

JAK KOMÓRKI REAGUJĄ NA WARUNKI STRESOWE?

Komórki w stresie zmieniają swój metabolizm. Pewne geny są wyłączone, przez co zostaje zahamowana synteza niektórych białek. Jednocześnie mają miejsce sytuacje odwrotne – poprzez uruchomienie ekspresji niektórych genów, pewne określone białka zaczynają być produkowane. Regulacja tych procesów jest niezwykle złożona i wielopoziomowa, a nasza wiedza na jej temat jest fragmentaryczna. Mechanizmom regulacyjnym, które odpowiadają za przeprogramowanie ekspresji genów w komórkach narażonych na niekorzystne sygnały środowiskowe, kompleksowo przygląda się prof. dr hab. Joanna Kufel z Instytutu Genetyki i Biotechnologii Uniwersytetu Warszawskiego, laureatka programu TEAM Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (konkurs 5/2017).



Stres komórkowy to stan, w którym na komórkę oddziałują różne niekorzystne czynniki np.: wolne rodniki, promieniowanie, patogeny, obecność toksycznych substancji czy niedobór składników odżywczych. W takiej sytuacji komórka albo ulega śmierci albo uruchamia ciąg wewnętrznych procesów, których efektem jest adaptacja do nowych warunków. Oznacza to gruntowne zmiany w profilu ekspresji genów, począwszy od modyfikacji na etapie przepisywania informacji genetycznej z DNA na RNA, czyli transkrypcji, poprzez zmieniony eksport i dojrzewanie RNA, a skończywszy na przeprogramowanej syntezie białek czyli translacji.

„Głównym celem naszych badań jest ustalenie powiązań pomiędzy mechanizmami regulacyjnymi, które sterują reorganizacją ekspresji genów podczas reakcji na stres. Koordynacja zachodzących przemian wymaga ścisłej współzależności między różnymi ścieżkami i kolejnymi etapami, co wyraża się we wspólnej sieci oddziaływań i wzajemnej

kooperacji między cząsteczkami RNA i białkami. Innowacyjny charakter naszego projektu polega na wszechstronnym i kompleksowym podejściu do badanych zagadnień oraz zastosowaniu najnowszych technik biologii molekularnej i biochemii do ich analizy. W celu powiązania ze sobą badanych ścieżek

regulatorowych, zamierzamy wykorzystać m.in. wysokoprzepustowe sekwencjonowanie RNA, profilowanie rybosomów oraz identyfikację związanych ze stresem krótkich peptydów na skalę genomową. Badania te będziemy prowadzić z wykorzystaniem modelowego organizmu eukariotycznego, czyli drożdży piekarskich. Otrzymane znaczne ilości danych będziemy udostępniać w otwartych bazach danych innym grupom badawczym do dalszych analiz” – mówi prof. Joanna Kufel.

Potencjalnie dane te mogą okazać się przydatne przy opracowywaniu nowych leków: przeciwnowotworowych, leczących choroby neurodegeneracyjne i autoimmunologiczne czy przeciwdziałających zaburzeniom rozwojowym. Wiadomo bowiem, że przy powstawaniu tych patologii istotne znaczenie mają dysfunkcje ścieżek regulujących odpowiedź komórek na stres.

Prof. dr hab. Joanna Kufel obroniła pracę magisterską z zakresu biofizyki na Wydziale Fizyki Uniwersytetu Warszawskiego oraz mikrobiologii farmaceutycznej na Warszawskim Uniwersytecie Medycznym. Następnie uzyskała doktorat w Katedrze Mikrobiologii Centrum Biomedycznego Uniwersytetu w Uppsali w Szwecji, po czym przez kilka lat pracowała naukowo w Instytucie Biologii Komórkowej i Molekularnej Uniwersytetu w Edynburgu w Szkocji (dzięki stypendium EMBO oraz grantowi otrzymanemu w projekcie Wellcome Trust). Od 2003 roku jest zatrudniona w Instytucie Genetyki i Biotechnologii Uniwersytetu Warszawskiego.

Program TEAM jest realizowany przez Fundację na rzecz Nauki Polskiej ze środków UE pochodzących z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój, oś IV: Zwiększenie potencjału naukowo-badawczego, Działanie 4.4 Zwiększanie potencjału kadrowego sektora B+R.

Na zdjęciu: dr hab. Joanna Kufel, fot. Grzegorz Krzyżewski