

Stres wysokiej temperatury jest jednym z głównych abiotycznych stresów, który może wywołać poważne uszkodzenia roślin. Stresowi temu bardzo często towarzyszy susza, co powoduje, iż te dwa abiotyczne stresy są głównymi czynnikami ograniczającymi produkcję żywności na świecie. Przewiduje się, że zaobserwowane globalne ocieplenie będzie miało negatywny wpływ na wzrost roślin, ich rozwój i plonowanie, czego przyczyną będzie zwłaszcza destrukcyjny wpływ wysokiej temperatury. Rośliny rozwinęły wyjątkowe zdolności, aby sprostać wielu czynnikom środowiskowym. Jednym z takich mechanizmów radzenia przez rośliny ze zmianami środowiska jest zaangażowanie niewielkich cząsteczek RNA zwanych mikroRNA, które pełnią regulatorową rolę w odpowiedzi na stres oraz w rozwoju roślin.

Jęczmień oraz mechanizmy, które ta roślina uprawna wypracowała, aby sprostać warunkom stresu wysokiej temperatury są obszarami naszych badawczych zainteresowań. Jęczmień zajmuje wśród zbóż czwartą pozycję na świecie pod względem produkcji ziarna, co świadczy o ekonomicznym znaczeniu tej jednoliściennej rośliny uprawnej. Mimo to, niewiele wiadomo na temat mechanizmów odpowiedzi na stres wysokiej temperatury u tego zboża. Nasze badania wstępne wykazały, że poziom czterech mikroRNA ulega podwyższeniu w stresie wysokiej temperatury. Co istotne, temu wzrostowi towarzyszy spadek poziomu ekspresji genów, będących celem dla tych mikroRNA. Celem naszego projektu jest globalna identyfikacja małych cząsteczek RNA biorących udział w odpowiedzi na stres wysokiej temperatury w jęczmieniu i zrozumienie roli, jaką pełnią one w odpowiedzi na ten czynnik stresowy. Aby uzyskać odpowiedzi na nasze pytania będziemy realizować następujące zadania badawcze:

- 1** – zidentyfikujemy ogólną pulę jęczmiennych mikroRNA biorących udział w odpowiedzi na stres wysokiej temperatury w odmianie jęczmienia wrażliwej i odpornej na ten czynnik stresowy,
- 2** – określimy strukturę i organizację genów kodujących mikroRNA indukowane w stresie wysokiej temperatury i poznamy sposób regulacji ich ekspresji,
- 3** – ustalimy, które geny w jęczmieniu są regulowane poprzez małe cząsteczki RNA zależne od wysokiej temperatury,
- 4** – zbadamy wpływ jęczmiennych mikroRNA regulowanych w stresie wysokiej temperatury oraz ich docelowych genów na wzrost i rozwój jęczmienia poprzez wyciszenie ich ekspresji.

Poznanie złożonej sieci regulacji pomiędzy mikroRNA zaangażowanymi w odpowiedź na stres wysokiej temperatury, a ich docelowymi genami może nie tylko pomóc w zmniejszeniu zaburzeń rozwojowych jęczmienia w warunkach stresowych, ale również w pokonaniu negatywnych efektów globalnego ocieplenia, które mogą wpłynąć na wydajność i plonowanie tego zboża. Określenie mechanizmów odpowiedzi na stres wysokiej temperatury oraz genów w niej uczestniczących może stanowić cenne źródło informacji oraz wskazówkę dla hodowców, które geny warte są zainteresowania i uwzględnienia w praktyce hodowlanej w celu uzyskania nowych odmian jęczmienia o podwyższonej odporności na stres wysokiej temperatury.