

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Pojawienie się nowo syntetyzowanego transkryptu nie gwarantuje powstania funkcjonalnego RNA lub białka w komórce. RNA już w trakcie syntezy łączy się z białkami i innymi cząsteczkami RNA, dzięki którym ulega dojrzewaniu, transportowi do cytoplazmy, translacji i w końcu degradacji. Podczas tych procesów może nastąpić zatrzymanie dojrzewania, zmiana w sekwencji, bądź skierowanie RNA na inną drogę metaboliczną. Mechanizmy te powszechne występują w komórkach eukariotycznych i nazywane są posttranskrypcyjną regulacją genów (z ang. posttranscriptional gene regulation; PTGR). Licznie pojawiające się w ostatniej dekadzie publikacje wskazują na istotną rolę PTGR w podstawowym metabolizmie komórkowym, rozwoju i odpowiedzi na stres u roślin. W skład PTGR wchodzi alternatywny splicing, edycja, interferencja, ale także znacznie mniej badane procesy takie jak lokalizacja, stabilizacja czy magazynowanie RNA.

Nasze wcześniejsze badania wykazały, że nowymi jądrowymi strukturami związanymi z PTGR u roślin są ciała Cajala (CB). Na ich obszarze wykazano obecność poli(A) RNA, w tym kilku mRNA. Natomiast brak w CB polimerazy II RNA, nowo syntetyzowanego RNA i białek SR niezbędnych do przeprowadzenia procesu splicingu. Oznacza to, że CB są związane z późniejszymi etapami ekspresji genów niż transkrypcja i splicing. Badania zmierzające do poznania funkcji CB w metabolizmie poli(A) RNA prowadzono także na roślinach poddanych stresowi niedotlenienia (hipoksja), który najczęściej jest skutkiem powodzi. Pozwoliło to ustalić, że podczas hipoksji w ciałach Cajala następuje silny wzrost ilości poli(A) RNA, w tym mRNA niezwiązanych z bezpośrednią odpowiedzią na stres. Kolejne badania ujawniły, że mutanty *Arabidopsis thaliana ncb-1* nie posiadające ciał Cajala są mniej tolerancyjne na niedotlenienie niż dziki typ roślin (WT). Towarzyszy temu ponad czterokrotny spadek ilości poli(A) RNA w jądrach komórkowych *ncb-1* w porównaniu do WT. Jednak mechanizm i funkcja biologiczna kumulacji poli(A) RNA w CB jest nieznana.

Na tej podstawie sformułowaliśmy hipotezę badawczą, że ciała Cajala są związane z posttranskrypcyjną regulacją ekspresji genów w komórkach roślin w warunkach fizjologicznych i stresu abiotycznego.

Dla weryfikacji tej hipotezy planujemy:

- (a) przeprowadzić sekwencjonowanie i porównanie transkryptomów ciał Cajala i jąder komórkowych; pozwoli to ustalić jaka jest funkcja CB w posttranskrypcyjnej regulacji genów. Natomiast porównanie RNA w roślinach WT z *ncb-1* pozwoli poznać jaki wpływ na skład i funkcjonowanie transkryptomu w komórkach roślin mają Cajal bodies,
- (b) porównać transkryptom ciał Cajala roślin w warunkach fizjologicznych oraz stresu hipoksji w celu wyjaśnienia funkcji CB w stresie,
- (c) zbadać lokalizację, prędkość przemieszczania się i czas przebywania transkryptów w CBs oraz w jądrze w warunkach fizjologicznych oraz podczas stresu hipoksji w komórkach korzeni; umożliwi to poznanie natury i mechanizmu kumulacji RNA w ciałach Cajala.