

Jęczmień, pszenica i inne rośliny zbożowe mają olbrzymie znaczenie agronomiczne. Jednak coroczne straty ich plonów związane są z suszą i chorobami grzybowymi. Jedną z takich chorób jest fuzaryjna zgnilizna pędów (FCR) wywołana przez mykotoksynogenne grzyby *Fusarium pseudograminearum*. Obserwowane obecnie zmiany klimatu z częstymi okresami suszy nasilają występowanie FCR, prowadząc do poważnego zmniejszenia plonów na całym świecie. Niemniej jednak molekularne podstawy promowania rozwoju *F. pseudograminearum* w czasie suszy nie są dokładnie zbadane. Dowody sugerują, że w przypadku współistniejącej suszy i zakażenia patogenami rośliny wykazują wyrafinowany wzór ekspresji genów, różniący się od zaobserwowanego w czasie indywidualnego stresu.

Platforma multiomiczna będzie idealna do realizacji celu proponowanego projektu: opisanie złożoności tego mechanizmu, a także współdziałania fitohormonów w procesach jego regulacji. Transkryptomika oparta na RNA-Seq wskaże funkcjonalne geny i szlaki zaangażowane w odpowiedź rośliny na połączone stresy. Ponadto zaawansowana metabolomika z wykorzystaniem znakowanych izotopowo prekursorów fitochemicznych, lipidomika i proteomika będą służyć do zilustrowania dynamiki w sieciach metabolicznych. Co więcej, ilościowe oznaczenie fitohormonów pomoże w zrozumieniu sieci sygnalizacyjnej prowadzącej do kompromisu między odpowiedzią na stres abiotyczny i biotyczny. Zaawansowane metody spektrometrii mas połączonej z chromatografią cieczą (LC-MS i nanoLC-MS) są idealnym narzędziem do wszystkich czterech wymienionych zadań omicznych. Stan antyoksydacyjny rośliny i poziom porażenia patogenem zostaną również zmierzone w celu uzyskania holistycznego obrazu interakcji roślina-patogen-susza. Szczególna uwaga zostanie zwrócona na tworzenie ram integracyjnych za pomocą metod bioinformatycznych i statystycznych. Zostaną wykorzystane wieloczynnikowe metody analizy danych, a także innowacyjne podejście do grupowania i korelacji dużych zestawów danych pochodzących z analiz omicznych. Integracja danych ułatwi opisanie, w jaki sposób rośliny zbożowe radzą sobie ze współistniejącymi stresami biotycznymi i abiotycznymi.

Dwie odmiany jęczmienia (*Hordeum vulgare*) o różnej tolerancji na suszę będą służyć do poszukiwania markerów molekularnych odporności zbóż na stresy łączone. Ilustracja dynamiki zmian metabolomu, lipidomu proteomu i transkryptomu będzie nowym, ważnym wkładem do wiedzy na temat tła molekularnego w ważnej agronomicznie rodzinie Poaceae. Badania nad interakcją rośliny ze środowiskiem są niewątpliwie jednym z najbardziej interdyscyplinarnych projektów biologii roślin. Połączenie danych z chemii, fizjologii roślin, mykologii, metabolomiki, transkryptomiki, matematyki i statystyki pozwoli nam wyjaśnić i zilustrować zmiany metaboliczne w roślinach podczas stresu łączonego. Według naszej wiedzy nie przeprowadzono jeszcze tak szczegółowych i kompleksowych badań w tej dziedzinie. Ponadto po raz pierwszy wielowymiarowa statystyka i analiza sieci korelacyjnych przedstawią holistyczny obraz strategii działania roślin w przypadku występujących jednocześnie stresów biotycznych i abiotycznych wśród roślin zbożowych. Zależności między roślinami a patogenami grzybowymi podczas suszy są interesujące również z punktu widzenia stworzenia idealnego modelu rozwoju i standaryzacji wysokoprzepustowych badań multiomicznych. Kompleksowa wiedza opisująca reakcję roślin na stres łączony oferuje ogromny potencjał dla współczesnej hodowli roślin borykającej się ze zmianami środowiska. Ostatecznym rezultatem proponowanego projektu będą niezbędne dane dla rozwoju roślin użytkowych lepiej przystosowanych do ekstremalnych warunkach środowiskowych. Ponadto poszukiwanie wydajnych markerów metabolomicznych i proteomicznych odporności roślin na FCR jest konieczne dla rozwoju zrównoważonego rolnictwa