



**Instytut Genetyki Roślin
Polskiej Akademii Nauk
w Poznaniu**

Sandra Rychel

**Charakterystyka genów uczestniczących
w procesie indukcji kwitnienia u łąbinu
wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)
i łąbinu białego (*L. albus* L.)**

**Praca doktorska wykonana w Zakładzie Genomiki,
Zespole Struktury i Funkcji Genów
pod kierunkiem
prof. dr hab. Bogdana Wolko
i dr Michała Książkiewicza**

Streszczenie

Celem pracy była charakterystyka genów uczestniczących w procesie indukcji kwitnienia u łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.) i łąbinu białego (*L. albus* L.). Oba gatunki wymagają do zapoczątkowania kwitnienia wystąpienia okresu niskiej temperatury (wernalizacji). Hipotezy badawcze zakładały iż cecha wczesności kwitnienia u badanych gatunków jest warunkowana przez zmianę sekwencji w obrębie co najmniej jednego genu uczestniczącego w procesie indukcji kwitnienia. Ponadto przyjęto, że ekspozycja na niską temperaturę w okresie kiełkowania nasion uruchamia mechanizmy prowadzące do zmiany profilu ekspresji genów zaangażowanych w szlak indukcji kwitnienia zależny od wernalizacji, co umożliwia wzrost poziomu ekspresji genu *FLOWERING LOCUS T* (*FT*) i – w konsekwencji – przekształcenie merystemu wegetatywnego w generatywny.

W badaniach wykorzystano bibliotekę BAC genomu jądrowego łąbinu wąskolistnego, populacje mapujące i mapy genetyczne dla obu gatunków oraz linie kolekcyjne różniące się terminem kwitnienia i wymaganiami wernalizacyjnymi. Ponadto wykorzystano sekwencje genomów i transkryptomów łąbinu i innych roślin strączkowych. Prace obejmowały m. in. hybrydyzację sond genowych z makromacierzami DNA, fingerprinting restrykcyjny i konstrukcję kontigów klonów BAC, projektowanie marekrów molekularnych na podstawie sekwencji końców klonów BAC i mapowanie genetyczne, profilowanie odpowiedzi na wernalizację w populacji mapującej i liniach kolekcyjnych oraz mapowanie loci cech ilościowych. Ponadto wykonano sekwencjonowanie wybranych klonów BAC łąbinu wąskolistnego oraz końców 3' cDNA transkryptomu łąbinu białego i adnotacje funkcjonalną uzyskanych sekwencji.

Otrzymane wyniki pozwoliły na wyciągnięcie wiążących wniosków dotyczących badanych zagadnień. Wykazano, że cechę termoneutralności u łąbinu wąskolistnego warunkuje delecja 1 423 pz w obrębie regionu promotorowego homologu c1 genu *FLOWERING LOCUS T* (*LanFTc1*). Delecję tę zidentyfikowano wyłącznie w liniach poddanych procesowi udomowienia. W przypadku braku delekcji w obrębie regionu regulatorowego genu *FT* kluczową rolę w indukcji kwitnienia łąbinu wąskolistnego odgrywa proces wernalizacji. Ponadto u linii dzikich pochodzących z okolic Izraela i Palestyny zidentyfikowano delecję w regionie promotorowym genu *LanFTc1* o długości 1 208 pz, która częściowo znosi wymagania wernalizacyjne. U linii nie posiadających żadnej z tych delekcji zaobserwowano późniejszy termin kwitnienia przy jednoczesnym dużym zróżnicowaniu odpowiedzi na proces wernalizacji, wyrażony poprzez skrócenie terminu kwitnienia o około 20 do ponad 60 dni. Wskazuje to na występowanie dodatkowych mechanizmów regulujących termin kwitnienia (poza zidentyfikowanymi delekcjami) u łąbinu wąskolistnego.

W przypadku łubinu białego określono, że cecha wczesności kwitnienia kontrolowana jest przez co najmniej 4 – 5 loci QTL zlokalizowanych w grupach sprzężeń ALB02, ALB13, ALB16 oraz ALB24. Największy udział procentowy w wyjaśnieniu tej cechy ma locus QTL zidentyfikowany w grupie ALB13, zawierający najprawdopodobniej homologi genów *SKIP1* i *SPL*. Natomiast genem kandydującym dla locus QTL zlokalizowanego w grupie ALB16 jest homolog genu *FRI3*. Warto nadmienić iż regulacja terminu kwitnienia zależna od genów *SPL*, *SKIP1* i *FRI* prawdopodobnie odbywa się z pominięciem genu *FLC* (lub poprzez inny gen, który pełni tożsamą rolę) ponieważ w genomie i transkryptomie nie stwierdzono obecności żadnego homologu genu *FLC*. Na drodze mapowania genetycznego wykazano, że genem kandydującym dla locus QTL w grupie sprzężeń ALB02 jest homolog a1 genu *FLOWERING LOCUS T (LanFTa1)*, będący jednym z kluczowych genów zaangażowanych w indukcję kwitnienia u *Medicago truncatula* i *Pisum sativum*.