

Sinice są prokariotami, które rosną dzięki fotosyntezie w sposób podobny do roślin. Te mikroorganizmy są najstarszymi fototrofami tlenowymi, przekształcającymi energię słoneczną i CO₂ w bioenergię i 50-65% tlenu cząsteczkowego niezbędnego do podtrzymania życia tlenowego na Ziemi. Są one również znane ze zrównoważonej produkcji biopaliw i innych cennych metabolitów wtórnych, a także ze swojej roli ekologicznej, ponieważ wiele gatunków jest ważnymi producentami pierwotnymi. Niestety, są one szczególnie podatne na szkodliwe działanie nadmiaru światła lub promieniowania UV. Ponadto, podobnie jak praktycznie wszystkie żywe gatunki, sinice muszą dostosowywać się do limitujących stężeń składników odżywczych i stresów abiotycznych, takich jak wysokie zasolenie. W obliczu globalnych zmian klimatycznych i nadmiernego nawożenia prowadzącego do wysokiego zasolenia i zanieczyszczenia wód powierzchniowych azotanami, zrozumienie ekologii sinic ma kluczowe znaczenie dla utrzymania bioróżnorodności, obiegu składników odżywczych i ogólnego zdrowia ekosystemu. Wymaga to jednak zrozumienia mechanizmów molekularnych regulujących ich adaptację do stresów środowiskowych.

Co ciekawe, małe regulatorowe RNA (sRNA) odgrywają wszechstronną rolę u bakterii, koordynując ekspresję genów podczas różnych procesów fizjologicznych, w szczególności adaptacji do warunków stresowych. Chociaż posiadamy rozległą wiedzę na temat mechanizmu wiązania azotu i fotosyntezy u sinic, wiemy stosunkowo niewiele o tym, jak sinice radzą sobie ze stresem abiotycznym. Aby wypełnić tę lukę, planujemy wyjaśnić, w jaki sposób różne typy sRNA precyzyjnie oddziałują z docelowymi transkryptami w celu regulacji poziomów białek i utrzymania homeostazy komórkowej w warunkach stresowych. Dlatego też niniejszy projekt ma na celu zbadanie roli sRNA w regulacji ekspresji genów podczas adaptacji do stresu u wysoce rozpoznawalnej modelowej sinicy *Synechocystis sp.* PCC6803.

W oparciu o nasze wstępne dane identyfikujące kilka nowych sRNA, proponujemy hipotezę roboczą, że w odpowiedzi na stres środowiskowy profile komórkowe sRNA zmieniają się, aby umożliwić selektywną degradację i akumulację transkryptów krytycznych dla wzrostu i przetrwania sinic. W ten sposób chcemy wyjaśnić rolę określonych sRNA odpowiedzialnych za adaptację do stresu abiotycznego. Wyniki tego zastosowania w dłuższej perspektywie mogą doprowadzić nas do opracowania pewnego dnia strategii ulepszania roślin wyższych i upraw w celu dostosowania do nieoptymalnych warunków wzrostu.