

Katecholaminy to biogenne monoaminy aromatyczne występujące powszechnie w świecie zwierząt, w których pełnią rolę neuroprzekaźników i hormonów stresowych. Związki te zidentyfikowano również w roślinach, choć ich funkcja w tych organizmach nie została dokładnie poznana. Wiadomo, że mogą one brać udział we wzmacnianiu ściany komórkowej, do której wbudowywane są w postaci związanej z innymi pochodnymi fenolowymi, bądź to stanowiąc fizyczną barierę dla patogenów atakujących roślinę, bądź zwiększając potencjał antyoksydacyjny. Katecholaminy są bowiem silnymi przeciwutleniaczami i mają zdolność neutralizowania wolnych rodników (również tych winikających z infekcji patogennej). Katecholaminy są w roślinach również prekursorami w biosyntezie alkaloidów (m.in. morfina, meskalina) czy pigmentów (betalainy, melaniny). Istnieją jednak również dane, że poza funkcją strukturalną, katecholaminy odgrywać mogą w roślinach bardziej złożoną rolę cząsteczek regulatorowych. W zwierzętach, jedną z dokładniej poznanych funkcji hormonalnych katecholamin jest ich wpływ na gospodarkę cukrów (rozpad glikogenu). W roślinach funkcję analogiczną do glikogenu – zapasowej formy cukru i rezerwuaru energii pełni skrobia. Badania katecholamin w ziemniakach sugerują, że również w roślinach katecholaminy wykazują pokrewne działanie – wpływają na rozpad skrobi i wyższy poziom cukrów rozpuszczalnych. W innych badaniach (m.in. na tytoniu) wykazano, że katecholaminy wpływają na wzrost rośliny, prawdopodobnie poprzez interakcje z hormonami roślinnymi. Brak jednak badań, które ostatecznie potwierdziłyby regulatorowe działanie katecholamin w roślinie, dlatego też za cel projektu postawiliśmy sobie poznanie roli jaką pełnią katecholaminy w regulacji procesów fizjologicznych w roślinie. Nasze wstępne dane wskazują na wpływ katecholamin na ekspresję niektórych genów i zmiany w poziomach metabolitów, a także, co równie istotne, na poziom fosforylacji białek. Fosforylacja białek (zwłaszcza enzymów, czynników transkrypcyjnych czy receptorów) wiąże się często z regulacją ich aktywności.

Zamierzony cel osiągnąć chcemy prowadząc kilkuetapowe badania. W pierwszym rzędzie ustalimy warunki traktowania roślin katecholaminami, co zweryfikujemy badając poziom transkryptów genów związanych ze szlakiem fenylopropanoidowym, co do których na podstawie naszych wcześniejszych badań wiadomo, że regulowane mogą być katecholaminami oraz zawartość odpowiadających im metabolitów. Następnie zbadamy czy katecholaminy wpływają na ekspresję genetyczną poprzez analizę całego transkryptomu rośliny poddanej działaniu katecholamin. Naszą szczególną uwagę zwrócimy ku genomowi związanym z metabolizmem drugorzędowym, w tym z odpowiedzią rośliny na stres, a ich zmiany ekspresji zweryfikujemy techniką ilościowej reakcji PCR w czasie rzeczywistym (qRT-PCR). Ponieważ często obserwuje się korelację między zmianami w metylacji genów i ich poziomem ekspresji, zwłaszcza w warunkach stresu, naszym kolejnym krokiem będzie zbadanie statusu metylacji wybranych na podstawie analizy transkryptomu genów oraz poziomu całkowitej metylacji genomu w roślinach eksponowanych na działanie katecholamin. W następnym etapie, z uwagi na nasze wstępne obserwacje dotyczące wpływu katecholamin na ufosforylowanie białek, zbadamy fosfoproteom roślin traktowanych katecholaminami. Dzięki temu zidentyfikujemy te białka, które ulegają tej modyfikacji posttranslacyjnej wskutek działania katecholamin. Równoległe, mając na uwadze potencjalne sygnałowe funkcje katecholamin, zbadamy poziom cAMP, wtórnego przekaźnika sygnału w komórce. Ponieważ wykazano, że katecholaminy zaangażowane są w odpowiedź rośliny na stres, ziemniaki poddane będą różnym bodźcom stresowym, po czym zmierzony będzie poziom katecholamin w korelacji do zmian w poziomie metabolitów drugorzędowych i związanych z nimi genów. Wybór ziemniaka jako rośliny badanej wynika z naszych wcześniejszych badań katecholamin w tej roślinie. Duże doświadczenie w pracy z tą rośliną, znajomość jej szlaków metabolicznych i opracowana metodologia pozwolą na zakończoną sukcesem realizację proponowanego projektu. W dodatku ziemniak jest ważną rośliną uprawną, więc wyniki naszych badań mogą zaowocować w przyszłości bardziej użytkowymi projektami, szczególnie istotnymi dla przemysłu spożywczego.