



**UNIWERSYTET  
PRZYRODNICZY**  
w Lublinie

**KCRZG**



Symposium Naukowe

## **ZASOBY GENOWE ROŚLIN UŻYTKOWYCH NA RZECZ HODOWLI**



**STRESZCZENIA**

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

## Ocena zróżnicowania 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 zróżnicowania 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.