

Kukurydza, jedno z najważniejszych agronomicznie zbóż, została udomowiona około 10 tys. lat temu w dolinie rzeki Balsas w środkowym Meksyku. Pomimo swojego tropikalnego pochodzenia obecnie uprawiana jest z powodzeniem niemalże na całym świecie, w tym w warunkach klimatu umiarkowanego Ameryki Północnej czy Europy. Pomimo, że podczas udomowienia kukurydza była poddana efektowi „szyjki butelki”, co doprowadziło do zmniejszenia jej różnorodności genetycznej, zachowała ona jednak znaczną jej część od swojego dzikiego przodka, zwanego potocznie *teosinte*. Właśnie owa różnorodność genetyczna oraz idąca za tym różnorodność fenotypowa umożliwiła zaadaptowanie kukurydzy do obszarów znacznie wykraczających poza teren występowania jej dzikiego przodka.

Adaptacja kukurydzy do wyższych szerokości geograficznych wiązała się z koniecznością dostosowania do zupełnie innych warunków środowiska, niż te panujące w środkowym Meksyku. Jednym z najważniejszych czynników ograniczających wzrost kukurydzy w warunkach klimatu umiarkowanego jest stres niskich temperatur. Początkowo adaptacja następowała poprzez selekcję odmian o skróconym okresie wegetacji, co umożliwiło ich późniejszych wysiew i tym samym ograniczenie kontaktu kiełkujących siewek z niską temperaturą pojawiającą się najczęściej wczesną. Poddanie roślin na wczesnym etapie rozwoju działaniu temperatury poniżej 13°C może mieć bardzo negatywne konsekwencje, ponieważ wiele linii wsobnych nie jest w stanie wytworzyć sprawnie działającego aparatu fotosyntetycznego w takich warunkach i obumiera po wyczepraniu materiałów zapasowych z zniarniaka. Niemniej, wiele nowoczesnych linii wykazuje niemalże niezaburzony wzrost w warunkach stresu niskich temperatur. Mechanizm genetyczny leżący u podstawy tej adaptacji nie jest jednak wyjaśniony.

Celem przedstawanego projektu będzie identyfikacja rejonów w genomie i genów się w nich znajdujących, które odpowiadają za adaptację nowoczesnych odmian wsobnych kukurydzy do warunków chłodnej wiosny. W tym celu, w pierwszym kroku scharakteryzowana zostanie zmienność w odpowiedzi na chłód u 200 linii wsobnych kukurydzy na poziomie morfo-fizjologicznym. Zbiór ten, zawierał będzie trzy grupy linii: tropikalne, starsze linie wsobne, wyprowadzone przed 2000 rokiem oraz nowoczesne linie wyhodowane po 2000 roku. Taki dobór materiału badawczego umożliwi śledzenie wpływu sztucznej selekcji na adaptację do chłodu. Równoległe do pomiarów fenotypowych pobrany zostanie materiał do sekencjonowania RNA ze wszystkich linii w celu identyfikacji genów o zmienionym poziomie ekspresji pomiędzy poszczególnymi grupami oraz warunkami hodowli.

Następnie zostanie przeprowadzony szereg badań asocjacyjnych pomiędzy zmierzonymi cechami morfo-fizjologicznymi, poziomem ekspresji poszczególnych genów w warunkach kontrolnych i stresu chłodu oraz polimorfizmami w genomach badanych linii. Równoległe, z użyciem metod z zakresu genetyki populacyjnej zidentyfikowane zostaną miejsca w genomie poddane działaniu szczególnie intensywnej selekcji. W ostatnim kroku zidentyfikujemy pokrywające się geny, które zostały wykryte w powyższych analizach. Stanowiąc one będą celem dalszych badań z użyciem tradycyjnych metod biologii molekularnej i inżynierii genetycznej w celu dokładnego zrozumienia mechanizmów leżących u podstaw adaptacji kukurydzy do warunków chłodnej wiosny.

Ostatnie badania wskazują, że pierwotne ludy zamieszkujące obszar wyżyn południowo-zachodniej Ameryki Północnej potrzebowały około 2000 lat do zaadaptowania kukurydzy do panujących tam warunków klimatu umiarkowanego. Mając na uwadze aktualny wzrost populacji ludzkiej i prognozowane zmiany klimatu konieczne jest szybkie wyprowadzanie nowych odmian, dobrze zaadaptowanych do zmieniających się warunków środowiska. Wydaje się, że metody inżynierii genetycznej mogą znacznie przyspieszyć produkcję nowych odmian. Wymagają one jednak precyzyjnej wiedzy na temat genów, które mają zostać poddane modyfikacji. Wyniki przedstawanego projektu pogłębią nie tylko wiedzę na temat procesu adaptacji kukurydzy do warunków klimatu umiarkowanego ale także będą stanowiły źródło wiedzy dla hodowców do wyprowadzania nowych odmian z użyciem metod inżynierii genetycznej.