

Streszczenie

Kwas abscysynowy (ABA) pełni funkcję inhibitora kiełkowania nasion, jednak jego mechanizmy molekularne tego procesu, szczególnie u zbóż, są nadal nie w pełni poznane. Celem niniejszej rozprawy doktorskiej było zbadanie roli ABA w regulacji kiełkowania ziarniaków jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.), ze szczególnym uwzględnieniem jądrowego kompleksu wiążącego strukturę kapu mRNA (CBC; Cap-Binding Complex). Kompleks CBC jest heterodimerem złożonym z podjednostek CBP20 (Cap-Binding Protein 20) i CBP80. W badaniach wykorzystano ziarniaki i zarodki czterech genotypów jęczmienia: mutantu *hvcbp20.ab* oraz *hvcbp80.b*, podwójnego mutantu *hvcbp20.ab/hvcbp80.b*, a także odmianę rodzicielską 'Sebastian'. Zastosowano zintegrowane podejście badawcze obejmujące analizy fizjologiczne, transkryptomyczne oraz metabolomiczne. Wykazano, że mutacja obu genów kodujących podjednostki kompleksu CBC u mutantu *hvcbp20.ab/hvcbp80.b* znosi hamujący wpływ ABA na kiełkowanie, co sugeruje istnienie mechanizmu kompensacyjnego między *HvCBP20* a *HvCBP80*, gdyż pojedyncze mutanty wykazują wrażliwość na ABA. Fenotyp podwójnego mutantu *hvcbp20.ab/hvcbp80.b* powiązано ze znaczącymi zmianami w transkryptomie kiełkujących zarodków w odpowiedzi na ABA, obejmującymi zwiększoną liczbę genów i transkryptów o zróżnicowanej ekspresji, intensyfikację zdarzeń alternatywnego splicingu oraz interakcje pomiędzy regulacją sygnalizacji ABA, a sygnalizacją i metabolizmem brasinosteroidów. Zidentyfikowano również interakcje białkowe *in silico* pomiędzy podjednostkami kompleksu CBC a składnikami aparatu splicingowego. Ponadto w toku badań z wykorzystaniem sekwencjonowania w technologii długich odczytów PacBio opracowano referencyjny transkryptom jęczmienia genotypowo-specyficzny dla kiełkujących zarodków. W drugiej części pracy szczegółowo przeanalizowano działanie ABA w zarodkach odmiany 'Sebastian' na wczesnym etapie kiełkowania. Zintegrowano dane transkryptomyczne, metabolomiczne oraz przestrzenną transkryptomikę Visium. Ujawniono represyjne działanie ABA na ekspresję genów związanych z metabolizmem i wzrostem, przy jednoczesnej aktywacji procesów stresowych i szlaków fitohormonalnych. Wysoka korelacja między zmianami w transkryptomie i metabolomie wskazuje na skoordynowaną regulację ekspresji genów oraz procesów metabolicznych w kiełkujących zarodkach pod wpływem ABA. Ujawniono, że odpowiedź na ABA ma charakter tkankowo-specyficzny, z dominującą aktywnością transkrypcyjną w koleoptylu. Łącznie uzyskane wyniki wnoszą istotny wkład do badań nad molekularną i przestrzenną kontrolą procesu kiełkowania zbóż.