

RENATA SŁOMNICKA
HELENA OLCZAK-WOLTMAN
GRZEGORZ BARTOSZEWSKI

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin
e-mail: grzegorz_bartoszewski@sggw.pl

Porównanie profili transkrypcyjnych dwóch linii ogórka (*Cucumis sativus* L.) różniących się podatnością na bakteryjną kanciastą plamistość we wczesnych stadiach tej choroby *

Bakteryjna kanciasta plamistość jest jedną z kilku chorób występujących w uprawie gruntowej ogórka przyczyniającą się do strat plonów. Sprawcą tej choroby jest *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*. Celem badań było wykonanie profilowania transkryptomocznego dla dwóch linii ogórka różniących się podatnością na bakteryjną kanciastą plamistość i identyfikacja genów ulegających zróżnicowanej ekspresji we wczesnych stadiach rozwojowych tej choroby. Jako materiał roślinny wykorzystano dwie wysoce wsobne (>S12) linie ogórka, linię Gy14 charakteryzującą się częściową odpornością na kanciastą plamistość i wrażliwą linię B10. Do inokulacji roślin wykorzystano wirulentny szczep 814/98 *P. syringae* pv. *lachrymans* sklasyfikowany do grupy filogenetycznej 3 (Słomnicka i in., 2018). Rośliny rosnące w warunkach fitotronowych inokulowano stosując metodykę opisaną przez Olczak-Woltman i in. (2008). Gęstość inokulum wynosiła 1×10^7 CFU/ml. Tkanekę do analiz transkryptomocnych pobierano w trzech punktach czasowych, przed- oraz jeden i trzy dni po inokulacji (0, 1 i 3 dpi). Następnie z prób zbiorczych tkanki wyizolowano RNA i wykonano sekwencjonowanie RNA-seq z wykorzystaniem platformy Illumina HiSeq (Genomed, Warszawa). Analiza profili transkryptomocnych pokazała, że u częściowo odpornej linii Gy14 znacznie więcej genów ulega zmienionej ekspresji w pierwszym dniu po inokulacji (1 dpi) w porównaniu z linią wrażliwą B10. U linii Gy14 zidentyfikowano 2757 genów ulegających zmienionej ekspresji 1 dpi, spośród których 1430 genów ulegało podwyższonej, zaś 1327 genów obniżonej ekspresji. U wrażliwej linii B10 w punkcie

* Badania zrealizowano w ramach programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej (zadanie 100 realizowane w latach 2015-2018) dotowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

czasowym 1 dpi jedynie 1648 genów ulegało zmienionej ekspresji, w tym 885 genów ulegało podwyższonej, zaś 763 obniżonej ekspresji. Wśród genów różnicujących badane linie 1 dpi były geny kodujące białka uczestniczące w biosyntezie i metabolizmie kwasu jasmonowego (JA), kwasu salicylowego (SA), kwasu abscysynowego (ABA) i etylenu. Zidentyfikowano także geny kodujące białka związane z patogenezą (PR), degradacją chlorofilu, programowaną śmiercią komórki i transportem cukrów. Zróżnicowaną ekspresję genów potwierdzono metodą RT-qPCR dla ponad 30 wytypowanych genów. Nie obserwowano znaczących różnic w liczbie genów ulegających zmienionej ekspresji pomiędzy badanymi liniami 3 dni po inokulacji — u linii Gy14 3143 geny ulegały zmienionej ekspresji zaś u linii B10 2992 geny. Uzyskane wyniki świadczą o dynamicznej transkryptomicznej odpowiedzi linii odpornej we wczesnym stadium rozwoju kanciastej plamistości i dostarczają nowej wiedzy na temat molekularnego podłoża przebiegu tej choroby u ogórka.