

Celem projektu jest identyfikacja składu bakterii (symbiotycznych i patogenicznych) występujących w ciele szkodnika zbóż – skrzypionki zbożowej (*Oulema melanopus*, Chrysomelidae, Coleoptera) oraz analiza wpływu tych mikroorganizmów na odpowiedź obronną rośliny indukowaną podczas żerowania skrzypionek.

Rośliny mają zdolność indukowania odpowiedzi obronnej pod wpływem działania na nie czynników stresowych, co wiąże się z syntezą przez nie różnych białek, w tym tzw. białek związanych z patogenezą (ang. *pathogenesis-related proteins*, PR). Synteza PR jest związana z odpornością rośliny typu SAR (ang. *systemic acquired resistance*), która jest z reguły uruchamiana w odpowiedzi na infekcję przez szeroki zakres mikroorganizmów; oraz odpornością typu ISR (ang. *induced systemic resistance*), która wiąże się z odpowiedzią roślin na atak szkodników. W reakcji na atak patogenu lub owada w komórkach roślinnych uruchamiane są różne ścieżki sygnałowe. Co istotne, odpowiedź obronna roślin na zranienie mechaniczne różni się od tej, która jest spowodowana uszkodzeniem przez szkodniki. Podczas żerowania, tkanka roślinna ma kontakt z wydzieliną aparatu gębowego owada, która zawiera różne czynniki (elicitory) wpływające na charakter odpowiedzi obronnej gospodarza. Do tych czynników należą bakterie, które mogą modyfikować (hamować) odpowiedź rośliny na żerowanie owada na korzyść ich owadziego gospodarza (w badanym przypadku skrzypionki zbożowej). W projekcie założono następujące hipotezy badawcze:

- 1) Bakterie znajdujące się w wydzielinach aparatu gębowego skrzypionki zbożowej mogą modyfikować odpowiedź rośliny podczas żerowania owada na jego korzyść, ale ostateczny efekt zależy od gatunku rośliny, jak również składu bakteryjnego w wydzielinie aparatu gębowego,
- 2) Skrzypionka zbożowa stanowi potencjalny rezerwuuar bakterii patogenicznej – *Pantoea ananatis*.

Obecnie brak danych dotyczących bakterii symbiotycznych i patogenicznych związanych ze skrzypionką zbożową. Nie badano też korelacji pomiędzy pochodzeniem owadów (gatunek rośliny, na której żerują oraz lokalizacją geograficzną, z której pochodzi populacja) a składem ww. bakterii w wydzielinach aparatów gębowych skrzypionek, podobnie jak interakcji pomiędzy roślinami, skrzypionkami i zasocjowanymi z nimi bakteriami. Nasze badania wstępne wskazują na możliwą obecność *P. ananatis* w wydzielinie aparatu gębowego, jednakże nie zostało to potwierdzone w badaniach przesiewowych skrzypionki i nie wiadomo, czy wykrycie tej bakterii w skrzypionce ma charakter incydentalny, czy jest zjawiskiem powszechnym. Aby uzupełnić te dane dotyczące biologii skrzypionki zbożowej oraz interakcji zachodzących pomiędzy nią a jej gospodarzami roślinnymi planuje się przeprowadzenie następujących badań:

- 1) Identyfikację bakterii w wydzielinie aparatu gębowego skrzypionki i analizę składu bakterii symbiotycznych w odniesieniu do dwóch czynników: gatunku gospodarza roślinnego i lokalizacji geograficznej, z której pobrano populacje skrzypionki. Analizę wpływu bakterii zasocjowanych ze skrzypionką na wzrost i rozwój ich owadziego gospodarza,
- 2) Analizę obecności bakterii patogenicznej *P. ananatis* w populacjach skrzypionek pochodzących z różnych lokalizacji geograficznych i różnych gospodarzy roślinnych,
- 3) Analizę, czy zidentyfikowane w skrzypionkach szczepy *P. ananatis* mogą być odpowiedzialne za indukcję symptomów chorobowych na zbożach,
- 4) Sprawdzenie, czy bakterie wydzieliny aparatu gębowego skrzypionki mogą hamować odpowiedź obronną rośliny (analiza ekspresji genów markerowych dla ISR i SAR oraz wyjaśnienie, który typ odpowiedzi przeważa w zależności od tego, czy rośliny są ekspozowane na żerowanie skrzypionki z/bez bakterii),
- 5) Poszukiwanie odmiany pszenicy, u której ekspresja genów związana z odpowiedzią obronną była najwydajniej hamowana przez obecność bakterii,
- 6) Analizę globalnej odpowiedzi roślinnej (całkowity profil ekspresji genów) na żerowanie skrzypionek i opisanie modyfikującej roli czynnika bakteryjnego w tych interakcjach przez analizę transkryptomu roślin ekspozowanych na owada i bakterie (RNAseq).

Wyniki tych badań dostarczą ważnych odpowiedzi na pytanie jak bakterie związane z owadami wpływają na interakcję roślina-owad. Dadzą również wgląd w komponenty oraz wypadkową odpowiedzi roślinnej wynikające z podwójnego ataku na roślinę owada i bakterii.