

STRESZCZENIE POPULARNONAUKOWE PROJEKTU

Stres suszy spośród wszystkich stresów abiotycznych jest wskazywany jako największe zagrożenie dla upraw. Na pytanie **czy susza dotyczy Polski, a zatem czy badania związane z tym tematem są w Polsce uzasadnione**, twierdząca odpowiedź zawarta jest w najnowszym raporcie IUNG z roku 2015, który jasno wskazuje na **zagrożenie suszą arealów uprawnych w Polsce**. A zatem, istnieje duża potrzeba prowadzenia badań podstawowych, które mogą mieć w dalszej przyszłości zastosowanie w badaniach o charakterze bardziej aplikacyjnym. Odpowiedź roślin na stres suszy jest niezwykle skomplikowaną siecią interakcji genów i białek. Istotnym regulatorem hormonalnym odpowiedzi na deficyt wody jest **kwab abscysynowy**, zwany hormonem stresu.

Wykazano, że mutacje typu knock-out w genach kodujących negatywne regulatory ABA, do których należy m.in. CBP20 i CBP80, powodują podniesienie tolerancji na stres suszy u Arabidopsis. Wspomniane geny kodują odpowiednio mniejszą i większą podjednostkę kompleksu CBC. CBC jest heterodimerem wiążącym strukturę czapeczki mRNA, zaangażowanym w procesy związane z metabolizmem RNA i biogenezą miRNA. Sekwencje obu podjednostek CBC (CBP80 i CBP20) są silnie konserwowane i wykazują wysokie podobieństwo u tak odległych organizmów jak drożdże, rzodkiewnik i człowiek, co sugeruje, że stanowią one istotny element regulatorowy komórki. CBP20 bierze czynny udział w kierowaniu kompleksu CBC do jądra, wiąże się bezpośrednio ze strukturą czapeczki i stabilizuje kompleks CBC. **Szczególnie interesujące jest zaangażowanie CBP20 w: (1) silnie konserwowaną podstawową maszynę komórki (metabolizm RNA, biogeneza miRNA), a jednocześnie w (2) niezwykle dynamiczną i zależną od warunków środowiska sieć sygnałową odpowiedzi na stres**. Wciąż brak jest wystarczającej wiedzy umożliwiającej wytłumaczenie fenotypu mutantów w genie *CBP20* w odpowiedzi na deficyt wody mechanizmem molekularnym działania signalosomu CBP20. **Przypuszczamy, że CBP20 pełni rolę nadrzędnego regulatora odpowiedzi na stres suszy**, który poprzez regulację podstawowych procesów komórkowych moduluje sieć sygnałową odpowiedzi na stres.. Sądzymy, że CBC poprzez negatywną regulację hamuje działanie pozytywnych regulatorów odpowiedzi na ABA/ stres suszy. Natomiast u mutantu, pozbawionego omawianego 'hamulca sygnału ABA', w warunkach stresu suszy dochodzi do transdukcji sygnału poprzez niezaburzone działanie pozytywnych regulatorów sygnału ABA, aż do uzyskania tolerancji na stres suszy.

Materiał badawczy w proponowanych badaniach stanowić będą mutanty Arabidopsis i jęczmienia w genie *CBP20*. **Głównym celem proponowanego projektu jest wyjaśnienie podstaw mechanizmu działania signalosomu CBP20 w warunkach stresu u Arabidopsis i jęczmienia korzystając z możliwości badań w nurcie genomiki translacyjnej**. Uważamy, że wykorzystanie kombinacji (1) nowoczesnych metod biologii molekularnej do analizy globalnego profilu ekspresji jak RNA-Seq i smallRNA-Seq wraz z analizą filogenetyczną uzyskanych danych, (2) analizy funkcjonalnej mutantów insercyjnych (*A. thaliana*) i wyprowadzonych z zastosowaniem strategii TILLING (*H. vulgare*) w wybranych genach o zróżnicowanej ekspresji na podstawie analiz transkryptomu, (3) analizy poziomu wybranych na podstawie danych z analiz smallRNA-Seq cząsteczek miRNA wraz z ich prekursorami, których działanie jest potencjalnie związane z CBP20 umożliwi weryfikację powyższych hipotez badawczych.

Uważamy, że prowadzenie badań transkryptomycznych z wykorzystaniem dwóch odległych gatunków umożliwi nam zdefiniowanie istotnych elementów signalosomu CBP20, a następnie zgodnie z podstawowym założeniem genomiki translacyjnej poddane zostaną szczegółowej analizie w celu poznania regulacji i usieciowania struktury sygnalizacyjnej odpowiedzi na stres zależnej od CBP20 u obu gatunków. Uważamy, że zastosowany przez nas układ eksperymentalny umożliwi wzbogacenie dotychczasowego stanu wiedzy na temat odpowiedzi roślin na suszę, ze szczególnym uwzględnieniem signalosomu CBP20 u Arabidopsis i jęczmienia. Zakładamy, że zastosowanie proponowanego podejścia eksperymentalnego pozwoli na uzyskanie danych, które umożliwią w przyszłości sterowanie odpowiedzią na stres niedoboru wody nie tylko u badanych w projekcie gatunków roślin.