



Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Agrobioinżynierii,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin, Polska
e-mail: aneta.kramek@up.lublin.pl

Aneta Kramek 

Ochrona zasobów genowych roślin uprawnych w Polsce na przykładzie kolekcji pszenżyta. Artykuł przeglądowy

The protection of crop plants genetic resources in Poland on the example
of triticale collection. A review

Abstrakt. Od ponad stu lat wśród odmian roślin uprawnych widoczne jest zmniejszanie się różnorodności biologicznej. Zjawisko to, określane mianem erozji genetycznej roślin uprawnych, jest niepokojące i niebezpieczne w kontekście przyszłości człowieka na Ziemi. Racjonalne wykorzystanie oraz odpowiednia ochrona istniejącej bioróżnorodności, także wśród roślin uprawnych, są zatem konieczne, szczególnie w obliczu postępujących zmian klimatycznych. Zasoby genowe roślin uprawnych stanowią bowiem biologiczną podstawę bezpieczeństwa dla światowego rolnictwa i żywienia rosnącej liczby ludności. Odgrywają również kluczową rolę w hodowli nowych odmian, stanowiąc bogate źródło zmienności genetycznej cech użytkowych i odporności. W realizacji tych zadań dużą rolę odgrywają kolekcje roślin użytkowych, w których zgromadzone są obiekty reprezentujące szeroki zakres zmienności cech ważnych dla hodowli i rolnictwa, co w niniejszej pracy zostało przedstawione na przykładzie polskiej kolekcji pszenżyta.

Słowa kluczowe: kolekcja pszenżyta, roślinne zasoby genowe, różnorodność biologiczna

WSTĘP

W latach 60. XX w. ogólnowswiatowa promocja nowych wysokowydajnych odmian roślin uprawnych i związanych z nimi praktyk rolniczych w ramach „zielonej rewolucji”,

Cytowanie: Kramek A., 2025. Ochrona zasobów genowych roślin uprawnych w Polsce na przykładzie kolekcji pszenżyta. Artykuł przeglądowy. Agron. Sci. 80(2), 17–30. <https://doi.org/10.24326/as.2025.5500>

argumentowanej przez jej zwolenników jako niezbędnej do rozwiązania problemu głodu, zapewnienia stabilności gospodarczej i zabezpieczenia sojuszy politycznych, była głównym czynnikiem przyspieszającym zastępowanie lokalnych odmian roślin uprawnych i niszczenie siedlisk ich dzikich krewnych. W tym też czasie na forum Organizacji Narodów Zjednoczonych ds. Wyżywienia i Rolnictwa (FAO) po raz pierwszy tę dramatyczną utratę zasobów genowych określono jako erozję genetyczną [van de Wouw i in. 2010, Fenzi i Bonneau 2016, Khoury i in. 2022]. Dotychczasowy proces zanikania gatunków był w dużym stopniu zjawiskiem naturalnym, ale obecnie wywołuje go przede wszystkim działalność człowieka. Główną przyczyną erozji genetycznej są zmiany w sposobach gospodarowania (modernizacja i intensyfikacja rolnictwa) oraz wprowadzanie nowych odmian. Erozję genetyczną przyspieszają również takie zjawiska jak: nierównoważona eksploatacja zasobów przyrodniczych przez człowieka, pojawianie się nowych chorób i szkodników w rejonach wcześniej izolowanych, urbanizacja i rozwój przemysłu, przemiany ekonomiczne i społeczne, a także polityka państw i przepisy w nich obowiązujące [Stankiewicz 1992, Hodun i Podyma 2009, Cardinale i in. 2012, Girma 2017, Thormann 2022].

Świadomość postępującej erozji genetycznej była jednym z bodźców do gromadzenia i ochrony istniejącej zmienności genetycznej [Kotlińska i Świącicki 2004, Fenzi i Bonneau 2016, Khoury i in. 2022]. 5 czerwca 1992 r. na Szczycie Ziemi w Rio de Janeiro uchwalono Konwencję o różnorodności biologicznej (ang. Convention on Biological Diversity – CBD), która jako najważniejsze globalne porozumienie dotyczące przyrody, zmieniła poglądy na temat jej ochrony, ponieważ nie tylko potwierdziła konieczność zachowania dziko żyjących gatunków roślin i zwierząt, ale również wskazała na potrzebę ochrony odmian roślin uprawnych i ras zwierząt hodowlanych wytworzonych przez człowieka, gdyż to właśnie w nich znajduje się duża część współczesnych zasobów genetycznych biosfery. Dlatego też „ochrona różnorodności biologicznej, zrównoważone użytkowanie jej elementów oraz uczciwy i sprawiedliwy podział korzyści wynikających z wykorzystywania zasobów genetycznych, w tym przez odpowiedni dostęp do zasobów genetycznych i odpowiedni transfer właściwych technologii, z uwzględnieniem wszystkich praw do tych zasobów i technologii, a także odpowiednie finansowanie” to trzy równorzędne cele CBD [Konwencja o różnorodności biologicznej]. Konwencja nie stanowi międzynarodowego prawa o ochronie bioróżnorodności, ale odwołuje się do świadomości społecznej państw i narodów, nakładając na nie moralny obowiązek racjonalnego gospodarowania zasobami biosfery dla dobra ludzkości. Uzupełnia ją Protokół Kartageński o bezpieczeństwie biologicznym podpisany 29 stycznia 2000 r. w Montrealu [Protokół Kartageński...] oraz Protokół dotyczący dostępu do zasobów genetycznych oraz uczciwego i sprawiedliwego podziału korzyści wynikających z ich wykorzystania podpisany 29 października 2010 r. w Nagoi [Protokół z Nagoi].

W niniejszej pracy omówiono, na podstawie danych z literatury, znaczenie roślinnych zasobów genowych w ochronie różnorodności biologicznej ze szczególnym uwzględnieniem zasobów genowych zgromadzonych w kolekcji pszenżyta.

Zasoby genowe roślin uprawnych w ochronie różnorodności biologicznej

Termin „zasoby genowe” („zasoby genetyczne”) w kontekście roślin uprawnych pojawił się po raz pierwszy na przełomie lat 70. i 80. XX w., kiedy to Jack Harlan zwrócił uwagę na niebezpieczny trend w rolnictwie związany z szybko rosnącym udziałem nowoczesnych, wysokopłennych, ale mało zróżnicowanych genetycznie odmian w uprawach

rolniczych kosztem odmian starych, lokalnych, słabiej plonujących, ale bardziej różnorodnych pod względem genetycznym [Harlan 1975, Gryziak 2020, Khoury i in. 2022]. Ten problem dotyczy również polskiego rolnictwa, a jego konsekwencją są rosnące koszty utrzymania równowagi ekologicznej w agroekosystemach i coraz mniejsze możliwości adaptacji, modyfikowania i wykorzystywania istniejącej różnorodności biologicznej [Kotlińska i Świącicki 2004].

Zasoby genowe roślin uprawnych (ang. plant genetic resources, PGR) definiowane są jako materiał genetyczny posiadający faktyczną lub potencjalną wartość [Konwencja o różnorodności biologicznej]. Mają one kluczowe znaczenie dla zaspokajania zarówno obecnych, jak i nieprzewidzianych, przyszłych potrzeb człowieka nie tylko w zakresie hodowli roślin, ale również dotyczących m.in. zdrowia, ochrony środowiska. Stanowią więc biologiczną podstawę bezpieczeństwa dla światowego rolnictwa i wyżywienia wzrastającej populacji ludzkiej na świecie. Zasoby genowe to zarówno stare i nowe odmiany roślin uprawnych, jak również dzikie taksony spokrewnione z roślinami uprawnymi oraz prymitywne gatunki, które są źródłem zmienności genetycznej wykorzystywanej przez hodowców jako materiał wyjściowy do tworzenia nowych odmian. Stanowią również zabezpieczenie przed szkodliwymi zmianami klimatu czy nowymi formami biologicznymi patogenów [Świącicki i Podyma 1998, Kotlińska i Świącicki 2004, Tyagi i Agrawal 2015, Kramek i Kociuba 2017].

Główny ciężar związany z odpowiedzialnością za gromadzenie, regenerację, ochronę, charakterystykę, ocenę, dokumentowanie i dystrybucję plazmy zarodkowej spoczywa na bankach genów. Są one „magazynami” roślinnych zasobów genowych. Obecnie na całym świecie istnieje ponad 1750 banków genów, w których zgromadzono ponad 7,4 mln obiektów. Długoterminowa ochrona *ex situ* tak ogromnej liczby obiektów to misja i jednocześnie wyzwanie, aby zapewnić ludziom bezpieczeństwo żywnościowe i zachować bioróżnorodność [FAO 2010, Tyagi i Agrawal 2015, Boczkowska i in. 2018].

Nadrzędnym celem ochrony zasobów genowych roślin uprawnych jest zatem zachowanie istniejącej różnorodności biologicznej, która jest podstawą normalnego funkcjonowania ekosystemów i całej biosfery, a także dostarczanie hodowcom materiału wyjściowego charakteryzującego się jak najszerszym spektrum zmienności genetycznej, ponieważ „ochrona oraz zrównoważone użytkowanie różnorodności biologicznej są wspólną sprawą ludzkości” [Konwencja o różnorodności biologicznej], a ponadto są istotnym czynnikiem zwiększania produkcji roślinnej [Świącicki i Podyma 1998, Kotlińska i Świącicki 2004]. Główną rolę w zachowaniu różnorodności biologicznej odgrywają banki genów i kolekcje roślin uprawnych [Harlan 1975].

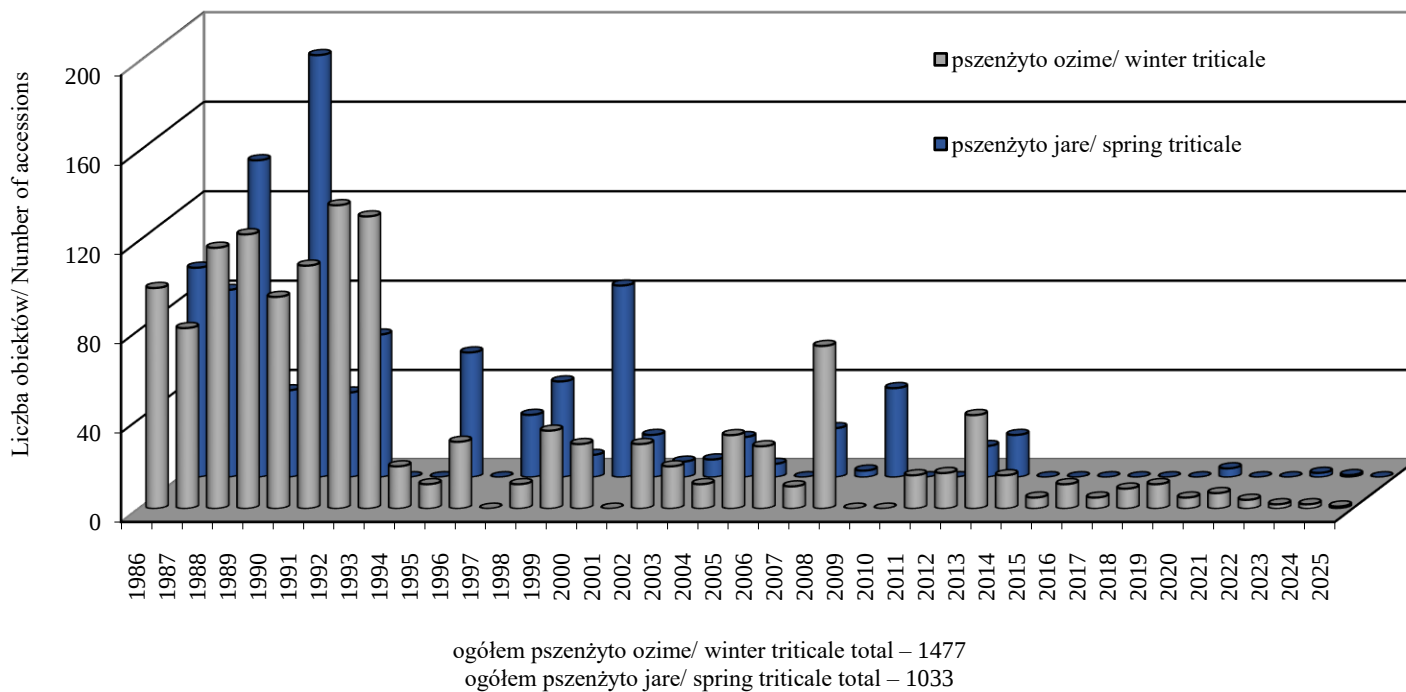
Gromadzenie i przechowywanie zasobów genowych pszenżyta w Polsce

Pszenżyto (*×Triticosecale* Wittm. ex A. Camus) to sztucznie wytworzony mieszaniec międzyrodzajowy. Powstał on w wyniku krzyżowania samopylnej pszenicy (*Triticum* ssp.) z obcopolnym żytem (*Secale* ssp.) i dzięki temu łączy w sobie wysoki potencjał plonotwórczy i korzystne cechy jakościowe ziarna pszenicy z małymi wymaganiami glebowymi i dobrą odpornością na czynniki stresowe środowiska żyta. Charakteryzuje się również szerokim zakresem adaptacji do miejscowych warunków siedliskowych. Jest na ogół

bardziej konkurencyjne w stosunku do chwastów niż pszenica i wykazuje lepszą tolerancję na suszę i szkodniki w porównaniu z formami rodzicielskimi [Oettler 2005, Erekul i Köhn 2006, Beres i in. 2010, Goyal i in. 2011, Kramek i Kociuba 2013].

Dla zapewnienia trwałego postępu w hodowli roślin niezbędne jest zachowanie zmienności genetycznej, która może być w przyszłości wykorzystana jako cenny materiał wyjściowy w programach hodowlanych. W dobie nasilającej się erozji genetycznej, która przejawia się ubożeniem zmienności m.in. na skutek wzrostu liczby nowych, genetycznie jednorodnych odmian, coraz większego znaczenia nabiera potrzeba nie tylko gromadzenia, ale i skutecznej ochrony zasobów genowych roślin uprawnych [Stankiewicz 1992, Kociuba 2000]. Duża rotacja odmian sprawia, że materiały hodowlane lub ekotypy reprezentujące naturalną lub indukowaną zmienność mogą zostać bezpowrotnie utracone [Nalborczyk 1995]. Ten problem dotyczy również pszenżyta. Zdaniem Kociuby [2000], wiele wytworzonych przez hodowców materiałów zaprzepaszczono, mimo że reprezentowały one szerokie spektrum zmienności cech użytkowych. Aby zapobiec temu zjawisku, od 1982 r. w Akademii Rolniczej w Lublinie (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy), w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin rozpoczęto prace związane z tworzeniem polskiej kolekcji pszenżyta. Krajowym koordynatorem prac, które są realizowane w ramach programu ochrony roślinnych zasobów genowych roślin użytkowych, jest Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG) IHAR – PIB w Radzikowie. W początkowym okresie głównym celem tych prac było przede wszystkim systematyczne gromadzenie zasobów genowych pszenżyta, czyli wszystkich genetycznych kombinacji wytworzonych w procesie hodowli, tj. nowych zarejestrowanych w danym roku odmian, a także odmian wykreślanych z rejestru oraz wartościowych materiałów hodowlanych, które pochodziły zarówno z krajowych, jak i z zagranicznych ośrodków hodowli tego zboża [Kociuba 2000, 2010, Kociuba i Kramek 2014, Kramek i Kociuba 2017, 2020]. Przez ponad 40 lat istnienia kolekcji udało się w ten sposób pozyskać i zabezpieczyć ponad 2500 obiektów pszenżyta. Są one przechowywane w formie nasion w klimatyzowanej przechowalni KCRZG IHAR – PIB w Radzikowie. Jest to jedyna w Polsce jednostka, która posiada tak dużą przechowalnię nasion, w skład której wchodzi trzy komory do długoterminowego przechowywania w temperaturze -18°C oraz pięć komór do średnio-terminowego przechowywania w temperaturze 0°C . Takie warunki umożliwiają utrzymanie nasion w stanie żywym oraz zachowanie czystości genetycznej zasobów genowych roślin użytkowych, a także innych gatunków roślin, które są ważne z punktu widzenia wyżywienia i rolnictwa [Czembor i in. 2017]. Jednak nawet w tak zoptymalizowanych warunkach przechowywania proces starzenia nasion nie zostaje całkowicie zahamowany, a jedynie spowolniony, co sprawia, że nasiona zdeponowane w bankach genów wymagają regeneracji [Boczkowska i in. 2018]. Zgodnie z rekomendacją FAO [2014] i ISTA [2015] regeneracja powinna być przeprowadzona wtedy, gdy żywotność nasion spadnie poniżej 85% żywotności początkowej lub gdy ilość nasion w przechowalni jest mniejsza niż wymagana dla trzech wysiewów reprezentatywnej populacji danego obiektu. Ocena zmian żywotności nasion poszczególnych gatunków roślin poddanych długotrwałemu przechowywaniu powinna być przeprowadzona w sposób precyzyjny i wiarygodny.

Jak wynika z danych przedstawionych na rycinie 1, najwięcej obiektów pszenżyta (60% całej kolekcji) zgromadzono i przekazano do przechowalni w latach 1986–1993. Było to odpowiednio: 891 obiektów pszenżyta ozimego i 650 obiektów pszenżyta jarego.



Ryc. 1. Dynamika gromadzenia obiektów kolecyjnych pszenżyta ozimego i jarego
Fig. 1. The dynamic of collection of winter and spring triticale accessions

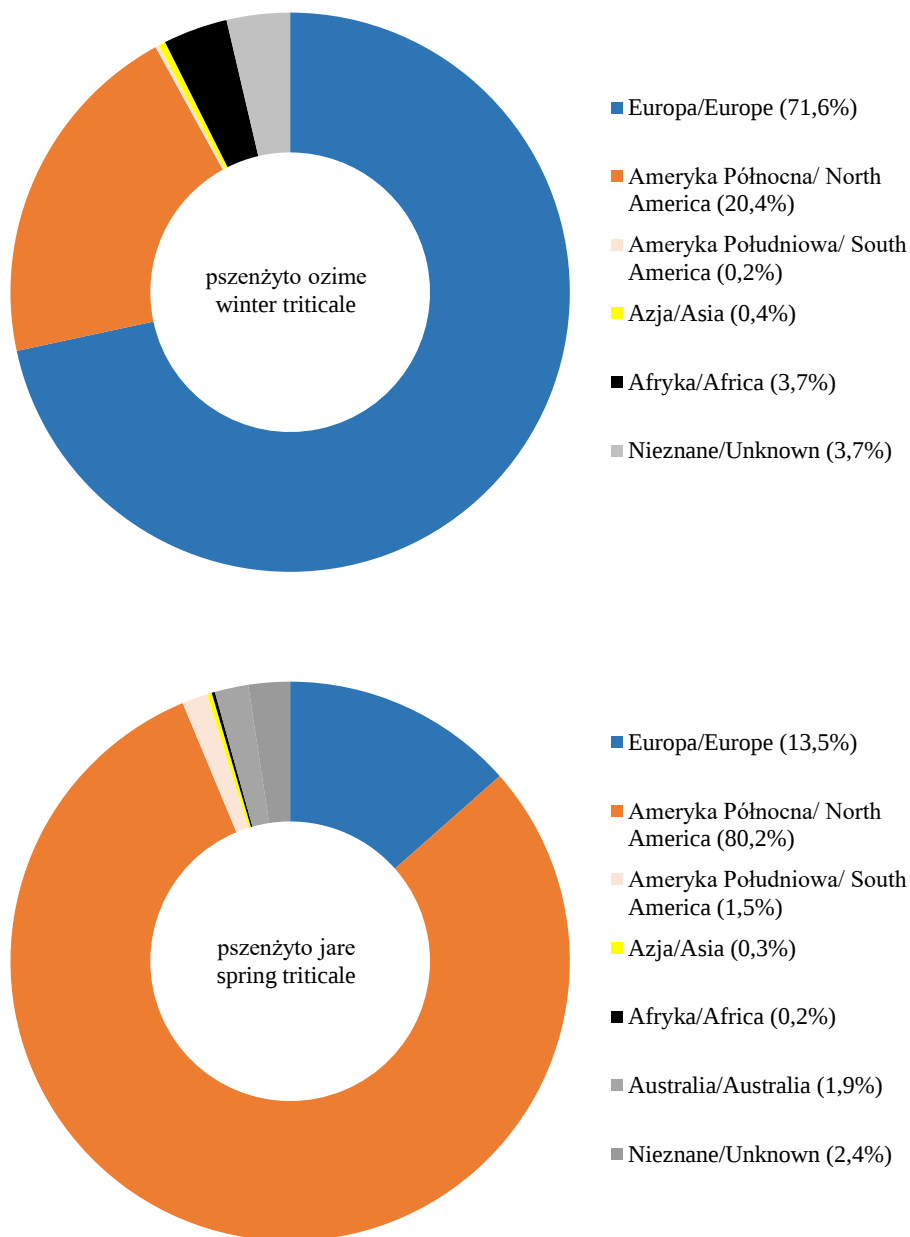
W kolejnych latach tempo gromadzenia nowych obiektów zaczęło spadać. Obiekty zgromadzone w ostatnich 10 latach to głównie najnowsze krajowe odmiany hodowlane, które stanowią zaledwie 2,7% zbiorów kolekcyjnych. Ta spadkowa tendencja związana jest przede wszystkim ze zmniejszającą się liczbą nowych obiektów zasługujących na włączenie ich do kolekcji. Zgromadzone obiekty pszenżyta pochodzą z różnych regionów świata. W kolekcji pszenżyta ozimego największy udział (71,6%) stanowią obiekty z europejskich ośrodków hodowlanych, z czego aż 59,5% reprezentuje krajowe ośrodki hodowlane, natomiast w kolekcji pszenżyta jarego najwięcej obiektów (80,2%) pochodzi z Ameryki Północnej, w tym 48,7% z Meksyku (ryc. 2 i 3).

Metodyka oceny krajowych zasobów genowych pszenżyta

Zgromadzone zasoby genowe pszenżyta, podobnie jak kolekcje innych gatunków roślin uprawnych, były w przeszłości i są obecnie przedmiotem systematycznej oceny i charakterystyki prowadzonej z zastosowaniem standardowych obserwacji i pomiarów ważniejszych cech użytkowych pozwalających na określenie nowej zmienności [Kociuba 2000, 2010, Kociuba i in. 2010, 2012, 2018, Kramek i Kociuba 2013, 2014, 2017, 2020, Ukalska i Kociuba 2013]. Obiekty kolekcyjne pszenżyta ozimego i jarego są corocznie wysiewane w Gospodarstwie Doświadczalnym w Czesławicach koło Nałęczowa na glebie lessowej o podłożu brunatnym. Siew wykonywany jest ręcznie na 5-rzędkowych poletkach o powierzchni 2 m². W okresie wegetacji roślin na wszystkich obiektach pszenżyta notowane są daty wschodów, kłoszenia i dojrzałości pełnej roślin w oparciu o skalę BBCH wykorzystywaną w krajach Unii Europejskiej do identyfikacji faz rozwojowych roślin uprawnych. Na podstawie ustalonych terminów występowania ww. faz rozwojowych oblicza się długość okresu od wschodów do pełni kłoszenia oraz od wschodów do dojrzałości pełnej.

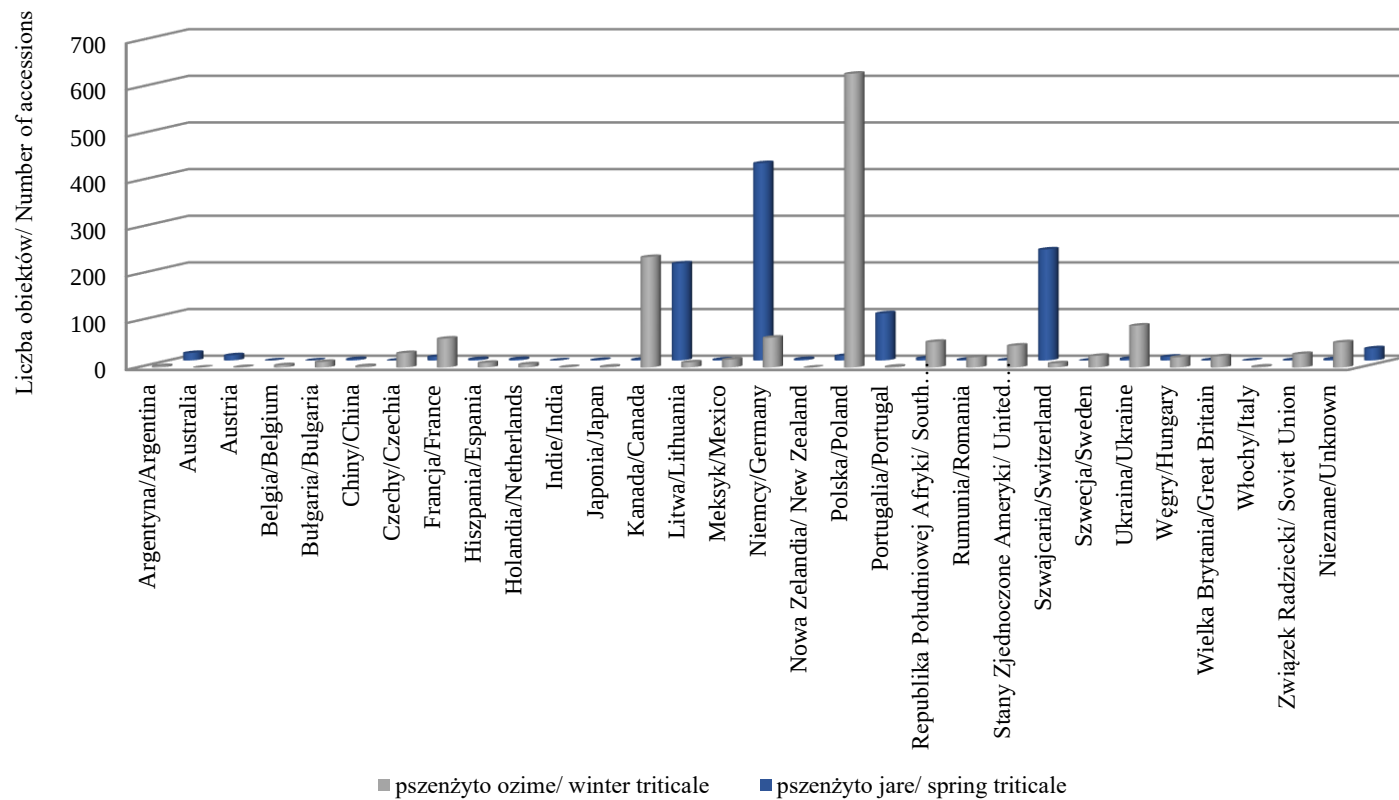
Corocznie, na podstawie 9-stopniowej skali wg COBORU, w której ocena 9 oznacza stan najkorzystniejszy z rolniczego punktu widzenia, zaś ocena 1 – stan najmniej korzystny, przeprowadzana jest ocena wschodów ozimych i jarych obiektów pszenżyta oraz ocena przezimowania obiektów ozimych. Posługując się ww. skalą, na obu kolekcjach oceniane jest również wyleganie roślin oraz przeprowadzana jest bonitacja stopnia porażenia roślin przez choroby grzybowe liści (mączniak prawdziwy, rdza brunatna, rdza żółta, septorioza liści) i kłosów (septorioza i fuzarioza). Analiza wyników oceny zdrowotności roślin przeprowadzana jest w oparciu o klasyfikator SEV [Szirokić unificirovannyj klassifikator SEV... 1974], według którego obiekty z oceną 7–9 zalicza się do odpornych, ocena 5–6 oznacza średnią odporność, natomiast niższe oceny świadczą o dużej wrażliwości.

W okresie pełnej dojrzałości mierzona jest wysokość roślin w trzech losowo wybranych miejscach na każdym poletku. Następnie z każdego obiektu wybiera się losowo po 20 kłosów, na których dokonuje się pomiaru następujących cech: długość kłosa, liczba kłosków w kłosie, liczba i masa ziarn z kłosa, płodność kłoska oraz masa 1000 ziarn. Natomiast oznaczenie zawartości białka w ziarnie wykonywane jest metodą Kjeldahla w analizatorze Kjeltec (FOSS) w Centralnym Laboratorium Badawczym Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, stosując współczynnik azot/białko = 6,25.



Ryc. 2. Pochodzenie obiektów kolekcyjnych pszenżyta

Fig. 2. The origin of triticale collection accessions



Ryc. 3. Liczba zgromadzonych obiektów kolekcyjnych pszenżyta według kraju pochodzenia
 Fig. 3. The number of triticale collection accessions collected by country of origin

Zgromadzone na podstawie wieloletnich obserwacji i pomiarów wyniki dotyczące charakterystyki i oceny polowej odporności obiektów pszenżyta na stresowe czynniki środowiska, w tym na choroby grzybowe liści i kłosów oraz poziomu ważniejszych cech użytkowych, po opracowaniu statystycznym, stanowią bogate źródło informacji na temat zmienności w obrębie rodzaju *×Triticosecale*, która może być wykorzystana w pracach hodowlanych.

Charakterystyka i wykorzystanie zasobów genowych pszenżyta

Należy podkreślić, że od czasu utworzenia kolekcji pszenżyta obserwowano coraz większe zainteresowanie zgromadzonymi w niej obiektami. Systematycznie wzrastało również wykorzystanie krajowych obiektów kolekcyjnych pszenżyta, a głównymi ich użytkownikami byli polscy hodowcy [Podyma 1998]. Rosnące zapotrzebowanie na surowce żywnościowe oraz wzrost świadomości ekologicznej społeczeństwa przyczyniły się do wzrostu zainteresowania pszenżystem nie tylko jako zbożem paszowym, ale również konsumpcyjnym, a także przydatnym w produkcji biopaliw [McGoverin i in. 2011, Kramek i Kociuba 2020].

Obiekty kolekcyjne pszenżyta, ze względu na dużą różnorodność, były często wykorzystywane w pracach badawczych dotyczących zarówno analizy cech użytkowych [Kociuba 2000, 2010, Kociuba i in. 2012, 2018, Kociuba i Kramek 2014, Ukalska i Kociuba 2013] z uwzględnieniem wielowymiarowej oceny zmienności fenotypowej [Kociuba i in. 2010, Ukalska i in. 2010a, 2010b], jakościowych [Kramek i Kociuba 2020, Dziaki i in. 2023], odporności na choroby [Kociuba 1994, 1997, Kociuba i Kramek 2014, Kramek i Kociuba 2014], jak i zmienności na poziomie genetycznym [Kramek 2008, Kramek i Paczos-Grzęda 2010, Kramek i Okoń 2014].

Wieloletnie wyniki oceny i charakterystyki obiektów pszenżyta ozimego i jarego, które zostały przedstawione w wielu publikacjach [Kociuba 2000, 2010, Kociuba i in. 2010, 2012, 2018, Kociuba i Kramek 2014, Kramek i Kociuba 2013, 2014, 2017, Ukalska i Kociuba 2013] pozwalają na stwierdzenie, że zgromadzony materiał kolekcyjny pszenżyta reprezentuje szerokie spektrum zmienności analizowanych cech użytkowych i odpornościowych. Autorzy ww. publikacji podkreślają, że krajowe zasoby genowe pszenżyta są zróżnicowane szczególnie pod względem komponentów plonu, a największą zmiennością charakteryzują się liczba i masa ziarn z kłosa. Potwierdzają to m.in. badania Kociuby [2000], z których wynika, że współczynniki zmienności (CV) dla wskazanych cech w zależności od analizowanych lat badań kształtowały się na poziomie od 13,5% do 31,7% dla liczby ziarn w kłosie oraz od 13,8% do 37,7% dla masy ziarn z kłosa. Z kolei badania przeprowadzone przez Kramek i Kociubę [2017] wykazały największą zmienność dla masy ziarn z kłosa zarówno u nowych odmian (CV = 14,3%), jak również u obiektów starszych (CV = 27,1%). Natomiast Qualset i in. [1996], analizując ok. 3000 obiektów pszenżyta pochodzących z 12 kolekcji roboczych z Kanady, Meksyku i USA, zwrócili uwagę przede wszystkim na duży zakres zmienności cech ilościowych i morfologicznych badanych obiektów pszenżyta.

Starsze materiały zgromadzone w kolekcji pszenżyta stanowią wartościowe źródło zawartości białka w ziarnie oraz wysokiej masy ziarn z kłosa i MTZ. Można wśród nich wskazać obiekty, dla których wartości ww. cech przekraczały odpowiednio: 14%, 3,5 g

i 55 g. Z kolei nowe polskie odmiany włączone do kolekcji reprezentują nową zmienność dotyczącą zawartości białka w ziarnie i związanych z nią cech użytkowych w obrębie rodzaju *×Triticosecale*, przez co mogą stanowić interesujący materiał w pracach hodowlanych i badawczych [Kramek i Kociuba 2020]. Zasoby genowe pszenżyta były również analizowane pod kątem przydatności ziarna do mielenia oraz aktywności przeciwutleniającej ziarna [Dziki i in. 2023]. Autorzy wykazali m.in., że właściwa energia mielenia, wskaźnik mielenia Sokołowskiego, rozkład wielkości cząstek i średnia wielkość cząstek zależały przede wszystkim od odmiany, co daje możliwość wyselekcjonowania form przydatnych do produkcji różnych produktów zbożowych.

Charakterystyka zasobów genowych pszenżyta obejmuje również wieloletnią polową ocenę odporności na choroby grzybowe liści i kłosów, takie jak: mączniak prawdziwy, rdza brunatna i żółta, septorioza liści i kłosów oraz fuzarioza kłosów. Uzyskane wyniki wskazują na zróżnicowanie obiektów kolekcyjnych pod względem odporności na ww. czynniki chorobotwórcze w latach badań. W zgromadzonym materiale można wskazać obiekty niosące kompleksową odporność na choroby, które są najcenniejsze z punktu widzenia hodowli i rolnictwa [Kociuba 1994, 1997, Kramek i Kociuba 2017].

Postęp w hodowli nowych odmian pszenżyta wiąże się z właściwym doбором form rodzicielskich do krzyżowania. Jednak dobre odmiany, wytworzone w jednym cyklu hodowli, stają się najczęściej materiałem wyjściowym do hodowli nowych odmian. Tworząc coraz lepsze odmiany, zawęża się ich skład genetyczny, zmniejszając tym samym właściwości adaptacyjne roślin. Dlatego ważne jest, aby nie tylko zabezpieczać cenne źródła zmienności w bankach genów, ale również korzystać z tej zmienności w programach hodowlanych. Jednym z narzędzi, które ułatwia właściwy dobór komponentów do krzyżowania są wyniki analiz dystansu genetycznego bazujące na różnych systemach markero- wych. Takie badania przeprowadzono również w kolekcji pszenżyta, a ich wyniki jednoznacznie potwierdzają, że polskie odmiany tego zboża charakteryzują się dużym podobieństwem genetycznym [Kramek 2008, Kramek i Paczos-Grzęda 2010, Kramek i Okoń 2014].

Roślinne zasoby genowe są prawnie chronione na mocy umów międzynarodowych. Stanowią one dziedzictwo ludzkości, a zatem korzyści płynące z ich wykorzystania muszą być sprawiedliwie dzielone. Szacuje się, że wykorzystanie roślinnych zasobów genowych przynosi wielomiliardowe dochody na całym świecie [Gryziak 2020]. Jak podają Brennan i Malabayabas [2011], wykorzystanie zasobów zgromadzonych w bankach genów do wytwarzania nowych odmian roślin uprawnych i bazującej na nich produkcji roślinnej przyczyniło się m.in. do wzrostu dochodu o 1,46 mld USD w Indonezji, Wietnamie i na Filipinach, co potwierdza ogromny potencjał ekonomiczny roślinnych zasobów genowych. Zdaniem Gryziaka i in. [2017] rosnący udział odbiorców indywidualnych w dystrybucji prób obiektów zgromadzonych w banku genów z jednej strony pozytywnie wpływa na zatrzymanie lub spowolnienie erozji genetycznej, z drugiej zaś stanowi zagrożenie ze względu na możliwość wyczerpania zasobów nasion oraz utraty tożsamości genetycznej w wyniku częstej regeneracji obiektów. Na podstawie przeprowadzonej analizy jakościowej i ilościowej dystrybucji i wykorzystania zasobów genowych KCRZG ww. autorzy wskazują na potrzebę badań nad trwałością zachowywania i wykorzystania udostępnianych prób obiektów.

PODSUMOWANIE

Różnorodność genetyczna roślin uprawnych jest kluczowym elementem prawidłowego funkcjonowania każdego systemu produkcji rolnej, szczególnie w obliczu odczuwalnych już zmian klimatycznych lub w przypadku pojawienia się nowych chorób czy szkodników. Kolekcje roślin użytkowych, w tym m.in. kolekcja pszenżyta, są rezerwuarem zmienności, po którą powinni sięgać hodowcy, tworząc nowe odmiany, ponieważ zgromadzone w kolekcjach obiekty posiadają unikalne właściwości i cechy genetyczne. Ochrona tej zmienności powinna stać się głównym przesłaniem w programach edukacyjnych i w działaniach na rzecz podnoszenia świadomości społecznej. Stanowi ona bowiem podstawę produktywności, odporności i zdolności adaptacyjnych roślin uprawnych do stale zmieniających się warunków środowiskowych.

PIŚMIENNICTWO

- Beres B.L., Harker K.N., Clayton G.W., Bremer E., Blackshaw R.E., Graf R.J., 2010. Weed competitive ability of spring and winter cereals in the Northern Great Plains. *Weed Technol.* 2, 108–116. <http://dx.doi.org/10.1614/wt-d-09-00036.1>
- Boczkowska M., Rucińska A., Targońska-Karasek, M., Olszak M., Niedzielski M., Rakoczy-Trojanowska M., 2018. Starzenie się nasion – złożony problem banków genów. *Praca przeglądowa. Agron. Sci.* 73(4), 15–26. <http://dx.doi.org/10.24326/asx.2018.4.2>
- Brennan J.P.I., Malabayabas A., 2011. International Rice Research Institute's contribution to rice varietal yield improvement in South-East Asia. *ACIAR Impact Assessment Series Report 74*. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra.
- Cardinale B.J., Duffy J.E., Gonzalez A., Hooper D.U., Perrings C., Venail P., Narwani A., Mace G.M., Tilman D., Wardle D.A., Kinzig A.P., Daily G.C., Loreau M., Grace J.B., Larigauderie A., Srivastava D.S., Naeem S., 2012. Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature* 486, 59–67.
- Czembor J.H., Gryziak G., Zaczyński M., Puchta M., Czembor E., 2017. Gromadzenie i zachowanie zasobów genowych roślin użytkowych w Polsce – artykuł przeglądowy. Część 2. Przechowywanie zasobów genowych w formie nasion, prowadzenie herbarium, baz danych i udostępnianie zasobów genowych. *Agron. Sci.* 72(4), 147–154. <https://doi.org/10.24326/as.2017.4.14>
- Dziki D., Hassoon W.H., Kramek A., Krajewska A., 2023. Grinding characteristics of new varieties of winter triticale grain. *Processes* 11(5), 1477. <https://doi.org/10.3390/pr11051477>
- Ereku O., Köhn W., 2006. Effect of weather and soil conditions on yield components and bread-making quality of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) and winter triticale (*Triticosecale* Wittm.) varieties in north-east Germany. *J. Agron. Crop Sci.* 192, 452–464. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-037x.2006.00234.x>
- FAO, 2010. The second report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, ss. 370. <https://doi.org/10.1017/S0014479711000275>
- FAO, 2014. Genebank standards for plant genetic resources for food and agriculture. Rome, ss. 181.
- Fenzi M., Bonneuil Ch., 2016. From „genetic resources” to „ecosystems services”. A century of science and global policies for crop diversity conservation. *Cult. Agric. Food Environ.* 38(2), 69–135. <https://doi.org/10.1111/cuag.12072>
- Girma E., 2017. Genetic erosion of wheat (*Triticum* spp.): concept, research, results and challenges. *J. Nat. Sci. Res.* 7(23), 72–81.

- Goyal A., Beres B.L., Randhawa H.S., Navabi A., Salmon D.F., Eudes F., 2011. Yield stability analysis of broadly adaptive triticale germplasm in southern and central Alberta, Canada, for industrial end-use suitability. *Can. J. Plant Sci.* 91, 125–135. <https://doi.org/10.4141/CJPS10063>
- Gryziak G., 2020. Znaczenie roślinnych zasobów genowych. *Biul. IHAR* 290(1), 9–10.
- Gryziak G., Zaczyński M., Pietrusińska A., Czembor J.H., 2017. Wykorzystanie zasobów genowych udostępnianych przez przechowalnię Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR – PIB w Radzikowie. *Agron. Sci.* 72(4), 89–98. <https://doi.org/10.24326/as.2017.4.9>
- Harlan J.R., 1975. Our vanishing genetic resources. *Science* 188(4188), 618–621. <https://doi.org/10.1126/science.188.4188.618>
- Hodun G., Podyma W., 2009. Zachowanie zagrożonych zasobów genetycznych roślin w rolnictwie. Biblioteczka Programu Rolnośrodowiskowego 2007–2013, Warszawa, 1–29.
- ISTA, 2015. Introduction. *Int. Rules Seed Test.* 215, I-1–I-6.
- Khoury C.K., Brush S., Costich D.E., Curry H.A., de Haan S., Engels J.M.M., Guarino L., Hoban S., Mercer K.L., Miller A.J., Nabhan G.P., Perales H.R., Richards Ch., Riggins Ch., Thormann I., 2022. Crop genetic erosion: understanding and responding to loss of crop diversity. *New Phytol.* 233, 84–118. <https://doi.org/10.1111/nph.17733>
- Kociuba W., 1994. Field estimation of resistance to fungal diseases in collection of spring triticale (*×Triticosecale* Wittmack). *Genet. Pol.* 35 B, 187–191.
- Kociuba W., 1997. Field evaluation of the resistance to fungal diseases in a collection of winter triticale (*×Triticosecale* Wittmack). *J. Appl. Genet.* 38B, 97–100.
- Kociuba W., 2000. Zmienność i współzależność ważniejszych cech plonotwórczych w obrębie hek-saploidalnego pszenżyta ozimego *×Triticosecale* Wittmack. *Rozpr. Nauk. – Akad. Rol. Lub.* 232, pp. 74.
- Kociuba W., 2010. Charakterystyka zbiorów kolekcyjnych pszenżyta jako mieszańca międzyrodzajowego. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555, 237–247.
- Kociuba W., Kramek A., 2014. Variability of yield traits and disease resistance in winter triticale genetic resources accessions. *Acta Agrobot.* 67(2), 67–76. <https://doi.org/10.5586/aa.2014.027>
- Kociuba W., Kramek A., Prażak R., 2018. Genetic resources of triticale in the Polish Gene Bank. *Plant Breed. Seed Sci.* 77, 93–102. <https://doi.org/10.1515/plass-2018-0008>
- Kociuba W., Kramek A., Ukalski K., 2012. Ocena stabilności wybranych cech plonotwórczych polskich odmian pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 264, 127–140.
- Kociuba W., Mądry W., Kramek A., Ukalski K., Studnicki M., 2010. Multivariate diversity of Polish winter triticale cultivars for spike and other traits. *Plant Breed. Seed Sci.* 62, 31–42.
- Konwencja o różnorodności biologicznej, sporządzona w Rio de Janeiro dnia 5 czerwca 1992 r. (Dz.U. z 2002 r. Nr 184, poz. 1532).
- Kotlińska T., Święcicki W., 2004. Ochrona zasobów genowych roślin uprawnych. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 497, 27–36.
- Kramek A., 2008. Wykorzystanie markerów RAPD do oceny zróżnicowania genotypowego polskich odmian pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 248, 43–51.
- Kramek A., Kociuba W., 2013. Charakterystyka meksykańskich genotypów pszenżyta jarego pod względem ważniejszych cech plonotwórczych. *Annales UMCS. Sec. E. Agric.* 68(3), 11–19.
- Kramek A., Kociuba W., 2014. Charakterystyka zasobów genowych pszenżyta ozimego pod względem polowej odporności na choroby grzybowe. *Annales UMCS. Sec. E. Agric.* 69(4), 112–119.
- Kramek A., Kociuba W., 2017. Charakterystyka zasobów genowych pszenżyta ozimego zgromadzonych w latach 2001–2016 w porównaniu do starszych materiałów kolekcyjnych. *Agron. Sci.* 72(4), 123–133. <https://doi.org/10.24326/as.2017.4.12>
- Kramek A., Kociuba W., 2020. Wykorzystanie materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego jako genetycznego źródła zawartości białka w ziarnie. *Agron. Sci.* 75(3), 81–90. <https://doi.org/10.24326/as.2020.3.6>

- Kramek A., Okoń S., 2014. Ocena zróżnicowania genetycznego materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego stabilnych pod względem cech plonotwórczych. *Pol. J. Agron.* 16, 13–18. <https://doi.org/10.26114/pja.iung.172.2014.16.02>
- Kramek A., Paczos-Grzęda E., 2010. Ocena zróżnicowania genetycznego polskich odmian pszenżyta ozimego za pomocą markerów ISSR. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555, 249–258.
- McGoverin C.M., Snyders F., Muller N., Botes W., Foxa G., Manleya M., 2011. A review of triticale uses and the effect of growth environment on grain quality. *J. Sci. Food Agric.* 91, 1155–1165. <https://doi.org/10.1002/jsfa.4338>
- Nalborczyk E., 1995. Znaczenie zachowania zasobów genowych roślin dla środowiska i rolnictwa. *Problemy różnorodności biologicznej. Mat. Konf. Oficyna Wyd. Inst. Ekologii PAN, Warszawa*, 19–27.
- Oettler G., 2005. The fortune of a botanical curiosity – Triticale: past, present and future. *J. Agric. Sci.* 143, 329–346. <http://dx.doi.org/10.1017/S0021859605005290>
- Podyma W., 1998. Zbiór zasobów genowych roślin użytkowych i ich dzikich przodków oraz stan kolekcji w Polsce. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 463, 31–50.
- Protokół Kartageński o bezpieczeństwie biologicznym do Konwencji o różnorodności biologicznej, sporządzony w Montrealu dnia 29 stycznia 2000 r. (Dz.U. z 2004 r. Nr 216, poz. 2201).
- Protokół z Nagoi do Konwencji o różnorodności biologicznej o dostępie do zasobów genetycznych oraz sprawiedliwym i równym podziale korzyści wynikających z wykorzystania tych zasobów (Dz.U. L 150 z 20.5.2014, p. 234–249).
- Qualset C.O., Furman B.J., Heaton J.H., Skovmand B., Wesenberg D.M., 1996. Assembly and analysis of a North American triticale genetic resource collection. *Triticale: today and tomorrow*. Kluwer Academic Publishers, Netherlands, 261–267.
- Stankiewicz D., 1992. Ochrona zasobów genetycznych roślin uprawnych. Kancelaria Sejmu, Biuro Studiów i Ekspertyz. Wydział Analiz Ekonomicznych i Społecznych. Informacja nr 97, 1–9.
- Szirokij unificirovannyj klassifikator SEV i Międzynarodnyj klassifikator SEV roda *Triticum* L., 1974. Praha.
- Święcicki W., Podyma W., 1998. Zasoby genowe roślin uprawnych w ochronie różnorodności biologicznej (wprowadzenie). *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 463, 17–20.
- Thormann I., 2022. Crop genetic erosion: understanding and responding to loss of crop diversity. *New Phytol.* 233, 84–118. <https://doi.org/10.1111/nph.17733>
- Tyagi R.K., Agrawal A., 2015. Revised genebank standards for management of plant genetic resource. Review article. *Indian J. Agric. Sci.* 85(2), 157–65. <https://doi.org/10.56093/ijas.v85i2.46437>
- Ukalska J., Kociuba W., 2013. Phenotypical diversity of winter Triticale genotypes collected in the Polish gene bank between 1982 and 2008 with regard to major quantitative traits. *Field Crops Res.* 149, 203–212. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.05.010>
- Ukalska J., Ukalski K., Kociuba W., Kramek A., 2010a. Porównanie genotypów kolekcyjnych pszenżyta jarego (*×Triticosecale* Wittmack). Część I: Analiza zmienności fenotypowej. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555, 437–445.
- Ukalska J., Ukalski K., Kociuba W., Kramek A., 2010b. Porównanie genotypów kolekcyjnych pszenżyta jarego (*×Triticosecale* Wittmack). Część II: Grupowanie genotypów. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555, 447–455.
- van de Wouw M., Kik C., van Hintum T., van Treuren R., Visser B., 2010. Genetic erosion in crops: concept, research results and challenges. *Plant Genet. Resour.* 8(1), 1–15. <https://doi.org/10.1017/S1479262109990062>

Źródło finansowania: Praca została sfinansowana z tematu badawczego UBAD.WRH.21.049 w ramach dotacji celowej MRiRW.

Abstract. For more than a hundred years, biological diversity has been declining among crop varieties. This phenomenon, referred to as genetic erosion of crops, is worrying and dangerous in the context of the future of humans on Earth. Rational use and appropriate protection of existing biological diversity, including crops, are therefore necessary, especially in the face of advancing climate change. Indeed, the genetic resources of crops provide the biological basis for the security of global agriculture and the feeding of a growing population. They also play a key role in the breeding of new varieties, providing a rich source of genetic variability, useful traits and resistance. An important role in the implementation of these tasks is played by collections of crop varieties, in which accessions representing a wide range of variability of traits important for breeding and agriculture are gathered, which in this work was presented on the example of the Polish triticale collection.

Keywords: triticale collection, plant genetic resources, biological diversity

Otrzymano/Received: 24.02.2025

Zaakceptowano/Accepted: 16.04.2025

Online first: 30.06.2025

Opublikowano/Published: 8.09.2025