

Identyfikacja funkcji kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF jako regulatora powstawania pędów bocznych w *Arabidopsis* i jęczmieniu

Liczba i rozmieszczenie pędów bocznych jest jednym z głównych czynników determinujących plon roślin uprawnych, jednak mechanizmy molekularne odpowiadające za regulację tej cechy są dość słabo poznane. Według aktualnej wiedzy architektura roślin jest kształtowana zarówno przez programy rozwojowe opierające się na działaniu regulatorów transkrypcyjnych, jak też przez hormony roślinne, wśród których szczególnie istotną rolę przypisuje się strigolaktonom. Nasze wstępne wyniki oraz dane literaturowe sugerują, że w kontrolę powstawania pędów bocznych jest zaangażowane białko BRM, znany regulator transkrypcji. BRM jest centralną podjednostką kompleksu białkowego SWI/SNF występującego w jądrze komórkowym. Kompleks ten składa się z kilkunastu białek i jest konserwowany ewolucyjnie u organizmów eukariotycznych. Wiadomo, że wpływa on na aktywność wielu genów poprzez zdolność do zmieniania struktur chromatyny. Dotychczasowe badania wykazały znaczenie kompleksów SWI/SNF w regulacji transkrypcyjnej różnych programów rozwojowych, a także odpowiedzi roślin na stresy i hormony. **Celem tego projektu jest zbadanie roli kompleksu SWI/SNF związanego z białkiem BRM w regulacji powstawania pędów bocznych w modelowej roślinie modelowej *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik pospolity) oraz w gatunku uprawnym *Hordeum vulgare* (jęczmień).** Z uwagi na to, że poznane do tej pory funkcje kompleksów SWI/SNF często opierają się na bezpośrednich oddziaływaniach z czynnikami transkrypcyjnymi oraz składnikami hormonalnych ścieżek sygnałowych, spekulujemy że BRM i jego kompleks może pełnić rolę integratora sieci regulacji ekspresji genów związanych z rozgałęzianiem pędów. W ramach projektu planowana jest realizacja kilku zadań badawczych, których efektem będzie: identyfikacja genów zależnych od kompleksu SWI/SNF, które są jednocześnie istotne w procesie inicjacji pędów bocznych w *Arabidopsis*; weryfikacja hipotezy o istnieniu związku funkcjonalnego pomiędzy kompleksem SWI/SNF a ścieżką sygnalizacji strigolaktonów; uzyskanie mutantów w genie *BRM* w jęczmieniu oraz ich charakterystyka z uwzględnieniem zmian w architekturze roślin; poznanie mechanizmu działania białka BRM i kompleksu SWI/SNF w regulacji ekspresji kluczowych genów związanych z rozgałęzianiem pędów w *Arabidopsis* i w jęczmieniu. Do realizacji wymienionych zadań wykorzystamy szeroki wachlarz narzędzi badawczych, w tym analizy mutantów i linii transgenicznych, analizy transkryptomyczne i reporterowe, a także testy interakcji białko-białko.

Rezultaty przedstawionego projektu pozwolą znacząco poszerzyć naszą wiedzę na temat molekularnych mechanizmów kształtujących architekturę roślin oraz ich konserwacji między roślinami dwuliściennymi i jednoliściennymi. Ponadto, uzyskane mutanty w jęczmieniu będą stanowiły istotne narzędzie w kolejnych badaniach dotyczących funkcji białka BRM w zbożach.