

Zasolenie gleb może być spowodowane wieloma czynnikami. Jednym z nich jest spowodowany suszą obniżający się poziom wód lądowych. Skutkuje to negatywnymi konsekwencjami zarówno dla roślin uprawnych, jak i dziko rosnących. W ramach projektu, do badań nad wpływem zasolenia wybrano przedstawicieli rodzaju *Brachypodium*. Trzy gatunki jednoroczne, *B. distachyon*, *B. stacei* i *B. hybridum* są ważnymi trawami modelowymi o zsekwencjonowanych genomach jądrowych. Przyjmuje się, że *B. hybridum* powstał na drodze allopoliploidyzacji w wyniku skrzyżowania się dwóch gatunków diploidalnych, przypominających współcześnie *B. distachyon* oraz *B. stacei*. Proponowane badania powinny odpowiedzieć na pytanie czy mechanizmy tolerancji zasolenia różnią się w obrębie danego gatunku *Brachypodium*, jak i między różnymi gatunkami tego rodzaju. Badania dotyczyć będą korzenia, czyli organu którego komórki jako pierwsze doświadczają stresu solnego. W tym celu zbadana zostanie odpowiedź 12 genotypów *Brachypodium* poddanych działaniu soli w warunkach ciągłego narażenia (stres solny) jak i jednorazowej ekspozycji (szok solny) na zasolenie środowiska. Wybrane obiekty badawcze posłużą do analiz m. in. roli ściany komórkowej w odpowiedzi na stres zasolenia. Ściana komórkowa, która otacza komórki roślinne, odgrywa ważną rolę w tolerancji zasolenia, a dokładne mechanizmy z tym związane nie zostały dotąd w pełni poznane. Do oceny wpływu stresu solnego wykorzystane zostaną techniki mikroskopowe pozwalające na analizę zmian w architekturze ściany komórkowej, takie jak immunocytochemiczne wykrywanie epitopów białek arabinogalaktynowych (AGP), pektyn i ekstensyn. Badania te zostaną uzupełnione o charakterystykę ogólnych zmian w proteomie, spowodowanych warunkami stresowymi oraz o kompleksową analizę ekspresji genów z wykorzystaniem sekwencjonowania całych transkryptomów. Proponowane podejście badawcze umożliwi wytypować zmiany związane z odpowiedzią na stres zasolenia, a które mogą być związane z tolerancją i mogą różnić się w obrębie jak i pomiędzy gatunkami. W celu lepszego scharakteryzowania roli składników ściany komórkowej, wykorzystane zostaną mutanty *B. distachyon* z inaktywowanymi genami kodującymi wybrane białka ściany komórkowej: białko arabinogalaktanowe typu Fasciclin (FLA) i metyloesteraza pektynowa (PME). Uzupełnieniem będzie otrzymanie i analiza nowych linii *B. distachyon* wykazujących nadekspresję genów *FLA* i *PME*. Mutanty zostaną wykorzystane do oceny reakcji zarówno na stres solny jak i szok solny, co w konsekwencji może jednoznacznie wykazać znaczenie tych składników ściany komórkowej w odpowiedzi na warunki stresowe.

Proponowane badania nie będą dotyczyć wyłącznie genotypów referencyjnych trzech jednorocznych gatunków *Brachypodium* ale również roślin pochodzących z naturalnych populacji. W tym celu zebrane zostaną nasiona z osobników rosnących na obszarach o wysokim i niskim zasoleniu gleby w południowej Hiszpanii, co zostanie potwierdzone i uzupełnione badaniem próbek gleby. Utworzona nowa kolekcja genotypów *Brachypodium* wykorzystana zostanie do badań oceny tolerancji zasolenia osobników pochodzących z naturalnych populacji, a otrzymane wyniki pozwolą zweryfikować hipotezę o zwiększonej tolerancji na stres solny gatunku allopolipoidalnego, jakim jest *B. hybridum* oraz znaczenia tej zwiększonej tolerancji na proces specjacji, czyli powstawania gatunków. W tym celu planuje się zbadanie 150 genotypów reprezentujących każdy z trzech gatunków pochodzących ze stanowisk o różnym stopniu zasolenia gleby. Analizy te dotyczyć będą określenia zakresu zmienności wewnątrz- i międzygatunkowej w populacjach z wykorzystaniem wytypowanych 18 markerów molekularnych SSR. Dodatkowo, wykonana zostanie ocena wpływu stresu i szoku solnego na wyselekcjonowaną grupę 60 genotypów *Brachypodium*, pochodzących z naturalnych populacji. Planowane badania dostarczą danych w jaki sposób zróżnicowana odpowiedź na stres solny wpływa na strukturę populacji i mogą mieć znaczenie dla przyszłych, bardziej zrównoważonych strategii uprawy roślin.