

## **Rola długich niekodujących RNA (lncRNA) związanych z chromatyną w regulacji transkrypcji i spoczynku nasion.**

Z chemicznego punktu widzenia DNA jest prostym polimerem, składającym się z czterech podstawowych komponentów. Niemniej jednak różnorodność sposobów odczytu informacji zawartej w DNA zdumiewa biologów od kilkudziesięciu lat. Część informacji zawartej w DNA jest wykorzystana do produkcji RNA, na którego podstawie dochodzi do syntezy białka. Stanowi ona jednak tylko kilka procent całej informacji zawartej w DNA (u człowieka ok. 2%). Co w takim razie dzieje się z resztą? Skoro DNA jest tak nieskomplikowanym polimerem, to skąd enzym odczytujący DNA (polimeraza) wie, że te 2% są ważne, a pozostałe 98% nieistotne? Okazuje się, że polimeraza odczytująca DNA, produkująca na jego podstawie RNA, nie wie tego i w efekcie transkrybuje około 75-85% genomu. Transkrypty polimerazy II można podzielić na kodujące i niekodujące (ncRNA) właśnie ze względu na ich wykorzystanie do produkcji białka.

Czy studiowanie ncRNA ma jakikolwiek sens, skoro nie powstaje z nich białko i są niemal natychmiast degradowane? Podobnie jak w ulu, gdzie życie każdej pszczoły ma swój głęboki sens (królowa nie może sama rodzić pszczoł, opiekować się larwami, bronić roju i zbierać pożywienia), tak w jądrze komórkowym dla wielu ncRNA, choć bardzo krótko żyją, znaleziono funkcje związane z regulacją sposobu odczytywania DNA kodującego białka. Większość niekodujących RNA nie opuszcza jądra. Podczas moich badań odkryłem, że mogą one być wykorzystywane jako regulatory ścieżek hormonalnych i czujniki wzrostu temperatury, regulując głębokość uśpienia nasion.

Aby lepiej scharakteryzować odkryty przeze mnie mechanizm, w niniejszym projekcie wykorzystam nasiona modelowej rośliny stosowanej w biologii molekularnej – *Arabidopsis thaliana*. Choć nasiona jako stadium przetrwalnikowe roślin wydają się uśpione i bardzo statyczne, wewnątrz okrywy nasiennej ma miejsce wiele procesów molekularnych. Nasiona muszą integrować aktualne sygnały środowiskowe w odniesieniu do doświadczeń życiowych przekazanych przez roślinę matkę. Nasiono przechodzi etapy dojrzewania, wielokrotnego wchodzenia w stan rozbudzenia i uśpienia, a finalnie musi podjąć nieodwracalną decyzję o kiełkowaniu. Te wszystkie dramatyczne zmiany znajdują odbicie na poziomie RNA – jego syntezy, procesowania, przechowywania czy degradacji.

Podczas realizacji niniejszego grantu będę szukał odpowiedzi na kilka niezwykle istotnych pytań dotyczących długich niekodujących RNA: Jak działają jako sensor temperatury? W jaki sposób jednocześnie regulują trzy ścieżki, które wcześniej uważano za w większości niezależne: DOG1, ABA i naprawy DNA? Jak zwiększają ekspresję genów docelowych? Podsumowując, chcę się dowiedzieć, w jaki sposób lncRNA dostosowuje stan uśpienia nasion do zmian temperatury, co jest kluczowym zagadnieniem w kontekście zmieniającego się klimatu. Ponadto zostaną zbadane mechanizmy lokalizacji lncRNA w określonych miejscach genomowych. W jakim stopniu spoczynek nasion jest zależny od związania długiego niekodującego RNA z chromatyną bądź modyfikacji 3' końca tej cząsteczki? Planuję opisać mechanizm, w którym procesy transkrypcyjne integrują sygnały środowiskowe z endogennymi ścieżkami hormonalnymi.

Przemysł nasienny, borykający się ze zmianami klimatycznymi, aktywnie poszukuje markerów, które mogą pomóc w rozwoju nowych odmian przystosowanych do wzrostu globalnej temperatury. Długoterminowy wpływ mojej pracy może przyczynić się do bardziej kontrolowanej produkcji nasion, zwiększając bezpieczeństwo żywnościowe.