

Prace naukowe, które ukazały się w ostatnich latach wykazały, że wiele genów znajdujących się na przeciwnych niciach DNA dzieli fragment sekwencji genomowej tworząc pary nakładających się genów. Powszechnie sugeruje się, że w przypadku takich par może zachodzić wzajemna regulacja ekspresji. Wyniki przeprowadzonych badań dotyczących regulatorowej roli takiego ułożenia genów nie są jednak jednoznaczne i stawiają tą funkcję pod znakiem zapytania. Dlatego też, celem projektu jest zbadanie mechanizmów regulujących ekspresję, na poziomie transkrypcji i po-transkrypcyjnym, genów kodujących białka zlokalizowanych na przeciwnych niciach DNA i nakładających się na końcach 5'. Na podstawie otrzymanych wyników mamy nadzieję odpowiedzieć na kluczowe pytanie czy taka organizacja genów wyewoluowała jako mechanizm regulacji ekspresji czy też jest jedynie ubocznym produktem innych procesów. W projekcie zaplanowane jest przeprowadzenie szczegółowych badań ekspresji nakładających się genów stosując nowatorskie podejście, które łączy analizy bioinformatyczne i eksperymentalne. Wykorzystane zostaną dane pochodzące z nowoczesnych technologii sekwencjonowania. Proponowane analizy bioinformatyczne, w połączeniu z najnowocześniejszymi metodami eksperymentalnymi będą pierwszymi tej skali badaniami nakładających się genów. Badania te przyczynią się do lepszego zrozumienia fenomenu nakładania się genów oraz mechanizmów regulacji ekspresji genów. Będzie to miało nie tylko znaczenie poznawcze, ale także będzie istotne dla badań biomedycznych, szczególnie w przypadku badań genów powiązanych z chorobami człowieka. Ponadto, projekt będzie istotny dla badań wyjaśniających funkcjonalne znaczenie alternatywnych promotorów. Jest to o tyle ważne, że przełączenie na niewłaściwy promotor może być przyczyną powstawania nowotworów.