

Cząsteczki tRNA występują we wszystkich komórkach żywych organizmów. Są odpowiedzialne za odczytywanie instrukcji na temat budowy danego białka zakodowanej w cząsteczce informacyjnego RNA (mRNA) i dostarczanie “cegiełek” służących do budowy tego białka (aminokwasów) do komórkowej fabryki białek (rybosomu). Żeby funkcjonować właściwie cząsteczki tRNA przechodzą skomplikowany proces dojrzewania, obejmujący także chemiczne modyfikacje nukleotydów. Powoduje to stabilizację cząsteczek tRNA, optymalizację ich funkcji oraz zwiększa możliwości odczytywania kodu zapisanego w mRNA. Dojrzała cząsteczka tRNA przyłącza i transportuje specyficzny aminokwas. Do tej pory nie wiemy jak zmiany modyfikacji tRNA w różnych chorobach, np. nowotworach wpływają na regulację i specyficzność przyłączania aminokwasów.

Żeby odpowiedzieć na to pytanie stworzyliśmy **aa-tRNA-seq** - metodę badawczą opartą o sekwencjonowanie nanopore i zaawansowane algorytmy sztucznej inteligencji. Metoda ta pozwala na analizę zarówno modyfikacji jak i przyłączonego aminokwasu na poziomie pojedynczej cząsteczki tRNA. Mając takie narzędzie chcemy sprawdzić jak modyfikacje tRNA i zmiany w przyłączaniu specyficznych aminokwasów wpływają na produkcję białek w komórkach nowotworowych. Naszym modelem badawczym będą linie komórkowe nowotworu piersi. Zmiany w produkcji białek, powodowane zmianami na poziomie tRNA mogą wpływać na szybkość wzrostu czy przerzutowanie nowotworu. Dlatego też mogą stanowić atrakcyjny cel dla nowych terapii.