

Rośliny nie mają zdolności przemieszczania się i prowadzą osiadły tryb życia. Nie oznacza to jednak, że bezwolnie poddają się one działaniu czynników środowiskowych, często przecież dla nich niekorzystnych. Świadczy o tym najlepiej ogromny sukces ewolucyjny przedstawicieli królestwa roślin, obejmującego największe i najbardziej długowieczne gatunki żyjące na ziemi. W arsenale „tajnej broni”, którą dysponują rośliny, znamienite miejsce zajmują niskocząsteczkowe związki organiczne, zwane metabolitami wtórnymi lub wyspecjalizowanymi metabolitami. Związki te magazynowane są głównie w wakuolach, w przestrzeniach międzykomórkowych oraz wydzielane na powierzchnię tkanek. Kombinacje metabolitów wtórnych produkowanych przez dany gatunek rośliny są wysoko specyficzne. Dodatkowo poszczególne związki mogą powstawać tylko w niektórych komórkach, tkankach lub organach, a ich stężenie w roślinie może być zmienne w zależności od warunków środowiska i funkcji jaką pełnią.

Wyspecjalizowane metabolity stanowią niezwykle zróżnicowaną grupę cząsteczek o szerokim zakresie aktywności biologicznej. Wiadomo między innymi, że odgrywają ogromną rolę w komunikacji między rośliną, a środowiskiem, zarówno poprzez działanie bezpośrednie, np. odstraszające, jak i pośrednicząc w szlakach sygnalizacji. Do najważniejszych poznanych funkcji tych związków należą ochrona rośliny przed roślinożercami czy pasożytami, ochrona przed mikroorganizmami patogennymi, wabienie owadów, ale także indukowanie i stymulowanie korzystnych interakcji z mikroorganizmami przebywającymi w glebie. Co ciekawe, niektóre szlaki biosyntezy wyspecjalizowanych metabolitów odgrywają kluczową rolę w prawidłowym rozwoju roślin. Przykładowo, u rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana*) gen *MRNI* koduje białko z rodziny cyklasty oksydoskwalenu (OSC), zaangażowane w biosyntezę triterpenoidu – marneralu. Rośliny z wyłączonym genem *MRNI* wykazują opóźnienie embriogenezy i kwitnienia oraz zaburzenia morfologiczne liści.

Na podstawie analiz genomu referencyjnego rzodkiewnika zidentyfikowano w tej roślinie 13 różnych genów OSC. Tymczasem niedawno odkryliśmy, że jeden z nich, tj. *BARS1* dodatkowo uległ duplikacji w znacznej części światowej populacji. U jednej trzeciej z ponad tysiąca przebadanych linii, stwierdziliśmy obecność zarówno *BARS1* jak i jego kopii, którą nazwaliśmy *BARS2*. Są to obecnie dwa najsłabiej poznane geny z tej rodziny w rzodkiewniku. Wiemy, że *BARS1* koduje enzym o niskiej specyficzności, zidentyfikowany jako syntaza baruolu - tetracyklicznego triterpenoidu o nieustalonej roli biologicznej. Poprzez badania asocjacyjne pokazaliśmy, że obecność duplikacji tego genu wiąże się ze zmienioną ekspresją sąsiednich genów i ze zmienionym tempem wzrostu korzeni w roślinach. Ponadto rośliny z duplikacją i bez niej różnią się rozmieszczeniem geograficznym i warunkami klimatycznymi obszarów, z których się wywodzą. Postawiliśmy hipotezę, że te różnice mogą mieć znaczenie adaptacyjne. Jednak dokładne zrozumienie molekularnych mechanizmów leżących u podstaw różnic fenotypowych między liniami wymaga systematycznego zbadania zarówno *BARS1*, jak i *BARS2* oraz poznania ich funkcji.

Naturalne zróżnicowanie liczby kopii *BARS1/BARS2* w populacji dostarcza doskonały model badawczy, który może znacząco wspomóc analizę funkcjonalną tych genów. Dlatego w niniejszym projekcie zamierzamy przeprowadzić dogłębne badania obu genów na poziomie genomu, epigenomu, transkryptomu i metabolomu w liniach różniących się obecnością / brakiem *BARS2*. Zbadamy również genetyczne interakcje i poziom redundancji pomiędzy kopiami, poprzez stworzenie roślin z wyłączonym jednym lub oboma genami, a także roślin wykazujących nadekspresję *BARS1*. Ponadto przeprowadzimy szerokie analizy ekspresji tych genów w różnych warunkach stresu biotycznego i abiotycznego oraz po stymulacji hormonami roślinnymi, aby dowiedzieć się więcej o procesach biologicznych, w których *BARS1* lub *BARS2* mogą być zaangażowane.

Spodziewamy się, że tak wszechstronna charakterystyka obu genów dostarczy nam cenne wskazówki, które w efekcie pozwolą przybliżyć ich rolę biologiczną i zaproponować, a w przyszłości zbadać mechanizmy, które mogą być zaangażowane w procesy adaptacyjne. Ponadto nasze badanie otworzy drogę do bardziej wydajnego wykorzystania różnorodności wewnątrzgatunkowej w celu charakterystyki roślinnych ścieżek metabolicznych. W dłuższej perspektywie przyczyni się to do identyfikacji nowych naturalnych metabolitów o biologicznej aktywności i możliwościach aplikacyjnych.