

## STRESZCZENIE

Rośliny są ustawicznie narażone na działanie niekorzystnych warunków środowiska takich jak susza, zbyt wysoka i zbyt niska temperatura, czy też ekspozycja na zanieczyszczenia. Dla efektywnej odpowiedzi roślin na warunki stresowe kluczowe są zmiany w ekspresji genów, kierujące biosyntezę białek na nowe szlaki, niezbędne do przetrwania niekorzystnych warunków. Ekspresja genów jest regulowana przez szereg elementów wpływających między innymi na procesy transkrypcji, składania powstających cząsteczek RNA i translacji (biosyntezy białek). W ostatnich latach uwagę zwrócono na relatywnie nowo poznany mechanizm regulacji ekspresji genów – chemiczne modyfikacje RNA.

Dotychczas opisano ponad 170 różnych modyfikacji RNA i DNA. Jednakże, badania skupione są w dużej mierze na najbardziej powszechnej modyfikacji - metylacji adenozyiny w pozycji N6 (m6A). Wykazano, że m6A moduluje stabilność transkryptów, a odpowiedni poziom tej modyfikacji jest niezbędny do prawidłowego rozwoju roślin. Zaburzenia w maszynarii zaangażowanej w procesy metylacji/demetylacji adenozyiny w RNA skutkowały poważnymi defektami rozwojowymi w roślinie modelowej - rzodkiewniku. Z drugiej jednak strony, odpowiednie modulowanie poziomu m6A może prowadzić do znacznego wzrostu plonu roślin uprawnych. Dla przykładu modulowanie poziomu tej modyfikacji w roślinach ziemniaka prowadziło do nawet 50% wzrostu plonowania. Opisane wyniki badań wskazują na istotną rolę modyfikacji RNA w funkcjonowaniu roślin. Jednakże, niewiele wiadomo na temat funkcji pełnionych przez inne modyfikacje, poza m6A.

Celem niniejszego projektu jest poznanie roli trzech dotychczas mniej poznanych modyfikacji:

- 5-metylocytozyny (m<sup>5</sup>C),
- 1-metyloadenozyiny (m<sup>1</sup>A) i
- 8-nitorguanozyiny (8-NO<sub>2</sub>-G),

w odpowiedzi siewek soi na działanie metali. Planowane badania obejmą wykrycie tych modyfikacji w tkankach roślinnych, zmierzenie zmian w ich poziomie w odpowiedzi na działanie kadmu (Cd), miedzi (Cu) i ołowiu (Pb), identyfikację transkryptów zawierających te modyfikacje poprzez sekwencjonowanie oraz zbadanie ich wpływu na proces translacji.

Wyniki uzyskane w ramach projektu pozwolą na pozyskanie kompleksowego obrazu zmian epitranskryptomicznych w odpowiedzi siewek soi na działanie metali. Zarówno uzyskane wyniki jak i opracowana metodyka może posłużyć kolejnym badaniom dotyczącym roli modyfikacji RNA w odpowiedzi roślin na warunki stresowe.