

Ziemniak jest czwartą co do znaczenia rośliną, po ryżu, pszenicy i kukurydzy, wykorzystywaną jako źródło żywności. Waga uprawy ziemniaka w zapobieganiu zjawiska głodu i niedożywienia zadecydowała o tym, że Organizacja Narodów Zjednoczonych przyznała mu specjalną rangę. Wirus ziemniaka Y (PVY), obok *Phytophthora infestans* - mikroorganizmu wywołującego zarazę ziemniaczaną, to dwa główne patogeny odpowiedzialne za gigantyczne straty w plonach ziemniaka (sięgające od 10 do 80%, w zależności od roku i odmiany) zarówno w Polsce, jak i w innych krajach świata. Ponieważ PVY przenosi się głównie przez bulwy, uzyskiwanie bulw ziemniaka wolnych od PVY stanowi jedno z najpoważniejszych wyzwań współczesnego rolnictwa.

W projekcie tym, podejmiemy próbę wyodrębnienia genów warunkujących cechę krańcowej odporności (ang. extreme resistance; ER) z genomów różnych odmian ziemniaka. Zjawisko ER dotyczy komórek w bezpośrednim sąsiedztwie miejsca wnikięcia wirusa do tkanki roślinnej, a manifestuje się całkowitym zahamowaniem namnażania się PVY. W celu wyodrębnienia genów odpowiedzialnych za ER i poznania ich sekwencji nukleotydowej posłużymy się najnowocześniejszymi technikami izolacji genów, użytecznych w hodowli roślin, takimi jak RenSeq (ang. Resistance gene enrichment sequencing) i PacBio SMRT (ang. Pacific Biosciences Single-Molecule Real Time sequencing). Porównanie uzyskanych sekwencji umożliwi wyznaczenie konserwowanych aminokwasów, które mogą być krytyczne dla przebiegu mechanizmów obronnych. Dla potwierdzenia udziału wyizolowanych genów w odpowiedzi ER oraz znaczenia zidentyfikowanych motywów i domen wygenerujemy, z wykorzystaniem techniki CRISPR-Cas9, mutanty niezdolne do syntezy funkcjonalnego białka bądź kodujące jego warianty. A dla zbadania lokalizacji komórkowej białek, produktów wyizolowanych genów, posłużymy się technikami obrazowania mikroskopii konfokalnej. Otrzymane wyniki przyczynią się do poznania molekularnego podłoża odporności ziemniaka na infekcje PVY.