

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 oraz wzrost roślin. Do tej pory ta złożona sieć regulacyjna nie została do końca poznana, natomiast istnieją przesłanki związane z istnieniem czynnika zarządzającego tymi procesami. Idealnym kandydatem jest melatonina, której ważna rola opiera się na interakcji z hormonami roślinnymi. Wielokrotne zmiany w ekspresji genów spowodowane przez melatoninę wskazują na jej zaangażowanie w koordynowanie wielu aspektów rozwoju roślin oraz ich korzeni. Wszystkie te informacje wraz rolą melatoniny jako czynnika biorącego udział w poprawie odporności roślin w warunkach stresu niedoboru wody sugerują, podjęcie badań w tym zakresie dla poprawy plonu zbóż. W istocie niewiele wiadomo na temat szlaku metabolizmu melatoniny i jej regulacji w warunkach stresów abiotycznych. Tymczasem badania nad interakcją między fitohormonami stanowią obecnie ważny obszar biologii systemów roślinnych i są cennym źródłem informacji o molekularnych mechanizmach procesów fizjologicznych. Zrozumienie tych procesów u gatunków jednoliściennych, w tym jęczmienia, pozostawia jeszcze szerokie pole do działania. Pomimo ostatnich postępów w wyjaśnianiu biologicznej funkcji melatoniny, nieliczne badania dotyczą jej funkcjonowania w jęczmieniu. Zrozumienie molekularnych mechanizmów wzrostu i rozwoju korzenia regulowanych za pośrednictwem melatoniny jest wciąż na początkowym etapie badań. Hipotezy badawcze projektu zakładają, że homeostaza hormonalna kontrolowana przez melatoninę ma kluczowe znaczenie w przypadku tolerancji na stres suszy, a także melatonina wpływa na reakcję jęczmienia w warunkach stresu niedoboru wody poprzez regulację genów związanych z fitohormonami w korzeniach. Materiał roślinny w projekcie będzie składał się z odmiany Bowman (typ dziki) i jego blisko izogenicznych linii tj. BW091 i BW885. Obserwacje będą przeprowadzane poprzez fenotypowanie konwencjonalne oraz fenotypowanie wykorzystujące analizę obrazów systemu korzeniowego, na roślinach uprawianych w warunkach optymalnych oraz po zastosowaniu stresu suszy. Podejście to pozwoli na uzyskanie nowej wiedzy nie tylko o pojedynczych fitohormonach, ale przede wszystkim o ich wzajemnych relacjach w trakcie wzrostu i rozwoju korzeni jęczmienia, a także o zmianach jakościowo-ilościowych hormonów w warunkach stresowych. Projekt dostarczy nowych informacji o biologii roślin uprawnych, które są przedmiotem procesów hodowlanych mających na celu poprawę istotnych ekonomicznie cech. Ma to znaczenie zarówno dla badań podstawowych, jak i stosowanych, gdyż jęczmień, jako gatunek użytkowy, jest poddawany procesowi poprawy poprzez zabiegi hodowlane, a współczesne sposoby hodowli winny być oparte na wiedzy o genomie. Jakkolwiek wyniki projektu nie będą stosowalne bezpośrednio do innych zbóż, to jednak znajdą liczne do nich odniesienia, gdyż jęczmień jest coraz częściej określany mianem "modelu", szczególnie dla badań architektury roślin. Ponadto, wyniki wpłyną znacznie na metodologię badań nad zbożami, poprzez propagację metod opartych na ilościowej analizie hormonów.