

Streszczenie rozprawy doktorskiej

Bakteryjne endofity wybranych roślin uprawnych i chwastów – różnorodność biologiczna i ocena potencjału biotechnologicznego w promowaniu wzrostu i rozwoju roślin

Słowa kluczowe: endofity, sekwencjonowanie genu 16S rRNA, różnorodność genetyczna, profil metaboliczny, właściwości promowania wzrostu i rozwoju roślin, zrównoważone rolnictwo, bioprodukty

Wraz z globalną potrzebą zapewnienia bezpieczeństwa żywnościowego, zmianami klimatu i rosnącymi zanieczyszczeniami wynikającymi z masowego stosowania niebezpiecznych agrochemikaliów tj. pestycydów i nawozów, wzrosło zainteresowanie znalezieniem alternatywnych metod nawożenia i zwalczania szkodników upraw. W związku z tym wykorzystanie bakterii endofitycznych w rolnictwie okazuje się być obiecującym narzędziem w rozwoju zrównoważonego rolnictwa. Biologiczny potencjał endofitów bakteryjnych w promowaniu wzrostu roślin i łagodzeniu biotycznych i abiotycznych stresów oferuje ekonomiczny i przyjazny dla środowiska sposób zwiększania wzrostu roślin i wydajności upraw oraz utrzymania zdrowia gleby.

Celem rozprawy doktorskiej była identyfikacja i scharakteryzowanie rodzimych szczepów bakterii endofitycznych wyizolowanych z powierzchniowo sterylizowanych korzeni i łodyg lokalnych roślin uprawnych i chwastów, oraz określenie ich potencjału biostymulującego wzrost i rozwój roślin. Łącznie wyselekcjonowano 45 izolatów bakterii endofitycznych, które zidentyfikowano za pomocą analizy porównawczej sekwencji genu 16S rRNA i zróżnicowano wykorzystując metody *fingerprintingu*: PCR-DGGE, BOX-PCR i ERIC-PCR. Wyizolowane bakterie sklasyfikowano do rodzaju: *Rhizobium*, *Delftia*, *Agrobacterium*, *Stenotrophomonas*, *Brevundimonas*, *Novosphingobium*, *Variovorax*, *Collimonas*, *Achromobacter* i *Comamonas*. W oparciu o wybrane techniki molekularne, stwierdzono że genotyp rośliny istotnie wpływa na skład i zróżnicowanie bakterii endofitycznych. Po analizie podobieństwa nukleotydów *in silico*, do dalszych badań wybrano 23 szczepy bakterii. Wykorzystując System Biolog GEN III MicroPlate określono potencjał kataboliczny analizowanych szczepów w stosunku do wybranych substratów. Analiza pozwoliła na wytypowanie najaktywniejszych metabolicznie bakterii - *Stenotrophomonas maltophilia*, *Novosphingobium resinovorum* i *Delftia acidovorans*. Właściwości metaboliczne

i fenotypowe endofitów bakteryjnych były ściśle zależne od rodzaju bakterii i nie były skorelowane z gatunkiem rośliny żywicielskiej. Następnie wykonano szereg biochemicznych analiz mających na celu określenie potencjału biostymulującego wzrost i rozwój roślin. Wszystkie szczepy bakterii endofitycznych syntetyzowały związki podobne do kwasu indolilo-3-octowy (IAA), większość z nich (95%) to aktywne diazotrofy, 74% szczepów wykazało zdolność do produkcji sideroforów, a tylko u 13% szczepów zaobserwowano aktywność solubilizacji fosforanów. Przeprowadzone analizy pozwoliły na wyselekcjonowanie 23 szczepów bakterii endofitycznych posiadających liczne mechanizmy promowania wzrostu i rozwoju roślin. Ważnym aspektem przeprowadzonych badań było zidentyfikowanie stosunkowo wysokiej liczby bakterii, które posiadają szeroki zakres gospodarzy roślinnych (np. *Delftia* spp.). W związku z powyższym bakterie te mogą stanowić tzw. rdzeń bakterii endofitycznych w danym obszarze (rdzeń rodzimych bakterii) oraz mogą posiadać tzw. kompetencje endofityczne związane z efektywnością nawiązywania interakcji z roślinami. Połączenie analiz genetycznych i testów metabolicznych jest kluczowym elementem w selekcji najwłaściwszych szczepów jako skutecznych składników biopreparatów stymulujących wzrost i rozwój roślin w sposób zrównoważony dla środowiska. Scharakteryzowane w ramach przeprowadzonych badań szczepy bakterii endofitycznych wykazują potencjał do dalszych badań nad praktycznym zastosowaniem jako składników biopreparatów promujących wzrost roślin.