

Geny *ScBx1* i *ScIgl* - współpracownicy czy współzawodnicy? The genes *ScBx1* and *ScIgl* – collaborators or competitors?



Anna Wlazło, Magdalena Świącicka, Monika Rakoczy-Trojanowska

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wstęp

Benzoksazynoidy (BX) to metabolity wtórne syntetyzowane głównie przez rośliny z rodziny wiechlinowatych. Szlak biosyntezy BX rozpoczyna się od przemiany fosforanu indolo-3-glicerolu (IGP) w indol w stromie chloroplastów. Enzymy, które katalizują reakcję przemiany IGP w wolny indol, są kodowane przez geny: *Bx1* i *Igl*. Dotąd uważano, że genem odpowiedzialnym za dostarczanie indolu do szlaku biosyntezy BX w fazie juwenilnej jest *Bx1*, a gen *Igl* aktywowany jest jedynie w wyniku naruszenia tkanki roślinnej (Frey i in., 2000). Ostatnie badania Groszyk i in. (2017) wykazały, że u żyta zwyczajnego (*Secale cereale* L.) ekspresja genu *ScBx1* gwałtownie spada w siewkach 7-dniowych i całkowicie ustaje po 21 dniach od kiełkowania nasion. Natomiast stężenie związków BX utrzymuje się na tym samym poziomie aż do 99 dnia, co sugerowało, że inny gen, prawdopodobnie *ScIgl*, „zastępuje” gen *ScBx1* w późniejszych stadiach rozwoju.

Wyniki

Ekspresja *ScBx1* u wszystkich linii była na najwyższym poziomie w pierwszym punkcie czasowym, a następnie malała, aż stawała się niewykrywalna u linii D39 w 28-ym dniu, u linii L318 w 42-gim dniu, a u linii D33 w 70-ym dniu (Rys.1.).

Ekspresja *ScIgl* również na ogół malała w czasie, ale była wykrywalna do ostatniego badanego punktu czasowego (Rys.2.).

Analiza biochemiczna wybranych BX pokazała, że ich zawartość maleje wraz z rozwojem rośliny, jednak są one obecne do 77-ego dnia, głównie dwa GDIBOA i DIBOA (Rys.3.).

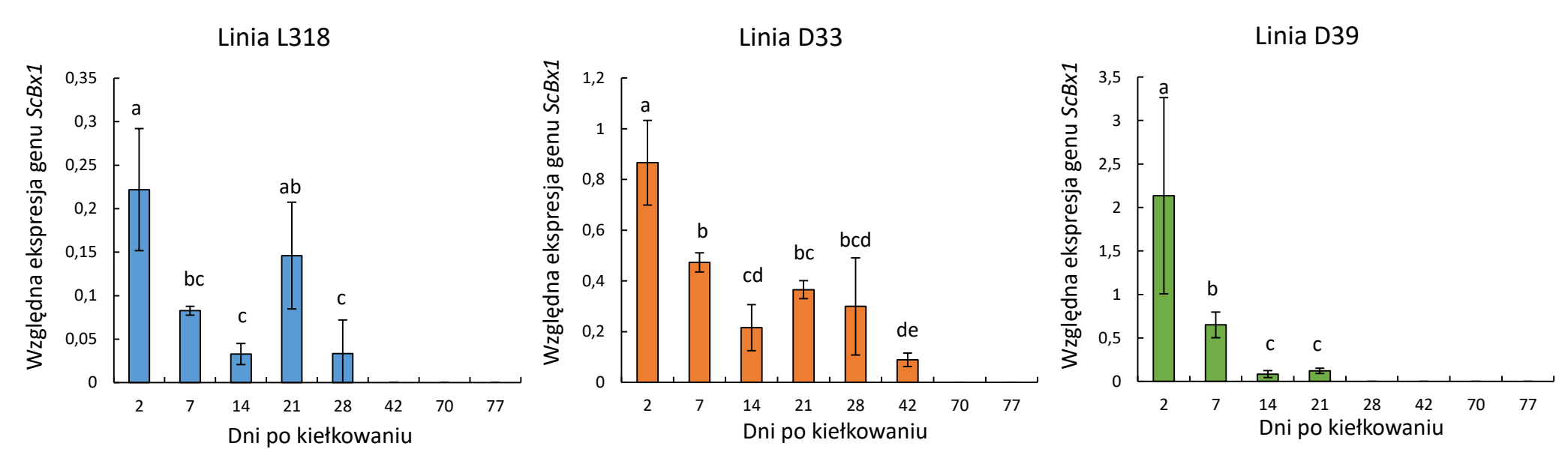
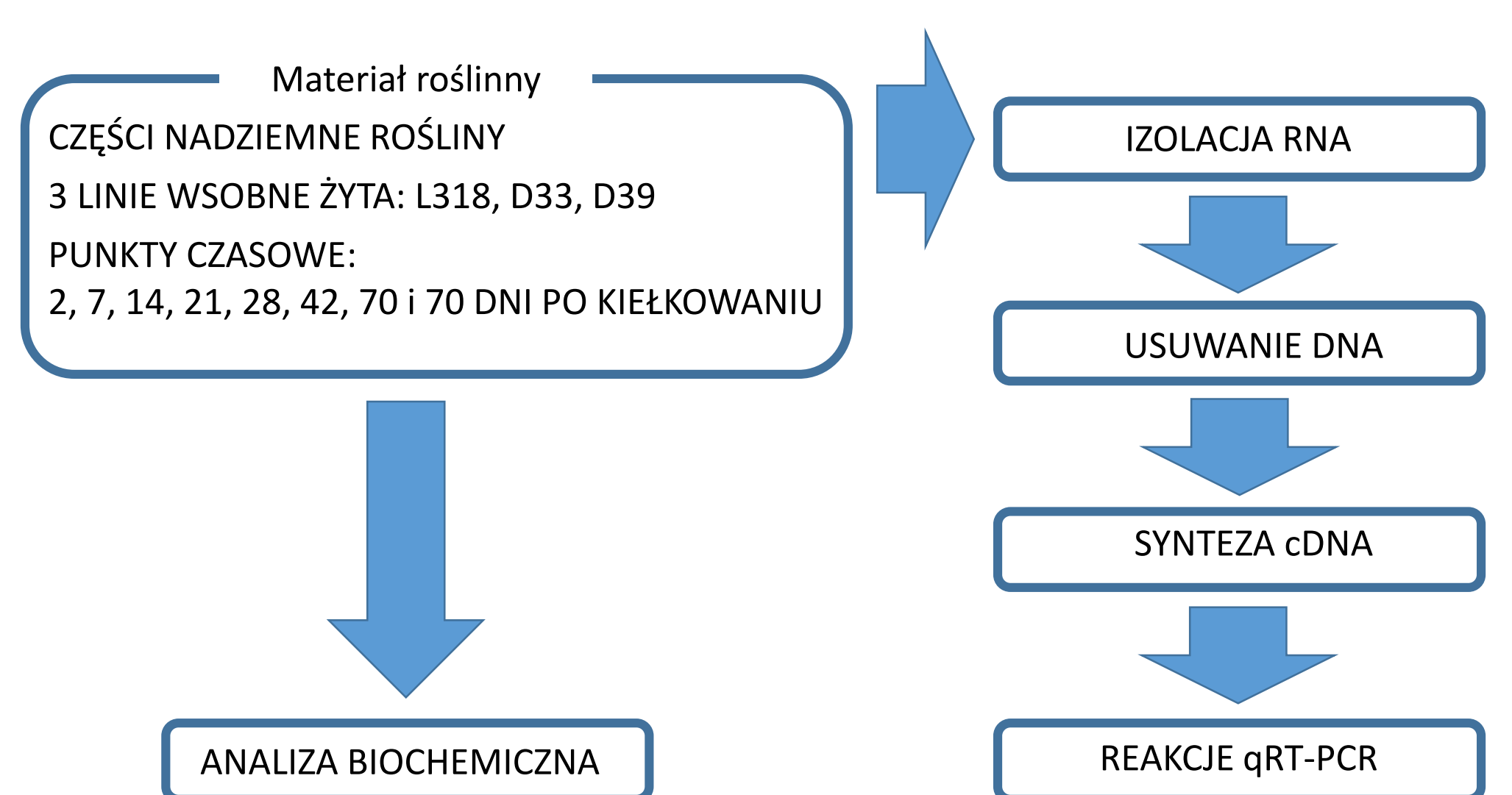
W roślinach odmiany Stach F₁ z wyciszonym *ScBx1* wykryto ekspresję *ScIgl* od 7-ego dnia do ostatniego badanego punktu czasowego (Rys.4.).

We wszystkich badanych liniach wykryto ekspresję *ScIgl* w obu badanych punktach czasowych, tj. 70 i 77 dni. Dla każdej linii poziom ekspresji był wyższy w 77-ym dniu, w porównaniu do pierwszego punktu czasowego. W obu punktach czasowych najwyższym poziomem ekspresji tego genu charakteryzowała się linia D39 (Rys.5.).

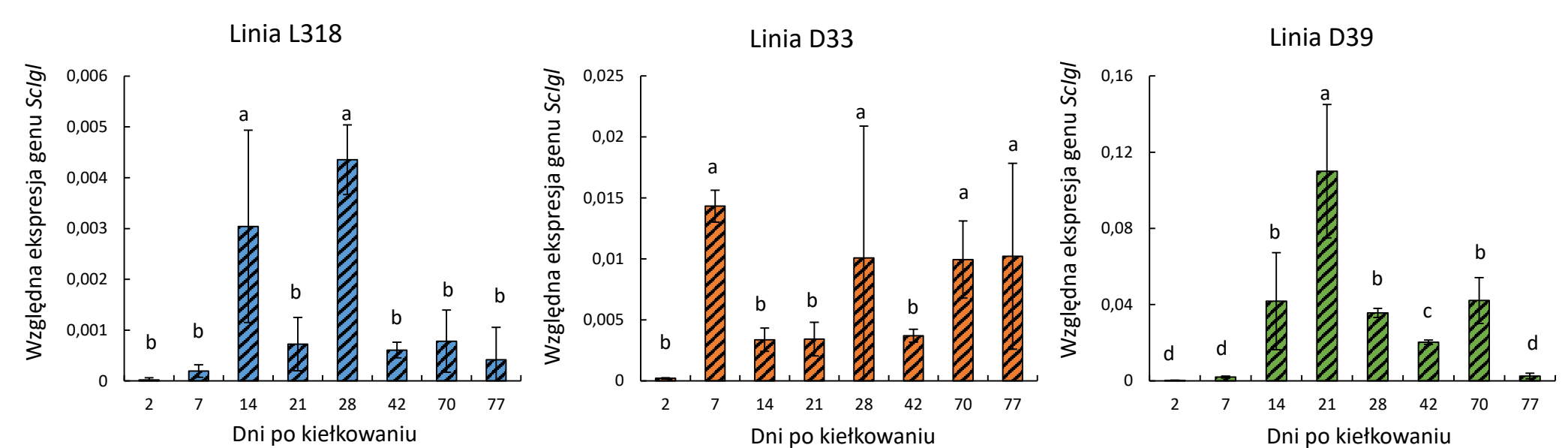
Wnioski

- Wyniki analizy profilu i poziomu ekspresji genów *ScBx1* oraz *ScIgl*, jak również obecność większości BX w późniejszych stadiach rozwojowych mimo braku ekspresji *ScBx1* wskazują, na przejęcie funkcji *ScBx1* przez *ScIgl* w późniejszych stadiach rozwojowych roślin żyta.
- Wykrywalna ekspresja *ScIgl* i obecność BX w roślinach odmiany Stach F₁ z wyciszoną ekspresją *ScBx1* jest dodatkowym potwierdzeniem powyższej tezy.
- Podwyższona ekspresja *ScIgl* oraz podwyższona zawartość DIBOA w linii D39 w późniejszych stadiach rozwojowych, świadczy to o powstawaniu tego związku *de novo* oraz w wyniku hydroksylacji.

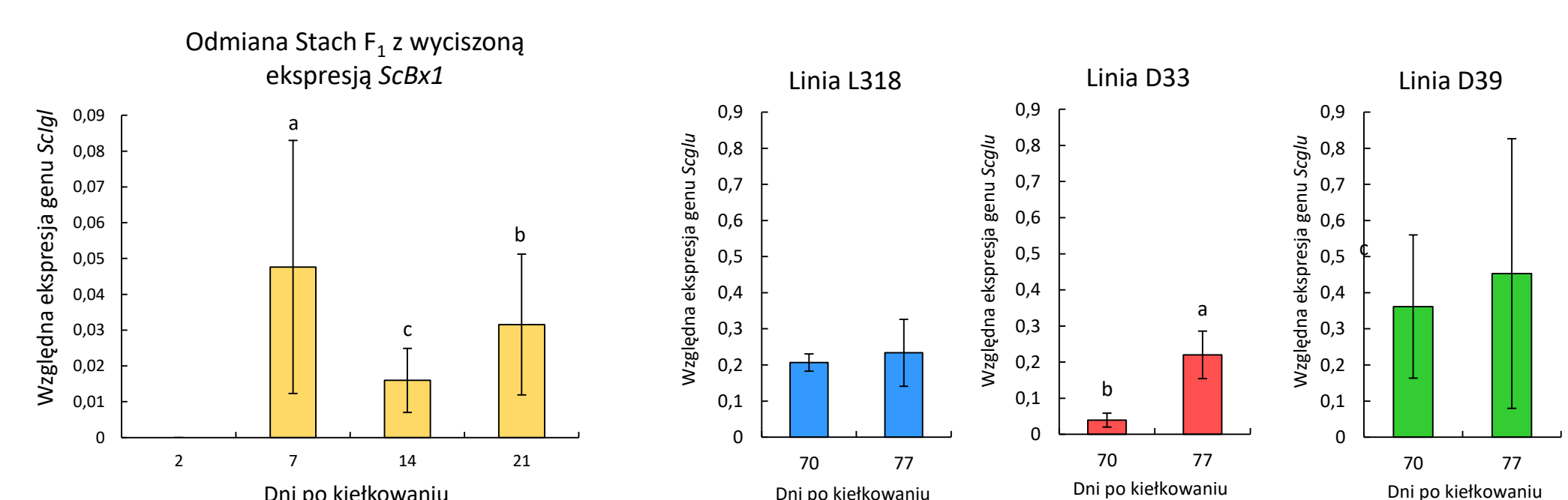
Materiały i metody



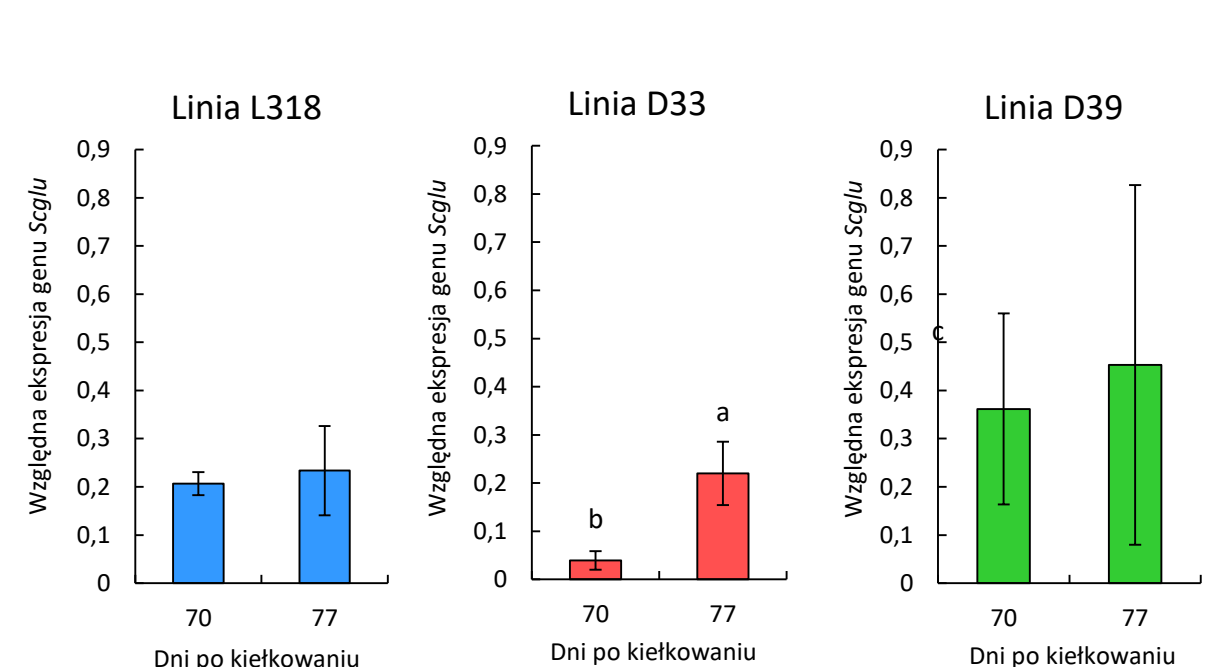
Rys.1. Profil ekspresji *ScBx1* w liniach wsobnych żyta L318, D33 i D39 w ośmiu punktach czasowych (2, 7, 14, 21, 28, 42, 70, 77 dni po kiełkowaniu). Litera a, b, c, d, e oznaczają istotnie statystycznie ($p \leq 0,05$) różnice poziomu ekspresji genu w jednej linii wsobnej żyta.



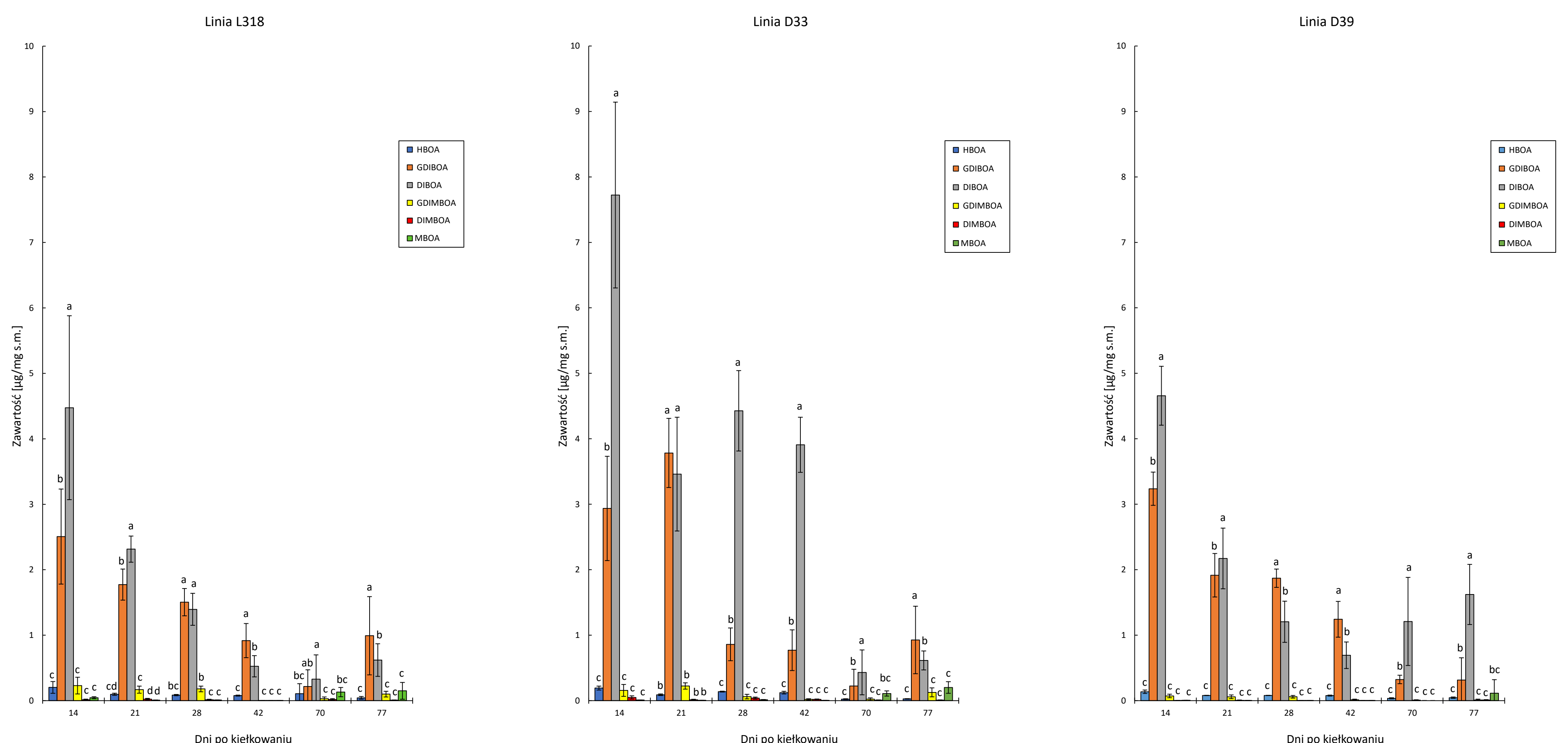
Rys.2. Profil ekspresji *ScIgl* (wypełnienie deseniem) w liniach wsobnych żyta L318, D33 i D39 w ośmiu punktach czasowych (2, 7, 14, 21, 28, 42, 70, 77 dni po kiełkowaniu). Litera a, b, c, d oznaczają istotnie statystycznie ($p \leq 0,05$) różnice poziomu ekspresji genu w jednej linii wsobnej żyta.



Rys.4. Profil ekspresji *ScIgl* w odmianie Stach F₁ żyta z wyciszoną ekspresją genu *ScBx1* w czterech punktach czasowych (2, 7, 14, 21, dni po kiełkowaniu).



Rys.5. Profil ekspresji *ScIgl* w trzech liniach wsobnych żyta L318, D33 i D39 w dwóch punktach czasowych: 70 i 77 dni po kiełkowaniu.



Rys.3. Zawartość badanych związków BX: HBOA, GDIMBOA, DIBOA, GDIMBOA, DIMBOA, MBOA, w częściach nadziemnych linii wsobnych żyta: L318, D33 i D39 w 6 punktach czasowych (14, 21, 28, 42, 70 i 77 dni po kiełkowaniu). Litera a, b, c oznaczają istotnie statystycznie ($p \leq 0,05$) różnice zawartości badanych BX w jednym punkcie czasowym.