

Patogeny roślinne powodują znaczące straty w światowej produkcji roślin. Ocieplenie klimatu, import egzotycznych owoców i warzyw, a także wzmożony ruch turystyczny sprzyjają zawlekanii nietypowych dla naszego regionu szczepów bakteryjnych. Aby opracować nowe i skuteczne sposoby ochrony roślin, musimy dogłębnie poznać na poziomie molekularnym procesy warunkujące zjadliwość bakterii oraz odporność roślin. *Pseudomonas syringae* jest częstą przyczyną chorób bakteryjnych roślin. Dysponuje białkowym aparatem przypominającym strzykawkę, za pomocą którego może wstrzykiwać swoje białka zwane efektorami bezpośrednio do komórki gospodarza. Efektory zazwyczaj ingerują w mechanizmy odpornościowe gospodarza, co sprawia, że są szczególnie niebezpieczne dla roślin. Każdy szczep *P. syringae* posiada zestaw efektorów, który determinuje scenariusz infekcji oraz zakres zasiedlanych gospodarzy.

W niniejszym projekcie zamierzamy badać jedną z rodzin białek efektorowych, która nosi nazwę HopAG1.

Nasze wstępne obserwacje wskazują, że to białko jest obecne w różnych przedziałach komórki roślinnej i oddziałuje z różnymi białkami gospodarza, co może sugerować, że rozregulowuje w komórce wiele procesów życiowych. Przeprowadzone przez nas analizy bioinformatyczne wykazały, że białko HopAG1 zawiera trzy segmenty zwane domenami, które mogą wykazywać przeciwstawne aktywności, tj. ADP-rybozylotransferazy, kinazy i hydrolazy NUDIX. Ponadto białko to może ulegać w komórce roślinnej modyfikacjom działającym jak swoisty przełącznik, który zmienia strukturę białka a tym samym uruchamia jego różne aktywności.

W ramach tego projektu podejmiemy próby sprawdzenia czy białko HopAG1 ulega modyfikacjom w komórce roślinnej. Ocenimy wpływ tych modyfikacji oraz wprowadzonych podstawień w obrębie hipotetycznych motywów na docelową lokalizację komórkową efektora, oddziaływanie z innymi białkami, aktywność enzymatyczną, jak również zjadliwość *P. syringae*. Scharakteryzujemy również oddziaływania ze zidentyfikowanymi już białkami roślinnymi, które wchodzą w interakcje z HopAG1, ale także chcemy znaleźć nowych potencjalnych partnerów. Podejmiemy też kroki, aby wyjaśnić mechanizm działania HopAG1.