

Nicień pasożytnicze są przyczyną bardzo dotkliwych strat w rolnictwie polskim i na świecie roślin uprawianych globalnie poziom ponad 100 mld euro rocznie. Atakują one wiele roślin kluczowych dla produkcji żywności i paliw odnawialnych, takich jak ziemniaki, buraki cukrowe, kukurydza, soja i rzepak. Nicień powoduje na korzeniach powstanie niedoboru wody i składników odżywczych, a po rednio ułatwia infekcje drobnoustrojów chorobotwórczych. Szkodniki te indukują powstawanie wyspecjalizowanych struktur odżywczych larwy i osobniki dorosłe zwanych syncytiami. Powstawanie tych struktur wiąże się z głębokim przeprogramowaniem genetycznym komórek korzenia prowadzącym nie tylko do zmian rozwojowych i metabolicznych, ale też do zahamowania odpowiedzi obronnej. Ostatecznym molekularnym efektem takiego przeprogramowania jest pojawianie się białek o określonych funkcjach, których aktywność może być dodatkowo regulowana poprzez ich fosforylację lub inne modyfikacje.

Wobec dużego postępu w metodach identyfikacji białek przy użyciu spektrometrii mas oraz dużej wiedzy o zmianach w poziomie białek i ich fosforylacji w porażonych nicieniami roślin, proponujemy w niniejszym projekcie przeanalizowanie białek w syncytiach zaindukowanych przez młotki ziemniaczane na różnych etapach rozwoju. Dotychczasowe badania na podobnych układach pasożytniczych, w których zespół wnioskodawcy ma swój udział, pokazują zmiany w działaniu genów w sposób uproszczony, opierający się na ledzeniu poziomu mRNA i zakładający, że w najważniejszych procesach przekłada się to na aktywność kodowanego białka. W proponowanych badaniach chcemy zrewidować ten uproszczony obraz. Planowane analizy powinny więc doprowadzić do wykrycia nowych, kluczowych procesów w patogenezie nicieni lub przynajmniej do przewartościowania istniejącej wiedzy. Dodatkowo warto ci projektu jest plan jednoczesnego ledzenia białek rośliny i nicienia. Niezwykle istotny jest również wybór modelu badawczego – młotki ziemniaczane/pomidor. Młotki ziemniaczane to groźny i trudny do zwalczania szkodnik w uprawach roślin psiankowatych w Polsce, będący na liście szkodników kwarantannowych. Z kolei pomidor jest bardzo popularną rośliną ogrodniczą oraz wygodnym w pracy laboratoryjnej bliskim krewniakiem ziemniaka. Wadą zalet planowanych do wiadomości będzie użycie zarówno roślin wrażliwych, jak i odpornych na młotki, co pozwoli na ledzenie procesów warunkowanych genami odporności. Zdobyte informacje pozwolą na identyfikację nowych celów w przyszłych pracach hodowlanych nad podniesieniem szerokiej odporności na nicień, które mogą opierać się o nowoczesne technologie ukierunkowanej mutagenezy dające mniej podstaw do kontrowersji niż w przypadku klasycznych roślin transgenicznych. Trwała i szeroka odporność na szkodniki, czyli odporność nieograniczona do pojedynczych ras czy patotypów, to kluczowa składowa zintegrowanej produkcji biomasy, standardu, do którego zmierza rolnictwo krajów rozwiniętych. Proponowany projekt wykorzystuje najnowsze narzędzia genomiki i proteomiki opierający się na znajomości sekwencji całych genomów i umożliwiający jednocześnie ledzenie zmian tysięcy białek. Zespół wnioskodawcy ma do wiadomości w tego typu badaniach, poparte zarówno publikacjami, naukowymi współpracami, jak i odpowiednim zapleczem laboratoryjnym i informatycznym. Wnioskodawcy są uczestnikami międzynarodowych sieci naukowych i na bieżąco śledzą rozwój badań w dziedzinach pokrewnych. Tak więc niniejszy projekt nie tylko podejmuje problem istotny dla polskiego rolnictwa, ale daje duże szanse na rozwój partnerskiej współpracy międzynarodowej.

Podsumowując, przebadanie zmian jakościowych i ilościowych białek pomidora i młotki ziemniaczanej w trakcie jego uprawy, to projekt z zakresu badań podstawowych z dużym potencjałem do przełożenia zdobytej wiedzy na nowe strategie doskonalenia odporności na wadliwe szkodniki roślin uprawnych.