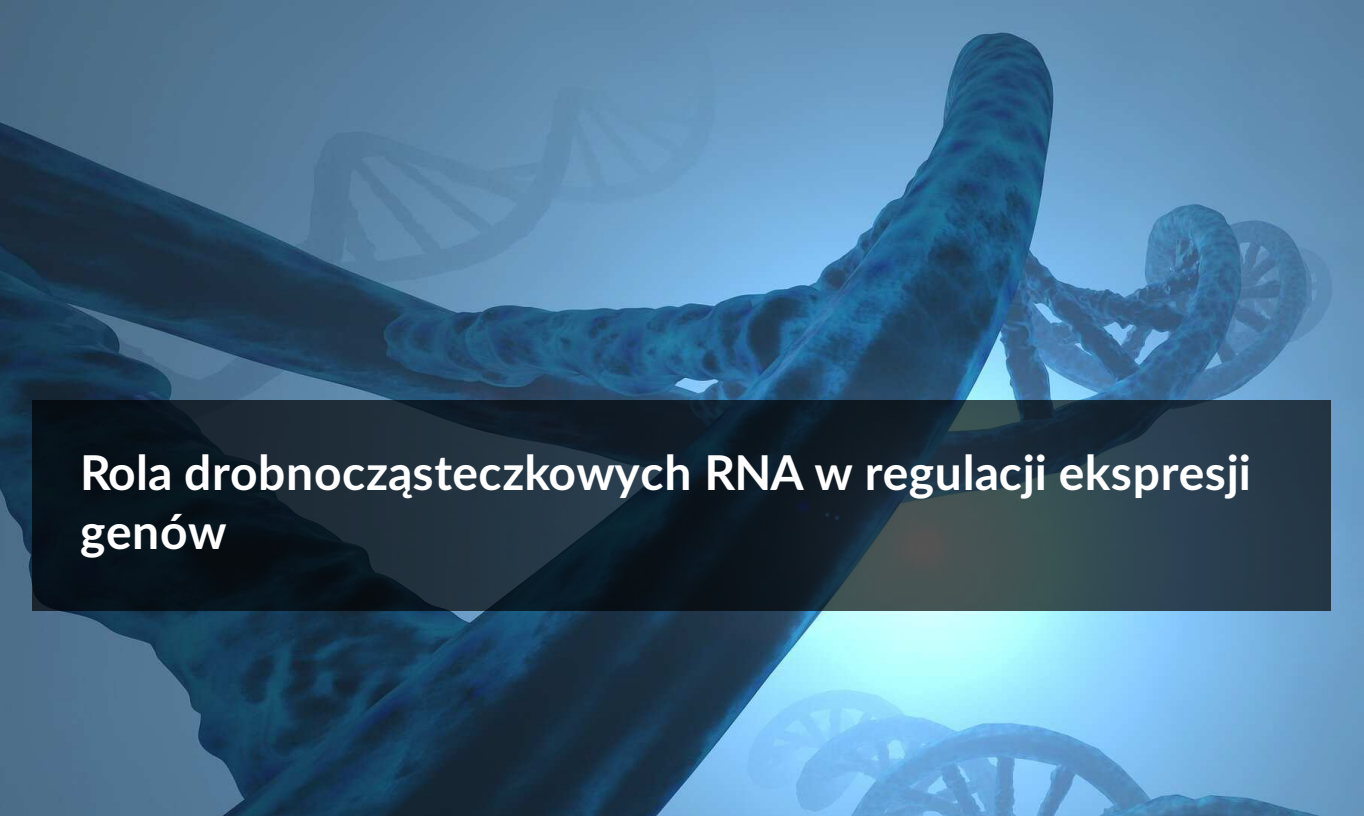


Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Film samouczek](#)
- [Sprawdź się](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów

Kwasy rybonukleinowe to organiczne związki chemiczne należące do grupy kwasów nukleinowych. Zbudowane są z rybonukleotydów połączonych wiązaniami fosfodiesterowymi. Występują w jądrach komórkowych i cytoplazmie.

Źródło: N/A, Pixabay, domena publiczna.

Wyróżnia się trzy podstawowe rodzaje RNA, które występują u wszystkich organizmów: informacyjny RNA – **mRNA** (ang. messenger RNA), stanowiący matrycę w procesie syntezy białek, transportujący RNA – **tRNA** (ang. transfer RNA), który odpowiada za przenoszenie odpowiednich aminokwasów do rybosomów w procesie translacji oraz rybosomowy RNA – **rRNA** (ang. ribosomal RNA) – będący składnikiem rybosomów, w których także pełni funkcje strukturalne i katalityczne podczas translacji.

Rozwijające się badania nad ludzkim genomem ujawniły, że znaczna część RNA, który powstaje w komórce na drodze transkrypcji, nie ulega translacji. Wskazuje to na dodatkową funkcję tych kwasów niż tylko kodowanie informacji o budowie białek. Istnieją więc (poza wymienionymi wcześniej rodzajami RNA) także inne, drobnocząsteczkowe RNA. O ich ważnej roli w kontroli ekspresji genów przeczytasz w niniejszym e-materiale.

Twoje cele

- Wyjaśnisz rolę drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów.
- Scharakteryzujesz miRNA, siRNA oraz piRNA.

Przeczytaj

W regulacji ekspresji genów ważną rolę odgrywają cząsteczki RNA niekodujące informacji genetycznej, czyli ncRNA (ang. *non-coding RNA*), do których zaliczane są wszystkie RNA oprócz mRNA – wśród nich jedną z grup stanowią małe (drobnocząsteczkowe) RNA, m.in. snRNA, miRNA, siRNA, piRNA.

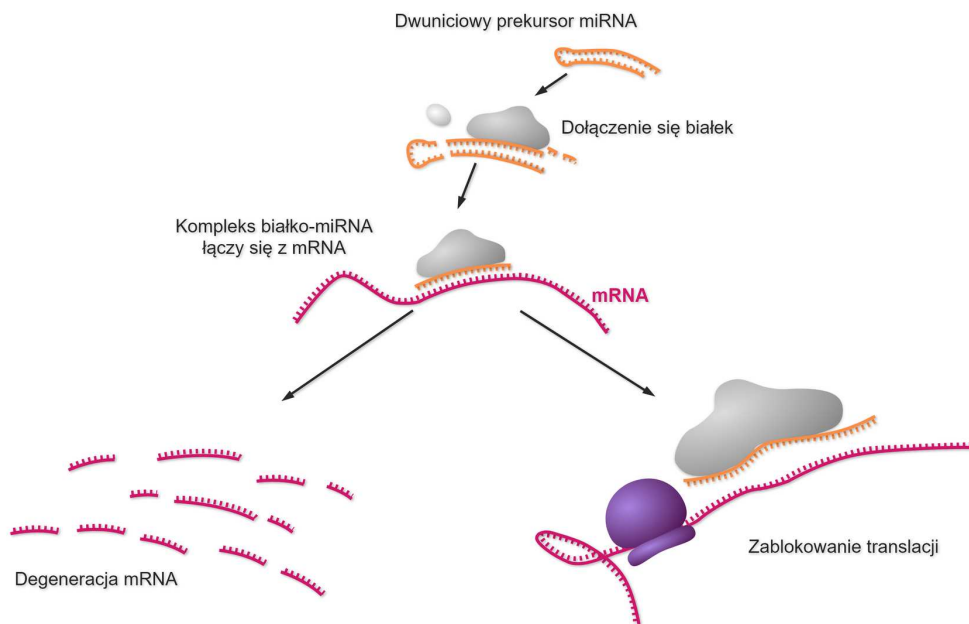
snRNA

Przeciętna długość małego jądrowego RNA (ang. small nuclear RNA) wynosi około 150 nukleotydów. Występuje w jądrze komórkowym, gdzie wiąże się z białkami i pełni funkcję [rybozomu](#) w procesie wycinania intronów. Dzięki temu podczas [obróbki potranskrypcyjnej](#) z [pre-mRNA](#) powstaje dojrzały mRNA.

miRNA

Jednoniciowe cząsteczki mikroRNA (ang. *microRNA*), zapisywane w skrócie jako miRNA, składają się z ok. 22 nukleotydów. Powstają z krótkiego, dwuniciowego prekursora zamkniętego pętli, która ze względu na swój kształt nazywana jest „spinką do włosów” (*hairpin*). Po połączeniu z białkami miRNA tworzą kompleks zdolny do łączenia się z cząsteczkami mRNA. Do połączenia dochodzi po rozpoznaniu przez kompleks miRNA–białko odpowiedniej, komplementarnej sekwencji na mRNA, złożonej z 7 do 8 nukleotydów. W wyniku tego kompleks miRNA–białko blokuje translację przyłączonego mRNA lub go rozcina, prowadząc do jego degradacji. Jednak miRNA może nie być w pełni komplementarna do mRNA i zawierać niewielką liczbę niesparowań.

Geny kodujące te cząsteczki występują u roślin i zwierząt.



Schemat formowania oraz działania miRNA.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

siRNA

Małe interferujące RNA, czyli siRNA (ang. *small interfering RNA*), to klasa drobnocząsteczkowych RNA (20–28 nukleotydów), które nie kodują białek, ale biorą udział w regulacji ekspresji genów. Zostały zidentyfikowane u roślin i zwierząt. Podobnie jak miRNA, po połączeniu się z białkami umożliwiają degradację komplementarnych cząsteczek mRNA, prowadząc do zatrzymania translacji. Różnica pomiędzy tymi rodzajami niekodujących RNA polega na innej budowie ich prekursorów, gdyż siRNA powstaje z dłuższych odcinków dwuniciowego RNA. W przeciwieństwie do miRNA cząsteczki siRNA są w pełni komplementarne do mRNA.

piRNA

Innym sposobem regulacji ekspresji genów jest **remodelowanie struktury chromatyny**. Cząsteczki piRNA (ang. *piwi-interacting RNA*) mają zazwyczaj długość 24–31 nukleotydów. Występują u zwierząt. Nie jest znany mechanizm ich powstawania. Najprawdopodobniej powstają z jednonicowego prekursora i do ich aktywacji niezbędne jest przyłączenie

odpowiednich białek. Ich rola polega na remodelowaniu chromatyny (powstaje **heterochromatyna**) i tym samym blokowaniu **ekspresji** odpowiednich fragmentów genomu, w tym odcinków kodujących **transpozony**. Ponadto powstałe kompleksy wpływają na **epigenetyczne** zmiany w genomie, w tym na zmiany wzorców **metylacji DNA** podczas formowania komórek rozrodczych (gamet).

Słownik

ekspresja genów

zespół procesów odpowiedzialnych za przekształcanie informacji genetycznej zawartej w genie w funkcjonalne białko lub RNA

epigenetyka

(*epi* – poza czymś, w dodatku do) nauka dotycząca zmian ekspresji genów, które nie są związane ze zmianami w sekwencji DNA

heterochromatyna

obszary chromatyny, które wykazują wysoki stopień kondensacji; nie jest aktywna transkrypcyjnie

metylacja DNA

modyfikacja enzymatyczna polegająca na dołączeniu grupy metylowej ($-CH_3$) do adeniny lub cytozyny w łańcuchu DNA; prowadzi do wyciszenia niektórych genów

obróbka potranskrypcyjna

modyfikacje, dzięki którym z uzyskanego w procesie transkrypcji pre-mRNA powstaje dojrzały mRNA

pre-mRNA

bezpośredni produkt syntezy RNA na matrycy DNA (produkt transkrypcji) zbudowany z sekwencji kodujących i niekodujących; pre-mRNA poddawany jest obróbce potranskrypcyjnej, w wyniku której powstaje dojrzały mRNA

rybozym

substancja zbudowane z kwasu rybonukleinowego (RNA) o właściwościach katalitycznych

remodeling chromatyny

inaczej rearanżacja chromatyny; to proces polegający na zmianie struktury chromatyny za pomocą określonych kompleksów białkowych; ma na celu regulację ekspresji genów poprzez zmianę dostępności chromatyny dla czynników transkrypcyjnych

transpozon

odcinki DNA, które mogą się przemieszczać w obrębie genomu, zwane także „wędrującymi genami” lub „skaczącymi genami” (ang. *jumping gene*)

Film samouczek

Polecenie 1

Opisz procesy składające się na ekspresję genów białkowych, a następnie zapoznaj się z filmem samouczkiem.



Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów



Film dostępny pod adresem </preview/resource/R1S6JRW1w92yF>

Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów.

Źródło: Inga Wójtowicz, reż. Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Film nawiązujący do treści materiału pod tytułem: Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów.

Polecenie 2

Scharakteryzuj ukazane na filmie rodzaje niekodującego RNA.

Polecenie 3

Opisz mechanizm działania siRNA.

Sprawdź się

Pokaż ćwiczenia:   

Ćwiczenie 1



Uzupełnij tekst, zaznaczając prawidłowe sformułowania.

☐ Jednoniciowe ☐ Dwuniciowe cząsteczki RNA, o długości ok. ☐ 18 ☐ 22 nukleotydów, to mikroRNA, w skrócie ☐ mRNA ☐ miRNA. Ich prekursorem jest krótka, ☐ jednoniciowa ☐ dwuniciowa cząsteczka RNA zamknięta pętlą, której kształt przypomina ☐ spinkę do włosów ☐ helisę.

Ćwiczenie 2



Przyporządkuj podane rodzaje RNA do odpowiednich grup.

Kodujące RNA:

miRNA

mRNA

tRNA

siRNA

rRNA

Niekodujące RNA:

Ćwiczenie 3



Uporządkuj w prawidłowej kolejności etapy mechanizmu działania miRNA.

Zablokowanie ekspresji genu



Wytworzenie dwuniciowego prekursora miRNA



Przyłączenie kompleksu białko-miRNA do komplementarnego mRNA



Wycięcie jednoniciowego fragmentu z prekursora miRNA



Dołączanie białek do dwuniciowego prekursora miRNA



Utworzenie kompleksu białko-miRNA



Ćwiczenie 4



Oceń, czy podane stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda	Fałsz
Metylacja DNA polega na dołączeniu grupy metylowej do adeniny lub cytozyny w łańcuchu DNA.	☐	☐
Heterochromatyna wykazuje wysoki stopień kondensacji oraz aktywność transkrypcyjną.	☐	☐
Transpozony to odcinki DNA, które mogą się przemieszczać w obrębie genomu.	☐	☐
Epigenetyka to nauka dotycząca zmian ekspresji genów, które są związane ze zmianami w sekwencji DNA.	☐	☐

Ćwiczenie 5



Podaj jedno podobieństwo oraz jedną różnicę w budowie między siRNA oraz mRNA.

Ćwiczenie 6



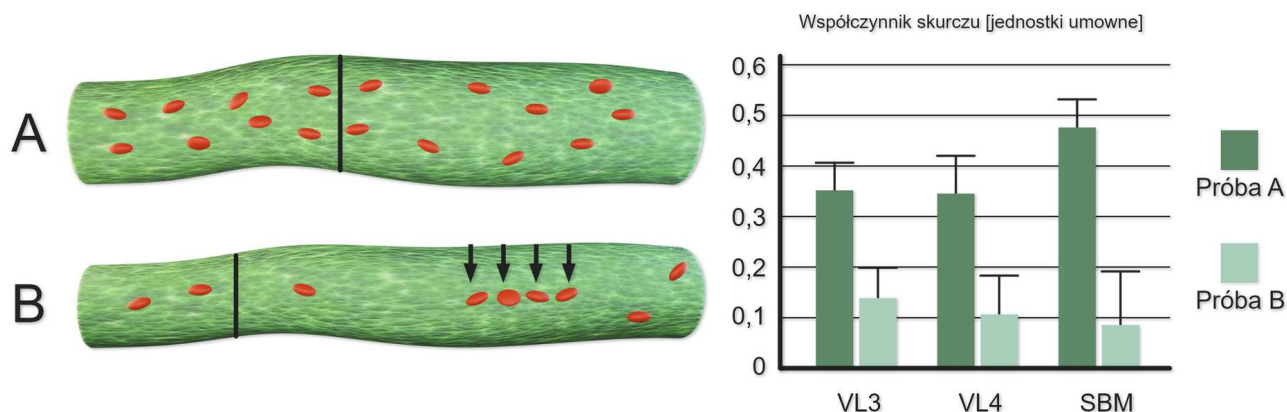
Opisz, na czym polega mechanizm blokowania ekspresji genów przez piRNA.

Ćwiczenie 7



Białko CryAB jest białkiem występującym w komórkach mięśniowych. Przeprowadzono eksperyment na organizmie modelowym, jakim jest muszka owocowa (*Drosophila melanogaster*), podczas którego do embrionów wprowadzono siRNA rozpoznający sekwencję mRNA kodującego białko CryAB (próba B). W wyniku interferencji RNA białko CryAB nie zostało wykryte w badanych mięśniach oznaczonych symbolami VL3, VL4 oraz SBM. Odnotowano, że mięśnie te wykazywały się zmniejszoną siłą skurczu w porównaniu z muszkami o typie dzikim (próba A). Ponadto odnotowano, że w mięśniach muszek poddanych interferencji RNA występowała zmniejszona liczba jąder komórkowych oraz ich nieprawidłowa lokalizacja (strzałki) w badanych mięśniach, które również charakteryzowały się zmniejszoną wielkością (średnicą).

Na podstawie: Inga Wójtowicz i in., *Drosophila Small Heat Shock Protein CryAB Ensures Structural Integrity of Developing Muscles, and Proper Muscle and Heart Performance*, „Development” 2015, nr 142(5), s. 994–1005.



Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o. o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Sformułuj wniosek na podstawie wyników opisanego eksperymentu.

Ćwiczenie 8



Odkrycie drobnocząsteczkowych RNA spowodowało rozwój badań naukowych mających na celu wykorzystanie strategii działania miRNA do celów terapeutycznych. Odpowiednio zaprojektowany miRNA o pożądanej sekwencji nukleotydowej może zostać wprowadzony za pomocą wektora wirusowego do organizmu, dzięki czemu może być wykorzystywany do terapii chorób wywołanych ekspresją zmutowanych genów.

Wyjaśnij, w jaki sposób będzie działała terapia z zastosowaniem miRNA przeciwko chorobie wywołanej obecnością w komórce nieprawidłowego białka powstałego na bazie zmutowanego genu.

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Rola drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów

Grupa docelowa: uczniowie III etapu edukacyjnego – kształcenie w zakresie podstawowym i rozszerzonym

Podstawa programowa:

Zakres podstawowy

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

VI. Ekspresja informacji genetycznej w komórkach człowieka. Uczeń:

6) przedstawia istotę regulacji ekspresji genów.

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

XIII. Ekspresja informacji genetycznej. Uczeń:

9) przedstawia istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych.

Kształtowane kompetencje kluczowe:

- kompetencje cyfrowe;
- kompetencje osobiste, społeczne i w zakresie umiejętności uczenia się;
- kompetencje matematyczne oraz kompetencje w zakresie nauk przyrodniczych, technologii i inżynierii.

Cele operacyjne (językiem ucznia):

- Wyjaśnisz rolę drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów.
- Scharakteryzujesz miRNA, siRNA oraz piRNA.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- praca z filmem samouczkiem;
- rozmowa kierowana;
- ćwiczenia interaktywne;
- mapa myśli.

Formy pracy:

- praca indywidualna;
- praca w parach;
- praca w grupach;
- praca całego zespołu klasowego.

Środki dydaktyczne:

- komputery z głośnikami, słuchawkami i dostępem do internetu;
- zasoby multimedialne zawarte w e-materiale;
- tablica interaktywna/tablica, pisak/kreda;
- arkusze papieru, flamastry.

Przed lekcją:

1. Uczniowie zapoznają się z treścią w sekcji „Przeczytaj”.

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji oraz cele zajęć, omawiając lub ustalając razem z uczniami kryteria sukcesu.
2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel prowadzi pogadankę, zadając pytania:
 - Na czym polega ekspresja genów?
 - Gdzie występuje RNA?
 - Jakie rodzaje kwasów rybonukleinowych możemy wyróżnić?

Faza realizacyjna:

1. **Praca z multimedium („Film samouczek”).** Uczniowie wykonują indywidualnie polecenie nr 1 do multimedium, w którym mają opisać procesy składające się na ekspresję genów białkowych, a następnie oglądają film samouczek i weryfikują swoją odpowiedź.
2. Uczniowie wykonują w parach polecenie nr 2 („Scharakteryzuj ukazane na filmie rodzaje niekodującego RNA”) i polecenie nr 3 („Opisz mechanizm działania siRNA”). Ochotnicy przedstawiają swoje odpowiedzi na forum klasy.

3. **Mapa myśli.** Nauczyciel dzieli uczniów na trzy grupy. Każda z nich opracowuje mapę myśli na temat roli drobnocząsteczkowych RNA w regulacji ekspresji genów. Mapa powinna zawierać informacje dotyczące snRNA, miRNA, siRNA i piRNA. Po upływie wyznaczonego czasu zespoły przekazują plakat następnej grupie, która uzupełnia informacje. Plakaty przekazywane są od grupy do grupy zgodnie z ruchem wskazówek zegara. Gdy plakat wróci do grupy macierzystej, zadanie się kończy. Grupy prezentują kolejno mapy myśli. Nauczyciel uzupełnia brakujące informacje, koryguje ewentualne błędy.
4. **Utrwalenie wiedzy i umiejętności.** Uczniowie samodzielnie wykonują ćwiczenie nr 8 (w którym mają za zadanie wyjaśnić, w jaki sposób będzie działała terapia z zastosowaniem miRNA przeciwko chorobie wywołanej obecnością w komórce nieprawidłowego białka powstałego na bazie zmutowanego genu) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie w 4-osobowych grupach omawiają prawidłowe rozwiązanie. Po upływie wyznaczonego czasu wskazany przez nauczyciela przedstawiciel grupy prezentuje odpowiedź wraz z jej uzasadnieniem. Klasa ustosunkowuje się do niej. Nauczyciel udziela uczniom informacji zwrotnej.

Faza podsumowująca:

1. Uczniowie rozwiązują ćwiczenie nr 4 (typu „prawda/fałsz”) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie przygotowują podobne zadanie dla osoby z pary: tworzą trzy prawdziwe lub fałszywe zdania dotyczące tematu lekcji. Uczniowie wykonują ćwiczenie otrzymane od kolegi lub koleżanki.
2. Nauczyciel wyświetla treści zawarte w sekcji „Wprowadzenie” i na ich podstawie dokonuje podsumowania najważniejszych informacji przedstawionych na lekcji. Wyjaśnia także wątpliwości uczniów.

Praca domowa:

1. Wykonaj ćwiczenia od 1 do 7 z sekcji „Sprawdź się”.

Materiały pomocnicze:

- Jane B. Reece i in., „Biologia Campbella”, tłum. K. Stobrawa i in., Dom Wydawniczy REBIS, Poznań 2021.
- „Encyklopedia szkolna. Biologia”, red. Marta Stęplewska, Robert Mitoraj, Wydawnictwo Zielona Sowa, Kraków 2006.

Dodatkowe wskazówki metodyczne:

- Uczniowie mogą wykorzystać multimedium z sekcji „Film samouczek” w celu przygotowania się do lekcji powtórkowej.