

Streszczenie rozprawy doktorskiej pt.: „Rola odpowiedzi ścisłej w reakcji na czynniki biotyczne i abiotyczne oraz w czasie rozwoju nasion *Brassica napus* L.”

Nukleotydy regulatorowe, zwane alarmonami ((p)ppGpp), pierwotnie zidentyfikowano u *E. coli*, gdzie odpowiadają za regulację metabolizmu komórkowego. Zależna od alarmonów kontrola metabolizmu nazywana jest odpowiedzią ścisłą. Na początku XXI wieku u roślin zidentyfikowano geny odpowiedzialne za syntezę i degradację alarmonów, co wskazuje, że odpowiedź ścisła jest konserwowana ewolucyjnie. Roślinne geny *RSH* (*RelA/SpoT* Homolog) zostały zidentyfikowane i scharakteryzowane u różnych gatunków roślin. Ponadto wykazano, że alarmony, produkty aktywności katalitycznej białek *RSH*, gromadzą się głównie w chloroplastach. Mechanizm roślinny, homologiczny do bakteryjnej odpowiedzi ścisłej, odgrywa istotną rolę we wzroście, rozwoju i adaptacji roślin do zmian środowiskowych i nie stanowi jedynie pozostałości po plastydowym endosymbiotycznym przodku. W drodze ewolucji geny *RSH* utrzymywały się w komórkach roślinnych i zostały przeniesione do genomu jądrowego, a następnie podlegały różnicowaniu. Ewolucyjny aspekt mechanizmu roślinnego, homologiczny do bakteryjnej odpowiedzi ścisłej nasuwa pytanie o złożoność roślinnych rodzin *RSH*, uwzględniającą liczbę, strukturę i funkcję u różnych gatunków roślin.

W przeprowadzonych badaniach w genomie rzepaku (*Brassica napus* L.) zidentyfikowano łącznie 14 genów *RSH*, a dalsze badanie sekwencji aminokwasowych wykazało, że geny te można zaklasyfikować, podobnie jak u innych gatunków roślin, do trzech podgrup: *RSH1*, *RSH2/3* i *CRSH*. Stwierdzono, że regiony promotorowe tych genów zawierają sekwencje regulatorowe wskazujące na ich zaangażowanie w odpowiedzi na różne bodźce środowiskowe, w tym światło, fitohormony oraz inne czynniki powodujące stresy biotyczne lub abiotyczne (publikacja I). W podgrupie *CRSH* obecny jest motyw EF, odpowiadający za wiązanie jonów wapnia, który jest

wysoce konserwowany w tych roślinnych białkach. Zaobserwowano, że podczas dojrzewania nasion rzepaku wzrastają zawartość jonów wapnia i poziom transkryptów genu *BnCRSH*, co sugeruje, że odpowiedź ścisła zależna od jonów wapnia uczestniczy w dojrzewaniu nasion i warunkuje ich spoczynek (publikacja II). Stwierdzono, że bakterie promujące wzrost roślin (ang. *Plant Growth-Promoting Bacteria*, PGPB), należące do rodzaju *Serratia* sp., znacząco zwiększały ekspresję genów *BnRSH*, nie tylko w warunkach kontrolnych, ale także w warunkach podwyższonego zasolenia, co sugeruje udział odpowiedzi ścisłej w reakcji rośliny na czynniki biotyczne i abiotyczne (publikacja I). Ponadto wykazano, że ekspresja genów *BnRSH* zmienia się w siewkach rzepaku rosnących w obecności grzybów PGPF (ang. *Plant Growth-Promoting Fungi*) *Trichoderma viride*. Wykazano antagonizm *T. viride* w stosunku do patogenów roślin, w szczególności do *Fusarium culmorum*. Opracowano nową biodegradowalną otoczkę nasion zawierającą zarodniki *T. viride*, która sprzyjała wzrostowi siewek *B. napus* bez negatywnego wpływu na kiełkowanie nasion i indukowanie reakcji stresowych u roślin, jednocześnie ograniczała wzrost fitopatogenów (publikacja III).

Podsumowując, badania te wniosły nowe informacje na temat roli białek RSH u rzepaku podczas wzrostu i rozwoju oraz adaptacji roślin do stresu i w interakcjach między roślinami a mikroorganizmami. Ponadto, opracowano nowe rozwiązanie w postaci otoczki nasion, które może znaleźć zastosowanie do zwiększania produktywności upraw i biokontroli patogenów. Zrozumienie mechanizmów, za pomocą których odpowiedź ścisła kontroluje metabolizm roślin w zmieniających się warunkach środowiskowych, ma ogromne znaczenie nie tylko dla przetrwania danego organizmu, ale także całego gatunku.