

Ujawnianie komponentu starzenia epigenetycznego w organach roślin monokarpicznych

Starzenie biologiczne jest związane ze zmiennością życia w różnych skalach ekologicznych i informuje o związanym z wiekiem spadku funkcji organizmu. Starzeniu towarzyszą bardzo dynamiczne zmiany metylacji DNA, które zostały już modelowane w formę zegarów epigenetycznych (z ang. epigenetic clock) i wykorzystywane w celu przewidywania wieku chronologicznego kręgowców, w tym człowieka. Chociaż dowody sugerują, że wzorce metylacji DNA mogą opisywać również starzenie się roślin, „konstruowanie” zegarów epigenetycznych roślin jest w fazie pionierskich badań. Wcześniejsze obserwacje pozwalają jednak przypuszczać, że podobnie jak u zwierząt, rośliny mają swoje zegary epigenetyczne.

Celem projektu jest zbadanie zmian w metylacji DNA jęczmienia i pomidora w trakcie starzenia się tych roślin. Wykorzystane dane będą mogły posłużyć do „skonstruowania” zegarów epiClock, których jak dotąd nie tworzą dla roślin monokarpicznych. W projekcie wykorzystam rośliny transgeniczne pomidora, charakteryzujące się przyspieszonym lub opóźnionym starzeniem. Chciałabym sprawdzić, czy taki zmieniony fenotyp starzenia będzie wynikał z opóźnionego lub przyspieszonego starzenia epigenetycznego

Epigenetyczne zegary mogą znaleźć wiele zastosowań w badaniach biologii roślin. Dokładne pomiary wieku biologicznego mogą być przydatne do testowania teorii biologicznego starzenia się roślin, do modelowania agronomicznego by optymalizować produktywność, a także do diagnozowania reakcji na stresy czy zmiany klimatu związane z wiekiem czy do selekcji odmian odpornych na (a)biotyczne czynniki środowiskowe i wiele innych.