

Rośliny, jako organizmy niezdolne do zmiany miejsca, w którym rosną, są nieustannie poddawane różnym stresom środowiskowym. Do głównych czynników wpływających niekorzystnie na wzrost i metabolizm roślin należy zaliczyć promieniowanie UV, działanie różnych substancji chemicznych jak m.in. czynniki alkilujące oraz stres spowodowany takimi warunkami środowiskowymi, jak np. chłodem, suszą czy zasoleniem. Powyższe czynniki mogą blokować główne procesy komórkowe, być przyczyną mutacji, a także powodować śmierć komórki bądź całego organizmu. Występowanie wymienionych powyżej warunków środowiskowych wpływa negatywnie na wzrost roślin, przez co może zmniejszyć się ich biomasa, a także mogą one mieć negatywny wpływ na jakość plonów roślin uprawnych.

W związku z tym rośliny wykształciły szereg mechanizmów pozwalających im przetrwać w niekorzystnych warunkach. Istotną rolę w przystosowaniu do takich warunków odgrywają ścieżki przekazywania sygnału za pomocą hormonów oraz różne szlaki metaboliczne.

Uruchomienie mechanizmów odpowiedzi na niekorzystne warunki środowiskowe wymaga wykorzystania informacji genetycznej, która u wszystkich organizmów żywych zapisana jest w podwójnej nici DNA. Cząsteczka DNA w każdej, mikroskopijnej wielkości komórce, może mieć długość przekraczającą 1 m. Upakowanie tak długiej nici w jądrze komórkowym wymaga ciasnego zawinięcia nici DNA na białkach histonowych w wyniku czego powstaje chromatyna. Minusem takiego rozwiązania jest oczywiście utrudniony dostęp do informacji genetycznej, która musi być odczytywana w sposób niezwykle precyzyjny w celu zapewnienia prawidłowego funkcjonowania komórki i całego organizmu. Dlatego każda komórka eukariotyczna posiada różnorodne i skomplikowane maszynie białkowe na przykład kompleksy przebudowujące chromatynę, ułatwiające dostęp do rejonów DNA, których odczytywanie jest niezbędne dla uruchomienia odpowiedzi na warunki stresowe i inne czynniki wymagające adaptacji.

Zaproponowane przez nas badania mają na celu ustalenie funkcji biologicznej oddziaływania wybranego kompleksu przebudowującego chromatynę z białkiem ALKBH10B w odpowiedzi roślin na różne stresy środowiskowe oraz działanie hormonów roślinnych. Przeprowadzone przez nas badania wstępne wskazują na to, że białko ALKBH10B zidentyfikowane przez nas jako partner powyższego kompleksu, w przeciwieństwie do bakteryjnego białka AlkB, nie naprawia uszkodzeń w DNA spowodowanych czynnikami alkilującymi, a jego funkcja jak dotąd nieznana, może być związana z kontrolą dostępu do informacji genetycznej u roślin. Badania przeprowadzone w ramach stażu w Instytucie im. Maxa Plancka w Gołm wykażą czy oddziaływania te są istotne dla powstawania ponad 100 produktów metabolizmu u roślin pozbawionych funkcjonalnego białka ALKBH10B oraz wybranych elementów kompleksu przebudowującego chromatynę. Dodatkowo, badania te pozwolą określić, w jaki sposób białko ALKBH10B i maszynie regulująca dostęp do informacji genetycznej wpływa na procesy metaboliczne w roślinie.

Określenie roli oddziaływań białka ALKBH10B z kompleksem remodelującym chromatynę może przyczynić się do poznania mechanizmów komórkowych prowadzących do zwiększonej odporności na niekorzystne warunki środowiskowe. Proponowane badania wpłyną również na poszerzenie wiedzy o mechanizmach obronnych roślin, odpowiedzi na hormony roślinne, a także kontroli metabolizmu, co istotnie wpłynie na poziom naszej wiedzy o procesach regulujących funkcjonowanie roślin. Wymiernym efektem proponowanego projektu będzie rozprawa doktorska, publikacja naukowa w renomowanym międzynarodowym czasopiśmie oraz doniesienia na krajowych i zagranicznych konferencjach naukowych.