

Dlaczego warto zajrzeć do „magazynu” mRNA?

Każda komórka roślinna produkuje tysiące kopii mRNA – cząsteczek, które przenoszą informację genetyczną z jądra do cytoplazmy, gdzie powstają białka. Jeszcze niedawno sądzono, że ten eksport jest szybki i niemal niepodlegający regulacji. Okazało się jednak, że komórki potrafią zatrzymać część dojrzałych mRNA lub niedojrzałych pre-mRNA w jądrze, tworząc swoisty „bufor bezpieczeństwa”. Gdy nadchodzi moment intensywnego zapotrzebowania na białka – np. w trakcie rozwoju lub pod wpływem stresu – uśpione cząsteczki są masowo uwalniane i błyskawicznie trafiają na rybosomy.

Labolatorium w zwolnionym tempie

Najlepszym naturalnym modelem do badania tego zjawiska są mikrosporocyty modrzewia europejskiego. Ich mejoza trwa pięć miesięcy – to tak, jakbyśmy oglądali film poklatkowy w bardzo wolnym tempie. Dzięki temu naukowcy mogą zebrać jednorodne populacje komórek na każdym etapie cyklu i precyzyjnie śledzić losy cząsteczek RNA.

Rola ciał Cajala

Do 41 % jądrowego mRNA gromadzi się w ciałach Cajala – mikroskopijnych, pozbawionych błony kroplach białkowo-RNA. Projekt ma wyjaśnić, które „znaczniki” na cząsteczce mRNA kierują ją do ciała, jakie białka-„strażnicy” blokują eksport oraz jak zmieniają się właściwości fizyczne samego kondensatu. Kluczowe pytanie brzmi: czy mRNA „z magazynu” naprawdę trafia na rybosomy szybciej niż to, które opuszcza jądro na bieżąco?

Jak to zbadamy?

- **Transkryptomika z dokładnością do pojedynczej cząsteczki** – sekwencjonowanie bezpośrednie Nanopore i 100-kanałowa MERFISH pokażą, które transkrypty są zatrzymywane.
- **Mapa interakcji RNA-białko** – iCLIP i precyzyjna proteomika DIA-PASEF wskażą co najmniej 15 białkowych „bramek”.
- **Fizyka kondensatów** – super-rozdzielcza mikroskopia STED-Timebow i pomiary FRAP określą lepkość i „okna eksportowe” ciał Cajala.
- **Test funkcjonalny** – śledzenie nowo syntezowanych peptydów metodą SunTag pokaże, czy uwolnione mRNA daje przewagę czasową w translacji.

Co z tego wyniknie?

Powstanie pierwsza „mapa drogowa” magazynowania mRNA w roślinach: zestaw sekwencji sygnałowych, sieć białek bramkujących oraz parametry fizyczne kondensatu. Udostępnimy je publicznie w repozytorium *RetainPlant v1.0*, tworząc fundament do konstruowania upraw, które w razie suszy czy chłodu błyskawicznie uruchomią zapasowy zestaw transkryptów. Wiedza ta przybliży nas do zrozumienia, jak rośliny synchronizują produkcję białek z nagłymi zmianami środowiska – od poziomu pojedynczej cząsteczki aż po kondycję całego złożonego organizmu.