

Współczesne rolnictwo coraz częściej opiera się na odmianach roślin, które są łatwiejsze w uprawie, zbiorze i lepiej przystosowane do zmieniających się warunków klimatycznych. Ogórek jest rośliną szeroko uprawianą na świecie, a w Polsce ma szczególne znaczenie gospodarcze i kulturowe. Krzaczastość roślin ogórka jest wysoce cenioną cechą w uprawie. Kierunkiem hodowlanym dla ogórka jest uzyskanie właśnie roślin o zwartym, krzaczastym pokroju, co pozwalałoby na łatwiejszy zbiór mechaniczny, jednak większość odmian ogórka ma naturalny, pnący wzrost utrudniający uprawę polową. Interesującą linią ogórka wyhodowaną w Polsce jest **W-19**, która charakteryzuje się zwartym, krzaczastym pokrojem i stanowi obiecujący materiał do hodowli nowych odmian. Za te cechy odpowiada pojedynczy recesywny gen **bushy (bu)**, dla którego podłoże molekularne nie jest znane.

Celem projektu jest identyfikacja genu **bu** oraz zrozumienie, w jaki sposób wpływa on na architekturę rośliny na poziomie genetycznym i molekularnym. W tym celu zostanie zastosowana metoda **BSA-seq** (Bulked Segregant Analysis z sekwencjonowaniem), która pozwoli wskazać region genomu odpowiedzialny za badaną cechę. Porównując DNA z populacji mapującej pochodzącej z krzyżowania linii W-19 i B10 (typowy ogórek), zostaną zidentyfikowane różnice związane z krzaczastością.

Po wskazaniu regionu kandydującego zostaną przeprowadzone dalsze analizy genetyczne i komputerowe w celu zawężenia obszaru do konkretnego genu. Obejmą one porównanie sekwencji genu pomiędzy roślinami krzaczastymi a dzikimi, adnotację genów z wykorzystaniem publicznych baz danych oraz przewidywanie struktury i funkcji białek przy użyciu narzędzi takich jak **InterProScan**, **Pfam** oraz sztucznej inteligencji – **AlphaFold3**. Modelowanie strukturalne pomoże określić, w jaki sposób mutacja wpływa na funkcję lub właściwości białka. Aby zbadać, jak aktywny jest ten gen w różnych częściach rośliny, przeprowadzona zostanie analiza ekspresji z wykorzystaniem **RT-qPCR** w takich tkankach jak: wierzchołki pędów, łodygi, korzenie i wąsy czepne. Dodatkowo wykonane zostaną analizy komputerowe, m.in. analiza promotora w celu określenia w jaki sposób gen jest aktywowany oraz analiza filogenetyczna pozwalająca na śledzenie zmian w trakcie ewolucji.

W szerszym kontekście, projekt ma wspierać także rozwój hodowli ogórka, aby mogły powstać odmiany lepiej przystosowane do **zbioru mechanicznego**, co jest konieczne w obliczu rosnących kosztów pracy i zmian klimatu. Zidentyfikowanie genu **bu** umożliwi także opracowanie **markerów molekularnych** przydatnych w hodowli wspomaganej markerowo (MAS), przyspieszając tworzenie nowych odmian o zwartym pokroju.

Poza zastosowaniami hodowlanymi, projekt ten przyczyni się do pogłębienia podstawowej wiedzy na temat wzrostu roślin dyniowatych (takich jak melon, dynia czy cukinia), w których genetyczne podstawy regulacji wzrostu są wciąż słabo poznana.