

Hormon roślinny kwas abscysynowy (ABA) pełni kluczową rolę w regulacji procesów biologicznych podczas rozwoju, sygnalizacji retrograde i adaptacji roślin do stresu. Od dziesięcioleci zrozumienie percepcji i transdukcji sygnału ABA, było głównym celem badań naukowych na świecie. Dotychczas zidentyfikowano wiele regulatorów sygnalizacji ABA, a wśród nich kinazy i fosfatazy białkowe, czynniki transkrypcyjne, kanały jonowe a także, zupełnie nieoczekiwanie, również białka WHIRLY. Wiadomo, że aktywność ścieżki sygnałowej ABA jest regulowana wieloaspektowo - na poziomie transkrypcyjnym i post-translacyjnym. Regulatory ABA podlegają licznym modyfikacjom m.in. ubikwitynacji. Niestety wpływ tych modyfikacji na funkcjonowanie nowo zidentyfikowanych regulatorów ABA jest obecnie nieznan.

Dlatego też celem projektu jest poznanie mechanizmu komórkowego regulującego funkcjonowanie białek WHIRLY. Proponowane badania mają na celu: 1) analizę wpływu ubikwitynacji na funkcjonowanie i kierowanie białek WHIRLY; oraz 2) określenie funkcji białek WHIRLY w sygnalizacji kwasu abscyzynowego.

Prezentowany projekt dotyczy ważnych i uniwersalnych zjawisk biologicznych a planowane badania umożliwią identyfikację nowych mechanizmów regulujących działanie białek WHIRLY w różnych procesach komórkowych. Co najważniejsze, degradacja białka przez szlak proteasomu 26S stanowi integralną część sygnalizacji hormonalnej u roślin. Dlatego badania planowane w niniejszym projekcie umożliwią identyfikację nowych szlaków sygnałowych, w których pośredniczą białka WHIRLY.