

# POPULARNONAUKOWY OPIS BADAŃ PROWADZONYCH W RAMACH ROZPRAWY DOKTORSKIEJ

## Analiza i charakterystyka metylomu jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) w stresie suszy

Karolina Chwiałkowska

Biotyczne oraz abiotyczne bodźce stresowe są istotnymi czynnikami wpływającymi na produktywność roślin uprawnych. Występujące lokalne deficyty wody prowadzące do suszy w okresie wegetacji są jedną z istotnych konsekwencji zachodzących w ostatnich latach zmianach klimatycznych. Skutkują one obniżoną plennością, co prowadzi każdego roku do znacznych strat ekonomicznych. W związku z tym, istnieje realna potrzeba podjęcia innowacyjnych badań nad mechanizmami związanymi z tolerancją roślin uprawnych na stresi abiotyczne, szczególnie na stres niedoboru wody. Podstawowym celem pracy doktorskiej jest szczegółowa charakterystyka metylomu jęczmienia, jako modelu dla uprawnych roślin zbożowych, oraz ocena wpływu stresu niedoboru wody, na zmiany w metylacji DNA różnych obszarów genomu.

Metylacja DNA należy do grupy modyfikacji epigenetycznych, które nie dotyczą różnic w samej sekwencji DNA, ale wynikają ze zmian skutkujących dołączeniem pewnych specyficznych grup chemicznych do zasad azotowych w DNA lub białek histonowych. Modyfikacje te mogą istotnie wpływać na strukturę chromatyny, regulując jej stopień upakowania w jądrze komórkowym. Metylacja DNA to modyfikacja wynikająca z kowalencyjnego przyłączenia grupy metylowej do pierścienia aromatycznego jednej z zasad azotowych wchodzących w skład DNA - cytozyny. Generalnie uważa się, że metylacja DNA może negatywnie regulować poziom ekspresji genów oraz zapobiegać aktywacji ruchomych elementów powtarzalnych, chroniąc w ten sposób integralności genomu. Procesy dodawania lub usuwania metylacji DNA mogą być indukowane zarówno czynnikami wewnętrznymi jak i zewnętrznymi. Modyfikacja ta może pełnić istotną rolę u roślin w regulacji ekspresji genów w odpowiedzi na niekorzystne warunki środowiskowe jako element mechanizmów adaptacyjnych prowadzących ostatecznie do zmian w metabolizmie oraz regulujących procesy rozwojowe.

Badania realizowane w ramach pracy doktorskiej obejmują charakterystykę metylomu jęczmienia oraz analizę szczegółowej dynamiki zmian w metylacji DNA indukowanych stresem suszy. Szczegółowe analizy dotyczą globalnej oceny charakteru zmian w metylacji DNA jęczmienia zachodzących pod wpływem stresu niedoboru wody, jak i analizy modulacji metylomu wraz z identyfikacją określonych rejonów genomu i jego elementów funkcjonalnych podlegających zmianom w metylacji DNA. Przeprowadzona zostanie również ocena dynamiki zmian w metylacji DNA jęczmienia podczas stresu niedoboru wody oraz po powrocie do optymalnych warunków nawodnienia. Analizie zostanie poddany także poziom ekspresji genów, w obrębie których obserwowane są zmiany w metylacji DNA. Na potrzeby realizacji badań w ramach pracy doktorskiej, dotyczących szczegółowej analizy metylomu oraz identyfikacji konkretnych rejonów genomu podlegających zmianom w metylacji DNA, opracowano nową metodę MSAP-Seq (Methylation Sensitive Amplification Polymorphism Sequencing). Opracowana technika MSAP-Seq, oparta jest na bezpośrednim sekwencjonowaniu metodami nowej generacji (NGS) produktów amplifikacji fragmentów uzyskanych po cięciu metylo-zależnymi enzymami restrykcyjnymi. Zautomatyzowana analiza uzyskanych danych pozwala na globalną identyfikację ogromnej ilości sekwencji, które podlegają zmianom w metylacji DNA a także ilościową ocenę poziomu tych zmian. Badania realizowane w ramach rozprawy doktorskiej dostarczą nowych, istotnych informacji o wzajemnych oddziaływaniach w relacji metylom-transkryptom podczas procesów adaptacyjnych, zachodzących u roślin uprawnych w trakcie ekspozycji na warunki stresowe.