**OPIS PROJEKTU**

**na lata 2021-2027 – Postęp biologiczny w produkcji roślinnej**

**Tytuł projektu**

Zadanie nr 20. **Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pękania strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi**

**Kierownik projektu**

prof. UPP dr hab. Jerzy Nawracała

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

60-632 Poznań, ul. Dojazd 11

**Partnerzy**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o., Choryń 27, 64-000 KOŚCIAN

Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR, 99-307 Strzelce ul. Główna 20

**Okres realizacji projektu: 2021 - 2027**

**Cel projektu**

Celem badań jest analiza molekularna genów soi determinujących ważne, z punktu widzenia hodowli soi w Polsce, cechy: wczesności, determinacji pędu, wysokości roślin i osadzenia I strąka, pękania strąków, MTN, potencjału plonowania i cech jakościowych nasion – zawartości białka i tłuszczu. Do realizacji celu wykonane zostanie genotypowanie i fenotypowanie zróżnicowanej puli genetycznej soi oraz wytworzenie populacji do poszukiwania markerów molekularnych powiązanych z wyżej wymienionymi cechami. Ostatecznym celem jest opracowanie zestawu markerów molekularnych do szybkiej i efektywnej selekcji genotypów zarówno wybieranych na komponenty rodzicielskie do krzyżowania jak również do selekcji we wczesnych pokoleniach mieszańcowych.

**Zadania planowane do realizacji**

1. W pierwszym roku projektu, w celu otrzymania wystarczającej ilości nasion do założenia dalszych doświadczeń, zostanie wysianych w RGD Dłoń 300 wybranych genotypów na poletkach o powierzchni 30 m2.
2. Przez dwa pierwsze lata projektu przewiduje się kontynuację analiz układu alleli genów wczesności (*E*) i determinacji pędu (*Dt*) nowych 200 genotypach soi.
3. Przeprowadzenie doświadczeń z 200 genotypami kolekcyjnymi, które będą analizowane pod kątem układu alleli genów wczesności. W doświadczeniach oceniane będą przede wszystkim cechy fenologiczne oraz typ determinacji pędu. Doświadczenia zostanie założone na polu doświadczalnym KG i HR w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Dłoń.
4. Istotną częścią projektowanych badań będzie fenotypowanie 300 genotypów soi w 3-letnich w doświadczeniach polowych w trzech lokalizacjach: na polu doświadczalnym KG i HR w Rolniczym Gospodarstwo Doświadczalne Dłoń (UPP), w Szelejewie **(Zakład Hodowli Roślin Oddział w Szelejewie, Danko Hodowla Roślin Sp. z o. o.) i w Strzelcach (**Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR). W czasie wegetacji będą przeprowadzone obserwacje wszystkich najważniejszych cech agronomicznych soi.
5. Sekwencjonowanie wszystkich genotypów z doświadczenia polowego. Opracowanie wyników genotypowania przez sekwencjonowanie i genomowe mapowanie asocjacyjne (GWAS) cech fenotypowanych w doświadczeniu.
6. Przekształcenie zidentyfikowanych markerów zasocjowanych z cechami w markery typu PCR do selekcji genotypów zawierających pożądane allele oraz walidacja tych markerów w badanym zestawie genotypów soi.
7. Krzyżowanie wybranych genotypów w celu otrzymania populacji mapujących do poszukiwania markerów na geny determinacji pędu i pękania strąków. Po otrzymaniu mieszańców pokolenia F1 w dalszych pokoleniach wyprowadzenie linii populacji mapującej będzie przeprowadzone metodą SSD oraz założenie doświadczenia polowego z populacjami mapującymi.
8. Genotypowanie przez sekwencjonowanie populacji mapujących do poszukiwania markerów na geny determinacji pędu i pękania strąków
9. Przekształcenie zidentyfikowanych markerów zasocjowanych z cechami w markery typu PCR do selekcji genotypów zawierających pożądane allele
10. Analiza przydatności opracowanych markerów na materiałach hodowlanych wybranych przez hodowle DANKO Hodowla Roślin Sp. Z o. o. i Hodowla Roślin Strzelce – Grupa IHAR Sp. Z o. o
11. Różnicowa analiza ekspresji genów dla wybranych linii w warunkach kontrolowanej temperatury, fotoperiodu i wilgotności metodą wysokoprzepustowego sekwencjonowania transkryptomu.

**Spodziewane rezultaty poznawcze projektu**

Efektem realizacji projektu o potencjale aplikacyjnym będzie opracowanie zestawu markerów molekularnych do identyfikacji genów ważnych z punktu widzenia hodowli soi w Polsce. Markery te będą mogły być wykorzystane do szybkiej i efektywnej selekcji genotypów wybieranych na komponenty rodzicielskie do krzyżowania jak również do selekcji we wczesnych pokoleniach mieszańcowych. Dodatkowo, wymiernym efektem możliwym do bezpośredniego zastosowania w procesie hodowlanym, będą dane fenotypowe kolekcji soi w zakresie wielu cech użytkowych, w tym m.in. terminu faz fenologicznych, zdeterminowania wzrostu, wysokości roślin, cech komponentów plonu i pękania strąków, zawartości białka i tłuszczu, potencjału plonowania, a także informacja o odziedziczalności tych cech i korelacjach genetycznych na podstawie trzech lat doświadczeń w trzech środowiskach reprezentujących potencjalny obszar uprawy soi w Polsce. Dane te pozwolą na określenie aktualnego potencjału plonotwórczego i wczesności soi oraz umożliwią ukierunkowanie doboru genotypów do dalszego udoskonalania soi jako rośliny uprawnej w Polsce.

**Planowane upowszechnianie wyników projektu**

1. Prezentacje w formie wykładów bądź plakatów na konferencjach krajowych i międzynarodowych (o typie prezentacji decydują organizatorzy konferencji na podstawie nadesłanych streszczeń i dorobku autorów).

2. Publikacje w międzynarodowych czasopismach recenzowanych z listy Journal Citation Reports (JCR) o przyznanym współczynniku cytowań Impact Factor (IF).

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 http://puls.edu.pl/dotacje-krajowe-mrirw-lata-2021-2027