

Jednym z typów cząsteczek niezbędnych do istnienia życia w znanej nam formie jest kwas rybonukleinowy (ang. Ribonucleic acid, RNA). Cząsteczki RNA biorą czynny udział w wielu kluczowych dla organizmu procesach, takich jak regulacja ekspresji genów, dojrzewanie RNA, czy produkcja białek. Ponadto są również ważnym elementem systemów obrony organizmu (np. przeciw wirusom). Funkcje poszczególnych cząsteczek RNA zależą od ich przestrzennej struktury. W związku z tym, ustalanie funkcji i mechanizmów działania RNA, poprzez poznawanie struktur tych ważnych dla życia molekuł jest fascynującą gałęzią współczesnej nauki, a wiedza ta powinna zostać przedstawiona zarówno naukowcom (jako punkt wyjścia do dalszych badań), jak i szerokiej publiczności.

Celem proponowanego projektu jest zrozumienie zależności między sekwencją, strukturą, a funkcją intronów grupy I. Introny są fragmentami genów, które nie zawierają informacji o kodowanym białku, jednak mogą pełnić w komórce funkcje regulatorowe. Introny grupy I należą do największej rodziny katalitycznych niekodujących RNA, znanych z właściwości auto-splicingu z prekursorowego RNA. Splicing RNA jest jednym z etapów prowadzących do otrzymania dojrzałej cząsteczki mRNA, która jest matryca do wytworzenia odpowiadającego jej białka. W przypadku niektórych intronów z grupy I, proces splicingu wymaga udziału białek pomocniczych, natomiast w przypadku tzw. intronów aktywnych, splicing zachodzi bez obecności białek. Analiza złożoności struktury intronów z grupy I może prowadzić do odkrycia wielu nowych motywów wchodzących w skład cząsteczki RNA, co czyni introny z grupy I interesującym obiektem badawczym.

Podstawą niniejszych badań jest porównawcza analiza strukturalna intronów z grupy I, określenie różnic w strukturze pomiędzy intronami zdolnymi i niezdolnymi do auto-splicingu oraz poznanie elementów w cząsteczce RNA, które determinują jej zdolność katalityczną. Osiągnięcie powyższych celów będzie możliwe dzięki interdyscyplinarnemu podejściu, wykorzystującemu modelowanie teoretyczne, techniki wykorzystywane w biochemii i biofizyce, metody pozwalające na określenie struktury oraz wysokoprzepustowe sekwencjonowanie.