

## **Téma: Role neproduktivního sestřihu RNA v genové expresi**

### **Anotace:**

RNA sestřih je důležitým krokem v úpravě pre-mRNA, kdy jsou z transkribované pre-mRNA odstraněny intronové segmenty a zbývající exony spojeny za vzniku zralé mRNA. V posledních letech bylo prokázáno, že kromě autentických míst mohou být v pre-mRNA přítomna další sestřihová místa, která nejsou využívána standardním způsobem, ale mohla by ovlivňovat sestřih RNA nepřímo. Tato místa tak pravděpodobně nejsou efektivně využívána pro sestřih, ale stále mohou být rozpoznávána, a/nebo ovlivňovat sestřih RNA a tím přispívat k celkové modulaci míry genové exprese. Cílem doktorské práce bude charakterizovat takovýto typ míst ať už přímo z kompletního transkriptomu, nebo nepřímo s využitím arteficiálních genových konstruktů, jejichž sekvence může být upravena za účelem podrobnějšího studia takovýchto sestřihových míst.

## **Topic: The role of non-productive RNA splicing in gene expression**

### **Abstract:**

RNA splicing is an important step in pre-mRNA processing, where introns are removed from the transcribed pre-mRNA and the remaining exons form mature mRNA. In recent years, it has been shown that in addition to authentic sites, other splice sites may be present in pre-mRNA and that these splice sites are not standard spliced but could influence RNA splicing indirectly. Although these sites are probably not efficiently used for splicing, may still be recognized and/or influence RNA splicing and thus contribute to the overall modulation of gene expression. The aim of PhD thesis will be to characterize such sites directly from the complete transcriptome or indirectly using artificial gene constructs whose sequence can be manipulated to study splicing mechanism in more detail.