

Rośliny stale narażone są na działanie różnego rodzaju niekorzystnych czynników środowiskowych, zarówno biotycznych jak i abiotycznych. Przykładem czynnika abiotycznego są antropogeniczne zanieczyszczenia środowiska kadmem. Jedną ze strategii obronnych w stresie biotycznym i abiotycznym u roślin wyższych jest aktywacja szlaku fenylopropanoidowego, dostarczającego metabolitów wtórnych, takich jak flawonoidy, ligniny czy stilbeny. Metabolity te zmniejszają szkody wyrządzone przez stres oksydacyjny. Nasze dotychczasowe badania dowiodły, że szlak fenylopropanoidowy jest indukowany przez dinukleozydopolifosforany ( $Np_nN'$ ) takie jak diadenozynotrifosforan ( $Ap_3A$ ) i diadenozynotetrafosforan ( $Ap_4A$ ). Jako pierwsi dowiedliśmy, że  $Ap_3A$  i  $Ap_4A$  indukują ekspresję genów i aktywność enzymów szlaku fenylopropanoidowego w siewkach *Arabidopsis thaliana* i zawieszynie komórek *Vitis vinifera*. Dinukleozydopolifosforany to nietypowe nukleotydy naturalnie występujące w organizmach żywych. Z danych literaturowych wiadomo, że różne dinukleozydopolifosforanów ( $Ap_3A$ ,  $Ap_4A$  czy  $Ap_4G$ ) mogą być kumulowane w komórkach mikroorganizmów poddanych czynnikom stresowym, takim jak podwyższona temperatura, etanol czy kadm. Nasza hipoteza dotycząca funkcji dinukleozydopolifosforanów zakłada, że nukleotydy te mogą być molekułami sygnałowymi w warunkach stresowych. Tego rodzaju związki określa się jako „alarmony”. Uważamy, że dinukleozydopolifosforany są zaangażowane w odpowiedź roślin na stres wywołany kadmem. Postulujemy udział tych cząsteczek w transdukcji sygnału poprzez kaskadę kinaz MAP. Jesteśmy przekonani, że przeprowadzone badania zidentyfikują sieci sygnałowe, które uczestniczą w regulacji reakcji obronnych roślin na stres powodowany przez kadm, a istotnym elementem tych szlaków są dinukleozydopolifosforany.

Badania zaplanowane w projekcie wykonane będą na zawiesinowych kulturach komórkowych winorośli właściwej *Vitis vinifera*. Oznaczmy poziom dinukleozydopolifosforanów w komórkach *V. vinifera* traktowanych kadmem. Zidentyfikujemy transkryptomyczne zmiany w winorośli wywołane kadmem i dinukleozydopolifosforanami. Określimy zmiany w proteomie *V. vinifera* traktowanych kadmem i nukleotydami. Wyniki analizy transkryptomicznej i proteomicznej poddamy kompleksowej analizie bioinformatycznej. Wykonamy analizę metabolomiczną związków syntetyzowanych w komórkach winorośli w odpowiedzi na kadm i badane molekuły. Analiza metabolomiczna będzie skupiona na oznaczaniu m.in. poziomu metabolitów wtórnych, takich jak stilbeny i ligniny. Ponadto zmierzona zostanie zawartość wybranych hormonów roślinnych (kwas abscysynowy i kwas salicylowy) i związków tiolowych (glutation i fitochelatyny). Na podstawie uzyskanych wyników wytypujemy i dokładnie zbadamy przebieg szlaku (lub szlaków) sygnałowego uczestniczącego w odpowiedzi roślin na kadm, a w którym ważną rolę odgrywają dinukleozydopolifosforany. Następnie wytypowany szlak sygnałowy przeanalizujemy na siewkach *Vitis vinifera*.

Proponowane w projekcie badania mają wyłącznie charakter podstawowy. Skupiają się na poznaniu funkcji sygnałowej dinukleozydopolifosforanów w odpowiedzi na kadm u roślin wyższych. Projekt pozwoli zidentyfikować szlaki metaboliczne regulowane przez dinukleozydopolifosforany i dostarczy dowodów potwierdzających naszą hipotezę, że są to molekuły sygnałowe uczestniczące w wywołanych kadmem reakcjach obronnych u *Vitis vinifera*.