



PODPIS ZAUFANY

AGATA ANNA
TYCZEWSKA

22.07.2022 10:22:30 [GMT+2]

Dokument podpisany elektronicznie
podpisem zaufanym

**Załącznik nr 7 do wniosku o przeprowadzenie postępowania w sprawie
nadania stopnia doktora habilitowanego dr Agacie Tyczewskiej**

STRESZCZENIE W JĘZYKU POLSKIM

Streszczenie

Celem badań przedstawionych w ramach niniejszej rozprawy habilitacyjnej było scharakteryzowanie molekularnych podstaw odpowiedzi roślin na stres środowiskowy w klimacie umiarkowanym na przykładzie kukurydzy i stresu herbicydowego oraz soi i stresu zimna. Ściśle zdefiniowane mechanizmy molekularne aktywowane w roślinach w odpowiedzi na stresy biotyczne i abiotyczne, pomimo intensywnej pracy naukowców na całym świecie, nie zostały jeszcze dokładnie poznane. Czynniki stresowe mogą aktywować mechanizmy, których skutkiem będzie adaptacja do zaistniałych warunków i utrzymanie normalnego funkcjonowania komórki i organizmu. Tego typu mechanizmy adaptacyjne mogą być przekazane potomnym i doprowadzić do wykształcenia genotypów odpornych na dany czynnik stresowy.

Kukurydza zwyczajna (*Zea mays*) jako roślina uprawiana w szerokim rozstawie międzyrzędzi jest szczególnie narażona na zachwaszczenie, dlatego często w początkowych stadiach wzrostu siewek stosuje się opryski herbicydami, aby zmniejszyć konkurencję o światło, wodę i składniki mineralne. Stres herbicydowy nie był do tej pory badany na szeroką skalę pomimo faktu, iż u kukurydzy zaobserwowano zróżnicowaną fenotypową odpowiedź roślin na stosowanie herbicydów. W badaniach zastosowano metody bioinformatyczne i molekularne, dzięki którym poznano szczegóły budowy genomów dwóch linii kukurydzy różniących się wrażliwością na herbicydy, a także zmiany w poziomach ekspresji genów, miRNA, czy metylacji DNA. Na podstawie uzyskanych wyników wykazano, że występujące w badanych odmianach kukurydzy zmiany są wielopoziomowe i wieloczynnikowe, gdyż zidentyfikowano je na każdym etapie regulacji ekspresji informacji genetycznej, t.j. w genomach, w transkryptomach, pulach miRNA i degradomu. W wyniku przeprowadzonych analiz zidentyfikowano tysiące wariantów strukturalnych, także w regionach kodujących białka, w dwóch odmianach kukurydzy różniących się podatnością na RoundUp®. Zbadano geny i ścieżki zaangażowane w metabolizm glifosatu i zidentyfikowano w nich szereg zmian mogących wpływać na poziomy ekspresji genów. Wykazano ponadto, że stres herbicydowy spowodował zwiększenie ilości w pełni metylowanych sekwencji w genomie linii wrażliwej o 18,64%. Wśród sekwencji metylowanych odmiennie pod wpływem herbicydu były geny kodujące transferazy, białka transporterowe, metylotransferazy, hydrolazy, transpozony, białka rybosomalne, cytochromy i białka uczestniczące w procesach transkrypcji i biorące udział w reakcji na stres uczestniczący w odpowiedzi kukurydzy na stres herbicydowy.

Soja jest rośliną dnia krótkiego, o dużych wymaganiach termicznych, a żadna z dotychczas wyprowadzonych odmian nie jest całkowicie odporna na niskie temperatury i przymrozki. W klimacie umiarkowanym to właśnie chłód jest jednym z najistotniejszych czynników negatywnie wpływającym na wzrost i plonowanie soi. Celem badań było poznanie i zrozumienie różnic powstałych w wyniku działania stresu zimna w puli małych niekodujących cząsteczek RNA oraz degradomu trzech odmian soi uprawnej (Fiskeby V, Augusta i Toyomusume) i jednej odmiany dzikiego przodka soi - *Glycine soja*. Zmiany w poziomach ekspresji puli krótkich regulatorowych RNA i degradomu badano w 3 tkankach roślin stresowanych na różnych etapach wzrostu. Zidentyfikowano łącznie 321 znanych miRNA i przewidziano 348 nowych miRNA; aż 162 cząsteczki miRNA, w tym konserwatywne miRNA specyficzne dla roślin strączkowych i soi oraz 18 nowych miRNA, miało zmienione profile ekspresji pod wpływem stresu zimna. Co ważne, kilka miRNA, takich jak miR156, miR169 i miR5770, miało podobne wzorce ekspresji w Augusta, Fiskeby V i *G. soja*, co wyraźnie kontrastowało z wrażliwą na zimno odmianą Toyomusume. Analizy degradomu, GO i KEGG pozwoliły przypisać potencjalne geny docelowe do cząsteczek miRNA o zróżnicowanych poziomach ekspresji. Stwierdzono, że wiele z tych genów jest powiązanych z mechanizmami reakcji roślin na stres abiotyczny, takimi jak neutralizacja reaktywnych form tlenu, biosynteza flawonoidów i regulacja potencjału osmotycznego. Wykonano również analizy fenotypowe dwóch „odpornych” na zimno odmian soi w kontrolowanych warunkach stresu (fitotron) oraz w warunkach polowych. Co ważne, rośliny Augusta i Fiskeby V poddane stresowi na etapie siewek i wzrostu wegetatywnego wykazały wzrost wskaźników o ~ 10% w porównaniu z roślinami kontrolnymi. Obniżony plon nasion zaobserwowano jedynie u odmiany Fiskeby V poddanej stresowi w fazie R1 (redukcja o 7,4%) oraz u roślin Augusta stresowanych w fazie VE. Wykazano, że w warunkach polowych odmiana Augusta charakteryzuje się większym plonowaniem (g nasion) niezależnie od występującego stresu, odmiana ta okazała się być zatem lepiej przystosowana do polskich warunków uprawy.