

Streszczenie w języku polskim

Strigolaktyny (SL) to roślinne hormony o szerokim spektrum działania, odgrywające kluczową rolę w regulacji architektury roślin oraz w odpowiedzi na stresy środowiskowe. Pomimo coraz lepszego poznania szlaku ich biosyntezy i percepcji, molekularne mechanizmy działania SL pozostają nadal niejasne. Celem rozprawy doktorskiej było pogłębienie wiedzy na temat roli SL w regulacji wzrostu i rozwoju jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare*), ze szczególnym uwzględnieniem interakcji SL z innymi hormonami oraz ich funkcji w odpowiedzi na stres suszy. W tym celu przeprowadzono badania zmierzające do identyfikacji czynników transkrypcyjnych zależnych od strigolaktynów.

W pracy wykorzystano dwa mutanty jęczmienia: *hvd14.d*, z mutacją w genie receptora SL (*DWARF14*), oraz zidentyfikowany w ramach rozprawy mutant *hvd53a.f*, z mutacją w genie represora SL (*DWARF53*). Przeprowadzono kompleksowe fenotypowanie tych linii w warunkach kontrolnych oraz stresu suszy, analizując m.in. rozkrzewienie, rozwój systemu korzeniowego, dynamikę wzrostu, zawartość chlorofilu, aktywność fotosyntetyczną oraz poziom reaktywnych form tlenu (ROS). Ujawniono wyraźne różnice pomiędzy mutantami – *hvd14.d* wykazywał zmniejszoną tolerancję na suszę i silnie rozkrzewiony pęd, natomiast *hvd53a.f* prezentował kontrastujący fenotyp związany z ograniczoną liczbą źdźbeł oraz zwiększoną adaptacją do stresu suszy.

W celu identyfikacji mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za obserwowane różnice, przeprowadzono analizy transkryptomiczne i proteomiczne, uwzględniając różne stadia rozwojowe i warunki wzrostu jęczmienia. Uzyskane wyniki ujawniły liczne geny o zróżnicowanej ekspresji (DEG) oraz białka o zmiennym poziomie akumulacji (DAP), związane z sygnalizacją hormonalną, metabolizmem redoks i gospodarką wodną. Wykazano, że *hvd53a.f* aktywuje szlaki związane z metabolizmem oksylipin, glutationu oraz białek z rodziny DEHYDRIN, co może stanowić podstawę zwiększonej tolerancji tej linii na stres suszy.

Ponadto, wykorzystując metody *in silico*, przeprowadzono analizę motywów *cis*-regulatorowych w promotorach genów zależnych od SL oraz ich homologów w *Arabidopsis thaliana*, co pozwoliło na zaproponowanie potencjalnych czynników transkrypcyjnych, które do tej pory nie były łączone ze SL. W tym czynniki transkrypcyjne kluczowe dla regulacji cyklu okołodobowego.

W warunkach stresu suszy zauważono wyraźnie odmienne strategie adaptacyjne pomiędzy analizowanymi genotypami. Mutant *hvd14.d*, pozbawiony funkcjonalnego receptora SL, wykazywał nasilone objawy stresu wodnego, w tym silniejszą akumulację ROS, obniżoną zawartość chlorofilu oraz spadek wydajności procesu fotosyntezy. Z kolei rośliny *hvd53a.f* utrzymywały stabilną aktywność fotosyntetyczną, efektywniejszą gospodarkę wodną oraz zwiększoną aktywność antyoksydacyjną, co sugeruje większy potencjał adaptacyjny tego mutantu.

Uzyskane wyniki dostarczają nowych dowodów na udział SL w koordynacji wzrostu, rozwoju i odpowiedzi na stres suszy u jęczmienia. Praca stanowi istotny wkład w zrozumienie funkcji SL u roślin uprawnych oraz otwiera nowe perspektywy dla wykorzystania tej wiedzy w hodowli odmian lepiej przystosowanych do zmian klimatycznych.