

W naszej informacji genetycznej (DNA), zapisane jest, jak nasze organizmy mają powstać, wyglądać i funkcjonować. Nie byłoby to jednak możliwe, gdyby nie skomplikowana maszyna, która zajmuje się wieloetapowym wykonywaniem tego, co jest w niej zapisane. Zasada ta dotyczy całego świata ożywionego, wszystkich organizmów na Ziemi. Tak więc niemniej ważne od informacji genetycznej jest jej precyzyjne zrealizowanie. Informacja genetyczna zasadniczo we wszystkich komórkach naszego ciała jest kompletna i taka sama. Może więc dziwić prosta obserwacja, że różne części naszego ciała (oraz ciał innych organizmów) znacznie się od siebie różnią – nie tylko wyglądem, ale i funkcją. Musi za tym kryć się odmienna realizacja owego planu genetycznego w poszczególnych komórkach. Wiadomo, że bardzo duże znaczenie w regulacji, które geny mają być „realizowane”, mają białka zwane histonami. Oddziałują one silnie z DNA, upakowując je w jądrze komórkowym, i regulują jego dostępność do różnych procesów. Co ważne, ta regulacja również może ulegać zmianom, dzięki którym jest możliwa m. in. odpowiedź organizmu na bodźce ze środowiska i dostosowanie się do niego. Jest to możliwe dlatego, że do histonów mogą być dołączane różne grupy chemiczne, zmieniające ich właściwości fizyko-chemiczne i oddziaływanie z DNA bądź prowadzące do asocjacji z tym DNA innych elementów maszyny realizującej program genetyczny. W rezultacie geny mogą być włączane, wyłączane lub może być zmieniany ich poziom aktywności. Oprócz możliwości modyfikacji histonów, w naturze istnieją specjalne histony o już odmiennych właściwościach fizyko-chemicznych, które mogą być używane w komórkach do właściwej regulacji aktywności genów. Nazywają się one wariantami histonowymi.

Jednym z takich wariantów histonowych jest histon H2A.Z. Jest to bardzo ważne białko dla licznych organizmów na Ziemi, tak ważne, że wiele nie mogłoby bez niego żyć – np. muszka owocowa, żaba szponiasta, mysz czy człowiek. Jego umiejscowienie w genomach (tzn. do jakich miejsc w genomie jest przyłączony) sugeruje, że może on mieć znaczącą rolę w regulacji ekspresji (czyli aktywności) genów i pod takim kątem już od jakiegoś czasu jest badany. W swojej pracy doktorskiej postanowiłam zbadać, jaki wpływ na aktywność genów H2A.Z ma w modelowej roślinie *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewniku pospolitym). Szczególnie interesowało mnie, co będzie się z nim działo podczas wymuszonej zmiany ekspresji kilku tysięcy genów, która zachodzi, gdy roślina doznaje stresu suszy i próbuje się do niego dostosować. Choć badania prowadzę na roślinach, uniwersalne występowanie wariantu histonowego H2A.Z i jego ewolucyjna zachowawczość sprawiają, że jego funkcja w organizmach roślinnych może być taka sama również u innych gatunków.

W celu odpowiedzi na zadane pytania poddałam rośliny *A. thaliana* stresowi suszy, a następnie zebrany materiał przygotowałam do analiz całogenomowych. Dzięki temu dowiedzieliśmy się, jakie geny w całym genomie zmieniają swoją aktywność i jak w nich wygląda dystrybucja H2A.Z. Między innymi okazało się, że najwięcej H2A.Z występuje w ciałach genów, które najbardziej zmieniają swoją ekspresję. Jednocześnie aktywowane geny traciły, a wyciszane geny zyskiwały H2A.Z w obrębie swoich ciał. Wynika z tego, że H2A.Z jest szczególnie ważny dla regulacji genów o zmieniającym się profilu ekspresji (w naszym wypadku w odpowiedzi na suszę), a jego obecność w ciele genu ma negatywny wpływ na jego ekspresję. Gdy jednak przyjrzelśmy się obecności H2A.Z na samym początku genów (w tzw. nukleosomie +1), to geny zwiększające ekspresję miały stosunkowo niedużo H2A.Z, a zmniejszające ekspresję przeciwnie – relatywnie dużo H2A.Z. Wskazywałoby to, że H2A.Z mógłby inaczej wpływać na przebieg ekspresji na początku genu i w ciele genu, nie wiadomo jednak, z czego ta różnica miałaby wynikać. Jednym z możliwych wyjaśnień jest możliwość odmiennego przyłączania różnych grup chemicznych do H2A.Z i w ten sposób zmiany jego właściwości (jak zwykle histony, tak i warianty histonowe mogą być modyfikowane). Jedną z takich modyfikacji jest acetylacja, którą udowodniono dla H2A.Z w innych organizmach. Dlatego chciałabym sprawdzić, czy roślinny H2A.Z może być acetylowany przez kompleks acetylotransferazy NuA4. Duże doświadczenie w przeprowadzeniu tego typu eksperymentów ma zespół prof. Jacquesa Côté z Uniwersytetu Laval w Quebec, Kanadzie. Dlatego chciałabym tam wykonać te badania, ale też nauczyć się odpowiednich technik i dalej używać je już w Polsce.