

Organizmy wielokomórkowe, w tym rośliny i ssaki, są niezwykle złożonymi i precyzyjnie zsynchronizowanymi maszynami. Informacja o budowie i funkcji organów składających się z miliardów różnorodnych komórek, tworzących skomplikowany organizm, zapisana jest w cząsteczkach DNA w postaci genów. Z genów tych wyspecjalizowane wielobiałkowe kompleksy odczytują zawartą informację przepisując ją na cząsteczkę informacyjnego RNA (mRNA). Z jednego genu może powstać wiele różnych informacyjnych mRNA na drodze alternatywnego składania transkryptów. Takie transkrypty wędrują do retikulum szorstkiego, gdzie rybosomy przekształcają kod w nich zapisany na funkcjonalne białka. Z białek zbudowane są wszelkie maszyny odpowiedzialne za wyspecjalizowane procesy komórkowe, np. enzymy przekształcające glukozę w energię, enzymy naprawiające uszkodzenia DNA, itd.

Cząsteczka ludzkiego DNA ma około 2 m długości, a znajduje się w jądrze komórkowym o bardzo małej średnicy, ok. 10 μm. W związku z tym DNA musi być upakowany w struktury wyszereżowane. Taką strukturą jest chromatyna, składająca się z podstawowych jednostek organizacyjnych zwanych – nukleosomami. Nukleosom składa się z nici DNA nawiniętej na rdzeń białkowy, zbudowany z zasadowych białek – histonów. Ponieważ chromatyna jest niezwykle ciasno upakowana w jądrze komórkowym, czynniki białkowe uruchamiające proces odczytywania DNA – transkrypcję – mają utrudniony dostęp do sekwencji docelowych. Dlatego w komórce istnieją wysoko wyspecjalizowane kompleksy przebudowujące chromatynę, umożliwiając innym białkom np. czynnikom transkrypcyjnym dotarcie do sekwencji docelowych w konkretnych genach. Wśród czterech poznanych dotychczas rodzin tych kompleksów, największym i najintensywniej badanym przez biologów molekularnych jest kompleks SWI/SNF. Cztery podjednostki stanowią rdzeń kompleksu SWI/SNF, tzn. tylko one wystarczą do przebudowy chromatyny w warunkach laboratoryjnych. Liczba pozostałych podjednostek jest zmienna i wynosi ok. 5-8. To one rozszerzają zakres funkcjonowania kompleksu SWI/SNF, najprawdopodobniej kierując go w odpowiednie miejsca w chromatynie i umożliwiając wiązanie z innymi białkami. Białkiem zewnętrznym, najczęściej izolowanym wraz z rdzeniem, jest białko z rodziny SWP73.

W genomie *Arabidopsis* (rzodkiewnika pospolitego) zapisane są dwa białka tego typu: SWP73A i SWP73B. Białko SWP73B bierze udział w rozwoju liści, regulacji czasu kwitnienia, a także w tworzeniu tkanki przyrannej, odpowiedzi na promieniowanie UV i w regulacji cyklu komórkowego. Dodatkowo, ostatnio opublikowane dane wskazują na globalny zakres działania białek SWP73A i B na chromatynie przez pozycjonowanie nukleosomów, a także wskazują na to, że poszczególne białka mają zarówno unikalne jak i wspólne funkcje. SWP73A bierze udział w kontroli czasu kwitnienia i embriogenezie, zaś SWP73B jest generalnym modulatorem wielu etapów rozwojowych, przede wszystkim rozwoju liści i kwiatów. Inaktywacja genu SWP73A nie powoduje zmian fenotypowych i mutant w tym genie wygląda jak roślina dzika, zaś mutant *swp73b* jest karłowaty, ma zaburzony rozwój liści, kwiatów i jest bezpłodny. Co niezwykle interesujące, roślina pozbawiona obu tych genów obumiera na bardzo wczesnym etapie formowania zarodka. Wiadcząco o tym, że białko SWP73A może być zastępowane przez SWP73B i że obydwa te białka mogą brać udział w regulacji tych samych procesów. Natomiast SWP73B pełni dodatkowo unikalne funkcje i nie może być w żaden sposób zastąpione przez białko SWP73A. Dlatego wpływ częściowej lub całkowitej utraty SWP73A widoczny jest dopiero przy braku SWP73B. Funkcja SWP73A i wzajemne współdziałanie pomiędzy podjednostkami SWP73A i B w kontekście funkcji kompleksu SWI/SNF u *Arabidopsis* nie są poznane, w związku z tym podczas realizacji niniejszego projektu wykorzystamy najnowocześniejsze metody biologii molekularnej i zidentyfikujemy pulę genów, których włączenie i wyłączenie jest zależne od SWP73A. Sprawdzimy, które geny będą miały zaburzoną ekspresję po inaktywacji SWP73A, czy ich działanie jest również zależne od prawidłowo działającego białka SWP73B, a także zbadamy do jakich obszarów chromatyny przyłącza się białko SWP73A. Zidentyfikujemy również procesy, za których regulację odpowiedzialne są białka SWP73A i SWP73B i po zastosowaniu najnowocześniejszych metod biochemicznych i mikroskopii poznamy ich bezpośrednich partnerów. Uzyskane wyniki będą miały istotny wpływ na rozszerzenie wiedzy o regulacji ekspresji genów, która w przyszłości może zostać wykorzystana w projektach naukowych z różnych dziedzin nauki, m.in. biochemii i medycyny.