



Polskie Towarzystwo Łubinowe



UNIwersytet
PRZYRODniczy
W POZNANIU

Konferencja Naukowa

pt.: "Łubin i inne rośliny strączkowe

w zrównoważonym rolnictwie i produkcji żywności"



24 – 25 czerwca 2025 r. Hotel IOR w Poznaniu

Komitet naukowy i zespół oceniający w Konkursie PTŁ

Prof. dr hab. Andrzej Kotecki, UP Wrocław- Przewodniczący,
Prof. dr hab. Wojciech Święcicki, IGR Poznań,
Prof. dr hab. Agnieszka Pszczółkowska, UWM Olsztyn,
Prof. dr hab. Agnieszka Płazek, UR Kraków,
Dr hab. Ewa Święch, IFŻŻ PAN Jabłonna,
Dr Paweł Barzyk, PHR Tulce.

Komitet organizacyjny

Przewodnicząca: dr hab. Małgorzata Kasprovicz-Potocka, prof. UPP; Prezes PTŁ,
Członkowie:
Prof. dr hab. Katarzyna Panasiewicz
Dr hab. Renata Galek, prof. UPWR
Dr hab. Agnieszka Faligowska, prof. UPP
Dr hab. Anita Zaworska-Zakrzewska
Dr hab. Piotr Gulewicz
Mgr inż. Dagmara Łodyga
COBORU:
Prof. dr hab. Henryk Bujak
Mgr Agnieszka Osiecka



UNIwersytet
PRZYRODNICZY
W POZNANIU



Polskie Towarzystwo Łubinowe



COBORU
Centralny Ośrodek Badania
Odmian Roślin Uprawnych

Konferencja

**"Łubin i inne rośliny strączkowe
w zrównoważonym rolnictwie i produkcji żywności"**
 24 – 25 czerwca 2025 r. Hotel IOR w Poznaniu

Dzień I – wtorek 24.06.2025

9.00 – 10.00	Rejestracja uczestników	
10.00 – 10.15	Otwarcie konferencji - sala B	
10.15 – 11.15	Sesja plenarna 1 Moderator – prof. dr hab. Jerzy Książak Prof. dr hab. W. Święcicki, dr B. Górynowicz, dr W. Mikulski „Co wiemy o roślinach strączkowych – myśli częściowo uczesane...” D. Zmyślony „Doświadczenie rolnictwa regeneratywnego - Siew współrzędny rzepaku wraz różnymi gatunków roślin strączkowych i jego wpływ na emisyjność rzepaku” – Top farms	
11.15 – 12.00	Debata nad przyszłością roślin strączkowych w Polsce	
12.00 – 12.30	Przerwa kawowa 1	
12.30– 15.20	Sesje tematyczne	
	Sesja: Genetyka i hodowla – sala 10 Moderatorzy: dr hab. R. Galek, prof. UPWr i dr inż. D Jasińska	Sesja: uprawa i wykorzystanie – sala B Moderatorzy: prof. dr hab. A. Pszczółkowska i prof. dr hab. J. Podleśny
12.30 -12.50	M. Gawłowska, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, G. Koczyk, W. Święcicki, M. Jędrzycka. Sprawność aparatu fotosyntetycznego grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) w odpowiedzi na porażenie grzybem <i>didymella pinodes</i> (berk. & a. Bloxam) petr. wywołującym askochytozę	M. Staniak, K. Czopek. Efektywność plonowania soi w warunkach suszy glebowej w kluczowych okresach rozwoju rośliny
12.50 – 13.10	M. Książkiewicz, J. Kaczmarek, W. Irzykowski, W. Bielski, S. Rychel-Bielska, M. Jędrzycka. Ocena odporności na antraknozę referencyjnych linii łubinu białego w warunkach kontrolowanych przy użyciu trzech metod inokulacji	K. Czopek, M. Staniak, A. Stępień-Warda. Porównanie reakcji różnych gatunków roślin strączkowych na niedobór wody w różnych fazach rozwojowych
13.10 – 13.30	D. Narożna, K. Jarzyniak. Identyfikacja szczepów zasiedlających brodawki korzeniowe soi za pomocą HRM PCR	R. Górski, A. Sikorska, R. Czaplicki. Efekty uprawy współrzędnej kukurydzy z fasolą tyczną pod wpływem biostymulatorów
13.30 – 13.50	D. Kurasiak-Popowska, A. Katańska-Kaczmarek, P. Matysik, P. Stefański, P. Przybył, E. Skotarczak, A. Tomkowiak, J. Nawracała. Fenotypowanie materiałów	K. Marciniak. Zaburzenia w rozwoju pylników łubinu żółtego (<i>Lupinus luteus</i> L.) powodowane stresem suszy

	wyjściowych soi w warunkach Polski	
13.50 – 14.10	M. Książkiewicz, S. Rychel-Bielska, W. Bielski, B. Kozak, P. Zgłobicki, R. Galek. Konstrukcja mapy genetycznej dla populacji mapującej łubinu wąskolistnego emir × lae-1 i identyfikacja loci cech ilościowych związanych z plonem	R. Krawczyk, S. Stawiński, K. Matysiak, R. Kierzek, D. Drożdżyński. Ochrona łubinu (Lupinus L.) przed zachwaszczeniem - stan obecny i perspektywy
14.10 - 14.30	K. Czepiel, A. Kiełbowicz-Matuk, K. Susek, Koczyk, M. Kroc. Mapa miejsc wiązania czynnika transkrypcyjnego RAP2-7 w genomie łubinu wąskolistnego	M. Kozak, M. Serafin-Andrzejewska. Dochodowość produkcji wybranych roślin bobowatych w Polsce
14.30 – 14.50	A. Surma, S. Rychel-Bielska, W. Bielski, P. Annicchiarico, J. Belter, B. Kozak, R. Galek, N. Harzic, P. Zgłobicki, M. Książkiewicz. Identyfikacja asocjacji polimorfizmu insercji-delecji w regionach promotorowych genu FLOWERING LOCUS T z terminem kwitnienia łubinu białego (Lupinus albus L.)	D. Łodyga, M. Kasprowicz-Potocka, A. Zaworska-Zakrzewska. Zastosowanie nasion bobiku i łubinu jako źródła białka w żywieniu trzody chlewnej ras lokalnych
14.50 – 15.10	W. Bielski, A. Surma, M. Książkiewicz, B. Kozak, S. Rychel-Bielska. Ocena wewnątrzgatunkowego zróżnicowania w obrębie światowej kolekcji Lupinus hispanicus i wytypowanie kandydatów do wyprowadzenia populacji mapujących	P. Gulewicz. Rośliny strączkowe w żywieniu człowieka. Wiedza i preferencje konsumentów
15.10 – 15.20 Dyskusja w sekcjach		
15.20– 16.00	Lunch – Restauracja Estella	
Sesja plenarna 2 – sala B. Moderatorzy: prof. dr hab. M. Kozak i prof. dr hab. D. Kurasiak-Popowska		
16.00 – 16.30	Prof. dr hab. M. Zielińska-Dawidziak - <i>Il cibo dei poveri’ czy smaczna przekąska? Dlaczego nie doceniamy nasion łubinu?</i>	
16.30 – 16.45	D. Zmyślony - <i>Zasady i praktyka kalkulacji emisyjności (śladu węglowego) upraw na przykładzie grochu w spółce Top Farms Wielkopolska. Top farms</i>	
16.45 - 17.30	Sesja sponsorska/ dr A. Michałak – Lira; dr B. Górniewicz HR Smolice; dyskusja	
17.30 –17.45/18.00	Przerwa kawowa 2	
17.45 – 19.00	Walne zgromadzenie PTŁ - Sala B	
20.00 – 1.00	Uroczysta kolacja– Restauracja Estella	
Dzień II – środa 25.06.2025		
8.45 – 9.00	Wprowadzenie - rozpoczęcie sesji – sala B	
9.00 – 10.15	Sesja plenarna 3 – sala B Moderatorzy: prof. dr hab. D. Narożna i dr W. Bielski	
9.00 – 9.30	P. Barzyk P., W. Pietruczanis W., W. Święcicki W., D. Jasińska. <i>INTRON - ulepszanie odmian grochu i łubinów</i>	
9.30 – 10.00	A. Osiecka - <i>Rośliny bobowate grubonasienne i soja – wartość gospodarcza odmian w aspekcie obecnych wyzwań</i>	
10.00– 10.15	Dyskusja	
10.15 – 11.15	Sesja posterowa – 3-4 minutowe wystąpienia – Sala B – prof. dr hab. A. Kocira i prof. dr hab. M. Książkiewicz	

Książkiewicz M.¹, Rychel-Bielska S.², Bielski W.¹, Kozak B.², Zgłobicki P.¹, Galek R.²

KONSTRUKCJA MAPY GENETYCZNEJ DLA POPULACJI MAPUJĄCEJ ŁUBINU WĄSKOLISTNEGO EMIR × LAE-1 I IDENTYFIKACJA LOCI CECH IŁOŚCIOWYCH ZWIĄZANYCH Z PLONEM

CONSTRUCTION OF A GENETIC LINKAGE MAP FOR A NARROW-LEAFED LUPIN MAPPING POPULATION EMIR × LAE-1 AND IDENTIFICATION OF YIELD-RELATED QUANTITATIVE TRAIT LOCI

¹ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań, Polska; ² Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, pl. Grunwaldzki 24A, 50-363 Wrocław, Polska

mksi@igr.poznan.pl

WSTĘP: Łubin wąskolistny (*Lupinus angustifolius* L.) jest rośliną strączkową cenioną ze względu na wysoką zawartość białka w nasionach, niską zawartość alkaloidów, odporność na antraknozę i tolerancję na suszę. Ze względu na symbiotyczne wiązanie azotu, łubin wąskolistny jest częstą pozycją w płodozmianie, wysiewaną w celu poprawy jakości i struktury gleby. Jednym z głównym czynników zniechęcających rolników do siania tego gatunku jest relatywnie niski plon nasion. W celu prowadzenia badań nad cechami związanymi z plonem, utworzona została populacja mapująca wyprowadzona z krzyżówki Emir (tradycyjny typ wzrostu, średni termin kwitnienia i dojrzewania, umiarkowana wysokość roślin, duże nasiona) × LAE-1 (epigonalny typ wzrostu, wczesny termin kwitnienia i dojrzewania, niska wysokość roślin, drobne nasiona).

MATERIAŁ I METODY: Wykonano izolację DNA ze 135 linii wsobnych populacji mapującej Emir × LAE-1 przy użyciu izolatora Maxwell® RSC 48 (Promega) a następnie przeprowadzono genotypowanie metodami SeqSNP i DArT-seq. Usunięto markery o wartości p-value testu Chi-2 <10⁻⁷, liczbie heterozygot >13, liczbie braków danych >13, a także wszystkie duplikaty. Markery rozlokowano w grupach sprzężeń w programie Joinmap, przy użyciu statystyki LOD, a następnie wykonano wielopunktowe mapowanie z optymalizacją Metropolis-Hastingsa (próbki Monte Carlo łańcuchami Markowa). Jednocześnie, w latach 2022-2024, wykonano obserwacje polowe w dwóch powtórzeniach i w dwóch lokalizacjach (Poznańska Hodowla Roślin - Wiatrowo i Hodowla Roślin Smolice - Przebędowo) dla wysokości roślin, liczby dni od wysiania nasion do początku kwitnienia i dojrzewania strąków, masy tysiąca nasion i plonu nasion. Cechy te mapowano w programie Windows QTL Cartographer 2.5, testując 18 wariantów złożonego mapowania interwałowego przy użyciu testu permutacji (1000) dla ustalenia progu istotności LOD.

WYNIKI: W wyniku genotypowania uzyskano (po wstępnej selekcji) 12069 markerów, w tym 2859 DArT-seq, 5576 SeqSNP i 3634 SilicoDArT. Uzyskano mapę genetyczną zawierającą 21 grup sprzężeń odpowiadających 20 chromosomom łubinu wąskolistnego (chromosom nr 7 jest reprezentowany przez dwie grupy ze względu na duży dystans genetyczny między markerami). Ponadto, mapa umożliwiła przypisanie do sekwencji genomu 195 skafoldów. Mapa zawiera aktualnie 2143 unikatowe loci, zaś łączna długość wynosi 2947,3 cM. Główne loci cech ilościowych (QTL) dla liczby dni od wysiania nasion do początku kwitnienia zlokalizowano w grupach sprzężeń LG06, LG09, LG03 i LG16, dla terminu dojrzewania strąków w grupach LG06, LG05, LG07A, LG10 i LG03, dla wysokości roślin w grupach LG06, LG01, LG03, LG05, LG10 i LG12, dla masy tysiąca w grupach LG06, LG11, LG03 i LG19, zaś dla plonu nasion w grupach LG06, LG01, LG03 LG05, LG08, LG10 i LG19. Zaobserwowano wysoką zgodność między powtórzeniami.

PODSUMOWANIE I WNIOSKI: W grupie sprzężeń LG06 zidentyfikowano locus wspólny dla wszystkich badanych cech, który wyjaśnia do 53% obserwowanej wariancji fenotypowej. Ponadto, określono dodatkowe loci w grupach LG01, LG03, LG05 i LG10, wspólne dla niektórych cech, lat i lokalizacji.

FINANSOWANIE: Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, Zadanie nr 18 finansowane w ramach badań na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej (Dz. U. 2015, poz. 1170, z późn. zm.).