

Rośliny strączkowe należą do liczącej około 18000 gatunków rodziny *Leguminosae*. Posiadają one zdolność symbiotycznego wiązania azotu atmosferycznego przez co ich uprawa ma korzystny wpływ na żyzność gleby i umożliwia obniżenie zapotrzebowania na nawożenie mineralnymi nawozami azotowymi. Rośliny strączkowe zapewniają około jedną trzecią białka przyswajanego przez ludzi na świecie, ponadto są istotnym źródłem składnika białkowego paszy dla zwierząt hodowlanych. Groch siewny (*Pisum sativum*) jest jedną z najczęściej uprawianych roślin strączkowych na świecie. W Polsce jego areał uprawy wynosi 12 tysięcy hektarów. Nasiona grochu są bogate w białko (23-25%), skrobię (50%), cukry rozpuszczalne (5%), błonnik, witaminy oraz minerały.

Pomimo swoich zalet groch nie jest obecnie uprawiany przez rolników w Polsce. Spowodowane jest to dużą niestabilnością plonowania. Groch jest bardzo podatny na wyleganie - zjawisko polegające na uginaniu się łodygi tuż przy powierzchni ziemi pod wpływem ciśnień i sił strąków. Wyleganie może doprowadzić do "kładzenia się" na ziemi dużych obszarów uprawy. Powoduje to utrudniony zbiór plonów i powstanie korzystnych warunków do rozwoju chorób grzybowych. W rezultacie plon jest niższy i gorszej jakości. Straty spowodowane wyleganiem mogą sięgać nawet 70%.

Niestety nie istnieje odmiana grochu całkowicie odporna na wyleganie. Podłoże genetyczne odporności na wyleganie nie jest

dobre poznane. Wiadomo, że jest to cecha złożona - warunkowana przez wiele genów i podatna na wpływ środowiska. Badania dotyczące grochu wykazały, że bardziej odporne na wyleganie są odmiany posiadające sztywniejszą łodygę, a także charakteryzujące się wyższą zawartością ligninu i celulozy. Badania prowadzone na *Medicago truncatula* - roślinie modelowej dla roślin strączkowych pozwoliły na zidentyfikowanie genów związanych z biosyntezą ściany komórkowej. Geny te kodują między innymi enzymy uczestniczące w syntezie ligninu i celulozy. Wykazano, że rośliny u których zaobserwowano zmniejszoną ekspresję badanych genów są bardziej wiotkie.

Celem niniejszego projektu jest analiza ekspresji wybranych genów, związanych z biosyntezą ściany komórkowej, w odmianach

grochu różniących się sztywnością łodygi, odpornością na wyleganie oraz zawartością ligninu w łodydze. Dotychczasowa wiedza pozwala na postawienie hipotezy, że poziom ekspresji wybranych genów jest związany z obserwowanymi cechami fenotypowymi. Badania mają charakter podstawowy, jak dotychczas nikt nie podjął się analizy ekspresji genów związanych z biosyntezą ściany komórkowej w grochu. Do tego celu konieczna jest identyfikacja w genomie grochu ortologów wybranych genów, opisanych dla rośliny modelowej - *Medicago truncatula*. Następnie możliwa będzie analiza poziomu ekspresji zidentyfikowanych genów w łodygach grochu. Dodatkowo planowana jest analiza zawartości ligninu w łodygach badanych odmian grochu w celu potwierdzenia wyników analizy molekularnej.

Proponowane badania wzbogacą wiedzę na temat podłoża genetycznego obserwowanych cech. Potwierdzenie zależności między

poziomą ekspresją wybranych genów, a zawartością ligninu, sztywnością łodygi i odpornością na wyleganie otworzy drogę do dalszych badań, mających na celu identyfikację markerów molekularnych, związanych z odpornością na wyleganie. Markery molekularne znacznie ułatwią i przyspieszą selekcję osobników posiadających korzystne cechy, dlatego stanowi wygodne narzędzie dla hodowców nowych odmian uprawnych.