

Wykorzystanie naturalnej zmienności do identyfikacji genów przydatnych w hodowli odpornościowej na przędziorki.

Lawinowy przyrost informacji o sekwencji genomów i transkryptomów stwarza nowe możliwości wykorzystania tych danych do rozwiązywania rzeczywistych i palących problemów rolnictwa. Szczególny potencjał upatrujemy w wykorzystaniu genomiki translacyjnej zakładającej poznanie mechanizmów obronnych przed szkodnikami w modelowym rzodkiewniku i przetestowanie ich funkcjonalności w ekonomicznie ważnych gatunkach uprawnych.

Celem niniejszego projektu jest zidentyfikowanie genów o znaczącym udziale w determinacji zróżnicowanej podatności rzodkiewnika na przędziorka chmielowca i weryfikacja ich roli w pomidorze i kukurydzy. Cel ten ma być osiągnięty przy zastosowaniu najnowszych dostępnych technologii – genomowego mapowania asocjacyjnego bazującego na polimorfizmach w znanych sekwencjach genomowych setek ekotypów rzodkiewnika oraz ukierunkowanej mutagenyzy odpowiedników wybranych genów w gatunkach uprawnych metodą CRISPR/Cas9.

Pomimo, że wiele składowych interakcji roślina–szkodnik wykazuje znaczącą specyfikę (rasa szkodnika/odmiana rośliny), to w przypadku szkodników o bardzo szerokim spektrum żywicieli (generalistów) poszukiwanie uniwersalnych mechanizmów obronnych daje szansę ich zastosowania w wielu gatunkach uprawnych. Przędziorek chmielowiec (roślinożerny roztoczek, z rodziny przędziorkowatych) wydaje się wymagać takiego podejścia – atakuje ponad tysiąc gatunków roślin, w tym, modelowy rzodkiewnik, a także ważne gospodarczo pomidor i kukurydza. Niniejszy projekt pomoże rozwiązać problemy z którymi boryka się ochrona wielu gatunków roślin przed przędziorkami: łatwość tworzenia przez przędziorka chmielowca ras odpornych na pestycydy oraz brak w zasobach genowych szczegółowo przebadanych genów odporności przydatnych w hodowli odpornościowej. Cel niniejszego projektu będzie realizowany poprzez weryfikację następujących hipotez:

- (1) zróżnicowanie podatności u ekotypów rzodkiewnika na przędziorka chmielowca oraz polimorfizm genetyczny tych ekotypów są wystarczające do zmapowania najważniejszych genów warunkujących reakcje odpornościowe,
- (2) precyzyjne fenotypowanie bazujące na ocenie płodności samic przędziorka chmielowca i określeniu stopnia uszkodzeń liści różnych ekotypów rzodkiewnika jest wiarygodną metodą wyznaczania ich podatności,
- (3) wybrane geny stanowią składowe mechanizmów obronnych, które są zakonserwowane u roślin jedno- i dwuliściennych,
- (4) poziom ekspresji wybranych genów przed i po ataku przędziorka chmielowca koreluje z podatnością badanych gatunków,
- (5) mutagenyza CRISPR/Cas9 sekwencji wybranych genów pozwala na wygenerowanie w pomidorze i kukurydzy zmienności podatności na przędziorka chmielowca przydatnej do dalszej hodowli odpornościowej.

W projekcie tym proponujemy zatem, nowatorską strategię poszukiwania ewolucyjnie wyselekcjonowanych wariantów genów i weryfikacji ich konstytutywnej lub indukowanej roli. W zaplanowanych zadaniach zastosujemy bardzo nowoczesną metodykę do przeprowadzenia podstawowych badań nad molekularnymi aspektami interakcji roślin z przędziorkami. Dobór badanych gatunków może jednak pozwolić w przyszłości na bezpośrednie wykorzystanie otrzymanych wyników w doskonaleniu roślin uprawnych. Wykorzystanie ukierunkowanej mutagenyzy narzędziami edycji genomów jest obecnie najintensywniej rozwijaną gałęzią biotechnologii rolniczej, a otrzymane tym sposobem rośliny są w wielu krajach, albo wyłączone z regulacji dotyczących GMO, albo istnieją realne szanse by tak się stało.