

## **Jasmoniany – niedoceniane związki sygnałowe, które mogą w znaczący sposób wpływać na kluczowe etapy ksylogenezy**

Drewno to niezwykle cenny, odnawialny surowiec, który obecnie ma około 30 tys. zastosowań m.in. w energetyce, budownictwie i przemyśle papierniczym. W ciągu ostatniej dekady zużycie drewna w Polsce wzrosło ponad dwukrotnie i przewiduje się, że ta tendencja wzrostowa się utrzyma. Będzie to związane między innymi z działaniami mającymi przeciwdziałać skutkom zmian klimatycznych, drewno stanowi bowiem naturalną alternatywę dla wielu materiałów syntetycznych, a produkty z niego wytworzone stanowią magazyn dla dwutlenku węgla.

Drewno (ksylem wtórny) jest tkanką roślinną powstającą w wyniku działalności merystemu bocznego – kambium, w procesie określanym jako ksylogeneza. Proces ten składa się z kilku etapów podczas których dochodzi do wydłużania komórek, pogrubiania i lignifikacji ich ściany komórkowej i finalnie degradacji protoplastu w wyniku aktywacji procesu programowanej śmierci komórki (PCD). Każdy z tych etapów podlega ścisłej kontroli przez sieć czynników regulatorowych wśród których istotną rolę pełnią fitohormony. Jednakże, pomimo znaczącej roli drewna w gospodarce i przyrodzie ksylogeneza wciąż pozostaje procesem niedostatecznie dobrze zbadanym i jak dotąd niewiele uwagi zostało poświęcone roli jasmonianów (JAs) w tym procesie. JAs są ważną grupą fitohormonów występujących powszechnie u roślin. Początkowo ich rola była opisywana głównie w kontekście stymulowania procesu starzenia i odpowiedzi na bodźce stresowe, jednak obecnie wiadomo, że uczestniczą one w licznych mechanizmach odpowiedzialnych za regulację prawidłowego wzrostu i rozwoju roślin.

Zasadniczym celem przedstawionego projektu będzie określenie wpływu JAs na przebieg procesów związanych z rozwojem budowy wtórnej, zwłaszcza procesu ksylogenezy. Cel ten będzie realizowany wykorzystując wiedzę i doświadczenie zdobyte w trakcie wcześniejszych badań, z zastosowaniem metod anatomicznych, cytologicznych, fizjologicznych, bioinformatycznych i molekularnych. Materiałem badawczym będą lodygi *Arabidopsis thaliana* i *Populus trichocarpa*. W przypadku *A. thaliana* poza typem dzikim (WT) w badaniach wykorzystane zostaną również mutanty charakteryzujące się zaburzeniami w katabolizmie i sygnalizacji JA. Oba gatunki są organizmami modelowymi, powszechnie wykorzystywanymi w badaniach biologicznych w tym tych dotyczących ksylogenezy i formowania budowy wtórnej.

Realizacja projektu będzie stanowić kompleksową analizę łączącą podejścia anatomiczne, cytologiczne, fizjologiczne, bioinformatyczne i molekularne, która dobrze udokumentuje rolę JAs w rozwoju budowy wtórnej, zwłaszcza w kontekście procesu ksylogenezy. Wyniki uzyskane w ramach dokładnie zaplanowanych badań będą miały dużą wartość poznawczą i przyczynią się do znacznego poszerzenia wiedzy. Istotną zaletą przedłożonego projektu będzie identyfikacja i opisanie nowych mechanizmów zaangażowanych w proces powstawania ksylemu wtórnego. Biorąc pod uwagę, że drewno stanowi naturalną alternatywę dla materiałów syntetycznych, zwiększenie wykorzystania tego surowca jest niezbędne do stworzenia strategii mogących łagodzić skutki zmian klimatu. Mechanizmy związane z rozwojem tkanek wtórnych mogą ponadto stanowić podstawę do dalszych badań aplikacyjnych pozwalających na poprawę jakości drewna.