

*Streszczenie pracy*

Komórki macierzyste mają zdolność do samoodnawiania własnej populacji i do różnicowania w komórki wyspecjalizowane. Ze tego względu komórki macierzyste odgrywają kluczową rolę w rozwoju organizmów wielokomórkowych. Wszystkie tkanki roślin pochodzą od małych grup komórek macierzystych, występujących w ich rosnących wierzchołkach pędu i korzenia – merystemach. Są to merystemy o nieograniczonym wzroście, w których taki typ wzrostu jest uwarunkowany w pierwszym rzędzie podtrzymaniem tożsamości komórek centrum spoczynkowego (QC) oraz komórek macierzystych, ponieważ jeśli komórki te wejdą na ścieżkę różnicowania, merystem zanika. Ponieważ brakowało szczegółowych danych na temat zarówno organizacji, ultrastruktury i utrzymywania aktywności merystemu wierzchołkowego korzenia (RAM) u modelowej rośliny *M. truncatula*, jak i merystemu brodawek korzeniowych tej rośliny, celem niniejszej pracy było zlokalizowanie domen komórek macierzystych w obydwu merystemach przy wykorzystaniu metod mikroskopii konwencjonalnej i molekularnych. W badaniach weryfikowano założenia, że a) merystem wzrostu nieograniczonego w brodawkach korzeniowych zawiera komórki macierzyste, b) podlegają one regulacji analogicznej jak w merystemie wierzchołkowym korzenia. Dokonano analizy ciągów komórek siostrzanych na centralnych przekrojach podłużnych RAM, co pozwoliło wskazać położenie komórek macierzystych (inicjalnych) kory pierwotnej, ryzodermy i bocznych części czapeczki korzeniowej. Nie było możliwe jednoznaczne rozróżnienie komórek macierzystych walca osiowego i kolumelli. Analiza klonów komórkowych nie wykazała istnienia uporządkowanej organizacji przestrzennej komórek w merystemie brodawki korzeniowej, która przypominałaby pod tym względem RAM. Opisano wytworzenie kolumelli wtórnej jako główną zmianę rozwojową w organizacji RAM korzenia głównego i korzeni bocznych oraz zjawisko zróżnicowanej przestrzennie, przejściowej plazmolizy komórek RAM, występującej podczas kiełkowania i w pierwszych dniach rozwoju siewki. Opisano ultrastrukturę poszczególnych obszarów RAM oraz merystemu brodawki. Wykazano, że w obydwu badanych merystemach podlegają ekspresji homologi genów *PLETHORA1*, *PLETHORA2*, *SHORTROOT*, *SCARECROW* i *WOX5*, których produkty są czynnikami transkrypcyjnymi nadającymi odpowiednim komórkom RAM tożsamość komórek QC lub komórek macierzystych, dzięki czemu czynniki te stanowią u *Arabidopsis thaliana* kluczowy element molekularnej kontroli utrzymywania aktywności RAM. Uzyskane wyniki pozwolą na lepsze zrozumienie funkcjonowania RAM i merystemu brodawki korzeniowej.