

C.1. POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Głównym celem projektu jest poznanie nowej funkcji genu *HvSNAC1* (*Stress responsive NAC 1*) w regulacji akwaporyn u jęczmienia podczas trwania stresu abiotycznego. Obecnie wielki wysiłek został włożony w identyfikację genów zaangażowanych w odpowiedź roślin na stesy abiotyczne. Zidentyfikowano m.in. gen *SNAC1* u ryżu, który bardzo szybko stał się przedmiotem dużego zainteresowania, gdyż uzyskano podwyższoną tolerancję na stres suszy i zasolenia, tworząc linie z jego nadekspresją u różnych gatunków roślin. Planujemy przeprowadzić badanie przyłączania natywnej formy HvSNAC1, a także dwóch zmienionych form kodowanych przez allele niosące mutacje w domenie NAC, do sekwencji *cis*-regulatorowych obecnych w promotorach genów kodujących akwaporyny z wykorzystaniem jednohybrydowego systemu drożdżowego. Następnie planujemy przeprowadzić traktowania różnymi stresami abiotycznymi i jasmonianem metylu (MeJA) siewek jęczmienia, aby przeprowadzić analizy transkryptomowe prowadzące do określenia profili ekspresji genu *HvSNAC1* i genów kodujących wybrane akwaporyny. Informacje, które zostaną uzyskane w wyniku tego projektu mają szansę pokazać nową funkcję HvSNAC1 w regulacji akwaporyn, prowadzącą do zamykania aparatów szparkowych podczas stresu suszy. Aparaty szparkowe kontrolują pobór CO₂ i optymalizują wykorzystanie wody, dlatego odgrywają ważną rolę w tolerancji na stres abiotyczny. Odkrycie nowej ścieżki, w której HvSNAC1 reguluje geny kodujące akwaporyny u jęczmienia może stworzyć nowe perspektywy w badaniach mających na celu w dłuższej perspektywie poprawę tolerancji na stres zbóż, w tym jęczmienia.