

**OPIS PROJEKTU**  
**na lata 2014-2020**  
**Postęp Biologiczny**

**Zadanie nr 42. Analiza zmienności genetycznej i piramidyzacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego.**

Nazwa jednostki: Instytut Genetyki Roślin PAN, ul. Strzeszyńska 34, 60-479  
Kierownik projektu: Prof. dr hab. Wojciech Rybiński

## **1. STRESZCZENIE**

Udział roślin strączkowych w zmianowaniu to najtańszy bo beznakładowy sposób na podwyższenie plonowania zbóż! W konsekwencji ich plony bez żadnych dodatkowych kosztów mogą wzrosnąć nawet o 35%.

Łubin biały jest potencjalnie jedną z najbardziej wartościowych roślin strączkowych (wysoki plon, 34-36% białka i 11% tłuszczu w nasionach). Ma jednak istotne wady (późne dojrzewanie, podatność na antraknozę) wpływające na ograniczone zainteresowanie rolników. Jest także gatunkiem mało poznany od strony genetycznej. Aby zwiększyć powierzchnię uprawy i wykorzystanie tego gatunku należy ulepszyć w odmianach uprawnych kilka cech: wczesność i odporność na antraknozę oraz obniżyć zawartość alkaloidów i podwyższyć zawartość tłuszczu.

Oryginalność planowanych badań polega na kompleksowym podejściu do postawionego celu, jakim jest ulepszenie wartości użytkowej gatunku. W minionych trzydziestu latach hodowli ulepszono znacznie ideotyp łubinu białego, jednak w stopniu niewystarczającym dla konkurencji z innymi roślinami strączkowymi. Wynikało to zarówno z braku cech w wykorzystywanej, hodowlanej puli genowej, jak i niewystarczającej wiedzy z zakresu genetyki gatunku. Do powyższego stwierdzenia upoważnia analiza materiałów literaturowych dotychczasowych trzynastu międzynarodowych konferencji łubinowych oraz stagnacja w hodowli łubinu białego za granicą.

Planowane badania podstawowe są niezbędnym warunkiem, aby łubin biały stał się ważną rośliną uprawną – źródłem wysokoenergetycznej paszy białkowej dla drobiu i trzody chlewnej.

## **2. CEL BADAŃ**

Celem proponowanych badań w aspekcie wieloletnim jest zidentyfikowanie i selekcja pożądanych cech w światowych zbiorach kolekcyjnych lub wśród mutacji indukowanych, określenie sposobu dziedziczenia oraz łączna introdukcja cech do genotypów o wysokiej wartości użytkowej. Równoległe opracowanie populacji mapującej, której typ określa się w literaturze jako „magic population” stanowić będzie punkt wyjścia do pogłębionych badań genetyczno-molekularnych. Realizacja powyższego jest niezbędnym warunkiem, aby łubin biały stał się cenionym gatunkiem uprawnym, konkurencyjnym dla głównych roślin strączkowych, źródłem wysokoenergetycznej paszy białkowej dla drobiu i trzody chlewnej.

Dla realizacji celu projektu przewiduje się zastosowanie następujących metod:

- analiza zmienności i selekcja genotypów o niskiej zawartości alkaloidów oraz zbadanie sposobu dziedziczenia – analizy biochemiczne, krzyżowanie dialleliczne, analizy statystyczno-genetyczne,
- analiza zmienności i selekcja genotypów o podwyższonej zawartości tłuszczu w tym o korzystnym profilu kwasów tłuszczowych – analizy biochemiczne,

- identyfikacja i selekcja genotypów odpornych na antraknozę (*Colletotrichum lupini*) - inokulacyjne testy szklarniowe,
- analiza zmienności w zbiorach kolekcyjnych oraz indukowanie nowej zmienności dla wyselekcjonowania genotypów o skróconym okresie wegetacji w połączeniu z genem *rb* (*restricted branching*) - mutageneza,
- krzyżowania zbliżające i analiza segregujących populacji mieszańcowych dla piramidyzacji cech/genów w liniach o wysokiej wartości użytkowej oraz wytworzenie populacji mapującej łubinu białego dla badań genetyczno-molekularnych.

### **3. PLANOWANY OKRES REALIZACJI PROJEKTU**

1.01.2014 – 31.12. 2020

### **4. UDOSTĘPNIENIE WYNIKÓW BADAŃ**

Wyniki badań w kolejnych latach realizacji zadania będą zamieszczane na stronie internetowej Instytutu Genetyki Roślin PAN (<http://www.igr.poznan.pl/pl/dzialalnosc-naukowa/projekty-badawcze/krajowe-projekty-badawcze/ministry-of-agriculture-grants-pl/2014-2020>), nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku i będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.