

Identyfikacja mechanizmów regulacji ekspresji genów zależnych od strigolaktonów u jęczmienia oraz sprawdzenie uniwersalności tych mechanizmów w świecie roślin

Głównym celem planowanego projektu jest opisanie mechanizmów regulacji ekspresji genów jęczmienia, zależnych od strigolaktonów. Strigolaktony to najmłodsza grupa hormonów roślinnych, które biorą udział w kształtowaniu architektury części nadziemnej i podziemnej roślin. Ponadto rola strigolaktonów w odpowiedzi roślin na stresy biotyczne i abiotyczne została opisana. Strigolaktony pełnią ponadto funkcję cząsteczek sygnałowych, pośrednicząc w interakcjach między roślinami a bakteriami, grzybami czy roślinami pasożytniczymi.

Najnowsze, niepublikowane jeszcze, wyniki zespołu projektowego pozwoliły na zidentyfikowanie pierwszego mutanta jęczmienia w genie kodującym represor strigolaktonów (mutant *hvd53.f*). Mutant ten produkuje mniejszą liczbę źdźbeł, akumuluje mniejszą ilość chlorofilu oraz wykazuje późniejsze kwitnienie, w porównaniu do odmiany wyjściowej. Represor jest cząsteczką, która hamuje aktywność czynników transkrypcyjnych, z które z kolei kontrolują ekspresję genów znajdujących się pod kontrolą tych czynników transkrypcyjnych. Celem prezentowanego projektu jest zidentyfikowanie czynników transkrypcyjnych oraz genów znajdujących się pod ich kontrolą, których aktywność regulowana jest przez strigolaktony. W tym celu przeprowadzona zostanie mutageneza linii *hvd53.f* i wyprowadzona populacja licząca do 10 000 osobników. Każda z tych roślin oraz jej potomstwo będzie scharakteryzowane, w celu zidentyfikowania form o fenotypie zmienionym, względem linii *hvd53.f*. Oznacza to, że poszukiwane będą rośliny produkujące większą lub mniejszą liczbę źdźbeł w porównaniu do *hvd53.f*, bądź też zmieniony czas kwitnienia czy zawartość chlorofilu. Następnie rośliny o takim fenotypie zostaną poddane sekwencjonowaniu całego genomu w celu identyfikacji mutacji, które odpowiadają za zmieniony fenotyp. Dzięki temu możliwe będzie opisanie pierwszych genów jęczmienia, które działają w szlaku sygnalizacji strigolaktonów, poniżej represora D53.

W kolejnych etapach projektu, zidentyfikowane geny zostaną poddane analizie funkcjonalnej, obejmującej wyindukowane podobnych mutacji w innej odmianie jęczmienia. Ponadto jeżeli zidentyfikowane komponenty sygnalizacji strigolaktonów będą pełniły funkcje czynników transkrypcyjnych, to zostanie podjęta próba opisanie genów zależnych od tych czynników transkrypcyjnych. W tym celu zastosowanie zostanie metoda pozwalająca na globalne analizy tego typu (ChIP Seq) bądź pojedynczych par czynnik transkrypcyjny – gen (użyciem systemów drożdżowych). Natomiast jeżeli nowe zidentyfikowane komponenty szlaku sygnalizacji strigolaktonów będą partnerami dla represora D53, wtedy zbadane zostaną interakcje białko-białko między D53 a nowym komponentem. Finalnie funkcja zidentyfikowanych genów sprawdzona będzie u innego gatunku, *Arabidopsis thaliana*, który jest gatunkiem modelowym dla roślin dwuliściennych.

Na podstawie przeprowadzonych badań będzie możliwe opisanie molekularnych podstaw regulacji ekspresji genów zależnych do strigolaktonów u jęczmienia. A dodatkowo przetestowanie tych mechanizmów u roślin dwuliściennych. W ramach planowanych prac wyprowadzona zostanie populacja supresorowa dla mutanta *hvd53.f*, która stanowić będzie wartościowy materiał do dalszych prac związanych z genetyką jęczmienia.