

Rośliny strączkowe stanowią jedno z najważniejszych źródeł składników odżywczych, używanych przy produkcji paszy dla zwierząt czy jako element zdrowej żywności. Pomimo globalnej dominacji soi (*Glycine max*, istnieją również inne, niemodyfikowane genetycznie gatunki, o dużym potencjale agronomicznym. Taką grupą są łubiny Starego Świata, których naturalny zasięg występowania obejmuje basen Morza Śródziemnego i Północną Afrykę. Jedną z cech łubinów wyróżniających je spośród innych roślin strączkowych jest złożona regulacja procesu kwitnienia wraz z wymogiem tzw. wernalizacji (okresu niskiej temperatury), indukującej kwitnienie poszczególnych gatunków/odmian. Warto podkreślić, że optymalny termin kwitnienia jest jednym z kluczowych czynników wpływających na wielkość uzyskanych plonów. Problem ten jest szczególnie aktualny w toku globalnych zmian klimatycznych co sprawia, że regulacja kwitnienia jest jednym z najważniejszych tematów współczesnego rolnictwa. Dotychczas łubiny Starego Świata wykorzystywane były jako składnik pasz zwierzęcych czy nawóz ekologiczny bogaty w azot. Spośród około dwunastu gatunków, tylko trzy zostały udomowione i są wykorzystywane jako rośliny uprawne. Co ciekawe, podjęto próby udomowienia niektórych „dzikich” gatunków, jednak żadna z nich nie zakończyła się sukcesem. Najprawdopodobniej wynikało to z braku informacji na temat molekularnego podłoża warunkującego poszczególne cechy agronomiczne. W przypadku trzech uprawnych łubinów, **identyfikacja wcześniej kwitnących, termoneutralnych linii była kluczowym etapem ich udomowienia**, pozwalającą na wysiew niezależnie od temperatury i fotoperiodu (okresu w jakim światło słoneczne dociera do rośliny). Można założyć, że zrozumienie mechanizmów regulacji procesu kwitnienia u dzikich gatunków łubinów, znacznie usprawni potencjalne programy hodowlane mające na celu udomowienie nowych gatunków łubinów. Nasze wcześniejsze badania wykazały, że **pomimo bliskiego pokrewieństwa pomiędzy trzema gatunkami uprawnymi (*Lupinus angustifolius*, *L. albus* i *L. luteus*) proces regulacji i indukcji kwitnienia różni się zasadniczo**. Wyniki te mogą sugerować, że istotne różnice wystąpią również w obrębie pozostałych gatunków łubinów, co potwierdziły badania wstępne, wykazując duże zróżnicowanie w odpowiedzi na wernalizację pomiędzy poszczególnymi liniami u *L. pilosus* i *L. cosentinii*. Jak dotąd jednak, nie badano mechanizmów regulacji kwitnienia u dzikich gatunków łubinów ani nie prowadzono obserwacji terminów kwitnienia czy wpływu wernalizacji. **Głównym celem tego projektu jest rozszyfrowanie mechanizmów indukcji kwitnienia u dzikich gatunków łubinów Starego Świata oraz poznanie ich zróżnicowania w obrębie poszczególnych gatunków.**

Projekt składać się będzie z następujących etapów:

1. Nasiona 11 dzikich gatunków łubinów (ponad 400 linii) zostaną wysiane w szklarni w celu analizy terminów kwitnienia oraz wrażliwości na wernalizację.
2. DNA każdej linii zostanie wyizolowany i użyty do genotypowania (określenia genotypu oraz jego porównania z genotypami pozostałych osobników tego samego gatunku) metodą wysokoprzepustowego sekwencjonowania, mającego na celu określenie różnorodności linii w obrębie każdego gatunku oraz ich podział na grupy (wczesno lub późno kwitnące).
3. Wyniki poprzednich etapów umożliwią selekcję dwóch różniących się linii (np. wczesnych i późnych) dla każdego badanego gatunku. Dla wybranych linii przeprowadzone zostanie analiza RNA i DNA która dostarczy informacji na temat wszystkich genów ulegających transkrypcji, o występujących między nimi różnicach, a także o sekwencjach nie podlegających transkrypcji np. intronach itp. Dzięki temu możliwe będzie zaprojektowanie specyficznych par starterów (krótkich, jednoniciowych fragmentów DNA, umożliwiających amplifikację sekwencji pomiędzy nimi) dla wybranych genów.
4. Ostatnim etapem będzie analiza zmian poziomu ekspresji wybranych genów w procesie indukcji kwitnienia. Badania te prowadzone będą na roślinach rosnących w warunkach kontrolowanych, dla obu różniących się linii każdego z badanych gatunków. **Umożliwi to wytypowanie kluczowych genów zaangażowanych w proces indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację.**

Proces kwitnienia i jego regulacja wraz z odpowiedzią na wernalizację należą obecnie do najczęściej dyskutowanych zagadnień w biologii molekularnej roślin, czego odzwierciedleniem są liczne artykuły publikowane w czołowych czasopismach naukowych. **Poznanie zróżnicowania terminów kwitnienia u dzikich gatunków łubinów Starego Świata może znacząco ułatwić selekcję odpowiedniej linii do udomowienia, bądź będącej źródłem pożądanых cech w procesie ulepszania współczesnych odmian uprawnych. Ponadto, uzyskane w ramach tego projektu dane sekwencyjne pozwolą na przeprowadzenie szczegółowych badań porównawczych w obrębie roślin strączkowych.**