

Niekorzystne warunki środowiska stanowiły zawsze poważny problem dla rolnictwa. Obecnie, globalne zmiany klimatu powodujące zasolenie i pustynnienie coraz większych obszarów sprawiają, że sytuacja staje się groźna nie tylko dla przyszłości rolnictwa, lecz również dla środowiska, w którym żyjemy. Zrozumienie szlaków przesyłania sygnałów, które kontrolują tolerancję roślin na stres jest ważna do opracowania strategii walki z negatywnymi efektami zmian klimatycznych wpływających znacząco na rozwój i wzrost roślin.

Projekt dotyczy kinaz białkowych SnRK2 (SNF1-related kinases 2), kinaz specyficznych dla roślin, które uczestniczą w regulacji odporności roślin na niedobór wody oraz zasolenie. W oparciu o analizę filogenetyczną wszystkie kinazy z rodziny SnRK2 zostały podzielone na trzy grupy. Klasyfikacja ta jest skorelowana z regulacją aktywności kinaz SnRK2 przynależnych do poszczególnych grup w odpowiedzi roślin na kwas abscysynowy (ABA, z ang. abscisic acid). Kinazy grupy 1 to kinazy nieaktywowane przez ABA, kinazy grupy 2 również nie są aktywowane przez ten fitohormon, lub aktywacja ich jest nieznaczna, natomiast kinazy grupy 3 są silnie aktywowane przez ABA. Dotychczas najintensywniej badane były kinazy SnRK2 aktywowane przez ABA; odgrywają one kluczową rolę w szlakach sygnałowych indukowanych przez ABA. Poznano wiele substratów tych kinaz; należą do nich m.in. białka kanałów jonowych zaangażowanych w zamykanie aparatów szparkowych, akwaporyny, czynniki transkrypcyjne zależne od ABA. Zdecydowanie mniej jest informacji na temat kinaz SnRK2 grupy 1, kinaz, których aktywacja nie zależy od ABA. Kinazy te są aktywowane w już w pierwszych minutach stresu osmotycznego i uczestniczą w regulacji wzrostu korzeni i ich architektury w odpowiedzi rośliny na zasolenie.

Wyniki naszych analiz fosfoproteomicznych, które wykonaliśmy w celu identyfikacji substratów tej grupy kinaz pokazały, że kilka białek wiążących RNA uczestniczących w alternatywnym splicingu pre-mRNA lub biogenezie miRNA jest potencjalnymi substratami kinaz SnRK2 nieaktywowanych przez ABA. Potwierdziliśmy, że niektóre z nich są faktycznie fosforylowane przez badane kinazy. Wyniki te wskazują, że kinazy SnRK2 w odpowiedzi roślin na zasolenie najprawdopodobniej regulują ekspresję genów nie tylko na poziomie transkrypcji, lecz również potranskrypcyjnie. Podczas realizacji projektu planujemy potwierdzić fosforylację *in vitro* i *in vivo* białek wiążących RNA, które są potencjalnymi substratami SnRK2, zidentyfikować reszty aminokwasowe ulegające fosforylacji, jak również ustalić rolę tych fosforylacji w alternatywnym splicingu pre-mRNA i biogenezie miRNA. Zamierzamy zbadać wpływ fosforylacji tych białek na ich lokalizację wewnątrzkomórkową, wiązanie RNA oraz oddziaływanie z innymi białkami.

W badaniach zamierzamy zastosować metody z zakresu fizjologii roślin, biologii molekularnej, biochemii, biofizyki i bioinformatyki wykorzystując zarówno klasyczne, jak i bardzo nowoczesne techniki badawcze takie jak sekwencjonowanie RNA czy proteomikę.

Wyniki będące rezultatem realizacji projektu powinny poszerzyć naszą wiedzę na temat roli kinaz SnRK2 w odpowiedzi roślin na zasolenie oraz na temat mechanizmów regulujących biogenezę miRNA i alternatywny splicing pre-mRNA w warunkach stresu. Tym samym uzyskane informacje pozwolą lepiej zrozumieć szlaki przesyłania sygnałów indukujące mechanizmy obronne roślin w odpowiedzi na niekorzystne warunki środowiska.