

Wybrane problemy i kierunki współczesnej hodowli róż

Marta Joanna Monder

Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny - Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, Prawdziwka 2, 02-973 Warszawa
mondermarta@obpan.pl

Cytowanie: Monder, M. (2017). Wybrane problemy i kierunki współczesnej hodowli róż. *Wiadomości Botaniczne*, 61. <https://doi.org/10.5586/wb.2017.002>

Streszczenie: Róża, to jeden z najważniejszych rodzajów roślin ozdobnych, istotny użytkowo, kulturowo i gospodarczo. Uprawiany od tysiącleci, podlega zmianom wskutek stosowania coraz nowszych narzędzi hodowli, umożliwiających sprostanie wymagającym oczekiwaniom odbiorców nowych odmian. Celem niniejszej pracy jest przedstawienie podstawowych problemów i zagadnień hodowli róż w kontekście dotychczasowych osiągnięć i wiedzy, oraz perspektyw na przyszłość. Systematyka i taksonomia róż jest skomplikowana, a ich klasyfikacja ogrodnicza często odbiega od filogenetycznych powiązań. Hodowla róż wiąże się z wieloma problemami natury biologicznej. Implementacja nowoczesnych technik molekularnych, w tym genetycznych i genomicznych, ułatwiłaby stworzenie bazy i perspektyw dla programów hodowlanych, pomimo iż, komercyjni hodowcy przeważnie biorą pod uwagę jedynie cechy morfologiczne. W hodowli róż jednym z pierwszych przełomów było pojawienie się w Europie w XVIII i XIX w. gatunków azjatyckich i włączenie ich do hodowli, a jednym z ostatnich - uzyskanie pierwszych transgenicznych niebieskich kwiatów róż kumulujących delfinidynę w wakuolach komórek płatków. Obecnie w hodowli róż dominuje kontynuacja wyznaczonych wcześniej kierunków, m.in. uzyskanie odmian odpornych na choroby, warunki klimatyczne, z możliwością obniżenia kosztów pielęgnacji oraz zastosowania proekologicznych metod uprawy, żywotnych i intensywnie rosnących, powtarzających kwitnienie, o kwiatach pachnących, w klasycznych formach i barwach, lub przeciwnie - w zaskakujących kolorach i kształtach.

Selected problems and directions of modern rose breeding

Abstract: Rose is the most important genus of ornamental plants, significant for use, culture and economy. It has been cultivated for millennia and is changing as a result of the new breeding tools, which are able to meet the most demanding needs of the recipients of new cultivars. The aim of this paper was to present the basic problems and issues of rose breeding in the context of up-to-date achievements and knowledge as well as prospects for the future. The systematics and taxonomy of roses is complex and their gardening classification often differs from the genetic connections. Rose cultivation is associated with many biological problems. The advancement in genetic and genomic research would facilitate the creation of a ground for breeding programs, although breeders usually take into account their morphological features only. One of the earliest breakthroughs in the breeding of roses was the emergence of Asian species in Europe in the eighteenth and nineteenth centuries and their incorporation into breeding, and one of the last ones - obtaining the first transgenic blue roses accumulating delphinidin in petals. At present, continuation of previously defined directions dominates, i.e., achieving varieties resistant to diseases, climatic conditions, with possibilities of reducing the cost of care and use of pro-ecological cultivation methods, vigorous and intensely growing, repeatedly blooming, with fragrant flowers, in classic forms and colors, or the contrary - in surprising colors and shapes.

Keywords: delphinidin; diversity; genetic modification; hybridization; ploidy level; polyploid; taxonomy

Wprowadzenie

Rodzaj *Rosa* należy do najstarszych uprawianych roślin użytkowych i ozdobnych o niebagatelny znaczeniu dla gospodarki, kultury i historii oraz wielu dziedzin życia człowieka. Tradycja uprawy róż wywodzi się prawdopodobnie ze starożytnej Mezopotamii i tu prawdopodobnie ok. 2000 lat p.n.e. powstały pierwsze rozaria (Krüssmann, 1974). Na przestrzeni ostatnich ponad dwustu lat hodowla róż stała się działaniem świadomym i ważnym ze względów ekonomicznych, społecznych i środowiskowych. W krajach rozwiniętych badania i uprawa roślin ozdobnych są

działem ogrodnictwa, stanowiąc jednocześnie bardzo ważną gałąź gospodarki. W Polsce powierzchnia ich uprawy stale się zwiększa, przy wysokiej konkurencyjności gospodarstw na tle innych krajów europejskich. Istnieje duży potencjał rozwoju produkcji róż na kwiaty cięte i krzewów do uprawy gruntowej (Marosz, 2014). Natomiast celowa hodowla odmian róż w Polsce prawie nie istnieje. Odnotowane na rynku nieliczne zarejestrowane polskie odmiany wyhodował inż. Stanisław Żyła, wskutek kontrolowanego krzyżowania i selekcji, np. 'Vensar' Mercury 2000 (1996), 'Venfru' Frutivena (2007), 'Venjor' Rousefrënn (2014). Pozostałe odmiany to selekty i mutacje przypadkowo zauważone w szkółkach producenckich.

Światowi potentaci prowadzą systematyczną hodowlę róż na wysokim poziomie ukierunkowaną na otrzymanie kilku czy kilkunastu odmian rocznie wg aktualnie obowiązujących trendów rynkowych. Należą tu uplasowane wysoko, nierzadko od ponad stu lat, np. Rosen Tantau, W. Kordes Söhne, Meilland International, Jackson & Perkins (Ryc. 1). Hodowcy przedstawiają swoje najnowsze osiągnięcia, nie znajdujące się jeszcze na rynku lub właśnie wprowadzane, w tzw. ogrodach testowych, w wybranych ogrodach botanicznych i rozariach na całym świecie (Ryc. 2). Odmiany podlegają obserwacji i ocenie wybranych cech w organizowanych międzynarodowych konkursach z udziałem hodowców i specjalistów. Odmiany, które uzyskują najwyższe punktacje mają większe szanse na rynku. Ważnym aspektem w uprawie róż jest ich odporność na choroby. W Niemczech, w wybranych stacjach badawczych, przeprowadza się ich trzyletnie obserwacje pod tym względem nadając certyfikat ADR (Allgemeine Deutsche Rosenneuheitenprüfung) odmianom spełniającym wysokie kryteria oceny).



Ryc. 1. Owocujące róże po przeprowadzeniu krzyżowania w Rosen Tantau.



Ryc. 2. Ogród testowy nowych odmian róż w Rosenneuheitengarten Beutig w Baden Baden w Niemczech.

Znaczenie gospodarcze mogą mieć nowe grupy odmian. Przez ostatnie pół wieku uznanie zdobyły róże angielskie Davida Austina. Pierwsze z nich otrzymano krzyżując odmiany starszego pochodzenia różnych grup z mieszańcami herbatnymi i różami bukietowymi. Wyróżnia je charakterystyczny czarkowaty lub szalkowaty kształt kwiatu, pastelowe, delikatne barwy płatków, zapach, dobra żywotność i zdrowotność. Kwiaty są skierowane do dołu lub na bok co zapobiega gromadzeniu się kropli wody i gniciu w angielskim wilgotnym klimacie (Austin, 2008). W ostatnich latach pojawiły się odmiany pochodzące od róży perskiej (*Rosa persica* Michx. et Juss.), ×*Hulthemosa*, *Hulthemia* Hybrids. Charakteryzują się ciemną podstawą płatków, co w efekcie sprawia, że w centrum kwiatu jest wyraźne „oczko” np. ‘Harsidon’ Alissar, Princess of Phoenicia; ‘Pejbigeye’ Eyes for You. Wycinane płatki kwiatów mają odmiany Ruffles Interplantu BV np. ‘Interchoru’ Chocolate Ruffles; ‘Interumis’ Mystique Ruffles. Canadian Explorer Roses (Central Experimental Farm, Ottawa), to wyselekcjonowane odmiany przystosowane do klimatu Kanady (mroźne zimy do -35°C , krótki okres wegetacyjny, wilgotne i gorące lato), o wysokiej odporności na choroby.

Programy hodowlane realizowane są w trzech kierunkach w celu uzyskania krzewów o odmiennej funkcji: (i) ogrodowe, (ii) pojemnikowe, (iii) na kwiat cięty. Strategia hodowli jest podobna, tradycyjna i rozpoczyna się od krzyżowania między korzystnymi genotypami (Debener, Linde 2009). Istnieją liczne problemy natury praktycznej. Po zapyleniu w gruncie, wskazana jest ciepła i słoneczna pogoda lub krzewy mateczne powinny rosnać w warunkach szklarniowych. Inaczej nasiona róż nie zawsze są dobrze wykształcone. Owoce dojrzewają przeciętnie 5-6 miesięcy, z tego powodu krzyżowanie powinno odbywać się tuż po zakwitnięciu krzewów. Zapylenie utrudnia samopylność kwiatów i przedślupność. Nasiona wysiewane są w szklarni (4-5°C) bezpośrednio po zbiorze, aby uzyskać jak najlepsze wschody pierwszej wiosny. Zwiększenie procentu kiełkowania nasion i uzyskiwania siewek, w tym efektywności krzyżowania i rozwoju zalążków w celu przyspieszenia uzyskiwania nowych odmian to osobny problem badawczy (Pipino i in., 2013).

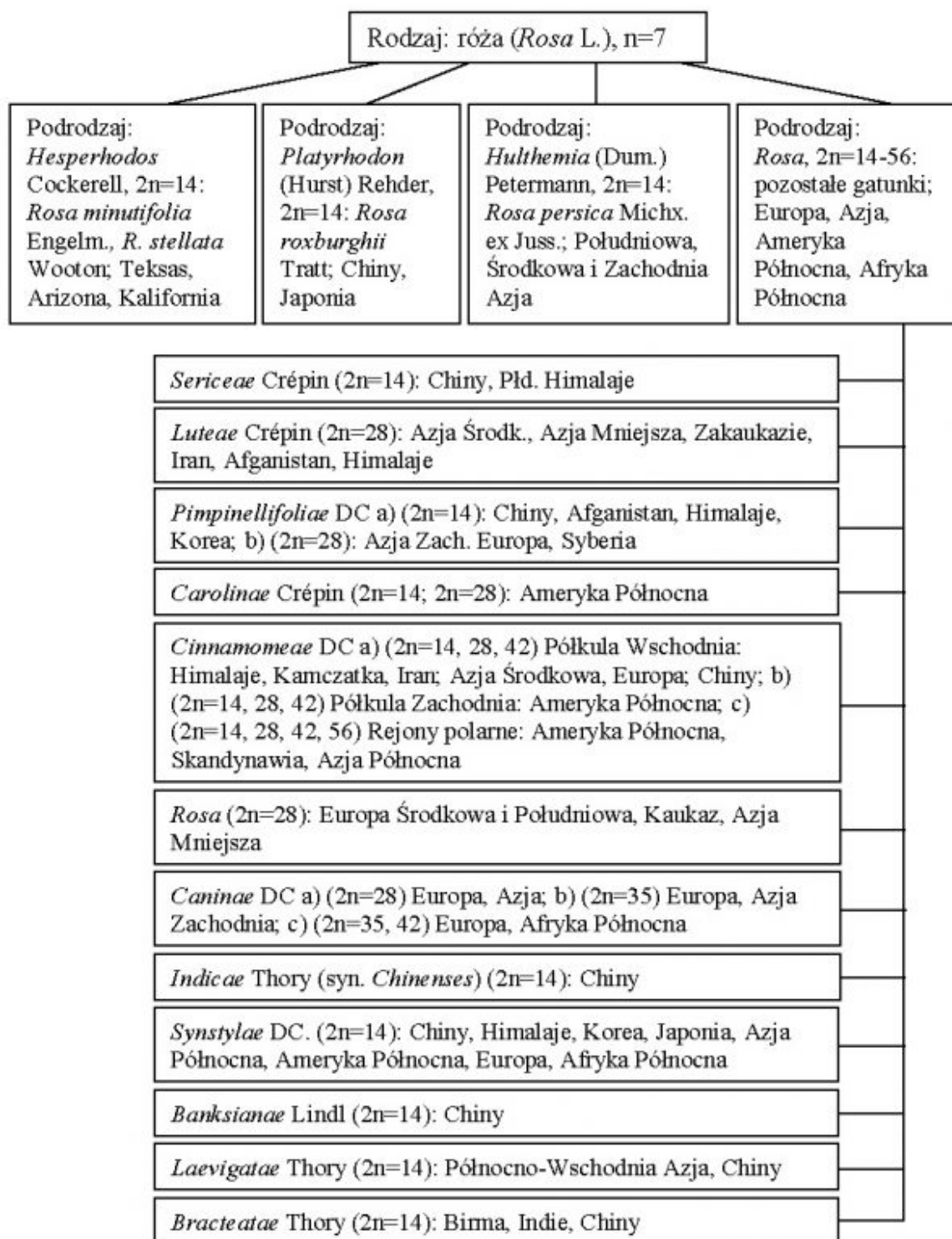
Podczas pierwszego kwitnienia przeprowadza się selekcję (nie zawsze kwitną w pierwszym roku po wschodach) i w pierwszym pokoleniu wybierane są selekty posiadające szanse na zaistnienie na rynku. Te rozmnaża się dalej wegetatywnie celem dalszej obserwacji. Czas uzyskania nowej odmiany ogrodowej w sposób tradycyjny liczony od przeprowadzenia krzyżowania do jej rejestracji trwa przeciętnie 8-10 lat (Noack, 2003), na kwiat cięty i pojemnikowy - 3-6 lat (De Vries, 2003).

Praca przedstawia podstawowe zagadnienia hodowli róż w kontekście dotychczasowych osiągnięć i wiedzy, oraz perspektyw na przyszłość.

Klasyfikacja botaniczna

Rodzaj róża (*Rosa*) jest genetycznie bardzo zmienny (Debener, Linde 2009), skomplikowany pod względem systematyki i trudny w diagnostyce. Dotychczas akceptowana była klasyfikacja wg Rehdera (1940) z modyfikacjami (Popek, 2007), obejmująca 4 podrodzaje i 12 sekcji w podrodzaju *Rosa* (Ryc. 3). Obecnie jest ona zastępowana przez system klasyfikacyjny APG (Stevens, Davis 2005; Christenhusz i in., 2015), który w przypadku róż nie jest jeszcze dostatecznie dopracowany. Duże zmiany na podstawie badań filogenetycznych przeprowadzonych na 101 gatunkach zaproponował Fougère-Danezan i in. (2015) zmieniając pozycje

jednostek, tak w obrębie podrodzajów, jak i sekcji. Jednocześnie badania tego zespołu wykazały, że ze względów biogeograficznych Azja pełni kluczową rolę jako rezerwuuar genetyczny i centrum ewolucji rodzaju *Rosa*. Allopoliploidy wydają się pełnić ważną rolę w stabilizowaniu mieszańców międzysekcyjnych (Fougère-Danezan i in., 2015). Badania relacji filogenetycznych w rodzaju *Rosa* bazujące na sekwencjonowaniu trzech chloroplastowych DNA (intronu *rpl16*, *trnL-F*, międzygenowej sekwencji niekodującej *atpB-rbcL*) wykazały morfologiczne podobieństwo sekcji *Synstylae* i *Chinensis*, a także *Rosa* i *Carolinae*. Natomiast przynależność niektórych gatunków do sekcji i podrodzajów powinna ulec zmianie, np. *R. roxburghii* Tratt. należałoby przenieść do podrodzaju *Rosa*, likwidując podrodzaj (*Platyrrhodon*), a *R. foetida* Herrm. wyłączyć z sekcji *Pimpinellifoliae* tworząc odrębną sekcję (Liu i in., 2015).



Ryc. 3. Systematyka róż wg Rehdera, poprawiona (Krüssmann, 1974; Popek, 2007).

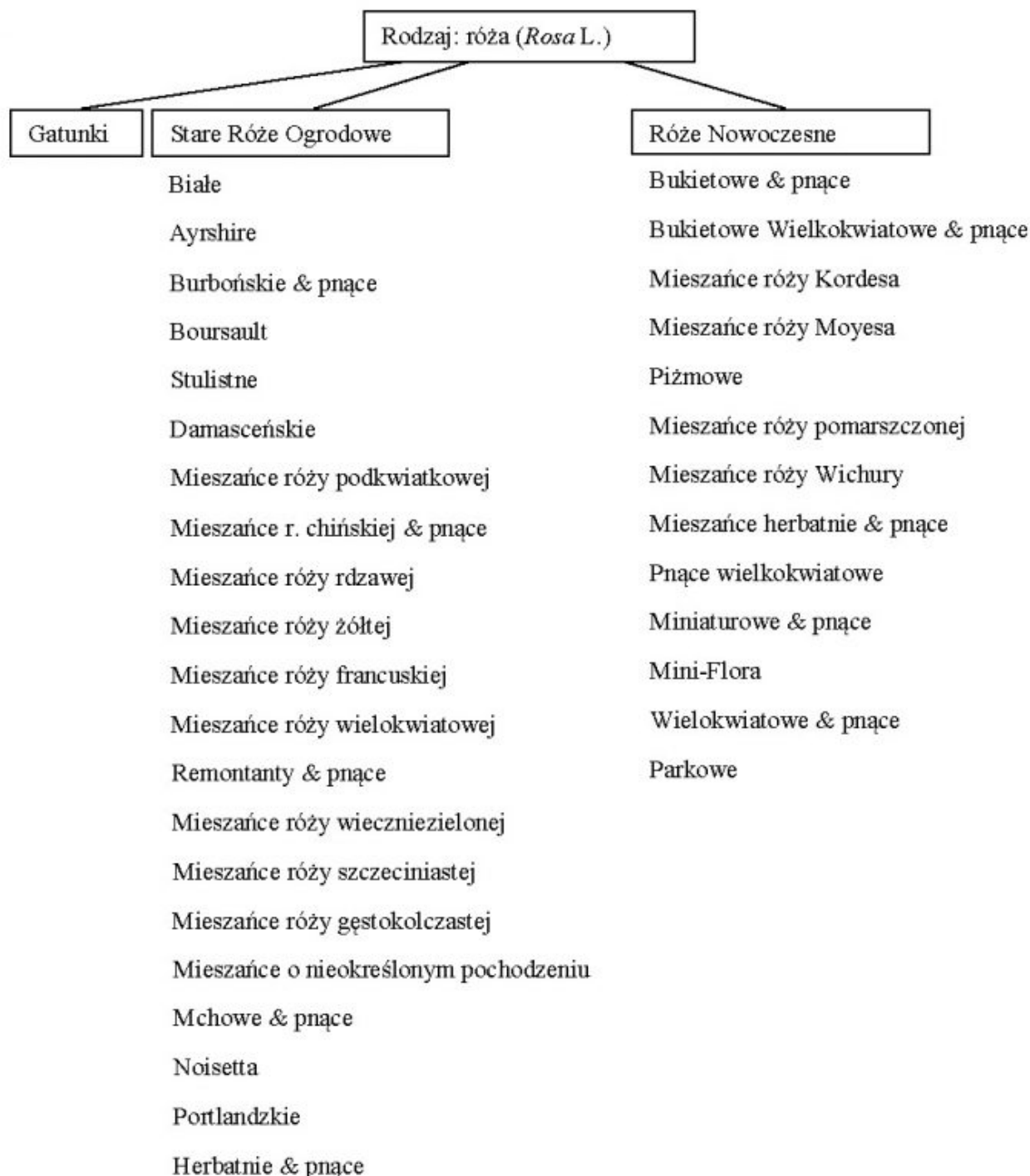
Zmienność genetyczna i występujący u gatunków róż polimorfizm wynika m.in. z hybrydyzacji, poliploidalności, specyficznych mechanizmów stabilizacji cytotypów o nieparzystych liczbach chromosomowych w przebiegu mejozy, a także apomiksji (Werlemark, 2000). Szczególny mechanizm mejozy wykazują gatunki z sekcji *Caninae* (Zieliński, 1985, 1987; Werlemark, 2000; Popek, 2007), które mają

pochozenie mieszańcowe prawdopodobnie wskutek hybrydyzacji czystego gatunku róży dzikiej (*Rosa canina*) i wymarłych gatunków z sekcji *Cinnamomeae*, *Rosa* i *Synstylae*. W trakcie mikrosporogenezy w ziarnach pyłku zdolnych potem do zapłodnienia, dochodzi do eliminacji uniwalentów przy pozostawieniu biwalentów $n = 7$. Podczas makrosporogenezy natomiast uniwalenty znajdują się w komórce jajowej, co po połączeniu daje możliwość odtworzenia liczby chromosomów i powstania płodnych osobników (Popek, 2007). Szczegółowe badania przeprowadzone na pentaploidalnej róży sinej (*R. dumalis* Bechst.) i róży rdzawej (*R. rubiginosa* L.) pozwoliły na potwierdzenie zjawiska apomiksji w tej sekcji (Werlemark, 2000).

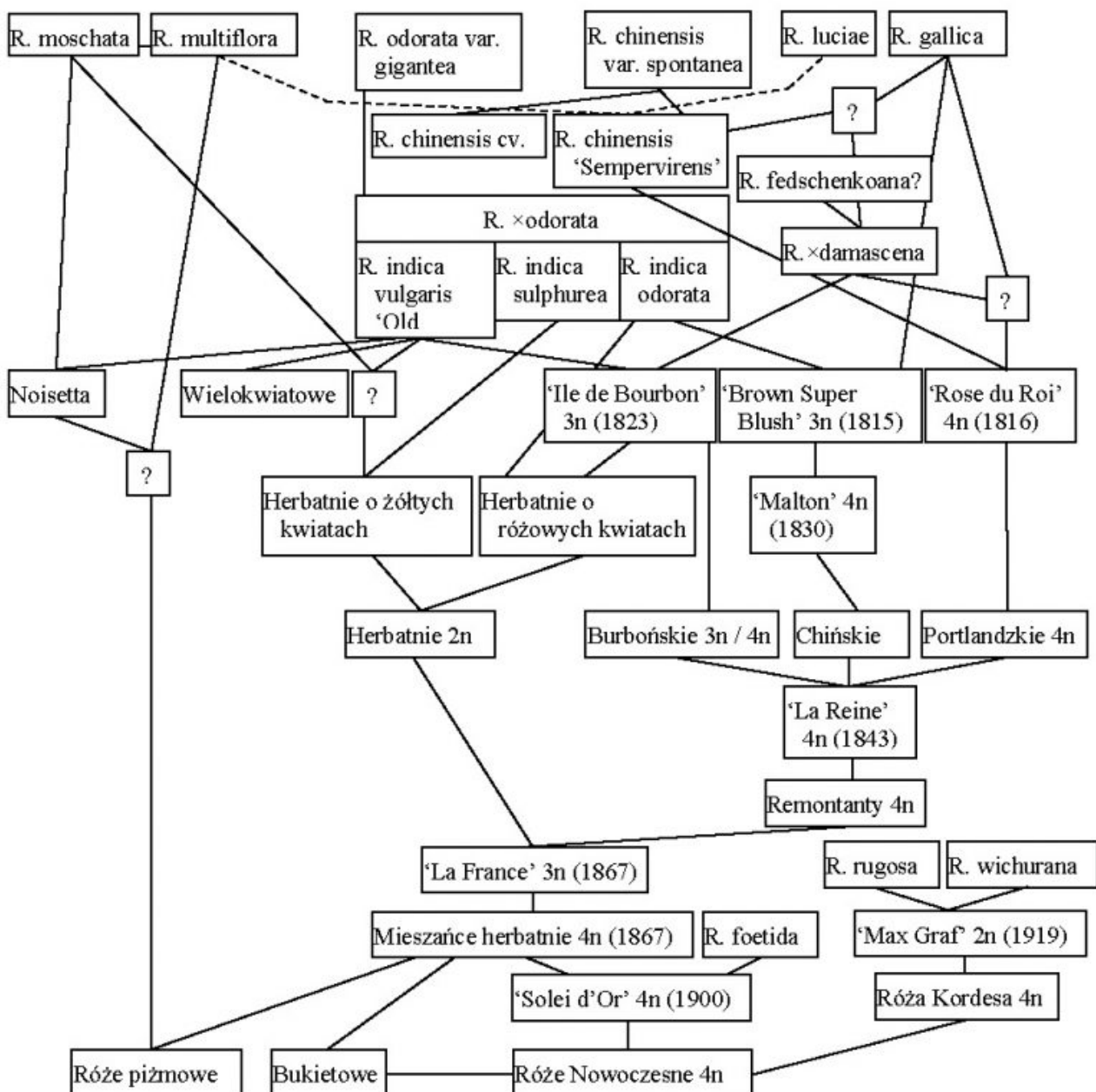
Klasyfikacja ogrodnicza

W przypadku róż ogrodowych proponowane są różne systemy klasyfikacji na grupy, najczęściej bazujące na cechach morfologicznych, pochodzeniu gatunku oraz na ich praktycznym zastosowaniu. Jednym z nich jest system opisany przez American Rose Society (ARS), definiujący Stare Róże (Old Roses) jako znane i uprawiane przed 1867 rokiem i klasyfikujący je na 21 grup, natomiast pozostałe, tzw. Róże Nowoczesne (Modern Roses) obejmują 13 grup (Ryc. 4; Cairns, 2003). System ten bazuje częściowo na relacjach nawiązujących do badań genetycznych i genomicznych (Scariot i in., 2006). Badacze ci podjęli próbę charakterystyki i zdefiniowania pod względem genetycznym oraz określenia przynależności taksonomicznej 18 gatunków i form oraz 47 mieszańców i odmian uprawnych należących do różnych grup ogrodowych i sekcji botanicznych za pomocą analizy sześciu markerów mikrosatelitarnych (STMS). Wyniki pozwoliły na jednoznaczne przypisanie wielu badanych kontrowersyjnych odmian do grup ogrodowych i sekcji, jak również na oszacowanie ich wkładu w powstanie nowych odmian róż. Jednocześnie wykazały dystans jaki dzieli niektóre odmiany w obecnych grupach ogrodowych i pomiędzy tymi grupami, a także ich pochodzenie filogenetyczne (Ryc. 5). Wyniki te mają duże znaczenie dla prawidłowego opracowania bazy genetycznej w programach hodowlanych. Jednocześnie pokazują, że zastosowana metoda jest odpowiednia dla identyfikacji taksonomicznej odmian (Scariot i in., 2006). Szersze badania w podobnym kierunku za pomocą markerów SSR przeprowadzono dla 1228 róż ogrodowych wyhodowanych w XVIII i XIX wieku, w wyniku czego rozdzielono je na 16 grup genetycznych. Jednakże identyfikacja przynależności do grupy taksonomicznej odmian uprawnych będzie zawsze

trudniejsza niż gatunków, ze względu na ich skomplikowany genom. Klasyfikacja ogrodnicza powstała ze względów komercyjnych i nie odnosi się bezpośrednio do strategii hodowlanych i ochrony różnorodności odmian (Liorzou i in., 2016).



Ryc. 4. Klasyfikacja róż uprawnych wg Cairns (2003) przyjęta przez American Rose Society.



Ryc. 5. Powiązania genetyczne w obrębie grup róż wg Malécot 2016a i b, za: Maia, Vénard (1976), Iwata i in. (2000), Meynet (2001), Meng i in. (2011).

Zagadnienia genetyczne i genomiczne

Genom róży (*Rosa* sp.) jest dość dobrze poznany na przykładzie *Rosa chinensis* 'Old Blush' (Dubois i in., 2012) i relatywnie niewielki (500Mb). Róże prezentują poziom ploidalności od 2x do 8x, przy czym większość gatunków to diploidy, a odmiany uprawne - tetraploidy (Maia, Vénard 1976). Aneuploidy, posiadające dodatkowy chromosom lub wykazujące brak chromosomu, są rzadko spotykane. Zarówno diploidy z 7 biwalentami, jak i tetraploidy z 14 biwalentami, charakteryzuje typowy przebieg mejozy (Debener, Linde 2009), w przeciwieństwie

do pentaploidalnej sekcji *Caninae*. W sekcji tej roślina ojcowska przenosi tylko 1/5 genomu, podczas gdy mateczna - 4/5 (Werlemark, 2000). U wielu gatunków diploidów obserwuje się brak zawiązywania owoców przy samozapyleniu i uważa się, że są one samoniezgodne, co może zostać przełamane poprzez poliploidyzację. W eksperymentach po samozapyleniu nasiona zawiązały 4 gatunki spośród 28 u diploidów, 9 z 12 u tetraploidów, oraz wszystkie pentaploidy (Ueda, Akimoto 2001). U odmian tetraploidalnych i kilku gatunków poliploidalnych samopłodność stanowi ciekawy fenomen (Zlesak, 1998). Jednak krzyżowanie pomiędzy odmianami diploidów różnych grup bywa możliwe, tak jak między mieszańcami róży pomarszczonej i chińskiej, mimo niskiej płodności (Svejda, 1976).

Pomiędzy wiedzą z zakresu genetyki i genomiki róż, a ich praktycznym zastosowaniem w hodowli istnieje ogromna przepaść. W celu połączenia tych dwóch dziedzin nauki z praktycznym wykorzystaniem w programach hodowlanych dla róż i rodziny Rosaceae powstał projekt RosBREED2. Projekt ten zakłada standaryzację fenotypowania i narzędzi genetycznych/genomicznych w kierunku hodowli odmian odpornych na choroby i innych cech istotnych ogrodniczo. Zastosowane zostaną m.in. identyfikacja QTLs u diploidalnej, triploidalnej i tetraploidalnej populacji róż oraz połączenie użycia markerów np. QTLs, MAB/MAS (Hokanson i in., 2017). Używając sekwencerów Illumina MiSeq i HiSeq opracowano strukturę genomu dla róży wielokwiatowej (*R. multiflora* Thunb.), posiadającej geny ważnych cech w hodowli: koloru i morfologii kwiatów, zapachu, kwitnienia, starzenia i odporności na choroby (Nakamura i in., 2017).

Zarys historyczny hodowli róż

Przełomowe zmiany w postępie hodowli róż w Europie i również w USA umożliwiła eksploracja Wschodu, a zwłaszcza Chin i wschodniego wybrzeża Oceanu Spokojnego, skąd sprowadzono róże o cechach w świecie zachodnim nieznanymi, a pożądanymi. Przykładowe cechy to powtarzanie kwitnienia, szeroka paleta barw, smukły kształt pąka kwiatowego czy szlachetny kształt kwiatu. *Rosa chinensis* 'Old Blush' do dziś stanowi ważny obiekt badawczy pod względem genetycznym i hodowlanym (Vergne i in., 2010). *R. chinensis* var. *semperflorens* przekazała geny powtarzania kwitnienia różom rabatowym (Barden, 2009). Pod koniec XIX wieku wskutek hodowli w obrębie róży francuskiej (*R. gallica* L.), w tym 'Officinalis', otrzymano ponad 2000 odmian oraz nowe grupy m.in. róż

portlandzkich (Vemmer, Brumme 2008). Wiek XIX był okresem przełomowym w hodowli róż, powstała wówczas większość znanych dzisiaj grup klasyfikowanych pod względem ogrodniczym (Liorzou i in., 2016).

Do XIX wieku znana w uprawie była róża o żółtych płatkach *R. foetida* Herrm. i jej pełnokwiatowa odmiana *R. foetida* var. *persiana* (Lem.) Rehder. W 1824 roku sprowadzono z Chin 'Parks Yellow Tea-scented China'. Odcień żółci płatków był jednak blady i hodowcom nie udało się uzyskać ich mocniejszej barwy. Dopiero w 1898 roku Pernet Ducher po wielu latach prób otrzymał w pokoleniu F1 siewki 'Soleil d'Or', krzyżując siewkę 'Antoine Ducher' i *R. foetida* var. *persiana* (Lem.) Rehder. Po wprowadzeniu jej do hodowli żółta barwa pojawiła się u odmian wielu grup, w tym róż Perneteta i u mieszańców herbatnich. Udowodniono, że bazą genów żółtej barwy u róż jest *R. foetida* Herrm. (De Vries i in., 1978).

Z przypadkowego krzyżowania *R. rugosa* Thunb. i *R. wichurana* Crép. powstała okrywowa 'Max Graf' (Bowdith, USA 1919). W 1940 roku Wilhelm Kordes po kolejnych krzyżowaniach tej sterylnej, nie tworzącej owoców odmiany, uzyskał płodne siewki, których nasiona kiełkowały w 75%. Ta właśnie róża Kordesa (*R. ×kordesii* Wulff) stała się przełomową w hodowli powtarzających kwitnienie odmian pnących i parkowych. Zjawisko to, w którym przy prawie całkowitej sterylności mieszańca rozwija się w wysokim stopniu płodne potomstwo, opisał w 1951 roku H.D. Wulff badając amfidiploidy (Krüssmann, 1974).

Większość odmian powstałych wskutek interspecyficznego hybrydyzacji nosi w sobie geny tylko 10 gatunków róż (Gudin, 2000). Analiza fenetyczna z użyciem narzędzi molekularnych rozróżnia dwie linie ich pochodzenia. Pierwsza, to wywodzące się z Europy, noszące w sobie geny sekcji *Rosa* (z *R. gallica* L., *R. ×damascena* Herrm.), do której należą róże damasceńskie, białe, mchowe i portlandzkie. Druga linia pochodzi z Dalekiego Wschodu, nosi w sobie geny gatunków z sekcji *Synstylae* (*R. multiflora* Thunb., *R. moschata* Herrm., *R. wichurana* Crép.) u róż burbońskich, piżmowych, Noisetta, wielokwiatowych i herbatnich (Koopman i in., 2008). Pochodzenie Róż Nowoczesnych jest bardzo skomplikowane i wciąż nie do końca poznane.

Podstawowe techniki hodowli róż

Zastosowanie mają: (I) krzyżowanie: sztuczne / kontrolowane zapylenie kwiatów,

selekcja fenotypowa; (II) hybrydyzacja interspecyficzna: manipulowanie poziomem ploidalności, ratowanie zarodków, fuzja protoplastów; (III) hodowla mutacyjna: promieniowanie jonizujące, mutageny chemiczne, wykorzystanie zmienności somaklonalnej (Gudin, 2000); (IV) biotechnologiczne: zarodki somatyczne, embriogeneza somatyczna (Debener, Linde 2009), markery molekularne, transformacje genetyczne (Gudin, 2000). W ostatnich latach dokonał się ogromny postęp w zastosowaniu metod biotechnologicznych, dla róż tetraploidalnych, odpowiednich do wykorzystania na potrzeby hodowli. Dotychczas biotechnologia operowała przede wszystkim na diploidach, które zarówno pod względem genetycznym, jak i posiadanych cech, są dość dobrze opracowane. Obecnie również zastosowano te metody dla tetraploidów, np. techniki sekwencjonowania, identyfikacji genów za pomocą markerów, zastosowanie szeregu polimorfizmu punktowego (SNP arrays), genotypowania, analiza QTL, łączenie map homologicznych chromosomów (Smulders i in., 2017). Dla tetraploidów opracowano także metodę wyciszania genów metodą CRES-T (Ohtsubo, 2011).

Najważniejsze kierunki hodowli

Ze względu na ogromne znaczenie gospodarcze róż, zapotrzebowanie na ich określone cechy, tak dyktowane gustem, jak i potrzebami hodowlanymi, wciąż wyznacza nowe kierunki i standardy. Jednakże, podstawowe założenia i wyzwania hodowlane zasadniczo nie zmieniły się. Krzewy powinny być żywotne i trwale dekoracyjne, o intensywnym wzroście i dobrym krzewieniu, obficie i długo kwitnące, o kwiatach trwałej i atrakcyjnej barwy.

Od mieszańców herbatnich wymaga się obecnie nie tylko szlachetnej, smukłej budowy pąka i kwiatu, intensywnego zapachu kwiatów i ich długiej trwałości po ścięciu, ale też odporności krzewów na deszcz, upał i słońce, intensywnego wzrostu kolejnych długich pędów, o nielicznych lub drobnych i miękkich kolcach. Dla róż uprawianych na kwiaty cięte istotna jest produktywność w warunkach obniżonej temperatury i jednocześnie brak negatywnej reakcji na stres uprawy w podwyższonej temperaturze. Ten powoduje spadek wielkości i jakości kwiatów, a więc wartości rynkowej. W analizie genetycznej wykazano wysoką zmienność interakcji pomiędzy genotypem a środowiskiem (G×E; Lau i in., 2017a).

Od róż bukietowych i wielokwiatowych wymaga się m.in. dekoracyjnego ulistnienia, nie zawiązywania pseudoowoców i samooczyszczania się po przekwitnięciu kwiatów. Różę pnącą powinny charakteryzować się wysoką odpornością na mróz, jeśli zawiązują pseudoowoce – te powinny być ozdobne. Wymagania dla róż okrywowych i parkowych są wysokie co do odporności na niekorzystne warunki uprawy, zanieczyszczenia środowiska typowe dla terenów zurbanizowanych i tras komunikacyjnych, pożądana jest trwałość ulistnienia. Sposób krzewienia i pokrój krzewu róży był przedmiotem analizy QTL i fenotypowania 3D w celu poprawy opisu cech i określenia zależności genetycznych (Li-Marchetti i in., 2017). W badaniach nad dziedzicznością przeprowadzono pomiary parametrów wzrostu krzewów róż i wykazano, że silna korelacja istnieje pomiędzy długością pędów, powierzchnią liści, suchą masą liści, suchą masą pędów, całkowitą suchą masą i tempem wzrostu. W suboptymalnych warunkach wzrostu sucha masa i powierzchnia liści są dobrym wskaźnikiem oceny genotypu pod względem siły wzrostu (Yan i in., 2005).

Obecnie ze względu na konieczność ograniczenia chemicznych środków ochrony roślin regulowaną przepisami prawa, a na terenach zieleni publicznej także ograniczenia kosztów pielęgnacji krzewów, wzrastają wymagania dla stosowanych tu odmian pod względem odporności na choroby i szkodniki oraz odporności na mróz, która pozwala na uprawę na korzeniach własnych (Carlson, 1993). Istotne jest także samooczyszczanie się krzewów po kwitnieniu. Wobec ocieplania się klimatu i zwiększenia częstości występowania zjawisk ekstremalnych, w tym upałów, deszczy (podtopienia), suszy czy silnych wiatrów, wymagania wobec tolerancji róż również zwiększają się w tym zakresie (Lim, 2017). Brak konieczności nawadniania w czasie uprawy przyczynia się do obniżenia kosztów i ochrony zasobów wodnych.

Badania genetyczne i genomowe ułatwiłyby stworzenie bazy dla programów hodowlanych, pomimo iż, hodowcy przeważnie nie biorą pod uwagę powiązań genetycznych, a jedynie morfologiczne (Liorzou i in., 2016). Przydatne byłyby także terenowe obserwacje fenotypów (Beaugey i in., 2017; Lau i in., 2017b). Problemy i możliwości zastosowania biologii molekularnej i metod transgenicznych dla hodowli rozważa w swojej pracy Ohtsubo (2011), przedstawiając różnice pomiędzy celem i skutkiem modyfikacji genomu roślin ozdobnych i użytkowych, ujmując także konsekwencje społeczne.

Kwiat. Najważniejszym walorem ozdobnym róż jest kwiat. Zarówno kształt pąka,

jak i kwiatu to cechy bardzo trudne do jednoznacznego zdefiniowania. Istotny jest kształt, liczba, rozmiar i barwa płatków; liczba i barwa pręcików, słupków, zalążni. U dzikich róż jest 5 płatków (z wyjątkiem sekcji *Sericeae*), zmienna liczba pręcików i słupków. Większa liczba płatków wydaje się być skutkiem homeotypycznej transformacji pręcików w płatki (Debener i in., 2003). Wykazano, że za dziedziczenie cechy liczby płatków większej niż 5 odpowiedzialny jest pojedynczy gen dominujący (Debener, 1999), co wielokrotnie potwierdziły inne badania lokalizując także jego miejsce w genomie. Wielkość kwiatu wydaje się być cechą ilościową, lokalizowaną w genomie w wielu miejscach (Dugo i in., 2005). Zapach kwiatów koreluje ujemnie w relacji do trwałości po ścięciu i odporności na warunki stresowe w czasie transportu, z tego powodu wiele odmian pachnie słabo (Chaanin, 2003).

Powtarzanie kwitnienia. Cechą pożądaną jest powtarzanie kwitnienia w ciągu całego sezonu wegetacyjnego. Pędy europejskich róż kwitnących jednokrotnie wymagają wernalizacji dla indukcji kwitnienia. W XIX wieku pożądaną cechę przekazały europejskim jednokrotnie kwitnącym odmianom diploidalne róże azjatyckie – *R. chinensis* Jacq., *R. ×odorata* (hort. × Andrews) Sweet oraz *R. wichurana* Crép., których pędy nie muszą przechodzić wernalizacji (Semeniuck, 1971a, 1971b), co potwierdziły potem dodatkowo badania przeprowadzone na diploidalnych odmianach róż (Debener, 1999; Crespel i in., 2002; Dugo i in., 2005). Iwata i in. (2012) wykazali, że za powtarzanie kwitnienia odpowiadają geny *TERMINAL FLOWER 1 (TFL1)*, przy czym obecność i ekspresja genów jest powiązana z określonymi cechami fenotypowymi oraz regulacją sezonową związaną ze sposobem wzrostu pędów (Iwata i in., 2012). U róż powtarzających kwitnienie zidentyfikowano także gen *RoKSN*, który jest inhibitorem procesu kwitnienia (Oyant i in., 2013).

Kolce. Kolce na pędach i ogonkach liściowych u róż ogrodowych mogą stanowić ozdobę, natomiast są niepożądane u odmian florystycznych i pojemnikowych. Za ich obecność odpowiadają pojedyncze geny dominujące (Debener, 1999). Róże o pędach bez kolców można otrzymywać jako efekt mutacji (Rosu i in., 1995).

Niebieska barwa płatków kwiatów

Pożądana od tysięcy lat niebieska róża stała się symbolem niemożliwego.

Prezentowane od dziesięcioleci na wystawach odmiany miały barwę kwiatów fioletową i tylko zwyczajowo nazywaną „niebieską” np. ‘Cardinal de Richelieu’ (1847), ‘Veilchenblau’ (1909), Blue Moon (1964), Bluenette (1983), Blue River (1986), Perennial Blue (2003).

Kwiaty zbliżone barwą do niebieskiej ma ‘Frantasia’ Rhapsody in Blue (2002). Kolor kwiatów jest wywołany cyjaniną (3,5-di-O-glukozyd cyjanidyny), z grupy barwników antocyjanowych. Udział kopigmentów (glikozydy kempferolu, kwercetyna) jest stosunkowo niski i odpowiedzialny za występowanie purpurowych lub czerwonych odcieni na płatkach. Odcienie barwy niebieskiej pojawiają się wraz z przekwitaniem kwiatów na skutek gromadzenia się antocyjanowych inkluzji wakuolarnych (AVIs) o dodatkowej adsorpcji światła. Podobną pigmentację wykazano u innych odmian np. ‘L’Evêque’ (1790), ‘Cardinal de Richelieu’ (1847) i ‘Bleu Magenta’ (1933) (Gonnet, 2003).

Za niebieską barwę kwiatów najczęściej odpowiada obecność delfinidyny, barwnika z grupy antocyjanidynów, którego brak jest u róż (Katsumoto i in., 2007). Prekursorem trzech podstawowych barwników antocyjanowych: cyjanidyny, pelargonidyny i delfinidyny, jest dihydrokempferol (DHK). Cyjanidyna i pelargonidyna są odpowiedzialne za barwy głębokiej czerwieni, różu, lila. U gatunków z rodzaju *Rosa* występują enzymy modyfikujące DHK w kierunku cyjanidyny, natomiast brak jest genów odpowiedzialnych za powstanie delfinidyny i pozyskanie poprzez naturalne krzyżowanie lub selekcję czystej niebieskiej barwy płatków jest niemożliwe (Katsumoto i in., 2007; Tanaka, Brugliera 2013).

Momentem przełomowym była izolacja genu kodującego niebieski pigment u petunii. Genem niebieskiej barwy okazał się cytochrom typu P450, enzym flawonoidu 3'-hydrolazy i 3',5'-hydrolazy. Wyizolowano komplementarne DNA dwóch różnych flawonoidów, genów flawonoidu 3',5'-hydrolazy (3',5'-H). Mapowanie polimorfizmu długości fragmentów restrykcyjnych i komplementarnych u mutantów petunii pozwoliło na określenie, że flawonoid 3',5'-hydrolazy określa locus Hfl i Hf2 (Holton i in., 1993). Katsumoto i in. (2007) przeprowadzili doświadczenia w kierunku uzyskania wysokiej koncentracji delfinidyny w wakuolach płatków róż w celu uzyskania niebieskiej barwy. U 100 odmian róż przeprowadzono analizę barwników i zmierzono jednocześnie pH soku wakuoli w celu wyselekcjonowania takiej o optymalnej jej kwasowości i zawartości (Katsumoto i in., 2007). Odczyn w wakuolach wynosi u róż 3.69 do 5.78 (Biolley, Jay 1993), tymczasem barwnik antocyjanowy jakim jest delfinidyna przyjmuje

niebieską barwę przy pH obojętnym lub lekko kwaśnym, ponadto na zabarwienie niebieskie korzystnie wpływają kopigmenty i jony metali tworzące kompleksy (Goto, Kondo 1991). Wykazano, że pH w wakuoli u ciemno zabarwionych róż jest zbyt niskie, a te o białych lub bladych kwiatach nie mają zdolności do gromadzenia barwników w wakuoli. Nie stwierdzono również odpowiednich kopigmentów. Ostatecznie wyodrębniono gen 3',5'-H z fiołka uzyskując po jego wprowadzeniu (transformacja *Agrobacterium tumefaciens*) do płatków róży 95% koncentrację barwnika w wakuoli i niebieskawy kolor płatków. Dla podniesienia koncentracji barwnika została wyciszona endogenna 4-reduktaza dihydroflawonolowa (DFR), natomiast podniesiona ekspresja genu DFR z *Iris × hollandica* i genu 3',5'-H pochodzącego od fiołka. Zmiana transgeniczna dotyczyła wyłącznie płatków i nie jest cechą dziedziczną (Katsumoto i in., 2007). Pierwszą komercyjną „niebieską” odmianę róży zawierającą w płatkach delfinidynę wprowadzono na japoński rynek w 2009 roku nazywając ją ApplauseTM, Suntory Holdings Ltd. i Florigene Pty Ltd. (Tanaka i in., 2009). Niestety, opóźnienie wzrostu transgenicznych niebieskich róż z nieznanymi przyczynami spowodowało, że ich ostateczna komercjalizacja nie udała się (Tanaka, Brugliera 2013).

Odporność na choroby i szkodniki

Hodowla ukierunkowana na otrzymanie odmian odpornych na choroby róż postępuje w kierunku poszukiwania gatunków ją wykazujących. Analiza genetyczna określiła sposób dziedziczenia u mieszańców tetraploidalnych odporności róż na choroby, w tym na mączniaka prawdziwego. W tym celu posłużono się metodą markerów MAB (marker-assisted-breeding), następnie SNP (Koning-Boucoiran in., 2012). Hodowcy stosują tradycyjne metody uprawiając, obserwując i dokonując selekcji mieszańców na polach, na których nie stosuje się środków ochrony chemicznej. Aby uzyskać jak najlepsze wyniki takiej selekcji, ze względu na zmienność genetyczną patogenów, pola takie rozmieszczone są czasem w kilku-kilkunastu krajach na różnych kontynentach (Beaugey i in., 2017).

W ostatnich latach bardzo istotna jest odporność na wirusy przenoszone przez owady i roztocza. Do gatunków odpornych na te czynniki należą róża szczytniasta (*R. setigera* Michaux), jedyny gatunek dwupienny rodzaju *Rosa*, co utrudnia jego krzyżowanie, przy czym stosunek osobników męskich do żeńskich

wynosi 3:1 (Zlesak i in., 2017b). Drugi gatunek wykazujący odporność na wirusy to róża błotna (*R. palustris* Marschall; Roundey i in., 2017).

U tetraploidalnych i diploidalnych populacji zidentyfikowano trzy podstawowe geny odporności na czarną plamistość (*Diplocarpon rosae* F.A. Wolf), ale wyznaczono marker tylko dla jednego genu *Rdr1* (Debener, Linde 2009). Wykazano dwa sposoby odporności na tę chorobę (race-specific i horyzontalną), co już wykorzystuje się w hodowli nowych odpornych odmian (Zlesak i in., 2017a).

W przypadku mączniaka prawdziwego (*Podosphaera pannosa* syn. *Sphaerotheca pannosa* var. *rosae*) u odmiany 'Carefree Beauty' udało się dokonać transformacji Ace-AMP1, co wywołuje u roślin transgenicznych zwiększoną odporność na tę chorobę (Li i in., 2003). Stale prowadzone są tradycyjne obserwacje polowe mające na celu włączenie odmian i gatunków odpornych do programu hodowlanego (Sandhu i in., 2017).

Podsumowanie

Różnorodność rodzaju róża (*Rosa* sp.) sprawia, że jego gatunki i odmiany znajdują szerokie zastosowanie jako rośliny ozdobne. Uprawiane są na kwiaty cięte, w ogrodach o różnym stylu i funkcji, w parkach, na terenach zieleni i przy szlakach komunikacyjnych. W każdym z tych obszarów użytkowania wymagane są u róż odmienne cechy, tak stanowiące o ich dekoracyjności, jak i charakterze wzrostu. Ponadto róże są wykorzystywane w przemyśle spożywczym, kosmetycznym i farmaceutycznym. Ukierunkowane badania genetyczne i genomiczne, których wyniki będą możliwe do wdrożenia w celach hodowlanych, powinny przyczynić się do spełnienia zapotrzebowania na konkretne pożądane cechy u nowych odmian, a tym samym na realizację wymagań odbiorców.

Bibliografia

Austin, D. (2008). *David Austins' Englische Rosen*. Munich: BLV Buchverlag.

Barden, P. (2009). Miniaturism in Roses. *Rose Hybridizers Association Newsletter*, 40(1), 14-17.

Beaugey, G., Meilland, M., Meilland-Guibert, S., & Meilland, A. (2017). 40 years of results of in situ disease resistance selection. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book*.

Biolley, J. P., & Jay, M. (1993). Anthocyanins in modern roses: chemical and colorimetric features in relation to the colour range. *Journal of Experimental Botany*, *44*, 1725-1734. doi: 10.1093/jxb/44.11.1725

Cairns, T. (2003). Classification | Horticultural Classification Schemes. W: A. V. Roberts, T. Debener, & S. Gudin (red.), *Encyclopedia of Rose Science* (s. 117-124). Oxford: Elsevier Ltd. doi: 10.1016/B0-12-227620-5/00099-9

Carlson, U. (1993). Breeding winter-hardy woody ornamentals for the Swedish climate. *Plantsman*, *15*(3), 185-188.

Chaanin, A. (2003). Breeding | Selection Strategies for Cut Roses. W: A. V. Roberts, T. Debener, & S. Gudin (red.), *Encyclopedia of Rose Science* (s. 33-41). Oxford: Elsevier Ltd. doi: 10.1016/B0-12-227620-5/00099-9

Christenhusz, M. J. M., Vorontsova, M. S., Fay, M. F., & Chase, M. W. (2015). Results from an online survey of family delimitation in angiosperms and ferns: recommendations to the Angiosperm Phylogeny Group for thorny problems in plant classification. *Botanical Journal of the Linnean Society*, *178*, 501-528. doi: 10.1111/boj.12285

Crespel, L., Chirollet, M., Durel, C. E., Zhang, D., Meynet, J., & Gudin, S. (2002). Mapping of qualitative and quantitative phenotypic traits in *Rosa* using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, *105*, 1207-1214. doi: 10.1007/s00122-002-1102-2

Debener, T. (1999). Genetic analysis of horticulturally important morphological and physiological characters in diploid roses. *Gartenbauwissenschaft*, *64*, 14-20.

Debener, T., Dohm, A., & Mattiesch, L. (2003). Use of diploid self incompatible rose genotypes as a tool for gene flow analyses in roses. *Plant Breeding*, *122*, 285-287.

Debener, T., & Linde, M. (2009). Exploring Complex Ornamental Genomes: The Rose as a Model Plant. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *28*(4), 267-280. doi: 10.1080/07352680903035481

De Vries, D. P. (2003). Breeding | Selection Strategies for Pot Roses. W: A.V. Roberts, T. Debener, & S. Gudin (red.), *Encyclopedia of Rose Science* (s. 41-48). Oxford: Elsevier Ltd. doi: 10.1016/B0-12-227620-5/00201-9

De Vries, D. P., Lidwien, A. M., & Dubois, L. A. M. (1978). On the transmission of the yellow flower color from *Rosa foetida* to recurrent flowering Hybrid Tea-roses. *Euphytica*, 27, 205-210.

Dubois, A., Carrere, S., Raymond, O., Pouvreau, B., Cottret, L., Roccia, A., Onesto, J.-P., Sakr, S., Atanassova, R., Baudino, S., Foucher, F., Le Bris, M., Gouzy, J., & Bendahmane, M. (2012). Transcriptome database resource and gene expression atlas for the rose. *BMC Genomics*, 13, 638. doi: 10.1186/1471-2164-13.

Dugo, M. L., Satovic, Z., Millan, T., Cubero, J. I., Rubiales, D., Cabrera, A., & Torres, A. M. (2005). Genetic mapping of QTLs controlling horticultural traits in diploid roses. *Theoretical and Applied Genetics*, 111, 511-520.

Fougère-Danezan, M., Joly, S., Bruneau, A., Gao, X-F., & Zhang, L-B. (2015). Phylogeny and biogeography of wild roses with specific attention to polyploids. *Annals of Botany*, 115, 275-291. doi: 10.1093/aob/mcu245

Gonnet, J. F. (2003). Origin of the color cv. Rhapsody in blue rose and some other so called "blue" roses. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 53(17), 4990-4994.

Goto, T., & Kondo, T. (1991). Structure and molecular stacking of anthocyanins - flower color variation. *Angewandte Chemie International Edition in English*, 30, 17-33.

Gudin, S. (2000). Rose: Genetics and breeding. *Plant Breeding Review*, 17, 159-189.

Hokanson, S. C., Byrne, D., Klein, P., Yan, M., Zlesak, D. C., Kummeth, S., Bradeen, J. M., Lezzoni, A., & Peace, C. (2017). RosBREED2 - combining disease resistance with horticultural quality in new rosaceous cultivars, including rose! *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.*

Holton, T. A., Brugliera, F., Lester, D. R., Tanaka, Y., Hyland, C. D., Menting, J. G. T., Lu, Ch., Farcy, E., Stevenson, T. W., & Cornish, E. C. (1993). Cloning and

- expression of cytochrome P450 genes controlling flower colour. *Nature*, *366*, 276-279. doi: 10.1038/366276a0
- Iwata, H., Kato, T. & Ohno, S. (2000). Triparental origin of Damask roses. *Gene*, *259*(1-2), 53-59.
- Iwata, H., Gaston, A., Remay., Thouroude, T., Jeauffre, J., Kawamura, K., Oyant, L. H-S., Araki, T., Denoyes, B., & Foucher, F. (2012). The TFL1 homologue KSN is a regulator of continuous flowering in rose and strawberry. *The Plant Journal*, *69*, 116-125. doi: 10.1111/j.1365-313X.2011.04776.x.
- Katsumoto, Y., Fukuchi-Mizutani, M., Fukui, Y., Brugliera, F., Holton, T., Karan, M., Nakamura, N., Yonekura-Sakakibara, K., Togami, J., Pigeaire, A., Tao, G., Nehra, N. S., Lu, C.-Y., Dyson, B. K., Tsuda, S., Ashikari, T., Kusumi, T., Mason, J. G., & Tanaka, Y. (2007). Engineering of the rose flavonoid biosynthetic pathway successfully generated blue-hued flowers accumulating delphinidin. *Plant Cell Physiology*, *48*(11), 1589-1600. doi: 10.1093/pcp/pcm131
- Koning-Boucoiran, C. F. S., Smulders, M. J. M., & Krens, F. A. (2012). SNP genotyping in tetraploid cut roses. *Acta Horticulturae*, *953*, 351-356.
- Koopman, W. J. M., Vosman, B., Sabatino, G. J. H., Visser, D., Van Huylenbroeck, J., De Riek, J., De Cock, K., Wisseman, V., Ritz, C. M., Maes, B., Werlemark, G., Nybom, H., Debener, T., Linde, M., & Smulders, M. J. M. (2008). AFLP markers as a tool to reconstruct complex relationships in the genus *Rosa* (Rosaceae). *American Journal of Botany*, *95*, 353-366. doi: 10.3732/ajb.95.3.353.
- Krüssmann, G. (1974). *Rosen Rosen Rosen. Unser Wissen über die Rose*. Berlin und Hamburg: Verlag Paul Parey.
- Lau, J., Liang, S., Wu, X., Yan, M., Klein, P., & Roundey, E. (2017)a. Heritability of flower size and heat stress in diploid roses. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book*.
- Lau, J., Roundey, E., Anderson, N., & Byrne, D. (2017)b. Fieldbook app: use in data collection in rose breeding. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book*.
- Li, X. Q., Gasic, K., Cammue, B., Broekaert, W., & Korban, S. S. (2003). Transgenic rose lines harboring an antimicrobial protein gene, Ace-AMP1,

demonstrate enhanced resistance to powdery mildew (*Sphaerotheca pannosa*). *Planta*, 218, 226-232. doi: 10.1007/s00425-003-1093-5

Lim, P. (2017). Breeding for beautiful, strong, and chemical-free roses. VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Li-Marchetti, C., Le Bras, C., Chastellier, A., Relion, D., Morel, P., Sakr, S., Hibrand-Saint Oyant, L., & Crespel, L. (2017). VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Liorzou, M., Pernet, A., Li, S., Chastellier, A., Thouroude, T., Michel, G., Malécot, V., Gaillard, S., Briée, C., Foucher, F., Oghina-Pavie, C., Clotault, J., & Grapin, A. (2016). Nineteenth century French rose (*Rosa* sp.) germplasm shows a shift over time from a European to an Asian genetic background. *Journal of Experimental Botany*, 67(15), 4711-4725. doi: 10.1093/jxb/erw269

Liu, Ch., Wang G., Wang, H., Xia, T., Zhang S., Wang, Q., & Fang, Y. (2015). Phylogenetic relationships in the genus *Rosa* revised based on *rpl16*, *trn-F*, and *atpB-rbcL* sequences. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 50(11), 1618-1624.

Maia, N., & Venard, P. (1976). Cytotaxonomie du genre *Rosa* et origine des rosiers cultivés. W: Fédération Nationale des Producteurs de l'Horticulture et des Pépinières, (red.), *Travaux sur rosier de serre menés au C.R.A. d'Antibes*. (s. 7-20). Paris: INRA Editions.

Malécot, V. (2016)a. Expertise nomenclaturale et taxinomique le nom *Rosa floribunda* - avril 2016. IRHS. UMR 1345 (INRA / Agrocampus Quest / Université d'Angers). 7.04.2016, 1-5.

Malécot, V. (2016)b. La classification - Classer les roses, c'est épineux ! expo florhige 6. Pozyskano z <https://www6.inra.fr/florhige/Exposition> (data dostępu 18.09.2017).

Marosz, A. (2014). Monitoring i prognozowanie uwarunkowań ekonomicznych i produkcji roślin ozdobnych. W: L. Kawa-Miszczak (red.), *Rozwój zrównoważonych metod produkcji ogrodniczej w celu zapewnienia wysokiej jakości biologicznej i odżywczej produktów ogrodniczych oraz zachowania bioróżnorodności środowiska i ochrony jego zasobów. Program wieloletni 2008-2014* (s. 153-158).

Skierniewice: Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach.

Meng, J.F., Fougère-Danezan, M., Zhang L-B., Li, D-Z., & Yi, T-S. (2011). Untangling the hybrid origin of the Chinese tea roses: evidence from DNA sequences of single-copy nuclear and chloroplast genes. *Plant Systematics and Evolution*, 297, 157-170.

Meynet, J. (2001). Les rosiers cultivés, une très longue histoire d'exploitation de la biodiversité seulement pour le plaisir et l'art de vivre. W: S. Le Perchec, P. Guy, & A. Fraval (red). *Agriculture et biodiversité des plantes* (s. 112-118) Dossier de l'environnement de l'INRA, n°21, Paris. Pozyskano z <https://www7.inra.fr/dpenv/pdf/meyned21.pdf> (data dostępu 18.09.2017).

Nakamura, N., Hirakawa, H., Sato, S., Otagaki, S., Matsumoto, S., Tabata, S., & Tanaka, Y. (2017). Genome structure of *Rosa multiflora*, an ancestral wild rose of cultivated roses. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book*.

Noack, R. (2003). Selection strategies for disease and pests resistance. W: A. V. Roberts, T. Debener, & S. Gudin (red.), *Encyclopedia of Rose Science* (s. 49-55). Oxford: Elsevier Ltd.

Ohtsubo, N. (2011). Beyond the blue rose: Modification of floral architecture with plant specific chimeric repressors. *Plant Biotechnology*, 28, 113-121.

Oyant, H-S. L., Randoux, M., Jeauffre, J., Thouroude, T., Pierre, S., Jammes, M-J., Reynoird, J-P., & Foucher, F. (2013). The continuous flowering gene in rose is a floral inhibitor. *VI International Symposium on Rose Research and Cultivation. 25-30 August, Hannover. Abstract book 8*.

Pipino, L., Scariot, V., Van Labeke, M. C., & Leus, L. (2013). Hybrid Rose Breeding: Improving Seed Production Efficiency. *Acta Horticulturae*, 990, 281-286.

Popek, R. (2007). *Dziko rosnące róże Europy*. Kraków: Oficyna Botanica.

Rehder, A. (1940). *Manual of cultivated trees and shrubs hardy in North America*. New York: Macmillan. Pozyskano z <http://krishikosh.egranth.ac.in/bitstream/1/2057475/1/ANAND-71.pdf> (data dostępu 18.09.2017).

Rosu, A., Skirvin, R. M., Bein, A., Norton, M. A., Kushad, M., & Otterbacher, A. G. (1995). The development of putative adventitious shoots from chimera thornless rose (*Rosa multiflora* Thunb. ex J. Murr.) in vitro. *Journal of Horticulture Science*, 70(6), 901-907. doi:10.1080/14620316.1995.11515365

Roundey, E., Anderson, N., Bedard, C., Scheiber, M., Zlesak, D., & Byrne, D. (2017). *Rosa palustris* and *Rosa setigera*: breeding challenges. VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Sandhu, P., Ghosh, A., Pacelli, F., Morimoto, M., & Batenburg, J. (2017). Field evaluation of rose cultivars to black spot in Southern Ontario. VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Scariot, V., Akkac, A., & Botta, R. (2006). Characterization and genetic relationships of wild species and old garden roses based on microsatellite analysis. *Journal of American Society of Horticultural Science*, 131(1), 66-73. Pozyskano z <http://journal.ashspublications.org/content/131/1/66.full.pdf> (data dostępu 18.09.2017).

Semeniuck, P. (1971)a. Inheritance of recurrent blooming in *Rosa wichuraiana*. *Journal of Heredity*, 62(3), 203-204. doi: 10.1093/jhered/62.3.203-a

Semeniuck, P. (1971)b. Inheritance of recurrent and nonrecurrent blooming in 'Goldilocks' x *Rosa wichuraiana* progeny. *Journal of Heredity*, 62(5), 319-320. doi: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a108184

Smulders, M. J. M., Bourke, P. M., Arens, P., Voorrips, R. E., & Maliepaard, C. (2017). High-density SNP maps for genetics and genomics in tetraploid rose. VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Stevens P. F., & Davis, H. M. (2005). The angiosperm phylogeny Website - a tool for reference and teaching in a time of change. *Proceedings of the American Society for Information Science and Technology*, 42(1), 1-3. doi: 10.1002/meet.14504201249

Svejda, F., (1976). Breeding winter hardy and everblooming roses. *American Rose Annual*, 61, 16-24.

Tanaka, Y., Brugliera, F., & Chandler, S. (2009). Recent progress of flower colour

modification by biotechnology. *International Journal of Molecular Science*, *10*, 5350–5369. doi: 10.3390/ijms10125350

Tanaka, Y., & Brugliera, F. (2013). Flower colour and cytochromes P450. *Philosophical Transactions of the Royal Society*, *68*, 20120432. doi: 10.1098/rstb.2012.0432

Ueda, Y., & Akimoto, S. (2001). Cross- and self-compatibility in various species of the genus *Rosa*. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, *76*, 392–395. doi: 10.1080/14620316.2001.11511382

Werlemark, G. (2000). Evidence of apomixes in hemisexual dogroses, *Rosa* section *Caninae*. *Sexual Plant Reproduction*, *12*, 353–359. doi: 10.1007/s004970000028

Vergne, P., Maene, M., Gabant, G., Chauvet, A., Debener, T., & Bendahmane, M. (2010). Somatic embryogenesis and transformation of the diploid *Rosa chinensis* cv. Old Blush. *Plant Cell, Tissue Organ Culture*, *100*, 73–81. doi: 10.1007/s11240-009-9621-z

Vemmer, E., & Brumme, H. (2008). Historische Rosen. W: G. Wiesenhöfer (red.), *Rosenwelten. Geschichte - Kultur - Gärten - Persönlichkeiten* (s. 34–51). Baden-Baden: Aquensis.

Yan, Z. F., Dolstra, O., Hendriks, T. T., Prins, T. E., Stam, P., & Visser, P. B. (2005). Vigour evaluation for genetics and breeding in rose. *Euphytica*, *145*, 339–347. doi: 10.1007/s10681-005-2070-9

Zieliński, J. (1985). Studia nad rodzajem *Rosa* L. - Systematyka sekcji *Caninae* DC. em. Christ. *Arboretum Kórnickie*, *30*: 3-109.

Zieliński, J. (1987). Rodzaj *Rosa* L. W: A. Jasiewicz (red.), *Flora Polski. Rośliny naczyniowe*. t. 5 (s. 7–49). Warszawa: Państwowe Wydawnictwo Naukowe.

Zlesak, D.C. (1998). Inbreds of 'Carefree Beauty'. *Rose Hybridizer Association Newsletter*, *28*, 16.

Zlesak, D.C., Bradeen, J., Kummeth, S., Bassif, N., Zurn, J.D., & Hokanson, S.C. (2017)a. Rose parental characterization and population development for the identification of novel rose black spot resistance genes. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation*. 2-7 July, Angers. Abstract book.

Zlesak, D. C., Zuzek, K., Melcher, M., Hokanson, S. C., Van Schaick, J., Varghese, A., Carlson, C., & Ghavami, F. (2017)b. SNP markers linked to gender in dioecous *Rosa setigera* Michx. *VII International Symposium on Rose Research and Cultivation. 2-7 July, Angers. Abstract book.*

Finansowanie: PAN OB CZRB w Powsinie

Potencjalny konflikt interesów: brak