

Właściwa reakcja na stesy abiotyczne jest warunkiem przetrwania roślin w niekorzystnych warunkach środowiska. Kluczowym elementem tej odpowiedzi jest zmiana wzoru ekspresji genów, która umożliwia adaptację roślin to warunków stresowych.

W komórkach eukariotycznych formą organizacji genomu jest chromatyna – nukleoproteinowy kompleks zbudowany przede wszystkim z DNA i białek histonowych, o podstawowym znaczeniu dla regulacji pierwszych etapów ekspresji genów. Rola chromatyny w regulacji genów stawia zagadnienia związane z mechanizmami wpływającymi na zmiany jej struktury w centrum zainteresowania wielu badaczy. Potranslacyjne modyfikacje histonów należą do najważniejszych mechanizmów przebudowujących strukturę chromatyny i wpływających na ekspresję genów. Złożony wzór modyfikacji histonowych obejmujący zarówno typy jak i poziomy modyfikacji reszt aminokwasowych tych białek jest często określany mianem „kodu histonowego”. Wybrane modyfikacje histonowe mogą pokrywać duże rejony chromatyny lub mogą być skoncentrowane w obszarach regulowanych genów. Naukowcy od wielu dziesięcioleci badają rolę potranslacyjnych modyfikacji histonów w regulacji genów, jednak zróżnicowanie tych znaczników i liczba możliwych kombinacji, pozostawiają wiele pytań na temat wpływu modyfikacji na ekspresję genów. Pomimo to jest już jasne, że u eukariontów modyfikacje histonowe odgrywają kluczową rolę w zmianach wzoru wyrażanych genów, niezbędnych w czasie odpowiedzi komórkowej na działanie czynników zewnętrznych. Badania prowadzone na komórkach ssaczych wskazały na szczególną rolę jednego ze znaczników chromatynowych, fosforylacji histonu H3, która łączy transdukcję sygnału z regulacją transkrypcji genów indukowanych pod wpływem stresu. Wyniki naszych badań pokazały, że u roślin, podobnie jak u zwierząt, dynamiczne i przejściowe zmiany modyfikacji histonów rdzeniowych, określane jako „odpowiedź nukleosomowa”, towarzyszą indukcji różnych ścieżek sygnałowych pod wpływem stresu. W szczególności wykazaliśmy, że szybka i przejściowa zmiana fosforylacji seryny 10 i następująca po niej acetylacja lizyny 14 histonu H3 są ściśle skorelowane z aktywacją genów w odpowiedzi na stres u roślin. Opublikowane prace innych badaczy wykazały, że w komórkach zwierzęcych fosfo-acetylacja histonu H3 jest bezpośrednio zaangażowana w regulację transkrypcji genów na różnych poziomach tego procesu.

U wyższych Eukariontów, w tym u modelowej rośliny *Arabidopsis thaliana*, większość genów zawierających introny podlega splicingowi, co często skutkuje powstawaniem różnych form mRNA z pojedynczego genu. Proces ten umożliwia zwiększenie różnorodności cząsteczek mRNA składających się na transkryptom i w rezultacie zwiększenie kompleksowości proteomu. Wiadomo, że u roślin alternatywny splicing odgrywa kluczową rolę w regulacji ekspresji genów w odpowiedzi na stesy. Wyniki wielu badań wykazały, że splicing zachodzi równolegle z transkrypcją oraz, że struktura chromatyny wpływa na ten proces. Nasze wyniki wstępne wskazują na obecność kompleksu białkowego w komórkach *Arabidopsis*, który jest rekrutowany przez fosfo-acetylowany histon H3. Ten kompleks, który można zaliczyć do elementów odczytujących kod histonowy (ang. „histone reader”), składa się z białek strukturalnie i/lub funkcjonalnie mocno związanych z procesem splicingu. Zarówno u roślin, jak i zwierząt wykazano, że niektóre stabilne modyfikacje pełnią ważne funkcje w splicingu, jednak jak dotąd nikt nie wskazał na rolę w procesie składania genów dynamicznych modyfikacji histonowych takich jak fosfo-acetylacja histonu H3, które pojawiają się w odpowiedzi na stres. **Głównym celem badawczym projektu jest wyjaśnienie związku pomiędzy indukowaną stresem fosfo-acetylacją histonu H3 i splicingiem genów w odpowiedzi na stres zasolenia u *Arabidopsis thaliana*.**

Nasz projekt ma szansę na udowodnienie istnienia dotychczas nieopisanego bezpośredniego związku pomiędzy ścieżkami sygnałowymi, chromatyną, a regulacją splicingu u roślin i tym samym odkrycie nowego sposobu regulacji genów w czasie odpowiedzi roślin na niekorzystne warunki.

Ten projekt pozwoli na lepsze zrozumienie mechanizmów, które są kluczowe dla adaptacji roślin do środowiska. Poznanie ważnych regulatorów ekspresji genów w odpowiedzi roślin na stres może otworzyć nowe perspektywy dla poprawy fenotypowej roślin w tym roślin uprawnych.