

Specyficzność regulacji interakcji *Fusarium*-szparag przez metabolity i hormony żywiciela produkowane podczas infekcji

Zgnilizna podstaw pędów i korzeni jest jedną z najważniejszych na świecie chorób w uprawach szparagów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Choroba ta nie tylko powoduje obniżenie plonów, ale także skażenie rośliny szkodliwymi mykotoksynami, co uniemożliwia wykorzystanie jej jako żywność. Wiadomo, że w celu ułatwienia infekcji i kolonizacji rośliny żywiciela, gatunki *Fusarium* wytwarzają rozmaite białka oraz szeroką gamę metabolitów, jednak mechanizmy regulacji kluczowych genów oraz ścieżek sygnałowych związanych z procesem infekcji roślin szparaga przez grzyby *Fusarium* pozostają wciąż nieznane. Dlatego głównym celem niniejszego projektu jest zrozumienie interakcji *Fusarium*-szparag w warunkach *in vitro* i *in planta* w oparciu o analizy molekularne, proteomiczne i metabolomiczne.

Reakcje roślin na stresy biotyczne i abiotyczne studiowano od wielu lat, jednak głównie z wykorzystaniem gatunków modelowych (np. *Arabidopsis thaliana*). Reakcja taka w przypadku szparaga pozostaje wciąż słabo poznana, w szczególności na poziomie molekularnym. Brakuje także prac opisujących wewnątrzgatunkowe różnice w reakcji roślin na infekcję na poziomie metabolomicznym, proteomicznym i molekularnym.

Proponowany projekt stanowi ambitną i nowatorską próbę uzupełnienia wiedzy w zakresie interakcji roślina-patogen. Pozwoli on odpowiedzieć na zasadnicze pytania dotyczące reakcji odpornościowej szparaga na infekcję przez grzyby *Fusarium*.

Oryginalność tego projektu polega na połączeniu wyników różnych dziedzin nauki związanych z interakcją *Fusarium* z roślinami, przy jednoczesnym skupieniu się na nieznanym dotychczas procesach zachodzących podczas infekcji w sadzonkach szparagów. Określenie zmian ekspresji białek oraz roli konkretnych metabolitów podczas infekcji szparaga przez *Fusarium* będzie pierwszą próbą zbadania różnorodności zależnej od gospodarza.

Integracja danych uzyskanych z analiz biologii grzybów, transkryptomiki, proteomiki i metabolomiki, zapewni nowy, holistyczny i szczegółowy wgląd w obraz różnorodności *Fusarium*, a także pozwoli na poznanie wpływu tych grzybów na biologię rośliny. Pozwoli to nie tylko na poszerzenie wiedzy ogólnej w zakresie funkcjonowania ekosystemu rolniczego, ale również pomoże w zaproponowaniu zrównoważonej strategii kontroli tej ważnej grupy patogenów roślin.