Streszczenie

Czynniki transkrypcyjne z podrodziny HD-Zip I odgrywają kluczową rolę w regulacji odpowiedzi roślin na stresy abiotyczne oraz w integracji sygnałów środowiskowych z wewnętrznymi procesami rozwojowymi, w tym z rytmem okołodobowym. W genomie rzepaku (*Brassica napus* L.), gatunku amfiploidalnego o złożonej historii ewolucyjnej, wiele genów z tej podrodziny występuje w licznych kopiach w wyniku przeszłych zdarzeń duplikacji całogenomowych oraz reorganizacji genomu. Choć ich sekwencje kodujące są wysoce konserwatywne, homologi genów HD-Zip I wykazują istotne różnice w ekspresji i reakcji na bodźce środowiskowe, co sugeruje sub- lub neofunkcjonalizację.

Głównym celem rozprawy doktorskiej było zbadanie potencjalnej dywergencji funkcjonalnej czterech homologów genu *BnaHB6*, ze szczególnym uwzględnieniem ich roli w odpowiedzi na deficyt wody. Dodatkowo, analizowano potencjalne geny docelowe oraz szlaki molekularne i procesy biologiczne regulowane przez te homologi w warunkach odwodnienia. W badaniach zastosowano podejścia bioinformatyczne (analizy sekwencji nukleotydowych i białkowych, analiza filogenetyczna, identyfikacja elementów *cis*-regulatorowych), transkryptomiczne (RT-qPCR i RNA-Seq) oraz molekularne (analiza aktywności promotorów w roślinach transgenicznych, ChIP-qPCR, charakterystyka mutanta TILLING). Wszystkie cztery homologi *BnaHB*6 zachowały konserwatywną strukturę genową i domeny funkcjonalne (domena HD i motyw LZ) oraz wykazywały zdolność aktywacji transkrypcji, jednak różniły się sekwencjami regulatorowymi i wzorcami ekspresji. Spośród analizowanych genów *BnaHB6*, *BnaC08HB6* i *BnaA09HB6* silnie reagowały na odwodnienie, zasolenie i ciemność. Obecność charakterystycznych elementów *cis*-regulatorowych dla stresu abiotycznego (ABRE, DRE, MYB) w ich promotorach korelowała z poziomem ekspresji i aktywnością promotorów w roślinach transgenicznych *Arabidopsis thaliana.* Analizy ChiP-qPCR potwierdziły, że oba geny regulują ekspresję niektórych homologów *BnaABF4* i *BnaDREB2A,* kluczowych komponentów ABA-zależnego szlaku odpowiedzi na stres osmotyczny. Co istotne, *BnaC08HB6* i *BnaA09HB6* pełnią funkcję represorów aktywności tych genów w warunkach kontrolnych, a aktywatorów w warunkach stresu, co wskazuje na ich dynamiczną funkcję regulacyjną. Z kolei *BnaA04HB6* i *BnaC04HB6* wykazały słabszą indukcję pod wpływem stresów abiotycznych, co może sugerować ich wyspecjalizowaną rolę w innych procesach fizjologicznych, np. w rozwoju zależnym od

światła. Zróżnicowanie funkcjonalne homologów *BnaHB6* wspiera hipotezę subfunkcjonalizacji, umożliwiającej bardziej precyzyjną adaptację do zmieniających się warunków środowiskowych. Mutacje w genie *BnaC08HB6* prowadziły do zmian morfologicznych i molekularnych. Profilowanie transkryptomiczne mutanta *bnac08hb6* względem roślin WT w warunkach odwodnienia wykazało deregulację szlaków związanych ze stresem wodnym, utrzymaniem homeostazy redoks oraz metabolizmem plastydowym, co wskazuje na nadrzędną rolę tego genu w integracji sygnałów środowiskowych z funkcjonowaniem organelli i rozwojem roślin.

Uzyskane wyniki pogłębiają wiedzę na temat organizacji i ewolucji sieci regulacyjnych u roślin oraz identyfikują potencjalne cele dla zastosowań biotechnologicznych i hodowlanych, ukierunkowanych na zwiększenie odporności na stresy abiotyczne.