

Współcześnie, w skali światowej ponad 20% wszystkich gruntów ornych oraz 33% gruntów poddawanych nawadnianiu jest dotkniętych problemem nadmiernego zasolenia. Tempo degradacji gleb na skutek zasolenia zwiększa się w warunkach szybko następujących zmian klimatycznych oraz na skutek niewłaściwie stosowanych zabiegów irygacyjnych. Szacuje się, że do 2050 roku, ponad 50% użytków rolnych będzie charakteryzowało się nadmiernym zasoleniem. Toksyczne poziomy soli w glebie należą do najbardziej destrukcyjnych czynników stresu abiotycznego, które znacząco obniżają produktywność upraw rolnych. Zasolenie, w zależności od tempa akumulacji soli, może oddziaływać w dwojaki sposób. Jeżeli, intensywność czynnika stresowego zwiększa się stopniowo mówimy o stresie solnym, które jest wywoływany na skutek powoli wzrastającego stężenia soli w glebie. Alternatywnie, jeżeli stężenia soli osiągają toksyczne poziomy w krótkim czasie, dochodzi do szoku solnego. Reakcje roślin na niekorzystne czynniki środowiskowe wymagają gruntownego przeprogramowania procesów metabolicznych. Zmiany te kontrolowane są przez złożony system ścieżek przekazywania sygnałów w komórce roślinnej, w którym uczestniczą m.in. sensory błonowe, kanały wapniowe, białka wiążące jony wapnia, kinazy, receptory związane z białkami G i inne cząsteczki sygnałowe. Zmiany będące wynikiem uruchomienia procesów sygnałowych skutkują uruchomieniem procesów umożliwiających aklimatyzację do zaistniałej zmiany warunków środowiskowych. Równocześnie, liczne procesy biochemiczne są wygaszane, co pozwala zaoszczędzić zasoby energetyczne na potrzeby łagodzenia skutków stresu. Ponieważ przeprogramowanie metabolizmu w celu aklimatyzacji do stresu jest w dużej mierze wynikiem zmian zachodzących na poziomie ekspresji genów, kluczowe jest zidentyfikowanie nadrzędnych regulatorów molekularnych, które synchronizują aktywność transkrypcyjną genomu rośliny w warunkach stresu. Rolę tę pełnią czynniki transkrypcyjne, które zwykle kodowane są przez geny wczesnej odpowiedzi na stres i których zadaniem jest kontrola ekspresji docelowych zespołów genów. Zidentyfikowanie tych czynników transkrypcyjnych otwiera drogę do wyhodowania roślin uprawnych o zwiększonej zdolności tolerowania czynników stresu abiotycznego. W toku uprzednich badań, których celem była analiza wywołanych zasoleniem, zmian wzorca ekspresji genów w liściach buraków, wykazaliśmy, że gen kodujący czynnik transkrypcyjny bHLH137 reagował na zwiększenie poziomu soli w tkankach, znacznym wzrostem poziomu ekspresji. Zaobserwowana prawidłowość obowiązywała zarówno w warunkach stresu jak i szoku solnego. Zwiększenie poziomu ekspresji tego czynnika transkrypcyjnego było proporcjonalne do stężenia soli oraz cechowało zarówno buraka cukrowego jak i jego dzikiego przodka, buraka morskiego (*Beta maritima*). Celem niniejszego projektu jest przebadanie roli bHLH137 w nabywaniu tolerancji zasolenia przez buraki. W tym celu wyprowadzone zostaną linie genetyczne roślin charakteryzujących się stabilną nadekspresją lub wyciszeniem bHLH137. Uzyskane rośliny transgeniczne zostaną przebadane pod kątem oceny zdolności do tolerowania zasolenia, która zostanie zestawiona z roślinami niestransformowanymi, reprezentującymi eksperymentalną kontrolę. Zakładamy, że jeżeli aktywność bHLH137 jest kluczowa dla aklimatyzacji buraków do zasolenia to wyciszenie ekspresji bHLH137 obniży tolerancję tego czynnika zaś nadekspresjonowanie kodującego go genu może ją zwiększyć. Ocenie aklimatyzacji do stresu będą towarzyszyły analizy transkryptomomiczne i epigenetyczne. Wyniki realizacji projektu pozwolą na opisanie znaczenia bHLH137 w tolerancji stresu solnego. Jeżeli potwierdzone zostanie przypuszczenie o ważnej roli tego czynnika transkrypcyjnego w aklimatyzacji buraków do zasolenia, stworzone zostaną podstawy do opracowania programów hodowlanych ukierunkowanych na uzyskanie odmian buraków o zwiększonej tolerancji tego, a być może także innych stresorów.