

Rośliny nieustannie podlegają atakom różnorodnych patogenów powszechnie obecnych w ich otoczeniu, w tym grzybów, bakterii, wirusów czy owadów. Aby przetrwać te ataki, wykształciły bogaty zestaw mechanizmów, których celem jest zablokowanie infekcji, neutralizacja patogenu i ochrony nie zainfekowanych części roślin. Ze względu na olbrzymie znaczenie gospodarcze i ekologiczne, mechanizmy te są żywym obiektem zainteresowania i są intensywnie badane. Jednakże geny zaangażowane w pobudzanie odporności u roślin, w szczególności tzw. geny R, zawierające domeny wiążące nukleotydy oraz wielokrotne powtórzenia bogate w leucynę, opierały się dotąd szczegółowej charakterystyce, nawet u dobrze poznanych gatunków modelowych, z uwagi na swoje ogromne wewnętrzne zróżnicowanie. Są one często ułożone w klastry – zgrupowania sąsiadujących genów w określonym regionie genomu i charakteryzują się wielką dynamiką, z czego wynika ich ogromne zróżnicowanie pomiędzy zbliżonymi gatunkami, a także pomiędzy odmianami / ekotypami w obrębie gatunku. Wykazano, że różnice wewnątrzgatunkowe polegające na zduplikowaniu bądź utracie niektórych genów powiązanych z odpowiedzią na stres biotyczny, wpływają na zróżnicowanie odporności niosących je ekotypów na czynniki biotyczne. Występowanie takich różnic nazywamy zmiennością liczby kopii.

W niniejszym projekcie chcielibyśmy połączyć dwie nowoczesne techniki sekwencjonowania genomowego DNA, oparte odpowiednio o krótkie i długie odczyty, aby szczegółowo scharakteryzować zakres zmienności liczby kopii genów związanych z odpowiedzią na stres biotyczny w naturalnych ekotypach *Arabidopsis thaliana*. Łącząc badania struktury, liczby kopii oraz ekspresji tych genów w roślinach poddanych działaniu patogenów z dostępnymi danymi na temat ich różnic fenotypowych oraz stosując badania w skali populacji (docelowo przebadamy ponad 1000 ekotypów), będziemy chcieli zidentyfikować i powiązać przypadki zmienności liczby kopii genów z naturalnym występowaniem zróżnicowanej wrażliwości *A. thaliana* na różne czynniki biotyczne. Wierzimy, że realizacja tego projektu otworzy drogę dla dalszych, ukierunkowanych i pogłębionych badań funkcjonalnych oraz zastosowań praktycznych.