



Webinarium Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
22 listopada 2024

Wykorzystanie nieukierunkowanej metabolomiki i genomiki do badania mechanizmów adaptacyjnych *Pectobacterium* w kolonizacji i infekcji roślinnych gospodarzy

Małgorzata Waleron

e-mail malgorzata.waleron@ug.edu.pl

Uniwersytet Gdański, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

Bakterie z rodzaju *Pectobacterium* to występujące powszechnie patogeny roślin uprawnych i ozdobnych. Izolowane są z roślin, wody czy gleby we wszystkich strefach klimatycznych. Rodzaj *Pectobacterium* jest niezwykle różnorodny wydzielonych jest ponad 20 gatunków, z których wszystkie wywołują objawy mokrej zgnilizny roślin, przyczyniając się do istotnych strat w ich uprawach. Wyjątek stanowi gatunek *P. betavasculatorum*, który wywołuje martwicę naczyniową buraków cukrowych. Jednakże bakterie tego gatunku mogą infekować różne rośliny uprawne (burak cukrowy, ziemniak czy słonecznik), które odgrywają kluczowe role na rynku żywności, biopaliw czy bioplastików. Kompleksowe analizy fenomiczne i genomiczne szczepów izolowanych z różnych gatunków roślin wykazały, że wszystkie szczepy *P. betavasculatorum* mają podobne, duże zdolności adaptacyjne do zmieniających się warunków środowiskowych, tj., temperatura, zasolenie, pH czy dostępność wody, co zapewnia im skuteczne zasiedlanie różnych środowisk. Genomika porównawcza wykazała, iż szczepy szczepy izolowane z roślin o dużej zawartości cukrów, burak cukrowy i ziemniak, różnią się od szczepów izolowanych ze słonecznika i karczocha, które charakteryzują się odpowiednio, dużą zawartością tłuszczu lub inuliny oraz większą zawartością ksylozy niż sacharozy. Wyniki profilowania składu kwasów tłuszczowych (FAME) oraz niecelowanej analizy metabolomicznej (GC-MS) potwierdzają, że obserwowany unikalny skład genów może być przykładem adaptacji *P. betavasculatorum* do gatunku rośliny żywicielskiej, dzięki czemu bakteria może optymalnie wykorzystać składniki odżywcze dostępne w tkankach gospodarza. Szczepy *P. betavasculatorum* z buraków cukrowych charakteryzują się wyższymi ilościami nasyconych kwasów tłuszczowych (SFA) i niższymi ilościami rozgałęzionych kwasów tłuszczowych (BCFA) niż szczepy ze słonecznika i karczocha. Cukry są substratami niezbędnymi do ich syntezy SFA, które dominują w szczepach z buraka, podczas gdy starterami do syntezy BCFA są aminokwasy rozgałęzione, a ich ilość jest większa w szczepach izolowanych z karczocha lub słonecznika [1]. Analizy metaboliczne wykazały, że w zależności od rodzaju cukru dostępnego w środowisku bytowania *P. betavasculatorum*, różne szlaki metaboliczne są regulowane. Obecność ksylozy zwiększa zewnątrzkomórkowy metabolizm cukrów i glicerolu, a także stymuluje syntezę polimerów cukrowych. Natomiast w obecności sacharozy promowany jest intensywny pozakomórkowy metabolizm amin i aminokwasów [2]. Dzięki dużej plastyczności metabolicznej bakterie z gatunku *P. betavasculatorum* mogą zmieniać roślinę żywicielską a tym samym rozprzestrzeniać się w różnych regionach klimatycznych, pomimo obserwowanej adaptacji do gospodarza roślinnego. Gatunek *P. betavasculatorum* z uwagi na potencjał adaptacyjny, należy uznać za ważny patogen, w rolnictwie który warto monitorować, zwłaszcza w dobie intensywnej wymiany materiałów roślinnych przy jednoczesnym braku skutecznych metod kontroli *Pectobacterium*.

[1] Borowska-Beszta, et al. Front Plant Sci., 2024; 15: 1352318, [2] Smoktunowicz et al. Front Microbiol. 2024; 15: 1323765.