

## **MODYFIKACJA I DZIAŁANIE NIEKODUJĄCYCH RNA**

### **Cel projektu |**

Celem naszego projektu jest zbadanie jak wybrane czynniki, o których wiadomo, że biorą udział w procesie modyfikacji RNA i pełnią istotną rolę w powstawaniu białek różnią się od tych zaangażowanych w powstawanie niekodujących RNA.

### **Opis badań, powodów, dla których podjęta została ta tematyka badawcza**

*Paramecium tetraurelia* (pot. pantofelek) jest jednokomórkowym organizmem modelowym charakteryzującym się obecnością dwóch rodzajów jąder w komórce. Jedno jądro – makronukleus jest odpowiedzialne za wyrażanie wszystkich genów i regulację procesów życiowych zachodzących w komórce, podczas gdy drugie – mikronukleus odpowiada za przekazanie materiału genetycznego następnym pokoleniom.

Podczas każdego cyklu płciowego maczyny makronukleus jest degradowany, a nowe, potomne jądro powstaje z mikronukleusa. Podczas tego procesu DNA mikronukleusa podlega złożonym rearanżacjom podczas których część sekwencji jest eliminowana. Wzór tych rearanżacji jest dziedziczony pomiędzy starym i nowym makronukleusem i jest zależny nie tylko od sekwencji DNA ale także od czynników niegenowych – jest to przykład dziedziczenia epigenetycznego. Procesy epigenetyczne regulują szereg ważnych funkcji organizmów począwszy od dziedziczenia i rozwoju do regulowania ekspresji genów.

W rozwoju nowego makronukleusa u pantofelka bierze udział szereg różnych klas niekodujących RNA, czyli takich, które nie służą do produkcji białek. Niekodujące RNA są ostatnio bardzo intensywnie badane ze względu na istotną, daleką od pełnego poznania rolę, jaką pełnią w komórkach i organizmach. Dzięki różnorodności niekodujących RNA w *Paramecium*, jest on doskonałym organizmem modelowym do badania procesów związanych z ich powstawaniem i funkcją.

Podczas naszych badań przeprowadzimy analizę funkcji wybranych białek biorących udział w modyfikacji RNA. Poznamy ich rolę we wzroście komórek i w procesach płciowych. Będziemy badać ich lokalizację wewnątrzkomórkową, zbadamy niekodujące RNA powstające w procesach płciowych oraz jak przebiega rearanżacji genomu podczas wyciszenia ich ekspresji.

### **Najważniejsze spodziewane efekty**

Poznamy rolę białek modyfikujących RNA w dziedziczeniu rearanżacji genomu u pantofelka, zidentyfikujemy oddziałujące z nimi czynniki regulatorowe oraz powstające przy ich udziale cząsteczki RNA. Projekt może mieć znaczenie dalekosiężne, gdyż od niedawna wiadomo, iż mutacje czynników związanych z syntezą RNA prowadzi do wielu chorób takich jak nowotwory, zaburzenia neurologiczne, otyłość czy cukrzyca. Sądzymy, że nasz projekt pozwoli na poznanie mechanizmów związanych z powstawaniem niekodujących RNA nie tylko u orzęska *P. tetraurelia*, lecz także u innych organizmów.