Wątrobowce z rodzaju *Riccia* stanowią cenny model badawczy ze względu na szereg zalet. Charakteryzują się prostym cyklem życiowym z dominacją haploidów, łatwością hodowli i klonowania oraz zdolnością do życia zarówno w wodzie, jak i na lądzie. Te cechy czynią je doskonałymi obiektami do badań nad fizjologią roślin, biologią molekularną, rozwojem i ewolucją.

Głównym celem niniejszych badań jest zweryfikowanie hipotezy badawczej, która głosi, że promieniowania UV-B indukuje zróżnicowane zmiany transkryptomiczne i epitranskryptomiczne u *Riccia fluitans* i *Riccia sorocarpa*, ujawniając specyficzne mechanizmy adaptacyjne dla roślin wodno-lądowych i typowo lądowych. W ramach projektu przeanalizujemy profile ekspresji genów, modyfikacje metylacyjne RNA, długości ogonów poli(A) oraz zidentyfikujemy potencjalne miejsca pseudourydynylacji RNA. Dodatkowo, przeprowadzimy szereg analiz molekularnych ścieżek odpowiedzi na promieniowanie UV-B w kontekście plastyczności środowiskowej. Badania zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem nowoczesnych metod biologii molekularnej, w tym sekwencjonowania długich odczytów natywnych cząsteczek RNA. Pozwoli to na otrzymanie rzeczywistych cząsteczek RNA bez udziału metod amplifikacji RNA oraz identyfikację kompletnych wariantów mRNA. Jednakże najciekawszym aspektem niniejszego projektu będzie wykorzystanie sygnałów pozasekwencyjnych chemicznej modyfikacji RNA, takich jak m6A, m5C, psU, w celu scharakteryzowania epitranskryptomu badanych roślin. Wykorzystana w eksperymencie metoda sekwencjonowania długich odczytów firmy Oxford Nanopore, została okrzyknięta metodą 2022 roku. Wykorzystamy również nowoczesne oprogramowanie komputerowe i ogólnodostępne biologiczne bazy danych, aby jak najdokładniej przeanalizować dane transkryptomiczne oraz epitranskryptomiczne dla badanych gatunków.

Projekt ten przyczyni się do poszerzenia wiedzy na temat adaptacji amfibiontów oraz roślin typowo lądowych do cyklicznych zmian klimat, takich jak zwiększające się promieniowanie światła UV-B. Zwiększy to zakres wiedzy na temat procesów molekularnych towarzyszących modyfikacjom epigentycznym. Zakładamy, że wyniki uzyskane w tym projekcie staną się punktem wyjścia dla podobnych badań u innych roślin. Ponadto, przyczynią się do lepszego zrozumienia fizjologii roślin.