

## Klony jako modele: odkrywanie tajemnic fizjologii nasion drzew

### Maples as model trees for exploring the physiology of woody plant seeds

HANNA FUCHS<sup>1</sup>, JOANNA KIJOWSKA-OBERC<sup>2</sup>,  
EWELINA RATAJCZAK<sup>3</sup>

Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk  
ul. Parkowa 5, PL-62-035 Kórnik

e-mail: <sup>1</sup>hkijak@man.poznan.pl, <sup>2</sup>joberc@man.poznan.pl, <sup>3</sup>eratajcz@man.poznan.pl

Submitted: 4 September 2023; Accepted: 9 November 2023

**ABSTRACT:** Trees, due to their uniqueness, present a truly remarkable challenge for biological research. Their distinct characteristics such as a long life cycle, size, and complexity, lack of standardized models, and technical challenges pose numerous difficulties for scientists, yet it is a challenge worth undertaking as it will significantly enrich our understanding of nature. Nevertheless, scientists are undeterred, as potential discoveries in tree biology hold immense value. Despite these challenges, research on trees and woody plants is incredibly vital. These organisms play a pivotal role in ecosystems, influencing various aspects of nature. They are indispensable for comprehending climate changes, conserving biodiversity, and sustainable management of natural resources. Recent advancements in technology and research techniques open new horizons for scientists, enabling more precise and innovative tree studies. It is an encouraging signal for plant biologists, suggesting that the future of tree research holds many exciting discoveries. It is important to note that there is no one universal model for studying the entire plant kingdom. The rich history of the Institute of Dendrology PAS in Kórnik in seed research of Norway maple and sycamore provides numerous insights into the physiology of their seeds, serving as a solid foundation for these species to become a model for the study of tree seeds. This underscores the fact that different plant species may require distinct approaches, and a single, universal model is not feasible. Nevertheless, each of these specialized models contributes to the broader understanding of plant biology, highlighting the complexity and diversity of the plant kingdom.

## Wstęp

W dzisiejszej nauce organizmy modelowe odgrywają kluczową rolę w poszerzaniu naszej wiedzy o biologii i ekologii. Te wybrane gatunki mają unikalne cechy i stanowią skarbnicę wiedzy dla badaczy, umożliwiając prowadzenie konkretnych i nieraz wyspecjalizowanych badań, które pomagają nam lepiej zrozumieć skomplikowane aspekty natury. W przypadku roślin wyłoniono kilka organizmów modelowych, które jako powszechnie stosowane odegrały kluczową rolę w Rewolucji naszego rozumienia biologii roślin. Modele takie jak *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik

pospolity) czy *Oryza sativa* (ryż) stały się nieodłącznymi elementami badań w biologii molekularnej, genetyce, ekologii i innych dziedzinach związanych z roślinami.

Organizmy modelowe, zarówno rośliny, jak i zwierzęta, mają pewne charakterystyczne cechy, które sprawiają, że są one atrakcyjne dla badaczy. Do najważniejszych z nich zalicza się:

1. Krótki cykl życiowy: przechodzą przez wszystkie etapy rozwoju w stosunkowo krótkim czasie. Dzięki temu badacze mogą przeprowadzać obserwacje i badania na wielu pokoleniach w ciągu zaledwie kilku miesięcy.

2. Prosta genetyka: zazwyczaj mają małą liczbę chromosomów i genów, co upraszcza badania dziedziczenia i funkcji genów.
3. Łatwa hodowla w laboratorium: organizmy modelowe są stosunkowo łatwe i utrzymania w kontrolowanych warunkach laboratoryjnych, co zapewnia spójność i powtarzalność wyników badań.
4. Duża dostępność materiału badawczego: ich popularność sprawia, że są szeroko dostępne w laboratoriach na całym świecie, co ułatwia wymianę informacji i współpracę między badaczami.

Spółeczność naukowa, kiedy wprowadzała pojęcie organizmu modelowego, zakładała, że będzie to jeden gatunek, uniwersalny, który pozwoli w łatwiejszy sposób badać fundamentalne zjawiska zachodzące również w bardziej skomplikowanych organizmach. Jednak rzeczywistość to założenie zrewidowała i dziś już wiemy, że jeden idealny model dla królestw wyróżnianych w taksonomii nie istnieje. Drzewa wydają się zaprzeczeniem organizmu o powyższych cechach, ponieważ nie mają ani prostej budowy, ani mało skomplikowanego genomu, a ich hodowla do łatwych nie należy. Jednak w kontekście zmieniającego się klimatu wydają się kluczem do zachowania bioróżnorodności w ekosystemach i redukcji CO<sub>2</sub> w atmosferze. Istnieje więc potrzeba ustandaryzowania badań nad tą grupą roślin.

Zmiana klimatu stawia naszą cywilizację przed ogromnym wyzwaniem. Wieloletnie susze, kapryśna pogoda i rosnące temperatury to tylko wierzchołek góry lodowej. Wszystko to ma wpływ na nasze lasy, wprowadzając je w stan, którego konsekwencją mogą być dramatyczne migracje, a nawet wyginięcie niektórych gatunków, a drzewa, jako organizmy długowieczne, nie zawsze radzą sobie z szybkimi zmianami w otoczeniu.

Globalne ocieplenie silnie oddziałuje na krajobraz leśny na całym świecie, co grozi poważnymi zmianami w składzie gatunkowym drzewostanów. Nasiona są kluczowym elementem, który kształtuje ekosystem leśny, a zmiana klimatu może skutkować drastycznym spadkiem ich produkcji, zdolności do kiełkowania i żywotności. To może oznaczać, że całe odnowienia lasów znajdują się krytycznej sytuacji. Ale co gorsza, większość naukowych modeli zmian w strukturze lasów ignoruje fakt, że nasiona nie stanowią zasobu nieograniczonego. Te modele zakładają, że nasiona są dostępne zawsze, nawet jeśli drzewa są w fazie starości. Niestety, tak nie jest. W ostatnich dziesięcioleciach zauważono związek między wzrostem średnich temperatur a synchronizacją rozrodczą wielu gatunków drzew żyjących w klimacie umiarkowanym. Wysokie temperatury są przez niektóre drzewa odbierane jako sygnał do przygotowania się do intensywnej produkcji nasion, co obserwujemy jako rok masowego obradzania (Koenig i in., 2016). Wzrost temperatury powoduje, że drzewa wytwarzają więcej kwiatów (Pearse i in., 2016), ale jeśli w wyniku globalnego ocieplenia zdarza się to co roku, skutkuje desynchronizacją rozrodczą (Monks i in., 2016). Ponadto kwiaty nie są skutecznie zapylane, co prowadzi do wytworzenia licznych pustych nasion. Oczywiście możemy łagodzić ten problem, gromadząc nasiona w bankach genów, co pomaga zachować różnorodność

biologiczną, jednak starzej się one nawet w kontrolowanych warunkach, dlatego tak ważne jest, aby poznawać mechanizmy sterujące fizjologią nasion drzewiastych, by móc oceniać i wpływać na ich jakość.

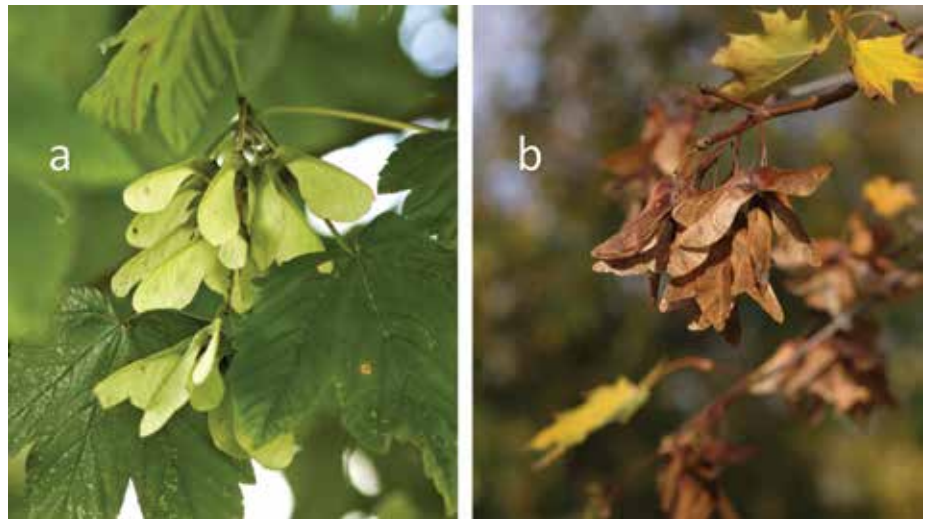
Badania nad roślinami drzewiastymi są niezwykle istotne, mimo że stawiają przed naukowcami trudne wyzwania. Te organizmy odgrywają kluczową rolę w ekosystemach, wpływając na wiele aspektów przyrody. Są niezbędne dla zrozumienia zmian klimatycznych, ochrony różnorodności biologicznej oraz zrównoważonego zarządzania zasobami naturalnymi. W ostatnich latach rozwój nowych technologii i zaawansowanych technik badawczych otwiera przed naukowcami nowe perspektywy, pozwalając na bardziej precyzyjne i innowacyjne badania nad drzewami. To zachęcający sygnał dla badaczy zajmujących się biologią roślin, który może sprawić, że przyszłość badań nad drzewami przyniesie wiele fascynujących odkryć. Jednak poznawanie fundamentalnych zjawisk z zakresu fizjologii i biologii molekularnej nasion wymaga skupienia wysiłków na jednym obiekcie, który później będzie mógł posłużyć za podstawę dalszych badań, np. populacyjnych. Z pomocą przychodzą nasiona klonów: jaworu (*Acer pseudoplatanus*) i zwyczajnego (*A. platanoides*), które są intensywnie badane od wielu lat w Instytucie Dendrologii PAN i stanowią nieoficjalne modele do badań nad fizjologią nasion roślin drzewiastych. Zasoby wiedzy na temat fizjologii dojrzewania i starzenia się nasion tych gatunków są już całkiem spore i tworzą dobrą bazę do dalszych badań molekularnych. Dlaczego akurat te gatunki dobrze się sprawdzają w tej roli?

## Klony jako modele fizjologii nasion drzew

Klon jawor i klon zwyczajny, choć należą do tego samego rodzaju, *Acer*, produkują nasiona, które skrajnie różnią się pod względem fizjologii. Klon zwyczajny wytwarza nasiona kategorii *orthodox*, które są wyjątkowo odporne na wysychanie i mogą być suszone do bardzo niskich poziomów wilgotności, dzięki czemu mogą być przechowywane w suchych i zimnych warunkach przez dłuższy czas. Z kolei klon jawor produkuje nasiona kategorii *recalcitrant*, które są wrażliwe na utratę wilgoci, co oznacza, że nie mogą być zbyt długo podsuszane. Pozostają bardziej aktywne metabolicznie, przez co są narażone na silniejszy stres oksydacyjny. Zwykle po kilku miesiącach przechowywania tracą żywotność i nie nadają się do wykorzystania (Kijak i Ratajczak, 2020).

Nasiona *recalcitrant* często pochodzą z drzew rosnących w gorącym i wilgotnym klimacie, gdzie utrzymująca się wysoka wilgotność jest zjawiskiem naturalnym. Pozostawianie w suchych warunkach powoduje u nich utratę żywotności, co jest niebezpieczne w przypadku utraty naturalnych siedlisk tych gatunków. Z kolei nasiona *orthodox*, odporne na wysychanie, są częściej produkowane przez drzewa rosnące w bardziej suchych i zimnych regionach. Dają nam możliwość długotrwałego przechowywania, transportu i tworzenia banków nasion, co ma kluczowe znaczenie dla ochrony i odtwarzania różnorodności biologicznej.

Zasięgi występowania omawianych klonów w przeważającej części się nakładają, można więc powiedzieć, że rosną



Ryc. 1. Skrzydłaki:  
a) klonu jaworu, b) klonu zwyczajnego

Fig. 1. Samaras:  
a) sycamore, b) Norway maple

w takich samych lub zbliżonych warunkach klimatycznych (Caudullo i in., 2017). Dzięki temu w badaniach fizjologii nasion można wykluczyć środowisko jako czynnik wpływający na wytwarzanie nasion danej kategorii. Klony mają jeszcze jedną dużą zaletę. Zwykle obradają każdego roku, a więc nasiona do badań są szeroko dostępne. Naukowcy nie muszą się martwić, jak w przypadku buka czy dębu, czy w danym roku będą mogli liczyć na świeży materiał do kolejnych eksperymentów.

Podwaliny pod dzisiejsze badania nad fizjologią nasion stanowią liczne publikacje powstałe już pod koniec XX w. Od opisanie zmian w zawartości cukrów w nasionach klonu zwyczajnego podczas ustępowania spoczynku (Krawiarz, 1994), przez szczegółowo opisaną charakterystykę rozwoju nasion klonu zwyczajnego i jaworu (Pukacka, 1998), po dokładne wytyczne dotyczące zbioru, oceny jakości i stratyfikacji nasion (Suszka i in., 2000). Uwadze nie może również

umknąć obszerne opracowanie z serii „Nasze drzewa leśne” pod redakcją prof. Władysława Bugały poświęcone biologii klonów. Syntezy wiedzy dotyczącej nasion klonów i postępowania z nimi w hodowli bądź uprawie w przystępny sposób dokonał natomiast dr hab. Tadeusz Tylkowski w monografii „Przedsięwzięte traktowanie nasion drzew, krzewów, pnączy i krzewinek” (2016).

### Odkrycia naukowe: różnice w zawartości askorbinianu i glutationu w nasionach klonu zwyczajnego i klonu jaworu

Klony, jako modele badawcze, wielokrotnie przyczyniły się do lepszego zrozumienia różnorodnych aspektów związanych z fizjologią, biochemią oraz biologią molekularną rozwoju nasion. Szczególnie ciekawą kwestią było badanie poziomu kwasu askorbino-owego oraz glutationu – dwóch ważnych antyoksydantów uczestniczących regulacji stanu redoks w komórkach nasion podczas procesu dojrzewania oraz przechowania nasion wspomnianych dwóch gatunków klonów o odmiennej tolerancji na suszę. Poziom regulacji stanu redoks w komórkach jest istotny dla zachowania prawidłowego przebiegu procesów metabolicznych, należy bowiem pamiętać, że ich aktywność zależy od stanu redoks, czyli reakcji utleniania i redukcji.



Ryc. 2. Klony zwyczajne  
w Arboretum Kórnickim

Fig. 2. Norway maples in the Kórnik  
Arboretum

Badania te zostały przeprowadzone w Instytucie Dendrologii PAN, a ich wyniki ujawniły istotne różnice w równowadze stanu redoks askorbinianu i glutationu między tymi dwoma kategoriami nasion w trakcie ich rozwoju (Pukacka i Ratajczak, 2007). Okazało się, że istnieje silny związek między zawartością glutationu a zdolnością nasion klonu zwyczajnego do przetrwania procesu podsuszania. Co interesujące, aktywność enzymów zaangażowanych w przemiany askorbinianu i glutationu, czyli aktywność całego cyklu askorbionowo-glutationowego (w tym peroksydazy askorbinianowej, reduktazy monodehydroaskorbinianowej, reduktazy dehydroaskorbinowej oraz reduktazy glutationowej i peroksydazy glutationowej, które pełnią funkcje ochronne w warunkach stresu oksydacyjnego) różniła się nieznacznie u obu tych gatunków. W miarę jak nasiona dojrzewały, zawartość kwasu askorbinowego i aktywność wymienionych enzymów były u nich praktycznie identyczne. Podobieństwo to zaobserwowano również w ilości i rodzaju izoenzymów peroksydazy askorbinianowej. Jednak w trakcie dojrzewania nasion u obu gatunków aktywność tych enzymów stopniowo spadała.

Kiedy nasiona klonu jaworu były suszone do wilgotności poniżej 26%, zauważono wyraźny spadek zdolności kiełkowania oraz wzrost wytwarzania reaktywnych form tlenu, które mogą być szkodliwe dla komórek. U klonu zwyczajnego proces podsuszania aktywował bardziej efektywny system obronny, co przejawiało się w większej zawartości glutationu oraz wyższym poziomem stanu równowagi redoks. Ponadto zaobserwowano zwiększoną aktywność enzymów zaangażowanych w przemiany askorbinianu i glutationu. To odkrycie przynosi nam cenną wiedzę o mechanizmach obronnych roślin, będących reakcją na zmieniające się warunki środowiskowe, w tym suszę.

Podczas utraty wody w nasionach klonu zwyczajnego zachodzą intensywniejsze reakcje chemiczne prowadzące do tworzenia wiązań siarczkowych w białkach w porównaniu z występującymi u klonu jaworu. Wszystkie te wyniki sugerują, że w nasionach *orthodox* cykl askorbinianowo-glutationowy odgrywa ważną rolę w zdobywaniu tolerancji na suszę, dojrzewaniu białek oraz ochronie przed reaktywnymi formami tlenu.

## Przebudzenie: tajemnice i hormonalne mechanizmy spoczynku nasion

Nie wszystkie nasiona kiełkują od razu; trwają w spoczynku, czekając na lepsze warunki środowiskowe. To właśnie zjawisko zwane spoczynkiem nasion może je powstrzymać od rozwoju przez pewien czas. Ta kontrola może wynikać z cech samego nasiona lub z warunków zewnętrznych, w jakich przebywa. To tak, jakby wewnętrzny zegar nasion mówił: „Poczekaj chwilę, jeszcze nie teraz”.

Co ciekawe, spoczynek jest w pewnym sensie zaprogramowany genetycznie. Nasiono ma taką budowę, że do kiełkowania nie dochodzi przez jakiś czas, niezależnie od tego, czy na zewnątrz jest korzystny moment na wzrost czy nie. Ale możemy na to zjawisko wpłynąć. Na przykład nasiona z głębokim spoczynkiem można pobudzić do kiełkowania poprzez różnorodne zabiegi, takie jak chłodzenie. To niesamowite, jak nauka pozwala nam zrozumieć i manipulować tymi naturalnymi procesami, a nasiona stają się kluczem do rozwiązania wielu tajemnic związanych z ich dojrzewaniem.

W procesie przełamania spoczynku nasion wkraczą na scenę hormony. To właśnie ich aktywność w nasionach decyduje, czy będą one trwać w spoczynku. Niektóre hormony działają hamująco, blokując kiełkowanie (jak kwas absycynowy, ABA), a inne stymulują wzrost (jak gibbereliny, GA). Nieprawidłowa proporcja tych hormonów może prowadzić do przedłużającego się stanu spoczynku nasion (Pawłowski, 2009).

Jednocześnie istotne jest badanie proteomiki, czyli zestawu białek w komórkach, tkankach lub całych organach, w tym przypadku w nasionach. Daje nam to szansę obserwacji jednoczesnych zmian wzorców gromadzenia się białek, gdy nasiona budzą się ze spoczynku. Analiza funkcji tych białek i powiązanych z nimi ścieżek metabolicznych,



Ryc. 3. Klon jawor  
w Arboretum Kórnickim

Fig. 3. Sycamore  
in the Kórnik Arboretum

w połączeniu z działaniem roślinnych hormonów zaangażowanych w przełamywanie spoczynku nasion, pozwala nam zrozumieć ten proces. To jak rozgryzanie tajemniczego kodu, który nasiona wykorzystują, aby zdecydować, że przyszedł czas, aby wyrastać i podbić świat!

Odkryto, że ABA zmniejsza ilość pewnych białek związanych ze wzrostem i rozwojem siewek, podczas gdy GA – hormony stymulujące wzrost – zwiększają ilość tych białek. Znaczące zmiany miały miejsce głównie na końcu stratyfikacji, kiedy nasiona rozpoczynały proces kiełkowania. To właśnie wtedy nasiona wychodzą ze stanu spoczynku i stają się aktywne. Proces ten angażuje wiele białek odpowiedzialnych za różne funkcje, ale kilka z nich odgrywa wyjątkowo istotną rolę. Chodzi tu o białka proteasomu, które pełnią funkcję „sprzątaczy” wewnątrz komórek, a także o enzym syntetazę S-adenozylometioniny oraz białko wiążące RNA bogate w glicynę. Wszystkie one mają kluczowy wpływ na ten proces.

Ciekawostką jest, że efekt zewnętrznie stosowanych hormonów nie okazał się decydujący dla całkowitego zahamowania uśpienia nasion (w przypadku ABA) czy pobudzenia kiełkowania (w przypadku GA) u klonu zwyczajnego, jednak dane uzyskane z analizy proteomicznej dowodzą, że te hormony odgrywają istotną rolę w procesie przełamywania spoczynku nasion i uruchamiania procesu kiełkowania. To jak odkrywanie kulisów budzenia nasion do życia, a ta wiedza otwiera przed nami nowe perspektywy w zrozumieniu tego niezwykle interesującego procesu.

## Stan redoks a odporność na suszę

W trakcie badań prowadzonych w Instytucie Dendrologii PAN analizowano nasiona klonu zwyczajnego i jawora w różnych etapach wzrostu. Przyjrzyjmy się, co tam dokładnie działo się i jakie są różnice w ich wewnętrznych procesach związanych ze stanem redoks. Nasiona klonu zwyczajnego mniej więcej w 18 tygodniu po kwitnieniu nabywają tolerancji na desykcję, podczas gdy nie dochodzi do tego w przypadku nasion jawora. Badania Ratajczak i in. (2019) wykazały, że w przypadku klonu zwyczajnego w 18 tygodniu po kwitnieniu nasiona miały największą zawartość białek, głównie tych zawierających grupy tiolowe (disulfidowe). W nasionach jawora te poziomy stale rosły w miarę dojrzewania, co sugeruje, że w ich komórkach panował wyższy stan utlenienia niż w nasionach klonu zwyczajnego.

Przyjrzano się też specjalnym białkom znanym jako peroksyredoksyny (Prx), małym cząsteczkom pełniącym funkcje antyoksydacyjne, czyli grającym istotną rolę w regulacji redoks w adaptacji roślin do zmieniających się warunków środowiska. U obu klonów występowały różne rodzaje tych białek. Ciekawym odkryciem było to, że w nasionach klonu zwyczajnego były wyższe poziomy niektórych rodzajów Prx, które potrafią skutecznie likwidować nadmiar nadtlenków. To może być kluczowy mechanizm, który pomaga roślinom radzić sobie w bardziej wymagających warunkach.

Dodatkowe analizy proteomiczne wykazały, że białko 2-Cys-Prx występowało w postaci zredukowanej w obu gatunkach, podczas gdy 1-Cys-Prx było zredukowane tylko w nasionach klonu zwyczajnego. Zidentyfikowano rów-



Ryc. 4. a) Laboratorium Zakładu Biologii Rozwoju w Instytucie Dendrologii PAN w Kórniku, w trakcie pracy, b) obrane nasiona klonu zwyczajnego, c) obrane nasiona Klonu jawora

Fig. 4. a) Laboratory of the Department of Developmental Biology at the Institute of Dendrology of the Polish Academy of Sciences in Kórnik, during work, b) peeled seeds of Norway maple, c) peeled seeds of sycamore maple

niez enzymy, które były bardziej podatne na utlenianie na wszystkich etapach rozwoju nasion jawora. Omówiono także znaczenie sygnałów redoks w kontekście obecności reaktywnych form tlenu oraz procesu utleniania tioli białkowych do struktur zwanych disulfidami. Wszystkie te obserwacje są istotne dla zrozumienia, jakie cechy charakteryzują nasiona *orthodox* (klon zwyczajny) oraz *recalcitrant* (jawor), które różnią się zdolnością do przetrwania w trudniejszych warunkach środowiskowych.

W innych badaniach (Ratajczak i in., 2013) wykryto obecność mitochondrialnej peroksyredoksyny IIF (PRXIIF) w nasionach obu gatunków. Analizy przeprowadzone za pomocą metody qPCR (reakcja łańcuchowa polimerazy w czasie rzeczywistym) wykazały, że poziomy tran skryptów PRXIIF w obu kategoriach nasion wzrastały podczas poduszania do różnej zawartości wody, a były one wyższe w nasionach klonu zwyczajnego niż jawora. Przeprowadzono również ogólne analizy proteomiczne (2D redoks-elektroforeza). Wykazały one znaczące różnice między nasionami, które dobrze znoszą odwodnienie (klon zwyczajny), a tymi, które są bardziej wrażliwe (jawor). W nasionach jawora odwadnianych poniżej poziomu dla nich optymalnego stwierdzono niższą zawartość białek tiolowych regulujących stan redoks aniżeli w nasionach klonu zwyczajnego (ryc. 4).

Jednym z ważnych odkryć było wykrycie modyfikacji potranslacyjnych PRXIIF w nasionach, które miały początkowo 50% wilgotności. Analiza elektroforezy dwukierunkowej i Western Blot wykazała zmiany wartości pI (punktu izoelektrycznego) o  $\pm 0,3$  w przypadku jawora. Sugeruje to

możliwość fosforylacji, co jest istotne, gdyż w analizie bioinformatycznej przewidziano wiele potencjalnych miejsc fosforylacji dla tego białka. Uzyskano sekwencje genów oraz aminokwasów PRXIIF i porównano je ze znanymi sekwencjami innych genów i białek PRXIIF występujących u roślin. Warto podkreślić, że odnotowano wysokie wartości tożsamości sekwencji PRXIIF pomiędzy białkami u różnych gatunków *Acer*, a także *Populus trichocarpa* oraz *Arabidopsis thaliana*.

Odkrycia te prowadzą do dyskusji na temat roli PRXIIF w różnicach fizjologicznych między nasionami klonu zwyczajnego, które dobrze znoszą poduszanie/utratę wody, a nasionami jawora, które są bardziej wrażliwe. Rozważana jest również rola PRXIIF w utrzymaniu równowagi redoks w mitochondriach. Te badania mogą wnieść cenne informacje o mechanizmach przystosowawczych roślin do poduszania i mają duże znaczenie dla zrozumienia, jak rośliny reagują na skomplikowane zmiany środowiskowe.

## Podsumowanie

Odkrycie fascynującego świata klonów jako modelowych roślin badawczych ukazuje nam tajemnice, jakie drzemia w nasionach. Badacze z Instytutu Dendrologii PAN zgłębiają mechanizmy dojrzewania i spoczynku nasion, a także ich starzenia się, w wyniku którego nasiona tracą swoją najważniejszą właściwość, jaką jest zdolność do kiełkowania. Nasiona to małe cuda natury ukrywające się w różnorodnych hormonach i białkach, które układają się w złożony system decydujący o ich losie.

Analiza proteomiczna pomaga nam odkrywać zmiany, jakie zachodzą w nasionach na różnych etapach ich życia. Wartościowe dane pozyskane podczas tych badań nad jaworem i klonem zwyczajnym wskazują, że różnice w ilości i rodzaju białek odgrywają kluczową rolę w utrzymaniu żywotności nasion. Te odkrycia mają doniosłe znaczenie zarówno dla naszego zrozumienia procesów zachodzących w naturze, jak i dla długoterminowej ochrony bioróżnorodności. Poznanie sposobów, w jakie nasiona kontrolują swoje „wewnętrzne zegary”, pomaga nam przewidzieć, jak gatunki drzew poradzą sobie w zmieniającym się środowisku. Dzięki temu będziemy lepiej przygotowani do zachowania równowagi ekosystemów w obliczu zmian klimatycznych i innych wyzwań, które stawia przed nami zmieniające się środowisko.

Poznanie mechanizmów molekularnych charakterystycznych dla tych różnych kategorii nasion jest nie tylko istotne dla zrównoważonego gospodarowania zasobami genetycznymi drzew, ale także dla ochrony bioróżnorodności na skalę globalną. Dzięki lepszemu zrozumieniu strategii reprodukcyjnych różnych gatunków oraz ich adaptacji do różnych warunków środowiskowych możemy efektywniej chronić cenne elementy przyrody. W tym zadaniu pomocne jest ustanowienie standardowego modelu dla badań molekularnych nad fizjologią nasion.

Poprzez właściwą ochronę nasion i ich różnorodności możemy przyczynić się do zrównoważonego zarządzania ekosystemami, minimalizując jednocześnie wpływ zmian

klimatycznych i utraty siedlisk na różnorodność biologiczną naszej planety. Działając w ten sposób, dbamy o naszą naturalną spuściznę i przyszłość ekosystemów, które są kluczowe dla równowagi na Ziemi.

## Literatura

- Caudullo G, Welk E, San-Miguel-Ayán J. 2017. Chorological maps for the main European woody species. Data in Brief 12:662–666 DOI: 10.1016/j.dib.2017.05.007.
- Kijak H, Ratajczak E. 2020. What do we know about the genetic basis of seed desiccation tolerance and longevity? International Journal of Molecular Sciences 21:3612 DOI: 10.3390/ijms21103612.
- Koenig WD, Alejano R, Carbonero MD, Fernández-Rebollo P, Knops JMH, Marañón T, Padilla-Díaz CM, Pearse IS, Pérez-Ramos IM, Vázquez-Piqué J, Pendorfer MB. 2016. Is the relationship between mast-seeding and weather in oaks related to their life-history or phylogeny? Ecology 97:2603–2615 DOI: 10.1002/ecy.1490.
- Krawiarz K. 1994. Zmiany zawartości cukrów w nasionach klonu zwyczajnego (*Acer platanoides* L.) podczas uszypowania spoczynku. Arboretum Kórnickie 39:135–144.
- Monks A, Monks JM, Tanentzap AJ. 2016. Resource limitation underlying multiple masting models makes mast seeding sensitive to future climate change. New Phytologist 210:419–430 DOI: 10.1111/nph.13817.
- Pawłowski TA. 2009. Proteome analysis of Norway maple (*Acer platanoides* L.) seeds dormancy breaking and germination: influence of abscisic and gibberellic acids. BMC Plant Biology 9:48 DOI: 10.1186/1471-2229-9-48.
- Pearse IS, Koenig WD, Kelly D. 2016. Mechanisms of mast seeding: resources, weather, cues, and selection. New Phytologist 212:546–562 DOI: 10.1111/nph.14114.
- Pukacka S. 1998. Charakterystyka rozwoju nasion klonu zwyczajnego [*Acer platanoides* L.] i jaworu [*Acer pseudoplatanus* L.]. Arboretum Kórnickie 43:91–104.
- Pukacka S, Ratajczak E. 2007. Ascorbate and glutathione metabolism during development and desiccation of orthodox and recalcitrant seeds of the genus *Acer*. Functional Plant Biology 34:601–613 DOI: 10.1071/FP07013.
- Ratajczak E, Dietz K-J, Kalemba EM. 2019. The occurrence of peroxiredoxins and changes in redoxstate in *Acer platanoides* and *Acer pseudoplatanus* during seed development. Journal of Plant Growth Regulation 38:298–314 DOI: 10.1007/s00344-018-9841-8.
- Ratajczak E, Ströher E, Oelze ML, Kalemba EM, Pukacka S, Dietz KJ. 2013. The involvement of the mitochondrial peroxiredoxin PRXIIF in defining physiological differences between orthodox and recalcitrant seeds of two *Acer* species. Functional Plant Biology 40:1005–1017 DOI: 10.1071/FP13002.
- Suszka B, Muller C, Bonnet-Masimbert M. 2000. The seeds of deciduous forest trees from their harvesting to sowing. Paris: INRA Editions.
- Tylkowski T. 2016. Przedsięwzięcie traktowanie nasion drzew, krzewów, pnączy i krzewinek. Warszawa: Centrum Informacyjne Lasów Państwowych.