

11. STRESZCZENIE (summary in Polish)

Rośliny w przyrodzie są narażone na stres związany z występowaniem w glebie wielu drobnoustrojów, które konkurują o węgiel organiczny produkowany przez rośliny. Niektóre mikroorganizmy są korzystne dla roślin, a inne są patogenne. Rośliny są także narażone na kontakt z roślinożercami. Niektóre zwierzęta roślinożerne i owady wykazują zachowania mutualistyczne, pomagając w zapylaniu lub broniąc rośliny przed innymi roślinożercami. Na skutek ewolucji rośliny wykształciły systemy obronne, aby przeciwdziałać swoim wrogom. Rośliny należące do rzędu kapustnych wykształciły złożony system obronny, aby chronić się przed wrogami swoje części nadziemne i podziemne. Rośliny te wytwarzają klasę metabolitów wtórnych zwanych glukozynolanami, które po aktywacji systemu obrony zapewniają ochronę przed wrogami. Glukozynolany są magazynowane w wakuolach i aktywowane przez β -glukozydazę zlokalizowaną w tzw. komórkach mirozynowych. Ten system aktywacji jest popularnie znany jako system bomby gorczycowej i występuje w roślinach krzyżowych, w tym w roślinie modelowej *Arabidopsis thaliana*. Wśród β -glukozydaz opisanych u *A. thaliana* jest PYK10, która jest gromadzona w wyspecjalizowanych przedziałach pochodzących z sieci retikulum endoplazmatycznego (ER), a mianowicie w ciałach ER. Co istotne, korzenie *A. thaliana* obfitują w glukozynolany indolowe, które są produktami końcowymi metabolizmu pochodnych Trp. PYK10 jest jedną z najbardziej dominujących mirozynaz w korzeniach, o wysokiej specyficznej aktywności w stosunku do glukozynolanów indolowych. Nie zostało do tej pory wyjaśnione, czy zlokalizowane w ciałach ER mirozynazy odgrywają kluczową rolę w kształtowaniu zespołu korzeń-mikrobiota poprzez hydrolizę wtórnych metabolitów pochodzących z Trp. Ciała ER zawierają PYK10 wraz z potencjalnym białkiem rusztowania NAI2, co czyni z nich przedział komórkowy z dużą zawartością białka. Ciała ER są strukturami związanymi z błoną, zawierającymi dwa integralne białka błonowe MEMBRANE OF ER-BODIES (MEB1) i MEB2. Wykazano, że geny MEB1 i MEB2 są homologiczne do transportera VACUOLAR IRON TRANSPORTER (VIT1) występującego u *A. thaliana*, i że białka te są odpowiedzialne za transport żelaza u drożdży. Jednakże funkcja MEB1 i MEB2 u roślin nie jest znana. Na początku przeprowadziłem badania nad rolą MEB1 i MEB2 u *A. thaliana*. Ponieważ MEB1 i MEB2 są transporterami, wysunąłem hipotezę, że MEB1 i MEB2 biorą udział w homeostazie kationów. Następnie zajmowałem się rolą ciał ER i ich substratów w tworzeniu społeczności mikrobioty korzeni. Do tej pory kilka badań sugerowało, że glukozynolany indolowe i produkty ich degradacji odgrywają rolę w kształtowaniu takiej mikrobioty, ale dokładna rola degradacji glukozynolanów indolowych przez PYK10 nie była znana.

W niniejszej pracy wykazałem, po pierwsze, możliwą rolę MEB1 i MEB2 w kształtowaniu morfologii ciał ER, ich ruchu i homeostazie składników odżywczych. Dzięki zaawansowanej mikroskopowej analizie konfokalnej cech tekstury wykazałam, że MEB1 i MEB2 są odpowiedzialne za morfologię i ruch ciał ER. Opierając się na jonomice badanych roślin i pomiarach ich parametrów fizjologicznych w kontrolowanych warunkach odżywczych zasugerowałem, że ciała ER odgrywają rolę w homeostazie kationów. Ogólnie rzecz biorąc, określiłem przypuszczalną rolę MEB1 i MEB2 w ciałach ER *in planta*.

Po drugie, wykazałem rolę PYK 10 i metabolitów wtórnych wytwarzanych z Trp, w kształtowaniu składu metabolitów znajdujących się w eksudatach korzeniowych, poprzez wykonanie nieukierunkowanej metabolomiki. Ponadto, zbadałem rolę ciał ER w tworzeniu zespołu korzeń-mikrobiota. Biorąc pod uwagę wyniki doświadczeń szklarniowych i korzeniowych, a także fakt, że pochodne PYK10 i Trp występują obficie w korzeniach, jest prawdopodobne, że związki będące rezultatem aktywności szlaku PYK10 i Trp, obecne w eksudatach korzeniowych, są odpowiedzialne za kształtowanie mikrobioty korzeni. Przeprowadzając eksperymenty z wykorzystaniem naturalnej gleby i zrekonstruowanej mikrobioty traktowanych eksudatami korzeniowymi pobranymi od roślin z uszkodzonym ciałem ER i szlakiem Trp, określiłem rolę mirozynazy PYK10 zlokalizowanej w ciałach ER i szlaku Trp w modulowaniu składu mikrobioty korzeniowej. Ponadto stwierdziłem, że metabolity wtórne powstające z Trp przy udziale PYK10, znajdujące się w eksudatach korzeniowych, wywołują zmiany w społecznościach bakterii glebowych, a także syntetycznych. Zbadałem również rolę ciał ER w interakcjach roślina-grzyb w układzie monoasocjacyjnym z wykorzystaniem szczepów grzybów, roślin zmutowanych i typu dzikiego. Stwierdziłem, że zarówno aktywność PYK10, jak i szlak Trp wykazują zbieżne zachowanie w stosunku do różnych szczepów grzybów.

Podsumowując, w mojej pracy zbadałam rolę białek błonowych ciał ER: MEB1 i MEB2, *in planta* oraz rolę białka PYK10 ,zlokalizowanego w ciałach ER w kształtowaniu mikrobioty korzeni.

Słowa kluczowe: *Arabidopsis thaliana*, ciała ER, glukozyolan, obrona roślin, błona, morfologia organelli, ruch organelli, homeostaza kationów, fizjologia roślin, mikrobiota korzeni, wydzieliny korzeniowe, metabolity wtórne.