

## Epigenetyczna kontrola zaniku międzypokoleniowego przekazu pamięci stresu suszy w ziemniaku

Susza jest najważniejszym stresem abiotycznym roślin uprawnych w skali globalnej. Długoterminowy niedobór wody wpływa destrukcyjnie na wzrost i rozwój roślin, i ich produktywność. Przejawem tych procesów są zmiany obserwowane na wielu poziomach funkcjonowania rośliny, począwszy od zmian na poziomie molekularnym, biochemicznym, do zaburzeń fizjologicznych. Ziemniak uprawny (*Solanum tuberosum* L.) zajmuje czwarte miejsce na liście gatunków o największym znaczeniu żywnościowym. To gatunek wrażliwy na stres wodny, aczkolwiek uprawiane odmiany wykazują zróżnicowaną reakcję na suszę. Szacuje się, że w kolejnych dekadach susza będzie przyczyną dużych spadków plonu, rzędu nawet 30%. Tolerancja ziemniaka na suszę jest cechą poligeniczną. Wyzwaniem dla nauki jest poszerzenie wiedzy o mechanizmach warunkujących lepszą tolerancję ziemniaka uprawnego na suszę. Pytania badawcze obejmują poznanie procesów aklimatyzacji roślin do warunków czasowego niedoboru wody, a także zjawiska powrotu do równowagi stosunków wodnych w trakcie wegetacyjnego wzrostu i rozwoju rośliny. Ziemniak w produkcji jest gatunkiem rozmnażanym wegetatywnie. Dlatego niezwykle ważnym jest poznanie jak stres suszy wpływa na następne pokolenia roślin rozmnażanych z bulw, a także jakie są molekularne podstawy obserwowanego zjawiska pamięci doznanego stresu w następnym pokoleniu roślin. Ważnym zagadnieniem jest zidentyfikowanie czynników, które determinują zdolność niektórych genotypów ziemniaka uprawnego do „zapominania” o przeżytym stresie suszy roślin matecznych. Szczególnie ten drugi aspekt jest słabo poznany. Są naukowe dane aby twierdzić, że u podstaw pamięci/zapominania stresu suszy są zmiany epigenetyczne, związane z metylacją DNA, które przyczyniają się do obserwowanych zmian w ekspresji genów i ich produktów. Nowe technologie molekularne, w tym sekwencjonowanie nowej generacji (NGS, *next generation sequencing*), stały się od niedawna bodźcem rozwojowym w badaniach nad poznaniem różnic we wzorze ekspresji wielu genów w różnych tkankach, etapach wzrostu roślin i odmiennych warunkach uprawy, a także w odpowiedzi na stresy abiotyczne i biotyczne. W obecnym projekcie stawiamy hipotezę, że stres suszy przyczynia się do zmian epigenetycznych w bulwach ziemniaka, co determinuje ich odmienny obraz transkryptomyczny w kolejnych pokoleniach bulwowych roślin. Materiałem badawczym będą wybrane odmiany ziemniaka pochodzące w pierwszej linii od odmiany Katahdin, o zróżnicowanej reakcji na stres suszy. Zdobyta w ramach projektu wiedza o wzajemnych oddziaływaniach w relacji metylom-transkryptom będzie mogła być wykorzystana w przyszłości do selekcji form o podniesionej tolerancji na suszę w ramach wielu programów hodowlanych ziemniaka.