

Streszczenie popularnonaukowe

Jednym z największych wyzwań bezpieczeństwa żywnościowego XXI wieku jest poprawa zwiększenia ilości oraz jakości plonów poprzez rozwój upraw odpornych na infekcje. Rosnąca populacja ludzka, zmiany klimatyczne i limitowana dostępność zasobów wody wymagają jak największego ograniczenia strat produkcyjnych, wywoływanych przez infekcje patogenami. Pięć głównych roślinnych źródeł żywności: ryż, pszenica, kukurydza, banan i ziemniak jest stale narażonych na niszczące skutki działania mikroorganizmów czy owadów. Poważnym problemem mającym wpływ na bezpieczeństwo żywności są infekcje wywoływane przez wirusa ziemniaka Y (PVY). Wirus ten jest jednym z najbardziej szkodliwych patogenów wpływających na uprawy i plony ziemniaka jadalnego (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*), a także innych roślin z rodziny *Solanaceae*, takich jak papryka, bakłażan czy tytoń. Najskuteczniejszą strategią obronną przeciwko infekcjom PVY jest zjawisko oporności krańcowej (ang. extreme resistance, ER). Zjawisko to występuje w komórkach bezpośrednio sąsiadujących z miejscem wniknięcia PVY i charakteryzuje się całkowitym zahamowaniem namnażania się wirusa. Pomimo, że odporność typu ER na PVY jest najbardziej pożądaną cechą stosowaną w praktyce hodowlanej pozostaje ona nadal słabo poznana zarówno na poziomie molekularnym jak i komórkowym.

Niedawno wyizolowaliśmy sekwencję genu Ry_{sto} warunkującego fenotyp ER i zidentyfikowaliśmy jego czynnik avirulencji. Dzięki temu dysponujemy unikalnym systemem umożliwiającym scharakteryzowanie wczesnych etapów aktywacji ER na poziomie molekularnym i komórkowym. Nasze wstępne obserwacje wskazują że, Ry_{sto} może aktywować dwa rodzaje obronnych ścieżek sygnałnych. W przeciwieństwie do większości genów odporności, mechanizm działania Ry_{sto} wydaje się być niezależny od kwasu salicylowego, co sugeruje działanie innego systemu kontrolnego odporności krańcowej niż opisywano badając inne patosystemy.

Celem projektu jest charakterystyka wczesnych etapów aktywacji ER. W proponowanym projekcie przetestujemy, które markery fizjologiczne i molekularne związane są z aktywacją ER. Następnie, stosując technikę edycji genomu CRISP-Cas9, wyłączymy funkcję niektórych znanych komponentów sygnałnych, aby sprawdzić, które z nich są kluczowe dla funkcji Ry_{sto} . Wyniki te zostaną poparte przez globalne profilowanie transkryptomu roślin odpornych po infekcji PVY. Na koniec zweryfikujemy naszą hipotezę, że niektóre reszty aminokwasowe w strukturze Ry_{sto} przyczyniają się do fenotypu ER niewrażliwego na temperaturę.

Mamy powody by sądzić, że uzyskane wyniki nie tylko przyczynią się do zrozumienia molekularnych podstaw odporności ziemniaka na infekcje PVY, ale także ułatwią opracowanie nowych programów hodowlanych ziemniaka jadalnego, a także innych roślin z rodziny *Solanaceae*.