

Roślinne metabolity wtórne stanowią niezwykle liczną grupę niskocząsteczkowych związków, które pełnią ważne funkcje w oddziaływaniach roślin ze środowiskiem, w tym funkcje w odporności na infekcję. Co ciekawe, występowanie poszczególnych metabolitów wtórnych jest często ograniczone do wąskich grup filogenetycznych, takich jak rodzina, bądź też rodzaj. Początkowo, niektóre z metabolitów wtórnych uznawano za istotne dla systemu odpornościowego roślin ze względu na ich właściwości antybiotyczne. Wyniki prowadzonych badań wykazały jednak, że oprócz bezpośredniego hamowania rozwoju patogenów związki te mogą też funkcjonować jako cząsteczki sygnałowe, które kontrolują uruchamianie zakonserwowanych w królestwie roślin procesów immunologicznych, takich jak wzmocnienie ściany komórkowej, zamykanie aparatów szparkowych lub programowana śmierć komórki. Wykazano również, że poszczególne metabolity wtórne kontrolują rozwój patogena na ściśle określonych etapach infekcji hamując jego inwazję (penetrację) do komórek roślinnych, lub jego dalsze rozprzestrzenianie się w tkance roślinnej. Nie jest jednak jasne, w jakim stopniu jest to zależne od czasowej i przestrzennej lokalizacji enzymów produkujących te związki, a w jakim stopniu od szczególnych właściwości samych metabolitów. Interesującym wydaje się również fakt, że te same funkcje w odporności różnych gatunków roślin mogą być pełnione przez różne metabolity. Nie jest to może zaskakujące w przypadku związków, które mają działać jako antybiotyki, jednak raczej trudne do wyjaśnienia dla związków, które mają funkcje sygnałów uruchamiających zakonserwowane w królestwie roślin procesy immunologiczne.

W tym projekcie chcemy zbadać w jakim stopniu funkcja metabolitów wtórnych w odporności na infekcję jest zależna od ich czasowej i przestrzennej lokalizacji oraz od garnituru genetycznego rośliny gospodarza. Badane związki obejmą wybrane metabolity produkowane z aromatycznego aminokwasu tryptofanu. Wśród nich znajdują się fitoaleksyny indolowe wytwarzane przez rośliny kapustowate (Brassicaceae), obecne w wielu trawach, w tym również w kukurydzy, glukozydy benzoksazyn oraz serotonina, która również produkowana jest przez wybrane gatunki traw włączając ryż i pszenicę. Aby sprawdzić funkcję tych związków zaaranżujemy ich biosyntezę w mutantach rośliny modelowej *Arabidopsis* (Brassicaceae), które posiadają defekty w biosyntezie własnych metabolitów biorących udział w procesach immunologicznych i w konsekwencji są wysoce podatne na infekcję. Aby uzyskać produkcję tych związków zastosujemy specyficzne sekwencje regulatorowe, które będą powodowały tworzenie się badanych związków w określonych miejscach na ściśle wybranych etapach infekcji. Ocena podatności uzyskanych linii transgenicznych na infekcję pozwoli określić w jakim stopniu „obce” metabolity potrafią zastąpić funkcję oryginalny metabolitów w odporności na infekcję oraz (ii) w jakim stopniu funkcja metabolitów w odporności na infekcję jest zależna od czasowego i przestrzennego wzoru ich akumulacji.

Uzyskane podczas realizacji projektu wyniki powinny poszerzyć naszą wiedzę na temat roli metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin. To może mieć z kolei w przyszłości znaczenie dla uprawy i ochrony roślin. Uzyskane wyniki mogą być wykorzystane podczas selekcji linii gatunków uprawnych reprezentujących rodzinę kapustowatych lub trawy z pożądanym profilem metabolitów, optymalnym dla odporności na infekcję. Dodatkowo nasze wyniki mogą dać podstawy dla racjonalnych modyfikacji szlaków biosyntezy metabolitów wtórnych, które są istotne dla roślinnego systemu immunologicznego.