

## **STRESZCZENIE POPULARNONAUKOWE PROJEKTU**

Przysadka jest jednym z najważniejszych gruczołów endokrynych w organizmach ssaków. Ze względu na udział w utrzymywaniu homeostazy oraz kontroli funkcjonowania wielu innych narządów, w tym męskich i żeńskich gonad, jest często nazywana „centralnym” gruczołem wewnątrzwydzielniczym. Na podstawie wielu poprzednich badań można stwierdzić, że środowisko hormonalne organizmu wpływa na profil ekspresji genów oraz działanie alternatywnych szlaków regulacji transkrypcji w przysadce. Aktywność wydzielnicza przysadki jest w dużym stopniu zależna od fazy cyklu rujowego i okresu ciąży. Celem niniejszych badań jest zweryfikowanie postawionej hipotezy badawczej, mówiącej, że profile ekspresji genów i alternatywne szlaki regulacji transkrypcji w przednim płacie przysadki świni domowej różnią się między fazą lutealną cyklu rujowego a wczesną ciążą.

W ramach niniejszego projektu zbadamy profile ekspresji genów i długie niekodujące RNA oraz przeanalizujemy potencjalne powiązania między nimi. Ponadto, zamierzamy przeprowadzić szereg analiz alternatywnych szlaków kontroli transkrypcji, między innymi transkryptów powstałych w wyniku alternatywnego splicingu i miejsc edycji RNA, które mogą w znacznym stopniu modyfikować profile ekspresji genów.

Badania przeprowadzimy wykorzystując nowoczesne metody biologii molekularnej, takie jak sekwencjonowanie następnej generacji (NGS). Użyjemy także nowoczesnych programów komputerowych oraz szeroko dostępnych biologicznych baz danych w celu jak najdokładniejszego przeanalizowania danych odnoszących się do obu okresów fizjologicznych. Uzyskane wyniki zostaną zweryfikowane za pomocą ilościowego PCR i sekwencjonowania DNA metodą kapilarną.

Projekt ten rozszerzy wiedzę na temat regulacji rozrodu organizmu modelowego, jakim jest świnka domowa. Ponadto w trakcie trwania tego projektu znalezione zostaną wcześniej nieznane formy transkrypcyjne, wynikające z alternatywnego splicingu oraz nowe miejsca edycji RNA. Zwiększy to zakres wiedzy dotyczącej procesów towarzyszących modyfikacjom post-transkrypcyjnym. Zakładamy, że wyniki uzyskane w tym projekcie staną się punktem wyjścia dla podobnych badań u innych ssaków (w tym innych zwierząt gospodarskich). Ponadto, uzyskane wyniki będą istotne dla lepszego zrozumienia fizjologii człowieka.