

Zmiany klimatyczne nasilają susze, które znacząco zagrażają produktywności rolnictwa i przetrwaniu roślin. Jedną z obiecujących strategii zwiększania odporności roślin na suszę jest poliploidyzacja - proces polegający na zwiększeniu liczby chromosomów w roślinie. Duplikacja genomu często prowadzi do większych rozmiarów komórek, zmienionego metabolizmu i lepszej tolerancji na stres, ale jej mechanizmy i skutki pozostają w dużej mierze niezbadane u wielu gatunków roślin uprawnych.

Projekt ten koncentruje się na czarnej porzeczce (*Ribes nigrum*), ekonomicznie ważnej roślinie jagodowej, wrażliwej na niedobór wody podczas kwitnienia i owocowania roślin. Nasze wcześniejsze badania wykazały, że podwojenie chromosomów u tego gatunku prowadzi do różnic fenotypowych, w tym między innymi powiększenia organów, silniejszych i grubszych łodyg, zwiększonej grubości liści, zmniejszonej gęstości aparatów szparkowych i zwiększonych parametrów fotosyntetycznych. Pomimo korzyści płynących z poliploidyzacji, jej wpływ na odporność czarnej porzeczki na suszę pozostaje niejasny, co wymaga kompleksowych badań.

Celem projektu jest zbadanie, w jaki sposób indukowana poliploidyzacja może poprawić zdolność porzeczki czarnej do radzenia sobie ze stresem suszy. Rośliny diploidalne i tetraploidalne będą porównywane za pomocą analiz anatomicznych, fizjologicznych, biochemicznych i molekularnych w kontrolowanych warunkach suszy. Badania anatomiczne będą koncentrować się na zmianach w rozmiarze komórek, wielkości i gęstości aparatów szparkowych, strukturze tkanek liści oraz ultrastrukturze chloroplastów. Z kolei pomiary fizjologiczne pozwolą ocenić efektywność wykorzystania wody, przewodnictwo szparkowe i tempo fotosyntezy. Analizy biochemiczne skupią się na akumulacji osmolitów, aktywności antyoksydacyjnej i poziomach hormonów, uzupełnionych na poziomie molekularnym badaniem ekspresji genów związanych z mechanizmem odporności na stresy abiotyczne.

Badania te pogłębią nasze zrozumienie mechanizmów adaptacji roślin poprzez identyfikację zmian strukturalnych i funkcjonalnych związanych z poliploidyzacją i zapewnią podstawę do przyszłych badań z wykorzystaniem zaawansowanych podejść omicznych (np. RNA-seq, ATAC-seq i profilowanie metabolitów) w celu zbadania regulacji genów, dynamiki chromatyny i adaptacji metabolicznej u poliploidalnych gatunków wieloletnich. Co więcej, odkrycia te mogą przyczynić się do rozwoju bardziej odpornych na suszę odmian czarnej porzeczki i wspierać zrównoważoną produkcję owoców w obliczu zmian klimatycznych.