

STIG BLIXT

Weibullsholm Plant Breeding Institute

WOJCIECH K. ŚWIĘCICKI

Stacja Hodowli Roślin w Wiatrowie

MIĘDZYNARODOWY BANK GENÓW *PISUM*

W chwili obecnej hodowla roślin znajduje się na bardzo wysokim poziomie i uzyskanie jakiegokolwiek postępu w plenności i jakości nowych odmian jest niezmiernie trudne. Dlatego hodowca powinien dysponować jak najbogatszym źródłem zmienności. W praktyce rolę tę spełniają banki genów i kolekcje *). Dla sprawnego ich funkcjonowania niezbędne jest właściwe opracowanie i usystematyzowanie informacji genetycznej w szerokim sensie. Celem powinno być nie tylko zbieranie, przechowywanie i udostępnianie nasion odmian, form i linii, ale także jak najdokładniejsze dane o pochodzeniu, genotypie, poznanych sprzężeniach i innych, wcześniej przeprowadzonych badaniach.

U niektórych roślin po wielu latach doświadczeń genetycznych i hodowlanych nagromadziło się tak dużo materiału, że korzystanie z niego bez wspomnianego wyżej uporządkowania stało się prawie niemożliwe (przynajmniej bardzo czasochłonne). Wiadomo również, że proste wybieranie i krzyżowanie między sobą najlepszych odmian nie zawsze jest racjonalne.

Z drugiej strony nie należy zapominać, że wskutek postępu cywilizacji oraz upraszczania agrotechniki niektóre gatunki (lub niższe jednostki systematyczne) wypadają z uprawy lub wręcz giną (erozja genetyczna). Ich podtrzymywanie także należy do banków i kolekcji. Rośliny takie mogą mieć przez wiele lat znaczenie tylko w badaniach teoretycznych, by nagle w wyniku zmian koniunktury stać się cennymi formami uprawnymi. Tak pojęty cel gromadzenia informacji genetycznej powinien zapewnić przydatność dla różnych gałęzi nauki.

Rodzaj *Pisum* zawsze wzbudzał zainteresowanie zarówno ze względu na przydatność do teoretycznych badań jak i wartość rolniczą. Systema-

*) W literaturze spotyka się obydwa terminy. Pierwszy w nich dotyczy informacji o gatunku pod kątem widzenia genotypu (nie dla wszystkich roślin jest to obecnie możliwe). Z pojęciem kolekcji należy łączyć gromadzenie linii i usystematyzowanie wg klucza taksonomicznego. Można przyjąć, że kolekcja jest wstępnym etapem tworzenia banku genów.

tyczne prace genetyczne zapoczątkował Lamprecht. Już w roku 1925 zaczął się mapowaniem genów, a około 1930 roku przystąpił do gromadzenia kolekcji. Dało to początek powstaniu jednego z najbogatszych w świecie banków genów.

W roku 1968 z inicjatywy grupy genetyków grochu (Blixt — Szwecja, Gottschalk — RFN, Enken — ZSRR, Marx — USA, Monti — Włochy, Sharma — Indie, Snoad — Wielka Brytania) przystąpiono do tworzenia międzynarodowego banku genów *Pisum*. Głównym celem stało się ujednoczenie zebranej dotychczas informacji oraz zintegrowane planowanie dalszej pracy. Zdecydowano się jednocześnie na zawiązanie stowarzyszenia — *Pisum Genetics Association*, oraz publikowanie czasopisma *The Pisum Newsletter*.

Po przeszło dziesięciu latach międzynarodowej współpracy można przyjąć, że najbogatszy materiał, a jednocześnie najbardziej użyteczny (zarówno dla teoretycznych badań ewolucyjnych i genetycznych jak i dla praktycznej hodowli) zgromadzono w Instytucie Hodowli Roślin Weibullsholm w Szwecji. Przechowywanie i posługiwanie się opracowaną informacją ze względu na jej objętość stało się tak trudne, że zdecydowano się na zastosowanie komputera. Ułatwiło to nie tylko pracę, ale i zwiększyło operatywność banku. Ogólny schemat funkcjonowania przedstawia rysunek 1 (wg Blixt 1976).

Zmienność w rodzaju *Pisum* jest reprezentowana przez formy prymitywne i uprawne. Dalsze uzupełnianie umożliwiają prowadzone prace genetyczne i hodowlane, które są źródłem nowych rekombinatów, mutacji spontanicznych i indukowanych.

W zależności od przeznaczenia nasiona są magazynowane w dwu odmiennych warunkach. Przy tak zwanym przechowywaniu krótkoterminowych (+11 do +15°C, 8 % wilgotności) nasiona odnawiane są co trzy lata w ilościach uzależnionych od zapotrzebowania na daną linię. Przechowywanie długoterminowe przy —18°C zapewnia wysoką siłę kiełkowania przez około 20 lat. W szczególnych przypadkach linii z allelem letalnym utrzymuje się stan heterozygotyczny. Oczywiście w warunkach tzw. *deep freeze* przechowywane są tylko niewielkie próbki nasion stanowiące „żelazną rezerwę”. Ze względów bezpieczeństwa (pożar itp.) zamrażarka powinna znajdować się przynajmniej w innym budynku, a najlepiej w innej miejscowości.

Wszystkie linie poddawane są określonym obserwacjom. W połączeniu z danymi paszportowymi o pochodzeniu, dawcy formy (ważne przy porównaniach między bankami), ostatnim roku zbioru i ilości przechowywanych nasion, informacjami literaturowymi (1000 nadbitek dotyczących bezpośrednio genetyki grochu i około 6000 abstraków o badaniach nad

Bank Genów Pisum – system organizacyjny

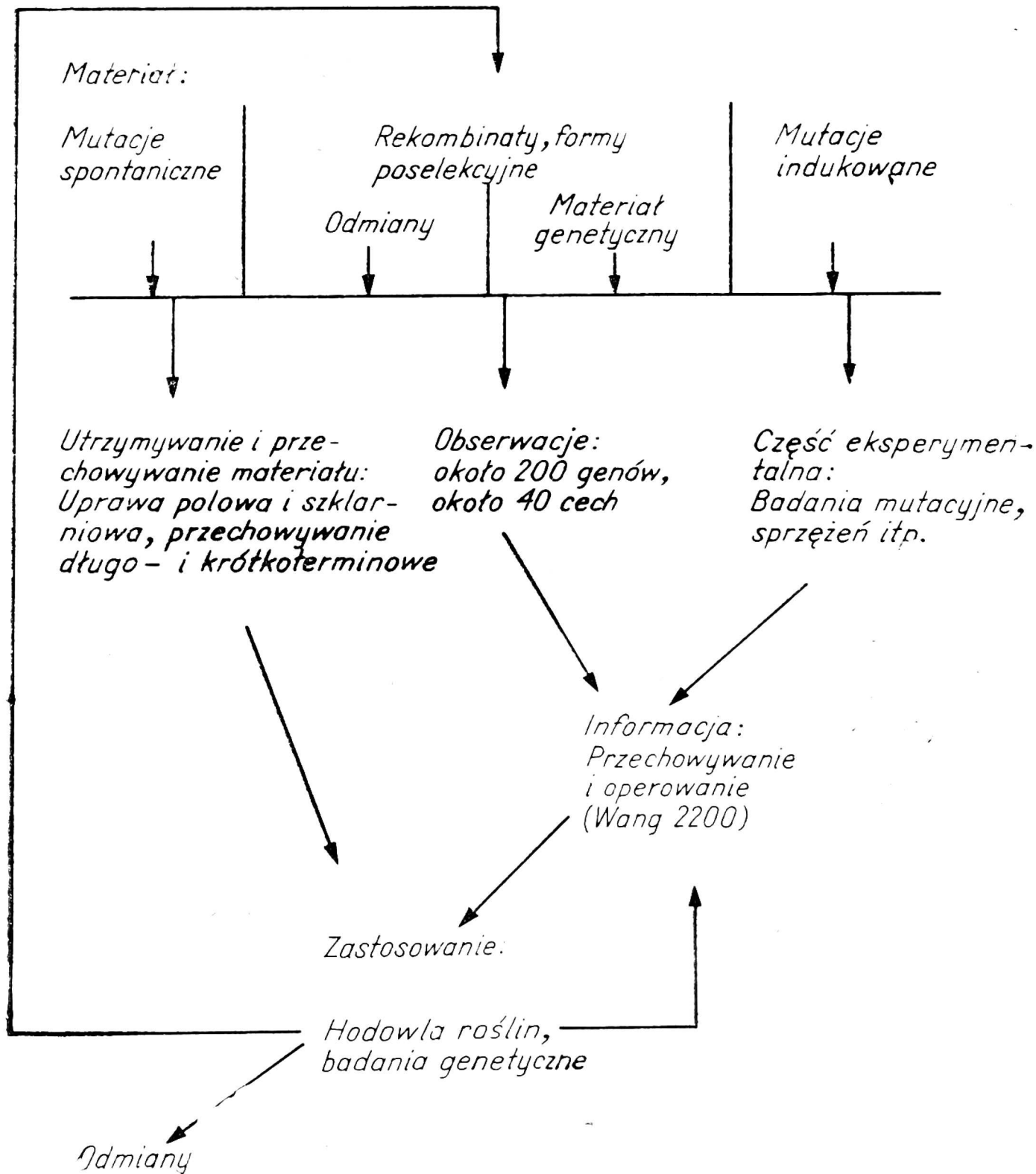


Tabela 1

Geny *Pisum* w obserwacjach linii — kandydatów do banku genów i przykłady notowań dla określenia statusu allelu.

Przy obserwacji konkretnego genotypu (0) wskazuje stan dominujący, (1) stan recesywny allelu w porównaniu do „typu prymitywnego” grochu. Gdy stan allelu nie może być określony daje się znak (2).

Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak
A	1	Cm	0	Er1	1	Lf	2	Pe	1	Srub	1
Acu	1	Co	2	Er2	1	Li	2	Ph	2	St	1
Ad	2	Coch	2	F	0	Lm	1	Pl	0	Ster	2
Adc	2	Coch1	1	Fa	1	Lo	2	Pla	1	Sti	2
Af	1	Coe	1	Fas	1	Lob	1	Pn	2	Stim	1
Age	1	Coh	1	Fil	1	Los1	2	Pr	1	Stp	1
Alb	1	Com	1	Fl	1	Los2	2	Pra	1	Stpr	2
Alt	1	Con	2	Fn	1	Los3	2	Prae	2	Str	1
Alte	2	Cona	1	Fna	1	Los4	2	Pre	1	Sub	1
Am	1	Cont	1	Fnw	0	Lr	1	Pro	1	Sul	1
Ampl	2	Cor	1	Fo	1	Lt	1	Pt	2	Sup	1
Amp2	2	Cot	1	Fob	1	Lum	1	Pu	0	T	2
Ang	1	Cotr	1	Foe	1	M	0	Pur	0	Tac	2
Ar	1	Cov	1	Fol	1	Ma	2	Py	2	Td	1
As	2	Cp	1	Fom	1	Mal	2	Q	2	Te	1
Asc	0	Cpa	2	Fov	1	Mare	1	Qua	2	Ten	1
Asre	1	Cr	1	Fr	1	Mex	1	R	1	Teu	1
Astr	1	Creep	2	Fru	1	Mie	1	Rag	1	Tl	1
Au	1	Cri	1	Fs	0	Mier	2	Ram	1	Tra	0
Auv	1	Crif	2	Fw	2	Mifo	1	Rb	1	Trip	2
B	1	Cris	1	Gl	1	Min	2	Re	1	Trp	2
Beg	1	Crpt	1	Gla	2	Mine	1	Red	1	Twp	2
Bila	2	Cry	1	Gp	1	Mis	2	Rf	0	U	0
Bip	1	Curl	2	Gri	1	Miu	1	Ro	2	Umb	0

c.d. tab. 1

Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak	Gen	Znak
Bips	2	Curt	2	Gty	0	Miv	2	Rpv1	1	Un	1
Bl	2	Cv	0	Him	0	Mo	1	Rpv2	1	Uni	1
Br	0	Cvit	2	Ho	1	Mp	1	Ru	2	Up	1
Bra	0	D	1	Hr	2	Ms1	2	Rub	1	V	1
Brac	2	Dem	1	Hyt	2	Ms2	2	Rup	1	Vacl	2
Brev	1	Den	1	I	1	N	1	Rups	1	Ve	1
Bri	2	Di	1	Ib	2	Na	1	S	1	Vil	2
Bt	1	Dim	2	Iba	2	Nap	1	Sa1	2	Vim	1
Bulf	2	Dip	2	If	2	No	1	Sa2	2	Vl	2
Ca	0	Disp	2	Ina	2	Nod	1	Sa3	2	Wa	1
Cal	1	Dn	2	Inci	0	Noda	1	Sal	1	Was	1
Calf	2	Dp	2	Ins	1	Np	0	Sat	2	Wb	1
Cat	1	Dpo	0	Int	0	Nr	2	Sb	2	Wel	1
Ce	1	Ds1	2	K	1	O	1	Sbm	1	Wex	2
Ceo	1	Ds2	2	Kp	0	Obo	1	Sc	2	Wlo	1
Cgf	2	Ds3	2	Kpa	0	Obs	0	Ser	0	Wp	1
Ch1	1	Ds4	2	L	1	Och	1	Serp	2	Wsp	1
Ch2	2	Dt	1	La	1	Oh	1	Sg1	2	X	0
Ch3	2	E	0	Lac	1	Oli	2	Sg2	2	Xa1	1
Ch4	2	Ef	2	Laf	0	Olv	2	Sg3	2	Xa2	2
Chil	2	Elo	2	Lapl	0	Op	1	Sg4	2	Xa3	2
Chi 31	2	Em1	2	Lat	2	P	1	Sifl	2	Xa4	2
Chrw	2	Em2	2	Lath	1	Pa	1	Sin	1	Xa5	1
Chtl	2	En	2	Lc	2	Paf	2	Siv	1	Xat	1
Chwes1	2	Ep	2	Ld	2	Paf1	1	Sn	2	Y	2
Chwes2	1	Epl	2	Le	1	Pal	1	Sob	2	Yp	1
Cist	2	Er	0	Leflo	2	Par	1	Sre	2	Z	1
Cit	0			Let	2	Pat	1	Sru	1		

*Standardowe obserwacje ilościowych cech roślin dla linii-kandydatów
do banku genów*

Lp.	Cecha
1	Wysokość rośliny w cm.
2	Wysokość do pierwszego kwiatu.
3	Grubość łodygi pierwszego międzywęzła (pierwszy rzeczywisty liść).
4	Grubość łodygi w międzywęzlu powyżej pierwszego kwiatu.
5	Liczba podstawowych rozgałęzień.
6	Liczba innych rozgałęzień głównej łodygi.
7	Liczba węzłów do pierwszego kwiatu.
8	Liczba kwitnących węzłów na głównej łodydze.
9	Ogólna liczba kwiatostanów na głównej łodydze.
10	Ogólna liczba kwiatów na głównej łodydze.
11	Początek kwitnienia, liczba dni od siewu.
12	Koniec kwitnienia, liczba dni od siewu.
13	Powrót kwitnienia.
14	Liczba strąków na roślinie.
15	Liczba załążków w pięciu strąkach.
16	Liczba nasion w pięciu strąkach.
17	Ogólna masa nasion w g.
18	Zawartość białka ogólnego (Nx6,25).
19	Wartość DBC (mg pochłoniętego barwnika na 16 mg/N).
20	Długość listków (pierwsza para liścia na pierwszym kwitnącym węźle).
21	Szerokość listków (j.w.).
22	Długość przylistków (j.w.).
23	Szerokość przylistków (j.w.).
24	Liczba listków jednego liścia (j.w.).
25	Liczba wąsów jednego liścia (j.w.).
26	Długość kwiatostanu.
27	Długość kwiatostanu do pierwszego kwiatu.
28	Długość kwiatostanu do drugiego kwiatu.
29	Długość strąka.
30	Szerokość strąka.
31	Płodność (15/16).
32	Ogólna liczba nasion.
33	Masa 1000 nasion w g.
34	Dojrzałość w liczbie dni od siewu.
35	Rok zbioru.
36	Odporność na <i>Peronospora pisi</i> (B. Jönsson).
37	Wzór zymogramu (J. Przybylska).
38	Wzór elektroforezy (J. Przybylska).
39	Określenie głównej łodygi (w szczególnym przypadku zahamowania wzrostu i przejęcia tej funkcji przez boczne łodygi).

gatunkiem) oraz dokumentacją fotograficzną — powinno to zadowolić możliwie szeroki krąg zainteresowanych. Do najważniejszych należą obserwacje dotyczące genotypu oraz około 40 cech (tabela 1 i 2). Ostatecznie zachowany w banku opis genotypu obejmuje tylko te tabele, którymi omawiana linia różni się od opracowanego genotypu „typu prymitywnego”. Natomiast pomiary dotyczą nie tylko cech takich jak długość łodygi, plon, mtn, ale również zawartość białka, wartość DBC i odporność na choroby. Dane o cechach i obserwacje genotypu wzajemnie się uzupełniają. Korzystnie np. tylko z informacji o cechach jest niewystarczające, gdy uwzględnimy chociażby pochodzenie danych dla różnych linii z odmiennych lat.

Niezmiernie istotną częścią banku są prowadzone prace nad dalszym uzupełnianiem i poszerzaniem wiedzy o mapie genów i sprzężeniach. Do chwili obecnej (wrzesień 1979) znanych jest 349 genów. Zatem groch jest wśród roślin wyższych najlepiej poznanym gatunkiem. U innych opublikowano istnienie następujących ilości genów: kukurydza — 332, pomidor — 214, jęczmień — 197, ryż — 91 (Handbook of Genetics 1974). Wyniki badań wielu genetyków uporządkowano według następującego schematu:

1. Symbol genu.
2. Status symbolu.
3. Autor cechy i symbolu.
4. Lokalizacja w chromosomie.
5. Autor lokalizacji.
6. Linia lub odmiana będąca typową dla allelu.
7. Inne synonimy genu (opublikowane przed ujednoczeniem).
8. Sposób dziedziczenia.
9. Manifestacja genu (krótki opis ekspresji).
10. Przynależność do określonej grupy mutacji.
11. Literatura.

Zgromadzenie tak dużej ilości informacji stało się możliwe dzięki zastosowaniu komputera. Opracowane programy pozwalają na szybkie i łatwe z niej korzystanie. Komputer udziela odpowiedzi na każde pytanie, niezależnie którego fragmentu dotyczy. Może to być alfabetyczny spis linii genów, literatury, linii o określonym genotypie lub cechach, pełen opis linii lub tylko pewnej części. Odpowiedni program daje możliwość prowadzenia obserwacji w polu za pomocą „Frequensor terminal 445”, a następnie automatycznego przekazania do pamięci i zapisania we właściwej kolumnie list obserwacyjnych. Można ponadto rozrysować pole przed siewem, drukować listy siewne i karty obserwacyjne, zeszyty polowe, czy też planować krzyżówki. Oczywiście wykonuje się szereg niezbędnych obliczeń statystycznych.

Analogicznie do programów genetycznych, dla sprzężeń itp., można

z powodzeniem zastosować komputer w pracach hodowlanych. Uprości się w ten sposób notowanie obserwacji, obliczenia i porównywanie wartości rodzin i rodów na podstawie analiz pojedynków i doświadczeń. Jednocześnie ułatwione będzie przechowywanie informacji z wielu lat i porównywanie między latami oraz odtwarzanie rodowodów.

Kolejnym etapem międzynarodowej unifikacji banków będzie połączenie informacji zebranej w Szwecji i Polsce. Początkowo zostanie opublikowany niezależnie aktualny stan posiadania — wykaz linii i ich charakterystyka. W międzyczasie dokona się przeglądu i ujednoczenia danych o liniach występujących w obu miejscach oraz ewentualnej wymiany brakujących form. Ponadto w SHR Wiatrowo wysiewać się będzie dla celów demonstracyjnych linie typowe dla dotychczas poznanych alleli (dokumentacja fotograficzna w sezonie jesienno-zimowym). W końcowej fazie ustali się jednakowy system obserwacji oraz podział pracy przy dalszym opisie linii, badaniu sprzężeń itp.

W ten sposób powinna zwiększyć się dostępność banków, a jednocześnie zabezpieczony zostanie materiał na wiele następnych lat.

Przedstawione powyżej niektóre aspekty działalności i współpracy banków grochu w Weibullsholm i w Wiatrowie są przykładem kooperacji jaka rozwija się w ramach Programu FAO/UNDP dotyczącego rozwoju hodowli roślin w Polsce.

LITERATURA

1. Blixt, S.: A crossing programme with mutants in peas. Utilisation of a gene bank and a computer system. In: Induced Mutations in Cross Breeding. IAEA, Vienna, 1976.
2. Gottschalk, W.: International Gene Bank of *Pisum*. In: Mutations in Plant Breeding II. IAEA, Vienna, 1968.
3. Handbook of Genetics. Ed. by R.C. King, vol. 2-Plants, Plant Viruses and Proteins. Plenum Press, New York and London, 1974.
4. cji SHR Wiatrowo. Hodowla Roślin, 5, 1975
5. Michalski, T., Święcicki, W. K.: Zmienność w rodzaju *Pisum* w kolekcji Wiatrowo. Hodowla Roślin, 5, 1975
6. The Pisum Newsletter. Vol. 1, 2—3, 1969.
7. Święcicki W.: Problem kolekcji i konserwacji roślin uprawnych. Biuletyn Oceny Odmian, 1, 1974.
8. Święcicki W.K., Święcicki W.: Pea Gene Bank in Poland. The Pisum Newsletter, 12, 1980.
9. Święcicki W.K., Święcicki W., Czerwińska S.: The Catalogue of Pisum Lines. PWRiL, Poznań, 1981.