

Kwas rybonukleinowy (RNA) występuje we wszystkich komórkach żywych. Każde z nas zapewne pamięta ze szkoły o typach RNA takich jak informacyjny RNA (mRNA), transferowy RNA (tRNA) i rybosomalny (rRNA) i to wszystko co powinien pamiętać! Jednak ten uproszczony obraz RNA został zaburzony przez odkrycie cząsteczek RNA, które potrafią przeprowadzać reakcje katalityczne, nazwane rybozymami. Za odkrycie rybozymów, Sidney Altman i Thomas Cech otrzymali Nagrodę Nobla w roku 1989.

Dziś wiemy, że RNA może nie tylko być pośrednikiem między DNA, a białkami, ale także może przeprowadzać reakcje katalityczne czy regulować całą paletę różnych procesów w komórkach, takich jak translacja, transkrypcja, ekspresja genów.

Wraz ze zrozumieniem funkcjonowania różnych typów RNA, rośnie potencjalne zastosowanie cząsteczek RNA w medycynie i biotechnologii, a także w naukach podstawowych. Rybozyme cząsteczki silyny są unikalnym cechem bakterii, dlatego stały się celem nowych terapii antybakteryjnych. Rybozyme cząsteczki fluorescencyjne z „wymennymi” domenami wiążącymi różne ligandy stały się ważnym narzędziem w nauce do monitorowania metabolitów w żywych komórkach, co może być rewolucyjnym miarodajnym odkryciem białka GFP (Nagroda Nobla w 2008). W medycynie mikroRNA wykorzystywane są w nowych terapiach, a w nauce, jako narzędzie do wyciszania genów. Naukowcy testują CRISPR-Cas9 - system obrony organizmów prokariotycznych przed wirusami - jako narzędzie do edycji genomów. Kolejne odkrycia wskazują na związek długich niekodujących RNA z nowotworami. Wiele niewiadomych związków jest z biologią RNA wirusów takich jak HIV, grypa. Funkcja nowo odkrytych kolistych RNA jest nieznana. RNA wydaje się także świetnym materiałem do tworzenia tzw. nanorobotów, cząsteczek RNA zaprojektowanych przez człowieka do pełnienia zadanych funkcji w organizmie (detekcja mikroRNA związanych z danymi chorobami, badanie poziomu metabolitów we krwi).

**Wiat RNA jest niezwykle interesujący i wykorzystanie wiedzy o RNA daje dużo możliwości. Jednak to wszystko nie jest możliwe bez poznania struktury przestrzennej tych cząsteczek. Proponowany projekt, może to poznawanie w znaczący sposób ułatwić.**

Aby poznać strukturę przestrzenną RNA, naukowcy mogą użyć technik do wiadczenia takich jak biokrytalografia czy spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego. Techniki do wiadczenia są jednak trudne, drogie i wymagają specjalistycznej aparatury. Alternatywą dla technik do wiadczenia są metody modelowania komputerowego. Metody komputerowe nie dają tak dokładnych wyników jak metody do wiadczenia, ale mogą być z sukcesem wykorzystane w badaniu struktury przestrzennej RNA. Metody te jednak nie zawsze dają zadowalające wyniki. W proponowanych badaniach chcemy wykorzystać obserwację, że różne cząsteczki RNA z tej samej rodziny związają się do tej samej struktury przestrzennej. Chcemy sprawdzić czy poprzez symulacje związania się RNA różnych sekwencji RNA tej samej rodziny możemy poprawić proces wyboru właściwej struktury dla danej sekwencji. Nasze badania wstępne wykazały, że proponowana metodologia, może być z sukcesem użyta do modelowania RNA. Postulujemy, że nowa metoda może znacząco poprawić proces modelowania, a tym samym stać się cennym narzędziem wykorzystywanym w badaniach zależności sekwencji – struktury – funkcji dla cząsteczek RNA i dzięki temu pomóc nam lepiej zrozumieć fascynujący świat RNA!