

Metabolizm lipidów jest fundamentem biologii roślin, wpływając na szeroki zakres procesów. Choć lipidy głównie służą jako składniki strukturalne błon komórkowych i rezerwy energii, ich rola wykracza daleko poza te podstawowe funkcje. Tłuszcze są kluczowe w transdukcji sygnałów, reakcjach na stres i adaptacji do wyzwań środowiskowych. Zrozumienie szlaków biosyntezy i mechanizmów regulacyjnych, które rządzą metabolizmem lipidów w roślinach, jest niezbędne do uzyskania wszechstronnych wglądów w te istotne procesy biologiczne.

Lipidy roślinne i algowe można szeroko podzielić na dwie główne grupy: lipidy zapasowe i lipidy błonowe. Lipidy zapasowe, głównie triacyloglicerole (TAG), służą jako rezerwy energii i węgla. Z kolei lipidy błonowe są niezbędnymi składnikami zarówno fotosyntetycznych, jak i niefotosyntetycznych błon. Skład lipidowy błon jest skomplikowany i różni się w zależności od różnych przedziałów komórkowych, typów komórek i gatunków. Na przykład galaktolipidy są obecne w błonach plastydów, podczas gdy fosfolipidy dominują w błonach poza plastydami. Dodatkowo rośliny lądowe tworzą ochronną warstwę lipidową składającą się z wosków i kutyny na ich powierzchni, co pomaga zapobiegać utracie wody, chronić przed infekcjami drobnoustrojowymi i działać jako mechanizm obronny.

Najważniejszą formą magazynowania lipidów są triacyloglicerole (TAG). TAGi formowane w błonie retikulum endoplazmatycznego (ER) są deponowane pomiędzy warstwami dwuwarstwy błonowej, ostatecznie tworząc kuliste organelle znane jako ciała tłuszczowe (LD). Te LD oddzielają się od błony ER i lokalizują w cytozolu. Ostatnie modele w drożdżach i grzybach sugerują potencjalne powiązanie między syntezą TAG a cyklem komórkowym. Na przykład w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* kompleks NEM1/SPO7 aktywuje PAH1 (fosfatazę fosfatydynową), kluczowy element regulacji syntezy TAG i biogenezy błon. Funkcja PAH1 przekierowuje przepływ kwasu fosfatydowego (PA) z produkcji fosfolipidów (PL) na syntezę TAG, prowadząc do akumulacji LD. Aktywność fosfatazy fosfatydowej (PAH1) w drożdżach jest ściśle związana z jej stanem fosforylacji, na który wpływa różnorodna grupa kinaz białkowych. Pomimo obszernej wiedzy zdobytej z modeli drożdżowych, regulacja równowagi lipidowej przez kompleks NEM1/SPO7 w wyższych roślinach pozostaje stosunkowo niezbadaną dziedziną. To stwarza okazję do zbadania konserwacji i potencjalnych funkcji homologicznych białek podobnych do NEM1 w metabolizmie roślin.

Proponowane badania mają na celu zbadanie charakterystyki funkcjonalnej SSP5 i HAD4 z *Arabidopsis thaliana* jako potencjalnych homologów drożdżowego NEM1. Poprzez podejście badawcze łączące różne metody eksperymentalne, ten projekt ma potencjał wyjaśnienia mechanizmu i ról białek podobnych do NEM1 w procesach komórkowych roślin, ze szczególnym naciskiem na szlaki metaboliczne lipidów. Zrozumienie tych mechanizmów może otworzyć nowe drogi do poprawy odporności i produktywności upraw, przyczyniając się do postępów w rolnictwie i biotechnologii.