



## „Bioinformatyczna analiza genów mikroRNA potencjalnie wpływających na gospodarkę lipidową”

**Paulina Paczyńska**

**Stypendystka projektu pt. „Wsparcie stypendialne dla doktorantów na kierunkach uznanych za strategiczne z punktu widzenia rozwoju Wielkopolski”, Poddziałanie 8.2.2 Programu Operacyjnego Kapitał Ludzki**

Praca doktorska koncentruje się na badaniu mikroRNA (miRNA) - małych cząsteczkach RNA o długości ok. 22 nukleotydów, które pełnią istotną rolę w regulacji ekspresji wielu genów. Wiadomo, że miRNA mogą prowadzić do degradacji transkryptu lub zahamowania translacji. Jest to nowy obszar badań, a duże zainteresowanie skutkuje stosunkowo szeroką wiedzą na temat miRNA człowieka. W przeciwieństwie do człowieka, świnia jest gatunkiem o którego genomie niewiele wiadomo. Dlatego też praca będzie skupiać się na wzbogaceniu wiedzy na temat miRNA u świni. Świnia jest gatunkiem modelowym do badań chorób człowieka, w tym otyłości. Dlatego wiedza na temat genomu świni jest istotna także do wyjaśnienia genetycznego podłoża wielu schorzeń u człowieka. Metabolizm tłuszczów może być regulowany przez miRNA poprzez regulację translacji genów kodujących białka o dużym znaczeniu dla kształtowania cech otyłości.

Praca polegać będzie na analizie bioinformatycznej genów kodujących miRNA i sekwencji przez nie regulowanych. Celem pracy będzie opis lokalizacji genów miRNA, ich podobieństwa międzygatunkowego, identyfikacja sygnałów regulatorowych oraz predykcja sekwencji docelowych, ze szczególnym uwzględnieniem genów mających wpływ na gospodarkę metaboliczną. Cele mają charakter poznawczy i w istotny sposób wpłyną na aktualny stan wiedzy na temat miRNA w genomie świni i w kontekście porównania międzygatunkowego. Dodatkowo informacje te przełożą się na wydajne zaplanowanie prac molekularnych. Analiza bioinformatyczna wykorzysta zarówno dostępne algorytmy, jak i komputerowe programy własne utworzone na potrzeby pracy doktorskiej. Aplikacje będą napisane w języku programowania Perl i będą wykorzystywały wiedzę zawartą w bazach danych m.in. miRBase, Ensembl, NCBI.

Całość badań przyczyni się do poznania mechanizmów regulacji ekspresji genów zaangażowanych w kontrolę gospodarki metabolicznej. Wiadomo bowiem, że aspekt otyłości świni jest ważny zarówno ze względów na walory dietetyczne – smakowe

mięsa wieprzowego, jak i na fakt, że świnia jest ważnym gatunkiem modelowym dla badania chorób człowieka, w tym otyłości i zespołu metabolicznego. Otyłość człowieka to poważna choroba cywilizacyjna, priorytetem jest więc dołożenie starań, by rozwikłać podstawy genetyczne tego zaburzenia, co pomogłoby opracować odpowiednią terapię genową. Wiadomo, że etiologia otyłości jest złożona – zależy od środowiska i od czynników genetycznych. Odnalezienie klucza wyjaśniającego złożony model uwarunkowania genetycznego otyłości, może zależeć od poznania mechanizmów regulacji ekspresji genów, w tym kontroli z udziałem miRNA. Praca może mieć przełożenie na stan zdrowia ludzi i poprawienie ich komfortu życiowego.

Badania mogą wpłynąć również na środowiskowe aspekty otyłości, poprzez wpływ na otluszczenie świń. Poznanie związku miRNA z odkładaniem tkanki tłuszczowej świń, z zawartością kwasów tłuszczowych nasyconych i nienasyconych, z zawartością cholesterolu może mieć przełożenie nie tylko na badania człowieka, ale też na jakość mięsa wieprzowego. Jakość mięsa obejmuje parametry kulinarne (smakowitość, soczystość) oraz dietetyczne. W spożyciu mięsa w Wielkopolsce przoduje wieprzowina. Wielkopolska jest również największym zagłębieniem hodowli trzody chlewnej w kraju. Z tego powodu badania, które mogą potencjalnie wpłynąć na jakość mięsa wieprzowego i potencjał eksportowy, powinny być istotne dla województwa wielkopolskiego.

Praca wzbogaci aktualny stan wiedzy na temat genomu świni. Wpłynie również na dokładniejsze poznanie i częściowe rozwikłanie skomplikowanej interakcji miRNA-mRNA. Dzięki wykorzystaniu nowego nurtu badawczego jakim jest kontrola ekspresji przez miRNA oraz nowatorskiego podejścia, czyli analizy bioinformatycznej sekwencji genów miRNA i sekwencji genów docelowych, praca ta ma istotne znaczenie dla województwa wielkopolskiego, jako regionu atrakcyjnego dla badaczy, inwestującego w rozwój nauki i innowacyjne technologie.