

Nasiona stanowią najwyższą formę przystosowania do przetrwania i rozprzestrzeniania gatunków w świecie roślin. Podstawowe etapy rozwoju nasion w środowisku naturalnym obejmują dojrzewanie, ustąpienie spoczynku i kiełkowanie. Dla zachowania zasobów genowych w postaci nasion i w konsekwencji zachowania bioróżnorodności świata roślin dodatkowo nasiona poddaje się suszeniu i przechowywaniu. Mechanizmy kierujące fizjologią nasion są skomplikowane i wymagają wyjaśnienia na poziomie molekularnym. Reaktywne formy tlenu (RFT) pełnią podwójną rolę w fizjologii nasion. Przy niskim stężeniu działają jako czynniki sygnałowe natomiast przy wysokim stężeniu działają toksycznie wprowadzając warunki stresu oksydacyjnego. Wąskie zmiany w rozwoju nasion, takie jak dojrzewanie, ustąpienie spoczynku i kiełkowanie są sygnalizowane przez produkcję RFT. RFT utleniają metioninę (Met) w białkach do sulfotlenku metioniny (MetSO). Natomiast specyficzne reduktazy sulfotlenku metioniny (Msrs) odwracają tę reakcję. Celem naukowym projektu jest wykazanie, że cykliczne zmiany Met/MetSO w białkach stanowią nowy mechanizm kierujący podstawowymi etapami rozwoju w fizjologii nasion - w szczególności dojrzewaniem nasion, wrażliwością na odwodnienie, spoczynkiem i kiełkowaniem nasion. W tym celu zostaną wykonane analizy biochemiczne i proteomiczne, fizjologiczne, genetyczne i bioinformatyczne wraz z użyciem nowoczesnych technik mikroskopowych. Pomogą one wyjaśnić jakie są skutki sygnalizacji redoks na poziomie molekularnym dla fizjologii nasion. Analizy obejmować będą oznaczenie stężenia RFT i poziomu MetSO w białkach; identyfikację i charakterystykę bioinformatyczną białek zawierających MetSO; pełną charakterystykę systemu Msrs (identyfikację genów MsrA i MsrB, oznaczenie ilościowe ich produktów białkowych wraz z lokalizacją subkomórkową, oznaczenie aktywności enzymatycznej Msrs i dostępnoci czynnika sygnałowego o charakterze redukującym); ocenę stanu redoks komórek nasion (wylączenie potencjału redoks). Rezultaty badań umożliwią wytypowanie białek wysoko istotnych dla regulacji fundamentalnych etapów rozwoju w fizjologii nasion. A także poznanie na jakie szlaki metaboliczne i procesy biochemiczne w nasionach mają wpływ białka podlegające cyklicznym zmianom redoks Met/MetSO. Wyniki badań przyczynią się do pełniejszej charakterystyki poszczególnych etapów rozwoju i fizjologii nasion na poziomie molekularnym i zapełnią luki w wiedzy w dziedzinie biologii nasion.