

W warunkach naturalnych zjawisku suszy często towarzyszy wysoka temperatura, a współdziałanie tych stresów abiotycznych ma swoje odzwierciedlenie w większym spadku produktywności roślin niż w przypadku występowania tych stresów oddzielnie. W kluczowym momencie kształtowania się cech plonotwórczych jęczmienia ważną funkcję pełni liść flagowy, który odgrywa dużą rolę w zaopatrywaniu rozwijającego się kłosa w produkty fotosyntezy. Nasze wcześniejsze badania wskazują, że niedobór wody w stadium liścia flagowego bardziej wpływa na obniżenie wartości cech związanych z komponentami plonu w porównaniu do warunków stresowych pojawiających się we wcześniejszych stadiach rozwojowych jęczmienia.

Celem projektu jest identyfikacja zmian na poziomie transkryptomu oraz proteomu jęczmienia jarego pod wpływem jednoczesnego działania stresu suszy i wysokiej temperatury. Projekt bazuje na hipotezie, że zmiany następujące pod wpływem stresów abiotycznych na poziomie transkryptu nie zawsze odzwierciedlają zmiany ekspresji genów na poziomie proteomu. Komplementarne badania zaplanowane w projekcie pozwolą ocenić stopień podobieństwa tych zmian. Ponadto, projekt przyjmuje hipotezę, że zmiany ekspresji genów na poziomie całego genomu u jęczmienia są różne przy jednoczesnym działaniu stresów abiotycznych w porównaniu do zmian pojawiających się podczas gdy stresy te działają niezależnie od siebie.

Niewiele jest danych literaturowych dotyczących zbóż, w tym także jęczmienia, tłumaczących molekularne mechanizmy leżące u podstaw zmian ekspresji genów pod wpływem współdziałania stresów abiotycznych – a zwłaszcza współdziałania warunków suszy i wysokiej temperatury. Szczególnie badania, w których takie zmiany dotyczą cech liścia flagowego są w niewielkim stopniu prowadzone. Badania w proponowanym projekcie koncentrujące się wokół poznania zmian ekspresji genów pod wpływem wysokiej temperatury, suszy oraz obu połączonych stresów, prowadzone na liściach flagowych jęczmienia z wykorzystaniem najnowszych technik stanowią nowe i oryginalne podejście. Dane uzyskane z sekwencjonowania nowej generacji w połączeniu z analizą bioinformatyczną pozwolą na wyznaczenie zestawu genów o zwiększonej oraz obniżonej ekspresji pod wpływem stresów abiotycznych oraz na identyfikację nowych, do tej pory nierozpoznanych transkryptów. Materiał roślinny w projekcie został tak dobrany aby prowadzić badania na genotypach jęczmienia o zróżnicowanym fenotypie oraz odmiennej podatności na działanie stresu abiotycznego, co stwierdzono na podstawie wcześniejszych badań. Harmonogram uwzględnia badania wstępne polegające na analizie ekspresji wybranej puli genów indukowanych stresami abiotycznymi (suszą i wysoką temperaturą) z wykorzystaniem reakcji PCR w czasie rzeczywistym, mające na celu wybranie punktu czasowego zbioru próbek przeznaczonych do sekwencjonowania RNA oraz analizy proteomu. W projekcie zaplanowano również cało-genomową ekspresję genów poprzez sekwencjonowanie mRNA na platformie Illumina HiSeq 2000, natomiast profile białek zostaną ocenione za pomocą technologii iTRAQ. Wyniki poszczególnych badań oszacowane będą metodami statystycznymi i bioinformatycznymi w sposób właściwy dla danego typu danych

Seria komplementarnych i skoordynowanych doświadczeń przeprowadzonych w projekcie wraz z analizą bioinformatyczną dostarczy nowych danych dotyczących molekularnej charakterystyki odpowiedzi na stres abiotyczny u jęczmienia.