

Stabilne plonowanie rodzimych roślin strączkowych oraz uzyskiwanie białek o optymalnym dla żywienia składzie aminokwasowym stanowi ważne wyzwanie we współczesnym rolnictwie. Jest to szczególnie istotne wzięwszy pod uwagę znaczne uzależnienie rynku paszowego od importu śruty sojowej i wykorzystanie jej jako bogatego źródła białka roślinnego. Stosowane dotychczas zabiegi agrotechniczne oraz wyprowadzane coraz to nowe odmiany, zwłaszcza łubinów i grochów, wydają się niewystarczające aby sprostać stawianym wyzwaniom. Dlatego też poszukuje się nowych rozwiązań sięgając coraz częściej po narzędzia biologii molekularnej, pozwalające poznać podstawy przebiegu wybranych procesów fizjologicznych. Opisanie mechanizmów w prowadzonych początkowo badaniach podstawowych w wielu przypadkach przekłada się na możliwości aplikacyjne stosowane następnie w rolnictwie. Widać to m.in. w przypadku badań prowadzonych swego czasu nad rolą fitohormonów. Po kilkunastu latach od pierwszych doniesień dotyczących mechanizmów działania tych związków w roślinach i ich udziału w kontroli licznych procesów fizjologicznych, coraz częściej stosuje się preparaty o charakterze biostymulatorów zawierające gibereliny, cytokininy czy inne rodzaje hormonów.

Homeostaza pomiędzy tymi związkami odgrywa bardzo ważną rolę niemal w każdym z badanych procesów wzrostowych i rozwojowych u roślin. Nie inaczej jest w przypadku gromadzenia białek zapasowych, jednego z etapów rozwoju nasion. Synteza wyników prac prowadzonych na różnych gatunkach roślin wykazała, że współdziałanie kwasu abscysynowego (ABA) i giberelin (GA) oraz kilku białek regulatorowych decyduje o uruchomieniu ekspresji genów kodujących białka zapasowe (SSP). Wśród białek regulatorowych kontrolujących te przemiany są tak czynniki transkrypcyjne LEC1/2 (LEAFY COTYLEDON1/2), ABI3 (ABSCISIC ACID-INSENSITIVE3) oraz FUS3 (FUSCA3) jak również peptydy biorące udział w procesie remodelowania chromatyny PKL (PICKLE). Ostatecznie dochodzi do wzrostu ekspresji genów kodujących białka zapasowe. U łubinów tego typu materiałem zapasowym są konglutyny. W prowadzonych wcześniej badaniach na różnych gatunkach opisano cztery klasy takich peptydów (konglutyny α , β , γ , δ).

Jednym z gatunków łubinów gromadzącym duże ilości białek zapasowych i który z powodzeniem mógłby stać się alternatywą dla soi, jest łubin żółty (*Lupinus luteus* L.). Jego zaletą jest również symbioza z bakteriami *Rhizobium*, dzięki czemu nie wymaga on dodatkowego nawożenia azotem. Jednakże areal upraw łubinu żółtego jest na tyle mały, że produkcja paszy opartej na łubinie jest nieopłacalna. Niewielkie zainteresowanie łubinami przez rolników wiąże się z niestabilnością plonowania, co powoduje niską opłacalność upraw. Powodem tego zjawiska jest odpadanie kwiatów i strąków na wczesnych etapach ich rozwoju lub wytwarzanie nasion nie w pełni rozwiniętych, o małej masie i niskiej zawartości białek.

Wyniki przeprowadzonych przez nas w ostatnich dwóch latach badań pozwoliły zidentyfikować u łubinu żółtego sekwencje kodujące homologów genów *LIPKL*, *LIAB13* oraz kodujące konglutynę β i δ . We wstępnych doświadczeniach ustalono ich aktywność transkrypcyjną w rozwijających się nasionach. Badania te potwierdziły zależności istniejące pomiędzy tymi genami. Wykazano, że drastyczny wzrost ekspresji konglutyn następuje w 25. dniu rozwoju nasion, kiedy odblokowane zostają czynniki transkrypcyjne odpowiedzialne za proces wypełniania nasion.

W zgłaszanej projekcie proponujemy poszerzyć te wstępne badania o ustalenie ekspresji wspomnianych genów także w późniejszych etapach rozwoju nasion łubinu żółtego. Otrzymane wyniki pozwolą nakreślić schemat przemian w procesie akumulacji białek zapasowych na poziomie aktywności transkrypcyjnej kluczowych dla tego procesu genów. Potwierdzeniem tych badań będzie identyfikacja i ustalenie poziomu syntezy białek kodowanych przez badane geny w kolejnych etapach rozwoju nasion łubinu żółtego. Połączenie tych wyników nakreśli mechanizm przemian na poziomie transkrypcyjnym oraz translacyjnym. Dopełnieniem obrazu będą badania mające na celu ustalenie w rozwijających się nasionach endogennego poziomu ABA i GA. Zestawienie uzyskanych wyników da pełny obraz zależności, w ramach badanych genów, białek przez nie kodowanych oraz wybranej pary fitohormonów, do jakich dochodzi w czasie procesu wypełniania nasion. Wcześniejsze doświadczenia prowadzone w Katedrze Fizjologii Roślin i Biotechnologii UMK pokazały w jaki sposób egzogenicznie aplikowane hormony mogą wpływać na modulowanie ekspresji licznych genów. Stosując opryski chcemy wykazać czy ABA i GA podawane w takiej formie mają wpływ także na ekspresję badanych genów oraz czy zmieniają ilości białek oraz ich endogennych odpowiedników w czasie rozwoju nasion u łubinu.

Zaplanowane doświadczenia pozwolą zaproponować model wielopoziomowej regulacji mechanizmów gromadzenia białek zapasowych w nasionach łubinu żółtego odmiany Taper. Odpowiedź na pytanie jak zmieniają się wzajemnie względem siebie ilości fitohormonów, białek oraz ekspresja genów umożliwi wytypowanie newralgicznych punktów w rozwoju nasion. Poprzez zastosowanie egzogennych fitohormonów wykazać można ich wrażliwość na te czynniki, a także zasugerować sposoby postępowania mające na celu optymalizację procesu gromadzenia białek zapasowych u badanego gatunku.