

ELŻBIETA BEDNARSKA

*Pracownia Biologii Rozwoju*

*Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej UMK*

*Gagarina 9, 87-100 Toruń*

*e-mail: ebedn@biol.uni.torun.pl*

## EMBRIOLOGIA ROŚLIN - WSTĘP

Współczesna embriologia roślin jest dynamicznie rozwijającą się dziedziną naukową, która obejmuje różny poziom organizacji biologicznej, od tkankowego, poprzez komórkowy, do molekularnego. W ostatnim dziesięcioleciu, w wyniku dynamicznego rozwoju technik molekularnych i genetycznych, szczególnie intensywnie rozwijają się badania prowadzone na komórkach linii generatywnej roślin. W tych obszarach badawczych aktywnie uczestniczą embriolodzy polscy, będący kontynuatorami wybitnych uczonych takich jak m.in. prof. Zygmunt Wóycicki, prof. Anna Wałek-Czarnecka, prof. Henryk Teleżyński oraz prof. Bohdan Rodkiewicz. Z żalem odnotowuję, że nie wszyscy polscy badacze, legitymujący się uznanymi w świecie osiągnięciami z zakresu embriologii roślin, skorzystali z zaproszenia do współpracy w redagowaniu tego zeszytu KOSMOSU. Tym niemniej można wyrazić nadzieję, że zawarte w nim artykuły pozwolą Czytelnikowi zorientować się w problematyce badawczej głównych polskich ośrodków naukowych zajmujących się tą dziedziną wiedzy.

Miejscem przebiegu wszelkich zjawisk związanych z rozmnażaniem generatywnym roślin okrytonasiennych jest kwiat. Zatem indukcję kwiatu, w którym różnicują się żeńskie (słupki) oraz męskie (pylniki) organy rozmnażania można uznać za pierwszy etap prowadzący do powstania nowego pokolenia rośliny. Od lat wiadomo, że w indukcję kwitnienia zaangażowane są takie zjawiska jak fotoperiodyzm, wernalizacja czy działanie fito-

hormonów. Jednakże zrozumienie molekularnych mechanizmów kontrolujących kwitnienie stało się możliwe dopiero po poznaniu dróg sygnałowania komórkowego u roślin, a przede wszystkim dzięki rozszyfrowaniu genomu takich modelowych roślin jak rzodkiewnik (2000 r.) czy ryż (2002 r.). Pozwoliło to na zidentyfikowanie wielu genów zaangażowanych w indukcję kwitnienia, a dalej szlaków metabolicznych, dzięki którym merystem wegetatywny przekształca się w pąk kwiatowy. W artykule „Genetyczna kontrola kwitnienia roślin okrytonasiennych” A. TRETYN i J. KOPCEWICZ przedstawiają stan najnowszych badań (światowych oraz własnych Autorów) na temat indukcji kwitnienia u roślin okrytonasiennych.

W rozwijającym się kwiecie mają miejsce dwa ważne procesy. W pylniku tzw. tkanka sporogenna przechodzi proces mejozy, zwany tutaj mikrosporogenezą, który zapoczątkowuje cykl zjawisk prowadzących do powstania ziaren pyłku (gametofitu męskiego). Natomiast w słupku, na terenie zalążka, w procesie megasporogenezy powstaje zredukowana megaspóra, z której rozwija się żeński gametofit – woreczek zalążkowy. Wytwarzanie żywotnych ziaren pyłkowych nie jest możliwe bez prawidłowej interakcji komórek linii generatywnej z somatycznymi tkankami pylnika, głównie z tapetum. Podstawową funkcją tej tkanki jest odżywanie komórek będących na drodze mikrosporogenezy i wytwarzania ziaren pyłku. W prawidłowo rozwijającym się pylniku los tapetum jest zawsze ten sam – tkanka ulega

całkowitej degradacji. Badania ostatnich lat, prowadzone w zespole prof. Marii Charzyńskiej z UW, dostarczyły dowodów, że śmierć tapetum jest procesem zaprogramowanym w ontogenezie pylnika. Zatem tapetum jest jednym z niewielu znanych przykładów tkanki roślinnej, której komórki podlegają programowanej śmierci. Poznanie tego procesu na poziomie molekularnym jest interesujące nie tylko dla embriologa roślin, dotyka bowiem zjawisk komórkowych, które występują zarówno u zwierząt jak i roślin. Bliżej o programowanej śmierci komórki roślinnej, na przykładzie tapetum pylnikowego, Czytelnik może dowiedzieć się z artykułu J. LEŚNIEWSKIEJ „Tapetum pylnikowe w aspekcie programowanej śmierci komórki”.

Zaburzenia w prawidłowej interakcji między komórkami linii generatywnej a tapetum są częstą przyczyną zjawiska męskosterylności, które wyraża się brakiem żywotnego pyłku w kwiatach produkujących płodne woreczki zalążkowe. Linie męskosterylne są niezwykle cenne w pracach hodowlanych, bowiem brak funkcjonalnego pyłku eliminuje konieczność kastracji pylników podczas produkcji mieszańcowych nasion. Z tego powodu zjawisko to jest nie tylko szeroko badane, ale również – dzięki zastosowaniu metod inżynierii genetycznej – w laboratoriach tworzone są wciąż nowe odmiany uprawnych roślin męskosterylnych. O genetycznych i molekularnych uwarunkowaniach męskosterylności, ze szczególnym uwzględnieniem genomu mitochondrialnego, a także metodach inżynierii genetycznej wykorzystywanych do konstrukcji roślin męskosterylnych piszą A. MAJEWSKA-SAWKA i Z. SADOCH w artykule „Cytoplazmatyczna męska sterylność roślin – mechanizmy biologiczne i molekularne”.

Dojrzałe ziarna pyłkowe ulegają wypyleniu i często w sposób losowy trafiają na znamię słupka. Dlatego też na znamieniu może znajdować się pyłek obcego gatunku lub pyłek, który pochodzi z tego samego kwiatu (wsobny). Jednakże w warunkach naturalnych nie dochodzi do swobodnego krzyżowania międzygatunkowego, jak również chowu wsobnego, będącego wynikiem samozapylenia. O tym jak obupłciowe rośliny kwiatowe, ze swej natury niezdolne do wyboru partnera rozmnażania, zabezpieczyły się przed kiełkowaniem w słupku samoniezgodnych ziaren pyłkowych, Czytelnik może przeczytać w artykule E. BEDNARSKIEJ i M. LENARTOWSKIEJ „Mechaniz-

my samoniezgodności u roślin kwiatowych” . Poznanie genetycznych i molekularnych mechanizmów rozpoznania między partnerami rozmnażania, tj. ziarnem pyłkowym a słupkiem, ma też ważny walor ogólnobiologiczny. Interakcja między pyłkiem a słupkiem stanowi bowiem dogodny i często wykorzystywany model do badania procesów odbioru i transdukcji sygnałów międzykomórkowych u roślin.

Ostatecznym celem kiełkującej w słupku łagiewki pyłkowej jest odnalezienie mikropyle załączka i wrośnięcie do woreczka zalążkowego. Tam na terenie synergidy dojdzie do uwolnienia komórek plemnikowych, który to proces bezpośrednio poprzedza akt zapłodnienia. Jakie mechanizmy ukierunkowują łagiewkę pyłkową do mikropyle załączka, które stanowi tylko niewielki procent jego powierzchni? Badania ostatnich lat, prowadzone również w Polsce przez zespół prof. Renety Śnieżko z UMCS, dostarczyły przekonujących dowodów, że załazek nie jest biernym partnerem rozmnażania. Podczas dojrzewania słupka, a także już po jego zapyleniu, zarówno somatyczne tkanki otaczające mikropyle załączka, jak i sam woreczek zalążkowy, są źródłem związków działających jako atraktanty dla rosnących łagiewek pyłkowych. Dzięki temu łagiewka bezbłędnie odnajduje mikropyle i tam kieruje swój wierzchołek wzrostu. Wskazuje się też na to, iż łagiewka i woreczek zalążkowy odróżniają swoje genotypy, tj. łagiewka „wybiera” partnera do zapłodnienia. Zdolność do przyciągania łagiewek pyłkowych mają tylko załączki receptywne, tj. płodne. Niereceptywne załączki, w których brak woreczka zalążkowego, lub są zbyt młode lub zbyt stare, nie przyciągają łagiewek. Z problemem w jaki sposób załączki przekazują łagiewkom sygnał o swej receptywności zapoznaje Czytelnika artykuł R. ŚNIEŻKO i B. CHUDZIK „Zalążek jako aktywny partner w procesie rozmnażania generatywnego roślin kwiatowych”.

Uwolnione do synergidy komórki plemnikowe ostatecznie trafiają do przestrzeni między komórki docelowe, tj. pomiędzy komórkę jajową i komórkę centralną. W warunkach *in vivo* akt podwójnego zapłodnienia odbywa się w otoczeniu wielu warstw komórek somatycznych załączka. Stwarza to ogromne problemy techniczne w poznaniu tego procesu nie tylko na poziomie cytologicznym, ale przede wszystkim molekularnym. Rozpoczęte w latach 80. ubiegłego wieku prace nad izo-

lowaniem gamet roślin kwiatowych stworzyły nieznane do tej pory możliwości badania zapłodnienia w warunkach *in vitro*. Izolacja gamet, a następnie możliwość ich fuzji w warunkach *in vitro* pozwala nie tylko bezpośrednio obserwować proces zapłodnienia. Umożliwia również prowadzenie badań na poziomie molekularnym, a także manipulowanie komórkami rozrodczymi i produktami ich fuzji. Zastosowanie technik zapłodnienia *in vitro* przyczyniło się do poznania najwcześniejszych zjawisk towarzyszących fuzji gamet oraz procesów prowadzących do aktywacji zygoty u roślin okrytonasiennych. W zagadnienia te wprowadza nas artykuł R. MÓLA „Zapłodnienie *in vitro* u roślin kwiatowych”.

Konfiguracje szkieletu cytoplazmatycznego w cyklu życiowym komórek linii generatywnej oraz podczas dalszych procesów

płciowego rozmnażania roślin (zapłodnienie, rozwój bielma) są tematem artykułu J. BEDNARY „Rola szkieletu cytoplazmatycznego w generatywnym rozmnażaniu roślin”.

Komórki męskiej linii generatywnej roślin okrytonasiennych, podobnie jak oocyty zwierząt, stanowią bardzo dogodny model do badania przebiegu procesu składania pre-mRNA. Wiadomo, że u wszystkich Eukariota, zarówno u roślin, jak i u zwierząt, pierwotny transkrypt zawiera poza sekwencjami kodującymi sekwencje niekodujące, które są usuwane przed transportem mRNA do cytoplazmy. Stan wiedzy na temat przebiegu tego procesu w zwierzęcych i roślinnych komórkach linii generatywnej został porównawczo omówiony w artykule D. J. SMOLIŃSKIEGO i współaut. „Organizacja systemu splicingowego w komórkach linii generatywnej”.

