

## POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Globalne zmiany klimatyczne wpływają na warunki środowiska leśnego i zaburzają rozmnażanie się roślin z nasion. Czynniki środowiskowe takie jak temperatura, natężenie światła oraz dostępność wody należą do podstawowych czynników kontrolujących kiełkowanie nasion, w rezultacie wpływając na sukces reprodukcyjny roślin. Wychodząc naprzeciw tym problemom w proponowanym projekcie planujemy zbadać ekofizjologię kiełkowania nasion buka zwyczajnego w celu oceny potencjału tego gatunku do dostosowania się do zmian środowiska. Buk zwyczajny (*Fagus sylvatica* L.) rośnie w szerokim zakresie warunków środowiska i wykształcił różne mechanizmy adaptacyjne. Jednym z ważniejszych jest głęboki spoczynek fizjologiczny nasion, zapewniający w klimacie umiarkowanym przetrwanie zimy i skielkowanie wiosną, czyli w momencie najbardziej odpowiednim dla rozwoju siewek. Szeroki zasięg buka zwyczajnego doprowadził do rozwoju różnych populacji dostosowanych do lokalnych warunków klimatycznych. Nie jest do tej pory poznana biologia kiełkowania nasion buka w różnych warunkach środowiskowych i plastyczność tej cechy. Celem projektu jest zbadanie zależności pomiędzy kiełkowaniem nasion buka a środowiskiem oraz zbadanie molekularnych mechanizmów odpowiedzialnych za adaptację buka do warunków środowiska. Jego nasiona w celu skielkowania wymagają wielu tygodni chłodnej stratyfikacji. W ramach projektu planuje się: 1. Zbadanie różnorodności buka zwyczajnego w Polsce pod względem głębokości spoczynku i zdolności kiełkowania nasion. Zebrane zostaną nasiona z populacji buka rosnących w różnych pod względem siedliska (klimatu, położenia geograficznego i topograficznego) stanowiskach w Polsce i przeprowadzone zostaną testy w celu zbadania międzypopulacyjnego zróżnicowania w głębokości spoczynku oraz zdolności kiełkowania nasion. Równocześnie zostaną zebrane dane na temat warunków pogodowych panujących w siedlisku danej populacji. Planuje się zebranie nasion w kolejnych latach z tych samych populacji, wykonanie testów zdolności kiełkowania i dokonanie pomiarów warunków środowiskowych. Porównanie danych z kolejnych lat ma na celu wykazanie czy adaptacja do środowiska, jaką jest głębokość spoczynku, jest plastyczna. 2. Zbadanie różnic w ekspresji genów między różniącymi się pod względem głębokości spoczynku nasion populacjami buka zwyczajnego. Do tych badań zostaną wykorzystane metody sekwencjonowania nowej generacji w celu poznania i analizy ogólnej zmienności transkryptomu, oraz ilościowy PCR w czasie rzeczywistym w celu dokładnego ustalenia, roli poszczególnych genów w kontroli głębokości spoczynku. Planuje się też zbadanie różnic w partiach nasion poprzez analizę ekspresji genów na poziomie proteomu, szczególnie koncentrując się na białkach poddanych modyfikacjom potranslacyjnym, regulującym ich aktywność. Białka fosforyzowane, nitrowane, nitrozylowane, acetylowane i ubikwitynowane będą badane w celu określenia ich roli w regulacji głębokości spoczynku nasion. 3. Analiza struktury chromatyny i modyfikacji histonów w regionie promotora genów zaangażowanych w regulację głębokości spoczynku nasion buka. W celu sprawdzenia, czy pozycja nukleosomu zmienia region promotora genów zidentyfikowanych w poprzednich zadaniach, zastosowana zostanie analiza MNase-qPCR i ChIP-qPCR ze specyficznymi przeciwciałami rozpoznającymi modyfikacje histonu. Pomyślne ukończenie tego zadania badawczego pozwoli wskazać mechanizmy epigenetyczne, które mogą być zaangażowane w regulację spoczynku i kiełkowania nasion buka. Oczekuje się, że dane uzyskane w projekcie pozwolą poznać czynniki regulujące adaptację i przeżycie poszczególnych populacji drzew w warunkach globalnego ocieplenia.