

Obserwowane zmiany klimatyczne takie jak ocieplenie klimatu, pojawiające się susze oraz zanieczyszczenie środowiska mogą znacząco przyczynić się do obniżenia plonów roślin uprawnych. Jednocześnie przewiduje się, że zasoby fosforanów (pochodzących głównie z Maroka) używanych do produkcji nawozów sztucznych mogą zostać wkrótce wyczerpane. Stanowi to poważne wyzwanie dla produkcji żywności w szczególności w kontekście przewidywanego wzrostu populacji ludzkiej. Przewiduje się, że do roku 2050 może ona osiągnąć liczbę 9,2 mld ludzi. Fosforany stanowią dostępne dla roślin źródło fosforu. Jest on niezbędny do prawidłowego wzrostu roślin. Wchodzi w skład kwasów nukleinowych, fosfolipidów, co więcej hydroliza ATP dostarcza komórkom energii, a fosforylacje białek regulują funkcjonowanie wielu szlaków metabolicznych. Wszystkie te uwarunkowania spowodowały, że zainteresowaliśmy się badaniem wpływu stresów abiotycznych takich jak wysoka temperatura czy niedobór fosforanów na funkcjonowanie roślin, w tym jęczmienia. Zaobserwowaliśmy, że wysoka temperatura wpływa, głównie hamująco na ekspresję genów związanych z pobieraniem, transportem i regulacją poziomu fosforanów w roślinie. Pomimo jednak istotnych zmian na poziomie transkrypcyjnym jęczmień utrzymuje stabilny poziom fosforanów w komórce. Dzieje się tak dlatego, gdyż obniżeniu ekspresji genu transportującego fosforany z gleby do korzenia towarzyszy również obniżenie ekspresji genu kodującego białko biorące udział w transporcie fosforanów do ksylemu. Powoduje to zmniejszenie transportu fosforanów z korzenia do części nadziemnej jęczmienia. Nasze dotychczasowe badania koncentrowały się na analizie zmian ekspresji genów. W proponowanym projekcie chcielibyśmy sprawdzić jak odpowiadają białka związane z regulacją poziomu fosforanów w warunkach stresu wysokiej temperatury. Interesuje nas, jaki wpływ na poziom tych białek ma zawartość fosforanów w glebie. Zakładamy, że niektóre zmiany poziomu białek mogą być wynikiem ich degradacji na drodze zależnej od ubikwityny. Białko PHO2 jest enzymem sprzęgającym ubikwitynę typu E2, który przenosi cząsteczkę ubikwityny, zaś białko typu E3 (NLA) jest ligazą, która przyłącza ubikwitynę do docelowego białka. To ostatnie jest następnie kierowane do 26S proteasomu gdzie ulega degradacji. Stosując nowoczesne metody, w tym drożdżowy system dwuhybrydowy, analizę typu FRET-FLIM oraz pomiary SAXS (Small-Angle X-Ray Scattering) chcemy zidentyfikować białka partnerskie dla kompleksu białek PHO2/NLA. Jednocześnie w oparciu o dane eksperymentalne stworzymy model struktury białek PHO2, NLA. W efekcie końcowym uzyskamy informacje, które przyczynią się do poznania, w jaki sposób dochodzi do regulacji poziomu białek związanych z utrzymaniem homeostazy fosforanowej w jęczmieniu. Czy regulacja ta odbywa się na etapie transkrypcyjnym, czy może potranslacyjnym. Otrzymane rezultaty przyczynią się w przyszłości do wprowadzenia nowych odmian roślin oraz nowych sposobów hodowli jęczmienia (zboż) w warunkach podwyższonej temperatury i niedoboru fosforanów.