

Genomy eukariotyczne zawierają tysiące niekodujących RNA (ncRNA), które odgrywają kluczową rolę w transkrypcyjnej i post-transkrypcyjnej regulacji ekspresji genów. Coraz więcej dowodów wskazuje, że tego typu cząsteczki mają wpływ na regulacyjne odpowiedzi roślin na stres biotyczny. Celem naukowym projektu jest identyfikacja cząsteczek niekodującego RNA, ze szczególnym uwzględnieniem miRNA oraz lncRNA w transkryptomach roślin owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.), podczas stresu wywołanego infekcją przez grzyby z rodzaju *Puccinia* oraz *Blumeria*. Badania w projekcie będą prowadzone na poziomie transkryptomu z wykorzystaniem najnowocześniejszych technik biologii molekularnej tj. technologie sekwencjonowania nowej generacji (NGS) bazujące na krótkich (Illumina) oraz długich (Oxford Nanopore) odczytach, qPCR czy dPCR. Zaplanowane w projekcie badania będą pierwszymi tego typu badaniami na temat struktur niekodującego RNA u owsa zwyczajnego. Zastosowanie sztucznej inokulacji w warunkach laboratoryjnych, a następnie badanie transkryptów roślin w odstępie czasowym po porażeniu pozwoli na określenie jakie geny powiązane z miRNA oraz lncRNA i po jakim czasie zostaną uruchomione lub też wyciszone. W celu dokładniejszej analizy porównawczej zostanie przeprowadzone sekwencjonowanie struktur mRNA celem wytypowania wspólnych oraz unikalnych sekwencji ncRNA w odpowiedzi na stres choroby. Analizy GO oraz KEGG uzyskanych wyników pozwolą odpowiedzieć na pytania, które geny oraz jakie szlaki metaboliczne są regulowane przez struktury niekodującego RNA w odpowiedzi na stres.

Biorąc pod uwagę rosnące zapotrzebowanie na żywność, a także działania mające na celu ograniczenie środków ochrony roślin, badania nad tego typu strukturami powinny być efektywnie wykorzystywane do odkrywania mechanizmów molekularnych leżących u podstaw rozwoju i reakcji na stres biotyczny. Wykorzystanie zarówno technologii sekwencjonowania bazujących na krótkich, jak i długich odczytach wydaje się szczególnie zasadne przy genomach poliploidalnych oraz bogatych w powtórzeniach, co jest odzwierciedleniem genomu wielu zbóż w tym owsa zwyczajnego.