

Ewelina Stolarska

Zakład Fizjologii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej,

Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

ewelina.stolarska@amu.edu.pl

## **Identyfikacja i charakterystyka genów warunkujących komórkową homeostazę poliamin w starzeniu liści jęczmienia**

### **Streszczenie**

Starzenie rozwojowe jest procesem nieodwracalnym, po którym następuje bezwarunkowo śmierć komórki. Indukowane ciemnością starzenie liści (ang. *dark-induced leaf senescence*, DILS) jest do pewnego stadium procesem odwracalnym. W roślinach indukowane starzenie jest wysoce kontrolowanym i aktywnym procesem wymagającym globalnego przeprogramowania metabolicznego, mającego na celu zorganizowaną dezintegrację i ponowną remobilizację cennych zasobów. Sprawność regulacji indukowanego procesu starzenia jest oznaką żywotności starzejących się komórek, które na każdym etapie muszą zachować zdolność do utrzymania homeostazy, przejawiającej się m.in. kontrolowaniem homeostazy cyklu poliamin (PA). Homeostaza PA w komórce jest utrzymywana przez mechanizmy sprzężenia zwrotnego z poziomu biosyntezy, katabolizmu, importu i eksportu. **Poliaminy są niskcząsteczkowymi organicznymi kationami należącymi do grupy biogennych amin, kluczowymi w wielu fizjologicznych i rozwojowych procesach u bakterii, zwierząt i roślin. Metabolizm PA może odgrywać istotną rolę w procesie starzenia się liścia.**

Zespół prof. Ewy Sobieszczuk-Nowickiej za cel postawił sobie poznanie wielokierunkowych powiązań metabolizmu poliamin z siecią metaboliczną organizującą proces starzenia liści jęczmienia oraz ocenę, czy zmiana kierunku starzeniowo-zależnego metabolizmu PA wpłynie na ten proces. Kierunek metabolizmu PA i transport może kontrolować efektywność zależnej od starzenia remobilizacji azotu. Do realizacji celu wybrano podejście oparte na genomice funkcjonalnej.

Brak w literaturze informacji na temat sekwencji genów metabolizmu PA w jęczmieniu był dużym ograniczeniem tego podejścia. **Stąd też potrzebna była identyfikacja genów metabolizmu PA w jęczmieniu, która stała się celem mojej rozprawy doktorskiej. Do badań włączyłam również analizę transporterów PA.** Transportery PA są rozpoznane u roślin w niewielkim stopniu. Importery PA zostały opisane u rzodkiewnika, ryżu i pomarańczy. Eksportery PA zostały zasugerowane jako potencjalne eksportery PA u rzodkiewnika i ryżu.

**W wyniku badań w skali całego genomu jęczmienia wyodrębniłam rodziny genów warunkujące homeostazę PA w komórce, które obejmowały 23 geny metabolizmu PA i 13 genów transporterów. Przeprowadziłam również szczegółową charakterystykę zidentyfikowanych genów oraz ich białkowych produktów.** Modelowanie homologiczne badanych transporterów pozwoliło z dużą dokładnością przewidzieć struktury trójwymiarowe białek, a analizy dokowania molekularnego potwierdziły możliwość interakcji pomiędzy białkami transportującymi a PA. **Obecność w genomie zidentyfikowanych *in silico* genów potwierdziłam eksperymentalnie i zbadłam ich organospecyficzną ekspresję.**

**Następnie w modelu starzenia liści jęczmienia indukowanego ciemnością zbadalam profile ekspresji genów homeostazy PA. Na podstawie tej analizy wytypowalam geny kandydujące do badań funkcjonalnych.**

**Niniejsza rozprawa doktorska przedstawia wyniki pierwszej identyfikacji, izolacji i kompleksową charakterystykę genów jęczmienia warunkujących komórkową homeostazę PA oraz ocenę ich organospecyficzną i starzeniowo-zależną ekspresji w metabolizmie liścia ekspresji. Wyniki moich badań stanowią punkt odniesienia badań funkcjonalnych wielu zespołów naukowców wyjaśniających mechanizmy molekularnej kontroli i regulacji przez PA procesów rozwojowych zbóż i ich reakcji na (a)biotyczne czynniki środowiska. Szczególnie badań funkcjonalnych nad mechanizmem działania PA w starzeniu liści.**

**Słowa kluczowe:** genomika, jęczmień, metabolizm poliamin, starzenie liści, transportery poliamin