

Skrobia jest głównym zapasowym węglowodanem w roślinach wyższych, który występuje w formie ziaren w chloroplastach (tzw. skrobia przejściowa) oraz amyloplastach bulw, korzeni i ziarniaków (skrobia zapasowa). Ziemniak uprawny (*Solanum tuberosum* L.) jest czwartym najważniejszym gatunkiem uprawnym na świecie. Zawartość skrobi w bulwach odmian ziemniaka jest zmienna i waha się od 11 do 30% świeżej masy. Skrobia jest nie tylko istotnym produktem żywnościowym, ale stanowi także ważny komponent, który jest wykorzystywany w wielu gałęziach przemysłu. Skrobię tworzą dwa polimery glukozy: amyloza i amylopektyna. Dla przemysłu szczególnie istotna jest amylopektyna, która jest zbudowana z kilkudziesięciu reszt glukozy, połączonych wiązaniami glikozydowymi z nielicznymi rozgałęzieniami. W 2006 roku wyhodowano przy wykorzystaniu metod biotechnologicznych odmianę ziemniaka Amflora wytwarzającą w bulwach skrobię bezamylozową przydatną w przemyśle nieżywnościowym. Jednak z uwagi na brak korzystnych uregulowań prawnych względem roślin zmodyfikowanych genetycznie w Europie odmiana ta nie została wprowadzona do produkcji towarowej ziemniaka.

Dlatego też wciąż aktualnym wyzwaniem dla badań podstawowych ziemniaka jest poznanie naturalnej zmienności genów zaangażowanych w metabolizm skrobi w bulwach. Zrozumienie molekularnych aspektów biosyntezy skrobi i jej rozkładu może być bodźcem do prowadzenia prac ukierunkowanych na uzyskanie skrobi o zmienionych właściwościach, przydatnych dla przemysłu. Z drugiej strony, wiedza o zmienności genetycznej sekwencji genowych w powiązaniu ze zmiennością fenotypową jest ważna dla badań poznawczych metabolizmu związków węglowych w ziemniaku i innych gatunkach roślinach.

Biosynteza skrobi jest dominującym szlakiem metabolicznym w bulwach ziemniaka i stanowi modelowy przykład cechy ilościowej, której ekspresja zależy od działania wielu czynników genetycznych i środowiskowych. Mapowanie loci cech ilościowych (QTL) jest źródłem wiedzy o związkach pomiędzy zmiennością genetyczną a zmiennością fenotypową, ale nie jest źródłem informacji o roli poszczególnych genów w warunkowaniu badanej cechy. Nowe technologie molekularne, takie jak mikromacierze DNA i sekwencjonowanie RNA (RNA-seq), stały się od niedawna bodźcem rozwojowym w badaniach nad poznaniem różnic we wzorze ekspresji wielu genów jednocześnie w różnych tkankach, etapach wzrostu roślin i odmiennych warunkach uprawy, a także w odpowiedzi stresy abiotyczne i biotyczne.

W 2011 roku międzynarodowe konsorcjum zakończyło prace nad poznaniem sekwencji genomu ziemniaka, przyczyniając się tym samym do zintensyfikowania badań nad regulacją ekspresji genów (transkryptomika), biosyntezą białek (proteomika) i procesami metabolicznymi (metabolomika). Wiedza ta z pewnością przyczyni się do jakościowego postępu w poznaniu metabolizmu skrobi w bulwach na poziomie molekularnym. W ramach obecnego projektu planujemy zastosować technologię sekwencjonowania nowej generacji (NGS, *next generation sequencing*), techniki RT-PCR i RT-qPCR do identyfikacji kluczowych genów warunkujących zawartość skrobi w bulwach ziemniaka diploidalnego. Zdobyta wiedza będzie przydatna do badań metabolizmu skrobi w ziemniaku tetraploidalnym, a także w organach zapasowych innych gatunków roślin wyższych.