

Fosfor (P) jest jednym z podstawowych pierwiastków, kluczowych dla prawidłowego wzrostu i rozwoju roślin. Niedobór P należy do głównych czynników ograniczających produktywność upraw rolniczych. Wyhodowanie odmian roślin uprawnych, które będą zadawałająco plonować w warunkach niedoboru P jest niezbędne dla zapewnienia bezpieczeństwa żywnościowego szybko rosnącej populacji ludzkiej. Zmiany powodowane przez niedobór P w roślinie występują na różnych, molekularnych i morfologicznych poziomach i istnieją różne mechanizmy odpowiedzi rośliny na niedobór P – uniwersalne i unikalne dla poszczególnych gatunków.

Żyto (*Secale cereale* L.) jest popularnym zbożem, ważnym dla polskiego rolnictwa. Odznacza się ono dużo wyższą tolerancją stresów pokarmowych, w tym niedoboru P, niż blisko z nim spokrewnione pszenica i jęczmień. Można założyć, że żyto wykształciło unikalne i wyjątkowo efektywne mechanizmy adaptacji do niedoboru P, które można by wykorzystać w hodowli innych gatunków zbóż. Niestety, wiedza o molekularnych mechanizmach odpowiedzi żyta na niedobór P jest bardzo ograniczona.

Celem projektu jest precyzyjne scharakteryzowanie różnych aspektów odpowiedzi żyta na niedobór P, a w szczególności zidentyfikowanie kluczowych komponentów (genów) zaangażowanych w molekularną regulację tego procesu. Zamierzamy (i) uzyskać precyzyjną informację na temat wzorów przestrzennoczasowych odpowiedzi żyta na niedobór P poprzez analizę zmian poziomu ekspresji wybranych genów trakcie trwania stresu niedoboru P w różnych organach i tkankach, (ii) dokonać obserwacji cech anatomicznych i architektonicznych korzeni, aby zrozumieć, jak system korzeniowy reaguje na niedobór P i wskazać cechy systemu korzeniowego różniące linie wsobne żyta o odmiennej reakcji na niedobór P, (iii) poznać regulacyjną rolę miRNA i lncRNA w odpowiedzi żyta na niedobór P, wykorzystując sekwencjonowanie nowej generacji, (iv) określić funkcję wybranych genów przypuszczalnie związanych z odpowiedzią na niedobór P, stosując różne metody eksperymentalne, między innymi metody określające lokalizację (w tkankach, komórkach) produktów ekspresji tych genów (transkryptów, białek), oraz (v) odkryć jaki jest wpływ ryzobakterii promujących wzrost roślin (PGPR) na linie wsobne żyta różniące się odpowiedzią na niedobór fosforu, oraz na poziom ekspresji wybranych genów związanych z tym procesem.

Wszystkie aspekty odpowiedzi na niedobór fosforu, którymi zamierzamy się zająć, nie były dotychczas badane u żyta. Spodziewamy się zatem, że proponowane analizy będą przełomowe dla zrozumienia molekularnych mechanizmów odpowiedzi żyta na niedobór P i dostarczą informacji wystarczających do wskazania specyficznych sieci regulacyjnych. Oczekujemy, że w związku z kompleksowym charakterem proponowanych badań poszerzą one znacznie wiedzę o mechanizmach odpowiedzi na stres u roślin i w dalszej perspektywie przyczynią się do wyhodowania odmian roślin uprawnych dobrze przystosowanych do wzrostu w warunkach niedoboru P.