

Informacja o rozwoju i funkcjach biologicznych organizmów żywych jest zakodowana w genach – fragmentach kwasu dezoksyrybonukleinowego (DNA), który znajduje się w prawie każdej komórce. Pełna sekwencja DNA danego organizmu nosi nazwę genomu. Informacja genetyczna jest ujawniana podczas ekspresji genów – procesu zaczynającego się od transkrypcji, czyli przepisania informacji z cząsteczki DNA na cząsteczkę kwasu rybonukleinowego (RNA). Transkrypty, czyli fragmenty RNA powstające podczas transkrypcji, są wzorcem do syntezy białek.

DNA jest owinięty wokół histonów tworząc tak zwaną chromatynę. Zanim zacznie się transkrypcja oddziaływania między DNA i histonami muszą być chwilowo rozluźnione. Enzymy, które nazywane są acetylotransferazami histonowymi przyłączają chemiczne cząsteczki acetylowe do histonów i dzięki temu geny stają się dostępne dla polimerazy RNA, która jest enzymem „przepisującym” DNA na RNA. Istnieją również enzymy, które modyfikują bezpośrednio DNA przyłączając lub odrywając inne cząsteczki chemiczne, zwane grupami metylowymi. Metylacja DNA może ułatwiać albo utrudniać transkrypcję – to zależy od tego jaka część genu jest metylowana.

1. Cel projektu i hipoteza badawcza

Elongator to enzym, który łączy się z polimerazą RNA i ułatwia transkrypcję. Elongator ma dwie aktywności – acetyluje histony i modyfikuje metylację DNA. Ten enzym ma tę samą strukturę kompleksu składającego się z sześciu podjednostek u drożdży, roślin i ludzi. U roślin Elongator jest niezbędny do wzrostu, rozwoju, odpowiedzi na stres i do obrony przed patogenami.

Głównym celem tego projektu jest wyjaśnienie roli jaką odgrywa Elongator, gdy bardzo młode rośliny rozwijają się w świetle, czyli podczas fotomorfogenezy. Będziemy badać rolę Elongatora w modelowej roślinie *Arabidopsis thaliana*.

Po kiełkowaniu młode siewki rosną bardzo szybko, a ich liścienie (pierwsze liście) są zwinięte. Kiedy siewki wyłonią się na powierzchnię gleby i zostaną oświetlone przez światło, zaczyna się fotomorfogeneza - wzrost siewek jest zatrzymywany, podczas gdy liścienie rozwijają się. Rośliny mające uszkodzony na skutek mutacji Elongator (mutanty *elo*) mają obniżoną wrażliwość na światło (są dłuższe niż normalne rośliny, a ich liścienie nie są w pełni rozwinięte). Stwierdziliśmy, że w mutantach *elo* geny kodujące pozytywne regulatory fotomorfogenezy są mniej aktywne, podczas gdy gen kodujący białko stymulujące wzrost w ciemności – jest bardziej aktywny.

Przyjeliśmy hipotezę roboczą, że podczas fotomorfogenezy Elongator reguluje ważne geny na drodze acetylacji histonów i/lub modyfikacji metylacji DNA.

2. Badania realizowane w projekcie

Porównamy aktywność genów podczas fotomorfogenezy w mutancie *elo* i w roślinach typu dzikiego, aby zidentyfikować geny, które są mniej lub bardziej aktywne w mutancie. Równolegle zidentyfikujemy geny, do których Elongator wiąże się w genomie *Arabidopsis*. Geny, które zostaną wskazane przez oba testy najprawdopodobniej będą regulowane przez Elongator podczas fotomorfogenezy. Następnie sprawdzimy jak bardzo acetylowane są histony wybranych genów i jak bardzo metylowany jest ich DNA aby zweryfikować która z aktywności Elongatora, odpowiednio transacetylazy histonowej lub metylazy DNA, jest odpowiedzialna za regulację tych genów. Będziemy też krzyżować mutantą *elo* z roślinami w których super-aktywne są te same geny, które mają obniżoną aktywność w mutancie. Liczymy, że super-aktywne geny skompensują deficyt aktywności w mutancie i udowodnimy, że defekty obserwowane w mutancie *elo* są naprawdę wynikiem mało wydajnej transkrypcji.

3. Powody podjęcia badań

Realizując ten projekt chcielibyśmy kontynuować badania, których wyniki niedawno opublikowaliśmy, dotyczące nieznannej wcześniej roli jaką Elongator odgrywa w fotomorfogenezie. Wyjaśnienie funkcji Elongatora w procesie fotomorfogenezy pozwoli na lepsze zrozumienie epigenetycznej kontroli procesów fizjologicznych u roślin, w szczególności podczas regulacji rozwoju przez światło.