

U1 to cząstka zbudowana z krótkiego kwasu nukleinowego (mały jądrowy RNA, ang. *short nuclear RNA*, snRNA), siedmiu białek zwanych Sm, występujących także w innych cząstkach, oraz trzech białek specyficznych dla tej rybonukleoproteiny (U1-70K, U1-C, U1-A). U1 należy do rodziny kompleksów rybonukleoproteinowych występujących w jądrze komórkowym, określanych jako snRNP (ang. *small nuclear ribonucleoproteins*). Pierwotne transkrypty genów kodujących białka (pre-mRNA) zbudowane są z odcinków kodujących - egzonów, poprzedzielanych sekwencjami niekodującymi - intronami. U1 snRNP bierze udział w procesie wycinania intronów z pre-mRNA, rozpoznając i wiążąc się do miejsca połączenia egzonu z intronem zwanego miejscem splicingowym 5' (5'ss). Wiązanie U1 snRNP do pre-mRNA możliwe jest dzięki komplementarności sekwencji U1 snRNA z miejscem 5'ss. Reakcja ta rozpoczyna proces wycinania intronów nazywany splicingiem. Oprócz U1, w splicingu pre-mRNA biorą udział jeszcze cztery inne snRNP, U2, U4, U5 i U6, które razem tworzą duży i niezwykle dynamiczny kompleks zwany spliceosomem, katalizujący reakcje wycinania intronów i połączenia sekwencji egzonowych w dojrzały mRNA. Udział U1 w splicingu jest dobrze poznany i określany jako tak zwana kanoniczna funkcja tego snRNP. Wiele lat temu zauważono jednak, że w jądrze komórkowym liczba U1 jest dużo większa niż pozostałych splicingowych snRNP, chociaż w spliceosomie wszystkie te rybonukleoproteiny występują tylko w jednej kopii. Sugerowało to, że U1 może pełnić jeszcze dodatkowe funkcje. Prace prowadzone na komórkach ludzkich pokazały, że U1, oprócz splicingu, jest odpowiedzialny za hamowanie przedwczesnej, nieprawidłowej poliadenylacji transkryptu, czyli tak zwany teleskrypting. Wykazano także, że U1 bierze udział w wyborze miejsc poliadenylacji na końcu transkryptu, a także reguluje asocjację długich niekodujących RNA (ang. *long non-coding RNA*, lncRNA) z chromatyną. Pokazano również, że U1 bierze również udział w regulacji tempa poruszania się Pol II w trakcie transkrypcji. Te dodatkowe funkcje U1 znane są jako niekanoniczne funkcje U1, a nasza wiedza na temat mechanizmów wyjaśniających udział U1 w tych procesach jest prawie zerowa. Dotyczy to przede wszystkim roślin, gdzie zaczynamy dopiero opisywać niekanoniczne funkcje U1. Dlatego dwa laboratoria, jedno kierowane przez dr hab. Szymona Świeżewskiego z Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie, drugie pod kierownictwem prof. dr hab. Artura Jarzomowskiego z Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, połączyły siły i postanowiły poszukać wspólnego mechanizmu niekanonicznych funkcji U1. Projekt dotyczy wybranych niekanonicznych funkcji U1 u roślin, czyli: (i) zależnych i niezależnych od splicingu funkcji U1 snRNP w terminacji transkrypcji i poliadenylacji, (ii) roli U1 w kotranskrypcyjnej kontroli jakości RNA w jądrze komórkowym, (iii) zależności tempa elongacji transkrypcji od U1 snRNP. Postawiliśmy hipotezę, że wszystkie lub przynajmniej większość niekanonicznych funkcji U1 może być wyjaśniona przez wpływ tego snRNP na kinetykę syntezy RNA przez Pol II. Chcemy zaproponować wspólny model niekanonicznych funkcji U1 snRNP. Projekt oparty jest na wynikach wstępnych uzyskanych w obu laboratoriach, a także ekspertyzie tych zespołów w zakresie RNA (laboratorium w Poznaniu) i biologii nasion (grupa warszawska). Warto zwrócić uwagę, że wyniki projektu mają charakter ogólny, nie opisują tylko procesów zachodzących tylko w komórkach roślinnych, ale odnoszą się do wszystkich komórek eukariotycznych.

---