

W niniejszym projekcie zamierzamy wyjaśnić związek między białkiem LHP1 z grupy Polycomb, a histonami łącznikowymi H1 u rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana*. Jako kluczowe elementy chromatyny, kompleksy Polycomb u organizmów eukariotycznych uczestniczą w procesie wyciszenia genów, który stanowi jeden z najważniejszych, epigenetycznych systemów regulacyjnych występujących zarówno u roślin, jak i u zwierząt. Transkrypcyjne wyciszenie zapobiega ekspresji niektórych genów pozwalając tym samym na regulację ważnych procesów rozwojowych, a także na wykształcenie odpowiedzi na czynniki środowiskowe. Aktywność białek z grupy Polycomb (PcG) opiera się na potranslacyjnych modyfikacjach ogonów białek histonowych (białka wiążące DNA tworzące nukleosom, podstawową jednostkę chromatyny) i wymaga aktywności dwóch kompleksów: PRC1 (ang. polycomb repression complex 1) i PRC2 (ang. polycomb repression complex 2). Kompleks PRC2 wiąże DNA jako pierwszy, umożliwiając przyłączenie kompleksu PRC1, co w konsekwencji prowadzi do wyciszenia transkrypcji danego genu. Kompleks PRC1 u roślin zawiera białko LHP1 wykazujące znaczne podobieństwo strukturalne do zwierzęcego białka HP1 (ang. HETEROCHROMATIN PROTEIN 1). Mimo, że mechanizm działania LHP1 w kompleksie PRC1 został sprawdzony, wciąż nie są znane dokładne szlaki regulacyjne. Badania nad zwierzęcymi białkami sugerowały funkcjonalny związek między HP1 a histonami łącznikowymi H1, niewielkimi cząsteczkami, które w organizmach eukariotycznych wiążą się do nukleosomu oraz do „łącznikowego DNA” pomiędzy nukleosomami. U roślin zarówno LHP1, jak i histony łącznikowe H1 biorą udział w różnych procesach rozwojowych i odpowiedzi na stres. Istnieje możliwość, że ich funkcje są ze sobą powiązane, ale u roślin związek ten nie został jeszcze udokumentowany. Otrzymane przez nas wstępne wyniki wskazują na genetyczną interakcję między H1 a LHP1.

**Celem tego projektu jest charakterystyka funkcjonalnego związku między LHP1 a histonami łącznikowymi H1 zarówno na poziomie fenotypowym, jak i molekularnym.** Najważniejszymi zadaniami proponowanego projektu jest ustalenie, czy białko LHP1 i histony łącznikowe H1 są ze sobą funkcjonalnie związane i jakie procesy mogą być regulowane w wyniku tego potencjalnego mechanizmu, a także, czy mechanizm ten może być regulowany w zależności od czynników środowiskowych. Projekt ten będzie realizowany z wykorzystaniem rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik pospolity), co pozwala na wykorzystanie wielu metod genetyki i biologii molekularnej. Proponowany projekt pozwoli odkryć potencjalny mechanizm zmian epigenetycznych. Biorąc pod uwagę możliwy udział LHP1 i H1 w regulacji odpowiedzi roślin na czynniki stresowe i udział w szlakach hormonalnych, istnieje możliwość, że wyniki uzyskane w tym projekcie będą kluczowe dla badań związanych z biotechnologią roślin i rolnictwem.