

Spermidyna cząsteczką regulującą starzenie liści indukowane ciemnością w sposób zależny i niezależny od eukariotycznego czynnika translacji 5A (eIF5A)

W roślinach starzenie się jest wysoce kontrolowanym i aktywnym procesem wymagającym globalnego przeprogramowania metabolicznego, mającego na celu zorganizowaną dezintegrację i ponowną mobilizację cennych zasobów. **Jest to podstawowy aspekt rozwoju roślin, niezbędny do optymalizacji alokacji zasobów i promowania plastyczności fenotypowej w celu przystosowania się do środowiska w ograniczonych warunkach.** Zainspirowało to badania aby zidentyfikować różnych „graczy” zaangażowanych w te procesy. Poliaminy (PA) to polikationowe aminy biogenne występujące powszechnie u wszystkich eukariontów, które są niezbędne do przeżycia komórek. Badania przeprowadzone przez naszą grupę pozwoliły na opracowanie modelu działania PA w programie DILS (Dark-Induced Leaf Senescence), wskazując, że kierunek metabolizmu PA, w kierunku ich anabolizmu lub katabolizmu, odgrywa kluczową rolę w przeprogramowaniu metabolicznym, który wprowadza lub nie starzejący się liść do programowanej śmierci komórki.

DILS to model do badań jęczmienia pod kątem wczesnych i późnych zdarzeń oraz identyfikacji krytycznego limitu czasu dla odwrócenia procesu starzenia, który powstrzymuje liście przed osiągnięciem fazy śmierci komórkowej. Sprawność regulacji procesu starzenia jest oznaką żywotności starzejących się komórek, które na każdym etapie muszą zachować zdolność do utrzymania homeostazy. Zdefiniowaliśmy w modelu tym moment krytyczny, który wyznacza punkt bez powrotu, ale mechanizm jego kontroli nie jest znany.

Ekspresja transkryptów rodziny genów dekarboksylazy S-adenozylometioniny (SAMDC) i syntazy spermidyny (SPDS) w liściach podczas starzenia ulega znaczącym zmianom. Przeprowadziliśmy badania, które sugerują, że jedna z izoform SAMDC i gen SPDS biorący udział w syntezie spermidyny są kluczowymi genami w metabolizmie PA, które mogą warunkować to przeprogramowanie. Ponadto nasze wstępne badania wykazały, że poziom SPD znacznie wzrasta w pierwszych godzinach ciemności, a wzorce ekspresji izoform eIF5A wraz z DHS i DOHH odpowiedzialnymi za hipuzynację różnią się między starzeniem indukowanym ciemnością a starzeniem rozwojowym.

Odkrycia przyczyniły się do postawienia hipotezy badawczej, że spermidyna reguluje indukowane ciemnością starzenie się liści zarówno w sposób niezależny, jak i zależny od eIF5A.

Celem projektu jest wypełnienie luki w wiedzy na temat sposobu działania SPD w indukowanym starzeniu, który może oznaczać nieodkryte dotychczas metaboliczne przejście między starzeniem się a programowaną śmiercią komórki, innymi słowy przeżyciem komórki i śmiercią komórki.

Głównymi celami weryfikacji hipotezy będą:

- poznanie powiązań metabolizmu spermidyny z siecią metaboliczną organizującą proces starzenia, aby ocenić, czy metabolizm SPD będzie miał wpływ na ten proces. Wszystko w jęczmieniu podczas DILS i ponownego wystawienia na światło (**WP1**)

- poznanie roli SPD jako molekularnego strażnika aktywacji eIF5A poprzez hipuzynację i translatomu zależnego od eIF5A w jęczmieniu podczas DILS i ponownego wystawienia na światło (**WP2**)

Główny cel projektu osiągniemy poprzez: (i) uprawę zmutowanych linii z wyciszonymi genami biosyntezy SPD, (SAMDC i SPDS), (ii) badanie mutantów SPD jęczmienia pod kątem ich adaptacji do zjawiska starzenia się liści za pomocą fenotypowania: parametry morfologiczne, w tym plon, cechy fizjologiczne i biochemiczne. (iii) Profilowanie transkryptomu roślin typu dzikiego w porównaniu z mutantami w celu ustalenia zależności w sieciach metabolicznych między metabolizmem SPD a innymi szlakami zaangażowanymi w starzenie się. (iv) Charakterystyka mechanizmu molekularnego odpowiedzialnego za hipuzynację aktywującą eIF5A (v) Profilowanie transkryptomu w porównaniu z transaltomem roślin WT w porównaniu z mutantami SPD w celu zapewnienia „odcisków” wszystkich rybosomów aktywnych w komórce liścia jęczmienia podczas DILS i po regeneracji. Informacje te określają, które białka ulegają aktywnej translacji w stosunku do eIF5A w starzejącej się komórce.

Wszelkiego rodzaju stresy (a)biotyczne ograniczają wzrost roślin i produktywność upraw. Zatem jasne jest, że nie można ignorować zwiększania produktywności roślin, poprawy jakości żywności i zwiększania zrównoważonego rozwoju rolnictwa. W tym względzie badania nad PA odgrywają ważną rolę, ponieważ przeprogramują przełączniki metaboliczne w taki sposób, że starzenie się można zmienić dla określonego fenotypu prozrostowego lub w przypadku, gdy śmierć narządów jest zwiększona bez wpływu na efektywność wykorzystania energii przez rośliny. Aby lepiej zrozumieć kluczową rolę PA w rozwoju roślin i reakcjach na stres, należy wziąć pod uwagę nie tylko pulę PA, ale także ekspresję genów kodujących enzymy biorące udział w syntezie i katabolizmie oraz inne procesy związane z metabolizmem PA. Wiele z tych mechanizmów regulacyjnych jest zasadniczo konserwatywnych w komórkach, co sugeruje, że regulacja metabolizmu PA ma ogromne znaczenie.