

Zadania realizowane na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi:

Fenotypowanie i genotypowanie łubinu wąskolistnego pod względem wybranych cech morfologicznych, plonotwórczych i parametrów technologicznych nasion_2015-2017 zadanie 93

Propozycja Wniosku o udzielenie dotacji na pokrycie kosztów wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego - zadanie 93 „Fenotypowanie i genotypowanie łubinu wąskolistnego pod względem wybranych cech morfologicznych, plonotwórczych i parametrów technologicznych nasion”

Badania zaproponowane w projekcie są ukierunkowane na identyfikację obszarów QTL sprzężonych z cechami morfologicznymi, w tym grubością okrywy nasiennej i ścian strąka, plonotwórczymi i właściwościami technologicznymi nasion u łubinu wąskolistnego. Proponowany projekt badawczy stanowi nowość, ponieważ dotychczas nie opracowano dla łubinu wąskolistnego QTL sprzężonych z wcześniej wymienionymi cechami. Będą to również pierwsze badania u łubinu wąskolistnego umożliwiające porównanie stopnia odziedziczalności cech w zależności od kierunku krzyżowania oraz wpływu epigenetyki na ekspresję cech. Proponowane badania wniosą też nowe informacje o powiązaniu markerów molekularnych z cechą grubości okrywy nasiennej i ścian strąka oraz wybranymi cechami morfologicznymi i elementami struktury plonu. Materiałem badawczym będą formy kolekcyjne *L. angustifolius* oraz mieszańce pokolenia F₂ uzyskane ze skrzyżowania skrajnych genotypów pod względem parametrów jakościowych nasion - przede wszystkim grubości okrywy nasiennej (genotyp o cienkiej okrywie x genotyp o grubej okrywie oraz genotyp o grubej okrywie x genotyp o cienkiej okrywie) oraz zawartości białka, alkaloidów i polisacharydów.

Celem projektu jest skonstruowanie mapy genetycznej dla populacji mapującej utworzonej ze skrzyżowania skrajnych linii pod względem grubości okrywy nasiennej w oparciu o markery SNP. Zaplanowane fenotypowanie pokolenia F₂ w dwóch miejscowościach pozwoli na próbę powiązania markerów molekularnych sprzężonych z

cechą cienkościemności, oraz cechami morfologicznymi i plonotwórczymi. Przeprowadzane badania pozwolą na określenia stopnia odziedziczalności analizowanych cech. Uzyskana populacja mapująca da podstawę do wyprowadzenia linii wsobnych (RIL), w których oczekiwane będzie zróżnicowanie pod kątem grubości okrywy nasiennej oraz zawartości białka ogólnego, poziomu alkaloidów oraz tłuszczu. Ponadto utworzenie platformy opartej na określonych sekwencyjnie markerach SNP będzie istotnym elementem w poznaniu genomu łąbinu wąskolistnego, a w przyszłości pozwoli na praktyczne zastosowanie markerów molekularnych w selekcji pożądanych genotypów (MAS).

Opracowanie mapy w trakcie realizacji projektu, w oparciu o sekwencyjnie określone markery, będzie stanowiło znaczne poszerzenie wiedzy genetycznej, gdyż aktualnie są opracowane dwie mapy bazujące wyłącznie na materiałach australijskich a nie rodzimych. Wykorzystanie zdefiniowanych sekwencyjnie markerów da również podstawę do sporządzenia mapy konsensusowej z mapą opublikowaną przez Yanga i wsp. (2013).

- Planowany okres realizacji zadania to lata 2015-2017.
- Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej, nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku i będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.

Dr hab. inż. Renata Galek