

Prawie wszystkie komórki w organizmie zawierają ten sam zestaw informacji DNA. Komórki w obrębie jednego organizmu mogą jednak wyglądać zupełnie inaczej i pełnić wiele różnych funkcji, np. komórki nerwowe i wątrobowe ssaków, komórki merystematyczne i komórki łyka u roślin. Jedną z przyczyn tego zjawiska jest różnicowa regulacja ekspresji genów. Zestaw genów ulegających ekspresji (aktywowanych) w dwóch różnych komórkach może być zupełnie inny, co prowadzi do unikalnych właściwości (np. kształtu lub funkcji) jakie komórki uzyskują. Wskazuje to, jak niezwykle ważna jest precyzyjna i ścisła regulacja ekspresji genów. W komórkach eukariotycznych regulacja ekspresji genów może być kontrolowana na różnych etapach, od dostępności chromatyny, transkrypcji, dojrzewania RNA po translację i różną aktywność białek. Jednym z fundamentalnych, zależnym od sekwencji elementów regulujących ekspresję genów są cząsteczki nazywane mikroRNA. Biogeneza mikroRNA jest procesem wieloetapowym i wiele białek jest zaangażowanych w szlak powstawania tych cząsteczek. Jednym z białek zaangażowanych w ten szlak jest białko HYL1. Wiąże ono dwuniciowy RNA oraz oddziałuje z białkiem DCL1, główną RNazą, która uwalnia dojrzałe mikroRNA z ich prekursorów. W komórce białko HYL1 może występować w dwóch różnych izoformach - fosforylowanej i niefosforylowanej. Eksperymenty sugerują, że niefosforylowane białko HYL1 odgrywa ważną rolę w biogenezie mikroRNA, a ufosforylowane służy jako zapasowa (nieaktywna) pula białka.

W naszych poprzednich badaniach zidentyfikowaliśmy nową nieznaną dotąd funkcję białka HYL1. Ustaliliśmy, że oprócz udziału w dojrzewaniu prekursorów mikroRNA, HYL1 bierze również udział we wczesnych etapach biogenezy mikroRNA tzn. w transkrypcji. Niemniej jednak dalsze eksperymenty są wymagane, aby zaproponować szczegółowy mechanizm jak białko HYL1 wpływa regulację ekspresji genów na etapie transkrypcji. W tym projekcie zamierzamy wykonać eksperymenty, które umożliwią nam opisanie tego mechanizmu. Zakładamy, że fosforylowane białko HYL1 (obecnie uważane za nieaktywną pulę HYL1) jest głównie zaangażowane w regulację genów na etapie transkrypcyjnym. Dodatkowo, nasze wstępne wyniki sugerują, że regulacja ta dotyczy przede wszystkim genów, które są istotne dla prawidłowego rozwoju roślin podczas skotomofogenezy. Do przetestowania naszej hipotezy wykorzystamy nowoczesne metody stosowane obecnie w badaniach z zakresu biologii molekularnej, tj. sekwencjonowanie nowej generacji oraz obrazowanie fluorescencyjne z wykorzystaniem mikroskopii konfokalnej. Wyniki projektu poszerzą naszą wiedzę na temat procesów regulacji genów, a więc nasze zrozumienie jednego z podstawowych i krytycznych procesów zachodzącego w organizmach żywych.