

Nasilają się obecnie globalne przemiany klimatyczne pociągające za sobą zmiany warunków życia roślin. Może to doprowadzić do uruchomienia presji selekcyjnych i mechanizmów ewolucyjnych, w wyniku których niektórym gatunkom uda się przystosować do nowych warunków, podczas gdy inne mogą wyginąć. Jednocześnie zmiany klimatu mogą prowadzić do powstawania nowych gatunków, które zastąpią dotychczasowe. W perspektywie, zjawiska te mogą doprowadzić do zmian w tzw. usługach ekosystemowych (wkład naturalnych ekosystemów w szeroko pojęty dobrobyt ludzkości), co jest obecnie przedmiotem licznych rozważań i dyskusji naukowych. Przykładowo, przemiany ilościowe i jakościowe w populacjach roślin lądowych mogą wpłynąć na skład mikroflory glebowej, co doprowadzi do zmian w żyzności gleby. Z kolei zmiany w architekturze korzeni oraz wzrost roślin mogą się przekładać na modyfikację stosunków wodnych i mineralnych w glebie, prowadząc do jej nadmiernej erozji lub eutrofizacji, a także zmieniając warunki biologiczne w pobliskich rzekach. Wszystko to może oddziaływać także na świat zwierzęcy, jak również na szeroko rozumianą gospodarkę człowieka.

W związku z powyższym, obserwacja potencjalnych zmian w populacjach roślin jest obecnie częścią monitoringu środowiska, mającego na celu przynajmniej dostrzeżenie, a jeszcze lepiej zapobieganie zachodzącym w środowisku niekorzystnym procesom. Pomimo tego istnieje wiele badań, jednak niewiele z nich skupia się na analizie zmian na poziomie genetycznym, czyli w sekwencji DNA. Takie podejście pomija jednak kilka istotnych mechanizmów, kontrolujących zarówno rozwój, jak i inne aspekty funkcjonowania roślin, zwanych ogólnie mechanizmami epigenetycznymi. Zalicza się do nich bezpośrednie modyfikacje chemiczne DNA na drodze metylacji niektórych zasad azotowych, jak również różnorodne modyfikacje chemiczne białek histonowych, na które nawinięta jest nić DNA, tworząc w ten sposób złożony kompleks zwany chromatyną. Modyfikacje te wywierają istotny wpływ na strukturę chromatyny i oddziaływania pomiędzy tworzącymi ją DNA i białkami, a co za tym idzie mają istotny wpływ na aktywność genów. Co istotne, zmiany na poziomie epigenetycznym nie są wykrywane w trakcie standardowych analiz sekwencji DNA. **Celem niniejszego projektu jest zbadanie zarówno zmian na poziomie genetycznym, jak i epigenetycznym i powiązanie ich ze źródłami selekcyjnymi, mającymi miejsce w źródłach naturalnych.** Powinno to pozwolić odpowiedzieć na istotne pytanie: czy zmiany klimatyczne mają wpływ na bioróżnorodność populacji roślinnych?

Opisywane badania zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem *Brachypodium distachyon* (*Brachypodium*) – niepozornego przedstawiciela rodziny traw, który od niedawna wykorzystywany jest przez miłośników społeczno naukowego charakteru w modelu organizmu modelowego. W trakcie pierwszego etapu badań, zebrane i ustanowione zostaną nowe kolekcje roślin *Brachypodium*. Obejmą one 300 linii pochodzących z sześciu źródeł naturalnych pod względem klimatycznym obszarów Turcji – kraju, na terenie którego znajduje się centrum różnorodności *Brachypodium*. Utworzenie całkowicie nowej kolekcji *Brachypodium* jest kluczowe dlatego, że inne kolekcje tej rośliny poddane zostały licznym wielopokoleniowym selekcjom w warunkach odmiennych niż w naturalnych środowiskach, z których rośliny te pochodzą. Mogło to spowodować utratę części zawartej w tych roślinach pierwotnej informacji epigenetycznej. Każda roślina z nowo utworzonej kolekcji zostanie szczegółowo scharakteryzowana i opisana pod względem fenotypowym (wybranych parametrów morfologicznych i fizjologicznych) w Narodowym Centrum Fenomiki Roślin (NPPC) w Aberystwyth w Wielkiej Brytanii.

Badania zmienności na poziomie genetycznym zostaną wykonane w oparciu o nowoczesne metody genotypowania przez sekwencjonowanie, która pozwala na wykrycie bardzo subtelnych, dotyczących różnic na poziomie pojedynczych nukleotydów, zmian w sekwencji DNA. Specjalna modyfikacja techniki sekwencjonowania zostanie wykorzystana do wykrycia wzorów metylacji w DNA każdej z linii *Brachypodium*. Uzyskane w ten sposób dane odnośnie zmienności genetycznej i epigenetycznej zostaną następnie skorelowane z pochodzeniem geograficznym danej rośliny a także z jej charakterystyką na poziomie fenotypowym (kształtem i fizjologią), co pozwoli uzyskać odpowiedź na pytanie, w jakim stopniu zmienność na poziomie genomu i epigenomu jest zależna od powyższych czynników.

Cennym uzupełnieniem opisanych wyżej badań będzie analiza na poziomie cytomolekularnym. Skoncentrujemy się na tym, w jaki sposób zmiany natury epigenetycznej wpływają na strukturę chromatyny do tego stopnia, że niektóre z nich mogą być analizowane także na poziomie mikroskopowym. Dotyczy to przede wszystkim badań roślin poddanych eksperymentalnemu działaniu stresów środowiskowych takich jak stres zasolenia czy stres suszy. Przyjęte w projekcie interdyscyplinarne podejście badawcze powinno pozwolić na wykazanie znaczenia szczegółowych badań epigenomu w poszukiwaniu odpowiedzi na pytanie, czy populacje roślinne podlegają zmienionym presjom selekcyjnym wywołanym przemianami klimatycznymi.