

W ewolucyjnej historii roślin nasiennych zaobserwowano liczne zdarzenia poliploidyzacyjne i całogenomowe duplikacje genomów (WGD). Poliploidyzacje i następujące po nich wtórne diploidyzacje stały się ważnymi procesami specjacji, genetycznego zróżnicowania i adaptacji roślin do zmieniających się warunków środowiskowych. Genetyczne modyfikacje, takie jak mutacje, rearanżacje chromosomowe oraz mechanizmy epigenetyczne przyczyniły się do zmian w ekspresji zduplikowanych genów. Zakłada się, że te zmiany w funkcji zduplikowanych genów (sub- lub neofunkcjonalizacja) mogą powiększać plastyczność odpowiedzi poliploidów w stosunku do ich diploidalnych przodków. Problem dywergencji funkcjonalnej zduplikowanych genów oraz plastyczność odpowiedzi na stres u poliploidów są słabo poznane ze względu na udział różnych mechanizmów. Los zduplikowanych genów jest badany u wielu gatunków roślin, w tym rzepaku.

Rzepak (*Brassica napus* L.) jest allopoliploidem powstałym na drodze hybrydyzacji pomiędzy diploidalnymi gatunkami *B. rapa* (dawca genomu A) i *B. oleracea* (dawca genomu C), które są paleopoliploidami z triplikowaną strukturą genomu. Dlatego rzepak jest doskonałym modelem dla badań mechanizmów genomowej i funkcjonalnej plastyczności zduplikowanych genów.

Celem projektu jest zbadanie plastyczności odpowiedzi na stresy abiotyczne u rzepaku (*Brassica napus* L.). Problem ten będzie badany na przykładzie udziału paralogów genu *ABI1* kodującego fosfatazę białkową typu 2C (PP2C, podrodzina A) w kontroli ścieżek sygnałowych zależnych od *BnaHB6* w warunkach stresu solnego i suszy. *ABI1* jest centralnym, negatywnym regulatorem ścieżek sygnalizacyjnych kontrolowanych przez kwas abscysynowy. Fitohormon ABA reguluje wiele procesów podczas cyklu życiowego roślin i odgrywa ważną rolę w adaptacji roślin do warunków stresowych, takich jak susza, zasolenie, chłód i zranienie. Liczne badania wykazały, że *ABI1* oddziałuje z różnymi białkami będącymi potencjalnymi obiektami dla jego katalitycznej aktywności fosfatazowej. Natomiast *HB6* należy do rodziny specyficznych dla roślin czynników transkrypcyjnych HD-Zip klasy, które są zaangażowane w regulację wzrostu roślin, rozwój oraz odpowiedzi na stres zależne od ABA.

W obecnym projekcie chcemy: 1) zbadać molekularne i fizjologiczne mechanizmy plastyczności odpowiedzi na stres solny i suszę u poliploidalnego gatunku *B. napus*; 2) poznać rolę dwóch paralogów genu *BnaABI1* w regulacji aktywności genu *HB6* w kierunku indukcji lub represji wyselekcjonowanych genów efektorowych zaangażowanych w odpowiedź i adaptację roślin na oba stresy; 3) określić jak ekspresja genów jest kontrolowana przez *BnaHB6* w warunkach stresu solnego i suszy; 4) zbadać mechanizm regulacji transkrypcji genów w warunkach stresu solnego i suszy na podstawie analizy wiązania czynnika transkrypcyjnego *BnaHB6* do promotorów wybranych genów; 5) zbadać i porównać ewolucyjny los ortologów genu *HB6* u dwóch pokrewnych gatunków *B. rapa* i *B. napus* w różnych warunkach środowiskowych. Badania będą prowadzone przy wykorzystaniu złożonych podejść na poziomie genomowym, transkryptomu oraz proteomu przy wykorzystaniu transformacji roślin, ChIP-qPCR oraz technologii sekwencjonowania nowej generacji - RNA-seq.

Głównym efektem projektu będzie lepsze zrozumienie mechanizmów regulatorowych zaangażowanych w odpowiedź i adaptację *B. napus* do stresu solnego oraz suszy, w kontekście ewolucji zduplikowanych genów. Powinniśmy odkryć nowe elementy, wspólne dla obu stresów, ale też specyficzne dla każdego z nich, kontrolujące plastyczność odpowiedzi na stres rzepaku. Powinniśmy również poznać, jak ewoluowały różne systemy regulatorowe kontrolowane przez funkcjonalnie różne paralogii genu *BnaABI1*. Odkrycie nowych oddziaływań pomiędzy czynnikami transkrypcyjnymi *BnaHB6a* i *BnaHB6b* a docelowymi genami będzie otwierać drogę dla genetycznych manipulacji w kierunku efektywnego modyfikowania cech i tworzenia nowych odmian rzepaku.