

Badanie mechanizmów biorących udział w syntezie niekodujących transkryptów

Paramecium tetraurelia (pot. pantofelek) jest jednokomórkowym organizmem modelowym charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w komórce. Jedno jądro – makronukleus jest odpowiedzialne za wyrażenie wszystkich genów i regulację procesów życiowych zachodzących w komórce, podczas gdy drugie – mikronukleus odpowiada za przekazanie materiału genetycznego następnym pokoleniom.

Podczas każdego cyklu życiowego maczyny makronukleus jest degradowany, a nowe, potomne jądro powstaje z mikronukleusa. Podczas tego procesu DNA mikronukleusa podlega złożonym rearranżacjom podczas których część sekwencji jest eliminowana. Wzór tych rearranżacji jest dziedziczony pomiędzy starym i nowym makronukleusem i jest zależny nie tylko od sekwencji DNA, ale także od czynników niegenowych – jest to przykład dziedziczenia epigenetycznego. Procesy epigenetyczne regulują szereg ważnych funkcji organizmów począwszy od dziedziczenia i rozwoju do regulowania ekspresji genów.

W rozwoju nowego makronukleusa u pantofelka bierze udział szereg różnych klas niekodujących RNA, czyli takich, które nie służą do produkcji białek. Niekodujące RNA są ostatnio bardzo intensywnie badane ze względu na istotną, daleką od pełnego poznania rolę, jaką pełnią w komórkach i organizmach. Dzięki różnorodności niekodujących RNA w *Paramecium*, jest on doskonałym organizmem modelowym do badania procesów związanych z ich powstawaniem i funkcjami.

Celem naszego projektu jest zbadanie, czy wybrane czynniki, o których wiadomo, że biorą udział w syntezie RNA (transkrypcji) prowadzącej do produkcji białek, pełnią także istotną rolę w powstawaniu niekodujących RNA. Poznamy również strukturę niekodujących RNA – z jakich obszarów genomu się wywodzą, jak mogą wchodzić w interakcje między sobą i z innymi białkami. Projekt może mieć znaczenie dalekosiężne, gdyż od niedawna wiadomo, iż mutacje czynników związanych z syntezą RNA prowadzi do wielu chorób takich jak nowotwory, zaburzenia neurologiczne, otyłość czy cukrzyca. Stąd nasz projekt pozwoli na poznanie mechanizmów związanych z niekodującą transkrypcją nie tylko u organizma *P. tetraurelia*, lecz także u innych organizmów.