

ALICJA MACKO-PODGÓRNI
ANETA ŁUKASIEWICZ
KORNELIA KWOLEK
MAGDALENA KLIMEK-CHODACKA
DARIUSZ GRZEBELUS
RAFAŁ BARAŃSKI

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy
w Krakowie, Al. 29-Listopada 54, 31-425 Kraków
e-mail: r.baranski@urk.edu.pl

Zmiany transkryptomu marchwi w odpowiedzi na stres zasolenia*

Ze względu na zwiększające się zasolenie gleb, zarówno w wyniku zmian klimatycznych związanych z globalnym ociepleniem jak również działalnością człowieka, poznanie mechanizmów genetycznych związanych z tolerancją roślin na stres zasolenia jest bardzo istotne. Mimo iż marchew jest rośliną bardzo wrażliwą na zasolenie, istnieją jej odmiany lokalne, które są uprawiane na glebach o podwyższonej zawartości soli. Zdolność marchwi do wzrostu w takich warunkach świadczy o istnieniu mechanizmów genetycznych warunkujących tolerancję na zasolenie, pozostają one jednak niescharakteryzowane.

W celu zidentyfikowania genów, warunkujących tolerancję na stres zasolenia, przeprowadzono globalną analizę różnicowej ekspresji genów genotypu wrażliwego (DH1) oraz tolerancyjnego na zasolenie (DLBA), uprawianych w warunkach kontrolnych oraz pod wpływem stresu zasolenia. Z doświadczenia założonego w pięciu powtórzeniach do analizy sekwencjonowania wybrano rośliny z trzech powtórzeń.

RNA zostało wyizolowane zarówno z liści jak i korzeni roślin. Dla każdego genotypu i organu roślin, kontrolnych i uprawianych w glebie o podwyższonym zasoleniu przygotowano próby mieszane RNA pochodzące z 38 osobników, które poddano sekwencjonowaniu z wykorzystaniem platformy Illumina 4000. Łącznie zsekwencjonowano 24 próby mieszane RNA.

Ilościowa analiza różnicowej ekspresji genów (DEG) wykazała różnice w ekspresji pomiędzy roślinami tolerancyjnymi i wrażliwymi na zasolenie, zarówno w korzeniu jak i liściach. W przypadku roślin tolerancyjnych, w korzeniu i liściach zidentyfikowano

* Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (Nr 2016/21/B/NZ9/01054)

odpowiednio 1207 oraz 2553 DEG, w tym 67% oraz 55% stanowiły geny o obniżonej ekspresji w warunkach stresu zasolenia w stosunków do warunków kontrolnych. Rośliny wrażliwe na zasolenie charakteryzowały się silniejszą odpowiedzią na stres w korzeniu, gdzie zidentyfikowano 2703 DEG, z czego 69% stanowiły geny o obniżonej ekspresji w warunkach stresu. W liściach roślin tolerancyjnych 487 genów miało różną ekspresję w warunkach stresu w stosunku do warunków kontrolnych. Wśród nich 49% stanowiły geny o niższej ekspresji. Ponadto, zidentyfikowane zostały geny, których ekspresja obecna była jedynie w przypadku roślin tolerancyjnych, uprawianych w zasolonym podłożu. Wstępna analiza wykazała, że wśród nich większość stanowiły geny o nieznannej funkcji lub nowe transkrypty, a geny o scharakteryzowanej funkcji były związane z reakcją na stres. Między innymi, zarówno w korzeniu jak i liściach roślin DLBA zidentyfikowane zostały transkrypty genu MNS3 kodującego AT5ptase (Type IV inositol polyphosphate 5-phosphatase 7), białko enzymatyczne związane z regulacją powstawania reaktywnych form tlenu (ROS), wpływających na indukcję ekspresji genów związanych z odpowiedzią na stres. Ponadto, tylko w liściach roślin DLBA uprawianych na zasolonym podłożu znajdowały się transkrypty genu TAF10, kodującego czynnik transkrypcyjny zaangażowany w adaptację do stresu osmotycznego. W przypadku roślin wrażliwych uprawianych w warunkach stresu, nieliczne geny ulegały ekspresji tylko w przypadku tego genotypu w warunkach zasolenia, a ich adnotacja nie sugerowała związku z reakcją na stres.