

W odpowiedzi na czynniki stresowe rośliny uruchamiają szereg procesów związanych z adaptacją do ograniczonych warunków wzrostu i rozwoju. Jednym z głównych szlaków transdukcji sygnałów wpływających zarówno na wzrost roślin, jak i przystosowanie do stresowych warunków środowiska, w tym suszy, jest działanie i współdziałanie fitohormonów. Uważa się, że brasinosteroidy (BR) warunkują prawidłowy rozwój roślin, podczas gdy kwas abscysynowy (ABA) jest głównym fitohormonem reagującym na stres. Ważnym elementem szlaków sygnałowych fitohormonów roślinie są również heterotrimeryczne białka G z wiodącą rolą podjednostki $G\alpha$, które działają jako przekaźniki poprzez różne kaskady sygnalizacyjne, w tym percepcję fitohormonów. Pomimo wielu badań podejmowanych w celu zrozumienia złożonych mechanizmów regulacyjnych leżących u podstaw odpowiedzi roślin na czynniki stresowe, genetyczna i środowiskowa regulacja adaptacji roślin, w tym jęczmienia, do różnych warunków (np. suszy) pozostaje w dużej mierze nierozpoznana. W toku ewolucji rośliny rozwinęły różne mechanizmy zmiany ekspresji genów kierujących procesami fizjologicznymi w odpowiedzi na zmieniające się warunki środowiska. Najnowsze badania dowodzą, że mikroRNA (miRNA) są główną klasą regulatorów ekspresji genów w kształtowaniu odpowiedzi roślin na czynniki stresowe. Niestety wciąż niewiele jest informacji na temat powiązania miRNA i fitohormonów w reakcji na suszę. Wszystkie powyższe argumenty legły u podstaw projektu, którego celem jest zbadanie molekularnych mechanizmów decydujących o współdziałaniu fitohormonów w kontekście odporności jęczmienia na stres suszy.

Badania w proponowanym projekcie pozwolą zweryfikować hipotezę czy regulacja współdziałania między BR, ABA i innymi fitohormonami w liściach jęczmienia odbywa się za pośrednictwem miRNA. Ponadto sprawdzona zostanie hipoteza czy adaptacja roślin do warunków stresowych z udziałem fitohormonów zależna jest od miRNA. Podejmiemy się również wyjaśnienia, czy podjednostka α białka G w warunkach stresowych zaangażowana jest w transdukcję sygnału BR poprzez alternatywną tj. niezależną od receptora BRI1, ścieżkę sygnałową oraz zbadamy czy i jakieś specyficzne miRNA kontrolują ten proces. Ponadto odpowiemy, czy zmniejszona fotosynteza wywołana przez ABA w odpowiedzi na suszę może być kompensowana poprzez alternatywny szlak sygnałowy BR, w którym pośredniczy podjednostka α białka G i odpowiadające jej miRNA.

Zastosowanie odpowiednich metod badawczych oraz dobór właściwego materiału roślinnego zapewni osiągnięcie celu i weryfikację postawionych hipotez. Przeprowadzimy serię komplementarnych doświadczeń z wybranymi formami jęczmienia: odmianą Bowman (typ dziki) i jego bliskoizogenicznymi liniami BW885 i BW074. Regulacja poziomu hormonów zostanie zbadana przy użyciu najnowocześniejszych podejść opartych na sekwencjonowaniu nowej generacji (NGS). Cało-genomowa analiza transkryptomów umożliwi identyfikację genów/miRNA charakteryzujących się zmianą ekspresji między genotypami jęczmienia, co pozwoli skonstruować sieci regulacyjne w odpowiedzi na stres suszy. Przeprowadzona zostanie również identyfikacja transkryptów docelowych dla miRNA. Ponadto projekt pozwoli na uzyskanie szczegółowej informacji wynikającej z precyzyjnego fenotypowania jęczmienia w warunkach kontrolnych oraz w warunkach stresu na platformie do fenotypowania roślin wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia licznych cech fenotypowych. Interpretacja danych uzyskanych w projekcie wspierana będzie przez analizy nadreprezentacji GO, konstruowanie sieci regulacyjnych genów, szukania powiązań między miRNA i fitohormonami oraz analizy bioinformatyczne wiążące wyniki projektu z dostępnymi w bazach informacjami (m.in. KEGG, GrainGenes). Podsumowując, w ramach projektu zbadana zostanie rola miRNA w dwóch ważnych szlakach sygnalizacyjnych jęczmienia, tj. fitohormonów i białka G, podczas suszy.

Zintegrowane badania i wiedza zebrana w ramach projektu mogą stanowić podstawę postępu biologicznego i metod ulepszania jęczmienia oraz innych roślin uprawnych, ponieważ jęczmień staje się ważną rośliną modelową. Integracja danych uzyskanych w projekcie znacząco wpłynie na poszerzenie aktualnej wiedzy na temat adaptacji molekularnej roślin do stresów abiotycznych oraz sposobu, w jaki sekwencje regulatorowe w genomie jęczmienia determinują jego rozwój.