

*Plasmodiophora brassicae* jest obligatoryjnym patogenem roślin kapustnych powodującym każdego olbrzymie straty w uprawach pomimo wyłożonej pracy hodowców nad odmianami odpornymi. Poznanie mechanizmu wczesnego wykrycia patogena przez roślinę oraz tego w jaki sposób patogen jest w stanie uniemożliwić uruchomienie mechanizmów obronnych rośliny jest bardzo ważne zarówno z punktu widzenia poznawczego jak i aplikacyjnego. Celem niniejszego projektu jest zrozumienie udziału mediowanego przez chitynę mechanizmu przekazu sygnału w reakcjach obronnych roślin w trakcie infekcji przez *P. brassicae*. Ze względu na to, że w obecności bogatych w chitynę (25%) zarodników *P. brassicae* rośliny modelowe *Arabidopsis thaliana* wykazują zmiany ekspresji genów odpowiedzialnych za indukowane przez chitynę reakcje obronne sformułowaliśmy hipotezę, że mechanizm oparty o detekcję cząsteczek chityny jest istotnym elementem modulującym wirulencję patogena.

Ze względu na to, że ściany komórkowe grzybów, owadów i skorupiaków składają się głównie z chityny łańcuchy N-acetylo-glukozaminy są jednymi z najbardziej rozpowszechnionych polimerów biologicznych na świecie. Obecność chityny jako składnika strukturalnego pasożytów oraz owadów atakujących rośliny jest często wykorzystywana przez rośliny do wczesnego wykrycia potencjalnego intruza i uruchomienia kaskady sygnałów prowadzących do reakcji obronnych. Receptory oraz inne czynniki biorące udział w rozpoznaniu oligomerów chityny oraz uruchomieniu reakcji obronnych zostały zidentyfikowane i opisane u roślin rzodkiewnika, ryżu oraz pszenicy. Patogeny wytworzyły szereg mechanizmów pozwalających na obejście systemów detekcji oraz przełamanie obronnych mechanizmów rośliny. Jednym z wykorzystywanych sposobów jest sekrecja białek, które mogą działać na zewnątrz lub wewnątrz komórki modyfikując odpowiedzi zaatakowanej rośliny na korzyść patogena. Wyniki badań nad infekcją roślin ryżu przez grzyba *Magnaporthe oryzae*, pszenicy przez *Mycosphaerella graminicola* oraz pomidora przez *Cladosporium fulvum* potwierdzają istotną rolę efektorów wiążących chitynę zarówno w unikaniu wykrycia jak też i osłabieniu roślinnych mechanizmów reakcji obronnych.

Białkami roślinnymi zaangażowanymi we wczesne etapy odpowiedzi obronnej są chitynazy. Mają one zdolność hydrolizy chityny co pozwala na trawienie ścian komórkowych patogenów a uwolnione w ten sposób oligomery chityny amplifikują sygnał obecności patogena ułatwiając możliwość jego detekcji. Efektory grzybowe posiadające domenę LysM mogą się wiązać do chityny hamując w ten sposób jej wykrycie przez odpowiednie receptory rośliny oraz zapobiegając hydrolizie chityny uniemożliwiając w ten sposób przekaz sygnału związanego z obroną przed patogenem. Istnieją również doniesienia wskazujące na korelację pomiędzy aktywnością chitynolityczną a wrażliwością poszczególnych odmian kapusty pekińskiej na *P. brassicae*. Badania dotyczące udziału chitynaz rośliny-gospodarza w reakcjach obronnych na *P. brassicae* będą zatem doskonałym dopełnieniem eksperymentów dotyczących odpowiedzi obronnych indukowanych przez chitynę. Genom *P. brassicae* został zsekwencjonowany i publicznie udostępniony w tym roku. Chociaż w uzyskanych sekwencjach nie stwierdzono obecności białek posiadających domenę LysM to stwierdzono obecność białek posiadających motywy wiązania chityny CBM18. Niektóre z białek z tym motywem to deacetylazy chityny – enzymy, które przekształcają chitynę w mniej aktywny z punktu widzenia uruchamiania reakcji obronnych rośliny chitosan. Funkcja pozostałych znalezionych białek z motywem CBM18 nie jest znana dlatego w tym projekcie zamierzamy sprawdzić ich potencjalny udział w modulacji odpowiedzi rośliny na infekcję *P. brassicae*.

Głównym celem tego projektu jest zrozumienie udziału chityny w oddziaływaniu pomiędzy rośliną *Arabidopsis thaliana* a patogenicznym pierwotniakiem *P. brassicae*. Zwalczenie *P. brassicae* jest uciążliwe i mało skuteczne. Poprawa aktualnego stanu wiedzy odnośnie biologii patogena oraz postępu choroby pozwoli na lepsze zrozumienie zagadnienia. W niniejszym projekcie zamierzamy wykorzystać narzędzia biologii molekularnej oraz dostępne źródła genomowe do zrozumienia mechanizmów oddziaływania patogen-roślina. Poznanie wczesnych mechanizmów detekcji patogena pozwoli na poprawę jakości roślin oraz zmniejszy utraty plonu. W projekcie wykorzystamy linie niosące mutacje w roślinnych czynnikach zaangażowanych w percepcję chityny lub biosyntezę chitynaz i chitosanazy co pozwoli nam na kompleksowe zrozumienie udziału chityny w reakcji roślina-patogen. Ze względu na to, że w Instytucie dysponujemy różnymi ekotypami *A. thaliana*, gatunkami roślin uprawnych (rzepak - *B. napus*) oraz różnymi patotypami *P. brassicae* możemy zbadać czy mechanizm detekcji patogena jest konserwowany. Jednym z elementów badań będzie zbadanie funkcji białek wydzielanych przez *P. brassicae*. Ten aspekt niewątpliwie zwiększa wartość badań, pozwala na kompleksowe poznanie badanego zjawiska i zwiększa jego wartość aplikacyjną.