

ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA¹

MIROSLAW TYRKA²

KINGA SMOLIŃSKA¹

JERZY H. CZEMBOR¹

¹Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Radzików

²Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza, Wydział Chemii, Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki
a.pietrusinska@ihar.edu.pl

Wykorzystywanie zasobów genowych w tworzeniu nowych odmian pszenic uprawnych*

Exploitation of genetic resources in creation of new wheat cultivars

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. Z punktu widzenia nowoczesnej hodowli dzięki tworzeniu i utrzymywaniu kolekcji roślin uprawnych możliwa jest selekcja ciekawych dla Hodowców genotypów, traktowanych potencjalnie jako nośnik cech odpornościowych. Formy dzikie roślin uprawnych oraz odmiany prymitywne stanowią nie tylko cenne źródło genów odporności ale również charakteryzują się korzystnymi wartościami gospodarczymi. Dlatego też, ważnym elementem w 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 markery molekularne.

Jednym z kierunków badań prowadzonych w PGOR jest mapowanie oraz 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-

* Prace zostały wykonane w ramach programu wieloletniego „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 MRiRW.

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 stanowi materiał wyjściowy w dalszych pracach badawczych realizowanych w PGOR.