

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Obecne szacunki wskazują, że nawet 20% wszystkich gruntów uprawnych może być zagrożone niekontrolowaną akumulacją soli w glebie. Zasolenie może zatem w niedalekiej przyszłości spowodować narastające problemy dla produkcji rolniczej i ogrodniczej, skutkuje ono bowiem zahamowaniem wzrostu roślin i obniżeniem plonu. Marchew jest jednym z najważniejszych warzyw, uprawianych na całym świecie na powierzchni ponad miliona hektarów. Jest ona jednak jednym z najbardziej wrażliwych warzyw na zasolenie, lecz pewne odmiany lokalne pochodzenia azjatyckiego cechują się znacznie wyższym poziomem tolerancji. Jest to związane z faktem, że przez wiele pokoleń były one uprawiane w tych niekorzystnych warunkach, działała na nie zatem presja selekcyjna faworyzująca osobniki lepiej genetycznie przystosowane do wysokiego zasolenia. Mogą one stanowić wartościowe źródło zasobów genowych dla hodowli w kierunku podwyższenia tolerancji nowych odmian uprawianych w Europie i innych częściach świata. Kluczowym problemem jest jednak wcześniejsze zidentyfikowanie czynników genetycznych warunkujących tolerancję na zasolenie.

Celem niniejszego projektu będzie wskazanie genów obniżających wrażliwość na zawartość soli w glebie przy wykorzystaniu najnowszych technologii analitycznych. Badaniu poddany zostanie cały obejmujący dziewięć par chromosomów genom, czyli pełna informacja genetyczna zapisana na DNA marchwi, którego wielkość wynosi ponad 400 milionów nukleotydów. Genom marchwi zawiera ponad 32 tysiące genów. Będziemy poszukiwać różnic w ekspresji genów, czyli które z nich są bardziej lub mniej aktywne u pochodzących z Azji roślin tolerancyjnych na zasolenie niż u roślin wrażliwych o europejskim pochodzeniu, a co będzie skutkowało zmiennością na poziomie fenotypu, czyli ogółu cech roślin. Wskażemy też czynniki regulatorowe tzw. microRNA związane z reakcją na stres solny i kontrolujące ekspresję genów. Równoległe będziemy badać zmiany w składzie chemicznym i zdolności do fotosyntezy u badanych roślin. Na podstawie otrzymanych wyników wskażemy potencjalne mechanizmy fizjologiczne pozwalające rosnać roślinom tolerancyjnym na podwyższoną zawartość soli w podłożu.

Kompleksowa analiza genetyczna połączona z analizą biochemiczno-fizjologiczną pozwoli wskazać geny potencjalnie odpowiedzialne za tolerancję badanych roślin marchwi na zasolenie. Rola tych genów zostanie zweryfikowana poprzez dokonanie ich precyzyjnej modyfikacji genetycznej polegającej na usunięciu fragmentu genu, co będzie skutkowało jego wyłączeniem. Alternatywnie będziemy indukować zwiększoną ekspresję genów. Rośliny z tak zmodyfikowanymi genami będą poddane stresowi solnemu w warunkach laboratoryjnych i obserwowane pod względem zmiany ich wrażliwości lub tolerancji na zasolenie. Ponieważ w ramach projektu zamierzamy wykorzystać technologie wysokowydajne, generujące bardzo dużą ilość danych, realizacja badań oprócz części eksperymentalnej będzie wymagała szerokiego wykorzystania komputerowej analizy wyników, czyli tzw. analiz bioinformatycznych z wykorzystaniem komputerów o dużej mocy obliczeniowej.