

STRESZCZENIE POPULARNONAUKOWE PROJEKTU

Stres abiotyczny (susza, zasolenie) jest głównym czynnikiem limitującym plonowanie roślin uprawnych na świecie. W dobie globalnego ocieplenia i ciągłego wzrostu liczby ludności na świecie istnieje pilna potrzeba otrzymywania nowych odmian roślin uprawnych z wyższym stopniem tolerancji na niedobór wody. Dotychczas przeprowadzono wiele badań próbujących opisać mechanizmy adaptacyjne leżące u podstawy lepszej tolerancji na stres abiotyczny, jednakże wciąż istnieje wiele niezrozumiałych aspektów tego procesu.

Kwas abscysynowy (ABA) jest głównym fitohormonem zaangażowanym w regulację odpowiedzi na stres u roślin. Sieć sygnałowa tego fitohormonu jest złożona z wielu komponentów, których aktywność ostatecznie prowadzi do nabycia adaptacji w celu przetrwania niekorzystnych warunków otoczenia. Jednym z tych komponentów jest ABI5, czynnik transkrypcyjny, który u *Arabidopsis* reguluje ekspresję genów zaangażowanych w nabywanie tolerancji na niedobór wody. Geny regulowane przez ABI5 są zaangażowane w procesy takie jak inhibicja fotosyntezy, biosynteza lipidów, czy usuwanie wolnych rodników.

Jęczmień jest jednym z najczęściej uprawianych zbóż na świecie. Rola jęczmiennego odpowiednika ABI5, HvABI5 i jego regulacja jest mało poznana. Nasz zespół zidentyfikował mutanta w genie *HvABI5*, *hvabi5.d*, który wykazuje odmienny przebieg procesów fizjologicznych oraz zmienioną ekspresję genów w porównaniu do formy wyjściowej w obecności suszy. Biorąc pod uwagę dane na temat funkcjonowania ABI5 u *Arabidopsis* i nasze wstępne analizy dotyczące *hvabi5.d*, uważamy, że **HvABI5 jest zależnym od ABA regulatorem odpowiedzi na stres abiotyczny u jęczmienia**. Prawdopodobnie, HvABI5 bezpośrednio reguluje ekspresję genów zaangażowanych w odpowiedź na stres, poprzez wiązanie się do ich promotorów. **Celem proponowanego projektu jest opisanie roli HvABI5 jako regulatora odpowiedzi na stres suszy u jęczmienia**. Materiałem badawczym w proponowanym projekcie będzie jęczmienny mutant w genie *HvABI5* oraz jego forma rodzicielska. Na podstawie wzoru ekspresji genów wykazujących zróżnicowaną ekspresję u mutanta i jego formy wyjściowej w obecności suszy i ABA planujemy zidentyfikować geny regulowane przez HvABI5. Wykorzystamy w tym celu system *in vitro* umożliwiającym detekcję oddziaływań DNA-białko. Prowadzone równoległe, monitorowanie parametrów fizjologicznych analizowanych genotypów w obecności suszy pozwoli na zbadanie działania HvABI5 na poziomie fizjologicznym podczas stresu u jęczmienia.

Aby zrealizować założony cel projektu, planujemy zbadać profil ekspresji genu *HvABI5* oraz potencjalnych genów docelowych HvABI5 za pomocą reakcji RT-qPCR u analizowanego mutanta i jego formy wyjściowej, w obecności stresu suszy i po traktowaniu ABA. Potencjalne geny docelowe o podobnym wzorze ekspresji z *HvABI5* i rozbieżnej aktywności u mutanta i jego formy wyjściowej będą wybrane do analizy interakcji DNA-białko w systemie *in vitro*. Dodatkowo, aby lepiej scharakteryzować działanie HvABI5 w ścieżce sygnałowej ABA, powyższy system *in vitro* będzie również zastosowany w celu identyfikacji czynników transkrypcyjnych aktywowanych ABA, które regulują ekspresję *HvABI5*.

Uważamy, że scharakteryzowanie funkcji HvABI5 w obecności stresu przyczyni się do lepszego poznania mechanizmu warunkującego tolerancję na suszę u jęczmienia. Zaproponowane analizy umożliwią również bardziej precyzyjne opisanie funkcjonowania ścieżki sygnałowej ABA. Ponadto, otrzymane wyniki będą mogły zostać wykorzystane jako podstawa do stworzenia narzędzi biotechnologicznych w celu wyprowadzania nowych odmian gatunków uprawnych o wyższym stopniu tolerancji stresu niedoboru wody.