

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Rośliny strączkowe (*Fabaceae*) stanowią trzecią pod względem wielkości rodzinę roślin dwuliściennych, w której skład wchodzi ponad 19 500 gatunków. W obrębie rodziny *Fabaceae* występują zarówno kwiatowe rośliny jednoroczne, jak również wieloletnie byliny oraz rośliny drzewiaste. Znakiem rozpoznawczym roślin strączkowych jest zdolność wiązania azotu atmosferycznego. Dzięki współpracy z symbiotycznymi bakteriami, rośliny takie jak fasola, groch czy łubin mogą rozwijać się nawet na ubogich glebach bez dodatkowego nawożenia.

Współczesna genetyka roślin formułuje wiele pytań związanych ze zdolnością roślin i mikroorganizmów do ścisłej kooperacji, ich wspólnej historii i wzajemnej komunikacji. Projekt zatytułowany „Dynamika zmian genomu w ewolucji i utrzymaniu zdolności symbiotycznego wiązania azotu, w świetle starych ewolucyjnie linii roślin strączkowych.” wpisuje się w poszukiwania odpowiedzi na te pytania.

W projekcie podejmujemy wiele istotnych kwestii, związanych z przemianami ewolucyjnymi, które wpłynęły na wykształcenie i utrzymywanie się zdolności biologicznego wiązania azotu u strączkowych. Kluczowym problemem, na który zespół badawczy postara się odpowiedzieć w wyniku realizacji projektu jest pytanie o podłoże różnorodności biologicznej roślin strączkowych, elementy konieczne i elementy niepożądane w procesie symbiozy roślina-bakteria. Dzięki badaniu odleglejszych kuzynów uprawnych roślin strączkowych (m. in. *Chamaecrista fasciculata*, *Senna obtusifolia*, *Desmanthus virgatus* i *Mimosa pudica*) poznamy lepiej charakterystykę zyskiwanych i traconych genów których ekspresja różni rośliny zdolne i niezdolne do symbiozy. Na przestrzeni ostatnich kilkunastu lat wysoce zautomatyzowane narzędzia badawcze poszerzyły wachlarz możliwości generowania i analizy dużych zbiorów danych biologicznych. Dzięki połączeniu wysokoprzepustowego sekwencjonowania transkryptomów i dużych rekonstrukcji filogenomicznych będziemy mogli lepiej opisać historię roślin strączkowych i ich mikroskopijnych towarzyszy. W przyszłości, zgromadzone przez nas dane i opis starożytnych zmian ewolucyjnych ułatwią również lepsze wykorzystanie roślin strączkowych w rolnictwie i biotechnologii.