

Przejście z fazy rozwoju wegetatywnego do generatywnego zachodzi w najbardziej korzystnym, z punktu widzenia reprodukcyjnego roślin czasie, zapewniającym wytworzenie maksymalnej liczby kwiatów, a następnie nasion. Jest to złożony proces fizjologiczny zależny od wielu czynników zarówno wewnętrznych jak i zewnętrznych, wśród których zasadniczą rolę pełnią fotoperiod i temperatura.

Białka B-box (obecnie nazywane BBX) są regulatorami transkrypcji i stanowią podgrupę białek zawierających palce cynkowe, które posiadają jedną lub więcej domen B-box stabilizowanych przez jony cynku. U *Arabidopsis* rodzina B-box składa się z 32 białek a u ziemniaka uprawnego *Solanum tuberosum* z 30 białek. Na podstawie właściwości strukturalnych białka BBX u *A. thaliana* i *S. tuberosum* zostały podzielone na pięć grup. Roślinne białka BBX pełnią różne funkcje w regulacji wzrostu i rozwoju tj. fotomorfogeneza, unikanie cienia czy fotoperiodyczna regulacja kwitnienia. Podczas, gdy u *Arabidopsis* mechanizmy kontrolujące kwitnienie są dobrze znane i białka należące do rodziny BBX zaangażowane w regulację kwitnienia zostały dobrze scharakteryzowane pod względem funkcjonalnym, u roślin uprawnych funkcja białek BBX w rozwoju wegetatywnym i generatywnym jest słabo poznana i została określona tylko dla nielicznych białek. Większość danych dotyczących funkcji białek BBX w rozwoju roślin uprawnych odnosi się do homologów białka AtBBX1 (CO, CONSTANS) u *Arabidopsis*.

**W niniejszym projekcie zamierzamy wyjaśnić rolę białka StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji u ziemniaka uprawnego *Solanum tuberosum* L., odm. Desiree.**

W tym celu zostaną przygotowane rośliny transgeniczne z nadekspresją genu *StBBX20* i z mutacją typu knockout dla genu *StBBX20* przy wykorzystaniu systemu CRISPR/Cas9. Dla wykazania czy produkt białkowy genu *StBBX20* reguluje ekspresję genów zaangażowanych w rozwój kwiatu i formowania bulw, przeprowadzimy wysokoprzepustowe sekwencjonowanie transkryptomu roślin transgenicznych z nadekspresją i mutacją typu knockout dla genu *StBBX20* i roślin *S. tuberosum*, odm. Desiree typu dzikiego na różnych etapach rozwoju roślin i w różnych punktach czasowych fazy świetlnej.

W celu weryfikacji zidentyfikowanych genów związanych z kwitnieniem i tuberyzacją, których ekspresja jest kontrolowana przez StBBX20, zastosujemy metodę immunoprecypitacji chromatinu, a następnie sekwencjonowania wysokoprzepustowego (ChiP-seq).

Ponadto, aby zidentyfikować partnera białkowego, który oddziałuje z białkiem StBBX20 w kompleksie chromatynowym u ziemniaka uprawnego zostanie zastosowana technika ChAP (*ang.* Chromatin Affinity Purification).

Zrozumienie funkcji białka StBBX20 w regulacji czasu kwitnienia i tuberyzacji pozwoli lepiej zrozumieć mechanizmy, za pomocą których kontrolowane są te procesy. Integracja danych z różnych podejść eksperymentalnych przybliży nas do poznania roli białka StBBX20 w szlakach sygnałowych kwitnienia i tuberyzacji u uprawnych odmian ziemniaka. Uzyskane rezultaty przybliżą nas do odpowiedzi na pytanie czy istnieją wspólne elementy w ścieżkach regulacyjnych procesu kwitnienia i tuberyzacji u uprawnych odmian ziemniaka oraz czy istnieje możliwość interakcji między tymi szlakami sygnałowymi.