

Precyzyjne dobranie terminu kwitnienia jest kwestią kluczową dla sukcesu reprodukcyjnego roślin. Aby zgrać termin kwitnienia z sezonowymi zmianami wzorców pogodowych, rośliny w sposób ciągły monitorują długość dnia i temperaturę. Informacja o zmienności warunków środowiskowych jest przekazywana w taki sposób, że poszczególne białka aktywują odpowiednie geny, które następnie uruchamiają produkcję kolejnych białek, mogących finalnie aktywować bądź dezaktywować geny bezpośrednio kontrolujące produkcję mobilnego sygnału zwanego florigenem, będącego białkiem kodowanym przez gen *Flowering locus T*. Ponadto istnieje jeszcze dodatkowy poziom regulacji genów, związany z modyfikacją DNA (metylacją) oraz otaczających białek (histonów), który zmienia dostępność tego DNA dla białek regulatorowych i może w konsekwencji doprowadzić do braku aktywności danego genu przez określony czas. W tym projekcie badane będą oba poziomy oddziaływania na aktywność genu *Flowering locus T*. Gen *Flowering locus T* występuje u rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* w pojedynczej kopii, aczkolwiek u roślin strączkowych doliczono się co najmniej kilku kopii. Te „dodatkowe” kopie genu *Flowering locus T* pojawiły się kilkanaście milionów lat temu w toku ewolucji roślin strączkowych, gdy doszło do procesu zduplikowania całej informacji genetycznej. Wydarzenie to otworzyło nowe możliwości de-regulacji genów bądź nabycia przez nie nowych funkcji, ponieważ zawsze było zabezpieczenie w postaci duplikatu genu pełniącego podstawową, pożądaną funkcję. W wyniku tego procesu rośliny strączkowe uzyskały znaczną plastyczność adaptacyjną, która umożliwiła im dostosowanie się do różnorodnych warunków środowiskowych.

W niniejszym projekcie jako model do badań obrany został łubin żółty. Łubin żółty jest gatunkiem, który w celu indukcji kwitnienia wymaga okresu niskiej temperatury w początkowej fazie wzrostu. Taką cechą określa się jako znaczne wymagania wernalizacyjne. Ponadto, łubin żółty preferuje dłuższe dni do indukcji kwitnienia. Dla przykładu, w warunkach krótkiego dnia (8 godzin światła) łubin żółty opóźnia rozpoczęcie kwitnienia o kilkanaście tygodni w porównaniu do warunków długiego dnia (16 godzin światła). Jest to tak zwana odpowiedź fotoperiodyczna. Jako, że obie te cechy są bardzo niekorzystne dla rolnictwa, w procesie udomowienia łubinów jako roślin uprawnych podjęto wysiłki w kierunku wyselekcjonowania linii łubinu żółtego, które wcześniej kwitną niezależnie od wernalizacji i fotoperiodu. Sekwencjonowanie genów takich linii wykazało, że różnią się one od linii późnych m.in. w zakresie mutacji w obrębie kopii genu *Flowering locus T*. W tym projekcie, zarówno wcześniej jak i późno kwitnące linie łubinu żółtego będziemy badać w zróżnicowanych warunkach wernalizacji i fotoperiodu, aby określić mechanizmy molekularne zaangażowane w kontrolowanie inicjacji kwitnienia w odpowiedzi na te dwa czynniki. Zastosujemy nowoczesne, wysokoprzepustowe technologie do analizy różnic zarówno na poziomie sekwencji DNA, jak i aktywowanych genów oraz produkowanych białek. Ponadto, bogata kolekcja nasienna łubinu żółtego, reprezentująca światową zmienność tego gatunku, będzie analizowana w kierunku terminu kwitnienia i zmienności sekwencji DNA w celu znalezienia nowych, nieznanych jeszcze genów zaangażowanych w regulację terminu kwitnienia. Populacje uzyskane z krzyżowania linii rodzicielskich różniących się terminem kwitnienia i mutacjami w genach *Flowering locus T* będą wykorzystane do poszukiwania grup genów, których aktywność podlega ko-regulacji przez te same białka. Przeprowadzenie badań zaplanowanych w niniejszym projekcie będzie stanowić istotny krok w kierunku rozszyfrowania skomplikowanych szlaków molekularnych warunkujących odpowiedź na fotoperiod i wernalizację u roślin strączkowych.