

Informacje dotyczące zadania 23

„Analiza zmienności epigenetycznej indukowanej stresem suszy oraz ocena jej stabilności transgeneracyjnej w aspekcie tolerancji jęczmienia na stres niedoboru wody”

wykonywanego w ramach programu badań na rzecz postępu biologicznego
w produkcji roślinnej

Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi

Miejsce realizacji zadania: Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra Genetyki

Kierownik zadania: dr Mirosław Kwaśniewski

Streszczenie

Abiotyczne oraz biotyczne bodźce stresowe są istotnymi czynnikami wpływającymi na produktywność roślin uprawnych. Jednym z priorytetowych problemów badawczych w hodowli jęczmienia jest poznanie mechanizmów związanych z odpornością jęczmienia na stresy abiotyczne. Ze względu na zmiany klimatyczne i wzmagające się okresowe niedobory opadów w Polsce, szczególnego znaczenia nabiera analiza procesów decydujących o tolerancji jęczmienia na stres suszy. Jednym z mechanizmów szybkiej, indukowanej środowiskowo odpowiedzi roślin na stres abiotyczny są zmiany epigenetyczne w profilach metylacji DNA, czego konsekwencją mogą być zmiany w aktywności transkrypcyjnej genów decydujących o tolerancji na występujący stres. Celem projektu jest weryfikacja hipotezy zakładającej, że zmiany w metylacji DNA indukowane podczas stresu suszy u jęczmienia mogą mieć pozytywną wartość przystosowawczą. Szczegółowe analizy będą miały na celu wykazanie, (i) czy nowe profile metylacji DNA, powstałe pod wpływem stresu niedoboru wody, prowadzą do zmian w aktywności transkrypcyjnej genów warunkujących odpowiedź na suszę, (ii) czy indukowane zmiany epigenetyczne i zmiany w ekspresji genów mają charakter dziedziczny oraz, (iii) czy w konsekwencji istnieje potencjalna możliwość wykorzystania mechanizmów indukcji nowych profili epigenetycznych i transkrypcyjnych w programach hodowlanych jęczmienia, prowadzących do uzyskania stabilnych linii z epiallelami warunkującymi zwiększoną tolerancję na stres suszy. Planowane badania mają charakter pionierski i przyczynią się do poszerzenia wiedzy o epigenetycznych,

indukowanych środowiskowo mechanizmach związanych z odpowiedzią i tolerancją roślin na stres abiotyczny.

Cele zadania

Celem projektu jest weryfikacja hipotezy zakładającej, że zmiany w metylacji DNA indukowane podczas stresu suszy u jęczmienia mogą mieć pozytywną wartość przystosowawczą. Szczegółowe analizy będą miały na celu sprawdzenie:

(1) czy nowe profile metylacji DNA, powstałe pod wpływem stresu niedoboru wody, prowadzą do zmian w aktywności transkrypcyjnej genów warunkujących odpowiedź na suszę,

(2) czy indukowane zmiany epigenetyczne i zmiany w ekspresji genów mają charakter dziedziczny

(3) czy w konsekwencji istnieje potencjalna możliwość wykorzystania mechanizmów indukcji nowych profili epigenetycznych i transkrypcyjnych w programach hodowlanych jęczmienia, prowadzących do uzyskania stabilnych linii z epiallelami warunkującymi zwiększoną tolerancję na stres abiotyczny - w tym przypadku na stres niedoboru wody.

Planowany okres realizacji zadania: 2014 – 2018 (5 lat)

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej, nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku, a wyniki te są dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.