



II Ogólnopolska Konferencja Naukowa
„Nauka dla Postępu Biologicznego”
Lublin / Janów Lubelski
20–22.04.2026 r.

STRESZCZENIA



**Ministerstwo Rolnictwa
i Rozwoju Wsi**

Patronat honorowy
Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi
Stefana Krajewskiego

Lublin 2026

Badania nad opracowaniem systemu transformacji genetycznej i edycji genomu z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9 u borówki wysokiej (*Vaccinium corymbosum* L.)

Danuta Wójcik, Aleksandra Trzewik, Justyna Trzeciak, Anita Kuras, Stanisław Pluta, Ewelina Wojciechowska

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

Borówka wysoka (*Vaccinium corymbosum* L.) jest ważnym gospodarczo gatunkiem uprawianym komercyjnie w Polsce. Wyzwania stojące przed hodowcami borówki wysokiej to przede wszystkim uzyskanie nowych odmian, łączących w sobie pożądane cechy takie jak odporność na stropy biotyczne i abiotyczne, wysoka jakość owoców (w tym zawartość związków prozdrowotnych) oraz ich długa trwałość pozbiorcza. Rozwój nowych technik genomowych, w tym techniki edycji genomu z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas, umożliwia precyzyjne modyfikacje genów odpowiedzialnych za wyżej wymienione cechy, co daje nowe możliwości w hodowli roślin uprawnych.

Do badań nad opracowaniem systemu transformacji genetycznej i edycji genomu borówki wysokiej wybrano klony hodowlane 17A i 21A, pochodzące z programu hodowlanego Zakładu Hodowli Roślin Ogrodniczych IO-PIB. Dla obu genotypów przeprowadzono optymalizację regeneracji pędów przybyszowych z wykorzystaniem eksplantatów liściowych, na pożywkach zawierających różne stężenia cytokinin (zeatyna, TDZ, BAP) zastosowanych pojedynczo lub łącznie z auksyną (IAA, NAA, NAA) oraz w różnych warunkach świetlnych. Przeprowadzono ocenę skuteczności transformacji genetycznej za pośrednictwem szczepu *Agrobacterium tumefaciens* LBA 4404 niosącego plazmid binarny pCambia z genem reporterowym *gus*, kodującym β -glukuronidazę. Dla genotypu 17A potwierdzono aktywność β -glukuronidazy w transformowanych eksplantatach w reakcji histochemicznej z X-Gluc.

Jako gen docelowy do opracowania systemu edycji genomu borówki wysokiej wybrano gen kodujący desaturazę fitoenuową (*pds*), enzym zaangażowany w biosyntezę karotenoidów. Przeprowadzono sekwencjonowanie cDNA genu *pds* obu genotypów borówki wysokiej posiadając się sekwencją tego genu z jagody leśnej (*Vaccinium myrtillus*), dostępną w bazie danych Genome Database for *Vaccinium* (GDV). Poznana sekwencja *pds* borówki o długości 1429 pz wykazuje podobieństwo do sekwencji genu *pds* jagody leśnej na poziomie 97,1%. Dla uzyskanych sekwencji zaproponowano 4 cząsteczki sgRNA do edycji z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9.

Badania wykonano w ramach zadań celowych finansowanych przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Zadanie nr 3.18 pt. „Opracowanie systemu edycji genomu techniką CRISPR/Cas oraz optymalizacja metod regeneracji i transformacji wybranych gatunków roślin jagodowych”.