

Len to cenna roślina przemysłowa uprawiana w naszej strefie klimatycznej i jedna z nielicznych roślin uprawnych, które dają dwa rodzaje produktów – włókno i olej. Nawet produkty odpadowe z lnu zawierają wiele cennych składników. Uprawę lnu ograniczają jednak czynniki stresowe, a największe straty w uprawie lnu na świecie są spowodowane infekcjami grzybiczymi. Fuzarioza jest jedną z najgroźniejszych chorób grzybowych porażających rośliny lnu. W Polsce jest to najczęściej spotykana choroba tego gatunku. Straty w plonach zainfekowanych roślin są bardzo znaczące i sięgają nawet 50% ich potencjału. Stopień porażenia roślin lnu przez grzyby chorobotwórcze jest uzależniony głównie od odporności uwarunkowanej genetycznie oraz od warunków pogodowych. Sprzyjająca rozwojowi patogenów aura może znacznie nasilać rozprzestrzenianie się choroby na plantacjach. Badania nad poznaniem genetycznych mechanizmów odporności roślin lnu na działanie grzybów z rodzaju *Fusarium* prowadzone są od wielu lat. Wyniki nie są wykorzystywane jednak w wystarczający sposób w krajowych programach hodowli odmian lnu uprawnego.. W aspekcie odporności roślin na Fuzariozę wykorzystuje się niemal wyłącznie krzyżowanie odpornych genotypów, których odporność na *Fusarium* jest obserwowana na podstawie cech fenotypowych. Takie postępowanie przynosi korzystne efekty, jednakowoż obciążone jest istotnym ograniczeniem polegającym na niemożliwości wykorzystywania cennych niekiedy z rolniczego punktu widzenia genotypów, wykazujących wysoką podatność na Fuzariozę. Rozwiązaniem może być określenie odporności roślin lnu na poziomie genetycznym. Planowane badania stanowią połączenie, uzupełniających się wzajemnie specjalizacji, mianowicie fitopatologii, hodowli roślin, genetyki molekularnej oraz metabolomiki. Głównym celem badań jest poznanie genetycznych mechanizmów odporności roślin lnu na Fuzariozę. W badaniach wykorzystane zostaną wyniki wieloletniej oceny polowej odporności genotypów lnu przeprowadzanej na specjalnym polu prowokacyjnym. Jest to pole, na którym do gleby wprowadzono sześć gatunków grzybów patogenicznych z rodzaju *fusarium*, najczęściej występujących na lnie i powodujących objawy fuzaryjnego wędnięcia roślin. Opracowana metoda oceny odporności pozwala na określenie stopnia ich odporności (według skali pięciostopniowej). Wyniki te są bardzo przydatne w procesie przedhodowlanym, pozwalając wyeliminować genotypy bardzo podatne. Na tak dobranym materiale genetycznym zostaną wykonane analizy DNA w celu odnalezienia polimorfizmów (różnic w sekwencji) DNA pozwalających na odróżnienie typów podanych od odpornych i przyspieszyć proces tworzenia nowych odmian. Badania asocjacyjne całego genomu pozwoliło na identyfikację w wielu sekwencji dla złożonych cech. W metodzie tej brakuje jednak zwykle informacji na temat biologicznych podstaw danej cechy. Dlatego w celowej uprawie roślin coraz większym zainteresowaniem cieszy się metoda mGWAS wiążąca polimorfizm DNA z profilem metabolicznym roślin. Bezpośrednie z analizy mGWAS to dostajemy powiązania między mutacjami w kontentach lokalizacjach na chromosomach oraz zawartością metabolitów. W dalszych krokach pożądana jest identyfikacja genów powiązanych z markerami. W wyniku projektu spodziewamy się opracować markery molekularne powiązane z odpornością lnu na patogen oraz zawartością metabolitów. Dane te zostaną wykorzystane do pilotażowego wytworzenia nowych wariantów lnu o pożądanых cechach. Opracowane markery zostaną udostępnione hodowcom do dalszego wykorzystania. Zdobyta wiedza na temat podstawowa na temat genów i szlaków metabolicznych w lnie pozwoli nam lepiej rozumieć interakcje lnu z patogenami. Dużą przewagą obecnego projektu jest to że len do analiz będzie uprawiany w warunkach polowych w obecności mieszaniny patogenów. Dotychczasowe analizy były wykonywane w warunkach szklarniowych zwykle tylko na jeden wyselekcjonowany patogen co dalekie jest od sytuacji występującej w naturze. Dodatkowo w doświadczeniach wazonowych, w warunkach kontrolowanych (wilgotność, wprowadzenie do ziemi jednego gatunku grzyba patogenicznego) określimy jednak oporność na poszczególne patogeny w celu ustalenia czy możliwe jest powiązanie markerów molekularnych czy metabolicznych z poszczególnymi patogenami. Wiedza ta może być użyteczna w przyszłości gdyż zmieniające się warunki klimatyczne powodują zmiany w mikroflorze glebowej i profilu patogenów. Uzyskana w wyniku projektu wiedza może zatem w przyszłości zostać wykorzystana do tworzenia odmian roślin odpornych na stresy środowiskowe co jest szczególnie istotne w obliczu zmieniającego się klimatu.

W realizacji projektu wykorzystane zostaną najnowsze metody analizy DNA jak sekwencjonowanie nowej generacji oraz analizy metabolitów metodami chromatografii gazowej i cieczowej połączonej ze spektrometrią mas oraz najnowsze metody bioinformatycznej analizy danych.