

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Regulacja ekspresji genów jest skomplikowanym procesem, opartym na koordynacji wielu różnych szlaków, w tym epigenetycznej kontroli kondensacji chromatyny, transkrypcji, obróbce RNA (modyfikacja 5' końca mRNA, splicing, poliadenylacja), eksporcie dojrzałych transkryptów do cytoplazmy oraz syntezie białka. W ostatnich latach, wraz z rozwojem technik głębokiego sekwencjonowania, a w związku z tym wykryciem wielu nowych modyfikacji RNA, odkryto nowe ścieżki regulacji ekspresji informacji genetycznej.

Do tej pory zidentyfikowano ponad 150 różnych typów modyfikacji RNA. Większość z nich, takie jak N6-metyloadenozyna (m6A) i pseudourydyna (Ψ), została pierwotnie wykryta w występujących na wysokim poziomie strukturalnych RNA: rRNA (rybosomalne RNA), tRNA (transferowe RNA) i snRNA (małe jądrowe RNA). Obecne metody dają możliwość identyfikacji nowych typów modyfikacji i ich dokładnej lokalizacji nie tylko w eksprymowanych na wysokim poziomie cząsteczkach RNA, ale także w mRNA i małych RNA (18-30 nt). Nasze dane potwierdzają występowanie pseudourydyny w małych RNA i ich prekursorach zarówno u roślin jak i w komórkach zwierzęcych. Również m6A jest obecna w prekursorach miRNA. Występowanie wielu innych modyfikacji nie zostało jednak potwierdzone w małych RNA. Nie jest również jasne jaka jest rola poszczególnych modyfikacji w małych RNA.

Nasza hipoteza zakłada, że modyfikacje małych RNA są istotne dla ich transportu między kompartmentami komórkowymi lub nawet poza komórkę. Przypuszczamy również, że w zależności od modyfikacji miRNA mogą mieć inną ścieżkę działania. W celu potwierdzenia naszych założeń zamierzamy skorzystać zarówno z technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania jak i nowoczesnych i precyzyjnych technik identyfikacji czynników zaangażowanych w modyfikację RNA.

Efektem przeprowadzonych badań będzie znaczne poszerzenie wiedzy na temat powstawania i działania małych RNA u *Arabidopsis* jak również wątrobowców i roślin jednoliściennych