

Istnieje coraz więcej dowodów na to, że lncRNA (długie, niekodujące RNA) są nie tylko zaangażowane w szereg procesów komórkowych u ludzi i zwierząt (Uszczynska- Ratajczak i in. 2018), ale również pełnią ważną rolę na każdym etapie rozwoju roślin (Zhang i in. 2013, Zhu i in. 2015, Flórez-Zapata i in. 2016, Fei i in. 2020) (Ryc. 1). Dlatego konieczne jest lepsze zrozumienie mechanizmów regulacji lncRNA i ustanowienie baz danych lncRNA (Fei i in. 2020). Tworzenie kompletnych anotacji, pozwala odpowiedzieć na fundamentalne pytania dotyczące funkcji lncRNA (Uszczynska-Ratajczak i in. 2018, Fei i in. 2020).

Geny niekodujące białek, odgrywają kluczową rolę w kontroli regulacji ekspresji genów w stresie abiotycznym (Zhang i in. 2013). Potencjał ncRNA do indukowania zmian chromatyny, które mogą być epigenetycznie dziedziczone, sugeruje, że mogą też odgrywać znaczącą rolę w plastyczności fenotypowej roślin do zmian środowiskowych (De Lucia i Dean 2011). Podjęcie tej tematyki ważne jest szczególnie w obliczu regionalnych fluktuacji klimatu i globalnego ocieplenia, powodujących suszę, na którą narażone są także drzewa w ekosystemach leśnych, w tym świerki. Prognozy klimatyczne dla Europy Środkowej przewidują wzrost temperatury o ok. 2°C i spadek ilości letnich opadów, co jest obecnie już zauważalne. W przyszłości, cieplejszy klimat z suchszymi latami, może powodować, że wzrost świerka będzie coraz bardziej ograniczony

(Gauli i in. 2022). Wpływ i zagrożenia, jakie zmieniający się klimat stanowi dla świerka, mogą być różne w zależności od regionu występowania (Helama i in. 2016). Monitorowanie zmian długiego, niekodującego transkryptomu RNA w nasionach świerka, którego adaptacja do zmian klimatu jest niska (Helama i in. 2016, Schurman i in. 2018, Gauli i in. 2022), wydaje się ważna, w kontekście zgromadzonej wiedzy.

Transkrypcyjna i posttranskrypcyjna regulacja ekspresji genów ma swój udział w złożonym procesie tolerancji roślin na stres (Fei i in. 2020). Ostatnie badania wykazały, że lncRNA odgrywają ważną rolę w reakcji na stres, szczególnie w przypadku stresu suszy (Yatusevich i in. 2017, Fei i in. 2020, Voogd i in. 2022). Analiza lncRNA przybliży zrozumienie mechanizmów regulacyjnych, które zachodzą w transkryptomie świerka pod wpływem zmieniających się czynników klimatycznych.

lncRNA

A protein binding B

DNA binding

C RNA binding

Ryc. 1 Schemat mechanizmów działania lncRNA. lncRNA działają w celu regulacji ekspresji genów przez różne mechanizmy. A - lncRNA jako prowadnice molekularne i rusztowania do interakcji z kompleksami białkowymi. lncRNA działają również jako molekularne „wabiki” dla białek, w tym czynników transkrypcyjnych; B - lncRNA modulują epigenetykę poprzez kierowanie kompleksów modyfikujących chromatynę do docelowych loci genomowego DNA; C - lncRNA działają jak endogenne pochłaniacze dla innych RNA, takich jak mRNA i miRNA. (ORF: otwarta ramka odczytu) (Archer i in. 2015)