

Hiperycyna, jest związkiem naturalnie występującym u niektórych gatunków z rodzaju dziurawiec (*Hypericum*), który w ostatnich latach jest obiektem znacznego zainteresowania naukowców. Związek ten wykazuje obiecujący potencjał terapeutyczny w leczeniu nowotworów, zaburzeń kardiologicznych i neurologicznych, zakażeń HIV itp. Hiperycyna jest równie skuteczna jak większość konwencjonalnych leków przeciwdepresyjnych (Prozac®, Zoloft® i Paxil®), lecz w przeciwieństwie do nich nie powoduje prawie żadnych skutków ubocznych (Rahimi i in. 2009, Linde i in. 2015). Obecnie hiperycyna została uznana za ważną, wielofunkcyjną cząsteczkę aktywną, która może mieć zastosowanie w nowych terapiach (Karioti i Bilia 2010; Zhu i in. 2014). Cząsteczka ta jest wrażliwa na działanie światła, dlatego też badane są właściwości hiperycyny do fotowzbudzania, a tym samym do zastosowania jako fluorescencyjne narzędzie diagnostyczne i w leczeniu nowotworów z wykorzystaniem terapii fotodynamicznej (Kleeman i in. 2014, Straub i in. 2014, Liu i in. 2015, Laffers i in. 2014). Hiperycyna już od czasów starożytnych wykorzystywana jest jako lek wielofunkcyjny. Jednakże, pomimo różnych zastosowań w przemyśle farmaceutycznym i medycznym, biosynteza hiperycyny jest stosunkowo słabo poznana, głównie z powodu braku informacji o genach uczestniczących w tym szlaku.

W świetle jednego z wyzwań społecznych na lata 2014-2020 zdefiniowanych przez Komisję Europejską w ramach Horyzontu 2020 jakim jest zwiększenie dostępności związków, które mogą zostać wykorzystane w przemyśle, badanie i zrozumienie szlaku biosyntezy hiperycyny posiada wielką wartość naukową i przemysłową. W ramach tego projektu zamierzamy użyć najnowszych technik z zakresu biologii molekularnej, by znaleźć wyjaśnienia dotyczące molekularnych/ genetycznych podstaw biosyntezy tego związku.

Podstawowym zadaniem tego projektu będzie screening różnicowy transkryptów oraz identyfikacja domniemanych genów biorących udział biosyntezie hiperycyny. Geny, które są w różny sposób aktywne w materiale roślinnym *Hypericum* posiadającym lub nie posiadającym ciemne gruczołki i produkującym lub nie hiperycynę, będą identyfikowane i izolowane. Funkcja tych genów zostanie potwierdzona poprzez zastosowanie podejść genomiki funkcjonalnej, takich jak wyciszenie genów i nadekspresja. Fenotypy tych zmienionych roślin będą oceniane na poziomie rozwoju ciemnych gruczołków na liściach oraz produkcji hiperycyny.

Stosując takie podejście jesteśmy w stanie wyjaśnić szlak biosyntezy hiperycyny, co przyniesie nie tylko korzyści dla badań podstawowych, ale także w dalszej perspektywie dla nauk stosowanych.

W związku z tym, iż dziurawiec zwyczajny (*H. perforatum*) jest jednym z najpowszechniej wykorzystywanych roślin leczniczych świata, charakterystyka jego szlaku biosyntezy jest niezmiernie ważna z punktu widzenia gospodarki opartej na wiedzy.