

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

W naturze obserwuje się dużą zmienność cech roślin w obrębie danego gatunku. Zmienność ta jest wynikiem działania różnych mechanizmów na poziomie molekularnym, w tym działania i współdziałania hormonów roślinnych (fitohormonów), które regulują procesy fizjologiczne i wzrost roślin. W projekcie przyjęto hipotezę o istnieniu powiązań systemów regulatorowych wybranych fitohormonów: giberelin, brasinosteroidów i strigolaktonów, we wczesnych i późniejszych stadiach rozwoju oraz o wpływie tych powiązań na architekturę roślin, a w konsekwencji na plon. Obiektem badań będą odmiany i mutanty jęczmienia jarego różniące się genami warunkującymi wytwarzanie badanych fitohormonów. W szczególności analizowane będzie, jak i do jakiego stopnia zaburzenia w syntezie giberelin w mutantach z genem półkarłowatości wpływają na metabolizm innych hormonów i czy zaburzenia te mogą być kompensowane przez inne hormony na zasadzie sprzężenia szlaków regulacyjnych. Obserwacje będą przeprowadzane poprzez fenotypowanie konwencjonalne oraz fenotypowanie wykorzystujące analizę obrazów, na roślinach uprawianych w warunkach optymalnych oraz po zastosowaniu stresu suszy. Za pomocą najnowszych technik z zakresu biologii molekularnej analizowana będzie sieć powiązanych fizjologicznie genów poprzez analizę ich ekspresji na poziomie transkryptów i białek. Zastosowane podejście pozwoli na uzyskanie nowej wiedzy nie tylko o pojedynczych fitohormonach, ale przede wszystkim o ich wzajemnych relacjach w trakcie wzrostu i rozwoju roślin, a także o zmianach jakościowo-ilościowych hormonów w warunkach stresowych. Uzyskana wiedza i skonstruowane sieci regulacyjne będą w przyszłości służyć jako podstawa dla metod doskonalenia roślin uprawnych. Pomiar zawartości fitohormonów będą miały metodologiczny wpływ na badania innych roślin i dostarczą nowych danych dotyczących obecności strigolaktonów u jęczmienia.