Identyfikacja kluczowych elementów szlaku sygnałowego brasinosteroidów w jęczmieniu w odpowiedzi na stres zasolenia

Kierownik projektu: dr Jolanta Groszyk

Czas realizacji: 01.10.2020 – 30.09.2021

Szlak sygnałowy brasinosteroidów (BR) regulowany jest przez kaskadę reakcji zależnych od kinaz i fosfataz. Rodzina kinaz syntazy glikogenu (ang. *Glycogen Synthase Kinase 3*, GSK3), wśród których najlepiej poznano funkcję kinazy BIN2 (ang. *Brassinosteroid Insensitive 2*) w rzodkiewniku zwyczajnym (*Arabidopsis thaliana* L.) i jej ortologa w ryżu, tj. *Os*GSK2 (*Oryza sativa* L.), determinuje m. in. aktywność czynnika transkrypcyjnego BZR1 (ang. *Brassinazole Resistant 1*). Homeostaza pomiędzy aktywnością GSK3 a BZR1 reguluje rozwój roślin, a jej zaburzenie wpływa na deregulację rozwoju, m. in. poprzez zmiany fenotypu roślin. Bikinina (ang. *BIN2 Kinase Inhibitor*) jest syntetycznym inhibitorem specyficznym dla motywów LEYV i MEYV, charakterystycznych odpowiednio dla drugiej oraz pierwszej i trzeciej grupy kinaz z rodziny GSK3.

Celem projektu była identyfikacja kluczowych elementów szlaku sygnałowego BR w jęczmieniu zwyczajnym (*Hordeum vulgare* L.), uprawianym w warunkach: optymalnych, stresu niedoboru wody (indukowany NaCl), oraz po traktowaniu bikininą w stężeniach prowadzących do zmian fenotypowych w teście odchylenia blaszki liściowej.

Planowana analiza została wykonana z wykorzystaniem dwóch odmian jęczmienia, tj. Golden Promise i Haruna Nijo w 10-ciu wariantach eksperymentalnych. W ramach projektu wykonano analizę transkryptomu celem identyfikacji transkryptów regulowanych przez szlak sygnałowy BR oraz oznaczono aktywność kinazy GSK2 (ortolog *Os*GSK2) i czynnika transkrypcyjnego BZR1. Wyniki wskazują na obniżenie ekspresji genów kontrolujących szlak sygnałowy BR pod wpływem stresu, jednakże traktowanie bikininą tylko w przypadku odmiany jęczmienia o średniej tolerancji zasolenia, tj. Golden Promise indukowało ekspresję genów szlaku sygnałowego w warunkach niedoboru wody. W warunkach kontrolnych ekspresja tych genów nie ulega zmianie zarówno w Golden Promise jak i Haruna Nijo. Podobnie nie wskazano zmian w aktywności kinazy GSK2. Jednakże, analiza czynnika transkrypcyjnego BZR1 w stresie zasolenia wskazała na zmiany w ilości białka w porównaniu do warunków kontrolnych, oraz zmianę jego ilości w stresie zasolenia po traktowaniu najwyższym stężeniem bikininy. Pomimo nieznaczących zmian w ekspresji genów kontrolujących szlak sygnałowy BR, analiza transkryptomu oraz identyfikacja transkryptów o zróżnicowanej ekspresji (ang. *Differentially Expressed Genes*) pozwoliła na identyfikację genów regulowanych przez bikininę. Analiza ontologii genów (ang. *Gene Ontology*) wskazała, że transkrypty te uczestniczą w regulacji rozwoju roślin oraz odpowiedzi na stres.