

Streszczenie pracy

Ustępowanie głębokiego spoczynku zarodków jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) jest wynikiem krótkotrwałego traktowania tlenkiem azotu (NO). Mechanizm działania tej cząsteczki wynika m. in. z interakcji z reaktywnymi formami tlenu (ROS) oraz fitohormonami (ABA, etylen). Wyniki niniejszej pracy wskazują, iż regulacja ustępowania spoczynku i kiełkowania zarodków jabłoni, będąca efektem zastosowania NO, jest rezultatem jego współdziałania z poliaminami (PA). Zależność NO-PA jest oparta na powiązaniu dróg biosyntezy tych związków, z uwagi na wykorzystanie argininy (Arg) jako substratu.

Poliaminy (PA: putrescyna - Put, spermidyna - Spd i spermina - Spm) należą do regulatorów wzrostu i rozwoju roślin. Zaobserwowano, iż Put i Spd podobnie jak NO, usuwają spoczynek zarodków jabłoni. Stymulacja kiełkowania zarodków przez Put i Spd wiąże się z akumulacją ROS i reaktywnych form azotu (RNS), nagromadzenia których nie obserwuje się w tkance traktowanej Spm. Spm odpowiada za utrzymanie spoczynku zarodków jabłoni, natomiast pogłębienie spoczynku następuje w obecności kanawaniny (Kan, antymetabolitu Arg) oraz zmiatacza NO (cPTIO). Traktowanie zarodków Put i Spd w przeciwieństwie do Spm, wywołuje modyfikacje metabolizmu Arg: wzrost aktywności NOS-podobnej, aktywności arginazy oraz wzrost stężenia mocznika i ornityny (Orn) w osiach i/lub korzeniach zarodkowych.

Zależna od NO stymulacja kiełkowania zarodków, związana jest z wzrostem stężenia wolnych PA w osiach i korzeniach zarodkowych, przy czym najliczniej reprezentowaną PA stanowi Put. Nagromadzenie Put wynika z aktywacji dróg jej biosyntezy. NO prowadzi do wzrostu aktywności arginazy, a tym samym do wzrostu stężenia Orn, stanowiącej bezpośredni prekursor Put. Obserwuje się również modyfikację transkrypcji genów, kodujących enzymy metabolizmu PA. Po traktowaniu NO, w osiach zarodkowych wzrasta ekspresja genów kodujących enzymy biosyntezy PA: dekarboksylazę *S*-adenozylometioniny (*MdSAMDC1*) i syntazę Spd (*MdSPDS2a*), natomiast obniżeniu ulega poziom transkryptów *MdSPMS*, kodującego syntazę Spm - enzym uczestniczący w biosyntezie Spm. Dodatkowo traktowanie zarodków NO, prowadzi do wzrostu ekspresji *MdPAO*, kodującego oksydazę poliaminową (PAO), odpowiadającą za katabolizm PA (głównie Spm), której aktywność jest stymulowana przez NO.

