

Rośliny i związane z nimi mikroorganizmy stanowią efektywne narzędzie oczyszczania skażonych środowisk. Fitoremediacja jest społecznie akceptowaną i przyjazną środowisku metodą, intensywnie badaną i coraz częściej stosowaną do oczyszczania gleb skażonych węglowodorami ropopochodnymi (ang. petroleum hydrocarbons, PH) i/lub metalami ciężkimi (ang. heavy metals, HM). Wyniki wielu badań wskazują, że fitoremediacja gleb skażonych może być efektywnie wspomagana przez mikroorganizmy wchodzące w bezpośrednie interakcje z roślinami. Największe rolę w tym procesie odgrywają bakterie promujące wzrost roślin (ang. plant growth promoting bacteria, PGPB) zasiedlające glebę bezpośrednio przylegającą do korzeni roślin, a także bakterie endofityczne bytujące w wewnętrznych tkankach roślin. Bakterie te mogą wykazywać zdolność do degradacji zanieczyszczeń organicznych, biorą udział w zwiększaniu biodostępności PH i HM, a także wpływają na efektywność pobierania zanieczyszczeń przez roślinę. Wiele z nich, wpływa pozytywnie na wzrost roślin, co skutkuje zwiększeniem ich rozmiaru, biomasy, a także wydłużeniem sezonu wegetacyjnego. Uważa się, że mikroorganizmy, a w szczególności bakterie należące do PGPB pełnią kluczową rolę w adaptacji roślin do życia w warunkach stresu wywołanego obecnością zanieczyszczeń. Do bakteryjnych mechanizmów modulujących wzrost roślin, wpływających na biodostępność zanieczyszczeń, a także ich pobieranie przez rośliny należą zwiększanie rozpuszczalności związków odżywczych, np. fosforu, synteza fitohormonów, a także wiążących żelazo sideroforów. Bakterie te poprzez syntezę amoniaku, a także zdolność do wiązania azotu atmosferycznego przyczyniają się do lepszego zaopatrzenia roślin w azot. Ponadto produkcja bakteryjnej deaminazy kwasu 1-amino-cyklopropano-1-karboksyłowego (ACCD) powoduje zmniejszenie stężenia etylenu, będącego hormonem stresu, w tkankach roślinnych. Współdziałanie pomiędzy PGPB a roślinami wykazującymi zdolność do wzrostu na terenach skażonych, zdolnymi do efektywnego pobierania zanieczyszczeń może skutkować istotnym zwiększeniem efektywności fitoremediacji. W procesie tym PGPB mogą być stosowane w celu przyspieszenia degradacji zanieczyszczeń organicznych, a także do zwiększania pobierania i akumulacji zanieczyszczeń organicznych i nieorganicznych przez roślinę. Pomimo poznania szeregu mechanizmów wpływających na efektywność fitoremediacji terenów skażonych, dokładne interakcje i oddziaływania pomiędzy bakteriami i roślinami warunkujące ten proces wciąż pozostają słabo poznane.

Dlatego też celem proponowanego projektu jest szczegółowa analiza interakcji pomiędzy rośliną i bakteriami promującymi jej wzrost w czasie wspomaganą fitoremediacji terenów ko-zanieczyszczonych substancjami organicznymi i metalami ciężkimi. W doświadczeniach wykorzystana zostanie kukurydza (*Zea mays*) rosnąca w glebie ko-zanieczyszczony, dla której prowadzona będzie analiza ekspresji wszystkich genów (metodą RNA-Seq) w układach inokulowanych żywymi i martwymi PGPB, a także w układzie kontrolnym, w którym rośliny traktowane będą wodą. Określana będzie ponadto aktywność roślinnych mechanizmów odpowiedzi na stres. Spodziewanym efektem prowadzonych badań jest określenie molekularnej i fizjologicznej odpowiedzi roślin inokulowanych PGPB wykorzystywanych do fitoremediacji terenów ko-zanieczyszczonych. Uzupełnieniem aspektu badań nad odpowiedzią roślin będą badania dotyczące aktywności mikroorganizmów w czasie prowadzonego procesu wspomaganą fitoremediacji. Badania te obejmowały będą analizę poziomu transkrypcji bakteryjnych genów, których produkty translacji są odpowiedzialne za degradację związków organicznych, a także są zaangażowane w promowanie wzrostu roślin. Analiza ekspresji tych genów w glebie, w czasie trwania procesu wspomaganą fitoremediacji, jest kluczowym etapem, który pozwoli odpowiedzieć na pytanie, które z bakteryjnych mechanizmów, są aktywne i kluczowe dla efektywnego współdziałania roślin i bakterii do usuwania zanieczyszczeń. Ponieważ wprowadzenie do gleby inokulum bakterii promujących wzrost roślin wpływa na strukturę zespołów mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę i wewnątrz tkanek kukurydzy (endosferę) zmiany te będą śledzone z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Tak prowadzone, wielokierunkowe, kompleksowe analizy umożliwią uzyskanie informacji pozwalających na zrozumienie interakcji i procesów zachodzących w trakcie wspomaganą bakteriami fitoremediacji terenów ko-zanieczyszczonych, a także warunkujących wysoką efektywność tego procesu. Wiedza ta umożliwi uzupełnienie wciąż niepełnych danych literaturowych z tego tematu.