

Kiła kapusty jest chorobą wywołaną przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae*, występującą w uprawie gatunków takich jak: rzepak, kapusta czy kalafior. Aktualnie **choroba ta jest jednym z głównych problemów w uprawie roślin z rodziny kapustowatych w Polsce, Niemczech, Kanadzie i wielu innych krajach gdzie niejednokrotnie prowadzi nawet do 90% szkód w plonie**. Głównym objawem choroby jest powstawanie narośli na podziemnej części roślin mające negatywny wpływ na pobór wody oraz składników mineralnych z podłoża. Jedną ze strategii walki z chorobą jest uprawa odmian odpornych na infekcję. Rośliny, w przeciwieństwie do ludzi i innych kręgowców, posiadają system odporności, który jest zapisany w DNA i dziedziczny. To zjawisko ma bardzo duże znaczenie dla możliwości produkcji form odpornych poprzez selekcję i zbiór nasion roślin posiadających te same cechy. W celu stwierdzenia, które warianty alleli obecnych w DNA wyselekcjonowanych form odpowiedzialne są za odporność na kiłę kapusty należy porównać sekwencje genomowe w obrębie różnych form tego samego gatunku. W ten sposób możemy wyselekcjonować rejony/sekwencje występujące jedynie w genomie formy odpornej, które nie występują u form wrażliwych, co daje duże prawdopodobieństwo związku ich obecności ze zjawiskiem odporności. W taki właśnie sposób zidentyfikowano rejony DNA, które wykorzystano w programach hodowlanych w celu tworzenia odmian odpornych. Niestety wyniki ostatnich badań wskazują na to, że patogen przełamał istniejące odporności genetyczne.

Najlepszym rozwiązaniem zaistniałego zjawiska jest identyfikacja nowych genetycznych źródeł odporności i wprowadzenie ich do odmian uprawnych. Również bardzo ważnym aspektem jest pogłębienie naszej wiedzy na temat naturalnych mechanizmów obronnych rośliny przed atakiem patogenu. **Aby zrozumieć jak rośliny rozpoznają obecność *P. brassicae* i aktywują odpowiedzi obronne, w naszym zespole badawczym przeprowadzono genetyczne badania porównawcze na roślinie modelowej *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewniku), która z racji swej przynależności do rodziny kapustowatych, jest również infekowana przez *P. brassicae*.** Rzodkiewnik jest jednym z najlepiej przebadanych organizmów roślinnych, dla którego istnieje olbrzymia różnorodność narzędzi oraz technik badawczych. Roślina ta zajmuje mało miejsca, szybko się rozmnaża i ma mały genom co znacznie ułatwia analizy genetyczne. Co najważniejsze istnieje wiele publicznie dostępnych naturalnych źródeł zmienności dla tego gatunku, co pozwala na prowadzenie bardzo precyzyjnych badań genetycznych. Co ważne, wiele mechanizmów biologicznych które poznano z wykorzystaniem rzodkiewnika w dużej mierze odzwierciedlało stan występujący u roślin uprawnych i znalazło zastosowanie przy poprawie właściwości roślin uprawnych.

**Dzięki naszym badaniom zidentyfikowaliśmy sekwencję genu, który roboczo nazwaliśmy *RPB2* (Resistance to *Plasmodiophora brassicae* 2).** Wykazuje on znaczne podobieństwo do wcześniej opisanych genów kodujących czynniki zaangażowane w roślinne reakcje odpornościowe. **Pomimo tego, że wykazaliśmy bardzo silną korelację obecności genu *RPB2* z odpornością badanych roślin na kiłę kapusty, jedynie inaktywacja tego genu w wyselekcjonowanym, odpornym genomie pozwoli na pełne potwierdzenie, że jest to czynnik bezpośrednio zaangażowany w zjawisko odporności na kiłę kapusty.** W celu inaktywacji genu *RPB2* planujemy wykorzystać metodę edycji genomów zwaną CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats/ CRISPR associated protein 9). Metoda to została wynaleziona zaledwie 8 lat temu i jest aktualnie szeroko wykorzystywana do generowania precyzyjnych modyfikacji w materiale genetycznym takich jak utrata małych fragmentów, dzięki której można zhamować funkcjonowanie genu. W taki właśnie sposób chcemy potwierdzić funkcję genu *RPB2* w odporności roślin na kiłę kapusty. Wykazanie słuszności naszych założeń stworzyłoby nowe możliwości badania mechanizmów detekcji oraz uruchamiania kaskady odpowiedzi odpornościowej wykorzystywanych przez *A. thaliana* w sytuacji zaatakowania przez *P. brassicae*. **W niniejszym projekcie chcemy również zbadać czy istnieje genetyczna zależność pomiędzy odkrytym przez nas genem *RPB2* a wcześniej opisanym *RPB1*.** Zjawisko to zbadamy poprzez jednoczesną inaktywację obu genów.

**Zakładamy, że dzięki wynikom uzyskanym w niniejszym projekcie poznamy jak rośliny bronią się przed infekcją *P. brassicae*. Pozwoli to również na rozwój dalszych prac nad wykorzystaniem poznanego zjawiska w hodowli odmian odpornych na kiłę kapusty.**