

POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU (W JĘZYKU POLSKIM)

Transportujące RNA są znane głównie ze swojej kanonicznej roli jako niezbędne elementy maszyny translacyjnej, odpowiadające za dostarczenie prawidłowego aminokwasu w procesie syntezy białek. Przez dziesięciolecia uznawano, że transport amino kwasów jest jedyną funkcją jaką tRNA pełni w komórce. Tak było do roku 2009, gdy po raz pierwszy zidentyfikowano fragmenty pochodzące od tRNA (tRF, ang. tRNA-derived fragments), będące produktem specyficznego cięcia. Rezultaty dalszych badań zademonstrowały, że cząsteczki pochodzące od tRNA pełni rolę negatywnych regulatorów ekspresji genów w nowotworach, infekcji HIV i chorobie Lou Gehriga (ALS). Badania nad cząsteczkami tRF są wciąż we wczesnej fazie, jednak opublikowane dane z eksperymentów prowadzonych na organizmach zwierzęcych, drożdżach i bakteriach wykazują ich zdolność do bezpośredniego wyciszania docelowego transkrypty zawierającego sekwencję komplementarną. Jak dotąd wiedza na temat cząsteczek tRF w organizmach roślinnych pozostaje niezgłębiona, po części ze względu na brak odpowiednich narzędzi analitycznych. Dlatego proponowany projekt badawczy ma dwa główne cele: 1) opracowanie kilkietapowej metody obliczeniowej, która pozwoli na: funkcjonalną analizę niskocząsteczkowych RNA, zidentyfikowania i analizy ich docelowych mRNA i rozszyfrowanie mechanizmu tworzenia dupleksu sRNA-mRNA. 2) wykorzystanie proponowanej metody do analizy funkcjonalnej wytypowanych cząsteczek tRF i ich sekwencji docelowych w rzodkiewniku pospolitym (*Arabidopsis thaliana*).

Założeniem proponowanego projektu badawczego jest odpowiedź na pytanie: "Czy krótkie RNA, pochodzące od tRNA uczestniczą w procesie wyciszania transkryptów u roślin, i jeśli tak, jakie są ich transkrypty docelowe?" Ze względu na brak dostępnych metod analitycznych, zweryfikowanie postawionych hipotez badawczych wymaga zaprojektowania metody obliczeniowej, która posłuży do rozszyfrowania szczegółów mechanizmu wyciszania transkryptów przez cząsteczki tRF i pozwoli na identyfikację transkryptów docelowych. Proponowana metoda będzie łączyła własne programy napisane w jęz. Python z istniejącym oprogramowaniem dostępnym na licencji "open source".

Wyniki zaplanowanych badań pozwolą ustalić funkcjonalny potencjał fragmentów pochodzących od tRNA u roślin przez zgłębienie ich mechanizmu wyciszania. Ponadto metodologia opracowana w ramach tego projektu pozwoli na dalsze poszukiwania niskocząsteczkowych RNA u roślin, które wykorzystują alternatywne ścieżki wyciszania transkryptów. Nie ma wątpliwości, że zapotrzebowanie na tego typu narzędzia jest wysokie, zatem dostępność proponowanej metody będzie miała wpływ na rozwój badań nad cząsteczkami sRNA u roślin. Ponadto, poszerzenie wiedzy na temat wpływu zmian i sposobu regulacji poziomu cząsteczek tRF na fenotyp roślin rzodkiewnika może mieć w przyszłości zastosowanie w hodowli roślin uprawnych w celu uzyskania roślin o pożądanym właściwościach użytkowych. Oprogramowanie opracowane w ramach proponowanego projektu będzie dostępne bezpłatnie, w ramach licencji "open source" dla użytkowników akademickich i komercyjnych.