

Łagodzenie wpływu zmian klimatu na odporność roślin uprawnych poprzez modelowanie termostabilności receptorów odpornościowych

Ekstremalne warunki pogodowe związane ze zmianami klimatycznymi wpływają na wiele aspektów życia roślin i zwierząt, w tym na infekcje patogenami. Jednym z ich następstw będzie zmniejszenie się dostępności zasobów naturalnych oraz pogorszenie wydajności rolnictwa poprzez niezdolność roślin uprawnych do aktywowania receptorów odpornościowych w wysokiej temperaturze. Do najbardziej narażonych na zmiany klimatyczne należą m. in. główne źródła żywności tj. pszenica, kukurydza i ziemniak.

Receptory odpornościowe roślin należą w większości do rodziny NB-LRR. W ich budowie można wyróżnić położoną centralnie domenę NB wiążącą nukleotyd, C-końcową domenę bogatą w leucynę (LRR) oraz N-końcową domenę CC lub TIR. Zmiany konformacyjne w immunoreceptorach towarzyszące rozpoznaniu białek patogenów (tzw czynników awirulencji - Avr) oraz wymianie ADP na ATP aktywują wewnątrzkomórkowe szlaki sygnałowe uruchamiające kaskadę programowanej śmierci komórek, określanej jako reakcja nadwrażliwości HR. Aktywacja reakcji HR skutkuje tym samym zahamowaniem namnażania się patogenów i dalszej infekcji roślin.

W podwyższonej temperaturze dochodzi często jednak do zablokowania prawidłowego procesu aktywacji śmierci komórkowej, a mechanizm tej inhibicji pozostaje nieznan. Biorąc pod uwagę szybki prognozowany wzrost temperatur na powierzchni całej kuli ziemskiej, jest krytycznym zbadanie podstaw regulujących aktywację odpowiedzi immunologicznej roślin w tak skrajnych warunkach.

Uzyskane przez nas wstępne wyniki badań nad kilkoma białkami R wykazały, że konserwatywny układ przestrzenny części domeny NB-ARC receptorów R kontroluje ich stabilność termiczną i w konsekwencji zdolność detekcji patogenów w podwyższonej temperaturze. Stąd też, niezwykle istotne jest zbadanie, czy odpowiednie modyfikacje temperaturo-wrażliwych immunoreceptorów R przywróciłyby ich funkcjonalność.

Głównym celem projektu jest zbadanie mechanizmów, poprzez które podwyższona temperatura wpływa na funkcję immunoreceptorów roślin uprawnych, oraz skuteczne zaprojektowanie wybranych receptorów, tak aby były one zdolne wywołać odpowiedź immunologiczną po infekcji w podwyższonych temperaturach.

W proponowanym projekcie, stosując metody biologii strukturalnej przeanalizujemy struktury ponad 30 receptorów immunologicznych, ważnych z agronomicznego punktu widzenia. Na podstawie uzyskanego modelu zaprojektujemy zmodyfikowane warianty wybranych białek ważnych dla hodowli odpornościowej tj. Mi 1.1 oraz Mi 1.2 niosących odporność na nicienie, Sr-35, nadający odporność na rdzę pszenicy Rp1-D21, nadający odporność na rdzę pospolitą kukurydzy oraz Rpi-amr1 i Rpi-amr3 dwa geny odporności na zarazę -patogen numer jeden ziemniaka. Następnie po wprowadzeniu zaprojektowanych modyfikacji przeprowadzimy analizę funkcjonalną testowanych receptorów. W układzie ekspresji przejściowej przetestujemy zdolność zmodyfikowanych białek do wywołania śmierci komórkowej w podwyższonej temperaturze po rozpoznaniu przez nie czynników Avr. Przeprowadzimy kwantyfikację tego procesu przy użyciu różnych markerów fizjologicznych HR. Następnie, określimy stabilność proponowanych wariantów białek i ich zdolność do wiązania czynników Avr w podwyższonej temperaturze przy użyciu termoforezy mikroskalowej. Na koniec zaś, uzyskamy rośliny ekspresujące zmodyfikowane białka R i przetestujemy je w celu określenia czy niosą odporność systemową na infekcje patogenami w wysokich temperaturach.

Mamy powody by sądzić, że uzyskane wyniki nie tylko przyczynią się do zrozumienia podstaw funkcjonalności immunoreceptorów roślinnych, ale także znajdą zastosowanie opracowanie nowych programów hodowli odpornościowej roślin.