkty tytoniowe gorszej jakości, takie jak południowoafrykański toombak, czy turecki proszek Maraş.

Podobnie jak tytoń szlachetny (*Nicotiana tabacum*), machorka charakteryzuje się dużą nieregularnością składu chemicznego. Parametry te zależą od wielu czynników, między innymi od warunków pogodowych, odmiany surowca tytoniowego oraz technik jego uprawy i obróbki. Opiszano wiele różnych typów i odmian *Nicotiana rustica*. Do określenia profilu alkaloidowego wytypowano jedynie część z nich. Rośliny wyselekcjonowane do doświadczenia rosły i dojrzewały w donicach, w jednakowych warunkach, w hali wegetacyjnej. Nie ogławiano roślin. W okresie pełnego kwitnienia, zebrano liście, a następnie je zliofilizowano. Zgromadzony materiał ekstrahowano w eterze MTBE z dodatkiem wzorca wewnętrznego (chinoliny), a następnie analizowano na chromatografie gazowym sprzężonym ze spektrometrem mas (GC/MS).

Ocena profilu alkaloidowego wykazała, że tytoń bakun wykazuje duże zróżnicowanie pomiędzy poszczególnymi odmianami, w zawartości nikotyny oraz pozostałych alkaloidów towarzyszących. Najwyższe stężenie alkaloidu głównego zanotowano dla odmiany Bakun Czarny, a najniższe dla odmiany Kurczawaja 196. Połowa odmian nie zawierała w swoim składzie miozminy, a pozostałą część cechowała zawartość tego alkaloidu na zbliżonym poziomie. Nie odnotowano dużych różnic pomiędzy poszczególnymi odmianami *Nicotiana rustica* w zawartości anabazyny i anatabiny.



## Charakterystyka form dyni zwyczajnej (*Cucurbita pepo* L.) pod względem cech owoców i nasion

**Aleksandra Korzeniewska, Teresa Galecka,  
Katarzyna Niemirowicz-Szczytt**

*Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW w Warszawie, ul.  
Nowoursynowska 159, 02-787 Warszawa*

Dynia zwyczajna *Cucurbita pepo* L. to najczęściej uprawiany gatunek z rodzaju. Jej owocem jest kulista jagoda lub nibyjagoda zrosnięta z dnem kwiatowym. Owoce tej dyni mają bardzo zróżnicowane kształty: wydłużone, walcowate, spłaszczone i dyskowate, mogą być przy tym proste lub zagięte, czasami węzowate. Do gatunku tego należą następujące odmiany botaniczne: cukinia, kabaczek, patison, dynia makaronowa i dynia białopłynowa (oleista) i inne.

Opisywana jest także forma dyni nazywana artroka., której autorstwo przypisuje się Jerzemu Moskalow-Hejbowiczowi. Uważa się, że artroka powstała w wyniku krzyżowania argentyńskiej formy o silnych właściwościach leczniczych z lokalną odmianą odporną na chłód uprawianą w okolicach Trok pod Wilnem. Obecnie nie spotka się w Polsce roślin opisanych przez Hejbowicza- nie były odpowiednio chronione. Dynia jest rośliną owadopylną, łatwo krzyżuje się w obrębie gatunku. Zapewne dlatego znajduje się rośliny w typie artroki w populacjach, uprawianych przez rolników wzdłuż wschodniej granicy Polski.

Celem badań była ocena wybranych cech owoców i nasion dziewięciu form dyni zwyczajnej, charakteryzujących się nasionami okrytymi łupiną nasienną, w porównaniu do odmiany Danką (wzorzec). Doświadczenia przeprowadzono w latach 2015 i 2016 na Polu Doświadczalnym KGHIBR w Wolicy. Badano cechy plonu owoców i nasion. Oznaczono średnią masę owocu handlowego oraz określono masę 1000 nasion. Wyniki opracowano statystycznie za pomocą programu Statistica. Obliczono najmniejsze istotne różnice (NIR) oraz przeprowadzono szczegółowe porównanie średnich za pomocą testu Tukeya. Scharakteryzowano także pokrój roślin, barwę skóry i barwę miąższu owoców.

Stwierdzono istotne zróżnicowanie w zakresie wszystkich cech, w dwóch kolejnych latach badań. Owoce były okrągłe lub lekko spłaszczone. Skóra dojrzałych owoców była: ciemnozielona w żółte plamy lub pasy, pomarańczowa lub żółta, gładka, żebrowana lub guzowata zaś ich miąższ kremowy lub jasnopomarańczowy. Plon owoców był wysoce zróżnicowany (6,4-18,3kg/roś.). Wszystkie rośliny, podobnie jak odmiana Danką, tworzyły płozące pędy. Nasiona miały okrywę nasienną barwy brudnobiałej lub żółtawej z pogrubioną krawędzią. Decydujące znaczenie w przydatności do użytkowania będą miały cechy takie jak zróżnicowany plon (125,0-379,3g/roś.) i masa 1000 nasion (126,3-291,7g).

## Charakterystyka morfologiczna arcydzięgla litwora (*Angelica archangelica* L.)

**Anna Forycka, Artur Adamczak, Waldemar Buchwald**

*Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, ul. Wojska Polskiego 71B, 60-630 Poznań*

*e-mail: anna.forycka@iwnirz.pl*

Uprawy, już od kilkudziesięciu lat, są głównym źródłem surowców zielarskich w naszym kraju. Ich wartość handlowa w dużym stopniu zależy od jakości wykorzystanego materiału siewnego. Dla dalszego rozwoju produkcji zielarskiej istotne jest zabezpieczenie i ocena zmienności dziko rosnących gatunków leczniczych, których zasoby w stanie naturalnym są lub mogą być zagrożone. Wykorzystanie do prac hodowlanych materiału roślinnego gromadzonego w kolekcjach *ex situ* wymaga możliwie pełnej charakterystyki morfologicznej badanych taksonów, w tym ustalenia specyficznych dla gatunku cech, tzw. deskryptorów, które opisują zmienność wewnątrzgatunkową i różnicują populacje.

Arcydzięgiel litwor należy do cennych roślin leczniczych, objętych w Polsce ochroną prawną. Omawiany gatunek jest byliną lub rośliną dwuletnią. W pierwszym roku tworzy rozetę przyziemnych długoogonkowych liści, podwójnie lub potrójnie pierzastych, a w kolejnym wykształca łodygę wysokości do 2 m, okrągłą na przekroju, wewnątrz pustą, często u góry purpurowo nabiegłą i rozgałęzioną. Liście łodygowe są mniejsze od dolnych, pojedynczo pierzaste, opatrzone dużymi pochwami obejmującymi łodygę. Kwiaty żółtawe lub zielonawe, zebrane są w duże 20–40 promieniowe baldachy. Cała roślina odznacza się swoistym, przyjemnym zapachem. W obrębie gatunku wyróżniane są obecnie dwa taksony w randze podgatunku: *Angelica archangelica* ssp. *archangelica* (podgatunek typowy) i *A. archangelica* ssp. *litoralis* (Fries) Thell. (podgatunek nadbrzeżny). Posiadają one odrębne pierwotne zasięgi występowania, jednak były w naszym kraju uprawiane i wtórnie rozprzestrzeniają się na nowe siedliska i obszary. Rośliny należące do podgatunku typowego uzyskują zwykle mniejsze rozmiary (1,5–2,5 m wysokości), wytwarzają płaskie, równowąskie pokrywki kwiatostanu równe długości baldaszków oraz owoce 6,5–8 mm długości. Osobniki podgatunku nadbrzeżnego są bujniejsze (2–3 m wysokości), mają szczeciniaste pokrywki, dwukrotnie krótsze od baldaszków i owoce długości 5–6 mm. W praktyce identyfikacja do podgatunku często nie jest możliwa ze względu na pośredni charakter obserwowanych cech. Lista proponowanych deskryptorów obejmuje przede wszystkim cechy charakterystyczne kwiatostanów i owoców o znaczeniu taksonomicznym: kształt pokrywek, długość pokrywek względem długości baldaszków, długość, szerokość oraz grubość owocu, wysokość i szerokość żeber grzbietowych, wysokość i szerokość skrzydełka oraz wysokość roślin. Jako uzupełnienie charakterystyki zmienności morfologicznej mogą służyć cechy opisujące średnicę i wysokość baldacha, średnicę i wysokość baldaszka oraz kształt listka szczytowego.

## Zimotrwałość taksonów z rodzaju *Rosa* w warunkach Polski centralnej

**Bożena Matysiak**  
Instytut Ogrodnictwa

W warunkach polowych oceniano zimotrwałość 6-7 letnich krzewów róż zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach (strefa 6B USDA) na tle niekorzystnych warunków klimatycznych jakie wystąpiły zimą i wczesną wiosną 2017 r. (ciepły marzec, silne mrozy w kwietniu, brak okrywy śnieżnej). Ocenę przeprowadzono dwukrotnie, w połowie i pod koniec kwietnia 2017 r. Miarą zimotrwałości był stopień przemarznięcia pędów. Na podstawie uzyskanych wyników poszczególne genotypy róż z podziałem na wielokwiatowe, wielokwiatowe, parkowe, pnące, okrywowe, miniaturowe i owocowe, zaszeregowano do 5 grup o zróżnicowanej zimotrwałości.

**Grupa 1** – brak uszkodzeń pędów, początek wegetacji w terminie typowym dla taksonu: wielokwiatowe: Bonica 82, Degenhard, Schneewittchen, Schwanensee, Violette Parfume, parkowe: *Rosa xanthina* ‘Canary Bird’, *Rosa gallica* ‘Cardinal de Richelieu’, *Rosa gallica* ‘Charles de Mills’, *Rosa xbourboniana* ‘Louise Odier’, *Rosa gallica* ‘Officinalis’, *Rosa xcentifolia* ‘Muscosa’, wywodzące się od *Rosa rugosa*: Adam Chodun, F.J. Grootendorst, Hansa, Kórnik, Passion, Moje Hammarberg, Pink Grootendorst, Thérèse Bugnet, okrywowe: Alba Meidiland, Apfelblüte, Bingo Meidiland, Odense By-Rose, Sommerwind, Swany, White Fairy, pnące: Alchymist, Flammentanz, New Dawn, owocowe: Karpatia, Konstancin, Plovdiv 1, Plovdiv 2, Vebecina 115.

**Grupa 2** – przemarznięte tylko wierzchołkowe części pędów: pnące: Paul’s Scarlet Climber, Rosarium Uetersen, Sympathie, Westerland.

**Grupa 3** – przemarznięta górna część pędów, nie więcej niż do 1/3 długości: wielokwiatowe: Atoll, Erotika, Florentina, wielokwiatowe: Allotria, Elmshorn, Fisher, Jan Spek, Joseph Guy, Leonardo da Vinci, Tiara, okrywowe: Coral Border, Knirps, Lovely Fairy, The Fairy, parkowe: Lichtkönigin Lucia.

**Grupa 4** – przemarznięte pędy na co najmniej 1/3 długości i nie więcej niż na 2/3 długości: wielokwiatowe: Golden Perfume, Kronborg, Mainaufeuer, Pusta, okrywowe: Diamond Border, Sommermorgen, Relax Meidiland, miniaturowe: Baby Baccara, parkowe: Graham Thomas.

**Grupa 5** – przemarznięte całe pędy za wyjątkiem podstawy (z podstawy wyrastają nowe pędy): wielokwiatowe: Alec’s Red, Annapurna, Ambassador, Berolina, Bicolette, Burgund 81, Carina, Casanova, Chicago Peace, Chrysler Imperial, Chopin, Dame de Coeur, Flora Danica, Glowing, Henri Matisse, Ingrid Bergman, Kardinal, Kronenbourg, Kazimierz Walter, Mainzer Fastnacht, Mister Lincoln, Mondiale, Muria, Pascali, Peace, Pink Peace, Rossini, Rotary Rose, Roter Stern, Sandra, School Girl, Sonata, Uncle Walter, Venrosa, wielokwiatowe: Arthur Bell, Confetti, Europeana, Folklore, Fresia, Kalinka, Lampion, Leverkussen, Marlena, Nina Weibull, Parfait, Sangria, Queen Elizabeth, Rumba, Vanilla,

okrywowe: Heidetraum, Fresh Pink (miniatura), Orange Meilandina, pnące: Aloha, Compassion, Golden Showers, Gruss an Heidelberg, That's Jazz, parkowe: Abraham Darby, Astrid Lindgren, Marguerite Hilling, Romanze.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Ocena różnicowania genetycznego odmian winorośli zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach przy użyciu techniki ISSR

**Anna Lisek, Jerzy Lisek**

*Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice,  
e-mail: anna.lisek@inhort.pl*

Kolekcja odmian winorośli prowadzona w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach liczy aktualnie 318 taksonów. Prawidłowa identyfikacja zgromadzonych odmian, klonów i form na podstawie cech fenotypowych jest utrudniona, gdy identyczne taksony występują pod różnymi nazwami (synonimy) lub różne taksony określane są tą samą nazwą (homonimy). Zastosowanie markerów DNA umożliwia szybkie i precyzyjne określenie odrębności zgromadzonych taksonów, niezależnie od warunków środowiska oraz fazy rozwojowej roślin. Ponadto na podstawie uzyskanych profili DNA można określić podobieństwo genetyczne odmian, co umożliwi ich bardziej precyzyjną charakterystykę. Przedmiotem pracy była ocena różnicowania genetycznego 33 odmian winorośli należących do *Vitis vinifera* L. lub do mieszańców międzygatunkowych *Vitis* spp., przy użyciu techniki ISSR. Testowane odmiany pochodzą z USA oraz z Europy Wschodniej i Centralnej. W wyniku reakcji przeprowadzonych z 15 starterami ISSR-PCR uzyskano 106 produktów polimorficznych. Najwięcej produktów polimorficznych (10) uzyskano w reakcjach ze starterem 809. Stopień polimorfizmu wahał się w granicach od 66,6% do 100% w zależności od zastosowanego startera, przy czym średni stopień polimorfizmu określono w wysokości 91,9%. Dla wszystkich testowanych odmian uzyskano zróżnicowane profile DNA. Największe podobieństwo genetyczne stwierdzono pomiędzy odmianami Pannonia Kincse i Danmarpa Polonia. Uzyskane wyniki będą wykorzystane do weryfikowania tożsamości genetycznej genotypów sprowadzanych do kolekcji *Vitis* spp.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Zróżnicowanie morfologiczne kwiatów wybranych odmian brzoskwini zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa

*Aleksandra Machlańska, Mirosław Sitarek*

*Zakład Zasobów Genowych Roślin Ogrodniczych*

*Instytut Ogrodnictwa Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice*

*aleksandra.machlanska@inhort.pl*

Kolekcja brzoskwini w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach została założona w 1995r. Kolekcję stanowią zarówno odmiany uprawne brzoskwini właściwej, brzoskwini płasko owocowej, twardek i nektaryn, jak również klony lokalne i nasienne wykorzystywane do produkcji podkładek – łącznie 150 genotypów.

Jednym z ważnych kryteriów identyfikacji zgromadzonych obiektów jest określenie różnic w budowie poszczególnych organów rośliny. Celem pracy było poszukiwanie cech różnicujących odmiany brzoskwini na podstawie obserwacji makro i mikroskopowej kwiatów. Badaniem objęto 13 odmian: 'Elberta', 'Flamin Fury P.F 23', 'Harko', 'Harnaś', 'Harrow Diamond', 'Inka', 'Realiance', 'Redhaven', 'Royal Glory', 'Saturn', 'Soczysta', 'Vigril (T4)', 'Veteran'. W pierwszym etapie, analizowano ogólny pokrój kwiatów przy pomocy mikroskopu stereoskopowego (Olympus SZX 16). Następnie wykorzystując mikroskop fluorescencyjny (Nikon Eclipse 50i) badano żywotność i kiełkowanie ziaren pyłku na znamieniu słupka. W tym celu wyizolowano słupki kwiatów i barwiono je w błękitie aniliny po wcześniejszym zmacerowaniu w NaOH. Z kwiatów odmian brzoskwini wyizolowano poszczególne elementy składowe i oceniano ultrastrukturę ich powierzchni. Materiał utrwalano w mieszaninie CrAF i po odpowiednim przygotowaniu analizowano, porównując ultrastrukturę powierzchni tkanek przy wykorzystaniu elektronowego mikroskopu skaningowego JSM-6390LV (IMDiK PAN w Warszawie).

Analizy morfologiczne kwiatów brzoskwini wykazały różnice w intensywności omszenia zalążni i zabarwienia dna kwiatowego świadczącego o późniejszej barwie miąższu owocu. U niektórych odmian pojawiły się odchylenia w budowie słupków. Część kwiatów nie wykształciła słupka, inne – posiadały dwa lub trzy słupki („nadżeńskość”). U niektórych odmian stwierdzono heterostylię (różna wysokość pręcików i słupka). Zaobserwowano także różnice w wielkości ziaren pyłku pomiędzy odmianami oraz w mikrostrukturze egzyny stanowiącej zewnętrzną ścianę ziaren. Zróżnicowana efektywność kiełkowania pyłku na znamieniu słupka była uwarunkowana vitalnością ziaren pyłku i receptywnością komórek znamienia zapylanej rośliny, a także czynnikami związanymi z warunkami atmosferycznymi i agrotechnicznymi.

Praca została wykonana w ramach programu wieloletniego IHAR-PIB/IO (2015-2020), zadanie 1.3 „Gromadzenie, zachowanie w kolekcjach ex situ, kriokonserwacja oraz charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genowych i informacji w zakresie roślin warzywnych, sadowniczych, ozdobnych i miododajnych oraz spokrewnionych dzikich gatunków”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

## Promocja lnu zasobnego w związki bioaktywne chroniące zdrowie (*Linum L.*)

**Grażyna Silska**

*Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, 60-630 Poznań,  
ul. Wojska Polskiego 71 b*

Len zwyczajny (*Linum usitatissimum* L.) jest gatunkiem należącym do rodziny Inowatych *Linacea*, rodzaju *Linum* oraz rośliną jednoroczną, samopylną. Znaczenie lnu zwyczajnego jako rośliny włóknistej jest niewielkie, natomiast len o typie użytkowym oleistym, gdzie plon nasion wynosi około dwóch ton a włókno jest krótkie i gorszej jakości, ma ogromny potencjał. Nasiona lnu – *Lini Semen* – należą do surowców roślinnych stosowanych w lecznictwie, ponieważ są rezerwuarem wielu związków bioaktywnych chroniących zdrowie, zarówno człowieka jak i zwierząt. Celem pracy jest przedstawienie tych związków oraz wyjaśnienie ich roli dla organizmu. Dla zachowania zdrowia konieczne jest dostarczenie organizmowi kwasu linolenowego oraz jego pochodnych z rodziny omega-3, ponieważ w diecie przeciętnego Europejczyka występuje duży deficyt tych kwasów, w porównaniu do kwasu linolowego, który jest spożywany w nadmiarze. Jest to bardzo niekorzystne, powoduje stany zapalne i sprzyja powstawaniu nowotworów, zwłaszcza piersi, okrężnicy i prostaty. Nasiona lnu są najbogatszym źródłem kwasu  $\alpha$ -linolenowego ze składników pokarmowych, stąd ogromny potencjał fitoterapeutyczny siemienia lnianego (*Lini Semen*) i wytłoczonego z niego oleju (*Oleum Lini*).

Związki fenolowe, zawarte w siemieniu lnianym wykazują właściwości przeciwnowotworowe, przeciwwirusowe, przeciwzapalne, hipolipidemiczne i hipoglikemiczne. Ich zawartość oraz zawartość błonnika pokarmowego w lnieniu jest także bardzo wysoka. Największe znaczenie wśród związków fenolowych mają lignany, należące do fitoestrogenów, które zapobiegają inicjacji nowotworów estrogenozależnych, takich jak rak piersi i prostaty.

Nasiona lnu zwyczajnego (*L. usitatissimum* L) są także bardzo zasobne, w konieczny do prawidłowego funkcjonowania przewodu pokarmowego, błonnik pokarmowy, który ponadto zwiększa potencjał obronny organizmu.

W oleju lnianym – *Oleum Lini* znajdują się także tokoferole – związki, których zadaniem jest ochrona komórki przed utlenianiem lipidów – witamina E.

Ponadto nasiona lnu – *Lini Semen* są surowcem roślinnym wyróżniającym się bardzo wysoką zawartością selenu, potrzebnego do syntezy bardzo ważnych dla zdrowia selenoprotein.

Polska Kolekcja Lnu Kolekcja ma ogromny potencjał jako źródło bardzo wielu związków biologicznie aktywnych, które mogą zostać wykorzystane jako żywność funkcjonalna, czyli mająca udokumentowany, pozytywny wpływ na zdrowie. Jest mnóstwo argumentów na korzyść promocji uprawy lnu zwyczajnego (*Linum usitatissimum* L.), zwłaszcza o typie użytkowym oleistym, ze względu na ogromne znaczenie tego gatunku, jako rośliny leczniczej.



## Charakterystyka populacji miodownika melisowatego (*Melittis melissophyllum* L.) pochodzącego z rejonu wschodniej Polski

Izabela Szymborska-Sandhu, Ewelina Pióro-Jabrucka, Katarzyna Bączek, Zenon Węglarz

Katedra Roślin Warzywnych i Leczniczych, Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie  
ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa  
e-mail: izabela\_szymborska@sggw.pl

Miodownik melisowaty (*Melittis melissophyllum* L., *Lamiaceae*) jest rośliną wieloletnią występującą na terenie Europy środkowej i wschodniej. W Polsce jest to gatunek bardzo rzadki, objęty częściową ochroną prawną (DZ.U. 2014 poz. 1409). Rośnie głównie w świetlistych lasach z przewagą dębu i grabu. Preferuje stanowiska ciepłe i widne. Surowcem zielarskim pozyskiwanym z tej rośliny jest ziele zbierane w fazie pełni kwitnienia. Wykorzystywane jest ono w medycynie ludowej jako środek uspokajający, przeciwskurczowy, moczopędny i przeciwwrzodowy. W Polsce surowiec ten stosowany jest głównie do aromatyzowania alkoholi i wyrobów tytoniowych. Za przyjemny, kwiatowy aromat miodownika i jego aktywność biologiczną odpowiadają związki kumarynowe, głównie kumaryna, olejki eteryczne występujące w surowcu w niewielkich ilościach oraz związki fenolowe.

Celem pracy była charakterystyka rozwojowa i chemiczna czterech populacji miodownika melisowatego pochodzących z rejonu wschodniej Polski. Ocenę prowadzono w warunkach *ex situ*. Obserwacje wykonano w drugim roku wegetacji roślin, w fazie pełni kwitnienia. Najmniejszą liczbę pędów wytworzyły rośliny z populacji Roztocze (3,0 szt./roślinę), a największą te z populacji Koryciny (15,2 szt./roślinę). Rośliny z populacji Koryciny charakteryzowały się również najdłuższymi pędami (60,8 cm), co wiązało się z masą zebranego surowca. Świeża masa ziela wynosiła od 100,1 (populacja Roztocze) do 406,6 g/roślinę (populacja Koryciny). Zawartość kumaryn w powietrznie suchym surowcu wahała się od 0,11 (populacja Siemiatycze) do 0,38% (populacja Olędy), flawonoidów od 0,14 (populacja Siemiatycze) do 0,38% (populacja Roztocze), a kwasów fenolowych od 0,34 (populacja Olędy) do 1,29% (populacja Roztocze). Najwyższą zawartością chlorofilu a i b charakteryzowały się rośliny z populacji Roztocze (odpowiednio 4,82 i 2,17%), a najniższą populacji Siemiatycze (odpowiednio 3,91 i 1,33%).



## Badania fizykochemiczne i medyczne surowców z kolekcji bolestraszyckiej

**Alicja Z. Kucharska<sup>1</sup>, Narcyz Piórecki<sup>2,3</sup>, Tomasz Sozański<sup>4</sup>, Anna Sokół-Łętowska<sup>1</sup>, Elżbieta Żygała<sup>2</sup>, Agata Czyżowska<sup>5</sup>, Dagmara Lib<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Technologii Owoców, Warzyw i Nutraceutyków Roślinnych, <sup>2</sup>Arboretum i Zakład Fizjografii w Bolestraszcach, <sup>3</sup>Uniwersytet Rzeszowski, Katedra Turystyki i Rekreacji, <sup>4</sup>Uniwersytet Medyczny we Wrocławiu, Katedra i Zakład Farmakologii, <sup>5</sup>Politechnika Łódzka, Zakład Mikrobiologii Technicznej

W latach 2004 do 2016 z kolekcji bolestraszyckiej przebadano w ośrodkach uniwersyteckich 17 gatunków roślin owocowych. Wśród nich były, m.in. dereń jadalny, grusze, pigwa, pigwowiec, głóg, czereśnia ptasia, wisienka stepowa, morwa, świdoliwa, jagoda kamczacka. Badano zarówno odmiany jak i ekotypy zgromadzone w arboretum. Analizowano głównie owoce, a także liście (*C. mas*) i korę (*C. alba*). Najwięcej uwagi poświęcono owocom derenia. Badano zarówno surowiec (przez 13 lat) jak i produkty z niego przygotowane (kompoty, dżemy, przeciera, susze, nalewki, kiszonki, wina i inne) pod kątem właściwości fizycznych (np. morfologia owoców, barwa napojów, ich lepkość, mętność), chemicznych (związki podstawowe i bioaktywne) i przeciwutleniających (DPPH, ABTS, FRAP). W surowcach i w produktach analizowano podstawowy skład chemiczny (zawartość suchej masy, ekstraktu, cukrów, kwasów organicznych, związków pektynowych, popiołu, frakcji błonnika), a także stężenie związków aktywnych z grupy polifenoli, kwasów fenolowych, irydoidów i karotenoidów. Podjęto także badania w kierunku określenia właściwości biologicznych (przeciwzapalne, antyoksydacyjne) i kierunków zastosowania (profilaktyka chorób cywilizacyjnych) związków bioaktywnych zawartych w owocach derenia. Część badań prowadzono w ramach prac magisterskich na Wydziałach Biotechnologii i Nauk o Żywności Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu i Politechniki Łódzkiej.

Wyniki otrzymane z przeprowadzonych badań publikowano w formie oryginalnych artykułów (8 artykułów; IF=18,544) w renomowanych czasopismach z listy JCR (np. *Phytomedicine*, *Journal of Food Composition and Analysis*, *Atherosclerosis*, *Molecules*), a także w Zeszytach Naukowych i w monografiach. Efekty badań były prezentowane na 45 krajowych i 9 zagranicznych (Francja, Turcja, Ukraina, Słowacja) konferencjach. Informacje o właściwościach, znaczeniu i możliwościach wykorzystania surowców z kolekcji bolestraszyckiej popularyzowano i rozpowszechniano w artykułach popularno-naukowych, na międzynarodowych targach (np. Targi Wynalazczości Badań Naukowych i Nowych Techniek BRUSSELS INNOVA w Brukseli) oraz podczas seminariów i festiwali.

Podsumowując, można stwierdzić, że wieloletnie badania surowców z kolekcji bolestraszyckiej mają znaczenie naukowe (artykuły, konferencje), aplikacyjne (patent, rejestracja nowych odmian), dydaktyczne (prace magisterskie) oraz popularyzatorskie, co niewątpliwie wpisuje się w misję arboretum i uniwersytetów.

## **Nowoczesne technologie genotypowania wykorzystywane w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB**

**Urszula Piechota, Aleksandra Pietrusińska, Jerzy H. Czembor**  
*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli  
i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie  
j.h.czembor@ihar.edu.pl*

Zadaniem Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB jest zbadanie bioróżnorodności obiektów z bogatej (ponad 83 000 numerów akcesyjnych) kolekcji Banku Genów IHAR PIB. Poznanie i opisanie zmienności genetycznej zgromadzonych materiałów jest ważne z punktu widzenia konserwatorskiego oraz hodowlanego. W KCRZG prace molekularne koncentrują się na określeniu przynależności gatunkowej, zróżnicowania i powiązania filogenetycznego zgromadzonych kolekcji 2 500 obiektów z rodzaju *Avena* oraz na identyfikacji uwarunkowań genetycznych i opracowania markerów użytkowych dla cech gospodarczych w zgromadzonych 4 000 prymitywnych odmianach miejscowych jęczmienia z całego świata.

W KCRZG wykorzystuje się szeroki zakres metod analizy genotypów. Używane są markery klasyczne oparte na zróżnicowaniu długości fragmentów DNA otrzymanych po reakcji PCR. Analizy są wykonywane z użyciem własnego zaplecza sprzętowego. KCRZG posiada sekwenatory płytowe oraz sekwenator kapilarny. Od 2016 laboratorium jest zaopatrzone również w sekwenator następnej generacji Illumina Miseq. Posiadanie wysokiej klasy sprzętu NGS (ang. *Next Generation Sequencing*, sekwencjonowanie następnej generacji) otwiera nowe możliwości i minimalizuje ograniczenia badawcze.

Na prezentowanym posterze przedstawione zostanie spektrum technik genotypowania wykorzystywanych w laboratorium Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB. Autorzy przedstawią również zastosowania prezentowanych metod oraz przykładowe uzyskiwane wyniki. Zostaną też nakreślone możliwości badawcze i przyszły zakres analiz wynikający z posiadania sekwenatora NGS.

*Sesja III*

*Wykorzystanie zasobów genowych*

*Referaty*



## Wykorzystanie zasobów genowych w hodowli roślin i pracach badawczych

*Edward Arseniuk*

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*

*Radzików, 05-870 Błonie*

Wykorzystania roślinnych zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa reguluje Międzynarodowy traktat o zasobach genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa sporządzony w Rzymie w dniu 3 listopada 2001 r., a wprowadzony w życie z dniem 29 czerwca 2004 r. W preambule do traktatu stwierdza się, że zasoby genetyczne roślin dla celów wyżywienia i rolnictwa są materiałem wyjściowym, niezbędnym do genetycznego doskonalenia roślin użytkowych, zarówno na drodze selekcji prowadzonej przez rolników, jak i klasycznej hodowli roślin oraz współczesnej biotechnologii, a także są niezbędne w procesie adaptacji roślin do nieprzewidywalnych zmian środowiskowych oraz dla zaspokojenia przyszłych potrzeb człowieka. Z 500 tysięcy opisanych gatunków roślin wyższych 7 tysięcy jest wykorzystanych do zaspokajania potrzeb żywnościowych człowieka, a jedynie 30 gatunków roślin stanowi pożywienie dla ludności świata. Potrzeby kulinarne i tradycje żywieniowe powodują, że większość państw na świecie sięga po zasoby genowe roślin uprawnych wywodzących się z ośrodków pierwotnego bądź wtórnego pochodzenia znajdujących się w różnych regionach świata. Zasoby genetyczne wykorzystywane są w pracach hodowlanych i w badaniach naukowych co znajduje odzwierciedlenie w rejestracji nowych odmian o podwyższonej odporności na stesy biotyczne i abiotyczne oraz poszerza wiedzę o odmianach roślin uprawnych. Ważnym zagadnieniem wchodzącym w zakres ochrony bioróżnorodności jest także ochrona zasobów genetycznych starych gatunków i odmian roślin uprawnych objętych programami ochrony zasobów genetycznych. Niejednokrotnie stanowią one nowe źródła odporności na nowe patotypy, rasy i biotypy wykształcające się w populacjach patogenów i szkodników w wyniku presji selekcyjnej genów odporności obecnych w genotypach odmian roślin. Stąd stare odmiany i gatunki, bądź gatunki dzikich roślin pokrewnych roślinom uprawnym są niezbędne do kreowania efektywnego postępu biologicznego w rolnictwie. Należy pamiętać, że w związku presją na zwiększenie produktywności rolnictwa zwiększa się również presja selekcyjna odmian roślin o różnej odporności na czynniki chorobotwórcze. Na skutek presji selekcyjnej struktura populacji patogenów zmienia w przeciągu kilku lat. Pojawiające się warianty patogena z nową patogenicznością są zdolne do porażania dotychczas odpornych odmian roślin. W związku z powyższym, poważnym wyzwaniem ostatnich lat staje się ochrona genetyczna roślin uprawnych przed pojawianiem się chorób o rozmiarach epidemii. Ponadto, stare odmiany roślin oraz rasy rodzime są wykorzystywane w ekstensywnym systemie produkcji oraz w warunkach rolnictwa ekologicznego, a także mogą stanowić istotny element ochrony tradycyjnego krajobrazu.

## Wykorzystanie zasobów genowych zgromadzonych w przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych

*Grzegorz Gryziak, Marcin Zaczyński, Aleksandra Pietrusińska,  
Jerzy H. Czembor*

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli  
i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie  
g.gryziak@ihar.edu.pl*

W przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych zgromadzono materiał genetyczny stanowiący znaczny dorobek hodowlany i badawczy. Stanowi on potencjał do zabezpieczenia przyszłych potrzeb hodowlanych, praktyki rolniczej, ochrony ekosystemów rolniczych i naturalnych, związanych między innymi ze zmianami klimatycznymi. Od roku 2010 wyszukiwanie i dystrybucja zasobów genowych zgromadzonych w KCRZG oraz w instytucjach współpracujących odbywa się w ułatwiony sposób, na drodze zamówienia internetowego, poprzez system informacyjny EGISET ([egiset.ihar.edu.pl](http://egiset.ihar.edu.pl)). Pod koniec 2016 roku liczba rekordów w centralnej bazie danych zawierającej informacje o obiektach (dane paszportowe, fotografie i in.) zgromadzonych w banku genów przekroczyła 82 tysiące.

W latach 2013-2016 do systemu informacyjnego EGISET włączono dane paszportowe ponad 1300 obiektów a dane oceny dla 2 572 obiektów. Do Systemu wielostronnego – Multilateral System (MLS) włączono ponad 15 500 obiektów, zaktualizowano status praw osób trzecich dla 22 520 obiektów, co umożliwia ich zamawianie. Do modułu kiełkowania zaimportowano wyniki kiełkowania z lat 2002-2007 dla 7 216 obiektów.

Każdego roku z przechowalni długoterminowej KCRZG udostępniane są próbki nasion ponad 1 000 obiektów. Natomiast w latach 2008-2016 ze wszystkich krajowych kolekcji łącznie udostępniono ponad 340 000 prób, z czego ponad 90% stanowiły materiały genetyczne ziemniaka.

Sposób wykorzystania udostępnionych obiektów jest zróżnicowany – od celów czysto naukowych, poznawczych, poprzez hodowlę czy edukację. Zabezpieczone w przechowalni długoterminowej KCRZG zasoby genowe służą m.in. także do przywracania starych, już nieuprawianych odmian. Od roku 2010, kiedy to wprowadzono elektroniczne SMTA, wśród odbiorców zasobów zgromadzonych w KCRZG dominowali naukowcy, hodowcy czy rolnicy pochodzący z całego świata, spoza Polski. Jednak w ciągu ostatnich lat można zaobserwować wzrastające zainteresowanie ze strony odbiorców krajowych, a szczególnie odbiorców indywidualnych – hobbystów, rolników.

## Wykorzystanie w hodowli jęczmienia źródeł odporności na mączniaka prawdziwego i rdzę karłową

**Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska, Urszula Piechota,  
Kinga Smolińska**

Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – KCRZG,  
Pracownia Gromadzenia i Oceny Roślin – PGIOR,  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-Państwowy Instytut Badawczy,  
Radzików, 05-870 Błonie  
j.h.czembor@ihar.edu.pl

Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) wyróżnia się wśród zbóż jarych dużą niezawodnością plonowania, z uwagi na jego stosunkowo dużą tolerancję na warunki klimatyczne (przede wszystkim na niedostatek opadów i wzrastającą długość dnia). Zboże to ma duże znaczenie w całokształcie gospodarki zbożowej Polski, Europy i świata. Wynika to z uniwersalności zastosowania ziarna jęczmienia zarówno jako paszy, jak również w przemyśle browarnym i spożywczym.

Stale rosnące zapotrzebowanie na żywność i paszę zmusza hodowców jęczmienia do wytwarzania nowych, wysoko produkcyjnych odmian o dobrych cechach technologicznych. Ograniczenie się do wąskiej grupy materiałów wyjściowych, najczęściej odmian hodowlanych o małym zakresie zmienności genetycznej, nie pozwala zwiększyć plonowania i odporności na choroby i szkodniki.

W hodowli nowych odmian jęczmienia istotne znaczenie ma odporność na choroby, a szczególnie na mączniaka prawdziwego powodowanego przez grzyba *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* rdzę karłową (*Puccinia hordei*) oraz plamistość siatkową (*Pyrenophora teres*). Uprawa odmian odpornych pozwala na znaczne obniżenie nasilenia chorób, zwiększenie plonów średnio o ok. 10% i poprawę stabilności plonowania. Odporność uprawianych odmian na patogeny i możliwie duże jej zróżnicowanie pod względem uwarunkowań genetycznych jest jednym z ważniejszych elementów nowoczesnej proekologicznej produkcji roślinnej. Istnieje wyraźna potrzeba wprowadzania nowych źródeł odporności na choroby oraz właściwego wykorzystania tych źródeł w celu zapewnienia trwałości odporności. Wykorzystanie genów odporności powinno opierać się na zróżnicowaniu ich występowania w czasie (np. odmiany jare i ozime) i w przestrzeni (mieszkanki odmian, rejonizacja upraw odmian).

Odmiany miejscowe stanowią wartościowe źródło efektywnych genów odporności na choroby. W programach hodowlanych wykorzystywane są już zidentyfikowane i scharakteryzowane źródła odporności, a fitopatolodzy i genetycy prowadzą badania nad identyfikacją nowych źródeł, zazwyczaj w grupie odmian miejscowych. W ostatnich dziesięcioleciach, hodowcy jęczmienia w całej Europie w swoich programach hodowlanych powszechnie wykorzystywali genotypy, których odporność na mączniaka prawdziwego uwarunkowana była genami takimi jak *Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12* i *Mla13* w locus *Mla* oraz geny *MLk*, *MLg*, *ML(La)*, *MLh* i *MLra*, ale odporność uwarunkowana recesywnym genem *mlo* jest wciąż naj-

bardziej efektywna. Prace, których celem jest poszukiwanie źródeł odporności były prowadzone w latach 1996–2017 w Pracowni Genetyki Stosowanej – PGS, ZGiHR i w Pracowni Gromadzenia i Oceny Roślin – PGiOR, KCRZG w IHAR-PIB. W latach 1996–2010 przebadano łącznie ponad 4000 odmian miejscowych, z których wyselekcjonowano 197 linii charakteryzujących się efektywną odpornością na populację mączniaka prawdziwego w Polsce. Wyselekcjonowane i scharakteryzowane źródła genetycznej odporności stanowią cenny materiał wyjściowy do hodowli odpornościowej jęczmienia. Równolegle, badano odmiany miejscowe jęczmienia pod względem odporności na rdzę karłową i wyselekcjonowano 22 linie odporne, które następnie przetestowano izolatami różnicującymi w celu określenia genów odporności.

Wyselekcjonowane linie z odmian miejscowych jęczmienia jarego odporne na populację rdzy karłowej występującej w Polsce włączono do krzyżowań z odmianami elitarnymi odpornymi na mączniaka prawdziwego typu Mlo. Na podstawie wyników testów fenotypowych i analiz molekularnych, do dalszych badań wyselekcjonowano kilkaset odpornych roślin, które następnie rozmnożono uzyskując linie hodowlane. Linie te były testowane w kilku miejscowościach na terenie Polski w celu przeprowadzenia oceny ich odporności i wartości innych ważnych cech gospodarczych w warunkach polowych.

W latach 2004-2007 włączono do kolekcji KCRZG IHAR-PIB linie w typie ozimym browarnych jęczmienia, 2- i 4-rzędowe z genem *mlo* do wykorzystania przez hodowców w programach hodowlanych. Uzyskano je przez wprowadzanie poprzez krzyżowanie i wspomaganie selekcji używając markerów molekularnych, genu *mlo* z form jarych browarnych jęczmienia do form ozimych browarnych.

Od 2001 przekazano hodowcom ponad 1300 zaawansowanych linii jęczmienia jarego pastewnego wyselekcjonowanych z 39 kombinacji krzyżówkowych oraz udostępniono im kolekcję odmian wraz z opisem ważnych cech użytkowych. Przekazane linie charakteryzowały się bardzo wysoką odpornością na mączniaka prawdziwego i rdzę karłową jednocześnie oraz wysoką wartością użytkową. Ponadto przekazano hodowcom ok. 3351 zaawansowanych linii jęczmienia jarego o wysokiej jakości browarnej, wyselekcjonowanych z 72 kombinacji krzyżówkowych oraz udostępniono hodowcom kolekcje odmian wraz z opisem ważnych cech użytkowych.



## Zasoby genowe ziemniaka i ich wykorzystanie w hodowli

**Dorota Michałowska**

IHAR-PIB, Oddział w Boninie, Pracownia Zasobów Genowych i Kultur *in vitro*  
michalowska@ziemniak-bonin.pl

Bank genów ziemniak *in vitro* w Boninie jest jedyną tak dużą kolekcją form tetraploidalnych w Polsce, w której utrzymywane są wszystkie polskie odmiany zarejestrowane w kraju po 1945 roku oraz odmiany z całego świata. Zasoby zgromadzone w postaci kultur tkankowych liczą ponad 1600 form, w tym 1582 odmian. Rośliny *in vitro* przechowywane są w warunkach spowalniających ich wzrost. Polega to na zapewnieniu roślinom minimalnych dla nich potrzeb, tak aby ograniczyć ich proces starzenia się. W tym celu stosuje się obniżoną temperaturę (10°C) hodowli, zmniejszoną intensywność światła (do 500lux) w fitotronie oraz odpowiedni skład pożywki. Takie warunki pozwalają na długoterminowe przechowywanie zasobów bez konieczności częstego ich odnawiania (pasażowania). W zależności od odmiany rośliny *in vitro* utrzymywane są na tej samej pożywce od roku (Sputnik, Warszawianka, Vistula) do 6 lat (Perkoz). Najwięcej genotypów przechowywanych jest przez okres 3 lat (Jasia, Kolia, Pierwiosnek).

Do banku zasobów genowych ziemniaka *in vitro* wprowadzane są rośliny zdrowe, tj. wolne od wirusów (A,X,S,M,Y i L), wiroida wrzcionowatości bulw ziemniaka (PSTVd) oraz bakterii *Clavibacter michiganensis ssp. sepedonicus* oraz *Ralstonia solanacearum* (brunatna zgnilizna ziemniaków). Zgromadzone zasoby stanowią m.in. bazę wyjściową dla polskiej hodowli ziemniaka oraz do prac badawczych. Od 1993 roku wszystkie hodowle w Polsce korzystają z materiałów *in vitro*, a dla wielu odmian jest to jedyny sposób, dzięki któremu można uzyskać zdrowy materiał wyjściowy do produkcji nasiennej. Z materiałów *in vitro* zgromadzonych w banku genów korzystają także jednostki prowadzące hodowle twórczą nowych odmian. W hodowli zachowawczej wykorzystanie materiału z *in vitro* pozwala na poprawę zdrowotności sadzeniaków oraz skracanie cyklu produkcji polowej dla uzyskania odpowiedniej ilości materiału. Szczególnie ważne jest to dla nowo rejonizowanych odmian ziemniaka. Poza hodowlą zachowawczą z równym powodzeniem metodę można wykorzystać dla reaktywowania odmian, które z różnych względów znalazły się w kręgu zainteresowania odbiorców (stare polskie odmiany dla gospodarstw ekologicznych). Jednocześnie hodowcy dostarczają własne rody hodowlane w celu ich „odwirusowania” i wprowadzenia do przechowalni długoterminowej dla zabezpieczenia zdrowego materiału do rozmnożeń.

Metoda długoterminowego przechowywania roślin *in vitro* pozwala na:

- długoterminowe przechowywanie materiału wolnego od porażenia ważnymi dla ziemniaka patogenami,
- szybkie mnożenie pożądaných odmian,
- przygotowanie zdrowego materiału wyjściowego dla hodowli twórczej i zachowawczej oraz produkcji nasiennej,
- możliwość reaktywowania starych odmian,
- wykorzystanie materiału w badaniach wspomagających hodowle.

## Prowadzenie regeneracji zasobów genowych traw w ZDOO w Lisewie w ramach Programu Wieloletniego 1.2 MRiRW, IHAR-PIB

*Marcin Pelc*

*COBORU, Zakład Doświadczalny Oceny Odmian w Lisewie*

W 2016 roku w Zakładzie Doświadczalnym Oceny Odmian w Lisewie (woj. pomorskie) uruchomiono realizację Programu Wieloletniego 1.2 pt. „Prowadzenie regeneracji zasobów genowych traw” na podstawie zawartej umowy pomiędzy MRiRW a IHAR-PIB w Radzikowie.

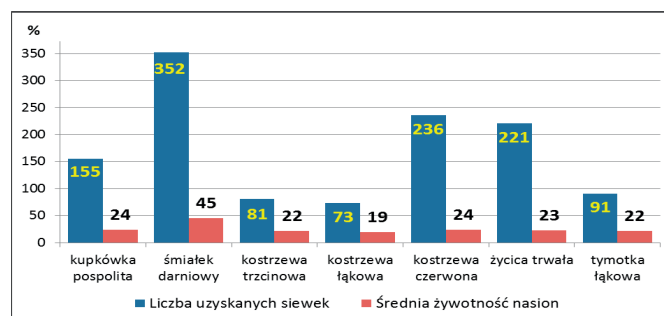
Realizowane i promowane przez ośrodki naukowe, badawcze, doradcze zadania uświadamiają społeczeństwu istotę dbałości o zachowanie otaczającego środowiska.

Program Wieloletni 1.2 niesie wymierne praktyczne korzyści odbudowy i utrzymania roślinnych zasobów genowych. Skrajnie zróżnicowana żywotność nasion obiektów przekazanych przez KCRZG do ZDOO w Lisewie różnicowała liczebność otrzymanych siewek i ilość otrzymanych do wysadzenia w polu roślin. Liczba otrzymanych siewek (Rys. 1) wskazywała wyraźnie na zdolność kiełkowania oraz cechy gatunkowe jako decydujące o ilości otrzymanych siewek.

Zgodnie z opracowaną metodyką w 2016 oraz 2017 roku wykonano kiełkowanie nasion, z których otrzymano siewki pikowane do kombi doniczek. Rośliny po osiągnięciu optymalnej fazy rozwojowej wysadzone były w polu z zachowaniem przyjętych odległości. W drugim roku użytkowania planowany jest zbiór nasion i przekazanie do KCRZG.

Występujące skrajne warunki meteorologiczne w okresie żniw znacznie utrudniają wyprodukowanie jakościowego materiału siewnego a tym samym optymalizację ponoszonych kosztów. Znacznie wyższe nakłady pracy, pieniędzy, paliwa, środków ochrony roślin na wyprodukowanie 1T wysokiej jakości materiału siewnego powinno być zatem jak najbardziej efektywne, czyli pro-ekologiczne. Należy pamiętać, iż zachodzące w nasionach podczas przechowywania procesy biochemiczne mogą powodować zmiany fenotypowe różnicujące rośliny w obrębie tej samej odmiany, obiektu. Długość życia nasion jest wypadkową właściwości genetycznych i morfologicznych danego gatunku i wpływu czynników środowiska (K. J. Chwedorzewska, J. Puchalski, Morfologiczne, cytologiczne i biochemiczne aspekty długotrwałego przechowywania nasion typu „orthodox”, PNR nr 6/2004).

Rys. 1. Średnia żywotność nasion obiektów, liczba uzyskanych siewek w 2016 r. w ZDOO w Lisewie



## Odporność typu *va* i tolerancja na wirus Y ziemniaka (PVY) w obrębie odmian uprawnych *Nicotiana tabacum*

**Anna Depta, Grażyna Korbecka-Glinka, Teresa Doroszevska**  
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy  
w Puławach

Jednym z ważniejszych zagrożeń dla uprawy tytoniu stanowi wirus Y ziemniaka (*Potato virus Y*, PVY), powodujący brunatną nekrozę nerwów liści tytoniu. Wirus ten przenoszony jest w sposób nietrwały przez mszyce, przez co utrudniona jest ochrona chemiczna. Z tego powodu konieczne staje się uzyskanie odmian odpornych na PVY. W obrębie odmian uprawnych *Nicotiana tabacum* odporność warunkowaną pojedynczym recesywnym genem *va*, posiada odmiana VAM i Wiślica. Niestety, jest to odporność przełamywana przez zjadliwe izolaty wirusa PVY, dlatego konieczne jest poszukiwanie nowych źródeł odporności oraz łączenie już poznanych.

Celem pracy była identyfikacja odmian mających odporność typu *va*, a także poszukiwanie nowych czynników odporności w obrębie odmian uprawnych *Nicotiana tabacum*. Przebadano 25 odmian tytoniu uprawnego pod kątem odporności na PVY poprzez wykonanie testów biologicznych za pomocą sztucznej inokulacji w warunkach szklarniowych. Do badań wykorzystano cztery izolaty wirusa o zróżnicowanym stopniu zjadliwości. Cztery tygodnie po inokulacji dokonano oceny objawów chorobowych a w celu potwierdzenia obecności wirusa w roślinach przeprowadzono testy serologiczne metodą DAS-ELISA z użyciem przeciwciał firmy Bioreba. Identyfikację genu *va* prowadzono metodą PCR przy użyciu dwóch markerów amplifikujących produkty PCR o długości 146 i 402 par zasad dla obiektów, które nie posiadają tego genu.

Badane odmiany wykazały zróżnicowany stopień podatności na PVY w zależności od użytego izolatu. Cztery odmiany były podatne, natomiast osiem odmian charakteryzowało się całkowitą odpornością na izolat słaby, ale zostały porażone przez izolaty bardziej zjadliwe. Odmiany te wykazywały brak amplifikacji w/w markerów, podobnie jak Wiślica oraz VAM, dlatego mogą one posiadać odporność typu *va*. Kolejnych osiem odmian, mających również odporność typu *va*, zostało porażonych przez wszystkie użyte izolaty. Dla obu wymienianych grup porażenie silnym izolatem związane było z nekrozami nerwów.

W obrębie badanych odmian znaleziono pięć, u których wystąpiły słabe objawy chorobowe w postaci plam chlorotycznych i przejaśnień nerwów bez obecności nekroz, niezależnie od użytego izolatu. Objawy te, w połączeniu z pozytywnym wynikiem testów DAS-ELISA, świadczą o tolerancji tych odmian na PVY. Natomiast amplifikacja obu badanych markerów świadczy o tym, że cecha ta może mieć inne podłoże genetyczne niż odporność typu *va*. Ze względu na zdolność do przełamania odporności typu *va* przez zjadliwe izolaty wirusa PVY wykorzystanie odmian tolerancyjnych może mieć duże znaczenie dla hodowli odpornościowej.



*Sesja III*

*Wykorzystanie zasobów genowych*

*Postery*



## Obecne użytkowanie dawnych gatunków i odmian zbóż

**Denise F. Dostatny<sup>1</sup>, Grzegorz Kloc<sup>1</sup>, Dorota Dziubińska<sup>1</sup>,  
Mieczysław Babalski<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy  
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – Radzików 05-870 – Błonie

<sup>2</sup> Gospodarstwo Aleksandry i Mieczysława Babalskich, 87-312 Pokrzydowo 99

Zdrowa i ekologiczna żywność stanowi najważniejszą zachętę, która w ciągu ostatnich dziesięcioleci wzbudziła rosnące zainteresowanie dawnymi odmianami roślin zbożowych. Udomowienie pszenicy, a następnie wysiłki hodowlane przyczyniło się do wzrostu plonów, ale również do pogorszenia jakości ziaren w wyniku obniżenia zawartości składników odżywczych w ziarnach. Spowodowało to również spadek różnorodności żywnościowej w wyniku utraty puli genowej pszenicy. Ryzyko erozji genetycznej roślin uprawnych wymaga powrotu do dawnych gatunków i odmian zbóż, takich jak: *Triticum monococcum*, *T. dicoccum* czy *T. spelta*. Gatunki te udomowione były w miejscach pochodzenia tj., na Bliskim Wschodzie, gdzie dalej rosną ich dzicy krewniacy, a w Polsce były już notowane w okresie wczesnego Neolitu. Obecnie dawne gatunki i odmiany można wykorzystać w zrównoważonej produkcji pszenicy w kontekście zmian klimatycznych i niskonakładowych systemów produkcji rolnictwa ekologicznego. Rosnące zainteresowanie tym typem rolnictwa oraz dążenie do poszerzania różnorodności upraw stwarza szansę na ich wprowadzenie do upraw, ponieważ dobrze rosną na glebach słabych i charakteryzują się większą tolerancją na stresy. Mogą być również wykorzystywane jako baza do hodowli nowych odmian. Niekiedy są one trudnymi w uprawie ze względu na trudność oplewiania, ale przez to zapewniają lepszą ochronę przed szkodnikami podczas przechowywania. Nie posiadamy wystarczających danych porównawczych w odniesieniu do produktów powstałych z dawnych i nowoczesnych gatunków odmian pszenic. Dlatego badania związane z zabiegami agrotechnicznymi, zaleceniami uprawowymi, obrabianiem materiału oraz badania jakościowe ziarna i produktów, z nich powstałych powinny być prowadzone na szeroką skalę. W tym celu oraz z chęci przyczynienia się do zwiększenia różnorodności gatunków i odmian rolniczych w „agroekosystemach”, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w ramach realizacji Programu Wieloletniego, od 2016 roku typuje, rozmnaża oraz przekazuje rolnikom niewielką ilość dawnych, miejscowych i/lub tradycyjnych gatunków, odmian roślin rolniczych wraz z odpowiednim zaleceniem uprawy. Wstępne wyniki wykazują, że gatunki te nie są tak wysokie jak większość dawnych odmian, w związku z tym w dużym stopniu lub nawet wcale, nie wylegają i charakteryzują się dużą odpornością na choroby. Mimo iż kłosa osiągną mniejsze rozmiary i zawierają mniej ziarniaków to masa tysiąca ziaren (MTZ) może być wyższa.

Zaangażowanie w procesie „powrotu dawnych gatunków i odmian do uprawy” powinno następować na różnych szczeblach. Proponuje się włączenie w tym procesie banku genów, hodowców, naukowców, rolników, rząd oraz społeczeństwo, beneficjenta powstałych produktów.

## Udostępnianie z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych obiektów i informacji na przykładzie wyników oceny krajowych, ozimych odmian pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) wyhodowanych przed 1939 rokiem

Magdalena Ryjak<sup>1</sup>, Przemysław Matysik<sup>2</sup>, Marcin Zaczyński<sup>1</sup>,  
Grzegorz Gryziak<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

<sup>2</sup> Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR

m.ryjak@ihar.edu.pl

W sezonie 2015/2016 w Strzelcach (woj. łódzkie) przeprowadzono ocenę wybranych, krajowych odmian pszenicy wyhodowanych przed 1939 rokiem i utrzymywanych w stanie żywym w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG). Pierwszym celem oceny było uzupełnienie danych charakterystyk i oceny szczególnie cennych odmian krajowych. Kolejny cel to odniesienie wybranych cech do współczesnych odmian wzorcowych; oceniane cechy to: przezimowanie w skali dziewięciostopniowej, plon ziarna (kg/3m<sup>2</sup>), wysokość roślin (cm), wyleganie w skali dziewięciostopniowej, masa tysiąca ziarniaków (g), gęstość ziarna w stanie zsypanym (kg/hl), zawartość białka (%), zawartość glutenu (%). Ostatnim celem była regeneracja i multiplikacja odmian dla zapewnienia dostępności żywego materiału genetycznego dla odbiorców krajowych i zagranicznych oraz przygotowanie prób bezpieczeństwa.

Na wyniki ocenianych roślin duży wpływ miała gwałtowna zmiana temperatury na przełomie 3 dekady grudnia i pierwszej dekady stycznia kiedy to temperatura powietrza spadła z 13,1°C do -9,6°C a temperatura gleby spadła z 8,4°C do -16,4°C. Drugim czynnikiem wpływającym na rośliny były opady w miesiącach kwiecień-maj niższe od średniej wieloletniej o 62,2 mm/m<sup>2</sup>.

Porównanie wyników oceny odmian przedwojennych z odmianami wzorcowymi wskazuje, że średnia przezimowania, zawartości białka i zawartości glutenu była wyższa u odmian przedwojennych. Średnia masa tysiąca ziaren, gęstość w stanie zsypanym i wyleganie było na podobnym poziomie. Średnia plonu ziarna była niższa u odmian przedwojennych a średnia wysokość roślin wyższa.

Dane oceny oraz formularz zamawiania nasion jest dostępny na stronie internetowej <http://egiset.ihar.edu.pl>.



## **Identyfikacja genotypów pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) o zwiększonej tolerancyjności na stres oksydacyjny**

***Leśniowska-Nowak Justyna, Zapalska Magdalena, Kociuba Wanda, Segit Zbigniew, Doliński Romuald, Kawęcka Magdalena, Maga Kornelia, Mrozek Małgorzata, Barchacka Karolina***

*Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Stres oksydacyjny wynika z braku stanu równowagi pomiędzy tworzeniem się a usuwaniem reaktywnych form tlenu (RFT). Powstawanie stresu oksydacyjnego jest wspólną odpowiedzią roślin na różne czynniki stresowe, takie jak susza, zasolenie, obecność jonów metali ciężkich, niska lub wysoka temperatura, atak patogenów czy zranienia. Stres oksydacyjny prowadzi do upośledzenia lub ograniczenia metabolizmu i rozwoju rośliny.

Przedmiotem pracy była ocena odporności pszenicy twardej na stres oksydacyjny wywołany działaniem parakwatu – związku organicznego katalizującego powstawanie reaktywnych form tlenu.

Materiał badawczy stanowiły 148 odmiany i linie hodowlane pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) pochodzące z różnych rejonów świata. Sterylne ziarniaki kiełkowano na szalkach z zestalonym podłożem MS niezawierającym cukru. Trzydniowe siewki przenoszono na pożywkę zawierającą 5  $\mu\text{M}$  oraz 10  $\mu\text{M}$  parakwatu (dichlorku 1,1'-dimetylo-4,4'-bipirydyniowego, zwanego powszechnie wiolegenem metylu – MV). Kontrolę stanowiły rośliny rosnące na pożywce niezawierającej parakwatu. Po sześciu dniach trwania stresu oksydacyjnego rośliny mierzono i ważono. Obecność parakwatu powodowała zmniejszenie masy oraz długości części pędowej siewki, zahamowanie rozwoju systemu korzeniowego oraz, u niektórych z badanych form, wystąpienie chloroz. Wyższe stężenie wiolegenu metylu powodowało większe zahamowanie wzrostu roślin. Obserwowano różnice w reakcji badanych form na zadany stres oksydacyjny. Spośród testowanych odmian i linii hodowlanych pszenicy twardej wybrano te charakteryzujące się największą i najmniejszą odpornością na stres oksydacyjny. Wyselekcjonowany materiał wykorzystany będzie do analizy ekspresji genów zaangażowanych w szlaki metaboliczne uczestniczące w odpowiedzi roślin na stesy biotyczne i abiotyczne.

## Wykorzystanie krajowych i światowych zasobów genowych w pracach badawczych oraz hodowlanych

**Aleksandra Pietrusińska\*, Urszula Piechota, Grzegorz Gryziak,  
Jerzy Henryk Czembor**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy  
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych – Pracownia Gromadzenia  
i Oceny Roślin  
e-mail: a.pietrusinska@ihar.edu.pl*

W Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Pracowni Gromadzenia i Oceny Roślin (PGOR) IHAR – PIB prowadzone są prace badawczo-hodowlane ukierunkowane na wykorzystywanie gatunków dzikich, spokrewnionych taksonomicznie ze zbożami powszechnie uprawnymi (pszenica, jęczmień), z wykorzystaniem markerów molekularnych (selekcja wspomagana markerami molekularnymi, ang. MAS – Marker Assisted Selection). Ważnym elementem współczesnej hodowli odpornościowej roślin uprawnych w zakresie stresów biotycznych i abiotycznych jest wprowadzanie efektywnych genów odporności z dzikich gatunków spokrewnionych, przy jednoczesnym wykorzystywaniu narzędzi diagnostycznych takich jak selekcyjne markery molekularne.

Pszenica ozima i jęczmień jary to jedne z podstawowych gatunków zbóż uprawianych na terenie Polski. Choroby liściowe w sposób istotny wpływają na wielkość a często i jakość uzyskiwanych plonów ziarna. Odporność uprawianych obecnie odmian została przełamana z powodu pojawienia się nowych, agresywnych ras patogena(ów).

Dlatego ważnym kierunkiem badań prowadzonych w PGOR jest piramidyzacja genów odporności na mączniaka prawdziwego oraz rdzę brunatną w pszenicy ozimej w różnych segmentach odpornościowych. Źródłem genów odporności na *Blumeria graminis* oraz *Puccinia recondita* są m.in. gatunki dzikie pszenic oraz di-, tetra- i heksaploidalne gatunki im pokrewne tj.: *Triticum monococcum*, *Triticum spelta*, *Triticum timopheevii*, *Triticum tauschii* i wiele innych. Tworzenie piramid genowych po raz pierwszy realizowane było w ramach projektu UE BioExploit w latach 2005-2010. Wynikiem realizowanych prac było wprowadzenie do polskiej odmiany Nadobna oraz niemieckiej elitarniej odmiany Lexus piramidy genów o profilu odpornościowym (*Lr41(=Lr39)+Pm21*). Uzyskany materiał roślinny został włączony do programów hodowlanych prowadzonych przez Polskie Spółki Hodowlane oraz stanowił materiał wyjściowy w dalszych pracach badawczych realizowanych w PGOR.

Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia o nowe, efektywne geny odporności na mączniaka prawdziwego to kolejny kierunek badań prowadzony przez PGOR. W kolekcji KCRZG IHAR – PIB obecnie znajduje się 4000 linii wyprowadzonych z odmian miejscowych pochodzących z całego świata. Odmiany te, zgromadzono pod kątem ważnych gospodarczo cech użytkowych. Stanowią cenny materiał donorowy jako źródło odporności na ważne choroby jęczmienia jarego.

**Ocena porażenia przez rdzę brunatną (*Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *tritici*) linii mieszańcowych *Aegilops variabilis* Eig. i *Aegilops kotschy* Boiss. z *Triticum aestivum* L.**

**Roman Prażak, Wanda Kociuba, Aneta Kramek**

*Instytut Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Rdza brunatna (*Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *tritici*) należy do najpospolitszych chorób pszenicy powodując zmniejszenie ilości i jakości plonu. Chemiczne zwalczanie chorób grzybowych w uprawie pszenicy przyczynia się do zwiększenia kosztów uprawy i skażenia środowiska. Znacznie bezpieczniejsze jest sięgnięcie do naturalnych źródeł genowych. Do takich źródeł możemy zaliczyć dzikich krewniaków pszenicy z rodzaju *Aegilops*. Gatunki *Aegilops variabilis* Eig. i *Ae. kotschy* Boiss. charakteryzują się wysoką odpornością na rdzę brunatną.

Celem przeprowadzonych badań była ocena podatności na rdzę brunatną linii mieszańcowych *Aegilops variabilis* Eig. i *Aegilops kotschy* Boiss. z *Triticum aestivum* L. Badania przeprowadzono w latach 2012-2014 na Wydziale Biogospodarki, Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Obiektem badań było 15 linii mieszańcowych (VR, RV, KR, KRB, KRG, KRKo, KRMo, KRMu, KRP, KRS, KRT, KRZ, KRBP, KRBS, KRBT) oraz ich formy rodzicielskie – *Aegilops kotschy* Boiss., *Aegilops variabilis* Eig., *Triticum aestivum* L. (odmiany Begra, Gama, Korweta, Monopol, Muza, Piko, Rusalka, Smuga, Turnia, Zyta). Doświadczenie zakładano corocznie na polu doświadczalnym Wydziału Biogospodarki w Zamościu, UP w Lublinie. Rośliny poszczególnych linii i ich form rodzicielskich rosły na oddzielnych poletkach długości 2,0 m i szerokości 1,0 m, w rozstawie 20 x 10 cm, na glebie brunatnej, dobrego kompleksu pszennego, w tych samych warunkach uprawy i nawożenia (NPK = 60-90-110 kg/ha). Ocenę porażenia przez rdzę brunatną przeprowadzono w fazie dojrzałości młeczej stosując 9-stopniową skalę bonitacyjną (1o – największe porażenie, 9o – brak porażenia). Analizowano wierzchnią stronę liści: flagowego i podflagowego określając ich procentowe porażenie. W latach badań najwyższą odpornością na rdzę brunatną charakteryzowały się gatunki *Ae. variabilis* Eig. i *Ae. kotschy* Boiss. (ponad 8o). Większość linii mieszańcowych charakteryzowała się większą odpornością na rdzę brunatną od rodzicielskich odmian pszenicy. Najwyższą średnią odpornością (ponad 7o) charakteryzowały się linie KR, RV, KRB, KRG, KRKo, KRP, KRS, KRT, KRBP. Wśród pszenic wyróżniły się odmiany Piko, Begra, Korweta i Zyta.

## Charakterystyka dawnych odmian populacyjnych kukurydzy jako źródeł bioróżnorodności

**Lubas T., Żurek M., Warzecha R.**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy  
w Radzikowie*

*Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Pracownia Kukurydzy i Pszenżyta*

W ostatnich latach można zauważyć wyraźny wzrost zainteresowania uprawą dawnych odmian warzyw, owoców oraz roślin zbożowych. W wielu krajach (np.: USA, Wielka Brytania, Kanada) coraz prężniej rozwija się sektor lokalnych firm/grup producenckich zajmujących się sprzedażą nasion dawnych odmian warzyw. Jedną z głównych przyczyn powrotu do zapomnianych gatunków i odmian roślin uprawnych jest drastyczne zmniejszenie się różnorodności biologicznej dostępnego pokarmu roślinnego. Zapomniane odmiany, niejednokrotnie mniej plenne od odmian współczesnych, posiadają szereg cech atrakcyjnych dla konsumentów – wyjątkowy kształt, kolor, smak i zapach. Niewątpliwym atutem dawnych odmian jest również ich zróżnicowanie genetyczne, co wpływa na wzrost bioróżnorodności danej rośliny uprawnej. Dawne odmiany, wypierane przez plenniejsze odmiany nowoczesne, zanikają bezpowrotnie. W zasobach KCRZG znajduje się wiele dawnych odmian roślin uprawnych w tym 16 dawnych polskich odmian populacyjnych kukurydzy. Mogą one stanowić również źródło materiału roślinnego do ponownego wprowadzenia do uprawy jako odmiany regionalne. Odmiany te uprawiane były w Polsce w latach 50 i 60-tych ubiegłego wieku. Stanowią one niezwykle cenne dziedzictwo zarówno przyrodnicze jak również kulturowe polskiej wsi oraz hodowli, które należy „ocalić od zapomnienia” dla przyszłych pokoleń rolników i hodowców. Początki hodowli kukurydzy w Polsce związane były z pracami prowadzonymi na materiałach amerykańskich, z których po zaaklimatyzowaniu otrzymano pierwsze odmiany populacyjne. Za symboliczny początek hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy w Polsce uważana jest rejestracja, w 1957 roku, pierwszego mieszańca odmianowego Wiel – Wi otrzymanego w wyniku krzyżowania odmian populacyjnych: Wielkopolanki i Wigoru. Dawne odmiany populacyjne kukurydzy reprezentują ogromne zróżnicowanie genotypowe i fenotypowe. Z uwagi na brak efektu spadku plonu w kolejnym pokoleniu (F2) możliwa jest reprodukcja nasion w obrębie własnego gospodarstwa, co jest niewątpliwą zaletą tych odmian w przypadku uprawy w gospodarstwach ekologicznych. Ponadto dawne odmiany populacyjne uprawiane były w warunkach rolnictwa ekstensywnego, przez co są mniej wymagające pod względem warunków środowiskowych niż współczesne odmiany. Prace nad dawnymi odmianami kukurydzy są jednym z elementów prac prowadzonych w ramach Programu Wieloletniego pt. „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR-PIB a finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi: Zad 1.6 temat 3-1-06-0-02.

## Wykorzystanie gatunków z rodzaju *Nicotiana* w najnowszej, krajowej hodowli odpornościowej tytoniu

**Anna Trojak-Goluch**

*Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute  
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, Poland*

Spośród wielu czynników wpływających na dochodowość uprawy tytoniu w Polsce dominującą rolę odgrywają choroby grzybowe i wirusowe tytoniu. Straty spowodowane występowaniem chorób sprawiają, że hodowla odmian genetycznie odpornych stanowi jeden z głównych kierunków prac badawczych. Od wielu lat ważnym problemem w tytoniu jest brunatna nekroza nerwów wywoływana przez wirus Y ziemniaka (PVY). Źródłem genetycznej odporności na tę wirozę są dzikie gatunki *N. benavidesii*, *N. raimondii* czy *N. africana*. W ostatnim czasie do prac hodowlanych włączono gatunek *N. africana*, wykazujący odporność na wszystkie szczepy PVY. W wyniku krzyżowania z tytoniem uprawnym uzyskano nieżywotne mieszańce F<sub>1</sub>. Zastosowanie techniki regeneracji roślin z fragmentów liścieni mieszańców F<sub>1</sub>, analiz cytologicznych kolejnych pokoleń mieszańcowych i biologicznych testów odpornościowych pozwoliło na uzyskanie stabilnych linii hodowlanych BPA tolerancyjnych na wszystkie izolaty PVY, w tym izolaty zdolne do przełamania innych źródeł odporności. Kolejną chorobą wirusową nabierającą w ostatnich latach szczególnego znaczenia gospodarczego jest brązowa plamistość pomidora powodowana przez wirus TSWV (*Tomato spotted wilt virus*). Od 2004 roku w IUNG-PIB trwają prace nad przeniesieniem genu *RTSW-al* z gatunku *N. alata* do genomu tytoniu typu Virginia. Zastosowanie techniki androgenezy jak również selekcji genotypów odpornych na TSWV, a jednocześnie odpowiadających wymogom praktyki rolniczej. Źródłem zmienności genetycznej wykorzystywanym w hodowli odpornościowej tytoniu jest także gatunek *N. debneyi*. Wykazuje on odporność na czarną zgniliznę korzeni wywoływaną przez grzybowy patogen glebowy *Chalara elegans*. Prowadzone w latach 2000-2012 w IUNG-PIB badania z wykorzystaniem odporności typu-*debneyi* doprowadziły do uzyskania cytoplazmatycznie męsko-sterylnych odmian VRG1, VRG2, VRG4, HTR2, HTR3 odpornych na czarną zgniliznę korzeni. Wdrożenie tych odmian do uprawy umożliwiło produkcję tytoniu w rejonach dużej koncentracji uprawy oraz silnej presji patogenu. W latach 2011-2013 wykorzystując genetyczną odporność typu-*debneyi* wykreowano pierwszego na świecie trójliniowego mieszańca tytoniu VRG5TL, odpornego na *Chalara elegans*, a ponadto wyróżniającego się doskonałą jakością surowca. Z kolei w latach 2002-2012 w IUNG-PIB dokonano przeniesienia genów odporności na czarną zgniliznę korzeni z dzikiego gatunku *N. glauca* do odmiany Wiślica. Efektem tych prac jest zgłoszona do COBORU odmiana uprawna Wigola.

## Wartość użytkowa dostępnych na krajowym rynku mieszanek trawnikowych dedykowanych na gleby lekkie, suche

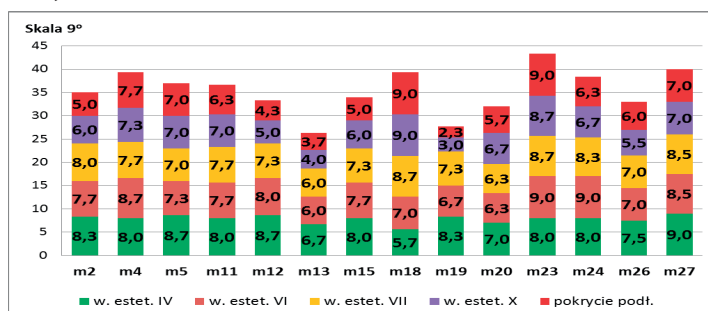
*Marcin Pelc*

*Fundacja Ochrony Zasobów Środowiska „VIRIDI”*

Zazielenienie obszarów miejskich, obiektów sportowych, rekreacyjnych, ciągów komunikacyjnych, obszarów zdegradowanych poprawia warunki bytowania człowieka zabezpieczając jednocześnie jego dobra materialne. Dodatkowo uprawy nasienne traw poprawiają bilans ekonomiczny gospodarstwa (Dni Trawnika i Traw 2016 „Kontraktacja nasienne traw”).

Założenie i utrzymanie trawnika na stanowiskach specjalnie przygotowanych, sportowych przy wsparciu wypracowanych rozwiązań napotyka na szereg trudności, lecz nie jest tak złożone i obciążone wieloma niewiadomymi jak wybór i wysiew jednej z wielu dostępnych mieszanek, utrzymanie zadarnienia szczególnie na stanowiskach zdegradowanych, suchych czy przydomowych. Zebrane wyniki trzy letnich doświadczeń polowych wybranych 14 mieszanek trawnikowych dedykowanych na gleby lekkie, suche oraz uniwersalnych jednoznacznie wykazały, iż bez deszczowania znaczna część roślin badanych mieszanek wypadła z obsady. W roku siewu i pierwszym roku użytkowania przy zachowaniu umiarkowanie intensywnych zabiegów pielęgnacyjnych i ochrony, rośliny mieszanek w pełni zainstalowały się wskazując na prawidłowo przeprowadzony proces siewu (Rys. 1). W celu weryfikacji trwałości zainstalowanych mieszanek w drugim roku użytkowania zrezygnowano z deszczowania. Rośliny mieszanek silnie zareagowały na okresowe niedobory wody w kolejnych latach ustępując kostrzewie szczeciniastej coraz bardziej dominującej na poletkach.

Rysunek 1. Ocena wartości estetycznej w I roku użytkowania; mieszanki ozdobne na gleby lekkie, uniwersalne





## Poszukiwanie nowej zmienności genetycznej w obrębie rodzajów *Lupinus*, *Pisum* i *Vicia* – krzyżowania oddalone i androgeneza

**Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina, Katarzyna Maria Wojciechowicz,  
Hanna Pudelska**

*Instytut Genetyki Roślin PAN, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań*

Celem badań było wytworzenie gospodarczo wartościowych form łubinu (wczesnych i odpornych na antraknozę) oraz grochu (o sztywnej łodydze) poprzez krzyżowanie oddalone międzygatunkowe i międzyrodzajowe. Ponadto podjęto próbę indukcji androgenyzy w pylnikach roślin mieszańcowych pokolenia F1 grochu, łubinu wąskolistnego oraz bobiku w celu skrócenia cyklu hodowlanego.

Materiałem doświadczalnym do krzyżowań międzyrodzajowych w obrębie gatunku *Lupinus* (łubin) były *L. albus*, *L. luteus*, *L. angustigolius* oraz *L. mutabilis*, natomiast do krzyżowań międzygatunkowych użyto *Pisum sativum* (Acord) i *Vicia faba v. equina* (Fernando). Wykonano około 1000 krzyżowań *in vitro* między czterema rodzajami łubinu oraz 200 krzyżowań między grochem *Pisum sativum* (Acord) i bobikiem *Vicia faba v. equina* (Fernando). Wyizolowane załóżki wykładano na pożywki MS lub N6 bez substancji wzrostowych. Po kilku dniach od zapylenia załóżki z powiększonymi załóżkami przenoszono na pożywkę B5.

Materiałem doświadczalnym do kultur pylnikowych były rośliny mieszańcowe pokolenia F1: grochu (Batuta x Zekon), łubinu wąskolistnego (Pumba x Wars-685/15-W459 oraz bobiku (2015). Zastosowano dwie pożywki podstawowe: MS oraz N6 z dodatkiem 2,4-D (kwas dichlorofenoksyoctowy) w różnych stężeniach 2,0; 3,0 i 4,0 mg/l). Uzyskane androgeniczne struktury przenoszono na pożywkę regeneracyjną 190-2 (Zhuang, Xu 1983) zawierającą 1,0 mg/l kinetyny i 0,5 mg/l NAA (kwas L-naftalenoctowy).

Na podstawie analiz mikroskopowych określono stadium pylników zawierających jednojądrowe mikrospory, optymalne do wykładania pylników na pożywki indukujące proces androgenyzy. Przetestowano pożywki i wybrano: do kultur *in vitro* zapyłanych załóżki – pożywkę MS bez substancji wzrostowych, do kultur *in vitro* niedojrzałych załóżek – zmodyfikowaną pożywkę B5, do kultur pylnikowych roślin pokolenia F1 – pożywkę MS z dodatkiem 3,0 mg/l 2,4-D, do kultur struktur androgenicznych oraz kalusów – zmodyfikowaną pożywkę 190-2.

Wyizolowane, powiększone załóżki z krzyżowania *L. albus* x *L. luteus* wyszczepiano na pożywkę B5 i hodowano w pokoju hodowlanym. Natomiast struktury androgeniczne grochu (Batuta x Zekon) uzyskane w kulturach pylnikowych przenoszono na pożywkę regeneracyjną i hodowano w temperaturze 22°C, przy oświetleniu 80–100 μ moli fotonów m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup> przez 12 godzin. Wykonano pierwsze analizy mikroskopowe pylników pobieranych w różnym stadium kultur pylnikowych oraz załóżek utrwalanych po różnym czasie od zapylenia.

## Badanie przydatności wybranych gatunków roślin miododajnych do rekultywacji terenów po eksploatacji siarki metodą podziemnego wytopu

Krzysztof Klimont<sup>1</sup>, Agnieszka Osińska<sup>1</sup>, Grzegorz Gryziak<sup>1</sup>,  
Zbigniew Kołtowski<sup>2</sup>, Szymon Suchecki<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie, Krajowe Centrum  
Roślinnych Zasobów Genowych,

<sup>2</sup> Instytut Ogrodnictwa – Zakład Pszczelnictwa w Puławach,

<sup>3</sup> Małopolska Hodowla Roślin – Zakład Hodowlano-Produkcyjny w Palikijach.

W latach 2012-2015 badano przydatność wybranych gatunków roślin miododajnych do rekultywacji terenów po eksploatacji siarki wydobywanej metodą podziemnego wytopu, pokrytych wapnem poflotacyjnym i użyźnionych osadem ścieków komunalnych. Tereny te pokryto wapnem poflotacyjnym, użyźniono jednorazowo osadami ściekowymi w dawce  $500\text{m}^3\cdot\text{ha}^{-1}$ , i dokładnie wymieszano z podłożem. Następnie zastosowano nawożenie mineralne w ilości  $70\text{kg N}\cdot\text{ha}^{-1}$ ,  $75\text{kg P}_2\text{O}_5\cdot\text{ha}^{-1}$ , i  $100\text{kg K}_2\text{O}\cdot\text{ha}^{-1}$ , które wnoszono corocznie wiosną.

Badano 139 gatunków roślin miododajnych. W niniejszej pracy przedstawiono wyniki badań za lata 2012-2015, w których oceniano wschody polowe, fazy rozwojowe roślin i przydatność do rekultywacji wapna poflotacyjnego poprzez ocenę ich bujności, a także glebotwórcze oddziaływanie na bezglebowe podłoże, oraz przeżywalność w warunkach stresu abiotycznego. Oceniano również zawartość 10-ciu metali ciężkich w bezglebowym gruncie i materiale roślinnym.

Badania wykazały, że najlepiej wschodziły nasiona bazylii pachnącej, facelii błękitnej, nostrzyku białego (jednorocznego i dwuletniego), ogórecznika lekarskiego, gryki zwyczajnej, słonecznika zwyczajnego, rukwi siewnej, kapusty rzepaku, chabra nadreńskiego, szczeci sukienniczej, urzetu barwierskiego, kocimiętki wielkokwiatowej, koniczyny białej, serdecznika pospolitego i krwiściągu lekarskiego. Najślabiej zaś niecierpka Roylego i balsaminy, arcydzięgla litwora, odętka wirginijskiej, omanu wielkiego, rutewki orlikolistnej i żółtej, trędownika skrzydlatego i tulii kalifornijskiej. Najbardziej przydatne do rekultywacji wapna poflotacyjnego z jednorocznych okazały się: facelia błękitna, gryka zwyczajna, nostrzyk biały, słonecznik zwyczajny, gorczyca jasna, kapusta rzepak, marzymięta grzebieniasta, rukiew siewna, czarnuszka damasceńska, kolendra siewna, maczek kalifornijski, ogórecznik lekarski i ślázówka ogrodowa. Z dwuletnich: nostrzyk biały i lekarski, szczec sukiennicza, wiesiołek dwuletni, urzet barwierski, chaber nadreński, dziewanna wielkokwiatowa, a z wieloletnich: hyzop lekarski, dalia zmienna, kocimiętka naga, właściwa i wielkokwiatowa, krwiściąg mniejszy, mikołajek płaskolistny, przegorzan węgierski, nawłocie kanadyjska, pospolita i późna, serdecznik pospolity, rożnik przerośnięty i ślázówka turyngska. Najślabiej rozwijały się: niecierpek Roylego, arcydzięgiel litwor, popłoch pospolity, czosnek cuchnący, kłosowiec olbrzymi i pomarszczony, kozłek lekarski, lubczyk ogrodowy, odętka wirginijska, oman wielki, rutewka orlikolistna i żółta, rutwica lekarska i tulia kalifornijska. Wprowadzenie roślin miododajnych jako roślin rekultywacyjnych i wniesienie osadu ściekowego



wpłynęło na intensywny wzrost węgla organicznego ( $C_{org}$ ) w gruncie wapna, a powstała materia organiczna stworzyła warunki do gromadzenia składników pokarmowych i wody. Zawartość badanych metali ciężkich w gruncie doświadczalnym nie przekroczyła wartości progowych, ale była wyższa niż w wariancie kontrolnym. Wykazano przekroczenie dopuszczalnych stężeń żelaza i magnezu w pędach roślin, zawartość pozostałych metali ciężkich nie przekroczyła wartości progowych.

## **Nowoczesne rozwiązania w przechowalni długoterminowej KCRZG podnoszące jakość i bezpieczeństwo obiektów**

**Grzegorz Gryziak**

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie  
g.gryziak@ihar.edu.pl*

W przechowalni długoterminowej KCRZG zgromadzono ponad 70 000 obiektów. Według FAO WIEWS (2017) jest to drugi największy pod względem liczby obiektów bank genów w Unii Europejskiej, trzeci w Europie i 17. na świecie.

W ostatnich latach, dzięki Programom Wieloletnim na lata 2008-2013 oraz 2015-2020, przeprowadzono kompleksowy remont pomieszczeń przechowalni długoterminowej, dostosowując ją do międzynarodowych standardów banków genów, m.in. wymieniono izolację komór chłodniczych i mroźniczych oraz herbarium, zainstalowano systemy sygnalizacji pożaru i kontroli dostępu oraz zasilanie i oświetlenie awaryjne. Przechowalnię wyposażono również w system monitoringu pracy urządzeń chłodniczych i mroźniczych jak również w system monitorowania parametrów przechowywania znajdujących się w niej zasobów genowych. Sama instalacja chłodnicza również została zmodernizowana – jest obecnie znacznie bardziej energooszczędna i ekologiczna. Jako czynnik chłodniczy zastosowany został w niej – zamiast tradycyjnych freonów – dwutlenek węgla, gaz bezpieczny dla środowiska.

W roku 2016 rozpoczęto proces inwentaryzacji przechowywanych zasobów połączony z wprowadzeniem systemu jednoznacznej identyfikacji i lokalizacji obiektów. To kolejny etap rozbudowy modułu systemu informatycznego EGISET służącego do zarządzania kolekcją przechowalni. W poprzednich latach m.in. usprawniono zapisywanie wyników testów żywotności. Odbywa się ono elektronicznie, bezpośrednio w systemie, bez konieczności zapisywania wyników na papierze i późniejszego ich ręcznego wprowadzania do systemu.

Wszystkie wymienione działania znacząco poprawiły bezpieczeństwo przechowywanych zasobów genowych.

## Wigor i żywotność nasion wybranych odmian pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) w zależności od systemu produkcji roślinnej

**Monika Agacka-Mołodoch<sup>1</sup>, Krzysztof Jończyk<sup>1</sup>, Urszula Skomra<sup>1</sup> and Andreas Börner<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>*Institut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy*

<sup>2</sup>*Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany*

Wigor i żywotność nasion są determinowane przez cechy genetyczne roślin oraz czynniki środowiskowe, takie jak warunki pogodowe w okresie wzrostu i rozwoju roślin oraz czynniki agrotechniczne. Celem podjętych badań była ocena żywotności i wigoru nasion pszenicy ozimej uprawianej w czterech różnych systemach produkcji: integrowanym, konwencjonalnym, monokulturze oraz ekologicznym. System integrowany prowadzony jest w płodozmianie: ziemniak – pszenica jara – bobik – pszenica ozima. Dawki fosforu i potasu określone są według pobrania składnika z plonem średnio w rotacji zmianowania, nawożenie azotem jest korygowane na podstawie zawartości azotu mineralnego w glebie. Chemiczne środki ochrony roślin są stosowane w sytuacji przekroczenia przez agrofagi progów ekonomicznej szkodliwości, w przypadku chwastów jako uzupełnienie pielęgnacji mechanicznej. W systemie konwencjonalnym stosowana jest intensywne uprawa pszenicy w zmianowaniu z pszenicą jarą i rzepakiem ozimym. Uprawa pszenicy ozimej w monokulturze prowadzona jest nieprzerwanie od 1996 r. W systemie ekologicznym stosowany jest pięciopolowy płodozmian: ziemniak – pszenica jara z wsiewką koniczyny z trawami – koniczyna z trawami – pszenica ozima + międzyplon ścierniskowy – mieszanka owies + wyka. W systemie tym nie są stosowane syntetyczne nawozy mineralne i środki ochrony roślin. Materiał badawczy stanowiło ziarno czterech odmian pszenicy ozimej: Arkadia, Bamberka Jantarka, i Sailor.

Zdolność kiełkowania oznaczono zgodnie z procedurą ISTA. Test wykonano na kielkowniku Jacobsena, na który wykładano po 50 nasion w dwóch powtórzeniach. Określono cechy charakteryzujące żywotność i wigor nasion: udział nasion wytwarzających siewki sklasyfikowane jako prawidłowe (NG), całkowitą liczbę skielkowanych nasion (TG), czas potrzebny do skielkowania 50% nasion (T50) oraz parametr charakteryzujący maximum kiełkowania w określonym czasie (AUC). W badaniach oceniono również wpływ systemów produkcji na predyspozycje nasion badanych odmian pszenicy do długotrwałego przechowywania wykorzystując test tzw. przyspieszonego postarzania, w którym nasiona poddawane są warunkom stresowym (temperatura 45°C, względna wilgotność powietrza 60%). Określono zmiany w wigorze i zdolności kiełkowania nasion poddanych stresowi w stosunku do nasion nie postarzanych. Nie stwierdzono wpływu systemu produkcji na żywotność i wigor nasion pszenicy. Odmiana Bamberka charakteryzowała się obniżonym wigozem i żywotnością w stosunku do pozostałych odmian we wszystkich badanych systemach.



## Indeks nazwisk

### A

Adamczak Artur 74  
Adamczyk Józef 60  
Adomas Barbara 42  
Agacka-Mołdoch Monika 45  
Altmann T. 45  
Arseniuk Edward 85

### B

Babalski Mieczysław 95  
Barchacka Karolina 97  
Bartoszewski Grzegorz 47  
Barzyk Paweł 21, 63  
Bączek Katarzyna 48, 80  
Borkowska Anna 36  
Börner Andreas 107 45  
Börner M. 45  
Buchwald Waldemar 74  
Bujak Henryk 59, 60

### C

Choińska Beata 64  
Chojnowski Mariusz 25  
Cichorz Sandra 66  
Czembor Jerzy H. 13, 29, 50, 56, 82, 86,  
87  
Czembor Jerzy Henryk 98  
Czubacka Anna 71, 72  
Czyżowska Agata 81

### D

Depta Anna 70, 71, 91  
Dobiesz Malwina 42  
Doliński Romuald 97  
Doroszeńska Teresa 91  
Dostatny Denise F. 16, 95  
Dziubińska Dorota 95

### F

Forycka Anna 74

### G

Gałęcka Teresa 73  
Głowacka Agnieszka 39  
Gońska Maria 65, 66  
Gryziak Grzegorz 13, 86, 96, 98, 104, 106

### H

Hodun Grzegorz 16, 19  
Hodun Małgorzata 19

### J

Jończyk Krzysztof 107

### K

Kapusta Elżbieta 25, 33  
Kawęcka Magdalena 97  
Kaźmińska Karolina 47  
Kinga Smolińska 50, 56, 87  
Klimont Krzysztof 104  
Kloc Grzegorz 95  
Kociuba Wanda 51, 55, 97, 99  
Kolniak-Ostek Joanna 41  
Kołtowski Zbigniew 32, 104  
Korbecka-Glinka Grażyna 69, 91  
Korzeniewska Aleksandra 47, 73  
Kosakowska Olga 48  
Kramek Aneta 4, 55, 99  
Kruczyńska Dorota E. 25, 38  
Kucharska Alicja Z. 41, 81  
Kursa Karolina 70, 72  
Kuźdowicz Kamilla 31  
Kwiecień Alicja 37

### L

Leśniowska-Nowak Justyna 97  
Lib Dagmara 41, 81  
Lisek Anna 77

Lisek Jerzy 18, 77  
Litwiniec Anna 64  
Lohwasser U. 45  
Lubas T. 100  
Lubas Tomasz 62

**Ł**

Łukanowski Aleksander 64

**M**

Machlańska Aleksandra 78  
Maga Kornelia 97  
Maj Dariusz 36  
Maj Maria 36  
Majtkowski Włodzimierz 49  
Malicka Małgorzata 65, 66  
Mańkowska Grażyna 30  
Matysiak Bożena 75  
Matysik Przemysław 96  
Michałowska Dorota 89  
Mrozek Małgorzata 97

**N**

Nagel M. 45  
Niedzielski Maciej 40  
Niemirowicz-Szczytt Katarzyna 47, 73  
Noceń Joanna 50  
Nowak Teresa 24  
Nowosad Kamila 59, 60

**O**

Olas-Sochacka Marta 34  
Oleszak Grzegorz 30  
Olszak-Przybyś Hanna 69  
Osińska Agnieszka 4, 104  
Ostrowska Judyta 64

**P**

Pelc Marcin 90, 102  
Piechota Urszula 13, 56, 82, 87, 98  
Pietrusińska Aleksandra 56, 82, 86, 87, 98  
Piotrowicz-Cieślak Agnieszka I. 42  
Piórecki Narcyz 41, 81  
Pióro-Jabrucka Ewelina 48, 80  
Piskorz Joanna 67  
Płonkowski Bartłomiej 29

Podyma Wiesław 16, 40  
Prażak Roman 99  
Przewodowska Agnieszka 67  
Puchalski Jerzy 40  
Pudelska Hanna 103

**R**

Rehman Arif M.A. 45  
Riewe D. 45  
Rozpara Elżbieta 39  
Rybiński Wojciech 23  
Ryjak Magdalena 13, 96

**S**

Schmidt Jan 46  
Segit Zbigniew 97  
Silska Grażyna 79  
Sitarek Mirosław 17, 78  
Skibowska Barbara 65  
Skomra Urszula 68, 69, 107  
Smolarska Anna 50  
Sobieszek Krzysztof 47  
Sokół-Łętowska Anna 41, 81  
Sozański Tomasz 81  
Suchecki Szymon 104  
Sznajder J. 41  
Szyborska-Sandhu Izabela 48, 80

**Ś**

Ślusarkiewicz-Jarzina Aurelia 103  
Święcicki Wojciech 4, 21, 63

**T**

Targońska-Karasek Małgorzata 47  
Tomaszewski Bartosz 20  
Treder Jadwiga 36  
Treder Waldemar 25  
Trojak-Goluch Anna 101

**U**

Ukalska Joanna 51  
Ukalski Krzysztof 51

**W**

Warzecha Roman 62, 100

---

Węglarz Zenon 48, 80  
Wiebach J. 45  
Wojciechowicz Katarzyna Maria 103  
Woliński Konrad 40  
Wójcik Krzysztof 60  
Wójcik-Seliga Justyna 35  
Wróbel Tomasz 30

**Z**

Zaczyński Marcin 13, 86, 96  
Zapalska Magdalena 97

**Ż**

Żurek Monika 62, 100  
Żygała Elżbieta 41, 81

