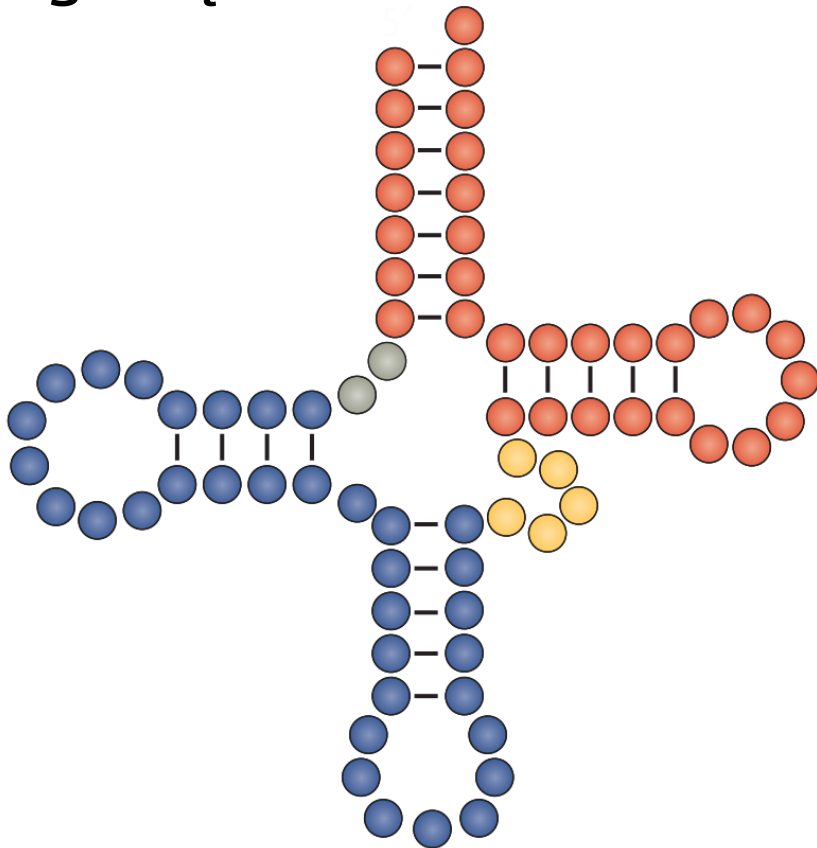


# Struktura RNA

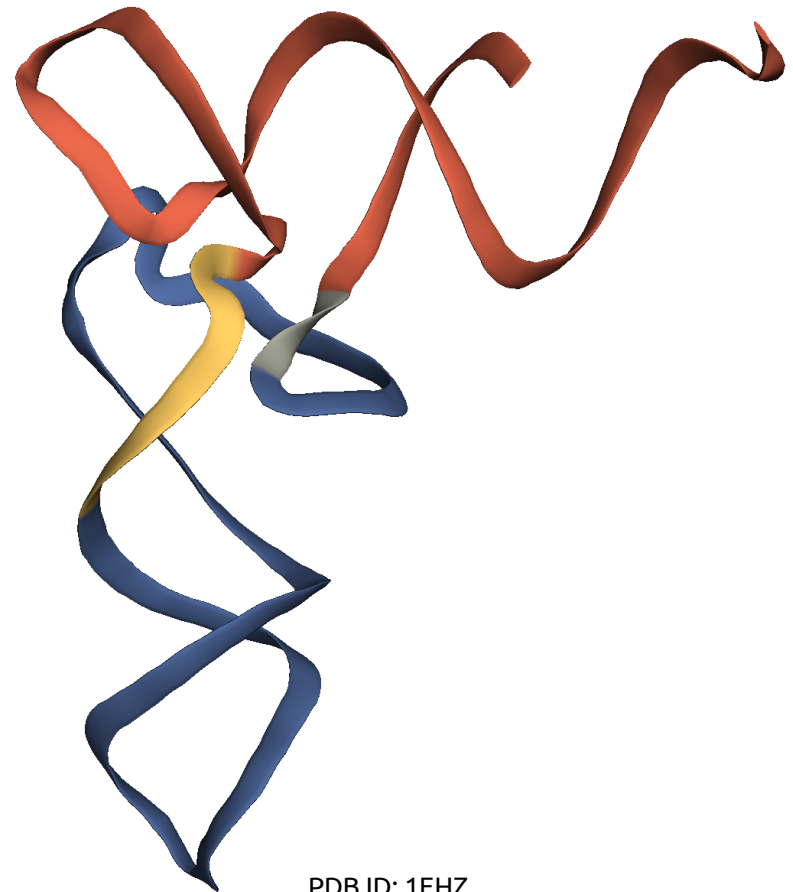
pierwszorzędowa

GCGGAUUUAGCUCAGUUGGGAGAGCGCCAGACUGAAGA  
UUUGGAGGUCCUGUGUUCGAUCCACAGAAUUCGCACCA

drugorzędowa



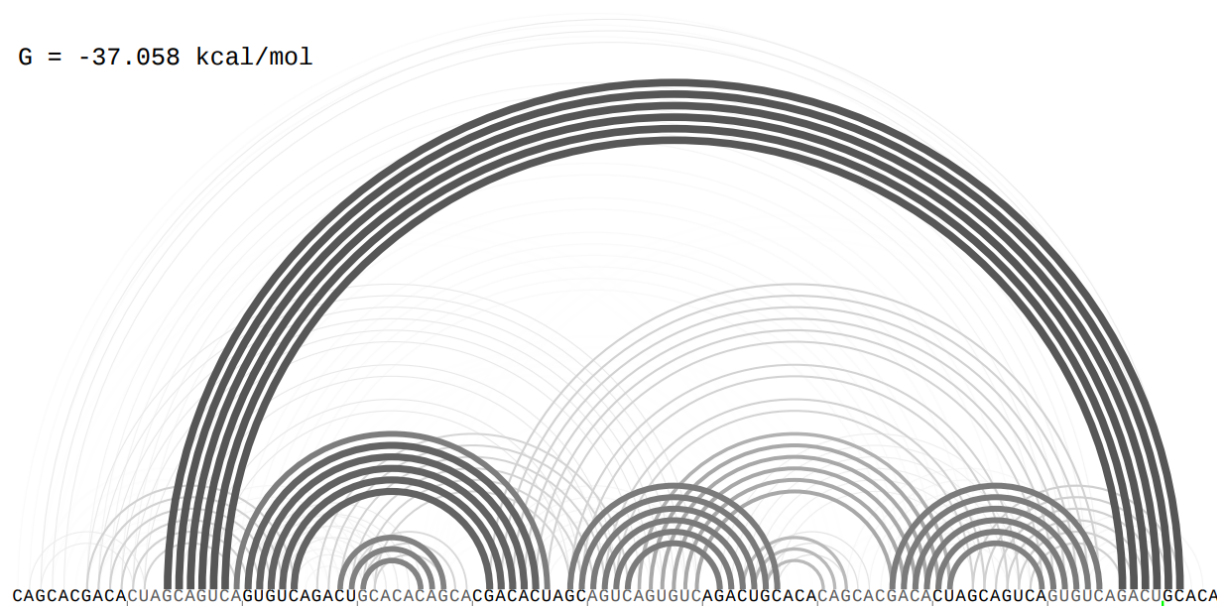
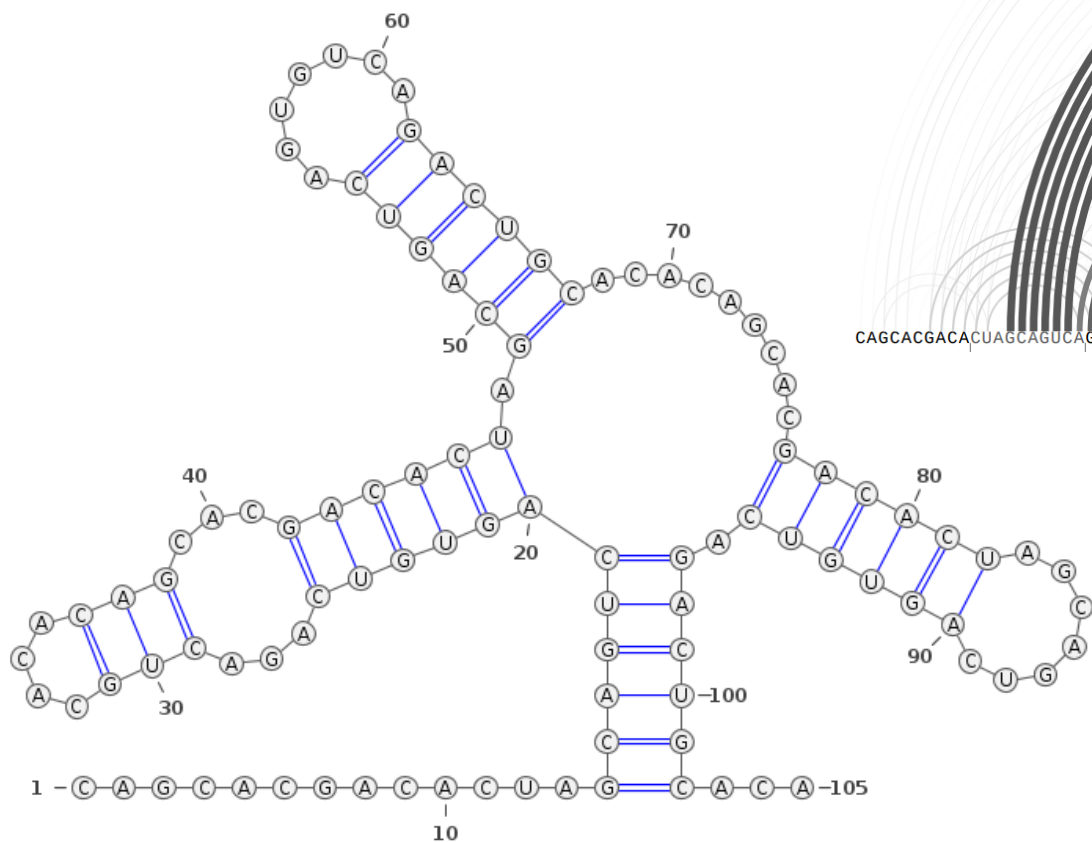
trzeciorzędowa



# Reprezentacje struktury drugorzędowej

CAGCACGACACUAGCAGUCAGUGUCAGACUGGCACACAGCACGACACUAGCAGUCAGUGUCAGACUGGCACACAGCACGACACUAGCAGUCAGUGUCAGACUGGCACA  
.....((((((((((((...((((...)))))))).((((((.....))))))))......((((((((.....)))))))).))))))...

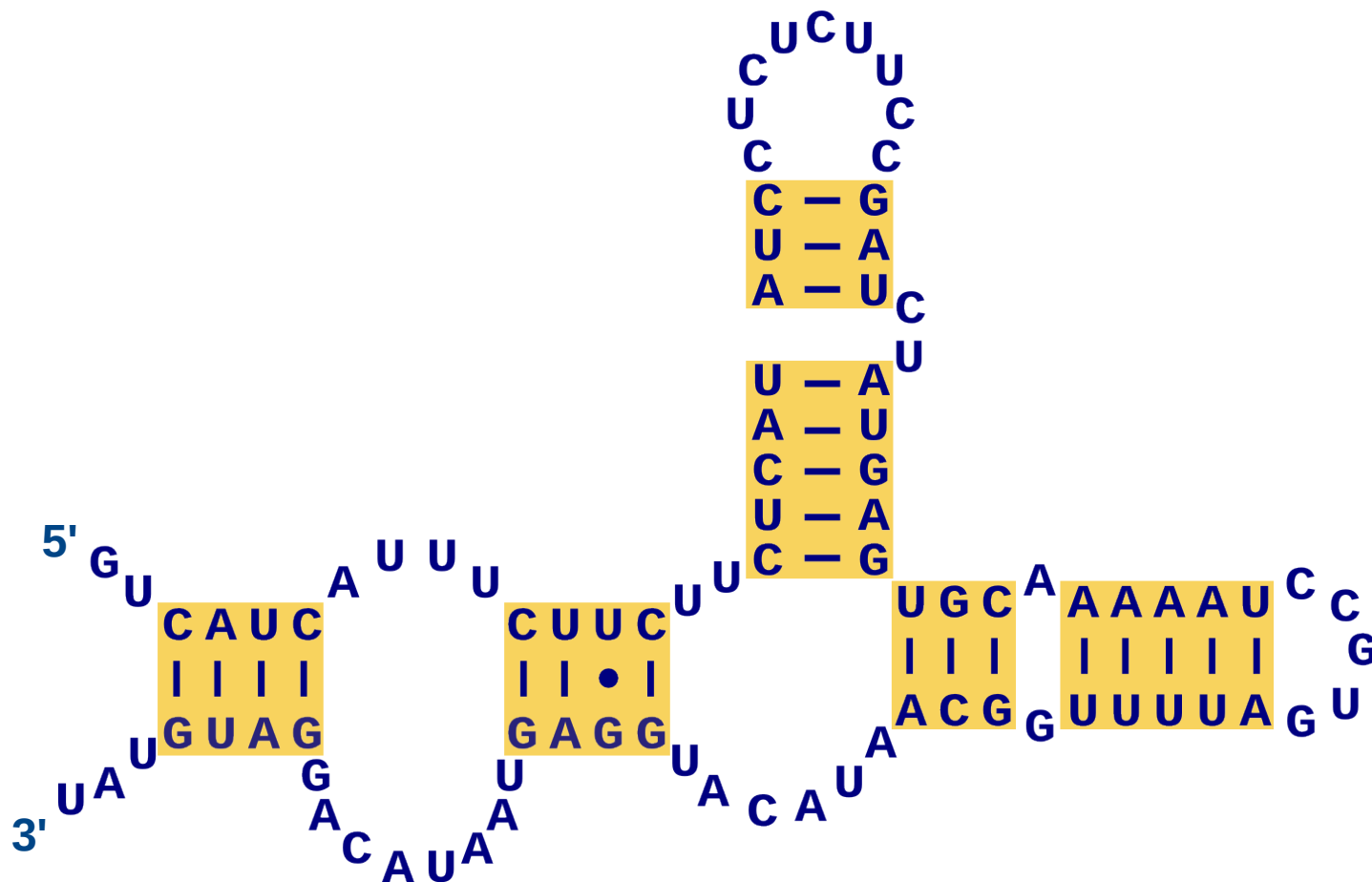
G = -37.058 kcal/mol



# Elementy struktury drugorzędowej

## Trzon / helisa (stem / helix)

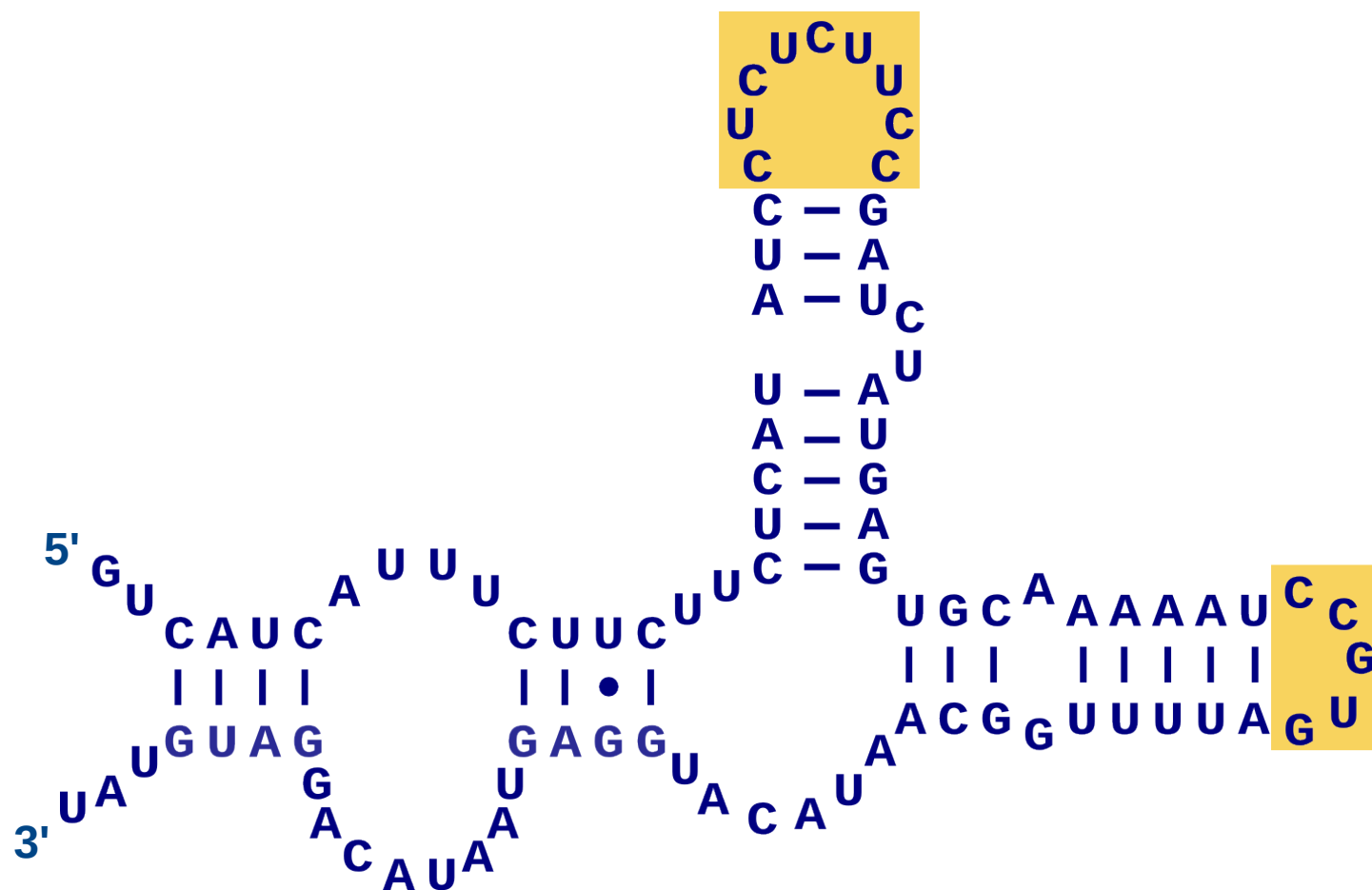
region sparowanych nukleotydów



# Elementy struktury drugorzędowej

## Pętla typu spinka (hairpin loop)

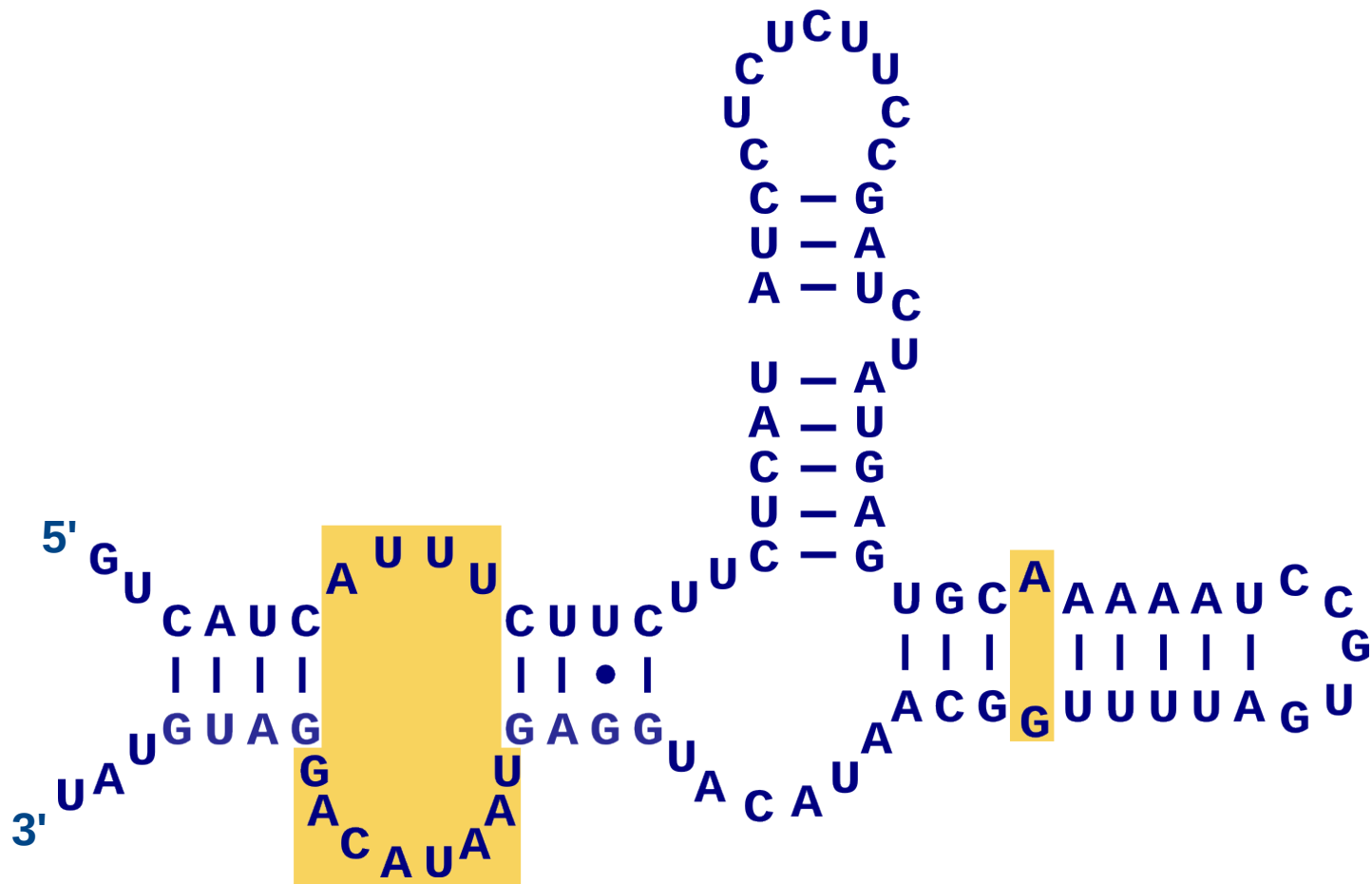
region łączący dwie nici jednej helisy



# Elementy struktury drugorzędowej

## Pętla wewnętrzna (interior/internal loop)

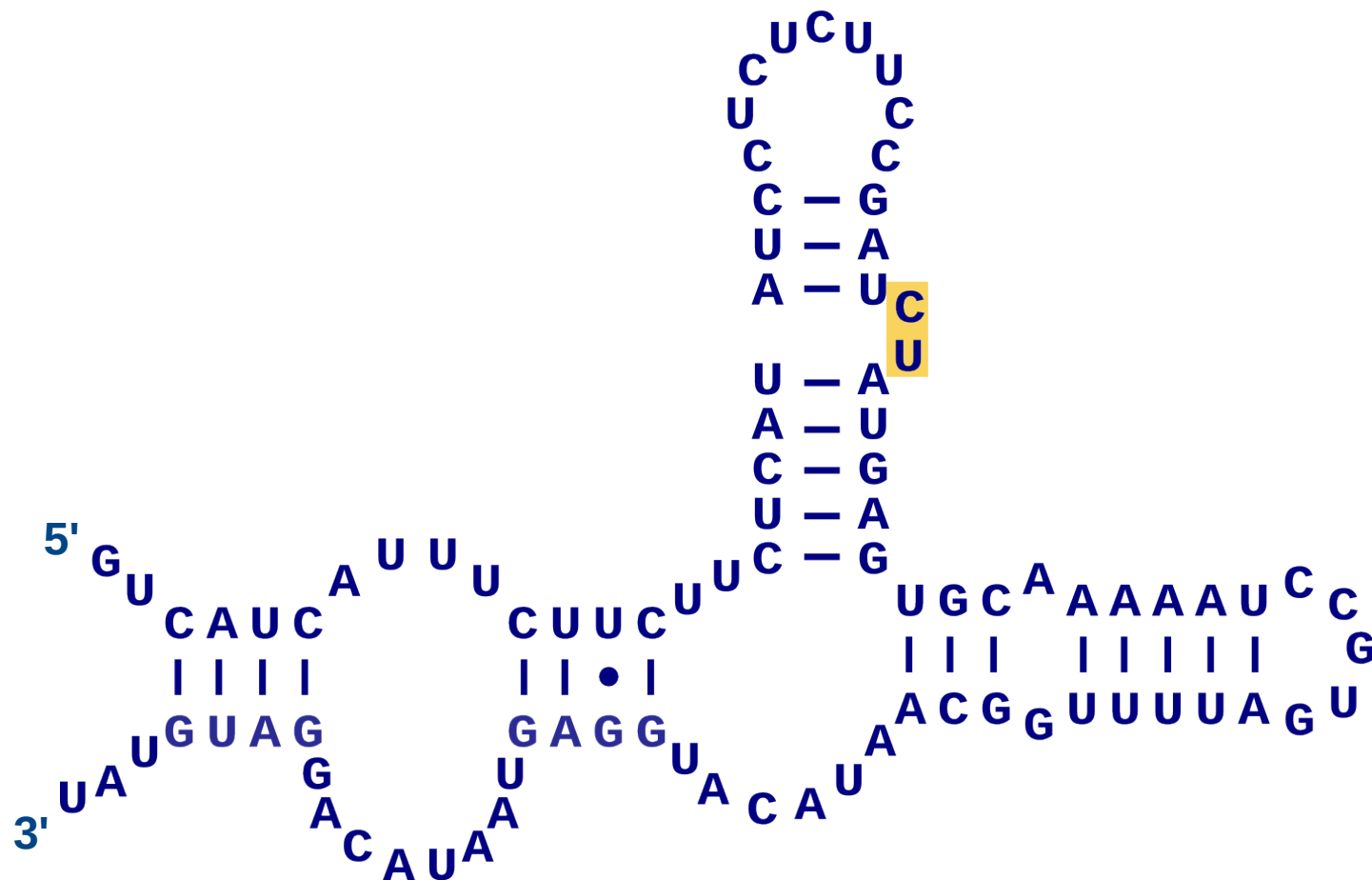
region jednoniciowy łączący dwie helisy



# Elementy struktury drugorzędowej

## Wybrzuszenie (bulge)

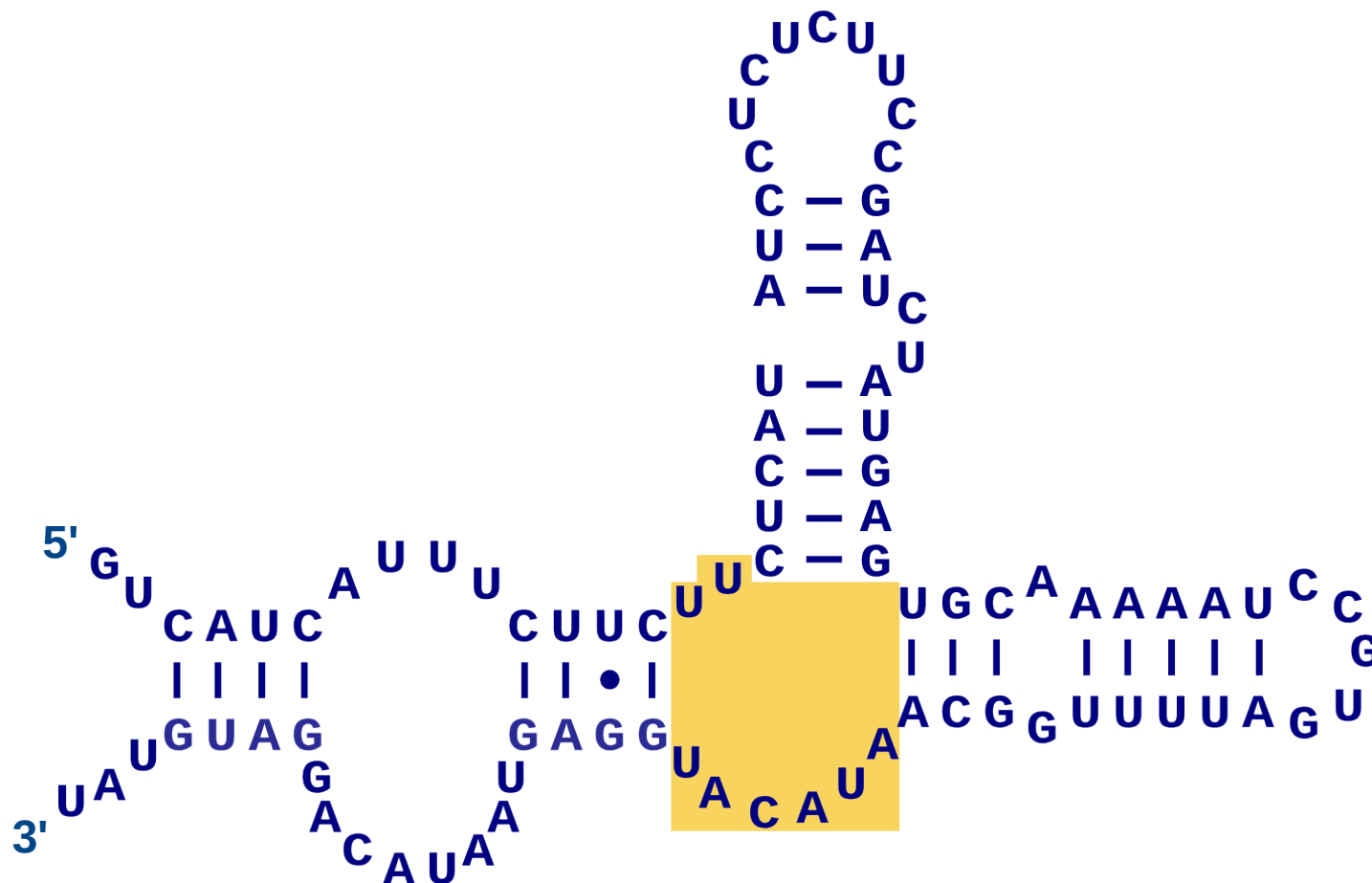
## nie sparowane zasady po jednej stronie helisy



# Elementy struktury drugorzędowej

## Pętla wieloramienna / wielorozgałęziona (multibranch loop)

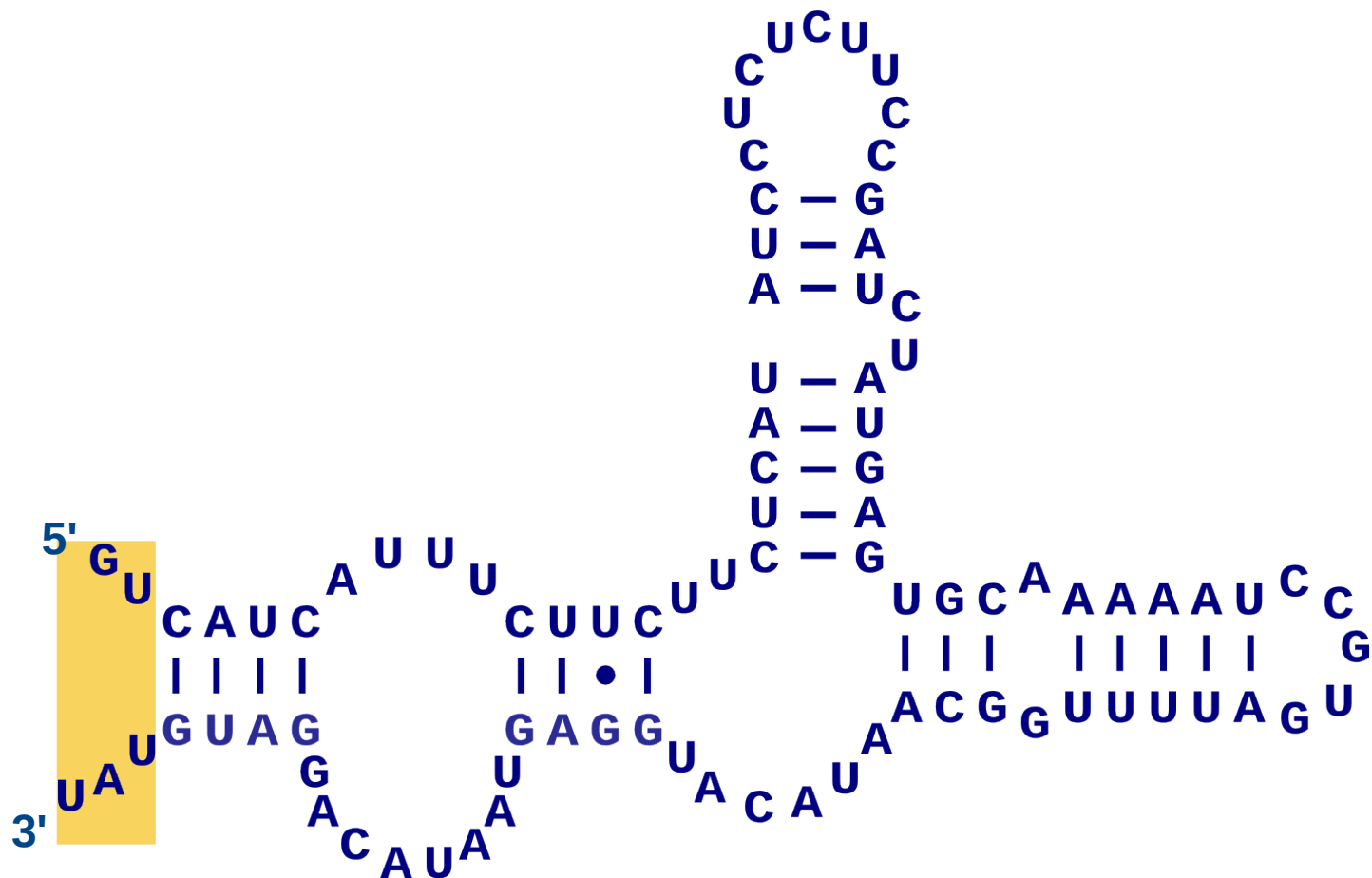
region jednoniciowy łączący więcej niż dwie helisy



# Elementy struktury drugorzędowej

## Wolne końce (dangling ends)

niesparowane zasady na końcu 5' lub 3'





# Metody przewidywania struktury RNA

## **1. dla pojedynczych sekwencji**

- maksymalizacja liczby sparowanych nukleotydów
- minimalizacja energii swobodnej
- maksymalne prawdopodobieństwo tworzenia par zasad

## **2. dla grup homologicznych cząsteczek**

- metody porównawcze (kowariacje)
- metody statystyczne