

Zwiększenie potencjału plonowania zbóż jest jednym z największych wyzwań stojących przed hodowlą. Plon ziarna jest złożoną cechą, kształtowaną zarówno przez genotyp, środowisko, jak i agrotechnikę. Ze względu na ograniczoną pulę genetyczną uprawnych gatunków zbóż, możliwości dalszego zwiększenia plonowania przy użyciu konwencjonalnych metod hodowli są bardzo ograniczone. Konsekwencją tych ograniczeń jest bardzo niski postęp plonowania głównych gatunków zbóż, m.in. jęczmienia i pszenicy, jaki obserwujemy w ostatnich dekadach. Zastosowanie nowych technik hodowli roślin, które mogłyby odwrócić ten trend wymaga jednak szerokiej wiedzy na temat genetycznych uwarunkowań kształtujących plon ziarna. Bardzo obiecującym kierunkiem badań w tym zakresie jest poznanie mechanizmów kształtujących wielkość i masę ziarna, ponieważ są to cechy silnie determinowane przez genotyp, a w mniejszym stopniu przez środowisko. Genetyczne uwarunkowania wielkości i masy ziarna w jęczmieniu są jak dotąd bardzo słabo poznane, mimo iż jest to czwarty najważniejszy gatunek zbóż pod względem wielkości produkcji. Celem niniejszego projektu jest kompleksowa analiza genetycznego podłoża tych cech w jęczmieniu oraz wykorzystanie nowych technik inżynierii genetycznej w celu uzyskania linii jęczmienia o zwiększonej masie ziarna. Głównym zadaniem badawczym będzie identyfikacja genów kontrolujących kształt i masę ziarna oraz analiza ich funkcji molekularnej. Zmienność genetyczna w obrębie tych genów będzie analizowana w populacji jęczmienia o zróżnicowanej wielkości i masie ziarna przy użyciu sekwencjonowania nowej generacji. Pozwoli to na określenie wpływu poszczególnych genów na badane cechy ziarna oraz na opracowanie nowych markerów molekularnych, które mogą być użyte do selekcji odmian o korzystnych cechach. Na podstawie uzyskanych wyników, wybranych zostanie kilka genów kandydujących w celu potwierdzenia ich wpływu na wielkość i masę ziarna oraz poznania ich funkcji molekularnych. Analiza funkcjonalna tych genów przeprowadzona zostanie w oparciu o technologię edytowania genomu oraz technologię aktywacji transkrypcyjnej genów. W pierwszej strategii wykorzystany zostanie system CRISPR/Cas9 w celu wprowadzenia do badanych genów mutacji powodujących utratę ich funkcji. W drugiej strategii, zmodyfikowana wersja systemu CRISPR/Cas9 użyta zostanie w celu zwiększenia ekspresji badanych genów poprzez tzw. aktywację transkrypcyjną. Efekt powyższych modyfikacji badany będzie w roślinach na poziomie molekularnym. Analiza transkryptomiczna pozwoli na poznanie mechanizmów regulacji badanych genów i ich interakcji z innymi genami. Z kolei celem analizy proteomicznej będzie wykrycie ewentualnych zmian w profilu białkowym nasion oraz identyfikacja peptydów o funkcji regulatorowej, które mogą uczestniczyć w regulacji rozwoju ziarniaków. Istotną częścią projektu jest uzyskanie nowych linii jęczmienia o zwiększonej wielkości i masie ziarna przy użyciu technik edytowania genomu i transkrypcyjnej aktywacji genów. Edytowanie genomu oparte na technologii CRISPR/Cas9 jest od kilku lat z powodzeniem stosowane jako narzędzie w badaniach funkcji genów oraz do ulepszania użytkowych cech roślin. Natomiast technika transkrypcyjnej aktywacji genów przy użyciu CRISPR/Cas9 jest nowatorską metodą regulacji ekspresji genów, która jak dotąd nie była wykorzystana do ulepszenia ważnych agronomicznych cech u zbóż. Wyniki badań uzyskane w niniejszym projekcie mogą być użyteczne w podobnych badaniach prowadzonych u innych gatunków zbóż. Ma to istotne znaczenie szczególnie dla poliploidalnych gatunków zbóż, takich jak pszenica, pszenżyto i owies, dla których jęczmień, ze względu na bliskie pokrewieństwo i diploidalny genom, jest gatunkiem modelowym.