

Niemal 50 lat temu odkryto, że geny, czyli odcinki DNA zawierające informację o budowie białka, nie są ciągłe. Zaobserwowano wtedy, że sekwencje kodujące (egzony) są przedzielone fragmentami niekodującymi zwanymi intronami. Podczas dojrzewania cząsteczki kwasu rybonukleinowego (RNA) introny są wycinane, co pozwala na syntezę prawidłowego białka.

Powszechnie uważa się, że introny występują wyłącznie u eukariontów (zwierząt, roślin i grzybów), lecz nie ma ich u mikroorganizmów bezjądrowych. Nawet po odkryciu pierwszych podzielonych genów u bakterii czy wirusów większość naukowców uznała je za osobliwość, a nie regułę. W podręcznikach biologii nadal można przeczytać, że geny u eukariontów zbudowane są z egzonów i intronów a u drobnoustrojów czy wirusów składają się wyłącznie z sekwencji kodujących.

Wyniki analizy przeprowadzonej przez nasz zespół przeczą temu pogładowi. Wskazują one, że introny można bez trudu znaleźć w genach wirusów infekujących bakterie nazywanych bakteriofagami. Opracowany przez nas program potrafi rozpoznać introny i odróżniać je od przypadkowych przerw w sekwencji kodującej wynikających z błędów podczas sekwencjonowania genomu lub mutacji. Pierwsze przeprowadzone przez nas eksperymenty potwierdzają obecność intronów w genomach analizowanych wirusów a także ich zdolność do “samowycinania się” z badanych genów.

Celem projektu jest ocena częstości występowania intronów fagowych oraz zrozumienie mechanizmu ich wycinania. Aby osiągnąć ten cel, planujemy odpowiedzieć na następujące pytania:

- Jak wiele z bakteriofagowych genów zawiera introny?
- Jak przebiega proces składania podzielonej sekwencji genu w ciągłą cząsteczkę RNA u wirusów?
- Jakie elementy komórki gospodarza są zaangażowane w proces składania?
- Jakie warunki są konieczne do wydajnego wycinania bakteriofagowych intronów?
- Jaka jest ich rola podczas infekcji fagowej?

Spodziewamy się, że uzyskanie odpowiedzi na te pytania pozwoli nam odkryć nowe grupy intronów i zrozumieć mechanizmy regulujące ekspresję wirusowych genów, a w konsekwencji lepiej zrozumieć ewolucję genomów.