

C.1. POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Badania nad rozwojem embriologicznym roślin rozwijają się niezwykle dynamicznie. W wyniku rozwoju technik molekularnych intensywnie prowadzone są badania na komórkach linii generatywnej roślin. Badania wykorzystujące te techniki wykazały istotną rolę regulacji ekspresji mRNA kodujących białka niezbędnych podczas rozwoju komórki. mRNA powstające na terenie jądra komórkowego w procesie transkrypcji posiadają sekwencje kodujące (eksony) i sekwencje niekodujące (introny) pomiędzy końcami 5' i 3'. mRNA podlega procesom dojrzewania, które składają się z trzech etapów: (1) czapczkowania na końcu 5', (2) wycinania intronów, czyli splicingu, (3) poliadenylacji na końcu 3'. Wszystkie te procesy zazwyczaj odbywają się podczas trwania transkrypcji. W pełni dojrzałe mRNA transportowane jest na teren cytoplazmy, gdzie bierze udział w translacji, aby powstało białko. Najnowsze badania wskazują jednak, że komórki eukariotyczne wykształciły pewien mechanizm, który pozwala na czasowe zatrzymanie, czyli retencję poliadenylowanego mRNA na terenie jądra komórkowego.

Badania przeprowadzone w naszym zespole badawczym wykazały, iż w komórkach linii generatywnej męskiej- mikrosporocytach modrzewia europejskiego *Larix decidua* Mill. występują następujące po sobie okresy wzmożonej aktywności transkrypcyjnej związanej z syntezą znacznych ilości poliadenylowanych transkryptów (poli(A) RNA). Nowo syntetyzowane poli(A) RNA nie jest jednak transportowane od razu do cytoplazmy, gdzie powinno ulec translacji, a zatrzymywane jest na terenie jądra komórkowego. Akumulacja poli(A) RNA w tym również mRNA obserwowana jest zarówno na terenie nukleoplazmy jak i w domenach jądrowych nazywanych ciałami Cajala. Ciała Cajala są wysoce wyspecjalizowanymi strukturami, których liczba oraz wielkość zależy od zmian aktywności metabolicznej komórki. Nowo poznana ich rola jest między innymi gromadzenie poli(A) RNA. Wysoki poziom mRNA na terenie jądra komórkowego utrzymuje się nawet po wyciszeniu transkrypcji, a jego transport do cytoplazmy odbywa się dopiero w późniejszych etapach.

Badania przeprowadzone w ostatnich latach wskazują iż komórki eukariotyczne wykształciły kilka mechanizmów, które zapobiegają transportowi na teren cytoplazmy mRNA, które nie jest w pełni dojrzałe. Czasowa retencja na terenie jądra może służyć jako sposób koordynowania ekspresji białek w różnych procesach komórkowych, oraz zapobiegania syntezy defektywnych białek. Jednym z mechanizmów, który zapobiega transportowi na teren cytoplazmy, jest retencja nie w pełni dojrzałych transkryptów do czasu, aż splicing zostanie w pełni ukończony. Kolejnym mechanizmem jest preferencyjne dołączanie czynników eksportowych do dojrzałego już mRNA. Mechanizm odpowiedzialny za retencję mRNA na terenie jądra komórkowego nie został jednak do końca poznany.

W świetle powyższych badań przypuszczamy, iż w naszym modelu badawczym dochodzi do podobnej regulacji ekspresji genów, poprzez zatrzymanie na terenie jądra mRNA, które niezbędne jest podczas kolejnych etapów rozwoju mikrosporocytów. W naszych badaniach chcielibyśmy sprawdzić jakie transkrypty poli(A) RNA ulegają retencji na terenie jądra komórkowego, czy są to transkrypty genów odpowiedzialnych za przebieg mejozy i/lub transkrypty genów odpowiedzialnych za prawidłowy przebieg metabolizmu podstawowego. Mikrosporocyty prawdopodobnie transkrybują dużą ilość RNA, które ulega czasowej retencji na terenie jądra komórkowego, aby podczas kolejnych etapów rozwoju mogło ono w szybkim czasie ulec translacji podczas bardzo dynamicznego rozwoju gametofitu męskiego. Chcielibyśmy także zweryfikować czy transkrypty, które uległy retencji na terenie jądra komórkowego były gromadzone, aby w odpowiednim etapie rozwoju gametofitu męskiego ulec transportowi na teren cytoplazmy, czy raczej są na jego terenie degradowane. Określimy także dynamikę ekspresji transkryptów ulegających retencji na terenie jądra komórkowego, aby precyzyjnie określić na jakim etapie rozwoju transkrybowane są określone geny.

Wyniki naszych badań pozwolą wyjaśnić zjawisko potranskrypcyjnej regulacji ekspresji genów poprzez retencję poliadenylowanego transkryptu, w tym mRNA na terenie jądra komórkowego. Sądzymy, iż retencji mogą ulegać zarówno transkrypty genów związanych z podziałem mejotycznym jak i transkrypty genów metabolizmu podstawowego. Poznanie tego zjawiska znacząco poszerzy dotychczasową wiedzę na temat procesów i mechanizmów zaangażowanych w dojrzewanie komórek linii generatywnej u roślin, a także podstawowych procesów w nich zachodzących. Wzbogacą one aktualną wiedzę z zakresu biologii komórki, jak i biologii rozwoju.