

Badanie roślin o przeznaczeniu rolniczym polega na ocenie ich fenotypu, tzn. cech charakteryzujących ich produktywność, jakość i odporność na stresy, oraz opisywaniu procesów przebiegających na poziomie molekularnym związanych z ekspresją genów, funkcjonowaniem białek i wytwarzaniem metabolitów. Nowoczesne metody pomiarowe dostarczają dużych ilości danych, jednak ilość i jakość informacji w tych danych zależy od prawidłowego planowania doświadczeń, w tym od właściwego wyznaczenia momentów pobierania prób do analiz. W projekcie zajmiemy się wyzwaniem związanym z optymalizacją planu pobierania prób biologicznych w celu oceny cech na poziomie molekularnym. Opracujemy nowe procedury statystyczne do integracyjnej analizy danych fenotypowych, transkryptomicznych i środowiskowych mających postać szeregów czasowych, co pozwoli na normalizację ocen efektów genetycznych ze względu na różnice w tempie rozwoju roślin (heterochronię rozwojową). Opracujemy także nowe metody rozpoznawania stadiów rozwojowych roślin na podstawie analizy obrazów. Prawidłowość koncepcji projektu wykażemy przeprowadzając eksperyment, w którym badana będzie reakcja roślin jęczmienia na niedobór wody. Projekt dostarczy wyników podstawowych w zakresie metod analizy szeregów czasowych i analizy obrazów w badaniach roślin. Poszerzy także wiedzę na temat stresu związanego z suszą u jęczmienia o wyniki o dużym znaczeniu podstawowym i aplikacyjnym. Projekt będzie wykonany we współpracy pomiędzy IPK (Gatersleben, Niemcy), jednostką naukową o dużym doświadczeniu w zakresie badań fizjologii roślin i posiadającą unikalną aparaturę badawczą do ich fenotypowania, oraz zespołem z IGR PAN w Poznaniu posiadającym wiedzę i doświadczenie w zakresie statystyki i bioinformatyki.