

## 24. COROCZNE SPOTKANIE TOWARZYSTWA RNA – KRAKÓW, 11-16 CZERWCA 2019

### 24TH ANNUAL MEETING OF THE RNA SOCIETY

mgr inż. Mateusz Mielczarek  
dr hab. Krzysztof Treder  
IHAR-PIB Oddział w Boninie  
Pracownia Diagnostyki Moleku-  
larnej i Biochemii  
e-mail: [m.mielczarek@ihar.edu.pl](mailto:m.mielczarek@ihar.edu.pl)



#### Streszczenie

Spotkanie było w dziedzinie nauk biologicznych jedną z najważniejszych konferencji naukowych w Polsce i na świecie. Zaprezentowano najnowsze wyniki badań nad biologią molekularną RNA, prowadzonych przez najlepsze zespoły naukowe na świecie, wpływające także na rolnictwo, oraz nakreślono kierunki, w jakich będzie rozwijała się ta dziedzina nauki. Wyniki badań nad różnymi RNA roślin mają kluczowe znaczenie dla rozwoju nowoczesnego rolnictwa. Zrozumienie, w jaki sposób nawet pojedyncze mutacje w sekwencji RNA czy poziom produkcji poszczególnych klas RNA wpływają na rośliny uprawne, umożliwi świadome sterowanie tymi procesami. Możliwość celowej regulacji stężenia

klas RNA, ich represji lub indukcji pozwoli na zwiększanie plonu oraz odporności roślin uprawnych na stresy wywoływane przez środowisko i patogeny bez konieczności wprowadzania bezpośrednich modyfikacji genetycznych w genomy roślin. Osiąganie tych samych efektów, które umożliwiają rośliny GMO, bez ich tworzenia, będzie akceptowalne społecznie i może stać się ważnym narzędziem w utrzymaniu bezpieczeństwa żywnościowego w obliczu zachodzących zmian klimatu.

**Słowa kluczowe:** dojrzewanie RNA, edycja RNA, ekspresja, transkrypcja, translacja

### Abstract

*This meeting was one of the most important scientific conferences in Poland and the world in the field of biological sciences. The best scientific teams presented the latest results of research conducted in the world on RNA molecular biology, which also affects agriculture. Also, the most prominent scientists outlined the directions in which this field of science will develop. The results of research on various RNA species in plants are crucial for the development of modern agriculture. Understanding how even single mutations in the RNA sequence or the level of production of individual RNA classes affect crops will facilitate conscious control of these processes. The possibility of deliberate regulation of the concentration of different RNA classes, their repression or induction will increase the yield and resistance of crop plants to stress caused by the environment and pathogens without the need to introduce direct genetic modifications in the genomes of plants. Achieving the same effects that allow GMO plants, without creating them, will be socially acceptable and can become an essential tool in maintaining food security in the face of climate change.*

**Keywords:** expression, RNA editing, RNA maturation, transcription, translation

Ci roczne spotkanie Towarzystwa RNA jest jednym z najważniejszych tego typu wydarzeń na świecie. Biorąc w nim udział najbardziej znani i cenieni naukowcy zajmujący się zagadnieniami związanymi z RNA (ang. ribonucleic acid – kwas rybonukleinowy) z całego globu. Konferencja odbyła się w największym centrum konferencyjnym w Krakowie – ICE. Biorąc pod uwagę, że Towarzystwo RNA – z nielicznymi wyjątkami – organizuje swoje spotkania głównie w Stanach Zjednoczonych Ameryki, było to wyjątkowe wyróżnienie dla Polski i Krakowa. W konferencji wzięło udział ok. 1500 osób, od doktorantów po laureatów Nagrody Nobla. Wykłady, sesje dyskusyjne, sesje posterowe oraz rozmowy w kularach służyły wymianie doświadczeń, poglądów dotyczących rozwoju nauki, a także nawiązywaniu kontaktów, które mogą zaowocować w przyszłości współpracą naukową.

Konferencja została podzielona na 4 główne sesje:

- Mechanizmy składania RNA
  - Regulacyjne RNA i RNP
  - Mechanizmy translacji
  - Modyfikacje i edycja RNA
- a także 10 sesji wspóltowarzyszących:
- Regulacja łączenia mRNA
  - Transport i lokalizacja RNA
  - Synteza i przetwarzanie RNA
  - RNA w chorobach i terapii

- Niekodujące RNA
- Regulacja translacji
- Połączone procesy RNA
- Kataliza, składanie i struktura RNA
- Obrót RNA
- Nowe trendy i technologie badawcze

Jeden z ciekawszych wykładów dotyczących roślin zaprezentował Arantx M. L. Rojas z Instytutu Biologii Molekularnej i Komórkowej w Rosario (Argentyna). Dotyczył on znaczenia sekwencji pierwotnej w przetwarzaniu miRNA roślin. miRNA to małe RNA kodowane w genomach roślin i zwierząt. Mają one wpływ na regulację genów odpowiedzialnych za m.in. rozwój, sygnalizację hormonalną oraz reakcję na stres u roślin. Jedną z tych cząsteczek – miR172 – reguluje czas kwitnienia i wzornictwo kwiatów. Jeżeli dojdzie do nadmiernej jej produkcji, to powstają rośliny wczesnego kwitnienia z wadami kwiatowymi (Rojas i in. 2019). Interesująca była również prezentacja Anny Barczak-Brzyzek ze Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Uczona ta wykazała, że brak albo nadwyżka światła wpływa na produkcję miRNA, którego ilość powoduje zmiany w rozwoju roślin (Barczak-Brzyzek i in. 2019).

Kolejnym interesującym wystąpieniem była prezentacja Shiy Kumar Meena z Instytutu Leibniza – Biochemii Roślin w Halle (Niemcy). W roślinach inna klasa RNA – lncRNA –

odpowiedzialna jest za wiele procesów biologicznych w czasie kwitnienia, regulacji kiełkowania, rozwoju korzeni i hormonów oraz reakcji na stres. Udowodniono, że mutacja dwóch badanych podtypów lncRNA wpływa na wielkość liści roślin (Meena i in. 2019). Jiangming Mao z Uniwersytetu ABLife w Wuhan (Chiny) przedstawiła wyniki sugerujące, że lncRNA mogą odgrywać znaczącą rolę w odpowiedzi na patogenne zakażenia grzybicze oraz odporność na choroby (Mao i in. 2019).

Z badań Lien Brzeźniak z Instytutu Biochemii i Biofizyki w Warszawie dowiedzieliśmy się, że rośliny dzięki odpowiednim genom mogą „zapamiętywać” przeżyty stres, aby podczas kolejnego takiego zdarzenia móc szybciej na niego reagować. Są to tak zwane geny „możliwe do trenowania”. Wyniki tych badań mogą mieć bezpośrednie przełożenie na praktykę rolniczą (Brzeźniak i in. 2019).

Selma Gago-Zachert z Uniwersytetu Martina Luthera w Halle-Wittenberg (Niemcy) przedstawiła badania dotyczące mechanizmu wyciszania RNA podczas infekcji wirusowych u roślin. Wytwarzane przez roślinę esiRNA, lecz nie wszystkie, są aktywne w walce z infekcją. W wyniku badań opracowano szybki test pozwalający zidentyfikować esiRNA przydatne do walki z infekcją. Testy te mogą w przyszłości być bardzo przydatne do opracowania środków ochrony roślin i upraw opartych na wyciszaniu RNA przeciwko wirusom, a także innym patogenom (Gago-Zachert i in. 2019).

Na jednej z dwóch sesji posterowych zaprezentował się oddział Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowego Instytutu Badawczego w Boninie. Mgr inż. Mateusz Mielczarek przedstawił wyniki dotyczące przemieszczania się i akumulacji wirusa Y ziemniaka w zainfekowanych roślinach (Mielczarek i in. 2019), a dr hab. Krzysztof Treder – wyniki badań dotyczących chromatografii jonowymiennej i filtracji żelowej jako narzędzi do badania wirusów RNA roślin (Treder i in. 2019). Badania te mogą w przyszłości pozwolić na lepsze poznanie wirusów ziemniaka oraz ich zachowania w roślinie, co może przyczynić się do opracowania nowoczesnych testów umożliwiających ich wykrycie. Byłyby to przydatne narzędzia służące

do eliminowania tych wirusów na etapie produkcji nasiennej oraz wykrywania ich w materiale zebrany z pola.

Warto również podkreślić obecność na konferencji Toma Cecha z Uniwersytetu Colorado (USA), gdyż naukowcy takiego formatu rzadko pojawiają się w Polsce. Tom Cech w 1989 r. otrzymał Nagrodę Nobla (wraz z Sidneyem Altmanem, który prowadził swoje badania niezależnie) w dziedzinie chemii za odkrycie własności katalitycznych RNA. Ich badania udowodniły, że RNA może pełnić funkcję enzymu, ułatwiając przebieg istotnych dla życia wewnątrzkomórkowych reakcji chemicznych.

Kolejnym znakomitym naukowcem, którego nie sposób pominąć, jest Adrian Krainer z Laboratorium w Cold Spring Harbor (USA). W 2019 r. otrzymał on nagrodę za przełomowe badania w dziedzinie nauk przyrodniczych. Praca Adriana Krainera polegała na opracowaniu nowej terapii SMA (ang. spinal muscular atrophy – rdzeniowy zanik mięśni), opartej na procesie biologicznym zwanym łączeniem RNA. SMA jest powodowany przez wadliwy gen Survival of Motor Neuron (SMN1), który wytwarza białko kluczowe dla neuronów ruchowych, komórek nerwowych kontrolujących mięśnie. Korzystając ze swojej wiedzy na temat łączenia RNA, Krainer i jego koledzy opracowali sposób aktywacji mniej potężnego, ale podobnego genu zwanego SMN2, tak aby wytwarzał więcej tego kluczowego białka. Uzyskany lek, nusinersen (Spinraza®), który jest pierwszym sposobem leczenia zaburzenia genetycznego zwanego zanikiem mięśni kręgosłupa, został pomyślnie przetestowany, co zaowocowało jego wprowadzeniem do użytku. Odkrycie dokonane przez Adriana Krainera otwiera nowe możliwości opracowywania leków oraz terapii na inne choroby. Dotyczy to także roślin, gdyż możliwe, że w przyszłości podobna metoda pozwoli walczyć z wirusami oraz patogenami roślin, w tym ziemniaka.

Powyżej przedstawieni, a także inni najbardziej doświadczeni naukowcy związani z badaniami nad RNA: Matthew Disney ze Scripps Research Institute, Gideon Dreyfuss z Uniwersytetu Pensylwania, Anastasia Khvorova z Uniwersytetu Medycznego Massachusetts, Anna Marie Pyle oraz Joan Steitz z Uniwersytetu Yale podczas panelu

dyskusyjnego przedstawili spostrzeżenia dotyczące przeszłości oraz perspektywy na przyszłość, jeśli chodzi o rozwój badań z użyciem RNA. Ogólny wniosek z dyskusji jest taki, że przyszłość, co jest bardzo prawdopodobne, przyniesie leki pozwalające zwalczyć nieuleczalne dotąd choroby. Dotyczy to także roślin, a co za tym idzie – również ziemniaków. Zrozumienie działania mechanizmów związanych z RNA może pozwolić na uodpornienie roślin na infekcje wirusowe, patogeny, a także różnego rodzaju stresy, np. suszę czy wysoką i niską temperaturę.

24. spotkanie Towarzystwa RNA w Krakowie było w dziedzinie nauk biologicznych jedną z najważniejszych konferencji naukowych w Polsce i na świecie. W trakcie spotkania prezentowano najnowsze wyniki badań prowadzonych przez najlepsze zespoły naukowe na świecie nad biologią molekularną RNA, wpływające także na rolnictwo, oraz nakreślono kierunki, w jakich będzie rozwijała się ta dziedzina nauki. Przedstawione wyniki badań nad różnymi RNA roślin mają kluczowe znaczenie dla rozwoju nowoczesnego rolnictwa. Zrozumienie, w jaki sposób nawet pojedyncze mutacje w sekwencji RNA czy poziom produkcji poszczególnych klas RNA wpływają na rośliny uprawne, umożliwi świadome sterowanie tymi procesami.

Możliwość celowej regulacji stężenia poszczególnych klas RNA, ich represji lub indukcji pozwoli na zwiększanie plonu oraz odporności roślin uprawnych na stresy wywołane przez środowisko, np. suszę (stresy abiotyczne) i patogeny (stresy biotyczne) bez konieczności wprowadzania bezpośrednich modyfikacji genetycznych w genomie roślin. Osiąganie tych samych efektów, które umożliwiają rośliny GMO, bez ich tworzenia, będzie akceptowalne społecznie i może stać się ważnym narzędziem w utrzymaniu bezpieczeństwa żywnościowego w obliczu zachodzących zmian klimatu.

Badania oraz udział w konferencji zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki z projektu Opus 11: „Dynamika transportu i replikacji najważniejszych szczepów wirusa Y ziemniaka w pierwotnie oraz wtórnie porażonych roślinach ziemniaka” oraz przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach badań realizowanych na rzecz postępu biologicznego (zadanie 58: „Opracowanie czułych metod wykrywania najważniejszych wirusów ziemniaka”).

#### Literatura

Konf. Nauk. „24th Annual Meeting of the RNA Society”. Kraków, 11-16 czerwca 2019:

1. Barczak-Brzyzek A., Gawronski P., Koter M., Filipecki M. 2019. Plastid retrograde control of miRNAs expression in response to light stress: poz. 176;
2. Brzeźniak L., Cepowska E., Jędrzejowska K., Świeżewski S. 2019. Induction kinetics of plant stress-related genes is related to their memory status under repeated drought conditions: poz. 215;
3. Gago-Zachert S., Schuck J., Weinholdt C., Knoblich M., Pantaleo V., Grosse I., Gursinsky T., Behrens S. E. 2019. Highly efficacious antiviral protection of plants by small interfering RNAs identified in vitro: poz. 851;
4. Mao J., Chen D., Qu Y., Yao Z., Zhang Y. 2019. The susceptibility of sea-island cotton recombinant inbred lines to *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* infection is characterized by altered expression of long noncoding RNAs: poz. 298;
5. Meena S. K., Jaber A., Engelmann S., Vries T. de, Behrens S. E., Abel S., Gago-Zachert S. 2019. Characterization of *Arabidopsis thaliana* UGT73C6 natural cis-antisense long non-coding RNAs and analysis of their role in leaf size modulation: poz. 97;
6. Mielczarek M., Pawłowska A., Treder K. 2019. Movement and accumulation of potato virus Y in infected plants: poz. 856;
7. Rojas A. M. L., Mateos J. L., Drusin S., Bologna N., Chorostecki U., Moro B., Bresso E. G., Schapire A., Moreno D., Rasia R. M., Palatnik J. F. 2019. Primary sequence relevance in plant microRNAs processing: poz. 34;
8. Treder K., Pawłowska A., Kaczmarek A., Mielczarek M. 2019. Ion exchange membrane chromatography and gel filtration as a tool to investigate plant RNA viruses: poz. 864

