

OCENA POTENCJAŁU GENETYCZNEGO MALINY WŁAŚCIWEJ (*Rubus idaeus* L.) POD WZGLĘDEM WAŻNYCH CECH FENOTYPOWYCH (ZDOLNOŚĆ DO DWUKROTNEGO OWOCOWANIA, POZBIORCZA TRWAŁOŚĆ OWOCÓW, BEZKOLCOWOŚĆ, SAMOPŁODNOŚĆ) PRZY ZASTOSOWANIU METOD KONWENCJONALNYCH I BIOTECHNOLOGICZNYCH

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji: 2025

Instytut Ogrodnictwa –
Państwowy Instytut Badawczy
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3
96-100 Skierniewice

KIEROWNIK ZADANIA 42

dr hab. Agnieszka Masny, prof. IO

e-mail: Agnieszka.Masny@inhort.pl

Wykonawcy: prof. dr hab. Stanisław Pluta, dr hab. Monika Mieszczakowska-Frąc, prof. IO, dr Anita Kuras, dr Mariusz Lewandowski, dr Marek Szymajda, dr Łukasz Seliga, dr Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, dr Niall Dickinson, mgr Renata Zbrzeźniak, mgr Renata Czarnecka, mgr Bogusława Idczak, mgr Jolanta Kubik, mgr Jan Piecko, Krzysztof Pęzik, Krystyna Strączyńska, Piotr Skręta, Katarzyna Skrzeczkowska, Marzena Śnieguła, Danuta Perzanowska, Wioleta Jędrzejczak, Monika Stębowska, Karolina Wieteska



CELE PROJEKTU

1. Ocena siewek, należących do 40 rodzin mieszańców oraz ich form rodzicielskich w doświadczeniu polowym, a także 30 klonów i ich form rodzicielskich, rosnących w I kolekcji klonów pod względem wybranych cech fenotypowych (sposób owocowania - letnie, jesienne, dwukrotne, wielkość owoców, atrakcyjność owoców - kształt, barwa, połysk, pozbiorcza trwałość owoców, siła wzrostu, kolcowość pędów).
2. Uzyskanie informacji na temat składu chemicznego owoców najbardziej wartościowych genotypów, rosnących w I kolekcji klonów oraz ich form rodzicielskich.
3. Weryfikacja statusu mieszańca z planowanego zapylenia 20 klonów maliny właściwej wyselekcjonowanych w latach 2023-2024 i opracowanie dla nich profili genetycznych („DNA-fingerprinting”).
4. Optymalizacja namnażania i rozmnażanie *in vitro*, a także *aklimatyzacja ex vitro* pojedynków maliny czerwonej, wyselekcjonowanych w 2024 roku ze względu na wysokie wartości wybranych cech biologicznych oraz ich form rodzicielskich, w celu założenia II kolekcji klonów dla ich bardziej szczegółowej oceny.

Cele zostały osiągnięte

MATERIAŁY I METODY

TEMAT BADAWCZY 1. Indywidualna ocena cech fenotypowych roślin wszystkich rodzin mieszańców maliny właściwej i ich form rodzicielskich oraz klonów w I kolekcji klonów (rozmnożonych w 2023 r.) pod względem pożądanых cech

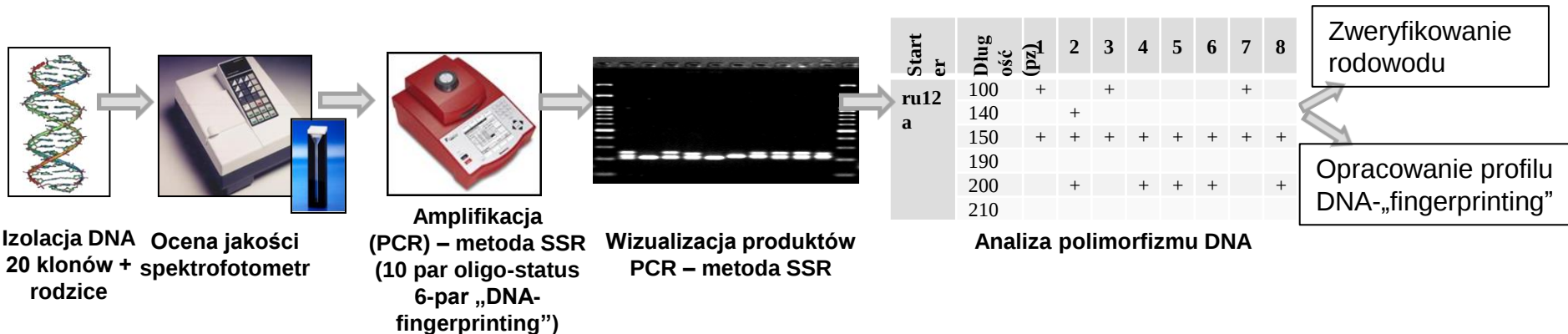
- **Materiał roślinny:** (1) siewki 40 rodzin mieszańców, uzyskanych z programu krzyżowań w układzie czynnikowym 10 form matecznych - 'Glen Ample', 'Przehyba', 'Cowichan', 'Willamette', 'Veten', 'Tulameen', 'Sokolica', 'Canby', 'Schönemann', 'Laszka' oraz 3 form ojcowskich M-258 ('Glen Ample' × 'Sokolica'), M-345 ('Canby' × 'Polana') oraz M-378 ('Glen Ample' × 'Polka'), a także siewki uzyskane z samozapylenia form matecznych; (2) rośliny 30 genotypów wyselekcjonowanych w 2023 r. i rozmnożonych in vitro oraz ich form rodzicielskich (rosnących w I kolekcji klonów)
- **Indywidualna ocena mieszańców i klonów oraz ich form rodzicielskich** pod względem następujących cech:
 - sposób owocowania – genotypy letnie (owocujące głównie na dwuletnich pędach), jesienne (owocujące głównie na jednorocznych pędach) oraz dwupiętrowe (owocujące zarówno na dwuletnich, jak i jednorocznych pędach);
 - wielkość owoców – określana podczas 9 zbiorów (skala bonit. 1-9, w której 1 to najniższa, zaś 9 - najwyższa wartość cechy);
 - atrakcyjność owoców (kształt, barwa, połysk) – określana podczas 9 zbiorów (skala bonit. 1-9, jw.);
 - pozbiorcza trwałość owoców – ocena atrakcyjności (zachowalność kształtu, barwy i połysku, brak tendencji do gnicia lub „puszczenia” soku) po przechowywaniu przez 24-godziny w temperaturze pokojowej (skala bonit. 1-9, jw.);
 - siła wzrostu roślin – pomiar wysokości każdej siewki (w cm) po zakończonej wegetacji ;
 - kolcowość pędów (ilość i „agresywność” kolców w środkowej części) - oceniana po zakończonej wegetacji (skala bonit. 0-4, w której 0 to brak kolców, a 4 to silna kolczastość).

TEMAT BADAWCZY 2. Analizy chemiczne owoców z I kolekcji klonów dla określenia ich składu chemicznego – substancje rozpuszczalne, kwasy, związki fenolowe ogółem, zawartość antocyjanów

- **Materiał badawczy:** zamrożone próby mieszane owoców 30 klonów oraz 13 form rodzicielskich z 9 terminów zbiorów
- **Analizy chemiczne:**
 - Ekstrakt - suma nielotnych do temperatury 100°C składników substancji rozpuszczalnych w wodzie (refraktometr RE 50)
 - Zaw. kwasu jabłkowego, cytrynowego i L-askorbinowego met. wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC Agilent 1200 +DAD)
 - Zaw. antocyjanów - metodą różnicowego pH z zastosowaniem spektrofotometru UV/Vis CARY 300E
 - Zaw. związków fenolowych - zmodyfikowaną metodą spektrofotometryczną

MATERIAŁY I METODY

TEMAT BADAWCZY 3. Analizy molekularne dla zweryfikowania rodowodu i opracowania profili genetycznych „fingerprinting” najcenniejszych klonów hodowlanych z I i II kolekcji klonów.



TEMAT BADAWCZY 4. Optymalizacja rozmnażania i rozmnożenie (rozklonowanie) *in vitro* siewek (pojedynków) maliny właściwej, wyselekcjonowanych w 2024 roku, w celu założenia II kolekcji i dalszej ich oceny.

Kolejne etapy rozmnażania *in vitro*

1. Sterylizacja powierzchniowa

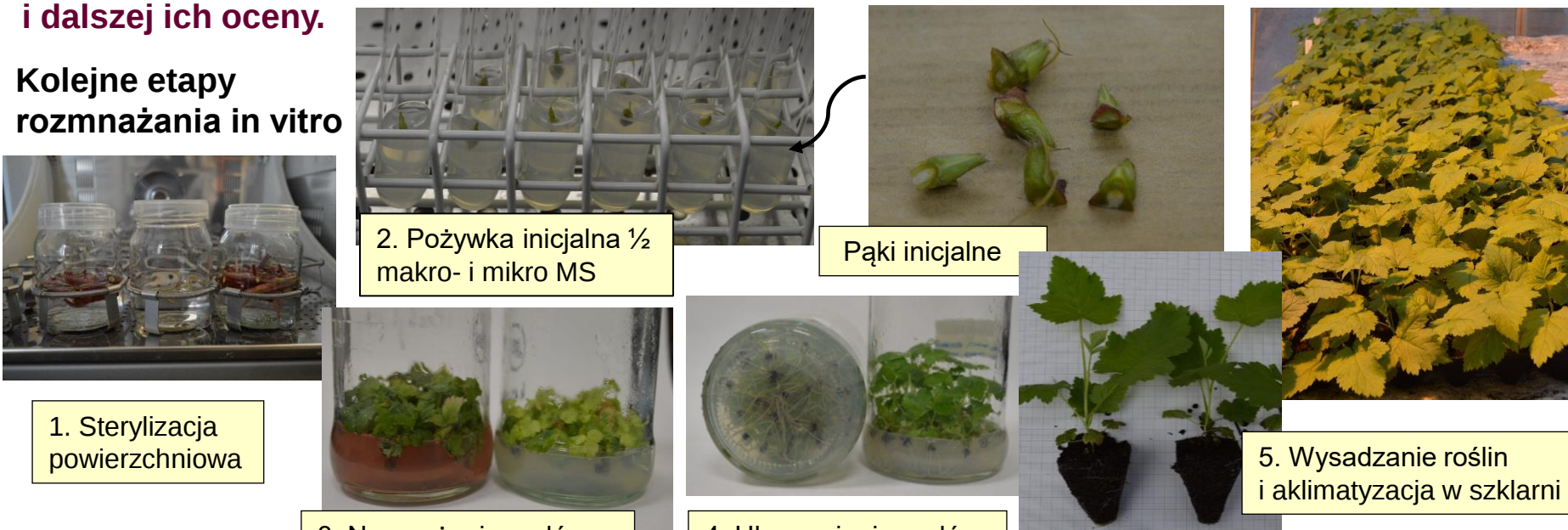
2. Pożywka inicjalna ½ makro- i mikro MS

Pąki inicjalne

3. Namnażanie pędów

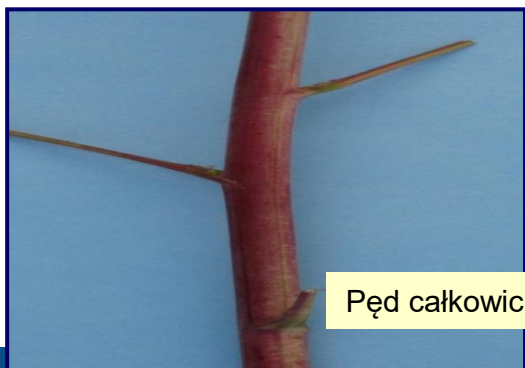
4. Ukorzenianie pędów

5. Wsadzanie roślin i aklimatyzacja w szklarni

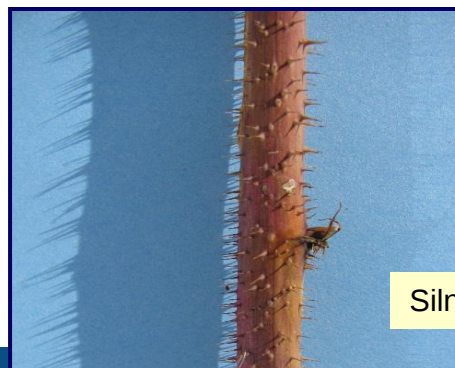


TEMAT BADAWCZY 1. Indywidualna ocena cech fenotypowych roślin wszystkich rodzin mieszańców maliny właściwej i ich form rodzicielskich oraz klonów w I kolekcji klonów (rozmnożonych w 2023 r.) pod względem pożądanых cech

- Większość siewek owocowała latem na dwuletnich pędach. Siewki owocujące jesienią przeważały w rodzinach 'Przehyba' × 'Przehyba', 'Willamette' × M-378, 'Willamette' × 'Willamette', 'Veten' × M-378, 'Veten' × 'Veten', 'Tulameen' × M-378, 'Tulameen' × 'Tulameen', 'Sokolica' × M-258, 'Sokolica' × 'Sokolica', 'Schönemann' × M-378 oraz 'Schönemann' × 'Schönemann'. W rodzinach 'Glen Ample' × M-258, 'Glen Ample' × M-345, 'Glen Ample' × 'Glen Ample', 'Przehyba' × M-345, 'Przehyba' × M-378, 'Tulameen' × M-378, 'Schönemann' × M-345 oraz 'Schönemann' × M-378 stwierdzono od 1 do 3 siewek typu „dwupiętrowego”.
- Najwyższe pędy stwierdzono w rodzinach 'Glen Ample' × M-378, 'Przehyba' × M-378, 'Cowichan' × 'Cowichan', 'Willamette' × M-345, 'Schönemann' × M-345 oraz 'Laszka' × M-345, a także u form rodzicielskich 'Veten', 'Canby', 'Schönemann' i M-258.
- Największe owoce wytwarzały siewki Przehyba' × 'Przehyba', 'Cowichan' × M-345, 'Cowichan' × 'Cowichan', 'Veten' × M-258, 'Veten' × M-345, 'Veten' × M-378, 'Veten' × 'Veten', 'Sokolica' × M-378, 'Sokolica' × 'Sokolica', 'Canby' × 'Canby' oraz 'Schönemann' × 'Schönemann', a także genotypy rodzicielskie 'Glen Ample', 'Przehyba', 'Sokolica', 'Schönemann', 'Laszka', M-258, M-345 i M-378.
- Najbardziej atrakcyjnymi owocami odznaczały się genotypy rodzicielskie M-258 i 'Cowichan', a także siewki z rodzin 'Canby' × M-345, 'Veten' × 'Veten' oraz 'Laszka' × M-378.
- Najlepszą trwałością pozbiorczą odznaczały się owoce genotypów rodzicielskich M-258, 'Sokolica' i 'Cowichan', a także siewek należących do rodzin 'Sokolica' × M-345, 'Veten' × 'Veten', 'Cowichan' × M-345, 'Przehyba' × M-378 oraz 'Canby' × 'Canby'.
- Najwyższy procent roślin o bezkolcowych pędach zaobserwowano u rodzin 'Cowichan' × M-345 (93,3%), 'Schönemann' × M-378 (91,1%), 'Willamette' × M-378 (64,4%), 'Przehyba' × M-258 (53,3%) oraz 'Glen Ample' × M-378 (51,1%).
- Najwięcej, roślin o silnych i „agresywnych” kolcach zaobserwowano w rodzinie 'Laszka' × 'Laszka'. Dość dużą liczbę siewek o „agresywnych” kolcach odnotowano w rodzinach 'Tulameen' × M-345, 'Sokolica' × 'Sokolica', 'Canby' × 'Canby' i 'Laszka' × M-345.



Pęd całkowicie bezkolcowy



Silne i agresywne kolce

TEMAT BADAWCZY 1. – cd.

- 13 genotypów owocowało na dwuletnich pędach, zaś 17 klonów - na pędach jednorocznych.
- Najsilniejszy wzrost roślin zaobserwowano u klonów BP-202114-01, BP-202135-03 i BP-202127-02.
- Klony: BP-202110-01, BP-202135-01, BP-202112-01, BP-202119-01, BP-202112-02 i BP-202138-02 odznaczały się całkowitym brakiem kolców na pędach.
- Największymi owocami odznaczały się klony BP-202117-01 i BP-202117-02 oraz genotyp rodzicielski M-378.
- Najbardziej atrakcyjne owoce wytworzyły klony BP-202107-01, BP-202135-03, BP-202127-02 i BP- 202138-02 oraz M-345 i M-378.
- Najlepszą trwałością pozbiorną odznaczały się owoce klonów BP-202107-01, BP-202138-01, BP-202138-02 i odm. 'Cowichan'.

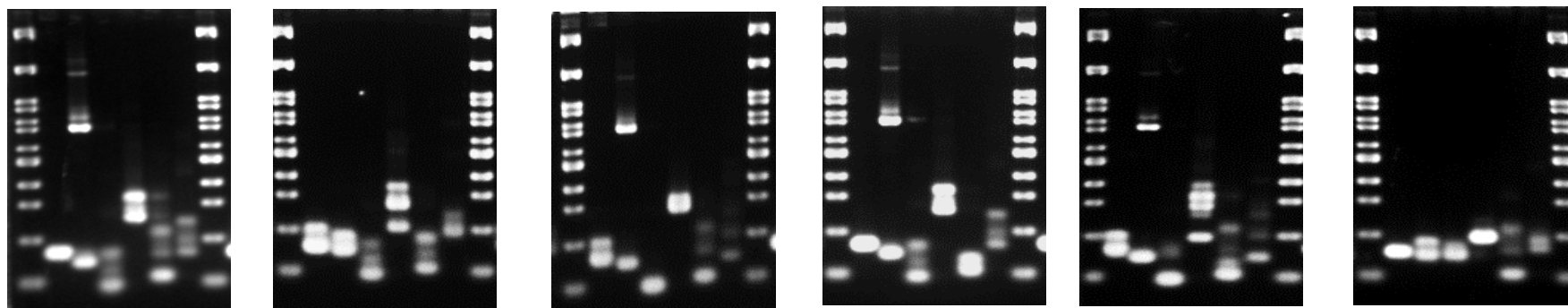
TEMAT BADAWCZY 2. Analizy chemiczne owoców z I kolekcji klonów dla określenia ich składu chemicznego – substancje rozpuszczalne, kwasy, związki fenolowe, zawartość antocyjanów

- Najwyższy poziom ekstraktu stwierdzono w owocach klonów BP-202116-02, BP-202138-02, BP-202136-03 i BP-2021210-01 oraz genotypów rodzicielskich 'Tulameen' i M-345. Najmniej ekstraktu zawierały owoce klonów BP-202136-01, BP-202136-02, BP-202117-02, BP-202116-01 oraz BP-202128-08.
- Najbardziej bogate w antocyjany były owoce klonów: BP-202117-01, BP-202114-01, BP-202116-02 i BP-202116-01, a także odmian rodzicielskich: 'Veten' i 'Willamette'. Najmniej antocyjanów zawierały owoce klonów: BP-202127-01, BP-202136-01, BP-202127-02 i BP-202128-01 oraz genotypu rodzicielskiego M-345.
- Najwyższą zawartością polifenoli w owocach odznaczał się klon BP-202123-02, a następnie BP-202101-01 i BP-202117-01, jak również odmiany rodzicielskie: 'Veten' i 'Przehyba'. Najmniejszą zawartością polifenoli charakteryzowały się owoce genotypów rodzicielskich: M-258, M-345 i 'Glen Ample', a także klonów: BP-202128-08 i BP-202135-04.
- Najwięcej kwasu jabłkowego stwierdzono w owocach klonów BP-202101-01, BP-202136-02 i BP-202138-04 oraz odmiany 'Willamette'. Najmniej kwasu jabłkowego zawierały owoce klonu BP-202112-01 oraz genotypów rodzicielskich M-258 i M-345.
- Największą zawartością kwasu cytrynowego w owocach odznaczały się klony BP-202136-03 i BP-202114-01, a także odmiana rodzicielska 'Willamette'. Najmniej kwasu cytrynowego stwierdzono w owocach klonów BP-202135-02 i BP-202119-01.
- Najwyższym poziomem kwasu askorbinowego w owocach odznaczał się klon BP-202128-01, a następnie BP-202127-01, BP-202101-01 i BP-202138-01, jak również odmiany rodzicielskie 'Sokolica' i 'Cowichan'. Najmniej kwasu askorbinowego stwierdzono w owocach klonów: BP-202136-03, BP-202123-02 i BP-202135-02, a także odmian 'Laszka' i 'Veten'.

TEMAT BADAWCZY 3. Analizy molekularne dla zweryfikowania rodowodu i opracowania profili genetycznych „fingerprinting” najcenniejszych klonów hodowlanych z I i II kolekcji klonów.

- Łącznie przeprowadzono 3.240 reakcji amplifikacji, w których wygenerowano 139 polimorficznych amplikonów o długości od 100 do 290 pz.
- Każdy z testowanych genotypów został oceniony na podstawie 7-16 charakteryzujących go fragmentów DNA.
- Status mieszańca z planowanego zapylenia potwierdzono dla wszystkich testowanych genotypów.
- Określono również procentowy udział amplikonów pochodzących od formy matecznej, który wynosił od 100 do 25%. Najwyższy, procentowy udział amplikonów pochodzących od formy matecznej obserwowano dla genotypów o l.p. nr 12, 14 i 15 ('Sokolica' × 'Sokolica'), najniższy zaś dla genotypu nr 1 ('Schönemann' × M-378).
- Oszacowano procentowy udział alleli pochodzących od formy ojcowskiej i wynosił on od 47 do 21%. Najwyższy udział fragmentów DNA charakterystycznych dla formy ojcowskiej obserwowano na matrycy DNA wydzielonych z genotypu o l.p. nr 3 ('Schönemann' × M-378) najniższy zaś dla genotypu nr 18 (Laszka × M-345).
- Dla wszystkich testowanych genotypów opracowano ich profil genetyczny „DNA-fingerprinting” metodą SSR z wytypowanymi 6 parami oligonukleotydów

Przykładowe profile genetyczne „DNA-fingerprinting” metodą SSR na matrycach DNA



TEMAT BADAWCZY 4. Optymalizacja rozmnażania i rozmnożenie (rozklonowanie) *in vitro* siewek (pojedynków) maliny właściwej, wyselekcjonowanych w 2024 roku, w celu założenia II kolekcji i dalszej ich oceny.

- W celu założenia II kolekcji klonów maliny, namnażano i ukorzeniano pędy należące do 30 genotypów oraz 13 form rodzicielskich maliny.
- Genotypy które zostały ustabilizowane w kulturach *in vitro* pochodziły z różnych okresów inicjacji:
 - Pędy 8 pojedynków (BP-202119-02, BP-202108-01, BP-202138-03, BP-202128-03, BP-202128-04, BP-202128-05, BP-202128-06, BP-202128-07) uzyskano z kultur zakładanych wiosną 2024 r.
 - Pędy należące do 10 pojedynków (BP-202118-02, BP-202135-05, BP-202107-02, BP-202110-03, BP-202110-04, BP-202107-07, BP-202108-02, BP-202119-05, BP-202107-08, BP-202119-04) uzyskano z kultur inicjowanych jesienią 2024 r.
 - Pędy należące do 12 pojedynków (BP-202101-02, BP-202128-02, BP-202128-09, BP-202118-01, BP-202119-03, BP-202110-02, BP-202102-01, BP-202107-04, BP-202117-03, BP-202138-05, BP-202107-10, BP-202130-01) uzyskano z kultur inicjowanych wczesną wiosną 2025 r.

Zdjęcia przedstawiające etapy rozwoju rośliny w kulturach *in vitro* i podczas aklimatyzacji do warunków *ex vitro*



WNIOSKI

1. Uzyskanie genotypów maliny o dużych, atrakcyjnych i trwałych owocach oraz bezkolcowych pędach metodą tradycyjnej hodowli krzyżówkowej jest możliwe, wymaga jednak wsparcia wynikami szerszych badań genetyczno-hodowlanych.
2. Owoce ocenianych genotypów maliny bardzo różnią się jakością wewnętrzną, określaną zawartością ekstraktu, polifenoli, antocyjanów, kwasu askorbinowego, kwasu jabłkowego i kwasu cytrynowego.
3. Owoce wielu klonów posiadają zarówno wyższą, jak i niższą zawartość związków chemicznych w porównaniu do odmian rodzicielskich, od których się wywodzą, zatem możliwe jest uzyskanie genotypów maliny, których owoce będą zawierały więcej związków chemicznych, decydujących o ich jakości wewnętrznej, zarówno pod względem ilościowym, jak i jakościowym.
4. Mieszance o potwierdzonym statusie stanowią 100% testowanych mieszańców F_1 maliny właściwej.
5. Uzyskanie odpowiedniej liczby pędów do ukorzenienia zależy od ilości 'zdrowego' materiału inicjalnego oraz jego wysokiego wigoru w kulturach *in vitro*.

PREZENTACJA WYNIKÓW BADAŃ NA KONFERENCJI

Poster prezentowany podczas Konferencji Naukowej „Wyzwania współczesnego ogrodnictwa”, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, 4-6 czerwca 2025 r.



Agnieszka Masny, Jolanta Kubik, Krzysztof Pęzik, Piotr Skreťa
Instytut Ogródnictwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice



WPLYW KRZYŻOWANYCH GENOTYPÓW RODZIELSKICH MALINY WŁAŚCIWEJ (*Rubus idaeus* L.) NA JAKOŚĆ OWOCÓW I KOLCOWOŚĆ PĘDÓW U ICH POTOMSTWA

WSTĘP

Warunkiem wysokiej efektywności prac hodowlanych w celu uzyskania innowacyjnych genotypów maliny właściwej jest m.in. trafny dobór form rodzicielskich do programu uzyskiwania w oparciu o dostępną znajomość ich potencjału genetycznego. W badaniach prowadzonych w Seście Genetycznym Instytutu Ogródnictwa – PIB w Skierniewicach, wykonano ocenę populacji mieszańców maliny, uzyskanych z krzyżowania w układzie czynnikowym 10 odmian matecznych i trzech genotypów ojcowisk.

MATERIAŁY I METODY

Materiał badawczy:

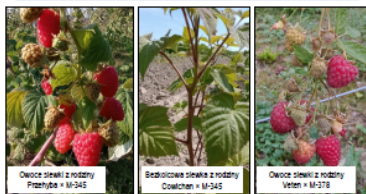
- siewki maliny właściwej uzyskane z krzyżowania w układzie czynnikowym 10 form matecznych ('Glen Ample', 'Przehyba', 'Cowichan', 'Willamette', 'Veten', 'Tulameen', 'Sokolica', 'Canby', 'Schönemann', 'Laszka') oraz trzech form ojcowisk (M-258, M-345 i M-378), a także samozapylenia genotypów matecznych.

Doświadczenie polowe:

- układ bloków losowych, 3 powtórzenia po 15 roślin z każdej rodziny mieszańców, po 5 roślin każdej formy rodzicielskiej.

Ocena cech:

- Wielkość owoców – określano podczas każdego zbioru indywidualnie dla każdej siewki w skali bontacyjnej 1-9, w której 1 to najniższa wartość cechy, zaś 9 – najwyższa wartość cechy.
- Atrakcyjność owoców (kształt, barwa, połysk) – określano podczas każdego zbioru indywidualnie dla każdej siewki w skali bontacyjnej 1-9, w której 1 to najniższa wartość cechy, zaś 9 – najwyższa wartość cechy.
- Pozbiorczą trwałość owoców – po każdym zbiorze owoce zebrane z każdej siewki przetwarzano przez okres 24 godzin w temperaturze pokojowej, a następnie oceniano ich atrakcyjność (biorąc pod uwagę zachowalność kształtu, barwę i połysk oraz brak tendencji do gnicia lub puszczania soku), posługując się skalą bontacyjną 1-9, w której 1 to najniższa wartość cechy, zaś 9 – najwyższa wartość cechy.
- Użytkowość pędów każdej siewki oceniono po zakończonej wegetacji przy użyciu skali bontacyjnej 0-4, w której 0 to brak kolców, a 4 to silna kolcistość. Podczas oceny uwzględniano liczbę kolców, ich wielkość, „agresywność” kolców w środkowej części wszystkich pędów na danej roślinie.



PODSUMOWANIE

Spśród badanych rodzin mieszańców, owocami o najwyższej jakości (wielkość, atrakcyjność i trwałość pozbiorczą) odznaczały się siewki z rodzin 'Przehyba' × M-345 oraz 'Veten' × M-378, a także genotypy rodzicielskie M-258. Najwyższy odsetek genotypów o bezkolcowych pędach stwierdzono w rodzinach 'Cowichan' × M-345 oraz 'Schönemann' × M-378. Całkowicie bezkolcowością pędów charakteryzowały się również genotypy rodzicielskie: 'Glen Ample', M-258, M-345 i M-378.

WYNIKI

Największe owoce wytwarzały siewki z rodzin 'Przehyba' × M-345, 'Cowichan' × M-345, 'Cowichan' × 'Cowichan', 'Veten' × M-345, 'Veten' × M-378, 'Veten' × 'Veten' oraz 'Sokolica' × 'Sokolica', a także genotypy rodzicielskie 'Glen Ample', 'Przehyba', M-258 i M-345. Najbardziej atrakcyjne owoce posiadały genotypy rodzicielskie M-258 i 'Cowichan' oraz siewki 'Przehyba' × M-345, 'Veten' × 'Veten', 'Przehyba' × M-378. Po przechowywaniu w temperaturze pokojowej przez 24 godziny, najlepszą jakością odznaczały się owoce genotypów rodzicielskich M-258, 'Cowichan' × 'Sokolica' a także siewki z rodzin 'Przehyba' × M-345 oraz 'Cowichan' × M-378. Najwyższy procent roślin o bezkolcowych pędach zaobserwowano u rodzin 'Cowichan' × M-345 oraz 'Schönemann' × M-378. Bezkolcowe pędy posiadały również rośliny czterech genotypów rodzicielskich – 'Glen Ample', M-258, M-345 oraz M-378.

Tablica 1. Ocena wybranych cech jakości owoców (wielkość, atrakcyjność, trwałość pozbiorczą) oraz kolcowości pędów siewek należących do 40 rodzin mieszańców oraz ich form rodzicielskich (Skierniewice, 2024 r.)

Numer rodziny mieszańców lub genotypu rodzicielskiego	Rodziciel	Wielkość owoców (skala 1-9)	Atrakcyjność owoców (skala 1-9)	Trwałość owoców (skala 1-9)	Średnia kolcowość pędów (skala 0-4)	Procent siewek odcinających się bezkolcowo na kolcach na pędach	Procent siewek odcinających się bezkolcowo na kolcach na pędach
2023-01	Glen Ample × M-258	4,49	3,09	3,05	0,98	33,3	0,0
2023-02	Glen Ample × M-345	4,63	3,47	3,42	0,99	35,6	0,0
2023-03	Glen Ample × M-378	4,08	3,51	3,37	0,69	51,1	2,2
2023-04	Glen Ample × G. Ample	5,05	3,57	3,33	0,93	31,1	0,0
2023-05	Przehyba × M-258	4,35	3,32	3,29	0,54	53,0	0,0
2023-06	Przehyba × M-345	5,10	3,81	3,79	1,33	15,6	4,4
2023-07	Przehyba × M-378	5,48	3,74	3,59	1,02	37,8	0,0
2023-08	Przehyba × Przehyba	5,48	3,61	3,37	0,98	42,2	0,0
2023-09	Cowichan × M-258	5,12	3,09	3,05	1,22	13,3	2,2
2023-10	Cowichan × M-345	5,79	3,43	3,54	0,07	93,3	0,0
2023-11	Cowichan × M-378	5,25	3,25	3,49	0,76	48,7	0,0
2023-12	Cowichan × Cowichan	5,53	3,11	3,44	0,57	42,2	0,0
2023-13	Willamette × Willamette	3,56	2,83	2,92	1,13	24,4	0,0
2023-14	Willamette × M-345	5,14	3,37	3,34	1,71	2,2	0,0
2023-15	Willamette × M-378	4,57	3,22	3,01	0,44	84,4	0,0
2023-16	Veten × M-258	4,53	2,99	3,11	1,59	17,8	0,0
2023-17	Veten × M-345	5,32	3,21	3,18	1,24	17,8	0,0
2023-18	Veten × M-378	5,56	3,39	3,25	1,04	42,2	2,2
2023-19	Veten × Veten	6,75	3,54	3,52	0,93	40,0	4,4
2023-20	Tulameen × M-258	5,55	3,75	3,48	1,27	26,7	4,4
2023-21	Tulameen × M-345	4,66	3,00	3,03	1,52	11,1	0,0
2023-22	Tulameen × M-378	5,12	3,33	3,25	1,82	4,4	6,7
2023-23	Tulameen × Tulameen	4,55	3,16	3,05	0,84	40,0	0,0
2023-24	Tulameen × Tulameen	5,16	3,21	3,14	1,98	2,2	4,4
2023-25	Sokolica × M-258	4,83	3,24	3,43	1,40	16,9	2,2
2023-26	Sokolica × M-345	5,12	3,24	3,40	0,91	46,9	2,2
2023-27	Sokolica × M-378	5,35	3,20	3,45	1,31	20,0	0,0
2023-28	Sokolica × Sokolica	5,50	3,44	3,35	1,59	24,4	6,7
2023-29	Canby × M-258	4,61	3,36	3,35	1,27	22,2	2,2
2023-30	Canby × M-345	4,96	3,39	3,35	1,11	31,1	0,0
2023-31	Canby × M-378	4,81	3,36	3,52	1,47	20,0	2,2
2023-32	Canby × Canby	5,29	3,49	3,53	1,56	24,4	6,7
2023-33	Schönemann × M-258	3,75	2,96	2,50	1,16	25,6	0,0
2023-34	Schönemann × M-345	4,95	3,25	3,27	1,31	22,2	0,0
2023-35	Schönemann × M-378	4,96	3,30	3,12	0,99	91,1	0,0
2023-36	Schönemann × Schönemann	5,15	3,25	3,21	0,93	37,8	0,0
2023-37	Laszka × M-258	4,06	3,20	3,17	0,18	61,1	6,7
2023-38	Laszka × M-345	5,01	3,63	3,58	1,91	11,1	6,7
2023-39	Laszka × M-378	4,74	3,54	3,33	1,42	11,1	0,0
2023-40	Laszka × Laszka	4,80	3,32	3,32	2,04	13,3	11,1
2023-41	Glen Ample forme mateczne	6,15	3,26	3,23	0,00	100,0	0,0
2023-42	Przehyba forme mateczne	6,57	3,59	3,45	1,73	0,0	0,0
2023-43	Cowichan forme mateczne	5,13	3,62	3,75	1,93	0,0	0,0
2023-44	Willamette forme mateczne	4,48	3,09	3,27	2,87	0,0	26,7
2023-45	Veten forme mateczne	4,57	3,02	2,96	1,53	0,0	0,0
2023-46	Tulameen forme mateczne	4,99	3,62	3,43	2,20	0,0	0,0
2023-47	Sokolica forme mateczne	4,79	3,65	3,73	1,57	0,0	0,0
2023-48	Canby forme mateczne	4,96	3,33	2,99	2,07	0,0	20,0
2023-49	Schönemann forme mateczne	5,24	3,23	3,00	1,57	0,0	0,0
2023-50	Laszka forme mateczne	4,49	3,27	3,10	1,57	0,0	0,0
2023-51	M-258 forme ojcowiska	6,05	4,27	3,94	0,00	100,0	0,0
2023-52	M-345 forme ojcowiska	5,70	3,35	3,24	0,00	100,0	0,0
2023-53	M-378 forme ojcowiska	5,28	3,17	3,10	0,00	100,0	0,0

Doświadczenie prowadzono w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej – Zadanie 42 „Ocena potencjału genetycznego maliny właściwej (*Rubus idaeus* L.) pod względem ważnych cech fenotypowych (zdolność do dwukrotnego owocowania, pozbiorczą trwałość owoców, bezkolcowość, samopłodność) przy zastosowaniu metod konwencjonalnych i biotechnologicznych”.

Abstrakt zamieszczony w materiałach konferencyjnych: Konferencja Naukowa „Wyzwania współczesnego ogrodnictwa”, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin, 4-6 czerwca 2025 r., Streszczenia: 106

Wpływ krzyżowanych genotypów rodzicielskich maliny właściwej (*Rubus idaeus* L.) na jakość owoców i kolcowość pędów u ich potomstwa

AGNIESZKA MASNY, JOLANTA KUBIK, KRZYSZTOF PĘZIK, PIOTR SKRĘTA

Zakład Hodowli Roślin Ogródniczych, Instytut Ogródnictwa – Państwowy Instytut Badawczy
agnieszka.masny@inhort.pl

Przedmiotem badań były siewki maliny właściwej uzyskane z krzyżowania w układzie czynnikowym 10 form matecznych ('Glen Ample', 'Przehyba', 'Cowichan', 'Willamette', 'Veten', 'Tulameen', 'Sokolica', 'Canby', 'Schönemann', 'Laszka'), trzech form ojcowisk (M-258, M-345 i M-378), a także samozapylenia genotypów matecznych. Oceniąco wielkość, atrakcyjność i trwałość pozbiorczą owoców oraz stopień kolcowości pędów. Największe owoce wytwarzały siewki z rodzin 'Przehyba' × M-345, 'Cowichan' × M-345, 'Cowichan' × 'Cowichan', 'Veten' × M-345, 'Veten' × M-378, 'Veten' × 'Veten' oraz 'Sokolica' × 'Sokolica', a także genotypy rodzicielskie 'Glen Ample', 'Przehyba', M-258 i M-345. Najbardziej atrakcyjne owoce posiadały genotypy rodzicielskie M-258 i 'Cowichan' oraz siewki 'Przehyba' × M-345, 'Veten' × 'Veten' i 'Przehyba' × M-378. Po przechowywaniu w temperaturze pokojowej przez 24 godziny, najlepszą jakością odznaczały się owoce genotypów rodzicielskich M-258, 'Cowichan' i 'Sokolica', a także siewki z rodzin 'Przehyba' × M-345 oraz 'Cowichan' × M-378. Najwyższy procent roślin o bezkolcowych pędach zaobserwowano u rodzin 'Cowichan' × M-345 oraz 'Schönemann' × M-378. Bezkolcowe pędy posiadały również rośliny czterech genotypów rodzicielskich – 'Glen Ample', M-258, M-345 oraz M-378.

Badania finansowane przez MRIRW w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej – Zadanie 42 „Ocena potencjału genetycznego maliny właściwej (*Rubus idaeus* L.) pod względem ważnych cech fenotypowych (zdolność do dwukrotnego owocowania, pozbiorczą trwałość owoców, bezkolcowość, samopłodność) przy zastosowaniu metod konwencjonalnych i biotechnologicznych”.

The impact of crossed raspberry (*Rubus idaeus* L.) parental genotypes on the fruit quality and shoot thorniness in their offspring

The subject of the research was the raspberry seedlings obtained from the crossing in a factorial design of 10 maternal forms ('Glen Ample', 'Przehyba', 'Cowichan', 'Willamette', 'Veten', 'Tulameen', 'Sokolica', 'Canby', 'Schönemann', 'Laszka'), three paternal forms (M-258, M-345, M-378), and by self-pollination of mother genotypes. Fruit size, attractiveness, postharvest durability and degree of shoot thorniness were assessed. The largest fruits were produced by seedlings from the families 'Przehyba' × M-345, 'Cowichan' × M-345, 'Cowichan' × 'Cowichan', 'Veten' × M-345, 'Veten' × M-378, 'Veten' × 'Veten', 'Sokolica' × 'Sokolica', and parent genotypes 'Glen Ample', 'Przehyba', M-258 and M-345. The most attractive fruits had M-258 and 'Cowichan' as well as seedlings of 'Przehyba' × M-345, 'Veten' × 'Veten' and 'Przehyba' × M-378. The best fruit quality after storage at room temperature for 24 hours had M-258, 'Cowichan' and 'Sokolica', as well as seedlings of 'Przehyba' × M-345 and 'Cowichan' × M-378. The highest percentage of plants with thornless shoots was observed in 'Cowichan' × M-345 and 'Schönemann' × M-378 families. Four parent genotypes: 'Glen Ample', M-258, M-345 and M-378 also had thornless shoots.

Research financed by MA&RD as part of basic research for biological progress in plant production – Task 42 “Assessment of the genetic potential of raspberry (*Rubus idaeus* L.) in terms of important phenotype features (ability to double fruit ripening period, postharvest durability, thornless, selflessness) using conventional and biotechnological methods”.

