

Miękka zgnilizna roślin uprawnych charakteryzuje się takimi objawami jak wędnięcie i żółknięcie liści oraz mokra zgnilizna łodygi, przez co powoduje olbrzymie straty gospodarcze podczas zbioru urodzaju oraz przechowywania żywności. Schorzenie to u kapusty, ziemniaka, sałaty, czy banana wywołują mikroskopowe pałeczki gatunku *Pectobacterium carotovorum*. Choć mikroorganizmy te były wliczone do spisu dziesięciu najważniejszych szkodników bakteryjnych roślin, podstawowych informacji na temat odpowiedzi roślin na zakażenie danym patogenem jest wciąż niewiele. Dlatego, w niniejszym projekcie postanowiliśmy zbadać genetyczne aspekty procesu odpowiedzi rośliny modelowej rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) na zakażenie *Pectobacterium*.

Ponieważ rośliny są organizmami osiadłymi, mechanizmy przystosowawcze mają zapisane w DNA, co czyni genetykę roślin fascynującą dziedziną badań biologicznych. Rzodkiewnik jest znany ze swojego szerokiego zakresu występowania na świecie, wobec czego roślina doskonale przystosowuje się do różnych warunków środowiskowych, w tym ochrony przed bodźcami chorobotwórczymi, w szczególności bakteriami, grzybami czy wirusami. Krótki jak dla rośliny cykl życiowy (około 6 tygodni), niewielkie wymagania hodowlane, poznana sekwencja genomowa oraz obecność licznych baz danych i narzędzi do pracy sprawiają, że *Arabidopsis* jest idealnym modelem do badania odpowiedzi rośliny na zakażenie patogenem. Jednocześnie, możemy zaobserwować różnorodność tych odpowiedzi roślin pochodzących z różnych grup endemicznych (ekotypów). Właśnie tę cechę zmienności genetycznej rzodkiewnika wewnątrz jednego gatunku chcemy wykorzystać, aby wykryć kluczowe czynniki warunkujące odporność lub wrażliwość roślin.

Kontakt komórki roślinnej z patogenem składa się z rozpoznania cząsteczki patogena, aktywacji stanu zagrożenia oraz uruchomienia mechanizmów ochronnych. Przeprowadziliśmy wstępny eksperyment: zakaziliśmy ekotypy rzodkiewnika *Pectobacterium* i następnie obserwowaliśmy, jak rośliny odpowiadały na infekcję. Dostrzegliśmy, że niektóre ekotypy nie wykazały objawów chorobowych, podczas gdy inne zaczęły rozwijać zgniliznę w miejscu zakażenia. Na potrzeby tego projektu przygotowaliśmy sekwencje genomowe wybranych ekotypów, zarówno odpornych, jak i tych wrażliwych. Planujemy porównać sekwencje genów, kodujących białka zaangażowane w rozpoznanie patogena i zidentyfikować allele, które przyczyniły się do powstawania tych różnic. Następnie, zamierzamy zsekwencjonować RNA badanych roślin, żeby ocenić wkład każdego wariantu w kształtowanie cech fenotypowych. Spodziewamy się, że w wyniku realizacji projektu odkryjemy genetyczne mechanizmy, za pomocą których roślina radzi sobie z chorobą, a w konsekwencji te odkrycia przyczynią się do opracowania nowych strategii co do zwiększenia odporności roślin uprawnych.