

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Celem proponowanego projektu jest określenie roli niskocząsteczkowych regulatorowych RNA i ich genów docelowych w rozwoju organów generatywnych u łubinu żółtego.

Łubin żółty (*Lupinus luteus* L.), podobnie jak pozostałe gatunki roślin należące do rodziny bobowatych (*Fabaceae* L.), ma olbrzymie znaczenie praktyczne. Charakteryzuje się dużą ilością cennego białka w materiale zapasowym przez co znajduje zastosowanie jako źródło paszy, a dzięki symbiozie z bakteriami brodawkowymi, umożliwiającymi roślinie wykorzystanie do wzrostu azotu atmosferycznego, jest naturalnym źródłem wzbogacającym glebę w azot. Zawiązywanie i rozwój kwiatów, a także owoców łubinów, mają kluczowe znaczenie dla produktywności tych roślin. Ten etap rozwoju wiąże się jednak z niepożądanym zjawiskiem, jakim jest odpadanie kwiatów i strąków.

Niewiele wiadomo o molekularnych mechanizmach zarówno rozwoju, jak i przyczyn odpadania organów generatywnych u łubinu. Ponadto, brak badań dotyczących zaangażowania tak ważnych cząsteczek regulatorowych, jakimi są bez wątpienia krótkie ~ 21 nt niekodujące sRNA, a mianowicie miRNA i siRNA, uczestniczące w potranskrypcyjnej kontroli aktywności swoich genów docelowych. sRNA biorą udział w procesie wyciszania genów, którego mechanizm polega na wiązaniu na zasadzie komplementarności specyficznej cząsteczki mRNA kodującej określone białko i prowadzenia do cięcia w obrębie związanej sekwencji, bądź też hamowania translacji czyli syntezy białka. Badania na różnych gatunkach roślin wskazują, że wiele genów istotnych dla rozwoju kwiatów i owoców jest regulowanych przez miRNA. Mikro RNA są także zaangażowane (razem z siRNA) w regulację szlaku transdukcji sygnału auksyn, fitohormonu istotnego m.in. dla rozwoju organów generatywnych, jak i funkcjonowania warstwy odcinającej.

Zestawienie danych literaturowych i wyników naszych wstępnych badań pozwalają postawić hipotezę, że sRNA mogą pełnić niebagatelną funkcję w regulacji równowagi hormonalnej oraz odpowiedzi na warunki środowiskowe. Te czynniki zaś wpływają na efektywny przebieg rozwoju generatywnego łubinu żółtego. Aby zrealizować wyznaczony, w proponowanym projekcie, cel konieczna jest identyfikacja mikro oraz siRNA, a także ich genów docelowych charakterystycznych dla poszczególnych etapów rozwoju oraz utrzymywanych i odrzucanych kwiatów u łubinu. Następnie, określenie zmian ich ekspresji w rozwijających się organach generatywnych oraz pod wpływem różnych czynników, takich jak warunki uprawy oraz aplikacja fitohormonów.

Do realizacji projektu proponujemy zastosowanie szeregu najnowszych technik biologii molekularnej. Planujemy m.in. wykorzystać sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) bibliotek niskocząsteczkowych RNA i transkryptomów. Zastosowanie tej techniki umożliwia analizę kompleksowych zmian w akumulacji mikro i siRNA oraz transkryptomów, a także selekcję specyficznych sRNA i ich genów docelowych dla badanego procesu i gatunku.

Wyniki badań proponowanych w niniejszym projekcie będą mieć istotne znaczenie dla poszerzenia wiedzy o biologii łubinu i ewolucyjnego zachowywania istotnych mechanizmów regulujących rozwój roślin. Dadzą również odpowiedzieć na pytanie, czy istnieje zależność między akumulacją miRNA i ilością transkryptu jego genu docelowego, a efektywnym rozwojem organów generatywnych. Nowością, dotychczas nie podejmowaną w badaniach, jest zaplanowana identyfikacja miRNA związanych z procesem odcinania organów generatywnym. Niezwykle istotne, w świetle obecnego zainteresowania światowych badaczy zaangażowaniem sRNA w interakcje z działaniem fitohormonów oraz odpowiedzi stresowe, jest ustalenie wpływu czynników egzogennych (suszy i fitohormonów) na akumulację zidentyfikowanych sRNA, ich prekursorów oraz genów docelowych. Realizacja proponowanego projektu umożliwi na znaczące pogłębienie wiedzy na temat zaangażowania niskocząsteczkowych regulatorowych RNA w regulację rozwoju roślin.