

## **Określenie roli czynników transkrypcyjnych z rodziny SPL w rozwoju wątrobowca *Marchantia polymorpha***

Naukowym celem projektu jest określenie funkcji genów kodujących roślinne czynniki transkrypcyjne SPL (ang. Squamosa-Promoter binding protein-Like) u rozdzielnopłciowego wątrobowca *Marchantia polymorpha*. Po raz pierwszy opisano je u wyżłinu większego, ze względu na ich zdolność do wiązania sekwencji GTAC promotora genu *SQUAMOSA* – regulatora tożsamości merystemu kwiatowego. Zasadniczą rolą białek SPL jest kontrola przejścia z fazy wzrostu młodocianego do formy dorosłej oraz z fazy wzrostu wegetatywnego do reprodukcyjnego. Dodatkowo kontrolują one szereg innych procesów jak inicjacja zawiązków liściowych, rozwój kwiatów i owoców, czy wytworzenie prawidłowego pokroju rośliny. Zdecydowana większość funkcji białek SPL opisana została w oparciu o dane eksperymentalne z zastosowaniem roślin okrytozalążkowych jako obiektów badań. Na dzień dzisiejszy brak jest opublikowanych informacji na temat funkcji czynników transkrypcyjnych SPL u przedstawicieli wątrobowców, najstarszych obecnie żyjących roślin lądowych. Z uwagi na swoje antyczne pochodzenie rośliny te reprezentują żywe laboratorium do badań wczesnych adaptacji morfologicznych i anatomicznych potrzebnych do życia na lądzie, ale również adaptacji o podłożu molekularnym. Łatwość hodowli, szeroki wachlarz narzędzi genetycznych i molekularnych, w tym technik transformacji, wyłączania genów na drodze homologicznej rekombinacji, edycji genomu techniką CRISPR/Cas9 oraz dostęp do wstępnej wersji genomu (<http://Marchantia.info/genome/index.php/MainPage>) to największe zalety *Marchantia* jako organizmu modelowego wśród wątrobowców. W porównaniu do rodzin genów *SPL* innych organizmów roślinnych, gdzie liczba członków wynosi ponad 10, genom *M.polymorpha* koduje tylko cztery geny *SPL*. Dlatego też przypuszczamy, że rodzina genów wątrobowca może odzwierciedlać pradawny pierwowzór, który w toku ewolucji mógł zostać wykorzystany do utworzenia rodzin genów *SPL* roślin naczyniowych. Dla sprawdzenia tej hipotezy, przeprowadzimy szereg eksperymentów mających na celu przygotowanie linii mutantów *M.polymorpha* z wyłączoną funkcją genu(ów) *MpSPL* oraz mutantów z wprowadzoną dodatkową kopią badanego genu. Charakterystyka fenotypów tak otrzymanych roślin umożliwi nam określenie fundamentalnych funkcji pełnionych przez poszczególne geny *MpSPL*. Co więcej porównanie naszych wyników z obecnym stanem wiedzy o roślinnych białkach SPL poznanych do tej pory pozwoli nam stwierdzić, czy istnieje ewolucyjna zachowawczość funkcji białek SPL między wątrobowcami i roślinami naczyniowymi, czy jednak w toku ewolucji funkcje te uległy znacznej dywergencji.