

Krajowa kolekcja rodzaju *Lupinus* sp., *Pisum* sp. i *Ornithopus* sp.

Wojciech Święcicki, Paweł Barzyk

Poznańska Hodowla Roślin z/s w Tulcach, Oddział w Wiatrowie

E-mail: wswi@igr.poznan.pl

Omawiane kolekcje powstawały w Wiatrowie od końca lat sześćdziesiątych, początkowo z zamiarem gromadzenia materiału wyjściowego do hodowli. Wyraźny wzrost liczby obiektów i zakresu zmienności, jako efekt aktywnej współpracy spowodowały – decyzją tzw. Porozumienia Międzyresortowego z 1978 roku – włączenie tych kolekcji do krajowego banku genów roślin użytkowych.

Kolekcja łubinów obejmuje około 1250 obiektów reprezentujących 24 gatunki występujące w dwu centrach pochodzenia – w basenie Morza Śródziemnego i na kontynentach amerykańskich. Większość zgromadzonych zasobów należy do trzech gatunków uprawnych – *L. albus* (389 obiektów), *L. angustifolius* (395 obiektów) i *L. luteus* (383 obiekty). Zgromadzono także linie należące do dzikich gatunków „śródziemnomorskich i amerykańskich” oraz jedyne, uprawnego gatunku południowoamerykańskiego (*L. mutabilis*) i dwa nowe gatunki, opisane w ostatnich dekadach – *L. anatolicus* i mieszańiec międzygatunkowy *L. xhispanicoluteus*. Zbiory pochodzą z rejonów naturalnego występowania oraz z krajowych i zagranicznych ośrodków badawczych i hodowlanych. W ramach grupy roboczej ECP/GR opracowano międzynarodową bazę danych kolekcji *Lupinus*, obejmuje dane paszportowe 14 tys. obiektów zgromadzonych w 13 centrach. http://www.igr.poznan.pl_ w Biologiczne Bazy Danych.

Rodzaj *Ornithopus* reprezentowany jest przez 112 linii należących do 12 gatunków, np. *O. sativus*, *O. compressus* i *O. isthmocarpus*. Obiekty zgromadzone w latach większego znaczenia seradeli w rolnictwie (1970/1980) są obecnie zabezpieczone w przechowalni długoterminowej IHAR.

W kolekcji *Pisum* przechowuje się prawie 3 tys. linii w tym dzikie ekotypy subsp. *elatius*, *abyssinicum*, *humile* i *fulvum* oraz wiele odmian reprezentujących różne kierunki użytkowania. Do rodzaju tego należy tylko jeden gatunek (*P. sativum* sensu lato), ale o bardzo szerokiej zmienności cech jednogenowych. Jej opracowanie doprowadziło do wydzielenia około 100 taksonów na poziomie odmian botanicznych. Część zmienności wykraczającą poza klucz botaniczny usystematyzowano w grupach i typach mutacji. Na wyróżnienie zasługuje zestaw kilkuset linii typowych dla genów – dawców cech o znanym sposobie dziedziczenia i lokalizacji na chromosomach. Charakterystyka i analiza zmienności doprowadziła do zidentyfikowania około 30 nowych genów, które włączono do międzynarodowego banku *Pisum*.

Omawiane zbiory podlegają systematycznej waloryzacji z uwzględnieniem cech morfologicznych, fizjologicznych i użytkowych, w tym jakościowych i charakterystyki genotypu. Na przykład dla kolekcji *Pisum* tworzona jest baza danych genotypu i charakterystyka zawartości ogólnej i składu jakościowego oligosacharydów (związki antyżywniowe grochu), a dla *Lupinus* charakterystyka zawartości ogólnej i składu jakościowego alkaloidów (związki antyżywniowe łubinów).

Kolekcje rodzaju *Lupinus* i *Pisum* cieszyły się dużym zainteresowaniem użytkowników, stanowiły materiał wyjściowy zarówno w badaniach naukowych, jak i hodowli. Dzięki temu np:

- w rodzaju *Lupinus* –
 - zidentyfikowano dwa nowe gatunki,
 - przeprowadzono analizę zależności między klasami pochodzenia obiektów (populacje dzikie, rasy miejscowe, materiał badawczy, odmiany), a zawartością alkaloidu i tłuszczu w nasionach,
 - w łubinie białym zidentyfikowano materiał wyjściowy o podwyższonej zawartości tłuszczu i odporności na antraknozę,
 - wyselekcjonowano dawców takich cech, jak odporność na *Fusarium* i *Colletotrichum*, termoneutralność i samokończenie wegetacji, które okazały się być „kamieniami milowymi” dla postępu w hodowli łubinów,
- w rodzaju *Pisum* –
 - przeprowadzono analizę zależności między ewolucją rodzaju oraz klasami pochodzenia obiektów, a zawartością oligosacharydów w nasionach,
 - zidentyfikowano około 30 nowych cech dla których zbadano sposób dziedziczenia, sprzężenia oraz lokalizację na chromosomach,
 - włączono do kolekcji linie ze zrekombinowanym układem alleli blisko sprzężonych genów, niewystępującym w warunkach naturalnych i tzw. typie dzikim *Pisum*,
 - utworzono bank genów i linii typowych/dawców dla mapy chromosomów *Pisum*,
 - linie/dawcy cech związanych z architekturą liścia i łodygi były wykorzystane w tworzeniu nowego morfotypu odmiany uprawnej.