

Kierownik zadania: **dr hab. Michał Książkiewicz**
Instytut Genetyki Roślin PAN
Zakład Struktury i Funkcji Genów
e-mail: mksi@igr.poznan.pl

OPIS PROJEKTU

na lata 2021-2027 - Postęp biologiczny w produkcji roślinnej

Tytuł zadania

Zadanie nr 18. Doskonalenie mapy genetycznej łubinu wąskolistnego i poszukiwanie markerów sprzężonych z cechami użytkowymi ze szczególnym uwzględnieniem zawartości białka i alkaloidów

Partnerzy

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, Zakład Struktury i Funkcji Genów

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR

Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.

Cel projektu

Łubin wąskolistny jest najpopularniejszym z trzech udomowionych gatunków łubinów Starego Świata uprawianych w Polsce i krajach bałtyckich. Do jego zalet należy zadawalająca zawartość białka w nasionach, niska zawartość alkaloidów, połowa odporność na antraknozę oraz korzystny wpływ na żyzność i strukturę gleby, m.in. ze względu na zdolność do symbiotycznego wiązania azotu atmosferycznego. W procesie hodowli łubinu wąskolistnego udoskonalono szereg cech o istotnym znaczeniu dla praktyki rolniczej i właściwości użytkowych, między innymi takich jak: termoneutralność i związaną z nią wczesność kwitnienia, niską zawartość alkaloidów, ograniczone pękanie strąków, przepuszczalność okrywy nasiennej ułatwiającą kiełkowanie nasion, czy odporność na choroby grzybowe. Prace wnioskodawcy projektu jak i innych autorów doprowadziły do zidentyfikowania markerów do selekcji niektórych z tych cech i do określenia genów warunkujących m.in. wczesność kwitnienia i zniesienie wymaganego okresu chłodu do rozpoczęcia kwitnienia (tzw. wernalizacji). Uzyskano zestaw markerów zasocjowanych z terminem kwitnienia i dojrzałości, wysokością roślin i plonem nasion. Wyprowadzone zostały nowe populacje mapujące, segregujące w zakresie wybranych cech o istotnym znaczeniu agronomicznym, skonstruowano też wstępne mapy genetyczne dla tych populacji.

Celem projektu jest utworzenie referencyjnej mapy genetycznej łąbinu wąskolistnego uwzględniającej nowe populacje mapujące oraz poznanie, metodą mapowania genetycznego i mapowania asocjacyjnego, genów zaangażowanych w ekspresję wybranych cech związanych ze strukturą i jakością plonu.

Do podjęcia tej tematyki badawczej skłoniły wnioskodawców projektu następujące przesłanki:

- znaczenie struktury i jakości plonu dla dalszego udoskonalania łąbinu wąskolistnego jako rośliny uprawnej i wynikająca z tego potrzeba podjęcia badań podstawowych, w celu poznania podłoża genetycznego i molekularnego tych cech;
- wyniki badań uzyskanych w Instytucie Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (IGR PAN) oraz w ramach projektu **'Fenotypowanie i genotypowanie łąbinu wąskolistnego pod względem wybranych cech morfologicznych, plonotwórczych i parametrów technologicznych nasion'** zrealizowanego przez Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu potwierdziły statystycznie istotny wpływ genotypu na wybrane cechy struktury plonu (masa tysiąca nasion i plon) i jakości plonu (zawartość białka, tłuszczu, alkaloidów itd.);
- wyniki mapowania asocjacyjnego (IGR PAN) przeprowadzonego w puli 126 obiektów łąbinu wąskolistnego, które ujawniły występowanie istotnych asocjacji polimorfizmu sekwencji DNA oraz cech fenologicznych (termin kwitnienia i dojrzewania) i cech związanych z plonem (masa tysiąca nasion, plon nasion, wysokość roślin);
- otrzymanie wstępnych wyników genotypowania przy wykorzystaniu markerów z map opracowanych dla dwóch populacji mapujących oraz fenotypowania wybranych linii z polskiej kolekcji łąbinu wąskolistnego przeprowadzonego w Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu (UP Wrocław);
- dostęp do zróżnicowanej kolekcji łąbinu wąskolistnego oraz nawiązana współpraca z dwoma wiodącymi ośrodkami hodowlanymi łąbinów w Polsce: Hodowlą Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR i Poznańską Hodowlą Roślin Sp. z o.o.;
- dostęp do referencyjnej populacji mapującej łąbinu wąskolistnego (IGR PAN);
- dostęp do nowych, zróżnicowanych fenotypowo populacji mapujących łąbinu wąskolistnego segregujących w zakresie grubości okrywy nasiennej, wysokości roślin, liczby pędów bocznych, typu wzrostu, pęknięcia strąków, plonu, kwitnienia i dojrzewania (UP Wrocław);
- potwierdzone licznymi publikacjami w renomowanych czasopiśmie doświadczenie wykonawców projektu w badaniach genetycznych i molekularnych oraz znajomość metod genotypowania, fenotypowania, mapowania genetycznego, analizy loci cech ilościowych i mapowania asocjacyjnego, koniecznych do realizacji projektu.

Zadania planowane do realizacji

1. Sekwencjonowanie genomowe wybranych linii rodzicielskich populacji mapujących łubin wąskolistny, a następnie identyfikacja loci polimorfizmu pojedynczego nukleotydu do genotypowania przez sekwencjonowanie.
2. Genotypowanie przez sekwencjonowanie dwóch populacji mapujących łubin wąskolistny dla wybranych loci polimorfizmu pojedynczego nukleotydu.
3. Analiza segregacji zidentyfikowanych loci polimorficznych w liniach wsobnych populacji mapujących.
4. Konstrukcja udoskonalonej konsensusowej mapy genetycznej zawierającej wspólne loci polimorficzne dla populacji mapujących łubin wąskolistny i mapowanie porównawcze do genomu referencyjnego.
5. Genotypowanie przez sekwencjonowanie linii kolekcyjnych i hodowlanych łubin wąskolistny do mapowania asocjacyjnego.
6. Fenotypowanie faz fenologicznych oraz cech struktury i jakości plonu linii kolekcyjnych i hodowlanych łubin wąskolistny w warunkach polowych do mapowania asocjacyjnego.
7. Fenotypowanie wybranych cech w nowych populacjach mapujących łubin wąskolistny w warunkach polowych do mapowania genetycznego.
8. Mapowanie asocjacyjne faz fenologicznych oraz cech struktury i jakości plonu w liniach kolekcyjnych i hodowlanych łubin wąskolistny.
9. Mapowanie genetyczne loci cech ilościowych w nowych populacjach mapujących łubin wąskolistny.
10. Przekształcenie zidentyfikowanych markerów zasocjowanych z cechami fenologicznymi oraz cechami struktury i jakości plonu łubin wąskolistny w markery do rutynowego genotypowania materiałów hodowlanych.
11. Walidacja przydatności opracowanych markerów do selekcji pożądanych alleli w zróżnicowanej puli materiału hodowlanego łubin wąskolistny.
12. Różnicowa analiza ekspresji genów metodą wysokoprzepustowego sekwencjonowania dla wybranych linii łubin wąskolistny wykazujących zróżnicowanie w zakresie wybranych cech i analiza funkcjonalna zidentyfikowanych genów kandydujących.

Spodziewane rezultaty poznawcze projektu

1. Charakterystyka genotypów łubin wąskolistny w zakresie cech fenologicznych oraz cech ilościowych i jakościowych plonu nasion w różnych środowiskach, a także informacja dotycząca odziedziczalności i wpływu środowiska na poziom tych cech. Dane te będą stanowić podstawę do planowanych w niniejszym projekcie badań podstawowych ukierunkowanych na poznanie komponentu genetycznego warunkującego te cechy (mapowanie genetyczne i mapowanie asocjacyjne) oraz do prac aplikacyjnych po zakończeniu projektu (wybór komponentów do krzyżowań).

2. Konsensusowa mapa genetyczna łubinu wąskolistnego, zawierająca markery szkieletowe polimorficzne w zakresie trzech populacji mapujących oraz markery specyficzne dla każdej z populacji. Taka mapa umożliwi lokalizację loci cech, które są polimorficzne w danej populacji mapującej, w tym także loci cech ilościowych.
3. Zestaw markerów zasocjowanych z cechami fenologicznymi oraz cechami struktury i jakości plonu w badanym zestawie genotypów łubinu wąskolistnego, który będzie mógł być użyty do śledzenia alleli w kolekcji nasiennej oraz poszukiwania genów kandydujących. Podobny zestaw markerów zostanie wyodrębniony z mapy genetycznej łubinu wąskolistnego dla tych cech, które są polimorficzne w populacjach mapujących.
4. Lista genów kandydujących dla badanych cech.

Planowane upowszechnianie wyników projektu

1. Prezentacje w formie wykładów bądź plakatów na konferencjach krajowych i międzynarodowych.
2. Publikacje w międzynarodowych czasopismach recenzowanych z listy Journal Citation Reports (JCR) o przyznanym współczynniku cytowań Impact Factor (IF). Ranga czasopisma zostanie dobrana proporcjonalnie do wagi uzyskanych wyników dla rozwoju wiedzy w zakresie dyscypliny naukowej.
3. Publikacje polskojęzyczne popularyzujące najważniejsze osiągnięcia projektu w Biuletynie Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin.
4. Sekwencje wygenerowane w toku trwania projektu (m.in. sekwencje genów, markerów, wyniki genotypowania itp.) zostaną zdeponowane w publicznie dostępnych bazach danych.
5. Wyniki badań będą sukcesywnie zamieszczane (do 15 stycznia kolejnego roku) na stronie internetowej [IGR PAN](#)