

Rola somatycznych piRNA i ich ewolucja

W organizmach wielokomórkowych, takich jak zwierzęta, komórki pochodzące z jednego narządu często, bardzo różnią się od komórek pochodzących z innego narządu (np. komórki oka różnią się od komórek skóry). Ponadto, poszczególne typy komórek w obrębie narządów pełnią bardzo wyspecjalizowane funkcje. Mimo, że komórki różnych typów są tak od siebie różne, wszystkie komórki danego organizmu mają dokładnie taką samą „instrukcję obsługi”, czyli ten sam genom. Zatem, jak komórki mogą tak znacząco się od siebie różnić, skoro wszystkie posiadają tę samą informację genetyczną? Jakie mechanizmy determinują te różnice? Jak te mechanizmy wpłynęły na ewolucję? Kluczem do odpowiedzi na te pytania jest zrozumienie, w jaki sposób poszczególne komórki odczytują i interpretują genom, czyli jak regulują ekspresję genów.

Mimo, że do tej pory odkryto wiele mechanizmów, które na różnych poziomach biorą udział w regulacji ekspresji genów, wciąż daleko nam do uzyskania wyczerpujących odpowiedzi na wyżej postawione pytania. Wśród znanych elementów biorących udział w regulacji ekspresji genów, wymienić można małe RNA (ang. *small RNAs*) np. microRNA. W 2000 roku odkryto nowy, charakterystyczny dla zwierząt rodzaj małego RNA – piRNA. Początkowo uważano, że funkcja piRNA ogranicza się jedynie do ochrony genomu przed czynnikami wewnętrznymi i zewnętrznymi. Jednak, nasze ostatnie badania, wskazują, że niektóre piRNA mogą również odgrywać ważną rolę w regulacji ekspresji genów. Celem tego projektu jest **zbadanie roli piRNA w regulacji ekspresji genów oraz odpowiedź na pytanie w jaki sposób piRNA mogły wpłynąć na ewolucję zwierząt.**

W naszych eksperymentach, jako obiektów badawczych użyjemy trzech gatunków owadów należących do innych rzędów tj.: *Gryllus bimaculatus* (rząd: prostoskrzydłe), *Blattella germanica* (rząd: karacany) i *Oncopeltus fasciatus* (rząd: pluskwiaki). Wybór owadów jako obiektów badawczych motywowany jest faktem, że 90% gatunków zwierząt opisanych na Ziemi to właśnie owady. Żyją one praktycznie w każdym ekosystemie lądowym, co czyni je doskonałymi modelami do badania ewolucji. Ponadto, z uwagi na łatwość hodowli i pracy w warunkach laboratoryjnych, owady są od dawna szeroko wykorzystywane do badań genetycznych. W celu zbadania roli piRNA w kontrolowaniu ekspresji genów, przeprowadzimy serię eksperymentów mających na celu wyciszenie ekspresji genów kluczowych do produkcji piRNA w trzech różnych tkankach dla każdego ww. gatunku. **Zmniejszenie ekspresji piRNA spowoduje zmianę ekspresji tych genów, które są regulowane przez piRNA. W ten sposób, będziemy w stanie zidentyfikować geny docelowe, regulowane przez piRNA.** Aby określić poziom ekspresji piRNA i genów w warunkach kontrolnych i testowych użyjemy wysokoprzepustowych technologii sekwencjonowania RNA. Ponadto, porównując ze sobą trzy wybrane gatunki owadów, które dzieli ok. 395 milionów lat ewolucji od ich ostatniego wspólnego przodka, będziemy mogli określić potencjalną konserwatywną rolę piRNA w czasie ewolucji.

Z uwagi na to, że rola piRNA nie była do tej pory szeroko badana, istnieje bardzo niewiele narzędzi obliczeniowych dedykowanych do identyfikacji i analizy piRNA. Dlatego, kolejnym celem naszej pracy będzie **opracowanie programu bioinformatycznego, który pozwoli na łatwą identyfikację i analizę piRNA we wszystkich gatunkach zwierząt.** Opracowany przez nas program, będzie użyty do większości analiz będących przedmiotem tego projektu.

Podsumowując, uzyskane wyniki pozwolą lepiej zrozumieć rolę piRNA w procesie regulacji ekspresji genów, co z kolei będzie stanowić krok naprzód w kierunku uzyskania pełnego obrazu dotyczącego mechanizmów regulacji genomów w trakcie rozwoju organizmów złożonych.