

Biogeneza i funkcja cząsteczek pochodzących z tRNA *Arabidopsis thaliana*.

Przedmiotem niniejszej pracy są niskocząsteczkowe RNA, pochodzące z tRNA *Arabidopsis thaliana* (*tRFs*), które pełnią funkcję regulatorowe na poziomie transkrypcji i translacji. Większość dotychczasowych badań dotyczących cząsteczek tRF skupia się na ssakach i drożdżach, dlatego brakuje informacji o roślinnych fragmentach, zwłaszcza w zakresie ich biogenezy i potencjału wiązania transkryptów.

Celem tej pracy jest identyfikacja cząsteczek tRF *Arabidopsis thaliana*, stworzenie bazy danych tych fragmentów oraz rozpoznanie enzymów i czynników odpowiadających za ich powstawanie, wraz z przewidywaniem sekwencji docelowych.

Analizy zostały przeprowadzone na własnych i publicznie dostępnych próbach z sekwencjonowania małych RNA (sRNA-Seq) w mutantach szlaków biogenezy i dojrzewania różnych niskocząsteczkowych RNA i tRNA oraz abiotycznych stresach *A. thaliana*.

Doświadczenia wykonano wykorzystując własne metody obliczeniowe napisane w językach programowania Python i R, wraz z wykorzystaniem dostępnych narzędzi bioinformatycznych.

W wyniku przeprowadzonych analiz zidentyfikowano sekwencje tRF z trzystu prób pochodzących z różnych tkanek, genotypów, stresów oraz stadiów rozwoju *Arabidopsis*. Uzyskane fragmenty zdeponowano w publicznie dostępnej bazie danych tRex (www.combio.pl/trex) wyposażonej w narzędzia do badania cząsteczek w kontekście struktury i przewidywanych modyfikacji tRNA oraz potencjalnych sekwencji, z którymi fragment może oddziaływać. Ponadto, scharakteryzowano grupy enzymów zaangażowanych w biogenezę sekwencji tRF, zwłaszcza rolę białek RNS2, HYL1 oraz DCL2/RDR6/ RDR3b. Jednocześnie wykazano prawdopodobny udział modyfikacji i struktury drugorzędowej tRNA w powstawaniu cząsteczek tRF. Dodatkowo sprawdzono wpływ zmiennych warunków środowiskowych i pokazano, iż nadmierne zasolenie oraz susza wywołują znaczące różnice w poziomie badanych sekwencji.