

Głównym celem projektu jest poznanie szlaków indukcji kwitnienia, odpowiedzi na wernalizację i adaptacji do zmieniających się warunków środowiskowych u łubinów Nowego Świata (ang. NWL) oraz porównanie ich z mechanizmami już opisanymi dla łubinów Starego Świata (ang. OWL). Otrzymane wyniki mogą znacząco wpłynąć i rozwinąć nowe programy hodowlane obejmujących dzikie gatunki łubinów Starego i Nowego Świata, umożliwiając dywersyfikację źródeł białka roślinnego do produkcji pasz i żywności.

Od dłuższego czasu jesteśmy świadkami globalnych zmian klimatycznych przy jednoczesnym wzroście liczebności populacji. **Efektom tych zmian będą znaczne straty w uprawach, które zmuszą hodowców do poszukiwań nowych, lepiej dostosowanych i bardziej opłacalnych gatunków roślin.** Ze względu na to, naukowcy nieustannie poszukują optymalnych rozwiązań, a kluczowe znaczenie ma **identyfikacja nowych, zrównoważonych źródeł białka roślinnego zarówno do produkcji paszy dla zwierząt i żywności wzbogacającej dietę człowieka.** Wiele roślin strączkowych takich jak soja, fasola zwyczajna, groch czy łubin okazały się być obiecującymi alternatywami dla białka zwierzęcego. Rośliny te mają potencjał, aby zaspokoić zapotrzebowanie na białko nieustająco rosnącej populacji, a jednocześnie **złagodzić wpływ zmian klimatycznych na produkcję żywności.** Łubiny, jako przedstawiciele strączkowych są jednym z najbardziej obiecujących źródeł białka ze względu na wysokie stężenie niezbędnych aminokwasów i białek w suchej masie oraz stosunkowo niski poziom oleju, bogatego w jednonienasycone (54,2%) i wielonienasycone (28,5%) **kwasy tłuszczowe.** Ponadto, łubiny posiadają palowy system korzeniowy i zdolne są do tworzenia brodawek korzeniowych dzięki symbiozie z bakteriami z rodzaju *Bradyrhizobium*, co pozwala im wiązać azot atmosferyczny, **tym samym ograniczając wykorzystanie nawozów azotowych, a także odgrywając znaczącą rolę w płodozmianie wykorzystując wypłukane głęboko związki mineralne, niedostępne dla innych gatunków roślin uprawnych.**

Ewolucja rodzaju *Lupinus* jest niezwykle złożona i zakłada co najmniej kilka teorii dotyczących pochodzenia wspólnego przodka dla całego rodzaju. Większość gatunków naturalnie występuje w Ameryce Północnej (NWL) a około dziesięć gatunków pochodzi z regionu śródziemnomorskiego (OWL). Pomimo dużej dysproporcji w liczebności gatunków, to właśnie basen Morza Śródziemnego uważany jest za region ancestralny dla całego rodzaju. Według tej samej teorii łubin prawdopodobnie rozprzestrzenił się na tereny Ameryki Północnej i Południowej około 10-13 milionów lat temu. Następnie, ze względu na bariery geograficzne, szczególnie w Andach, nastąpiła tzw. „specjacja skokowa”, czyli proces podczas którego w krótkim czasie wyewoluowało prawie 200 nowych gatunków. Jednocześnie naukowcy zajmujący się ewolucją roślin zakładają, że ścieżka indukcji kwitnienia związana z wernalizacją wyewoluowała już w Kenozoiku (ok. 66 milionów lat temu), w trakcie globalnego ochłodzenia, podczas gdy znane rodziny roślin zostały już wyodrębnione. Dlatego też **kluczowe różnice w molekularnych mechanizmach regulacji szlaków wernalizacji mogą występować nawet pomiędzy blisko spokrewnionymi gatunkami,** co przez wiele lat badaliśmy u łubinu białego, żółtego i wąskolistnego (OWL). **W związku z tym, nasza hipoteza zakłada, że ścieżki wernalizacji u łubinów NWL mogą być podobne do tych opisanych u OWL, jednak gwałtowna ewolucja występująca w Andach mogła spowodować powstanie dodatkowych zmian bądź nowych mechanizmów, specyficznych dla NWL z tego regionu.** Poprzednie badania potwierdziły występowanie istotnych różnic w regulacji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację nawet wśród blisko spokrewnionych gatunków OWL, wobec czego zakładamy, że **analiz szlaków wernalizacji u NWL mogą ujawnić nowe, dotychczas nieznane mechanizmy regulacji i zapewnić wgląd w ewolucję rodzaju *Lupinus*.**

Planowane badania procesów indukcji kwitnienia będą pierwszą tego typu przekrojową analizą poprowadzoną na gatunkach NWL. **Ponadto wyniki planowanej analizy różnicowej ekspresji genów u NWL posłużą do wyselekcjonowania genów kandydujących biorących udział w regulacji kwitnienia i wernalizacji.** Dodatkowo planujemy opracować wstępne sekwencje genomów wszystkich badanych gatunków i przeprowadzić kompleksową analizę porównawczą. Sekwencje te pozwolą na identyfikację regionów zachowawczych, jak i fragmentów różniące się pomiędzy wszystkimi gatunkami. Dodatkowo przeprowadzimy analizę syntenii i rearanżacji genomu aby znaleźć tzw. bloki synteniczne, a także dużych rearanżacji strukturalnych. **Ponadto, uzyskane wyniki pozwolą na opracowanie drzewa filogenetycznego, reprezentującego powiązania ewolucyjne pomiędzy gatunkami rodzaju *Lupinus* oraz opracowania nowych modeli indukcji kwitnienia i odpowiedzi na wernalizację.** Wyniki te mogą ułatwić poszukiwania nowych gatunków stanowiących źródło pożądanych cech lub nadających się do udomowienia.