

Nukleorūgštis modifikuojančių fermentų taikymas biomolekulių modifikacijų ir reguliacijos tinklų tyrimams

Dauguma biologinių makromolekulių, įskaitant DNR ir RNR, yra natūraliai modifikuojamos fermentų, taip žymiai praplečiant ląstelėse užkoduotos informacijos apimtį. Papildomi kovalentiniai žymenys sukuria sudėtingus genų raiškos reguliavimo sluoksnius, moduluojančius transkripciją, makromolekulinį stabilumą, translacijos procesus ir kitas organizmo ląstelių funkcijas. Iki šiol įvairiuose prokariotinių ir eukariotinių ląstelių RNR tipuose bei DNR nustatyta daugiau kaip 160 chemiškai skirtingų vidinių arba 5'- ir 3'- galo kovalentinių modifikacijų. Vis dėlto, daugelio šių modifikacijų ląstelinis profilis ir biologinis vaidmuo vis dar lieka neaiškus, todėl akivaizdu, kad nukleorūgščių modifikacijoms analizuoti būtini nauji ir efektyvūs įrankiai. Projekto tikslas – sukurti ir tobulinti naujas nukleorūgščių žymėjimo technologijas, turinčias didelį potencialą pažangai epitranskriptomikos/epigenomikos tyrimų srityje bei tiriant tikslių baltymų sąveikos tinklus ląstelėse.

Application of nucleic acid-modifying enzymes in profiling biomolecule modifications and regulatory networks

The majority of biological macromolecules, including DNA and RNA, undergo natural enzymatic modifications that significantly expand the complexity of cellular information. These additional covalent marks introduce intricate layers of gene expression regulation, modulating transcription, macromolecular stability, translational processes, and other cellular functions within the organism. To date, more than 160 chemically distinct internal and 5'- or 3'-end covalent modifications have been identified in various RNA species, as well as in DNA from prokaryotic and eukaryotic cells. However, the cellular profile and biological roles of many of these modifications still remain unclear, highlighting the need for new tools to analyse nucleic acid modifications. The project aims to design and optimize new technologies for nucleic acid labelling, with broad potential to advance epitranscriptomic/epigenomic studies, as well as to investigate cellular interactome networks of targeted proteins.

Mokslinis vadovas / supervisor: Giedrius Vilkaitis