

Precyzyjne usuwanie komponentów komórkowych jest krytyczne w utrzymaniu homeostazy komórki. Taki proces jest wymagany nie tylko do eliminacji uszkodzonych białek i odzyskania substancji odżywczych, ale także pozwala na aktywację i deaktywację różnych szlaków transdukcji sygnału w roślinach. Przy czym, niezwykle istotne jest zapewnienie selektywności rozpoznania 'ładunku' (ang. cargo) do degradacji. Ową wybiórczość zapewniają białka określane jako selektywne receptory degradacji. Stresy środowiskowe powodują rozległe zmiany transkryptomu, proteomu i metabolomu w roślinach. Zestresowane rośliny szybko akumulują fitohormon ABA (kwas ascynowy). ABA inicjuje kaskadę sygnałową prowadzącą do aktywacji licznych czynników transkrypcyjnych i zmian w ekspresji genów określaną jako 'odpowiedź na stres'. Nie tylko etap pierwotnej odpowiedzi na stres, ale także regeneracja po stresie mają olbrzymie znaczenie dla roślin. Regeneracja po stresie wymaga usunięcia z komórki czynników i regulatorów związanych ze stresem w celu przywrócenia możliwości normalnego wzrostu. Na podstawie naszych opublikowanych i nieopublikowanych wyników postulujemy, że dynamiczna kontrola poziomu czynników transkrypcyjnych regulowanych przez ABA poprzez selektywną autofagię funkcjonuje jako 'przełącznik' ułatwiający szybkie przeprogramowanie metabolizmu komórki w trakcie przejść pomiędzy tymi stanami.

W projekcie scharakteryzujemy wpływ systemów degradacji białek na kontrolę poziomu wybranych czynników transkrypcyjnych regulowanych przez ABA oraz na dynamikę wiązania tych czynników do miejsc rozpoznawanych przez nie w genomie w fazie odpowiedzi na stres oraz w fazie regeneracji po stresie. Będziemy także badać molekularne szczegóły dotyczące rozpoznania tych białek jako 'ładunku' przeznaczonego do degradacji oraz analizować czynniki wpływające na te procesy. Poza tym, określimy poziom hormonów roślinnych i indukcję szlaku sygnalizacji hormonalnych *in vivo* z użyciem odpowiednich reporterów i sensorów w mutantach defektywnych w degradacji białek. Ponadto, w celu określenia wpływu defektów w szlakach degradacji na fenotypy roślin w tych dwóch fazach wykorzystamy mutanty do porównania różnych biochemicznych i fizjologicznych parametrów (przeżywalność, biomasa i plon nasion, potencjalne przesunięcie czasu kwitnienia po stresie, parametry związane z fotosyntezą, temperatura liści i względna zawartość wody).

Ostatnio coraz częściej pojawiają się doniesienia o tym, że selektywna autofagia niezbędna jest do dynamicznego przeprogramowania metabolizmu w roślinach poddanych działaniu czynników stresujących, oraz po zakończeniu stresu. Nasz projekt wpisuje się dobrze w te nowe koncepcje badawcze dotyczące roli autofagii a wyniki uzyskane w trakcie projektu zostaną zapewne zauważone przez środowisko badawcze. Uzyskane przez nas wyniki dostarczą nowych informacji na temat roli autofagii w potranslacyjnej kontroli czynników transkrypcyjnych zaangażowanych w odpowiedź na stresy. Wyniki te będą publikowane i prezentowane na konferencjach naukowych. Ponadto, identyfikacja nowych elementów kontroli odpowiedzi na stres może mieć potencjalne znaczenie dla biotechnologii roślin. Znajomość tych mechanizmów ułatwi wprowadzenie zmian metabolizmu prowadzących do podwyższenia tolerancji na stres i szybszej adaptacji do zmian środowiskowych.