

Fosfor jest jednym z makroelementów, niezbędnym dla wzrostu i rozwoju roślin. W proponowanym projekcie chcemy uzyskać nową wiedzę dotyczącą genetycznych uwarunkowań tolerancji niedoboru fosforu przez rośliny badając żyto (*Secale cereale* L.), które jest rośliną o bardzo wysokiej tolerancji niedoboru składników pokarmowych.

Planujemy: 1) zrozumienie molekularnych mechanizmów tolerowania przez żyto niedoboru fosforu poprzez zbadanie zmian w aktywności genów (na poziomie RNA i białka) oraz zmian w metylacji DNA towarzyszących temu stresowi, 2) poznanie pełnej sekwencji zidentyfikowanych w projekcie genów związanych z tolerancją niedoboru fosforu oraz przanalizowanie ich struktury w celu zidentyfikowania elementów, które mogą wpływać na poziom ekspresji, 3) eksperymentalną analizę funkcji zidentyfikowanych genów, 4) zbadanie zróżnicowania tych genów w licznej kolekcji form żyta reprezentujących różny stopień ulepszenia (od form prymitywnych po współcześnie uprawiane odmiany) i rejony świata różniące się warunkami glebowymi, a następnie wskazanie takich wersji badanych genów, które mogą wskutek zmian w swojej sekwencji powodować zmieniony poziom tolerancji niedoboru fosforu.

Spodziewamy się, że wyniki projektu przyczynią się do lepszego zrozumienia genetycznych uwarunkowań tolerancji niedoboru fosforu przez rośliny. Uzyskane w projekcie informacje będą stanowić także ważny zasób przydatny w badaniach z zakresu genomiki strukturalnej i funkcjonalnej żyta i spokrewnionych gatunków oraz punkt wyjścia do dalszych badań. Informacje o wariantach genów występujących w licznej kolekcji form żyta poszerzą wiedzę na temat zróżnicowania zasobów genowych żyta, ale także pozwolą lepiej zrozumieć jak procesy hodowlane oraz selekcja naturalna związana z warunkami uprawy panującymi w różnych rejonach geograficznych wpływa na genom rośliny uprawnej. Uzyskane wyniki będą miały również znaczenie dla perspektyw ulepszania gatunków uprawnych blisko spokrewnionych z żytem - pszenicy i jęczmienia.