

Uzupełnianie brakujących elementów brasinosteroidowej układanki: odkrywanie potencjału plonowania, mechanizmów różnicowania aparatów szparkowych oraz genetycznej regulacji rozwoju kłosa u półkarłowych mutantów brasinosteroidowych jęczmienia

Ograniczona powierzchnia dostępnych gruntów ornych stanowi wyzwanie dla rolnictwa, zwłaszcza że większość obszarów nadających się do uprawy jest już wykorzystywana. Biorąc pod uwagę stale wzrastającą populację na świecie, istnieje pilna potrzeba zaspokojenia globalnego zapotrzebowania na żywność. Zatem, koniecznym jest opracowanie nowych sposobów uzyskiwania wyższego plonu na jednostkę powierzchni gruntów ornych, których zwiększanie powierzchni już teraz stanowi problem. Dodatkowo, jednym z czynników stanowiących największe wyzwanie dla wydajności upraw są trwające zmiany klimatyczne przejawiające się wieloma stresami środowiskowymi, w tym wyższą częstością występowania przedłużającego się niedoboru wody. W tym celu, niezwykle ważnym jest opracowanie nowych, wysoko plonujących odmian zbóż, które jednocześnie przejawiają zwiększoną tolerancję na suszę.

Brasinosteroidy (BR), będące grupą steroidowych hormonów roślinnych, regulują różne aspekty wzrostu i rozwoju roślin w trakcie trwania ich całego cyklu życiowego, w tym reprodukcję, która wpływa na potencjał plonowania zbóż. Jednak większość prowadzonych w tym zakresie badań opierała się na gatunku modelowym *Arabidopsis thaliana* i wiele kluczowych aspektów dotyczących roli BR w regulacji rozwoju zbóż (w tym jęczmienia będącego czwartym najważniejszym zbożem na świecie), pozostaje w dalszym ciągu niewyjaśniona. Defekty w biosyntezie lub sygnalizacji BR skutkują obniżonym wzrostem (półkarłowością) i erektoidalnym pokrojem, które są cechami uważanymi za bardzo korzystne w hodowli zbóż. Co więcej, nasze wstępne badania ujawniły, że jeden z dwóch mutantów BR, które będą wykorzystane w niniejszym projekcie, nie przejawia negatywnych skutków ubocznych rzutujących na wagę produkowanych ziaren, w przeciwieństwie do większości mutantów BR u zbóż. Mutanty, które będą analizowane w tym projekcie przejawiają również podwyższoną tolerancję na stres suszy w trakcie stadium rozwoju wegetatywnego. Niemniej jednak, rola BR w regulacji rozwoju organów generatywnych u zbóż pozostaje niejasna, szczególnie u roślin poddanych stresowi niedoboru wody w trakcie fazy reprodukcyjnej. Dodatkowo, rola BR w różnicowaniu aparatów szparkowych mających kluczowy wpływ na wymianę gazową i transpirację pozostaje wciąż niewyjaśniona u roślin jednoliściennych, nawet u gatunku modelowego – ryżu.

W świetle powyższych przesłanek, niniejszy projekt ma na celu:

- 1) Charakterystykę plonowania u półkarłowych, erektoidalnych mutantów BR jęczmienia i odmian referencyjnych wzrastających w warunkach optymalnych i gęstego wysiewu w warunkach polowych
- 2) Zbadanie mechanizmów regulacji różnicowania aparatów szparkowych w trakcie warunków optymalnych i stresu suszy u mutantów BR jęczmienia i genotypów referencyjnych
- 3) Wyjaśnienie regulacji rozwoju kłosa zależnej od BR podczas warunków optymalnych i stresu suszy poprzez profilowanie transkryptomów u mutantów BR jęczmienia i odmian referencyjnych

Każde z planowanych w tym projekcie zadań badawczych poprzedzone zostało badaniami wstępnymi i zostało oparte na wszechstronnym oraz wielokierunkowym podejściu w celu wyjaśnienia wyżej wymienionych aspektów. Planujemy odpowiedzieć na pytanie czy analizowane mutanty BR przewyższają genotypy referencyjne pod względem parametrów związanych z plonowaniem w warunkach polowych, biorąc pod uwagę podobną wagę ziaren produkowanych przez te mutanty porównując z odmianami referencyjnymi, a także unikatowy fenotyp tych mutantów. Jeśli nasza hipoteza jest prawidłowa i linie mutantów będą wykazywać wyższe plonowanie, nasze badania mogą mieć przełożenie aplikacyjne w przyszłości. Następnie, przy użyciu metod mikroskopowych, molekularnych oraz bioinformatycznych, zbadane zostanie powiązanie szlaków biosyntezy i sygnalizacji BR z mechanizmami regulującymi różnicowanie aparatów szparkowych. Dodatkowo, wykorzystując sekwencjonowanie transkryptomu, analizowane będzie powiązanie między szlakami związanymi z BR a procesami biologicznymi leżącymi u podstaw rozwoju kłosa u jęczmienia zarówno w warunkach optymalnego nawodnienia, jak również podczas stresu suszy. **Zakładamy, że wyniki uzyskane w ramach niniejszego projektu znacząco przyczynią się do poszerzenia wiedzy związanej z BR i ich udziałem w mechanizmach, które nie zostały wyjaśnione do tej pory. Wyniki tych badań będą unikalne i nowe nie tylko dla biologii jęczmienia, ale również dla zbóż jako grupy o kluczowym znaczeniu dla rolnictwa na świecie.**