

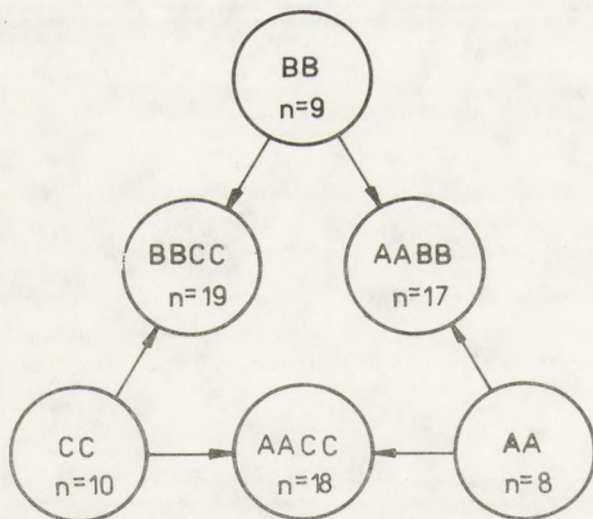
I. Wstęp

Rzepak jest jedną z ważniejszych roślin uprawnych na świecie, ze względu na wysoką zawartość olejów jadalnych (spożywanych przez człowieka) i białek (spożywanych przez zwierzęta) w nasionach (1). Zawierają one jednak, oprócz wielu korzystnych dla diety człowieka nienasyconych kwasów tłuszczowych toksyczny kwas erukowy i związki siarki – glukozynolany, będące składnikiem śrutu białkowej (wykorzystywanej jako składnik paszy zwierzęcej) (2). Ponieważ roślina ta jest szeroko rozpowszechniona, przede wszystkim w krajach strefy umiarkowanej, prowadzone są prace hodowlane i genetyczne mające na celu zmniejszenie zawartości związków, które obniżają wartość użytkową nasion rzepaku. Rozwijające się intensywnie od lat siedemdziesiątych prace hodowców doprowadziły do otrzymania (na drodze krzyżówek między odmianami) wysokogatunkowych odmian o znacznie obniżonej zawartości kwasu erukowego (z 49% do ilości śladowych) i glukozynolanów (3). Jednak nowe odmiany nie są w wystarczającym stopniu odporne i plenne. Prowadzone są również badania mające na celu poznanie organizacji genomu oraz opracowanie metod wprowadzania określonych cech do genomu rośliny na drodze transformacji.

Rzepak, *Brassica napus* L. należy do rodziny *Cruciferae*, rodzaju *Brassica*. Jest naturalnym amfidiploidem, pochodzącym ze skrzyżowania *Brassica oleracea* L. (kapusta warzywna) i *Brassica campestris* L. (rzepik) (rys.1.) (4).

Dotychczasowe prace nad rzepakiem obejmują badania: DNA (genom jądrowy i organellowe), kwasów rybonukleinowych, białek, analizę składu kwasów tłuszczowych, aminokwasów i glukozynolanów.

Celem niniejszej pracy jest przedstawienie przeglądu badań organizacji i struktury genów, kwasów rybonukleinowych pośredniczących w ich ekspresji oraz funkcji białek, kluczowych



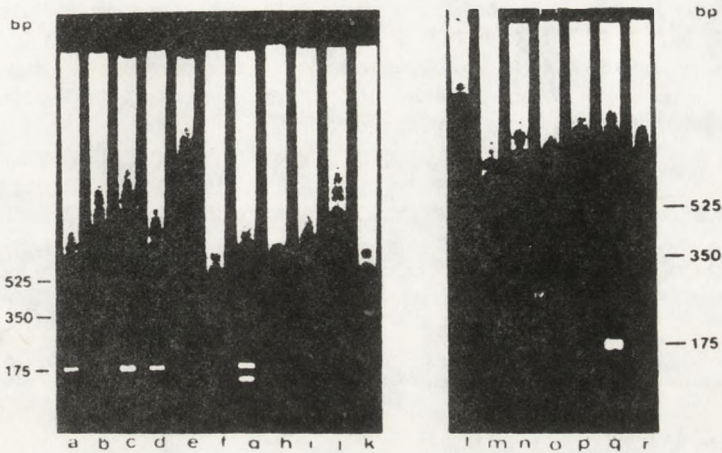
Rys.1. Schemat przedstawiający zależności pomiędzy roślinami uprawnymi z rodzaju *Brassica*. AA–*B. nigra*, BB–*B. oleracea*, CC–*B. campestris*, AABB–*B. carinata*, AACC–*B. juncea*, BBCC–*B. napus* (4).

w metabolizmie rośliny. Zestawienie takie wydaje się potrzebne ze względu na rosnące zainteresowanie tą rośliną badaczy z dziedziny biologii molekularnej, a jak dotychczas brak jest pracy przeglądowej na ten temat.

II. Badania DNA rzepaku

1. Sekwencje powtarzające się w DNA genomowym *B. napus*

W genomowym DNA rzepaku i innych roślin należących do rodzaju *Brassica* występuje powtarzająca się sekwencja nukleotydowa o długości 175 par zasad, której obecność wykryto w wyniku trawienia enzymem restrykcyjnym Hind III (rys.2).

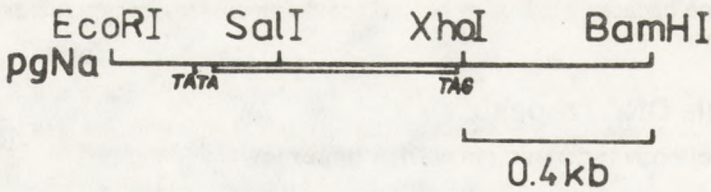


Rys.2. Elektroforeza na 2% żelu agarozowym genomowego DNA (trawionego enzymem restrykcyjnym Hind III) pochodzącego z gatunków: a. *B. napus*, b. *B. oleracea*, c. *B. campestris*, d. *B. juncea*, e. *B. carinata*, f. *B. nigra*, g. *Sinapis alba*, h. *Eruca sativa*, i. *Capsella bursa-pastoris*, k. *Lepidium sativum*, l. *Lunaria annua*, m. *Crambe maritima*, n. *Thalpi arvense*, o. *B. incana*, p. *Isatis tinctoria*, q. *Raphanus sativa*, r. *B. napus* (5).

Sekwencja ta jest w wysokim stopniu (ponad 50%) homologiczna z wieloma genami tRNA i prawdopodobnie powstała z rodziny genów tRNA (5). Podobna sekwencja występuje w jądrowym DNA u roślin wyższych, należących do rodzaju *Cruciferae* (m.in *B. oleracea*) (6).

2. Geny białka zapasowego rzepaku – napiny

Białko zapasowe rzepaku – napina – jest kodowane przez rodzinę (ok. 16) genów (7,8). Analiza sekwencji jednego z nich o długości ok. 1×10^3 par zasad, oznaczonego jako gNa, wykazała, że zawiera on 561 kodujących nukleotydów oraz sekwencje ograniczające: – o dl. 292 par zasad z końca 5' oraz o dl. 172 z końca 3' (rys.3). W regionie końca 5' występuje wiele bloków zawierających 4–6 reszt par zasad AT. Sekwencja określana jako TATA (ang. *TATA box*)



Rys.3. Mapa restrykcyjna jednego ze sklonowanych genów napiny (pgNa). EcoRI, SalI, XhoI, BamHI – miejsca trawień odpowiednich enzymów restrykcyjnych (7).

znajduje się w odległości 70 par zasad w kierunku 5' od miejsca inicjacji transkrypcji prekursorowego polipeptydu napiny (od kodonu ATG), natomiast w odległości 42 par zasad w kierunku 5' od TATA znajdują się trzy regiony na przemian występujących reszt purynowych i pirymidynowych: pomiędzy 90 a 112 parą zasad – trzy odcinki o dl. 7 par zasad, w pozycji 167 – blok obejmujący 21 par zasad, w pozycji 193 – jednostka obejmująca 8 par zasad (7).

Sugeruje się, że region 5' genu napiny uczestniczy bezpośrednio w aktywacji, a region 3' (zawierający ok. 67% par zasad AT) w terminacji transkrypcji genu (8). Porównanie obszarów kodujących badanego genu napiny (gNa) z dwoma klonami cDNA (N1 i N2) wykazało, że nie posiadają one intronów oraz, że zakończone są kodonem TAG. Stwierdzono rozbieżność pomiędzy genomowym i cDNA: sekwencja genu gNa jest o 24 bp dłuższa niż N2. Z wyjątkiem insercji obie są w 90% homologiczne, przy czym w trzeciej parze kodonu może zachodzić podstawienie zasad. Zestawienie sekwencji aminokwasowych, ustalonych na podstawie sekwencji nukleotydowych DNA, wykazuje, że 18 reszt aminokwasowych uległo wymianie i tylko pięć z tych podstawień jest zachowawczych (np. aminokwas hydrofobowy w miejsce hydrofobowego) (7). Sekwencja nukleotydowa gNa i regiony flankujące wykazują cechy genów, ulegających transkrypcji z udziałem polimerazy II RNA. Badano stopień homologii genów napiny *B. napus* z genami tego białka, pochodzącymi z roślin, których skrzyżowanie doprowadziło do powstania gatunku *B. napus*, tj. z *B. campestris* i *B. oleracea*. Wstępne wyniki wykazują, że gen *B. napus* pochodzi od *B. oleracea* (8).

Sekwencja genu napiny *B. napus* została ujęta w zestawieniu 207 sekwencji genów roślinnych zebranych w Banku Genów. Celem zestawienia było zbadanie jakie kodony są wykorzystywane dla poszczególnych aminokwasów podczas ekspresji genów (ang. *codon usage*) oraz zaobserwowanie prawidłowości występujących podczas tego procesu. Analizy te mogą przyczynić się do głębszego poznania ogólnego mechanizmu odczytywania kodu genetycznego (9).

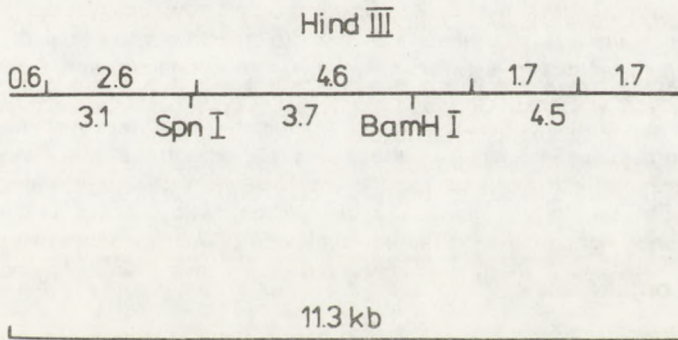
3. Genomy organellowe

DNA organellowe – są ważnym elementem pozajądrowego dziedziczenia cech u organizmów eukariotycznych. U roślin wyższych jednym z najlepszych przykładów tego typu dziedziczenia jest przekazywanie cechy cytoplazmatycznej męskiej sterility, ujawniającej się niezdolnością rośliny do tworzenia funkcjonalnego pyłku. Cecha ta jest wykorzystywana do produkcji hybrydów u roślin wyższych. Na podstawie badań DNA organellowego odmian płodnych i sterylnych z zastosowaniem analizy restrykcyjnej uważa się, że za cechę męskiej sterility jest odpowiedzialny DNA mitochondrialny. Cytoplazmatyczna męska sterylność (CMS) rzepaku pochodzi z międzyrodzajowych krzyżówek linii japońskiej *Raphanus sativus*, posiadającej cytoplazmę męskosterylną. CMS nie zaburza płodności organizmu żeńskiego i jest dziedziczona poprzez komórkę jajową (10). Ze względów hodowlanych cecha ta jest bardzo korzystna,

ponieważ umożliwia krzyżowanie między odmianami i dzięki temu uzyskiwanie mieszańców, które są bardziej wybujałe i odporne na zmieniające się warunki środowiska (heterozja).

4. DNA mitochondrialny

Genomy mitochondrialne występujące u roślin wyższych są o wiele większe i bardziej złożone niż odpowiednie genomy innych organizmów. Ich wielkość waha się od ok. 2×10^5 par zasad u gatunków rodzaju *Brassica* do ok. 25×10^5 par zasad u arbuza (dla porównania DNA mitochondrialny ssaków jest wielkości od 15 do 18×10^3 par zasad, grzybów – 18 – 78×10^3 par zasad). Jedną z najbardziej charakterystycznych cech DNA mitochondrialnego jest wysoka częstotliwość przemieszczeń określonych regionów biorących udział w rekombinacji zarówno wewnątrz- jak i międzycząsteczkowej. Na podstawie badań struktury DNA mitochondrialnego z zastosowaniem mikroskopii elektronowej stwierdzono, że składa się on z szeregu cząsteczek o różnej wielkości. Mapowanie genetyczne genomu *Brassica campestris*, wykazało, że jest on kolistą cząsteczką wielkości $2,18 \times 10^5$ par zasad (*B. napus* $2,21 \times 10^5$), a także, że zawiera regiony powtarzające się o długości 2×10^3 par zasad, przedzielone regionami o długości $8,3 \times 10^3$ i $13,5 \times 10^3$ par zasad. Ponadto wykryto dwie mniejsze cząsteczki DNA ($13,5 \times 10^3$ i $8,3 \times 10^3$ par zasad) występujące w mniejszej ilości. Zaproponowano model DNA mitochondrialnego składający się z trzech cząsteczek – głównej – $2,18 \times 10^5$ par zasad, która po rekombinacji pomiędzy homologicznymi regionami powtarzającymi się daje początek dwóm mniejszym cząsteczkom ($13,5 \times 10^3$ i $8,3 \times 10^3$ par zasad). Ponadto wykryto obecność liniowego lub kolistego DNA, nazywanego plazmidowym (10). U *B. napus* jest to liniowy pozachromosomalny plazmid o długości $1,13 \times 10^4$ par zasad (rys.4.), nie posiadający fragmentów powtarzających się i o wysoce konserwatywnej sekwencji (11). Sekwencje plazmidowe mogą ulec włączeniu do DNA mitochondrialnego, powodując zwiększenie jego złożoności i wielkości. U roślin, podobnie jak u innych organizmów eukariotycznych, DNA mitochondrialny koduje jedynie część białek mitochondrialnych. Są nimi składniki błony mitochondrialnej, będące elementami łańcucha transportu elektronów i kompleksu F_0 - F_1 , ATP-azy, a także trzy rybosomalne RNA oraz szereg



Rys.4. Mapa restrykcyjna liniowego plazmidu mitochondrialnego *B. napus*. Długości fragmentów wyrażone są jako kb (ang. kilobase – tysiąc par zasad) (11)

tRNA. Większość białek mitochondrialnych jest kodowana przez geny jądrowe, a następnie syntetyzowana przez rybosomy cytoplazmatyczne i transportowana do mitochondriów. Wydaje się, że enzymy zaangażowane w replikację, transkrypcję i procesy przekształceń mt DNA są kodowane przez genom jądrowy (10).

Badanie mitochondrialnego DNA *B. napus* odmian płodnych i męskosterylnych oraz analiza porównawcza obrazów restrykcyjnych z zastosowaniem enzymu Sal I wykazała, że każda z

form posiada specyficzny wzór restrykcyjny (ang. *restriction pattern*), mogący stanowić podstawę do ich rozróżnienia. Inna jest również lokalizacja genów rRNA oraz skład białek, syntetyzowanych *in vitro* przez mitochondria (12). Badania dystrybucji DNA mitochondrialnego podczas procesu fuzji protoplastów, z zastosowaniem analizy restrykcyjnej, wykazały, że zachodzi jego rekombinacja w regionie genu 26S rRNA (13,14).

5. DNA chloroplastowy

Ogólna struktura i organizacja DNA chloroplastowego rzepaku jest podobna do występującego u innych roślin wyższych. Składa się on z dwóch identycznych sekwencji (ok. 15 Md) zorganizowanych jako fragmenty powtarzające się o odwróconej orientacji, rozdzielone przez dwa regiony o różnej wielkości (ok. 54 i 15 Md). W regionach końcowych obu fragmentów znajdują się, w dwóch kopiach, geny rRNA. Porównywanie fragmentów restrykcyjnych DNA chloroplastowego rzepaku formy płodnej i męskosterylnej, uzyskanych po trawieniach enzymami Sal I, KpnI, PstI, SmaI, XhoI wykazało różnice w uzyskanych obrazach restrykcyjnych (15). Stosując trawienia enzymem EcoRI określono dwa typy obrazów restrykcyjnych: typ I – rośliny męskosterylne i typ II – rośliny płodne (16). Badano udział DNA chloroplastowego w ekspresji cechy męskiej sterility; po fuzji protoplastów formy płodnej *Brassica napus* i formy zawierającej cytoplazmę rośliny męskosterylnej *Raphanus sativus* analizowano DNA tych hybrydów, które były męskosterylne. Stwierdzono, że podczas fuzji protoplastów zachodzi proces segregacji chloroplastów. Analiza restrykcyjna DNA wykazała, że pochodzi on od protoplastów płodnej rośliny *B.napus* (17).

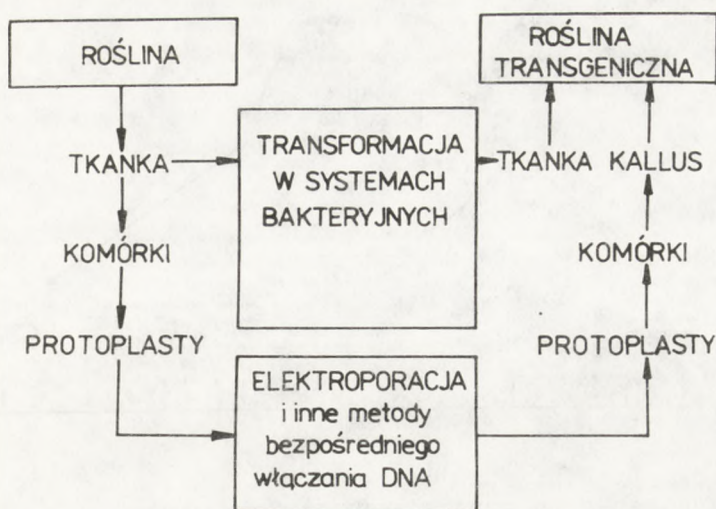
Mapowanie genetyczne cpDNA obu wymienionych form *B. napus* przy użyciu rRNA jako sondy hybrydyzacyjnej wykazało, że wszystkie hybrydujące fragmenty leżą w obrębie odwróconych sekwencji powtarzających się oraz, że występują pewne różnice między DNA chloroplastowym obu form rzepaku. W wyniku trawień restrykcyjnych DNA chloroplastowego określono jego wielkość – ok. $9,9 \times 10^4$ (18,19).

W związku z dążeniem do wprowadzania do hodowli odmian rzepaku o określonych cechach opracowano metodę fuzji haploidalnych protoplastów, umożliwiającą uzyskanie roślin o niezmienionym garniturze chromosomowym z protoplastów roślin posiadających określone cechy, a których skrzyżowanie jest niemożliwe w warunkach naturalnych. Poprzez fuzję haploidalnych protoplastów połączono cechę cytoplazmatycznej męskiej sterility (związanej z genomem mitochondrialnym) i odporności na herbicyd – atrazynę (wywołanej mutacją białka chloroplastowego). Obie te cechy są przenoszone przez organizm żeński – więc niemożliwe jest uzyskanie połączenia tych cech na drodze krzyżowania. Fuzja haploidalnych protoplastów umożliwia bezpośrednie otrzymanie roślin diploidalnych dających nasiona hybrydowe. Analiza DNA organellowego hybrydów wykazała identyczność DNA mitochondrialnego z DNA rośliny męskosterylnej, natomiast DNA chloroplastowy był identyczny z DNA rośliny odpornej na atrazynę (20).

6. Transgeniczne odmiany rzepaku

Najnowsza, bardzo intensywnie rozwijająca się technika badań nad rzepakiem dotyczy opracowania warunków i metod uzyskiwania roślin transformowanych (transgenicznych) o określonych cechach, których ekspresja zachodziłaby w kolejnych pokoleniach rośliny. W przypadku rzepaku badania koncentrują się na wprowadzeniu zmian do szlaku metabolicznego tłuszczów, tj. zmian składu kwasów tłuszczowych nasienia (21). Wyróżnia się następujące metody otrzymywania roślin transgenicznych (rys.5):

– bezpośrednio wprowadzenie obcego DNA (metoda chemiczna, elektroporacja z zastosowaniem dwu- i jednoniciowego DNA, fuzja liposomów z protoplastami, fuzja sferoplastów z



Rys.5. Schemat sposobów otrzymywania transgenicznych roślin oleistych (21).

protoplastami, mikroiniekcja, transformacja typu „gene-gun” z zastosowaniem jonów metali, transformacja z użyciem laserów),

– poprzez transformację w systemach bakteryjnych (*Agrobacterium tumefaciens* lub *A. rhizogenes*).

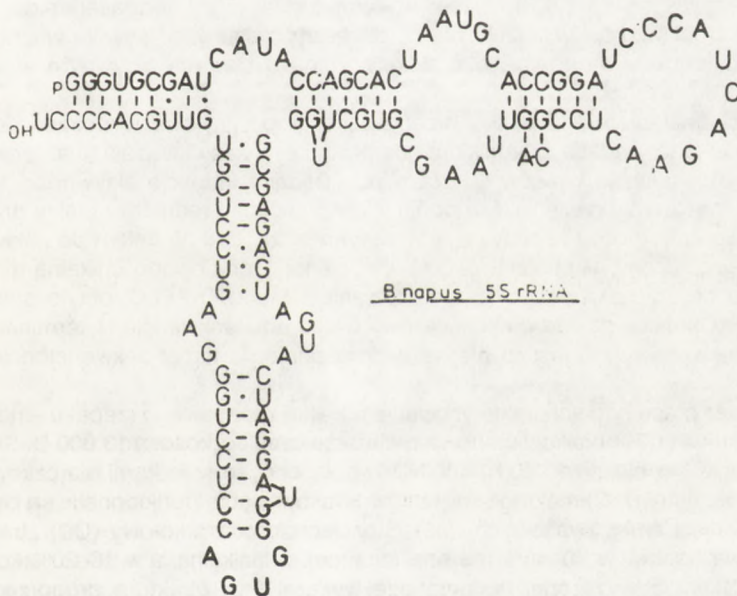
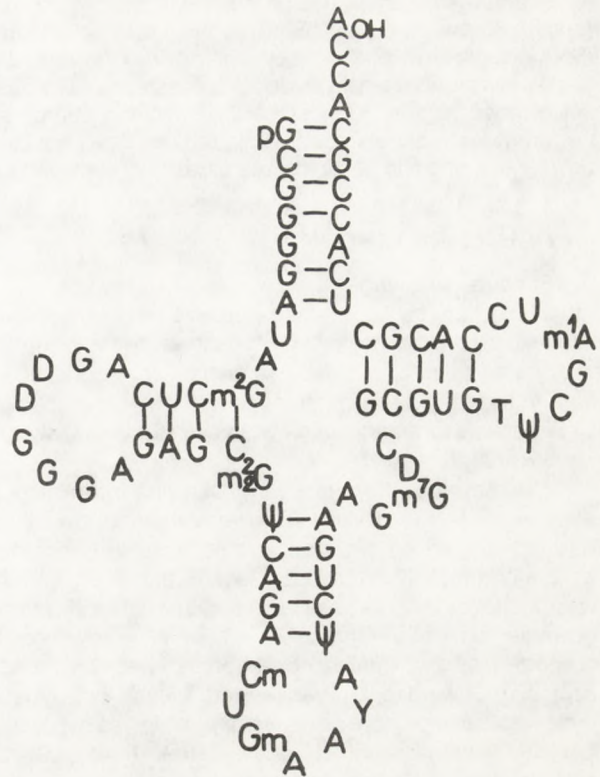
Pojawiły się doniesienia o opracowaniu metod transformacji rzepaku w systemach bakteryjnych (22,23,24,25). Próba transformacji z zastosowaniem *A. rhizogenes* zakończyła się sukcesem, jednak uzyskane rośliny miały zmieniony fenotyp, będący skutkiem onkogennego działania plazmidu bakteryjnego (22). W związku z tym prowadzono transformację z zastosowaniem *A. tumefaciens* i otrzymano rośliny transformowane, u których wprowadzone wektory bakteryjne zostały włączone do systemu ekspresji (23,24,25).

Kolejnym krokiem było opracowanie metody wprowadzania obcych genów do genomu rośliny, których ekspresja zachodziłaby na określonym etapie rozwoju; w przypadku rzepaku zmiany dotyczą szlaków metabolicznych wyższych kwasów tłuszczowych nasienia – a więc – etapu rozwoju zarodkowego. Dlatego jako sekwencję regulatorową wprowadzanego genu wybrano sekwencję promotorową genu napiny, którego ekspresja zachodzi wyłącznie na tym etapie. Skonstruowano wektor (pCGN 767), który posiadał włączony w miejscu restrykcyjnym EcoRI fragment DNA *B. napus* o dl. $3,3 \times 10^3$ par zasad, zawierający:

- sekwencje promotorowe i gen napiny (wzbogacony o dziewięć kodonów reszt aminokwasowych – w tym pięć reszt metioniny),
- gen reduktazy dwuhydrofolianu,
- region kodujący fosfotransferazy neomycyny,
- prokariotyczny marker gentamycyny (rys.6).

Opracowano warunki transformacji i regeneracji roślin oraz segregacji transformantów. Przeprowadzono analizę produktów białkowych, będących efektem ekspresji wprowadzonych

Rys.7. Sekwencja nukleotydowa tRNA^{Phe} *B. napus* zapisana w postaci struktury drugorzędowej liścia koniczyny (28).



Rys.8. Sekwencja nukleotydowa 5S rRNA *B. napus* zapisana w postaci struktury drugorzędowej (28).

Rzepak jest jedyną rośliną z rodziny *Cruciferae*, dla której określono sekwencję 5S rRNA (rys.8). Porównanie jej z 5S rRNA innych roślin wykazało, że jest identyczna z sekwencją 5S rRNA organizmów pochodzących z rodziny *Chemopodiaceae* (28).

Wyznaczono energię swobodną cząsteczki 5S z zastosowaniem analizy komputerowej (29). Jej wartość wynosi 33 kcal/mol i jest równa energii swobodnej cząsteczek 5S rRNA u *Beta vulgaris* i *Spinacia oleracea*. Powyższa analiza umożliwia wnioskowanie o strukturze drugorzędowej, jaką posiada cząsteczka o określonej sekwencji.

IV. Białka rzepaku

Badano aktywność enzymów, kluczowych w metabolizmie kwasów tłuszczowych (30,31,32). Interesującym było doniesienie o wykryciu aktywności acetylazy chloramfenikolu w ekstrakcie białkowym tkanki mięsистой liścia *B. napus*. Aktywność tego enzymu nie została wykryta do tej pory w żadnym z badanych organizmów eukariotycznych. Fakt jej wykrycia u *B. napus* tłumaczy się tym, że może być ona przypadkową właściwością roślinnej transacetylazy. Uniemożliwia to jednocześnie stosowanie genu acetylazy jako genu markerowego transformacji rzepaku (30).

Wyzolowano i oczyszczono aktywną reduktazę białka przenoszącego grupy enolowe i acylowe – jest to białko kluczowe w metabolizmie tłuszczów dojrzewających nasion rzepaku. Badano aktywność enzymu w zależności od momentu rozwoju nasienia i stwierdzono, że osiąga ona maksimum między 30 a 35 dniem od zakwitnięcia rośliny, po czym utrzymuje się na wysokim poziomie. Zaobserwowano, że wzrost aktywności enzymu wyprzedza proces magazynowania tłuszczów. Opracowano również precyzyjną metodę oczyszczania enzymu do stanu homogenności. Określono skład aminokwasowy białka i porównano z analogicznym białkiem szpinaku. Stwierdzono wysokie podobieństwo, z tym, że enzym rzepaku ma więcej alaniny a mniej izoleucyny; oba enzymy mają dwie reszty cysteiny na cząsteczkę. Określono kinetykę enzymu: – wyznaczono K_m dla substratu (krotonoilo-CoA) 178 μ M, określono specyficzność substratową dla NADH oraz wrażliwość na działanie inhibitorów (skierowanych na reszty cysteiny): p-chlorortęciobenzoesu (p-CMB), N-etylomaleimidu (MalNET) i jodoacetamidu. Fakt działania wymienionych inhibitorów wskazuje na to, że reszty cysteiny odgrywają ważną rolę w aktywności enzymu (choć nie muszą być zlokalizowane w centrum aktywnym enzymu) (31).

Oczyszczono i scharakteryzowano białko przenoszące grupy acylowe w dojrzewających nasionach rzepaku. Białko to, będące składnikiem kompleksu syntetazy kwasów tłuszczowych, pełni kluczową rolę w biosyntezie kwasów tłuszczowych. Badano indukcję aktywności białka w zależności od stadium rozwoju nasienia. Podobnie jak w przypadku reduktazy białka przenoszącego grupy acylowe aktywność ta intensywnie wzrasta między 25 a 35 dniem po zakwitnięciu rośliny, poprzedzając proces akumulacji lipidów w nasieniu. Opracowano unikalną metodę izolacji i oczyszczania enzymu aktywnego (z zastosowaniem Mono Q FPLC, octylo-sefaryzy oraz Blue Sepharose). Określono skład aminokwasowy białka oraz sekwencję N-terminalnego końca (48 reszt aminokwasowych); jest to pierwsze doniesienie na temat sekwencjonowania tego białka (32).

Prowadzono również prace nad scharakteryzowaniem białka zapasowego rzepaku – napiny. Jest to niskocząsteczkowe (1,7S) białko zasadowe o ciężarze cząsteczkowym 13 000 D. Składa się z dwu podjednostek – o ciężarze 9000 i 4000 D – połączonych mostkami siarczkowymi, pochodzącymi od reszt cysteiny. Określono skład aminokwasowy; obie podjednostki są bogate w glutaminę (ok. 25% reszt aminokwasowych) (33). Stosując dichroizm kołowy (CD) zbadano strukturę drugorzędową napiny: w 40–45% ma ona strukturę α -helikalną, a w 16–20% konformację β . Badania CD w podwyższonej temperaturze wykazały, że struktura drugorzędowa napiny jest bardzo stabilna (34).

Wykryto białka, charakterystyczne wyłącznie dla końcowej fazy rozwoju zarodkowego nasienia (ang. LEA – *late embryogenesis abundant*) (35). Stwierdzono, że mRNA dla tych białek występuje na ściśle określonym etapie rozwoju zarodkowego.

Rzepak jako roślina uprawna rosnąca w klimacie umiarkowanym jest narażona na działanie niskich temperatur oraz okresów suszy. Prowadzono badania mechanizmów mrozoodporności rzepaku i wytrzymałości na suszę. Poszukiwano białek "szoku", które stanowią odpowiedź rośliny na zmianę warunków jej środowiska.

Badano zmiany składu białek kiełkujących nasion rzepaku w zależności od temperatury wzrostu. Stwierdzono, że obniżenie temperatury (z 18°C do 0°C) powoduje zahamowanie syntezy niektórych białek (np. karboksylazy rybulozo 1,6-dwufosforanu) oraz wywołuje syntezę innych. Produkty biosyntezy białek analizowano na dwukierunkowych żelach poliakrylamidowych. Przeprowadzono również badania białek, syntetyzowanych *in vitro* na matrycy mRNA, wyizolowanych z kiełków hodowanych w obu temperaturach. Uzyskane wyniki potwierdziły wcześniejsze obserwacje (36).

Prowadzono badania zmian poziomu białek korzeniowych rzepaku wywołanych suszą. Analizowano na dwukierunkowych żelach poliakrylamidowych białka korzeniowe roślin hodowanych w warunkach suszy i w normalnych. Zaobserwowano 13 nowych niskocząsteczkowych białek, syntetyzowanych w warunkach suszy. Po przeniesieniu roślin do warunków normalnych i po dalszej hodowli (trzy dni) obserwowano zanik wymienionych białek. Postuluje się, że są to białka odpowiedzialne za odporność rośliny na brak wody (37).

V. Podsumowanie

Badania nad rzepakiem obejmują szeroki zakres zagadnień. Jedną z głównych przyczyn zainteresowania tą rośliną jest fakt szerokiego wykorzystania jej jako źródła tłuszczów i białek roślinnych. Prowadzone są prace nad polepszeniem plenności i odporności uzyskanych odmian o obniżonej zawartości kwasu erukowego i glukozyolanów. Rozwinęły się badania genomu, a także białek rzepaku kluczowych w metabolizmie tłuszczów, jak również będących wynikiem szoku (termicznego, fizjologicznego) na jaki narażone są rośliny.

Poznanie funkcji i charakteru powyższych białek wraz z badaniami informacji genetycznej rzepaku prowadzą do stopniowego poznania mechanizmu funkcjonowania rośliny, a zatem do rozpoznania tych etapów regulacji, na których byłyby wprowadzane zmiany.

Metoda transformacji rzepaku umożliwi wprowadzanie do genomu rośliny genów, niosących określone cechy, np. cytoplazmatyczną męską sterility, dzięki której można uzyskiwać bardziej odporne mieszańce. Korzystnym byłoby wprowadzenie odporności na różne herbicydy, co pozwoliłoby na stosowanie plodozmianu.

Literatura

1. Niewiadomski H., (1983), *Technologia nasion rzepaku*, PWN.
2. Rakowska M., (1989), *Biotechnologia – Przegląd Informacyjny*, 3–4, 12–17.
3. Krzymański J., (1970), *Hodowla roślin, aklimatyzacja i nasiennictwo*, 2, 95–133.
4. Attia T., Robbelen G., (1986), *Canadian J. Gen. Cyt.*, 28, 323–329.
5. Hallden C., Bryngelsson T., Sall T., Gustafsson M., (1987), *J. Mol. Evol.*, 25, 318–323.
6. Benslimane A. A., Dron M., Hartmann C., Rode A., (1989), *Nuc. Ac. Res.*, 14, 8111–8119.
7. Scofield S. R., Crouch M. L., (1987), *J. Biol. Chem.*, 262, 12202–12208.
8. Josefsson L.-G., Lenman M., Ericson M. L., Rask L., (1987), *J. Biol. Chem.*, 262, 12196–12201.
9. Murray E. E., Lotzer J., Eberle M., (1989), *Nuc. Ac. Res.*, 2, 477–498.
10. Levings C. S., Brown G. G., (1989), *Cell*, 56, 171–179.
11. Palmer J. D., Shields C. R., Cohen D. B., Orton T. J., (1983), *Nature*, 301, 725–728.

12. Vedel F., Mathieu C., Lebacqz P., Ambard – Bretteville F., Remy R., (1982), *Theor. Appl. Genet.*, 62, 255–262.
13. Vedel F., Mathieu Ch., Chetrit P., Pelletier G., Primard C., (1987), *Plant Physiol. Biochem.*, 25(3), 249–257.
14. Vedel F., Chetrit P., Mathieu Ch., Pelletier G., Primard C., (1986), *Curr. Genet.*, 11, 17–24.
15. Ohkawa Y., Uchimiyama H., (1985), *Jpn. J. Genet.*, 60, 429–453.
16. Ohkawa Y., (1986), *JARQ*, 19, 253–258.
17. Pelletier G., Primard C., Vedel F., Chetrit P., Remy R., Rousselle B., Renard M., (1983), *Mol. Gen. Genet.*, 191, 244–250.
18. Lebacqz P., Vedel F., (1981), *Plant Sci. Letters*, 23, 1–9.
19. Vedel F., Mathieu Ch., (1983), *Curr. Genet.*, 7, 13–20.
20. Chuong P. V., Beversdorf W. D., Powell A. D., Paulus K. P., (1988), *Mol. Gen. Genet.*, 211, 197–201.
21. Knauf V. C., (1987), *Trends in Biotechnology*, 5, 40–47.
22. Guerche P., Jouanin L., Tepfer D., Pelletier G., (1987), *Mol. Gen. Genet.*, 206, 382–386.
23. Fry J., Barnason A., Horsch R. B., (1987), *Plant Cell Rep.*, 6, 321–325.
24. Pua E.-Ch., Palta A. M., Nagy F., Chua N.-H., (1987), *Biotechnology*, 5, 815–817.
25. Charest P. J., Holbrook L. A., Gabard J., Iyer V. N., Miki B. L., (1988), *Theor. Appl. Genet.*, 75, 438–445.
26. Radke S. E., Andrews B. M., Moloney M. M., Crouch M. L., Kridl J. C., Knauf V. C., (1988), *Theor. Appl. Genet.*, 75, 685–694.
27. De Block B., De Brouwer D., Tenning P., (1989), *Plant Physiol.*, 91, 694–701.
28. Barciszewska M., Joachimiak A., Wrzesińska K., Barciszewski J., (1987), Wyniki badań nad rzepakiem ozimym, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, 83–95.
29. Joachimiak A., Nalaskowska M., Barciszewska M., Mashkova T., Barciszewski J., (w druku), *Acta Bioch. Pol.*
30. Balazs E., Bonneville J. M., (1987), *Plant Sci.*, 50, 65–68.
31. Slabas A. R., Sidebottom C. M., Hellyer A., Kessell R. M. J., Tombs M. P., (1986), *Biochim. Biophys. Acta*, 877, 271–280.
32. Slabas A. R., Harding J., Hellyer A., Roberts P., Bambridge H. E., (1987), *Biochim. Biophys. Acta*, 921, 50–59.
33. Crouch M. L., Tenbarge K. M., Simon A. E., Ferl R., (1983), *J. Mol. Appl. Gen.*, 273–283.
34. Schwenke K. D., Drescher B., Zirwer D., Raab B., (1988), *Biochem. Physiol. Pflanzen*, 183, 219–224.
35. Harada J. J., De Lisle A. J., Baden C. S., Crouch M. L., (1989), *Plant Mol. Biol.*, 12, 395–401.
36. Meza-Basso L., Alberdi M., Raynal M., Ferrero-Cadinanos
37. Vartanian N., Damerval C., Vienne D., (1987), *Plant Physiol.*, 84, 989–992.

Rapeseed nucleic acids and proteins

Summary

Rapeseed (*Brassica napus* L.) is one of the most important oilseed crop in the world because of high fatty acids and proteins content. In the last 30 years, a great deal of efforts has gone into improving the quality of *B.napus* using both classical breeding and several tissue culture techniques. Genetic engineering can potentially be used as a method to add specific properties to existing varieties.

In this paper, research work summation on rapeseed nucleic acids and proteins is presented.

Adres dla korespondencji:

Katarzyna Mikołajczyk, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ul. Noskowskiego 12/14, 61–704 Poznań.