
Streszczenie osiągnięcia naukowego

dr inż. Anna Piasecka

Zmiany klimatyczne i stresy środowiskowe prowadzą do spadku globalnej produkcji roślin. Dla zachowania bezpieczeństwa żywnościowego istotne jest wprowadzanie nowych odmian roślin, które są w stanie przetrwać niekorzystne warunki. Jednym z elementów aklimatyzacji roślin do zmieniających się warunków środowiskowych jest biosynteza niskocząsteczkowych związków, pełniących rozliczne funkcje w ich metabolizmie i obronie przed stresami. Metabolomika, czyli kompleksowa analiza tych związków obecnych w układach biologicznych, stała się potężnym narzędziem do badania złożonych interakcji między roślinami a środowiskiem. Techniki takie jak chromatografia cieczowa (LC) lub jej połączenie ze spektrometrią mas (LC-MS) są z powodzeniem wykorzystywane w poszukiwaniu molekularnych markerów tolerancji roślin na stresy środowiskowe. Podstawowym celem moich badań było zidentyfikowanie elementów metabolomicznej odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe, zarówno abiotyczne jak i biotyczne. Moje osiągnięcia naukowe obejmują opracowanie i optymalizację metodologii dla porównawczej metabolomiki w celu poszukiwania biomarkerów odporności na suszę i patogeny grzybowe u roślin. Prowadziłam badania nad identyfikacją biomarkerów metabolomicznych tolerancji na suszę jak również zjawiska związane z aklimatyzacją roślin do skutków suszy. Na podstawie widm masowych zidentyfikowałam szereg metabolitów, które znacząco zmieniają swoją akumulację w warunkach deficytu wody. Wśród nich przeważały flawonoidy, kwasy hydroksycynamonowe oraz apokarotenoidy. Korelacje metabolitów z loci cech ilościowych (QTL) pokazały, iż metabolity te w suszy są związane z procesami antyoksydacyjnymi, regulacją ekspresji genów oraz modulacją funkcji białek w roślinach jęczmienia. Z drugiej strony, procesy aklimatyzacji wpłynęły na profil metabolomiczny w korelacji z parametrami fizjologicznymi plonu.

Badania metabolomiczne odgrywają kluczową rolę w zrozumieniu odpowiedzi immunologicznej roślin m.in. na infekcje patogennymi grzybami. Patogeny *Fusarium* spp., w tym *F. culmorum*, są przyczyną fuzariozy kłosów zbóż, prowadząc do drastycznego zmniejszenia plonów i produkcji mykotoksyn. Zidentyfikowałam zarówno wspólne, jak i genotypowo-specyficzne metabolity o zmienionej akumulacji w odpowiedzi na patogena. Metabolity korelujące ze zwiększoną odpornością na patogena należały do różnych klas strukturalnych, w tym pochodnych tryptofanu, pirymidyn, aminokwasów proliny i seryny, a także kwasu jasmonowego. Opis metabolomu w różnych organach *Brachypodium distachyon*, pozwolił mi porównać odpowiedź immunologiczną w tej roślinie modelowej do jęczmienia i pszenicy. Zidentyfikowałam liczne pochodne kwasu treonowego, charakterystyczne dla tego gatunku, nieobecne w jęczmieniu ani pszenicy, co może mieć istotne znaczenie w kontekście wykorzystywania *B. distachyon* jako rośliny modelowej dla badań genomicznych w rodzinie Poaceae. W kręgu moich zainteresowań znalazły się także zagadnienia ewolucji odporności wyzwalanej wzorcem (PTI) w roślinach z rodziny kapustowatych. Wyniki pokazują, że zmienność PTI na poziomie transkryptomu oraz metabolomu u różnych gatunków Brassicaceae nie jest zgodna z ich podobieństwem filogenetycznym. Zagadnienie to zostało rozszerzone o porównawczą analizę biosyntezy glukozynolanów, specjalistycznych metabolitów pełniących funkcję immunologiczną w rodzinie kapustowatych. Wyniki sugerują przewagę adaptacyjną długołańcuchowych glukozynolanów alifatycznych w plemienu *Camelineae* nad krótkołańcuchowymi strukturami występującymi w dużej ilości w roślinie modelowej *A.thaliana*.

Wnioski z moich badań mogą przyczynić się do rozwoju nowych strategii hodowlanych mających na celu zwiększenia odporności roślin na stresy środowiskowe i infekcje patogenów. Opracowanie zaawansowanego podejścia do integracji funkcjonalnej i korelacji danych multiomicznych jest ogromnym wkładem w stworzenie wszechstronnej platformy modelowej do badania mechanizmów odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe.