

57. Zjazd  
Polskiego Towarzystwa Botanicznego

**Botanika – tradycja i nowoczesność**

STRESZCZENIA REFERATÓW I PLAKATÓW

Pod redakcją

Ewy Szczuki, Grażyny Szymczak,  
Magdaleny Śmigały i Rafała Marcińca



LUBLIN 2016

Lublin, 27 czerwca–3 lipca 2016

wieloalleliczne *S* locus zawierające gen *S*-RNazy warunkujący reakcję słupka oraz gen *SFB* warunkujący niezgodność ze strony pyłku. Zjawisko samoniezgodności polega na zahamowaniu wzrostu łagiewki pyłkowej, jeśli łagiewka zawiera taki sam *S*-allel jaki znajduje się w słupku. Odmiany czereśni najczęściej są samoniepłodne, a wśród odmian samopłodnych dominują te, w których uzyskano sztuczne mutacje genu *SFB* poprzez naświetlanie pyłku promieniami X. U wiśni, znacznie częściej niż u czereśni, obserwuje się występowanie odmian samopłodnych. Zjawisko to jest spowodowane występowaniem naturalnych mutacji genów *S*-RNazy lub *SFB*, a w konsekwencji utratą funkcjonalności *S*-alleli. Utrata samoniezgodności wiśni jest spowodowana akumulacją co najmniej dwóch niefunkcjonalnych *S*-haplotypów. Celem pracy jest przedstawienie najnowszych wyników badań dotyczących zjawiska samoniezgodności u czereśni i wiśni oraz możliwości ich zastosowania w hodowli odmian oraz w praktyce sadowniczej.

**OCENA ZRÓŻNICOWANIA  
GENETYCZNEGO ODMIAN WINOROŚLI  
ZGROMADZONYCH W KOLEKCJI  
INSTYTUTU OGRODNICTWA W  
SKIERNIEWICACH (POLSKA) PRZY UŻYCIU  
TECHNIK ANALIZY DNA**

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 315 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. Przedmiotem pracy było odróżnienie 30 odmian winorośli należących do *Vitis vinifera* L. lub do mieszańców międzygatunkowych *Vitis* spp. przy użyciu technik ISSR i REMAP. W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano takie same profile DNA dla dwóch par taksonów, co wskazuje na określanie tej samej odmiany różnymi nazwami. Pozostałe odmiany rozróżniono na podstawie odmiennych wzorów DNA. 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.

allelic *S* loci containing the *S*-RNase gene which conditions reactions of the pistil, and the *SFB* gene which conditions the incompatibility of the pollen. Self-incompatibility is when the pollen tube stops growing if it has the same *S*-allele as the pistil. Sweet cherry cultivars are usually self-incompatible, and among self-compatible cultivars those in which artificial mutations *SFB* gene was obtained through X-ray irradiation of the pollen occur most often. Sour cherry cultivars are far more likely to be self-compatible than sweet cherry cultivars. This phenomenon is a result of natural mutations of the *S*-RNase or *SFB* genes and, consequently, the dysfunction of the *S*-alleles. Loss of self-incompatibility in cherry is caused by the accumulation of at least two nonfunctional *S*-haplotypes. The aim of this work is to present the newest test results on the phenomenon of self-incompatibility in sour cherry and sweet cherry and the possibilities to use those results in breeding and orchard practices.

**GENETIC DIVERSITY ASSESSMENT OF  
GRAPEVINE CULTIVARS COLLECTED IN  
THE GENE BANK OF RESEARCH  
INSTITUTE OF HORTICULTURE IN  
SKIERNIEWICE (POLAND) WITH THE USE  
OF DNA ANALYSIS TECHNIQUES**

Anna Lisek, Jerzy Lisek

Research Institute of Horticulture, 1/3 Konstytucji 3 Maja  
Str., Skierniewice, Poland, e-mail: anna.lisek@inhort.pl

At present, the grapevine collection run by the Research Institute of Horticulture in Skierniewice consists of 315 taxons. The correct identification of gathered cultivars, clones and forms on the basis of phenotypic traits is difficult when the same taxons have different names (synonyms) or when different taxons are given the same name (homonyms). The use of DNA-based markers enables fast and precise determination of distinctness of the taxons in comparison regardless of environmental conditions. The aim of the research was to identify 30 grapevine cultivars belonging either to *Vitis vinifera* L. or to interspecific hybrids *Vitis* spp. with the use of the ISSR and REMAP techniques. Two pairs of taxons were observed to have the same DNA profiles, which indicates their being synonyms. Other cultivars were identified on the basis of different DNA patterns. The obtained results will be used in verification of the genetic identity of the genotypes imported to the collection of *Vitis* spp. Acknowledgement: This work was performed in the frame of multiannual programme on preservation of gene bank resources financed by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development: Task 1.3 “Collecting, preservation in *ex situ* collections, cryoconservation, evaluation, documentation and using of gene bank resources of horticultural crops”.