

## **Czy geny jęczmienia *HvGSK1.1* i *HvGSK1.2* biorą udział w tolerancji na zasolenie i regulacji cech warunkujących plon?**

Brasinosteroidy (BR), są ważną grupą roślinnych regulatorów wzrostu. Związki te regulują bardzo różnorodne procesy rozwoju i tolerancji na czynniki środowiskowe. Obecność BR stwierdzono prawie w każdej części rośliny: w korzeniach, liściach, pąkach kwiatowych, a najwięcej w ziarnach pyłku i niedojrzałych nasionach. Egzogenne podanie BR indukowało większe przyrosty biomasy, podnosiło tolerancję na stresy środowiskowe takie jak zasolenie, suszę, suboptymalne temperatury. Wykazano, że wiele ważnych cech użytkowych gatunków uprawnych takich jak wspomniana wcześniej tolerancja na stresy, biomasa roślin, liczba i masa ziarna są zależne od BR. Jęczmień jest bardzo ważną rośliną zbożową po ryżu, pszenicy i kukurydzy, a jednocześnie jest gatunkiem modelowym zbóż klimatu umiarkowanego.

Efektem naszych wcześniejszych badań była identyfikacja rodziny genów *GSK* w genomie jęczmienia. Kodowane przez geny *GSK* białko jest negatywnym regulatorem szlaku sygnałowego BR. Wyniki eksperymentalnego wyciszenia genów *GSK* wykazały, że uzyskane rośliny z wyciszoną ekspresją *GSK*, lepiej tolerowały zasolenie, wytwarzały więcej ziarniaków o większej masie. W proponowanym projekcie głównym obiektem badań będą zmienione rośliny jęczmienia (mutanty typu **knock-out** dwóch genów *HvGSK1.1* i *HvGSK1.2*) uzyskane w wyniku edytowania genów przy użyciu techniki CRISPR/Cas9.

Przewidujemy, że edytowanie tych dwóch genów *HvGSK1.1* i *HvGSK1.2* pozwoli uzyskać rośliny z ulepszonymi cechami agronomicznymi. Rośliny te zostaną wykorzystane do podstawowych badań mających na celu zrozumienie funkcji obu genów w rozwoju roślin i tolerancji na stres. Szczegółowa charakterystyka wybranych cech tak uzyskanych roślin, w tym m.in. tolerancji na stres zasolenia, wielkości części nadziemnej, architektury systemu korzeniowego, cech związanych z produktywnością będą kluczowym celem naukowym głównej części projektu. Edytowanie genów przy użyciu CRISPR/Cas9 jest nową bardzo ważną metodą. Jest ona adaptowana do bardzo różnych badań biologicznych i medycznych. Zaplanowana praca pozwoli adaptować tą strategię do celów agronomicznych oraz badań biologicznych ważnych gatunków zbóż.

Uzyskane wyniki wzbogacą naszą wiedzę metodyczną dotyczącą edytowania genów w roślinach, oraz o funkcji regulatorów BR w jęczmieniu.