

I. Streszczenia

1. Streszczenie w języku polskim

Rośliny są narażone na ciągły stres, który może być wywołany czynnikami abiotycznymi, np. niedoborem lub nadmiarem wody, obecnością zanieczyszczeń oraz obecnością mikroorganizmów lub insektów. W odpowiedzi na niekorzystne czynniki środowiskowe w komórkach roślinnych wytwarzane są między innymi reaktywne formy tlenu, które w nadmiarze prowadzą do uszkodzeń białek, lipidów i DNA, co może prowadzić do śmierci komórki. Rośliny wytworzyły szereg mechanizmów, które minimalizują negatywne efekty zmieniającego się środowiska. Metalotioneiny (MT) to białka o niskiej masie cząsteczkowej bogate w reszty cysteinowe (Cys). MT zostały wykryte u bakterii, ssaków i roślin. Ze względu na swoje zdolności do wiązania jonów metali, białka te biorą udział w utrzymaniu homeostazy metali, ale także w procesach ich detoksyfikacji. U roślin MT dzieli się na cztery typy, w zależności od liczby i ułożenia Cys. Grupa tiolowa -SH Cys może reagować z reaktywnymi formami tlenu, chroniąc komórki przed stresem oksydacyjnym.

Celem niniejszych badań było zidentyfikowanie genów *MT* owsa *Avena sativa* L. (*AsMT*) i określenie roli kodowanych przez nie białek w reakcji owsa na czynniki abiotyczne (stres suszy, stres osmotyczny, metale ciężkie) oraz biotyczne (obecność grzybów *Trichoderma viride*).

W genomie *A. sativa* L. zidentyfikowano 21 genów *MT*, należących do czterech typów (*AsMT1-4*). W sekwencjach promotorowych tych genów stwierdzono obecność *cis*-elementów odpowiedzialnych za reakcję rośliny na: metale ciężkie, fitohormony, światło, niedobór wody i czynniki biotyczne oraz elementów regulatorowych związanych z rozwojem roślin. Założono, że *MT* pełnią szczególną rolę i są niezbędne do prawidłowego wzrostu i rozwoju roślin. Wykazano zmiany ekspresji *AsMT1-4* w pierwszych godzinach kiełkowania nasion owsa, przy czym całkowita ilość transkryptów *AsMT* pozostawała taka sama. Analiza funkcjonalna, wykazała, że bakterie niosące geny *AsMT1-4* charakteryzowały się większą tolerancją na stres osmotyczny i stres wywołany obecnością jonów Zn i Cd. Obecność jonów metali (Zn, Cd oraz mieszaniny Zn i Cd) powodował w różnym stopniu zmiany ilości transkryptów *AsMT1-4* w korzeniach i pędach siewek owsa. W warunkach stresu wywołanego metalami

ciężkimi w 21-dniowych roślinach owsa obserwowano wzrost zawartości fenoli oraz antyoksydantów hydrofilowych i lipofilowych, a zmiany te korelowały z ekspresją *AsMT*. W eksperymencie donicowym wykazano, że wzrost zawartości Cd w glebie powoduje zmniejszenie biomasy owsa i liczby wytworzonych nasion oraz wzrost zawartości Cd w części nadziemnej roślin, nie stwierdzono istotnych statystycznie zmian ekspresji *AsMT*. Natomiast stwierdzono zmiany ekspresji *AsMT1-3* w obecności *T. viride*, co wskazuje na udział *AsMT* w interakcji tego gatunku z grzybem saprofitycznym. Stresy osmotyczny i suszy powodowały zmiany ekspresji genów *AsMT* w pędach i korzeniach oraz wzrost aktywności enzymów antyoksydacyjnych, zawartości kwasu abscysynowego, związków fenolowych i cukrów.

Przeprowadzone badania wskazały, że *MT* owsa biorą udział nie tylko w odpowiedzi na obecność jonów metali w środowisku, ale są nieodłącznym elementem odpowiedzi na stresy osmotyczny i suszy oraz biorą udział w interakcji roślina-grzyb. U owsa zwyczajnego poszczególne typy *AsMT* pełnią zróżnicowane funkcje, a ich ekspresja koreluje ze zmianami biochemicznymi zachodzącymi w komórkach roślinnych pod wpływem stresów. Metalotioneiny *AsMT2* i *AsMT3* mogą stanowić odpowiednio markery molekularne suszy i stresu osmotycznego. Natomiast *AsMT1*, którego ekspresja jako pierwsza zmienia się w stresie wywołanym obecnością Cd, może być wskaźnikiem stresu powodowanego metalami ciężkimi. W przyszłości uzyskane wyniki mogą stanowić podstawę do wytworzenia transgenicznego owsa zwyczajnego o podwyższonej tolerancji na stresy zwłaszcza spowodowanego odwodnieniem i zanieczyszczeniem środowiska metalami ciężkimi, co ma istotne znaczenie w dobie zmian klimatycznych.

Komercyjnie
15.10.2024.