

## Streszczenie

Już w roku 1994 opisano białko CBP80/ABH1, które wraz z białkiem CBP20 wiąże się do struktury kapu każdego transkryptyu RNA polimerazy II (Izaurre et al. 1994), dzięki czemu biorą one udział w regulacji dojrzewania pre-mRNA i pri-miRNA (Lewis et al. 1996, Raczyńska et al. 2010, Laubinger et al. 2008, Szarzyńska et al. 2009). Stąd też wniosek, że brak aktywności genu *CBP80/ABH1* musi wywoływać efekt plejotropowy na rozwój i życie rośliny. Rośliny z unieczynnionym genem *CBP80/ABH1* wykazują nadmierną wrażliwość na kwas abscysynowy w trakcie kiełkowania, szybciej niż rośliny typu dzikiego zamykają aparaty szparkowe pod jego wpływem oraz lepiej tolerują niedobór wody. Dane te wskazują że białko CBP80/ABH1 zaangażowane jest w szlak transdukcji sygnału ABA (Hugouvieux, Kwak, i Schroeder 2001). Celem tej pracy jest analiza roli genów poniżej genu *CBP80/ABH1* w szlaku transdukcji sygnału ABA w odpowiedzi roślin na stres suszy, hipoteza jaką postawiłam zakłada iż nadekspresja genów *MYB33*, *MYB65* i *MYB101* nie wywoła poważnych zakłóceń w innych szlakach rozwoju roślin oraz zwiększy tolerancję roślin na niedobór wody. W poniższej pracy jako pierwszy krok zbadano rośliny *Arabidopsis* o obniżonej ekspresji wybranych czynników transkrypcyjnych z rodziny MYB. Uzyskane wyniki wykazały, że mutanty mają obniżoną tolerancję na warunki niedoboru wody w porównaniu do roślin typu dzikiego, a ich aparaty szparkowe nie są wrażliwe na ABA. Natomiast nie zaobserwowano w tych roślinach istotnych różnic w cechach morfologicznych i anatomicznych w porównaniu do roślin typu dzikiego. Wyniki te wzmocniły pierwotną hipotezę, dlatego postanowiono w dalszym ciągu przebiegu badań stworzyć rośliny transgeniczne o nadekspresji genów *MYB33*, *MYB65* i *MYB101*. Aby połączyć posiadaną wiedzę z możliwościami przyszłej aplikacji wyników, oraz dzięki wcześniejszemu doświadczeniu, poza pracami na *Arabidopsis* włączono w badania również rośliny ziemniaka. Uzyskano linie *Arabidopsis* o nadekspresji białek MYB33, MYB65 i MYB101 pochodzących z *Arabidopsis*, oraz o nadekspresji białek MYB33 i MYB65 pochodzących z ziemniaka. Natomiast w liniach transgenicznych ziemniaka uzyskano nadekspresję genów *MYB33*, *MYB65* i *MYB101* pochodzących z *Arabidopsis*, oraz jego własnych genów *MYB33* i *MYB65*. Wszystkie te rośliny zdecydowanie lepiej tolerują suszę dzięki wyższej względnej zawartości wody w liściach, a ich aparaty szparkowe są znacząco bardziej wrażliwe na ABA w porównaniu do roślin typu dzikiego. Po analizach morfologicznych, podobnie jak w przypadku mutantów o obniżonej ekspresji wybranych czynników transkrypcyjnych MYB, nie zauważono znaczących różnic morfologicznych pomiędzy mutantami a roślinami typu dzikiego. Wskazuje to na bezpośrednie zaangażowanie genów *MYB33*, *MYB65* i *MYB101* w regulację działania aparatów szparkowych, oraz brak ich wpływu na cechy morfologiczne i anatomiczne roślin.