

## **Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Nasiona roślin strączkowych m. in. grochu, należą do najważniejszych grup pokarmów spożywanych zarówno przez człowieka, jak i przez zwierzęta. Stanowią one istotne źródło białka, które w doskonały sposób uzupełnia dietę w aminokwasy. Dodatkowego znaczenia nabierają występujące w nasionach (w znacznych ilościach) oligosacharydy rodziny rafinozy, uznawane ostatnio za prebiotyki, stymulujące rozwój prozdrowotnej mikroflory bakteryjnej w jelitach człowieka i zwierząt monogastrycznych.

W ostatnich latach trwają intensywne badania mające na celu stworzenie warunków do zmniejszenia importu białka (pochodzącego głównie z nasion soi), poprzez zwiększenie wartości biologicznej i użytkowej białka roślinnego pochodzącego z krajowych surowców. Jednym z najważniejszych rodzimych źródeł białka są rośliny strączkowe, a wśród nich groch siewny. Nasiona grochu (zawierające 20-22% białka) stanowią 60 % spożywanych w Polsce nasion roślin strączkowych. Jednym z istotnych problemów w uprawie grochu jest wrażliwość roślin na stres suszy glebowej, powodujący spadek plonów. Poznanie mechanizmów warunkujących odporność roślin na suszę glebową nabiera szczególnego znaczenia w świetle obserwowanych zmian klimatycznych – zaburzeń w rozkładzie i intensywności opadów, temperatur powietrza, zasobności gleb w wodę i znacznego obniżania się poziomu wód gruntowych.

Głównym celem projektu jest wytypowanie metabolicznych markerów odporności roślin na stres suszy glebowej. Badania te pozwolą na określenie zmian w profilu metabolicznym grochu w odpowiedzi na suszę oraz na wytypowanie potencjalnych związków, których akumulacja zachodzi w tkankach grochu już podczas wczesnej odpowiedzi na obniżanie się wilgotności gleby. Rozpoznanie takich metabolitów może okazać się przydatnym narzędziem do selekcji nowych odmian grochu o zwiększonej odporności na suszę. Zaplanowane w projekcie badania metabolomiczne zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem nowoczesnej techniki analitycznej – chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrią mas i stanowią integralną część intensywnie rozwijających się nauk postgenomowych.