

Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion *Medicago truncatula* na kwas abscysynowy podczas kiełkowania

Decyzja o rozpoczęciu kiełkowania nasion, czyli przemiany nasion w siewkę, jest jednym z kluczowych etapów rozwojowych. Może ona zaważyć na dalszym wzroście i możliwości przetrwania młodej, wrażliwej rośliny. Stąd w nieprzyjnym środowisku nasiono pozostaje uśpione i w takim stanie oczekuje na poprawę warunków. Proces kiełkowania jest ściśle kontrolowany zarówno przez sygnały wewnętrzne, jak i czynniki środowiskowe. Dwa hormony roślinne kwas abscysynowy (ABA) i giberelinowy (GA) ogrywają istotną funkcję w przechylaniu szali w stronę hamowania bądź promowania kiełkowania. Jednym z białek kontrolujących kiełkowanie i jednocześnie powiązanych ze szlakami sygnałowymi ABA i GA jest białko MFT (ang. *MOTHER OF FT AND TFL1*), będące głównym obiektem zainteresowania w przedstawionym projekcie.

Wykazano, że białko MFT z rzodkiewnika (łac. *Arabidopsis thaliana*) reguluje ekspresję genów powiązanych z kiełkowaniem i odgrywa ważną rolę w dostrajaniu wrażliwości nasion na ABA. Tym samym pomaga w podejmowaniu decyzji o kiełkowaniu, bądź pozostaniu w uśpieniu. W niesprzyjających warunkach środowiska AtMFT promuje kiełkowanie nasion długotrwale przechowywanych (ang. *after-ripened*), jednocześnie zaproponowano, że AtMFT może być ważnym czynnikiem promującym uśpienie w przypadku nasion świeżo dojrzałych, kwestia ta wymaga jednak dalszych badań. Biorąc pod uwagę ekonomiczne znaczenie roślin bobowatych, proponujemy przeprowadzenie kompleksowej analizy funkcjonalnej MFT w modelowej roślinie bobowatej *Medicago truncatula* (lucerna), która ma duży potencjał dla biologii translacyjnej. Nasze wstępne wyniki sugerują zachowawczość funkcji między MFT z rzodkiewnika i lucerny, jednak dalsze badania są konieczne do wskazania podobieństw i różnic międzygatunkowych, szczególnie w kontekście roli MFT w modulacji wrażliwości na ABA podczas procesu uwalniania z uśpienia (ang. *after-ripening*). Dlatego chcielibyśmy bardziej szczegółowo zająć się potencjalną przeciwstawną rolą MtMFT w kiełkowaniu nasion (inhibicja/promowanie) w zależności od stanu spoczynku nasion, oraz rozpoznać mechanizm(y) leżące u podstaw tego zjawiska.

Warto zauważyć, że MFT należy do rodziny białek wiążących fosfatydyloetanolaminę (PEBP) i jest uznawane za przodka dobrze zbadanych białek typu FT (ang. *FLOWERING LOCUS T*) i TFL1 (ang. *TERMINAL FLOWER1*). Te ostatnie kontrolują czas kwitnienia i działają jako regulatory transkrypcji. Białko MFT, podobnie jak FT i TFL1, nie zawiera żadnej typowej domeny wiążącej DNA, i prawdopodobnie w celu modulacji ekspresji genów docelowych podczas kiełkowania wymaga współdziałania z innymi białkami, np. czynnikami transkrypcyjnymi (TF). Chociaż interakcje MFT z innymi białkami były sugerowane, jego partnerzy nie zostali do tej pory zidentyfikowani. Dlatego, przy pomocy szeregu uzupełniających się metod, zamierzamy ustalić z jakimi białkami oddziałuje MtMFT w dwóch scenariuszach biologicznych (nasionach świeżo dojrzałych i długotrwale przechowywanych). Dodatkowo proponujemy rozwiązanie struktury krystalicznej MtMFT, która również nie jest znana. Badania krystalograficzne mogą wskazać potencjalne miejsca wiązania i pomóc w sformułowaniu nowych hipotez dotyczących identyfikacji partnerów MtMFT.

Podsumowując, dzięki zaproponowanym badaniom chcielibyśmy odpowiedzieć na pytanie czy MtMFT może oddziaływać z różnymi TF/białkami regulatorowymi w zależności od statusu nasion (uśpione/nieuśpione), a przez to odmiennie modulować ekspresję genów docelowych, i w ten sposób zmieniać wrażliwość nasion na ABA podczas procesu uwalniania z uśpienia. Uzyskane wyniki mogą być kluczowe dla lepszego zrozumienia fenomenu związanego z odmienną wrażliwością nasion na ABA podczas kiełkowania, zależnego od stanu ich spoczynku.