

## Popularnonaukowe streszczenie projektu

Fosfor jest pierwiastkiem o dużym znaczeniu biologicznym, niezbędnym do prawidłowego rozwoju oraz funkcjonowania organizmów żywych, w tym roślin. U roślin jest on pobierany przez komórki w strefie włośnikowej korzenia i transportowany w obrębie tkanek. Rośliny posiadają naturalną zdolność regulacji odpowiedniego poziomu fosforu za pośrednictwem szlaków molekularnych związanych z pobraniem pierwiastka z podłoża, akumulacji oraz redystrybucji. Fosfor należy do pierwiastków, którego globalne zasoby są ograniczone i nie są odnawialne. Szacuje się, że łączne rezerwy fosforu zostaną wyczerpane za około 350 lat, jednak przy większym wykorzystaniu czas ten ulegnie znacznemu skróceniu. W dzisiejszych czasach jednym z głównych problemów cywilizacyjnych są możliwości dostosowania produkcji żywności do rosnącej liczebności populacji ludzi na świecie. Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest jednym z pierwszych przedstawicieli roślin zbożowych, które zostały udomowione i zagospodarowane do celów spożywczych. Obecnie jęczmień zajmuje 4 miejsce pod względem wykorzystania do produkcji żywności na świecie. To co wyróżnia jęczmień od innych roślin, to wysokie zdolności tolerancyjne do niekorzystnych warunków klimatycznych takich jak: wysoka temperatura, zasolenie czy susza. Rośliny w toku ewolucji wykształciły szereg strategii przystosowawczych, które pomagają zmniejszyć niekorzystny wpływ niedoboru fosforu w podłożu. W strategii te zaangażowany jest zespół genów, których aktywność prowadzi do znacznych zmian morfologicznych oraz biochemicznych, takich jak: rozwój korzeni bocznych oraz włośników, wzmożona synteza oraz aktywność białek transportujących fosforany, wydzielanie fosfatazy do podłoża, czy związków organicznych i fitohormonów odpowiadających za symbiozę z mikroorganizmami glebowymi. Gen *PHR1* (*PHOSPHATE STARVATION RESPONSE1*) posiadający domenę białkową MYB został w ostatnich latach zidentyfikowany u roślin wyższych jako homolog dobrze poznanego genu *PSR1* (*PHOSPHATE STARVATION RESPONSE1*) obecnego w algach (*Chlamydomonas reinhardtii*). Czynniki transkrypcyjne *PHR1* reguluje aktywność wspomnianych genów w stresowych warunkach niedoboru fosforanów. Hipotetycznie bierze się pod uwagę udział jeszcze innych białek podobnych do *PHR*, które wspólnie regulują aktywność genów utrzymujących gospodarkę fosforanową w roślinach.

Celem projektu jest eksperymentalna weryfikacja hipotezy, że białka homologiczne do czynnika transkrypcyjnego *PSR1* regulują ekspresję genów zaangażowanych w odpowiedź na niedobór fosforanów w jęczmieniu. W projekcie przy zastosowaniu nowoczesnych technik biologii molekularnej planuje się zidentyfikować nowe czynniki transkrypcyjne rozpoznające specyficzne sekwencje nukleotydowe (tzw. motywy P1BS) obecne w promotorach genów odpowiedzi na niedobór fosforanów. Do tej pory dla roślin zbożowych nie scharakteryzowano dokładnie funkcji czynników transkrypcyjnych *PHR1*. Poznanie nowych białek może mieć istotne znaczenie w trakcie ujawniania mechanizmów warunkujących tolerancję na niedobór fosforanów w roślinach. Zostaną również przeprowadzone eksperymenty pozwalające na zidentyfikowanie miejsc wiązania się czynników transkrypcyjnych w promotorach genów, w globalnym podejściu immunoprecypitacji chromatyny połączonej z głębokim sekwencjonowaniem. Na tej podstawie otrzymamy informacje, które umożliwią identyfikację konkretnych genów regulowanych poprzez czynniki transkrypcyjne *PHR1*, a także wspólnych elementów regulatorowych dla otrzymanych sekwencji. Ponadto przy zastosowaniu narzędzi bioinformatycznych określono lokalizację wysp CpG (podlegających metylacji) w sąsiedztwie motywów P1BS. Stosując odczynnik wodorosiarczanowy oraz rutynowe sekwencjonowanie, będziemy w stanie określić stopień metylacji elementów regulatorowych wybranych genów odpowiedzi na niedobór fosforanów.

Podsumowując, w dalszym ciągu niewiele wiadomo na temat roli genu *PHR1* w regulacji odpowiedzi roślin na niedobór fosforanów w roślinach. Ze względu na ograniczone naturalne zasoby fosforanów na świecie, rezultaty uzyskane w tym projekcie mogą się w znacznym stopniu przyczynić do zrozumienia procesów odpowiedzialnych za lepsze przystosowanie roślin oraz do ograniczenia zużycia nawozów bogatych w fosfor.