

Głównym celem planowanego projektu jest identyfikacja komponentów, które odpowiadają za interakcję pomiędzy dwiema grupami hormonów roślinnych: strigolaktonami (SL) i kwasem abscysynowym (ABA). Oba hormony są pochodnymi karotenoidów oraz wykazano, że mogą być zaangażowane w podobne procesy rozwojowe roślin, jednak ich interakcje na etapie syntezy czy sygnalizacji pozostają nieznane. **Najnowsze, jeszcze niepublikowane wyniki otrzymane w Katedrze Genetyki Uniwersytetu Śląskiego wskazują, że mutacja znosząca funkcję receptora SL u jęczmienia, skutkuje również niewrażliwością na ABA. Na podstawie tych wyników można założyć, iż szlaki sygnałowe obu hormonów są ze sobą połączone.** Aby opisać molekularne podstawy tego połączenia planowane jest przeprowadzenie szczegółowych analiz ekspresji genów, interakcji pomiędzy białkami, a także fosforylacji białek w odpowiedzi na traktowanie ABA i SL. Badania te będą przeprowadzone na mutantach *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik) i *Hordeum vulgare* (jęczmień) niewrażliwych na SL, a także ich odmianach wyjściowych. Dzięki analizom roślin jedno- i dwuliściennych możliwe będzie opisanie mechanizmów, które są uniwersalne w świecie roślin. Ponadto zarówno dla rzodkiewnika (*atd14*, Waters et al., 2012), jak i jęczmienia (*hvd14.d*, Marzec i inni, 2016) mutanty niewrażliwe na SL zostały już zidentyfikowane. Dla obu gatunków opublikowano także genomy referencyjne ułatwiające analizę danych pochodzących z sekwencjonowania transkryptomów.

Nasze wstępne wyniki wskazują, że mutant jęczmienia *hvd14.d*, z uszkodzeniem w receptorze SL, jest niewrażliwy na traktowanie ABA podczas kiełkowania nasion, a także nadwrażliwy na suszę, co związane jest z zburzonym mechanizmem zamykania szparek. **Stąd można założyć, że mutacja w receptorze SL, wpływa również na proces transdukcji sygnału ABA.** Aby przetestować tą hipotezę zaplanowano nowatorskie badania, które pozwolą nam uzyskać odpowiedzi na poniższe pytania:

1. Jakie zmiany w ekspresji genów zależnych od ABA występują u odmian wyjściowych i mutantów w receptorze SL, w odpowiedzi na traktowanie ABA?
2. Jakie zmiany w ekspresji genów zależnych od ABA występują u odmian wyjściowych i mutantów w receptorze SL, w odpowiedzi na traktowanie SL?
3. Jak mutacje w receptorze SL wpływają na proces fosforylacji białek zaangażowanych w transdukcję sygnału ABA?
4. Jaki jest wpływ traktowania ABA na składanie kompleksu sygnałowego SL?
5. Czy białkowe komponenty szlaków sygnałowych ABA i SL mogą ze sobą oddziaływać?

Na podstawie przeprowadzonych badań będzie możliwe opisanie molekularnych podstaw interakcji pomiędzy dwiema grupami fitohormonów, zarówno u roślin jedno-, jak i dwuliściennych. Ponadto w trakcie trwania projektu zostanie eksperymentalnie potwierdzona funkcja genów kodujących jęczmieńskie białka zaangażowane w szlak sygnałowy SL, zidentyfikowane w poprzednich naszych badaniach. Natomiast konstrukty, które zostaną zaprojektowane do przetestowania interakcji białko-białko z wykorzystaniem techniki BiFC (bimolecular fluorescence complementation) będą wartościowym narzędziem w kolejnych badaniach dotyczących sygnalizacji ABA i SL u roślin.