

Identyfikacja genotypów pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) o zwiększonej tolerancyjności na stres oksydacyjny

Leśniowska-Nowak Justyna, Zapalska Magdalena, Kociuba Wanda, Segit Zbigniew, Doliński Romuald, Kawęcka Magdalena, Maga Kornelia, Mrozek Małgorzata, Barchacka Karolina

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Stres oksydacyjny wynika z braku stanu równowagi pomiędzy tworzeniem się a usuwaniem reaktywnych form tlenu (RFT). Powstawanie stresu oksydacyjnego jest wspólną odpowiedzią roślin na różne czynniki stresowe, takie jak susza, zasolenie, obecność jonów metali ciężkich, niska lub wysoka temperatura, atak patogenów czy zranienia. Stres oksydacyjny prowadzi do upośledzenia lub ograniczenia metabolizmu i rozwoju rośliny.

Przedmiotem pracy była ocena odporności pszenicy twardej na stres oksydacyjny wywołany działaniem parakwatu – związku organicznego katalizującego powstawanie reaktywnych form tlenu.

Materiał badawczy stanowiły 148 odmiany i linie hodowlane pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) pochodzące z różnych rejonów świata. Sterylne ziarniaki kiełkowano na szalkach z zestalonym podłożem MS niezawierającym cukru. Trzydniowe siewki przenoszono na pożywkę zawierającą 5 μM oraz 10 μM parakwatu (dichlorku 1,1'-dimetylo-4,4'-bipirydyniowego, zwanego powszechnie wiologeniem metylu – MV). Kontrolę stanowiły rośliny rosnące na pożywce niezawierającej parakwatu. Po sześciu dniach trwania stresu oksydacyjnego rośliny mierzono i ważono. Obecność parakwatu powodowała zmniejszenie masy oraz długości części pędowej siewki, zahamowanie rozwoju systemu korzeniowego oraz, u niektórych z badanych form, wystąpienie chloroz. Wyższe stężenie wiologenu metylu powodowało większe zahamowanie wzrostu roślin. Obserwowano różnice w reakcji badanych form na zadany stres oksydacyjny. Spośród testowanych odmian i linii hodowlanych pszenicy twardej wybrano te charakteryzujące się największą i najmniejszą odpornością na stres oksydacyjny. Wyselekcjonowany materiał wykorzystany będzie do analizy ekspresji genów zaangażowanych w szlaki metaboliczne uczestniczące w odpowiedzi roślin na stesy biotyczne i abiotyczne.