

Symbiotyczne wiązanie azotu w roślinach bobowatych jest ważne dla produkcji żywności i zrównoważonego rolnictwa. Zachodzi ono w brodawkach korzeniowych – wyspecjalizowanych organach, które rozwijają się w wyniku rozpoznania bakterii symbiotycznych (rizobiów) przez roślinę i zostają przez nie skolonizowane. Rośliny bobowate klimatu umiarkowanego, w tym blisko spokrewniona z lucerną *Medicago truncatula*, tworzą brodawki niezdeteminowane, zdolne do ciągłego wzrostu, ze względu na stałą obecność merystemu wierzchołkowego. W obrębie brodawek niezdeteminowanych można wyróżnić kilka wyspecjalizowanych stref, takich jak strefa infekcji, w której komórki roślinne są kolonizowane przez rizobia, strefa przejściowa, gdzie komórki roślinne i bakteryjne ulegają różnicowaniu oraz strefa wiązania azotu, gdzie rizobia w terminalnej postaci bakterioidów wiążą azot atmosferyczny i dostarczają go roślinom w zamian za źródła węgla. Dzięki symbiotycznemu wiązaniu azotu rośliny bobowate mogą rosnąć na glebach ubogich w azot mineralny i organiczny oraz je użyźniać.

Rozwój brodawek rozpoczyna się od wzajemnego rozpoznania partnerów symbiotycznych i obejmuje równoległe różnicowanie komórek bakteryjnych i roślinnych. Niemniej zaobserwowano mutanty *Medicago* oraz *Lotus*, u których brodawki powstawały spontanicznie pod nieobecność rizobiów, w wyniku deregulacji roślinnych szlaków sygnalizacyjnych. Wskazuje to, że proces rozwoju brodawki jest głównie pod kontrolą rośliny. Dlatego zrozumienie mechanizmów tej kontroli ma duże znaczenie, ponieważ może również zwiększyć naszą ogólną wiedzę na temat organogenezy roślin.

We wcześniejszych badaniach wykazano, że ekspresja niektórych genów ważnych dla rozwoju brodawki jest kontrolowana epigenetycznie. Polega to na zmetylowaniu w korzeniach DNA w tych obszarach genomu, w których znajdują się te geny oraz jego demetylacji w brodawkach. Przypuszcza się, że zwiększona ekspresja tych genów w brodawkach w porównaniu z korzeniami wynika właśnie z demetylacji DNA. Jedną z podstawowych funkcji metylacji DNA jest wyciszanie transpozonów - obecnych w genomie elementów genetycznych, które mają zdolność wycinania i wstawiania lub kopiowania się w różne miejsca genomu. Co ciekawe, regiony aktywowane przez demetylację DNA w korzeniach również obejmują liczne transpozony. Nie jest jednak jasne, czy ich obecność przyczynia się do aktywacji ekspresji genów. Nie wiadomo również, jakie są wzorce metylacji genomowego DNA w obrębie całego genomu w korzeniach i brodawkach, poza zbadanymi dotąd regionami, które łącznie stanowią tylko ~2% genomu *M. truncatula*.

Aby lepiej zrozumieć rolę przeprogramowania metylacji DNA podczas rozwoju brodawek, planujemy bioinformatycznie ustalić genomowe lokalizacje transpozonów i zidentyfikować różnice strukturalne między genomami około 300 linii *M. truncatula*, wykorzystując szeroki wachlarz dostępnych w publicznych bazach danych zestawów danych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania. Następnie wybierzemy 3 bardzo zróżnicowane linie i ustalimy dla nich ich sekwencje genomu oraz wzorce metylacji DNA, zarówno w korzeniach, jak i brodawkach. Przeanalizujemy również transkryptyomy w tych organach. Zidentyfikujemy regiony o zróżnicowanej metylacji i ocenimy, czy istnieją powiązania między zmianą metylacji a aktywacją/represją genów. Zweryfikujemy również, czy naturalne różnice w położeniu transpozonów wpływają na rozmieszczenie regionów o zróżnicowanej metylacji, przyczyniając się w ten sposób do zmienności ekspresji genów w brodawkach tych linii. Łącząc wszystkie wyniki uzyskane w ramach tego projektu, poszerzymy naszą wiedzę na temat wewnątrzgatunkowej zmienności *M. truncatula*, odkryjemy możliwą nową regulatorową rolę transpozonów w genomie oraz uzyskamy wgląd w mechanizmy genetyczne kierujące złożonym procesem powstawania brodawek korzeniowych, w którym zmienia się ekspresja setek genów roślinnych.