

WOJCIECH ŚWIĘCICKI¹**CZESŁAWA NAWROT**²¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu² Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział w Wiatrowie

wswi@igr.poznan.pl

Groch mniej znany — zmienność monogeniczna w kolekcji*

The pea less known — a monohybrid variation in the collection

Siedem cech jednogenowych Mendla reprezentuje najważniejsze typy i kierunki użytkowania gatunku. Jednak gatunek ten wyróżnia wyjątkowo szeroka zmienność cech jednogenowych, która stanowiła podstawę do opracowania systematyki, obejmującej ponad 100 odmian botanicznych (*varietas*) (Lehmann 1954) oraz katalogu około 400 genów, warunkujących cechy morfologiczne, fizjologiczne i biochemiczne. W *Pisum Newsletter* (1977) ukazała się pierwsza baza danych w której na podstawie literatury przedstawiono informację o każdym genie, wg. następującego schematu: symbol genu, sposób dziedziczenia, lokalizacja na chromosomie, przynależność do grupy i typ mutacji, autorstwo cechy, symbolu genu i jego lokalizacji, numer katalogowy linii dawcy oraz opis fenotypu. Opracowaniu temu patronował Komitet dla Mapy Genów *Pisum*, działający przy *Pisum Genetics Association*. Do 2017 roku odkryto i opisano 71 nowych genów w tym 29 w ramach charakterystyki i waloryzacji polskiej kolekcji grochu w Wiatrowie. Są to zarówno geny reprezentujące zmienność naturalną, wcześniej niezidentyfikowaną, jak i nowe geny, sztucznie indukowane. Wśród nich wyróżnić można *Orc* (*orange cotyledons*), *det* (*determinate growth*), *dnd* (*densinodosum*), *uns* (*undulated sail*), *uni* (*unifoliata*), czy *fil* (*filiformis*), przydatne zarówno w hodowli, ocenie OWT odmian, ale także wyraźnie zmieniające powszechne wyobrażenie o fenotypie gatunku. Obecnie, oprócz Wiatrowa kolekcja linii dawców, tzw. linii typowych dla genów *Pisum* znajduje się w Nordyckim Banku Genów i Instytucie Norwich. Niestety, nierzadko autorzy opisanych w literaturze genów nie zabezpieczyli prób nasion w kolekcjach i w konsekwencji dysponujemy jedynie ich opisem. Podkreśla to znaczenie

* Prace zostały wykonane w ramach programu wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR — PIB a finansowanego przez MRiRW.

zabezpieczania zmienności genetycznej w kolekcjach w ramach współpracy międzynarodowej.