Summary in Polish - Streszczenie

Łubin biały (*Lupinus albus* L.) jest rośliną strączkową, wartościową szczególnie w kontekście rolnictwa zrównoważonego, zarówno ze względu wysoką wartość odżywczą nasion, jak i korzystny wpływ na ekosystem w okresie wegetacyjnym. Jednak jego opłacalna produkcja w regionach o klimacie umiarkowanym jest utrudniona przez dwa główne wyzwania: podatność na antraknozę (wywoływaną przez patogenicznego workowca *Colletotrichum lupini*) oraz wysoką i niestabilną zawartość alkaloidów chinolizydynowych w nasionach. Niniejsza rozprawa przedstawia aktualny stan selekcji wspomaganej markerami w odniesieniu do tych dwóch cech. Ponadto, wykorzystując różnorodne analizy molekularne, dostarcza nowe, zweryfikowane pod kątem funkcjonalności, markery molekularne.

Analiza segregantów zbiorczych (ang. Bulked Segregant Analysis) w populacji F_2 segregującej się pod względem dwóch loci o niskiej zawartości alkaloidów chinolizydynowych (QA) pozwoliła na zidentyfikowanie nowego locus cechy ilościowej (QTL) w chromosomie *Lalb_Chr05*. Stanowi on nowe źródło genetyczne obniżonej zawartości alkaloidów, niezależne od dobrze scharakteryzowanego i wdrożonego do hodowli allela *pauper*. Łącząc genotypowanie znanego locus *pauper*, nadającego chemotyp o niskiej zawartości QA, z nowo scharakteryzowanym QTL, zidentyfikowano, w następnym pokoleniu (F_3), 50 rekombinantów niosących skumulowane allele obu loci. Linie te wykazały wyjątkowo niską całkowitą zawartość alkaloidów (22,8 ±10,4 ppm), znacznie niższą nawet od genotypów typu *pauper* (171,7 ±18,5 ppm).

Biorąc pod uwagę kwestię odporności łubinu białego na antraknozę, dziewięć wcześniej opublikowanych markerów molekularnych zostało poddanych walidacji w kilku panelach pochodzących z różnych środowisk. Ponadto, ponowna analiza istniejących zbiorów danych umożliwiła (i) odkrycie pięciu dodatkowych markerów polimorfizmu pojedynczego nukleotydu (ang. single nucleotide polymorphism, SNP) w ramach badania asocjacyjnego całego genomu (ang. genome-wide association study, GWAS) oraz (ii) opracowanie modelu predykcji genomowej (ang. genomic prediction, GP) opartego na podstawie 42 loci SNP. Pozytywnie zweryfikowano opublikowany wcześniej QTL zlokalizowany w chromosomie Lalb_Chr10, związany z odpornością odmiany „Frieda". Dwa markery wykazały spójne, istotne statystycznie asocjacje w obrębie kilku paneli, podczas gdy siedem było specyficznych dla danego panelu. Model GP osiągnął wysoką dokładność prognozowania w populacji uczącej (0,84 ± 0,13), ale wymagał ponownego uczenia dla niezależnych paneli w celu utrzymania wysokiej wydajności prognostycznej.

Podsumowując, badania te dostarczyły uzupełniających się narzędzi molekularnych do dalszego udoskonalania łubinu białego jako rośliny uprawnej. Identyfikacja nowego QTL o niskiej zawartości alkaloidów i opracowanie zasocjowanych z nim

markerów umożliwia ulepszoną selekcję pod kątem jakości nasion, podczas gdy potwierdzone markery SNP i narzędzia do prognozowania genomowego powinny ułatwić hodowlę pod kątem odporności na antraknozę. Przeprowadzone badania podkreśliły wartość połączenia analizy znanych loci z nowo odkrytymi wariantami, a także potrzebę walidacji markerów molekularnych w niezależnych, a czasem także węższych pulach genowych. Wyniki te oferują solidne, zintegrowane podstawy umożliwiające przyspieszenie opracowania odpornych na antraknozę odmian łubinu białego o wysokiej jakości nasion.