Nabycie plastydów, oraz co za tym idzie, zdolności do fotosyntezy było jednym z punktów zwrotnych w ewolucji eukariontów. Plastydy pojawiły się w komórkach eukariotycznych w wyniku tzw. pierwotnej endosymbiozy, procesu w którym komórka eukariotyczna pochłonęła bakterię fotosyntetyzującą (sinicę). Z czasem kolejne grupy eukariontów nabyły plastydy, na drodze tzw. wtórnej endosymbiozy, kiedy to komórka eukariotyczna pochłonęła inną komórkę eukariotyczną zawierającą już pierwotny plastyd. W ten sposób plastydy pojawiły się w różnych grupach niespokrewnionych organizmów. Jednak pomimo oczywistych korzyści płynących z możliwości przeprowadzania fotosyntezy, w toku ewolucji wielokrotnie doszło do utraty tej funkcji, zwłaszcza u pasożytniczych glonów i roślin. Takimi organizmami, które utraciły zdolność do fotosyntezy, ale zawierają szczątkowy plastyd są niektóre pasożyty człowieka, jak np. przedstawiciele rodzaju *Plasmodium* (wywołujący malarię) i rodzaju *Toksoplazma* (wywołujący toksoplazmozę). Zwykle organizmy, które utraciły zdolność do fotosyntezy zachowują jednak bezbarwny (niezawierający barwników fotosyntetycznych) plastyd, który pełni inne ważne funkcje metaboliczne. Niewiele jak do tej pory wiadomo o funkcjach bezbarwnych plastydów w wielu liniach ewolucyjnych bezbarwnych glonów, zwłaszcza tych niepatogennych.

Projekt koncentruje się wokół ewolucji niefotosyntetyzujących plastydów u wolnożyjących glonów. Przede wszystkim chciałabym się dowiedzieć **jakie są główne funkcje plastydów u bezbarwnych glonów, a co za tym idzie, po co zachowywane są zredukowane plastydy i ich genomy jeżeli nie borą udziału w fotosyntezie**. Planuję badać bezbarwnych i fotosyntetyzujących przedstawicieli dwóch grup jednokomórkowych glonów – Euglenophyta (np. *Euglena gracilis*) i Ochrophyta (np. okrzemki, brunatnice). Aby poznać funkcje ich zredukowanych plastydów planuję zsekwencjonować genomy plastydowe i transkryptomy. Uzyskane dane zanalizuję wykorzystując narzędzia bioinformatyczne, które umożliwią identyfikację genów w genomach plastydowych oraz białek kierowanych do plastydów na podstawie danych transkryptomicznych, co pozwoli poznać szlaki metaboliczne zachowane w szczątkowych plastydach.