



Opis projektu „*Odpowiedź na niedobór fosforu u żyta (*Secale cereale* L.) - różne poziomy (molekularne, morfologiczne) i wzory przestrzenno-czasowe*”:

Fosfor (P) jest jednym z podstawowych pierwiastków, kluczowych dla prawidłowego wzrostu i rozwoju roślin. Niedobór P należy do głównych czynników ograniczających produktywność upraw rolniczych. Wyhodowanie odmian roślin uprawnych, które będą zadawałająco plonować w warunkach niedoboru P jest niezbędne dla zapewnienia bezpieczeństwa żywieniowego szybko rosnącej populacji ludzkiej. Zmiany powodowane przez niedobór P w roślinie występują na różnych, molekularnych i morfologicznych poziomach i istnieją różne mechanizmy odpowiedzi rośliny na niedobór P – uniwersalne i unikalne dla poszczególnych gatunków.

Żyto (*Secale cereale* L.) jest popularnym zbożem, ważnym dla polskiego rolnictwa. Odznacza się ono dużo wyższą tolerancją stresów pokarmowych, w tym niedoboru P, niż blisko z nim spokrewnione pszenica i jęczmień. Można założyć, że żyto wykształciło unikalne i wyjątkowo efektywne mechanizmy adaptacji do niedoboru P, które można by wykorzystać w hodowli innych gatunków zbóż. Niestety, wiedza o molekularnych mechanizmach odpowiedzi żyta na niedobór P jest bardzo ograniczona.

Celem projektu jest precyzyjne scharakteryzowanie różnych aspektów odpowiedzi żyta na niedobór P, a w szczególności zidentyfikowanie kluczowych komponentów (genów) zaangażowanych w molekularną regulację tego procesu. Zamierzamy:

- uzyskać precyzyjną informację na temat wzorów przestrzennoczasowych odpowiedzi żyta na niedobór P poprzez analizę zmian poziomu ekspresji wybranych genów trakcie trwania stresu niedoboru P w różnych organach i tkankach,
- dokonać obserwacji cech anatomicznych i architektonicznych korzeni, aby zrozumieć, jak system korzeniowy reaguje na niedobór P i wskazać cechy systemu korzeniowego różniące linie wsobne żyta o odmiennej reakcji na niedobór P,
- poznać regulacyjną rolę miRNA i lncRNA w odpowiedzi żyta na niedobór P, wykorzystując sekwencjonowanie nowej generacji,
- określić funkcję wybranych genów przypuszczalnie związanych z odpowiedzią na niedobór P, stosując różne metody eksperymentalne, między innymi metody określające lokalizację (w tkankach, komórkach) produktów ekspresji tych genów (transkryptów, białek),
- odkryć jaki jest wpływ ryzobakterii promujących wzrost roślin (PGPR) na linie wsobne żyta różniące się odpowiedzią na niedobór fosforu, oraz na poziom ekspresji wybranych genów związanych z tym procesem.

Wszystkie aspekty odpowiedzi na niedobór fosforu, którymi zamierzamy się zająć, nie były dotychczas badane u żyta. Spodziewamy się zatem, że proponowane analizy będą przełomowe dla zrozumienia molekularnych mechanizmów odpowiedzi żyta na niedobór P i dostarczą informacji wystarczających do wskazania specyficznych sieci regulacyjnych. Oczekujemy, że w związku z kompleksowym charakterem proponowanych badań poszerzą one znacznie wiedzę o mechanizmach odpowiedzi na stres u roślin i w dalszej perspektywie przyczynią się do wyhodowania odmian roślin uprawnych dobrze przystosowanych do wzrostu w warunkach niedoboru P.