

Załącznik
do Komunikatu Dziekana w sprawie dodatkowej rekrutacji na studia doktoranckie
w ramach międzynarodowego programu KNOW „Poznańskie Konsorcjum RNA”
na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

**Projekt rozprawy doktorskiej
planowanej do realizacji w ramach międzynarodowego programu studiów
doktoranckich KNOW „Poznańskie Konsorcjum RNA” w latach 2015-2018
na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu**

1. **Wnioskodawca** (kierownik projektu): Wojciech Karłowski
2. **Tytuł projektu**: Identification of tRNA and tRNA-like encoding genes
3. **Dyscyplina naukowa** (właściwą podkreślić): biologia, biochemia, biotechnologia
4. **Krótki opis projektu w j. angielskim** (maksymalnie 1 strona; Autorzy zakwalifikowanych projektów zostaną poproszeni o przygotowanie streszczeń w j. angielskim oraz j. polskim, które zostaną zamieszczone na stronie internetowej Wydziału Biologii):

In recent years new functions associated with tRNA molecules have been recognized that are independent of their role as carriers of amino acids and decoding factors in the process of protein biosynthesis. Hydrolysis of tRNAs within the anticodon loop induced by stress conditions or viral infections is a source of tRNA halves. Another class of tRNA-derived short RNAs (5'- and 3'- tRFs) generated by cleavages within loops D and T comprises tRNA fragments corresponding to the 5'- and 3'- terminal sequences of mature tRNAs, respectively. There is a growing body of evidence that these RNAs are not products of random tRNA degradation, but instead play biological functions as post-transcriptional regulators of gene expression. The association of certain tRFs with proteins involved in microRNA- and siRNA-dependent gene silencing suggests that there exists a link between these classes of non-coding RNAs.

On the other hand, in genomic DNA, there are regions resembling tRNA-encoding genes either in their ability to adopt a tRNA-like secondary structure and/or the presence of RNA polymerase III type II promoters. Such tRNA-like structures in viral genomes were shown to affect RNA's stability, translation, replication and genome encapsulation.

The aim of the project is an identification of genomic sequences possessing certain tRNA-like features in the available genomes of prokaryotic, eukaryotic and viral origin. Such regions could be a source of transcripts whose expression and/or processing depends on components of tRNA-biogenesis pathways including RNA polymerase III and enzymes involved in tRNA maturation. The project will include four major research tasks:

- Identification of type II RNA polymerase III promoters consisting of correctly spaced Box A and Box B elements that are not associated with the *bona fide* tRNA genes.
- Identification of regions capable of folding into structures similar to entire tRNA or mimicking parts of the tRNA.
- Identification of tRNA genes or tRNA-like elements overlapping RNA polymerase II-dependent genes (encoding proteins or long non-coding RNAs).
- Analysis of evolution and conservation patterns of tRNA-like elements in eukaryotic and prokaryotic genomes.

5. Źródła finansowania badań w ramach proponowanego projektu rozprawy doktorskiej (wskazać źródło finansowania, okres i miejsce realizacji, charakter udziału w projekcie oraz budżet projektu):

Grant NCN 2011/03/B/NZ2/01416, 2011-2015 UAM, kierownik projektu, budżet 580 300 PLN

Badania statutowe, Wydział Biologii UAM

6. Lista najlepszych publikacji kierownika projektu z ostatnich 5 lat (5 publikacji wraz ze wskaźnikiem oddziaływania i liczbą cytowań).

1: Zielezinski A, Karlowski WM. Integrative data analysis indicates an intrinsic disordered domain character of Argonaute-binding motifs. *Bioinformatics*. 2014 Oct 9. pii: btu666. [Epub ahead of print]. (5-yr IF=6.968; CN=0)

2: Pontier D, Picart C, Roudier F, Garcia D, Lahmy S, Azevedo J, Alart E, Laudie M, Karlowski WM, Cooke R, Colot V, Voinnet O, Lagrange T. NERD, a plant-specific GW protein, defines an additional RNAi-dependent chromatin-based pathway in *Arabidopsis*. *Mol Cell*. 2012 Oct 12;48(1):121-32. (IF=15.324; CN=19)

3: Bielewicz D, Dolata J, Zielezinski A, Alaba S, Szarzynska B, Szczesniak MW, Jarmolowski A, Szweykowska-Kulinska Z, Karlowski WM. mirEX: a platform for comparative exploration of plant pri-miRNA expression data. *Nucleic Acids Res*. 2012 Jan;40(Database issue):D191-7. (5-yr IF=8.378; CN=7)

4: Zielezinski A, Karlowski WM. Agos--a universal web tool for GW Argonaute-binding domain prediction. *Bioinformatics*. 2011 May 1;27(9):1318-9. (IF=6.968; CN=2)

5: Karlowski WM, Zielezinski A, Carrère J, Pontier D, Lagrange T, Cooke R. Genome-wide computational identification of WG/GW Argonaute-binding proteins in *Arabidopsis*. *Nucleic Acids Res*. 2010 Jul;38(13):4231-45. (5-yr IF=8.378; CN=22)

7. Oświadczenie kierownika

- a) Wyrażam zgodę na zamieszczenie moich danych osobowych wymienionych we wniosku oraz streszczenia niniejszego projektu na stronie internetowej Wydziału Biologii.
- b) Oświadczam, że powyższe informacje są prawdziwe, kompletne, rzetelne oraz zostały przekazane zgodnie z moją najlepszą wiedzą i przy zachowaniu należytej staranności.

Miejscowość i data

podpis kierownika projektu

Poznań 14.12.2014