

Furry i sieć molekularna RAM u *Arabidopsis thaliana*

W jaki sposób komórki organizmów jednokomórkowych takich jak drożdże, lub złożone organizmy wielokomórkowych roślin i zwierząt uzyskują swój kształt? To pytanie fascynowało naukowców od najstarszych lat. Badania nad morfogenezą znacznie przyspieszyły w erze genetyki molekularnej dzięki mutantom charakteryzującym się nietypowym kształtem lub zaburzeniami rozwoju. Badania mutantów przetrwały szlak ku zrozumieniu zjawisk molekularnych leżących u podstaw tych procesów życiowych. Jeden z takich mutantów muszki owocowej *Drosophila melanogaster*, wczesnego modelu w genetyce i rozwoju zwierząt, wykazywał nieprawidłowo rozgałęzione lub zwielokrotnione struktury takie jak włoski i szczecina, i stąd został nazwany *furry*. Dzięki późniejszym badaniom odkryto, że gen *Furry* koduje nowe, duże białko o nieznannej funkcji. Z czasem nagromadziły się donosy o białkach podobnych do Furry u innych organizmów, między innymi u jednokomórkowych drożdży, innych modeli takich jak nicienie *Caenorhabditis elegans*, czy ssaków. We wszystkich badanych organizmach, utrata funkcji Furry powodowała zróżnicowane wady morfologiczne, takie jak na przykład nieprawidłowy kształt komórek lub nieprawidłowe formowanie się tkanki nerwowej. Dalsze badania doprowadziły do ustalenia, że Furry funkcjonuje jako element większej sieci molekularnej, zwanej RAM, złożonej z kilku innych konserwowanych typów białek, i że sieci RAM zwykle pełnią swe role w morfogenezie regulując w poszczególnych komórkach transport pęcherzykowy.

W odróżnieniu od dość zaawansowanego stanu wiedzy na temat sieci RAM u wielu typów organizmów, potencjalne istnienie sieci RAM u roślin dopiero zaczyna być wyjaśniane. Choć roślina modelowa *Arabidopsis thaliana* zawiera geny kodujące homologu Furry oraz innych elementów sieci RAM, póki co uzyskano na ich temat jedynie szczątkowe dane eksperymentalne. Te wstępne eksperymenty ukazują, że komponenty sieci RAM uczestniczą w normalnym wzroście roślin, pełniąc funkcje w rozwoju regulowanym przez hormon roślinny auksynę i będąc niezbędnymi dla płodności. W ramach niniejszego projektu zostaną w *A. thaliana* przebadane funkcje molekularne i rozwojowe białka Furry i sieci RAM, przez zastosowanie między innymi zaawansowanej inżynierii genetycznej, przyżyciowej mikroskopii fluorescencyjnej, badań rozwojowych mutantów, i proteomiki. Spodziewanym wynikiem projektu jest zrozumienie jak sieć molekularna RAM, podobna do tych znanych u innych organizmów, nabyła funkcję w kształtowaniu się ciała rośliny, umożliwiając jego normalne funkcjonowanie przypuszczalnie poprzez regulację szlaków transportu wewnątrzkomórkowego w komórkach roślinnych. Projekt wypełni istotną lukę w sferze badań biologii komórki i rozwoju roślin i w sposób wartościowy przyczyni się do szerszego obszaru biologii jakim są badania nad morfogenezą.