

Streszczenie merytorycznego sprawozdania z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2014 roku

Zadanie nr 42:

„Analiza zmienności genetycznej i piramidyacja genów warunkujących cechy użytkowe łubinu białego”, finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Wykonawca: Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu - Wojciech Rybiński, Wojciech Świącicki, Paweł Barzyk i cztery osoby personelu pomocniczego.

Ogólny cel badań i jego uzasadnienie w okresie wieloletnim

Udział roślin bobowatych 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 bobowatych o wyższym aniżeli u pozostałych gatunków uprawnych łubinu potencjale plonowania, wysokiej zawartości białka (34-36%) oraz tłuszczu w nasionach. Mimo tych niewątpliwych zalet łubinu białego nie znajduje to odzwierciedlenia w krajowej produkcji, wyraźnie ustępując łubinowi wąskolistnemu i żółtemu. Potwierdzeniem tego jest powierzchnia zakwalifikowanych plantacji nasiennych w roku 2014 (dane PIORiN) wynosząca dla odmian łubinu białego 16,75 ha wobec 3501 i 1852 ha odpowiednio dla łubinu wąskolistnego i żółtego. Według opinii hodowców przyczyną tego są głównie jego istotne wady (znaczna podatność na antraknozę, późne dojrzewanie) wpływające na ograniczone zainteresowanie rolników. Jest także gatunkiem mało poznanym 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.

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.

Cele badań na 2014 r. i uzyskane wyniki

1. Analiza zmienności materiałów krajowych i zagranicznych łubinu białego pod względem czterech cech – zawartości alkaloidów, tłuszczu, wczesności i równomierności dojrzewania oraz odporności na antraknozę.
2. Indukowanie mutacji. Traktowanie nasion krajowej odmiany uprawnej Butan trzema wybranymi dawkami mutagenu – uzyskanie roślin pokolenia M_1 oraz nasion niezbędnych do otrzymania kolejnych pokoleń i kontynuacji badań zmierzających do finalnego wyboru mutantów łubinu białego.
3. Krzyżowanie zbliżające z uwzględnieniem dwu cech (zawartość tłuszczu i wczesność dojrzewania) i zróżnicowanego podłoża genetycznego (cztery odmiany uprawne).

Ad 1. Postęp w hodowli łubinu białego jest niemożliwy bez poszerzenia puli genowej o korzystne warianty cech użytkowych oraz poznania właściwego dla ich pełnej ekspresji

podłoża genetycznego. Stąd materiał badawczy stanowiło 150 obiektów pochodzących z światowych zasobów genowych łubinu białego analizowanych na podstawie dostępnej bazy danych i testów polowo-laboratoryjnych.

Oceniane kolekcjonowane formy dzikie i prymitywne, odmiany lokalne, mutanty i odmiany uprawne charakteryzowały się szerokim zakresem zmienności zawartości alkaloidów w nasionach, począwszy od form niskoalkaloidowych do form o wysokiej zawartości. Mimo, że średnia zawartość alkaloidów była stosunkowo wysoka na poziomie ponad 3 %, zidentyfikowano formy niskoalkaloidowe o zróżnicowanym pochodzeniu geograficznym reprezentowane głównie przez odmiany lokalne. W profilu alkaloidów dominowała obecność lupaniny, stanowiącej średnio 73 % sumy alkaloidów, będąc tym samym specyficznym alkaloidem, typowym dla łubinu białego. Pozostałe alkaloidy jak: hydroskylupanina, multiflorina i angustifolina stanowiły uzupełnienie struktury alkaloidów.

Nasiona obiektów kolekcyjnych okazały się bogatym źródłem zmienności zawartości tłuszczu w szerokim zakresie od 7 do 14 % i przewyższają pod tym względem nasiona zarówno łubinu żółtego jak i wąskolistnego. Uzyskana zmienność pozwoliła na identyfikację form wysokotłuszczowych umożliwiając tym samym ich wykorzystanie w dalszych etapach badań. W profilu kwasów tłuszczowych nasion łubinu białego dominującym okazał się kwas oleinowy oraz linolowy stanowiących ponad 70 % udziału wszystkich kwasów tłuszczowych. Mniejsza jest zawartość kwasu linolenowego, palmitynowego, stearynowego, eikozenowego oraz erukowego. Wykazano ponadto korzystny stosunek kwasów omega-3 do omega-6. Stosunek ten, 1:2 (niekorzystny dla nasion łubinu żółtego czy wąskolistnego) według danych literaturowych uważany jest za prawie idealny z punktu widzenia potrzeb żywnościowych.

Pośród ocenianych obiektów kolekcyjnych po infekcji roślin w szklarni przez grzyb *Colletotrichum lupini* nie zidentyfikowano form o pełnej odporności na antraknozę. Stwierdzono natomiast szeroki zakres reakcji roślin na infekcję wyrażony zróżnicowanym stopniem porażenia w odniesieniu do poszczególnych obiektów kolekcyjnych. Formy o najmniejszym stopniu podatności (zwiększonej tolerancji) na antraknozę mogą zostać wykorzystane na dalszych etapach prac zadania badawczego.

Z kolei na podstawie obserwacji polowych materiałów kolekcyjnych zidentyfikowano linie o wcześniejszym dojrzewaniu, które stanowić będą materiał wyjściowy do krzyżowań i dalszej realizacji projektu.

Ad 2. Wykazano, że zastosowany mutagen N-metylo-N-nitrozomocznik (MNU) wywołał wystąpienie uszkodzeń somatycznych u roślin w pierwszym pokoleniu po traktowaniu mutagenicznym (M_1) nasion odmiany Butan w porównaniu z roślinami kontrolnymi uzyskanymi bez działania mutagenu. Wielkość uszkodzeń somatycznych wyrażonych redukcją wzrostu oraz płodności roślin zależna była od zastosowanych dawek i wzrastała w miarę ich zwiększania. Oceniając wielkość redukcji wartości cech w kombinacjach z mutagenem w porównaniu z kombinacją kontrolną można stwierdzić, że dawką zbliżoną do optymalnej (wywołującą efekt redukcji wartości badanych cech na poziomie co najmniej 50 %) jest 0,8 mM. Niewielki efekt redukcji, a nawet stymulacji wskazuje, że dawka 0,4 mM jest zbyt niska. Z kolei najwyższa z dawek (1,2 mM) okazała się zbyt wysoką powodując przedwczesne zamieranie roślin i bardzo wysoką sterylność strąków u roślin przeżywających (ponad 90 % redukcji liczby nasion z rośliny), co nie zapewnia uzyskania dostatecznej liczby roślin w pokoleniu M_2 . Uzyskane nasiona z dawki 0,8 mM zebrane w formie rodzin oraz niewielka liczba nasion w formie ramszu z dawki 1,2 mM stanowić będą materiał wyjściowy do uzyskania roślin w pokoleniu M_2 w roku 2015 i zasadniczego wyboru mutantów w pokoleniu M_3 .

Ad 3. W roku 2014 prowadzono krzyżowanie zbliżające z uwzględnieniem dwu cech (zawartość tłuszczu i wczesność dojrzewania) i zróżnicowanego podłoża genetycznego. Dla realizacji przyjętego schematu krzyżowań zbliżających wybrano cztery odmiany uprawne (Boros, Wat, Kalina, Pikador) oraz siedem wczesnych i wysokotłuszczowych wyselekcjonowanych obiektów kolekcyjnych. Uzyskane nasiona F_1 wysłano do współpracującego ośrodka w Ameryce Płd. celem rozmnożenia roślin pokolenia F_1 i w konsekwencji segregującego pokolenia F_2 w Polsce w drugim roku realizacji zadania