

SERRATE (SE) jest białkiem niezbędnym do rozwoju i prawidłowego funkcjonowania roślin. Bierze udział w wielu etapach przetwarzania różnych klas RNA. Odgrywa znaczącą rolę w procesie powstawania małych regulacyjnych RNA (mikroRNA), wycinaniu intronów oraz transkrypcji niektórych grup genów. Nasze ostatnie badania nad białkami oddziałującymi z SE *in vivo* ujawniły, że SE jest zasocjowane z wieloma białkami wiążącymi RNA, a także dużą grupą helikaz. Białka wiążące RNA oddziałują ze specyficznym motywem sekwencji RNA. Natomiast helikazy są zdolne do rozplatania RNA, który przyjął strukturę dwuniciową. Większość białek wiążących RNA rozpoznaje specyficzne motywy sekwencji, które zazwyczaj znajdują się w ich jednoniciowych fragmentach. Z drugiej strony helikazy nie wykazują specyficzności sekwencji.

Nasze badania wstępne wykazały, że SE oddziałuje bezpośrednio z trzema helikazami: DRH1, RH46 i RH40, które należą do podrodziny DDX5/Dbp2. Ponadto, zidentyfikowaliśmy białka związane z DRH1 i stwierdziliśmy, że DRH1 tworzy kompleksy z co najmniej 12 białkami wiążącymi RNA, które zostały również zidentyfikowane jako białka oddziałujące z SE. W oparciu o nasze wstępne wyniki stawiamy hipotezę, że helikazy, które oddziałują z SE, umożliwiają białkom wiążącym RNA rozpoznawanie i wiązanie się z określonymi miejscami cząsteczek RNA.

Zidentyfikowane przez nas białka wiążące RNA można podzielić na kilka grup zaangażowanych w różne procesy obróbki RNA. W tym projekcie chcemy skupić się tylko na tych białkach, które biorą udział w degradacji RNA lub eksporcie mRNA z jądra do cytoplazmy. Zdecydowaliśmy się rozpocząć nasze badania od procesu degradacji RNA, ponieważ nasza wiedza na temat udziału SE w degradacji RNA jest najobszerniejsza. Ponadto, w naszych wstępnych analizach wykazaliśmy, że podjednostka kompleksu NEXT odpowiedzialnego za degradację RNA - RBM7 oddziałuje bezpośrednio zarówno z SE, jak i DRH1. Postanowiliśmy zbadać również eksport RNA, ponieważ: (i) wykazano, że DRH1 oddziałuje z kompleksem porów jądrowych; (ii) w mutancie, w którym nie ma ekspresji białka DRH1 występuje nagromadzenie poliadenylowanych mRNA w jądrze komórkowym; (iii) ludzki homolog SE - ARS2 bierze udział w eksporcie mRNA z jądra do cytoplazmy.

Dane te sugerują, że SERRATE jest białkiem oddziałującym z helikazą, która rozwija drugorzędową strukturę RNA, jak również z białkiem wiążącym RNA, które może wiązać specyficzny motyw sekwencji RNA w rozwiniętym fragmencie. Badania zaplanowane w tym projekcie skupią się na mechanizmie koordynacji helikazy i białka wiążącego RNA przez SE w procesach degradacji RNA i eksportu RNA. W tym projekcie planujemy potwierdzić interakcję między białkami wiążącymi RNA zaangażowanymi w eksport mRNA zarówno z badanymi helikazami jak i białkiem SE. Następnym etapem tego projektu będzie analiza zmian w transkryptomie oraz drugorzędowej strukturze RNA w potrójnym mutancie, w którym badane helikazy nie ulegają ekspresji. Planujemy również zidentyfikować motywy RNA rozpoznawane przez wybrane białka wiążące RNA w roślinach z aktywnością helikaz i bez niej. Obserwacje z badań *in vivo* zostaną następnie potwierdzone metodą *in vitro*. Efektem prezentowanego projektu będzie poszerzenie naszej wiedzy na temat przetwarzania RNA, a tym samym pogłębienie zrozumienia podstawowych procesów zachodzących w komórkach eukariotycznych. Ponadto, zaplanowane eksperymenty pozwolą odkryć rolę słabo opisanych helikaz roślinnych jak i białek wiążących RNA. Będziemy również mogli scharakteryzować rolę trójskładnikowego kompleksu, który jest zdolny do przebudowy i wiązania RNA.