

Biologia



Zmiana MEN 2024



Oznaczono usunięte
i zmienione treści

3

Podręcznik dla
branżowej szkoły I stopnia

OPERON
Edukacja jest podróżą

Biologia

Podręcznik dla
branżowej szkoły I stopnia

dla

absolwentów ośmioletniej szkoły podstawowej

3

Beata Jakubik
Renata Szymańska

 **OPERON**
Edukacja jest podróżą

2024

Projekt okładki: Paweł Kwacz
Redaktor prowadzący: Izabela Kulaszewicz
Redakcja językowa: Marlena Dobrowolska
Redakcja graficzna i skład: Andrzej Puzyński, Roman Osiński
Fotoedycja: Marta Jasińska
Korekta techniczna: Marlena Dobrowolska

Zdjęcia: NASA/University of Rhode Island/Stephanie Anderson, Roman Osinski, Shutterstock, Wikipedia/Chiswick Chap/CC BY-SA 2.5, Wikipedia/Cyndy Sims Parr/CC BY-SA 2.0, Wikipedia/Volker Borovsky/CC BY-SA 3.0, Wikipedia/Polimerek/CC BY-SA 4.0, Wikipedia/Thunderclap/CC BY-SA 3.0, Wikipedia/Unfortunately Named/CC BY-SA 3.0

OPERON Sp. z o.o. oświadcza, że z należytą starannością podjął wszelkie działania zmierzające do powiadomienia podmiotów majątkowych praw autorskich do utworów słownych i fotograficznych wykorzystanych w podręczniku o zamiarze ich publikacji celem uzyskania od twórców lub ich następców prawnych wymaganej zgody za przysługującym wynagrodzeniem w stosownej wysokości. Osoby, których prawa w sposób niezawiniony przez wydawnictwo zostały naruszone, prosimy o bezpośredni kontakt z wydawcą.

Podręcznik dopuszczony do użytku szkolnego przez ministra właściwego do spraw oświaty i wychowania i wpisany do wykazu podręczników przeznaczonych do kształcenia ogólnego do nauczania biologii na III etapie edukacyjnym – szkoła branżowa I stopnia dla uczniów będących absolwentami ośmioletniej szkoły podstawowej, na podstawie opinii rzeczoznawców: dr. hab. Andrzeja Kaźmierczaka, dr Magdaleny Majewskiej, dr Gabrieli Olszowskiej.

Etap edukacyjny: III

Typ szkoły: szkoła ponadpodstawowa

Rok dopuszczenia: 2021

Numer dopuszczenia: 1072/3/2021

© Copyright by OPERON Sp. z o.o. & Beata Jakubik i Renata Szymańska

Gdynia 2021

Wszelkie prawa zastrzeżone. Kopiowanie w całości lub we fragmentach bez zgody wydawcy zabronione.

N7329

Wydawca:

OPERON Sp. z o.o.

81-212 Gdynia, ul. Hutnicza 3

tel. centrali 58 679 00 00

e-mail: info@operon.pl

www.operon.pl

ISBN 978-83-8197-128-7

04/24/XIV/UM65

Zgodnie z decyzją MEN od września 2024 r. obowiązuje zmieniona, uszczuplona o ok. 20% podstawa programowa. W związku z tym w podręczniku znalazły się stosowne oznaczenia.



Takim symbolem oznaczono treści usunięte z podstawy programowej.



Takim symbolem oznaczono treści, które zostały zmienione. Nauczyciel przedstawi uczniowi zmiany i wyjaśni, czego powinien się nauczyć.

Spis treści

I. EKSPRESJA INFORMACJI GENETYCZNEJ W KOMÓRKACH CZŁOWIEKA

1. DNA jako nośnik informacji genetycznej8
2. Ekspresja informacji genetycznej – od genu do białka 13
3. Translacja – biosynteza białka17

II. GENETYKA KLASYCZNA

1. Dziedziczenie cech.....26
2. Genetyczne uwarunkowania płci.....33

III. ZMIENNOŚĆ ORGANIZMÓW

1. Zmienność organizmów i jej przyczyny 40
2. Trwałe zmiany w materiale genetycznym 43
3. Choroby genetyczne człowieka 50

IV. BIOTECHNOLOGIA

1. Biotechnologia tradycyjna 60
2. Biotechnologia nowoczesna 66
3. Mikroorganizmy genetycznie zmodyfikowane70
4. Modyfikacje genetyczne roślin i zwierząt74
5. Zagrożenia związane z GMO79
6. Klonowanie organizmów 84
7. Terapia genowa 91
8. Szanse i zagrożenia związane z biotechnologią i inżynierią genetyczną.....94

V. EWOLUCJONIZM

1. Historia rozwoju myśli ewolucyjnej 104
2. Dowody ewolucji 109
3. Mechanizmy ewolucji 113
4. Powstanie i dzieje życia na Ziemi 121
5. Antropogeneza 124

VI. EKOLOGIA

1. Co to jest ekologia? 136
2. Cechy populacji 143
3. Stosunki między populacjami 146
4. Zależności pokarmowe w ekosystemach, czyli kto kogo zjada..... 151
5. Dojrzewanie ekosystemu – sukcesja ekologiczna..... 154

VII. BIORÓŻNORODNOŚĆ

1. Bioróżnorodność i bogactwo życia na Ziemi 160
2. Przyczyny wzrostu zagrożenia różnorodności biologicznej..... 165
3. Działania prowadzące do wzrostu różnorodności biologicznej..... 168
4. Formy ochrony różnorodności biologicznej 170

- Indeks..... 175



584

Gen a genom

Całkowita informacja genetyczna zawarta w tym organizmie jest zapisana w **genomie**, który u wszystkich organizmów, w tym u człowieka, składa się z DNA (tab. 1.1.1). Niektóre organizmy, czyli bakterie, mają genom zbudowany z RNA. Genomy organizmów mają różną strukturę, np. genom eukariotów tworzą dwoniciowe, linowe cząsteczki DNA (chromosomy), a u bakterii genom ma postać dwoniciowej kołowej cząsteczki.

Tabela 1.1.1. Składowość genomów eukariotów i DNA wirusów (genomów)

Organizm	Genom (bp)	Genom (Mb)	Genom (Gb)
Wirusy			
Wirusy DNA			
Wirusy RNA			
Eukarioty			
Wirusy DNA			
Wirusy RNA			
Prokarioty			
Wirusy DNA			
Wirusy RNA			

bp – par zasad; Mb – milion par zasad; Gb – miliard par zasad; bp – par zasad; Mb – milion par zasad; Gb – miliard par zasad.

W genomie, czyli w całym materiale genetycznym komórki, są zawarte **geny**. Gen to sekcja nukleotydów DNA zawierająca informację potrzebą do stworzenia białka. Mówimy, że **geny kodują białka**, co oznacza, że informacja zawarta w sekcji DNA jest przekazywana w RNA, a potem w białko. Liczba genów człowieka wynosi ok. 20 000. Geny organizmów eukariotycznych składają się z regionów nazywanych **ekszonami**, które nie kodują białka i nie ulegają transkrypcji, oraz z regionów kodujących, czyli **eksonów**. Regiony niekodujące i kodujące występują w proporcjach (rys. 1.1.4), u człowieka eksonów kodujących kodujących białka jest mniej niż 1%.

Tabele i wykresy pomogą wam usystematyzować wiedzę.

Pytania i polecenia przećwiczcie w toku lekcji, wykorzystacie do nauki w domu lub do powtórki i utrwalenia.

Uwaga: odpowiedzi do zadań wymagających pisemnego rozwiązania zapiszcie w zeszycie.

PYTANIA I POLECENIA

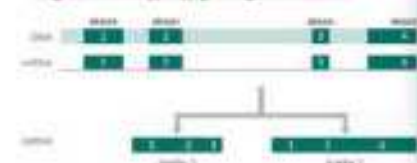
1. Napisz i omów, jak w transkrypcji cząsteczki przedstawione na poniższym schemacie.



2. Poniżej podano sekwencję nukleotydową cząsteczki mRNA, którą kodujemy. AAG-rozciągamy początek transkrypcji i kodujemy kwas maitonin. Korzystając z tabeli kodu genetycznego (rys. 1.1.2) w ten sposób sekwencję aminokwasową, białka polipeptydowego, od którego startu transkrypcji.

AUGCAUCCGAAACUUGGGGCGGCGCA

3. Podaj nazwę oraz znaczenie procesu przedstawionego na poniższym schemacie. Wypisz jego biologiczne znaczenie.



Podsumowanie działu

1. DNA jako nośnik informacji genetycznej

- Do zapisania informacji genetycznej w DNA potrzebne są cztery zasady, w tym odwołanie się do struktury cząsteczki DNA.
- Podstawowy diagram biologii molekularnej wskazuje, w jaki sposób przepływa informacja genetyczna – od DNA przez RNA do białka.
- Proces syntezy mRNA na matrycy DNA to transkrypcja. Proces syntezy białka na matrycy mRNA to translacja. W translacji DNA to proces jego kodowania.
- W czasie replikacji DNA podwójnej helisy DNA następuje rozdzielenie, a nową polimerazą DNA powstają nowe nici.
- Replikacja jest procesem semikonservatywnym, ponieważ w potomkach cząsteczek DNA jedna z nici jest stara, a druga – nowa.
- Informacja genetyczna każdego organizmu jest zapisana w genomie, czyli w DNA (u eukariotów organizmów) lub RNA (u wirusów).
- Genom człowieka zawiera ok. 20 000 genów, które odpowiadają ok. 1% całkowitego DNA.
- Geny kodują białka, czyli kodują informację potrzebą do stworzenia białka. Mówimy, że **geny kodują białka**, co oznacza, że informacja zawarta w sekcji DNA jest przekazywana w RNA, a potem w białko.
- Geny organizmów eukariotycznych składają się z regionów nazywanych **ekszonami**, które nie kodują białka i nie ulegają transkrypcji, oraz z regionów kodujących, czyli **eksonów**.
- Składowość genomów eukariotów i DNA wirusów (genomów).
- Genom człowieka zawiera ok. 20 000 genów, które odpowiadają ok. 1% całkowitego DNA.
- Składowość genomów eukariotów i DNA wirusów (genomów).

2. Składowość genomów eukariotów i DNA wirusów (genomów)

- Transkrypcja to proces syntezy RNA na matrycy DNA. Produktami transkrypcji jest cząsteczka informacyjnego RNA (mRNA).
- Transkrypcja genu rozpoczyna się w sekcji kodującej sekcji DNA i kończy się w sekcji niekodującej sekcji DNA.
- Synteza białka na matrycy mRNA to translacja. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji.
- Synteza białka na matrycy mRNA to translacja. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji.
- Synteza białka na matrycy mRNA to translacja. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji.
- Synteza białka na matrycy mRNA to translacja. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji. Białko powstaje w czasie translacji.



**EKSPRESJA
INFORMACJI GENETYCZNEJ
W KOMÓRKACH CZŁOWIEKA**

1. DNA jako nośnik informacji genetycznej

Do odkrycia fundamentalnej roli DNA w dziedziczeniu przyczyniło się wiele eksperymentów, z których kluczowe było wyjaśnienie struktury DNA (ryc. I.1.1.) przez Jamesa Watsona (czytaj: dżejmsa łotsona) i Francis Cricka (czytaj: fransisa krika) oraz Rosalind Franklin. Odkrycie to dało początek biologii molekularnej

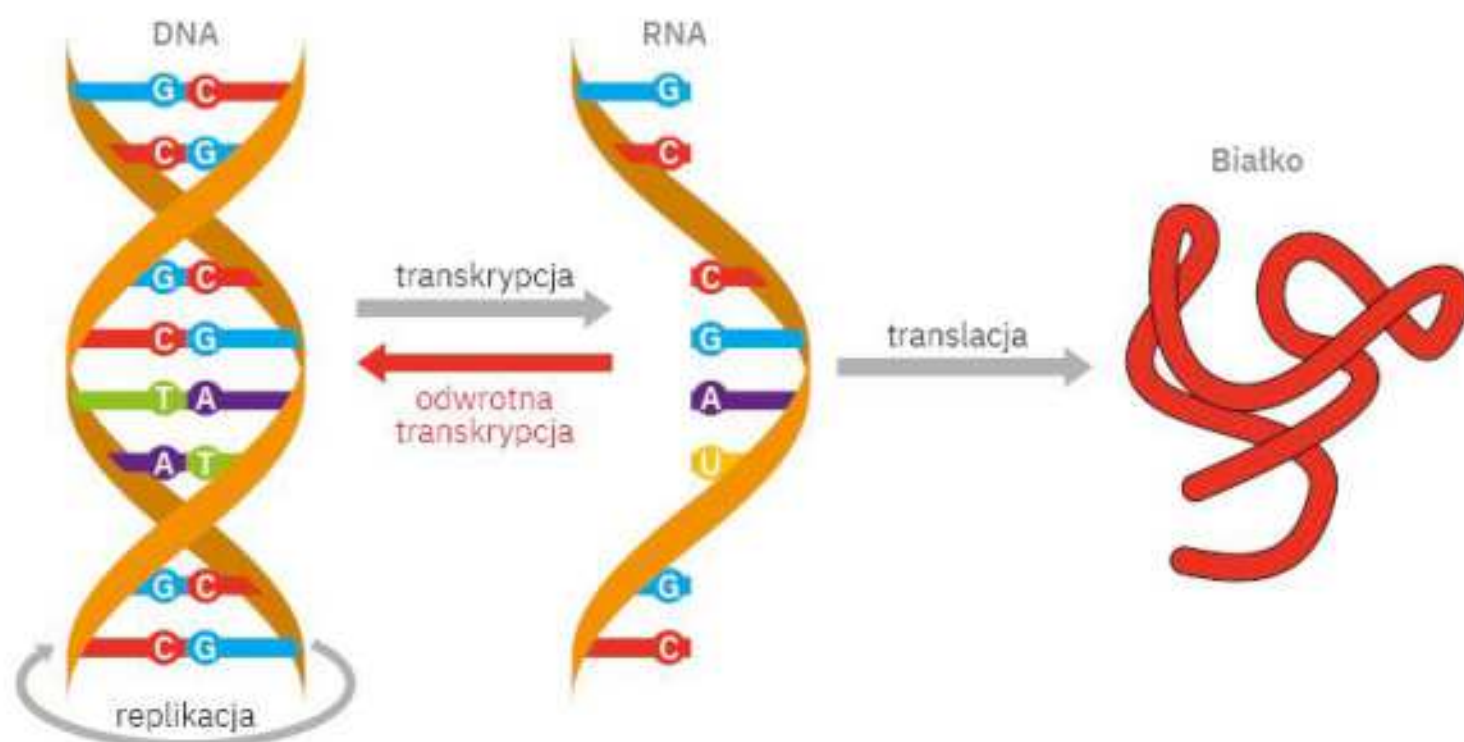


Ryc. I.1.1. James Watson i Francis Crick – odkrywcy struktury DNA.

i genetyce, ale przede wszystkim doprowadziło do zrozumienia, w jaki sposób następuje przepływ informacji genetycznej. Na bazie tego i innych odkryć dowiedziono, że informacja zawarta w DNA najpierw w jądrze komórkowym jest przepisywana na cząsteczkę informacyjnego RNA (mRNA), a dopiero mRNA w cytoplazmie służy jako wzór do łączenia się aminokwasów w odpowiedniej kolejności i tworzenia w ten sposób białek. Droga przepływu informacji od DNA przez RNA do białka została nazwana **podstawowym dogmatem biologii molekularnej** (ryc. I.1.2.). Informacja w centralnym dogmacie oznacza sekwencję nukleotydów w kwasach nukleinowych (DNA i RNA) lub sekwencję aminokwasów w białku. Podstawowy przepływ informacji genetycznej obejmuje:

otydyłów w kwasach nukleinowych (DNA i RNA) lub sekwencję aminokwasów w białku. Podstawowy przepływ informacji genetycznej obejmuje:

- a) kopiowanie DNA do DNA w czasie procesu zwanego **replikacją DNA**, którego istotą jest podwojenie jego ilości,



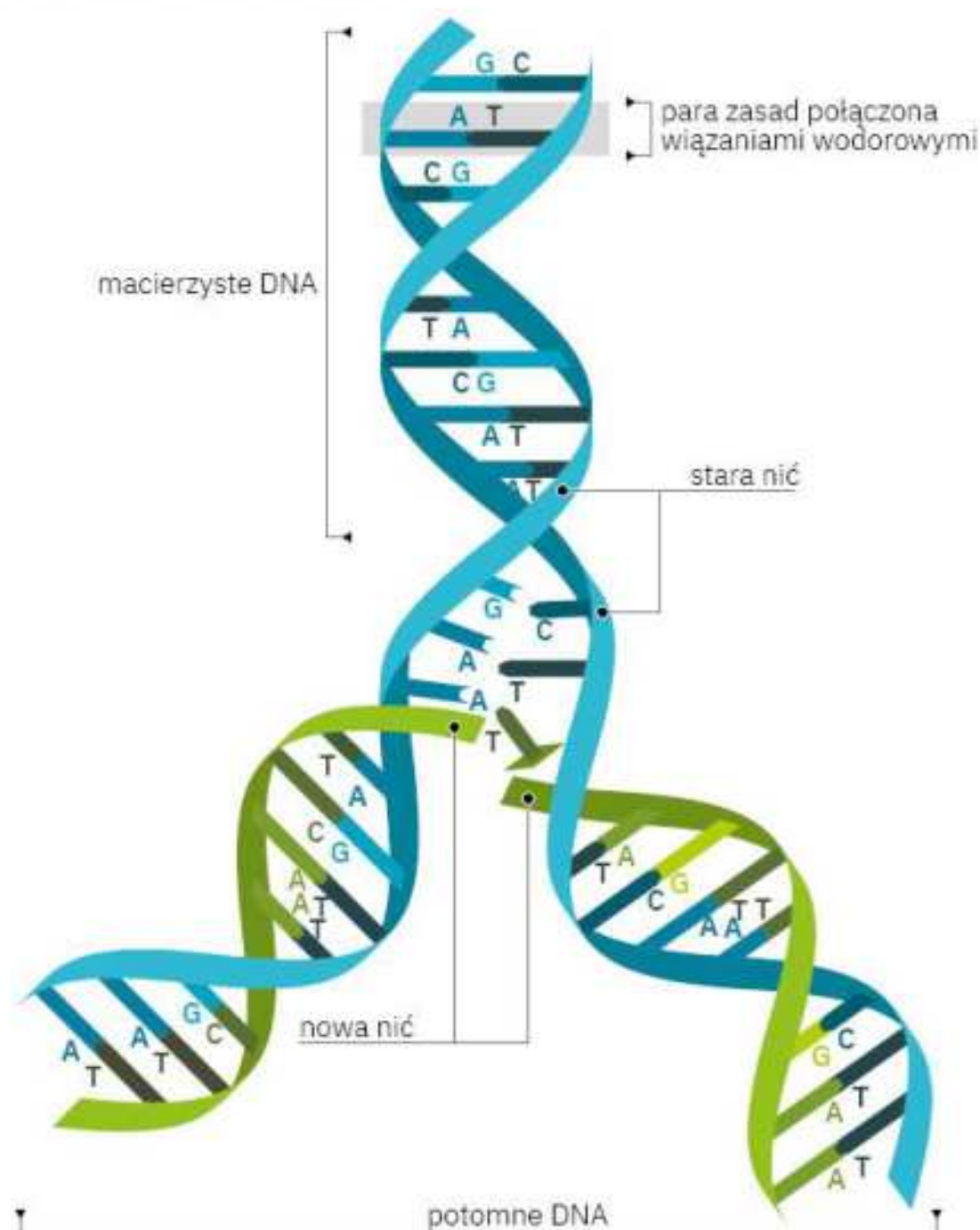
Ryc. I.1.2. Podstawowy dogmat biologii molekularnej opisuje drogę przepływu informacji genetycznej od DNA przez RNA do białka. Dzięki replikacji dzielące się komórki otrzymują własną kopię DNA. W procesie odwrotnej transkrypcji informacja jest przepisywana z RNA na DNA.

- b) kopiowanie informacji z DNA do RNA w procesie **transkrypcji**,
- c) syntezę białek w czasie **translacji** na podstawie informacji zapisanej w RNA.

Specjalnym rodzajem przepływu informacji jest **odwrotna transkrypcja**, w czasie której powstaje DNA na matrycy RNA.

Replikacja DNA

Replikacja DNA zachodzi w trakcie cyklu komórkowego. W procesie tym uczestniczy kilkanaście enzymów i białek. Polega on na rozdzieleniu dwóch nici podwójnej helisy DNA, do których są dobudowywane nowe nici, komplementarnie do każdej z rozdzielonych nici wyjściowych (ryc. I.1.3.). Syntezę nici DNA przeprowadza enzym zwany polimerazą DNA. Utworzone w wyniku replikacji potomne cząsteczki DNA zawierają jedną starą nić, pochodzącą z cząsteczki macierzystej, i jedną nową. Z tego względu o procesie replikacji mówimy, że jest **semikonserwatywny (półzachowawczy)**.



Ryc. I.1.3. Replikacja DNA.

Gen a genom

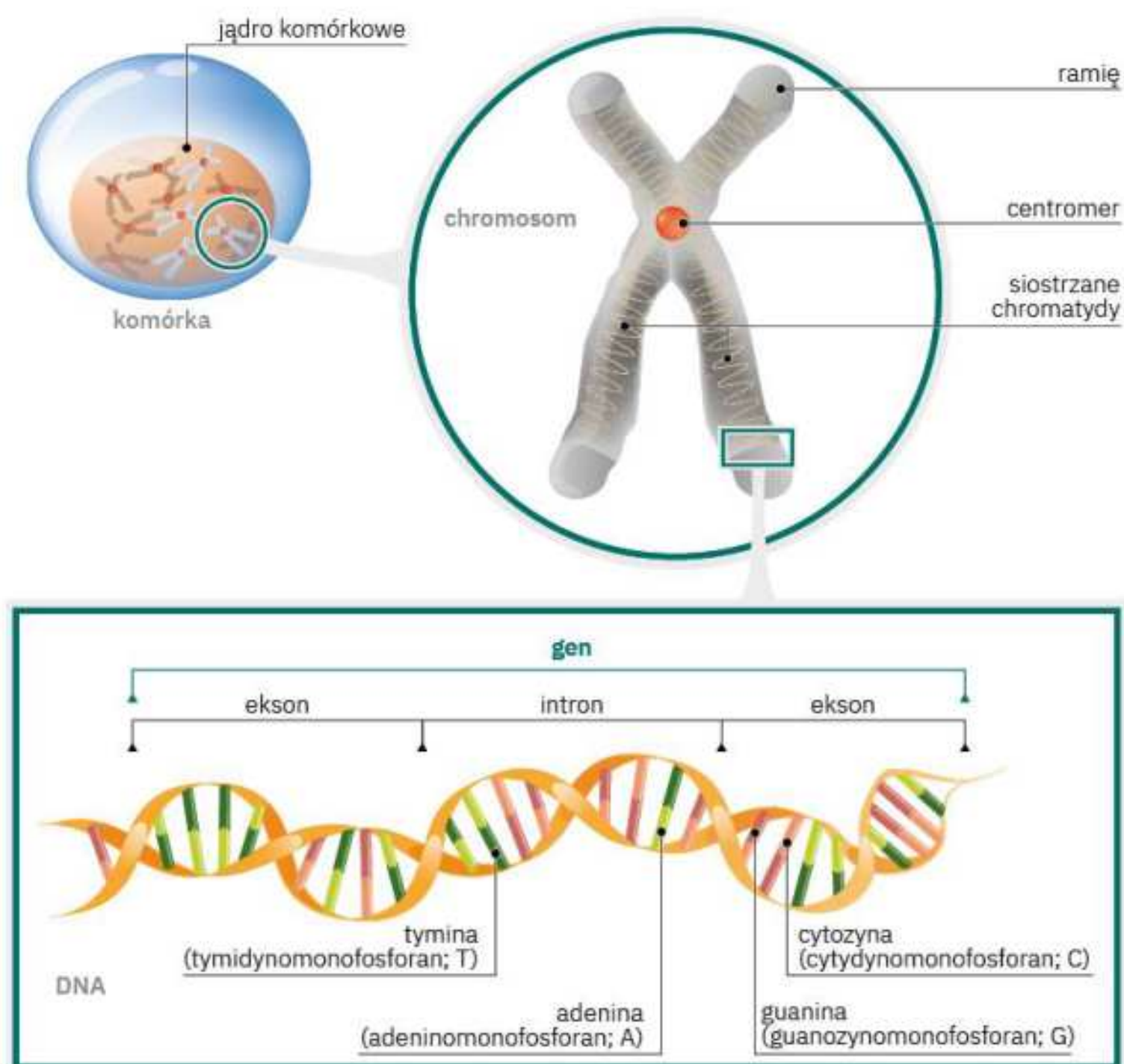
Całkowita informacja genetyczna konieczna do życia organizmu jest zapisana w **genomie**, który u większości organizmów, w tym u człowieka, składa się z DNA (tab. I.1.1.). Niektóre wirusy, czyli bezkomórkowe formy życia, mają genomy zbudowane z RNA. Genomy organizmów mają różną strukturę, np. genom eukariontów tworzą dwuniciowe, linowe cząsteczki DNA (chromosomy), a u bakterii genom ma postać dwuniciowej kolistej cząsteczki (chromosom bakteryjny) zlokalizowanej w obrębie nukleoidu.

Tab. I.1.1. Różnorodność genomów zbudowanych z DNA wybranych gatunków

Gatunek	Liczba par zasad [pz*]	Długość DNA [mm]	Liczba chromosomów [1n]
bakteriofag lambda (wirus bakteryjny)	$4,85 \times 10^4$	0,017	1
pałeczka okrężnicy <i>Escherichia coli</i> (czyt. escherichia koli, bakteria)	$4,7 \times 10^6$	1,4	1
drożdże piekarskie <i>Saccharomyces cerevisiae</i> (czyt. sakaromyces cerewizje, grzyb)	$1,25 \times 10^7$	4,6	16
muszka owocowa <i>Drosophila melanogaster</i> (czyt. drosofila)	$1,65 \times 10^8$	56	4
człowiek	$3,2 \times 10^9$	999,0	23

*pz – para zasad – liczba par zasad jest liczbą nukleotydów składających się na oba łańcuchy kwasu nukleinowego; służy do określania długości kwasów nukleinowych

W genomie, czyli w całym materiale genetycznym komórek, są zawarte **geny**. **Gen** to odcinek nukleotydów DNA zawierający informację potrzebną do utworzenia białka. Mówimy, że **geny ulegają ekspresji**, co oznacza, że informacja zawarta pierwotnie w DNA zostaje przekształcona w RNA, a potem w białko. Liczba genów człowieka wynosi ok. 20 000. Geny organizmów eukariotycznych składają się z rejonów nazwanych **intronami**, które nie kodują białka i nie ulegają translacji, oraz z rejonów kodujących, czyli **eksonów**. Rejony niekodujące i kodujące występują naprzemiennie (ryc. I.1.4.). U człowieka odsetek sekwencji kodujących białka jest mniejszy niż 1%.



Ryc. I.1.4. Gen to odcinek DNA. U organizmów eukariotycznych geny zawierają naprzemiennie ułożone odcinki kodujące (eksony) oraz niekodujące (introny).

Sekwencjonowanie genomów

Pod koniec lat 70. XX w. opracowano metodę, która pozwoliła na odczytywanie kolejności nukleotydów DNA i zapisanej tam informacji, czyli **sekwencjonowanie**. Początkowo sekwencjonowano pojedyncze geny, a następnie całe genomy. W 1985 r. założono konsorcjum (związek kilku przedsiębiorstw) wsparte przez rząd Stanów Zjednoczonych, które podjęło pracę nad zsekwencjonowaniem genomu jądrowego człowieka. Nazwano je *Programem Poznania Genomu Ludzkiego* (ang. *Human Genome Project*). Przy udziale firm prywatnych w 2001 r. rozszyfrowano genom człowieka. Obecnie znamy setki genomów organizmów należących do wszystkich domen życia. Odczytanie ich było możliwe dzięki udoskonaleniu metody sekwencjonowania, miniatur-

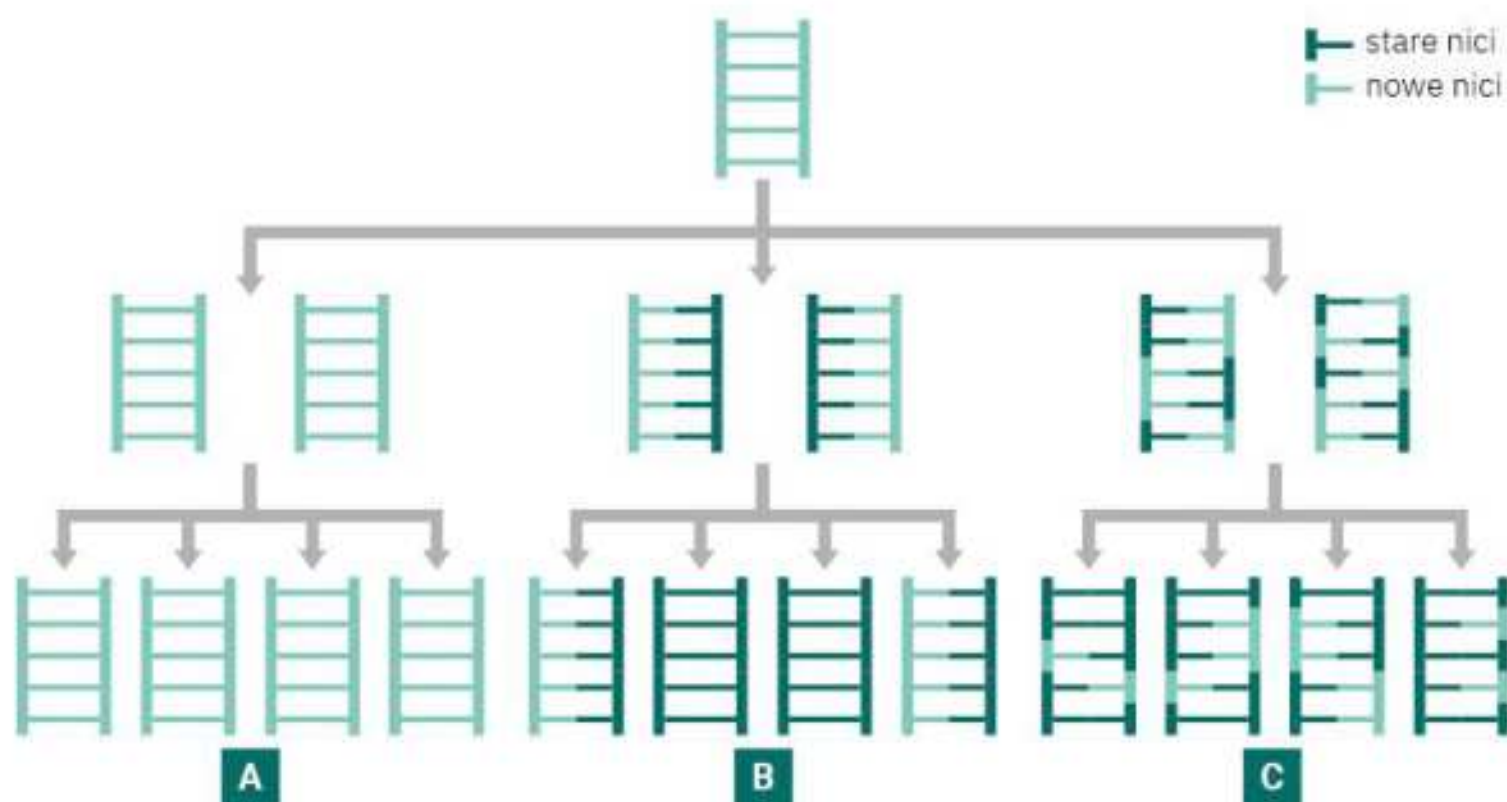
ryzacji urządzeń do sekwencjonowania (ryc. I.1.5.), osiągnięciom **bioinformatyki**, a przede wszystkim obniżeniu kosztów tych analiz.



Ryc. I.1.5.
Sekwencjator służy do analizy kolejności nukleotydów w DNA.

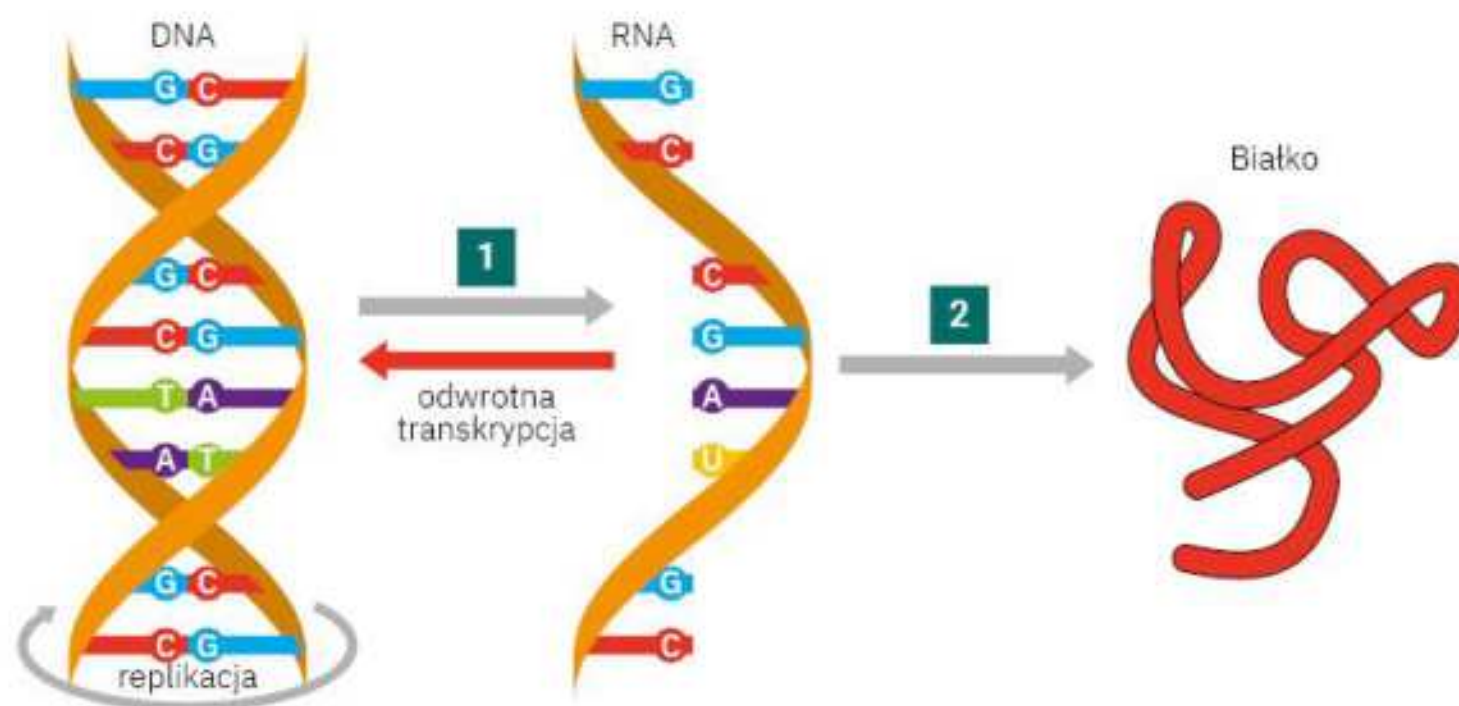
PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij różnicę między genomem i genem.
2. Wskaż, który z poniższych rysunków (A, B czy C) przedstawia replikację DNA semikonserwatywną. Wyjaśnij, na czym ona polega.



3. Wytłumacz, w jakim celu przeprowadza się sekwencjonowanie genomów. Podaj dwa przykłady.

4. Nazwij procesy oznaczone cyframi 1 i 2.



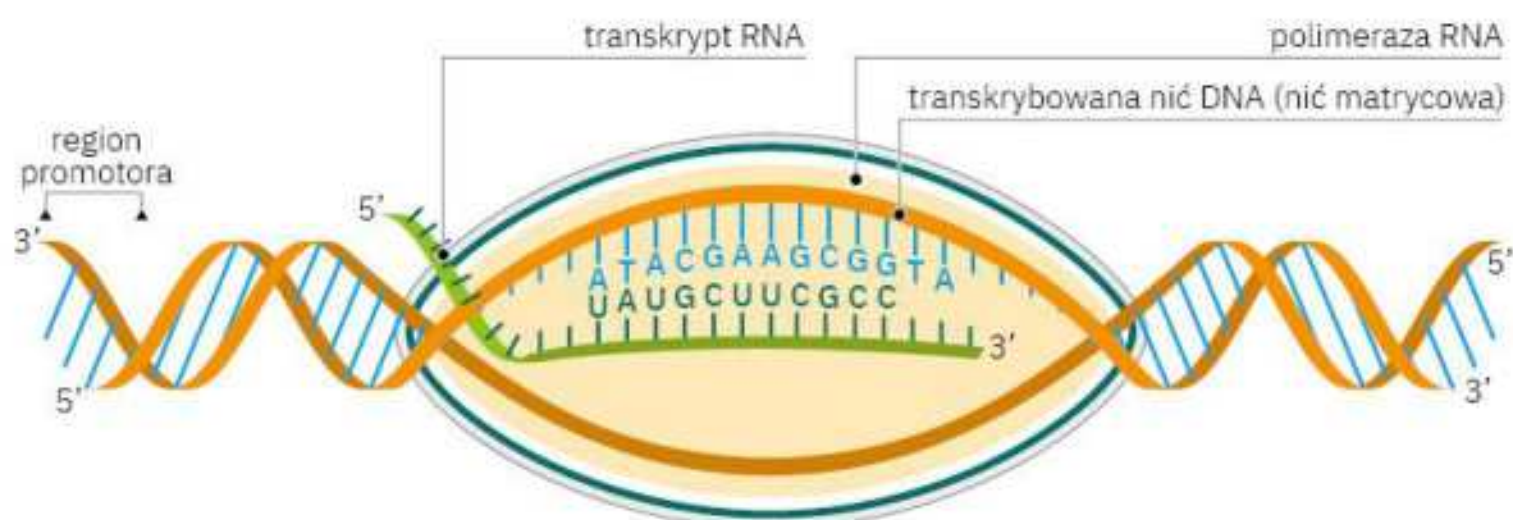
2. Ekspresja informacji genetycznej – od genu do białka

Każda komórka człowieka zawiera ok. 20 000 genów. Wiele z nich ulega ekspresji przez cały czas życia komórki, a inne – tylko w określonych sytuacjach (np. w odpowiedzi na zmianę warunków środowiska). Ekspresja genów to proces, w czasie którego informacja zawarta w DNA jest przekształcana w RNA (transkrypcja), a później w białko (translacja).

Transkrypcja – synteza RNA na matrycy DNA

Transkrypcja to proces syntezy RNA na bazie DNA. Produktem transkrypcji genów kodujących białka jest cząsteczka RNA zwana **informacyjnym RNA (mRNA)**. Stanowi ona kopię genu oraz zawiera „instrukcję” przepisaną z DNA i służącą do budowy białka. Co ważne, dla każdego genu transkrypcji ulega tylko jedna z nici DNA – nazwana **nicią matrycową**. Jeśli weźmiemy pod uwagę liczbę i rozmieszczenie genów w genomie człowieka, to pojawia się pytanie, skąd wiadomo, który gen ma ulec ekspresji i w którym miejscu ma się ona rozpocząć, tak aby powstało to właśnie mRNA. Miejsce rozpoczęcia transkrypcji na nici DNA nazywa się **promotorem** i jest dokładnie „oznakowane” przez określone sekwencje nukleotydów. Proces transkrypcji obejmuje trzy etapy: inicjację, elongację oraz terminację. Kluczową rolę w transkrypcji u organizmów eukariotycznych odgrywa enzym **polimeraza II RNA**.

W czasie inicjacji transkrypcji polimeraza II RNA łączy się z promotorem, nici DNA rozplatają się i zaczyna się synteza RNA. Synteza RNA odbywa się na zasadzie komplementarności do matrycowej nici DNA – odpowiednikiem tyminy (T) w RNA jest uracyl (U) i to on tworzy parę z adeniną (U–A), a guanina z cytozyną (G–C; ryc. I.2.1.). **Elongacja transkrypcji** polega na przesuwaniu się polimerazy II RNA wzdłuż nici DNA, rozplataniu kolejnych jej odcinków i dobudowywaniu komplementarnych nukleotydów do nowo syntetyzowanej cząsteczki RNA (ryc. I.2.1.). Po ukończeniu transkrypcji w danym miejscu nici DNA splatają się z powrotem. **Terminacja transkrypcji** polega najpierw na odłączeniu nowo utworzonej cząsteczki RNA, a następnie na uwolnieniu enzymu. Sygnałem do jej zakończenia są także specyficzne sekwencje nukleotydowe na nici DNA.



Ryc. I.2.1. Przebieg transkrypcji.

Nowo powstałą cząsteczkę mRNA u organizmów eukariotycznych nazywamy **pierwotnym transkrypcem RNA** lub **pre-mRNA**. Zanim pre-mRNA dotrze do cytoplazmy, enzymy w jądrze komórkowym przeprowadzają jego modyfikacje, zwane **dojrzewaniem RNA**. Polimeraza II RNA, syntetyzując nową cząsteczkę RNA, przepisuje z DNA zarówno eksony, jak i introny. Przed opuszczeniem jądra z pre-mRNA muszą zostać usunięte odcinki niekodujące, a odcinki kodujące – połączone ze sobą. Dopiero taka cząsteczką mRNA jest transportowana do cytoplazmy, gdzie bierze udział w translacji.

Kod genetyczny

Kod genetyczny został rozszyfrowany 60 lat temu. Stanowi on zbiór podstawowych zasad wskazujących, w jaki sposób komórka ma odczytywać informację genetyczną zapisaną w postaci czterech nukleotydów, aby na drodze translacji uzyskać białko. Eksperymenty wykazały, że przepływ informacji od genu do białka opiera się na **kodzie trójkowym**. Oznacza to, że instrukcja genetyczna, na bazie której powstaje łańcuch polipeptydowy białka, jest zapisana w postaci serii trójek nukleotydowych zwanych **kodonami** lub **tripletami** (ryc. 1.2.2.). Na przy-

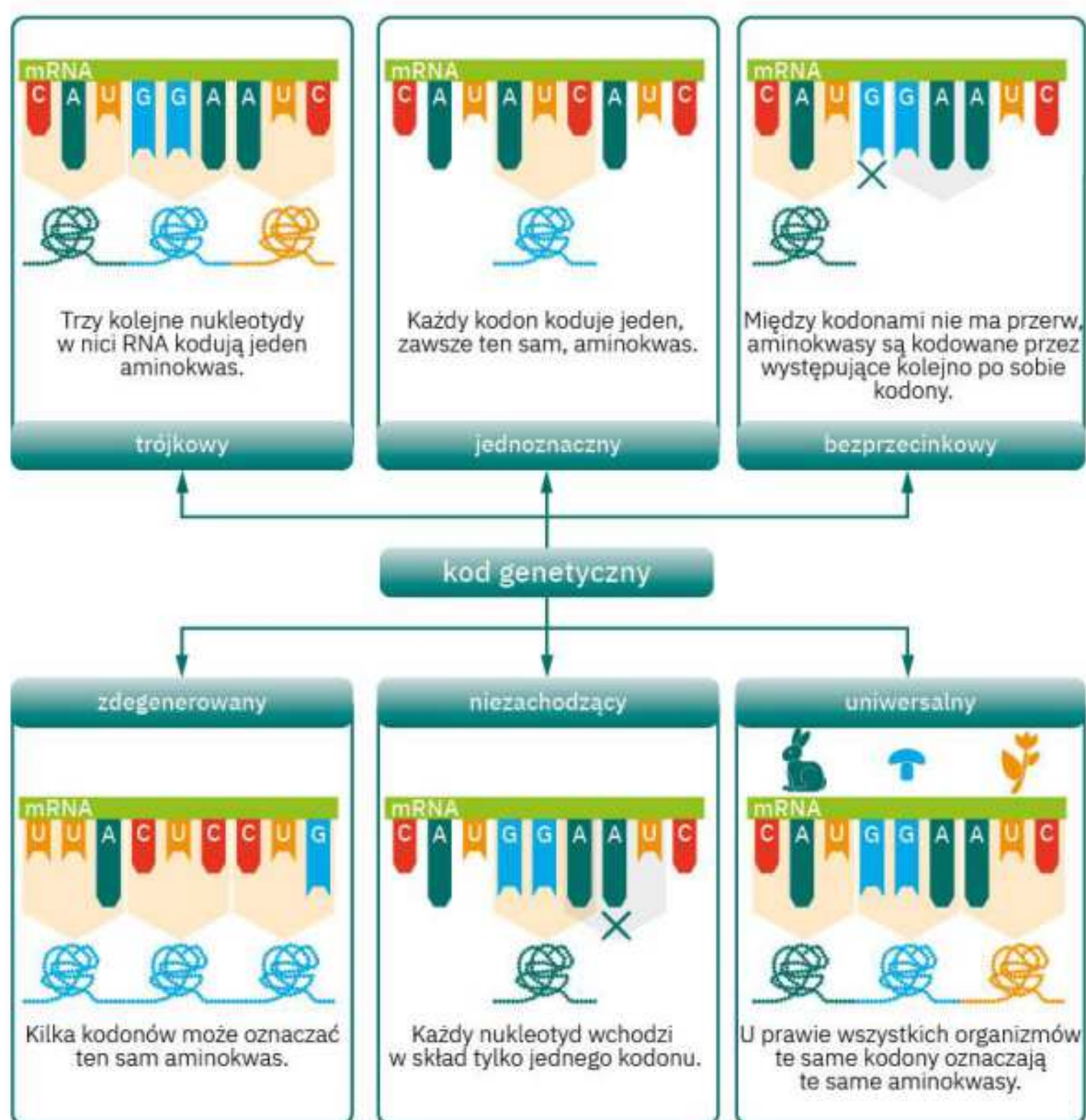
kład kodon AGT znajdujący się w określonym miejscu łańcucha DNA oznacza, że w nowo utworzonym łańcuchu polipeptydowym zostanie wstawiony aminokwas seryna. Kod genetyczny składa się z 64 kodonów podanych w **tabeli kodu genetycznego** (ryc. I.2.2.). 61 kodonów koduje 20 aminokwasów białkowych, a 3 pozostałe oznaczają sygnał zakończenia syntezy białka. Kodon AUG odgrywa podwójną rolę: koduje aminokwas metioninę (u bakterii formylometioninę) oraz jest sygnałem startu translacji. Kod genetyczny uwzględnia kodony mRNA, ponieważ to one służą bezpośrednio jako szablon do syntezy białka. Należy pamiętać, że mRNA ma sekwencję komplementarną do nici matrycowej DNA, więc w tym ujęciu kod genetyczny ma również zastosowanie do DNA. W czasie translacji mRNA jest odczytywany jako sekwencja kolejnych tripletów zasad (**ramka odczytu**), z których każdy stanowi jeden aminokwas dodawany kolejno do nowo tworzonego łańcucha polipeptydowego.

		DRUGA LITERA				
		U	C	A	G	
PIERWSZA LITERA	U	UUU fenyloalanina	UCU	UAU tyrozyna	UGU cysteina	U
		UUC	UCC seryna	UAC	UGC	C
		UUA leucyna	UCA	UAA STOP	UGA STOP	A
		UUG	UCG	UAG	UGG tryptofan	G
	C	CUU leucyna	CCU prolina	CAU histydyna	CGU arginina	U
		CUC	CCC	CAC	CGC	C
		CUA	CCA	CAA glutamina	CGA	A
		CUG	CCG	CAG	CGG	G
	A	AUU izoleucyna	ACU treonina	AAU asparagina	AGU seryna	U
		AUC	ACC	AAC	AGC	C
		AUA	ACA	AAA lizyna	AGA arginina	A
		AUG metionina – START	ACG	AAG	AGG	G
	G	GUU walina	GCU alanina	GAU asparaginian	GGU glicyna	U
		GUC	GCC	GAC	GGC	C
		GUA	GCA	GAA glutaminian	GGA	A
		GUG	GCG	GAG	GGG	G
						TRZECIA LITERA

Ryc. I.2.2. Kod genetyczny zapisany w postaci kodonów mRNA. Trzy zasady kodonu (tripletu) mRNA są zapisane na pozycji pierwszej (lewa strona tabeli), drugiej (nagłówki tabeli) i trzeciej (prawa strona tabeli).

Cechy kodu genetycznego

Kod genetyczny działa na podstawie kodonów nukleotydowych, dlatego nazywamy go **trójkowym**. Kod genetyczny jest **zdegenerowany**, co oznacza, że kilka kodonów koduje ten sam aminokwas (ryc. I.2.2.). Na przykład leucynę koduje sześć różnych kodonów. Co ważne, kod genetyczny jest **jednoznaczny**, gdyż dany kodon odpowiada tylko jednemu aminokwasowi. W czasie translacji kolejne nukleotydy mRNA są odczytywane trójkami jako ciąg nienakładających się na siebie tripletów (ryc. I.2.2.). Z tego względu kod genetyczny określamy jako **niezachodzący**. Dodatkowo między kolejnymi kodonami nie występują przerwy (wolne nukleotydy), co oznacza, że kod genetyczny jest **beprzecinkowy** (ryc. I.2.3.). Początkowo uznawano, że kod genetyczny ma charakter **uniwersalny**,



Ryc. I.2.3. Cechy kodu genetycznego.

czyli wspólny dla wszystkich organizmów. W większości przypadków kodony u bakterii, roślin czy zwierząt oznaczają te same aminokwasy. Wyjątkami od uniwersalności kodu genetycznego są niektóre organizmy (m.in. grzyby) oraz niektóre organelle.

PYTANIA I POLECENIA

1. Uzupełnij tekst, wybierając jeden z zaproponowanych terminów. Poprawny tekst zapisz w zeszycie.

Inicjacja transkrypcji polega na związaniu się *polimerazy II RNA / polimerazy II DNA* z DNA, rozpleceniu jego nici i rozpoczęciu syntezy RNA na zasadzie komplementarności do matrycowej nici DNA, czyli A–U, G–C / A–T, G–C. Elongacja transkrypcji polega na przesuwaniu się polimerazy wzdłuż nici *RNA / DNA* i dobudowywaniu komplementarnych nukleotydów do nowo syntetyzowanej cząsteczki. Sygnałem do jej zakończenia są także *specyficzne sekwencje nukleotydowe / kodony STOP*.

2. Korzystając z tabeli kodu genetycznego, wypisz w zeszycie kodony kodujące podane aminokwasy.

a) walina b) seryna c) metionina d) lizyna

3. Wskaż, jakiej cechy kodu genetycznego dotyczy poniższy opis.

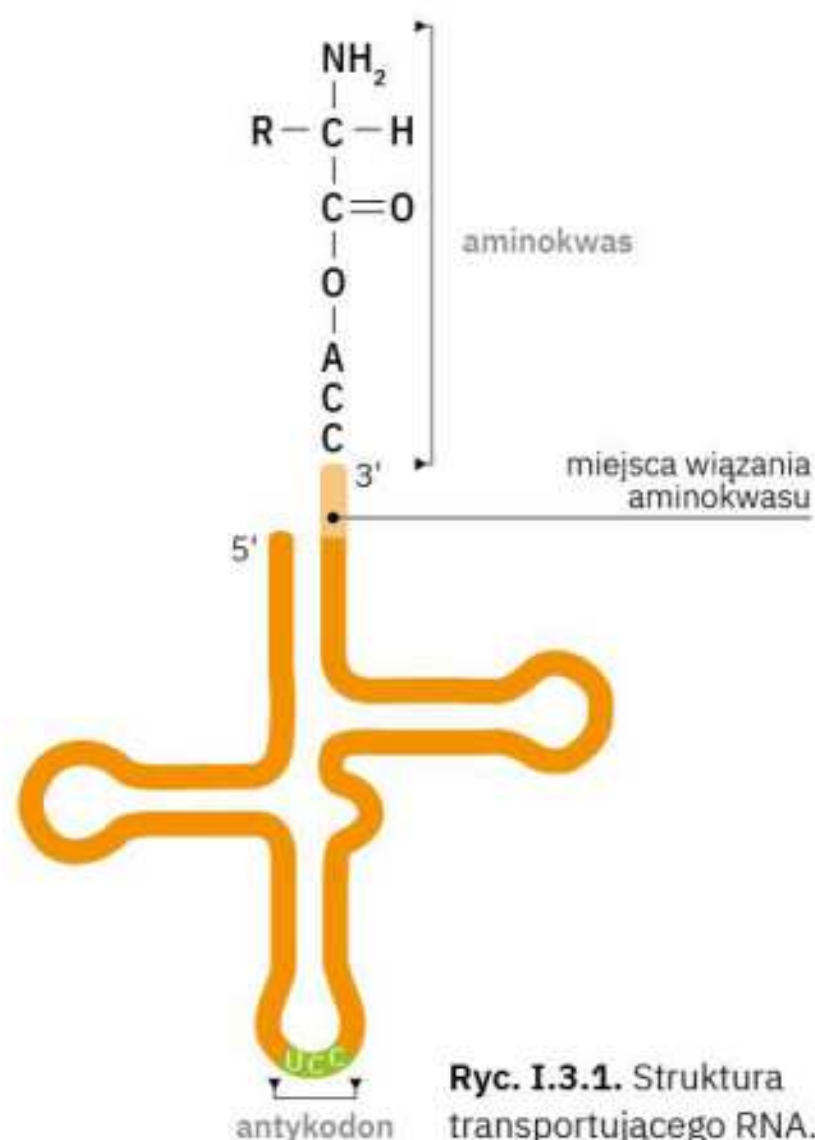
W kodzie genetycznym dany kodon odpowiada tylko jednemu aminokwasowi.

- a) zdegenerowany
b) jednoznaczny
c) bezprzecinkowy
d) uniwersalny

3. Translacja – biosynteza białka

Translacja to synteza białka, w czasie której informacja zawarta w sekwencji kodonów mRNA zostaje przetłumaczona na sekwencję aminokwasów łańcucha polipeptydowego. Cząsteczką pośredniczącą w jej odczytywaniu jest **transportujący RNA**, czyli **tRNA**. Odpowiada on za przeniesienie wolnego aminokwasu do rybosomu, który wbudowuje go do powiększającego się łańcucha polipeptydowego.

Budowa i znaczenie tRNA



Ryc. I.3.1. Struktura transportującego RNA.

Cząsteczka tRNA składa się z pojedynczej nici RNA o długości ok. 80 nukleotydów, która zwiija się na pewnych odcinkach i tworzy komplementarne fragmenty dwuniciowe (ryc. I.3.1.). Trójwymiarowa struktura tRNA przypomina kształtem odwróconą literę L. Na jednym końcu cząsteczki tRNA znajduje się **antykonon**, czyli triplet nukleotydów komplementarny do kodonu w mRNA. Na drugim końcu występuje **miejsce wiązania aminokwasu**. Zatem tRNA jest swego rodzaju pomostem rozpoznającym właściwy kodon na mRNA, na podstawie którego wiąże i transportuje jeden konkretny aminokwas.

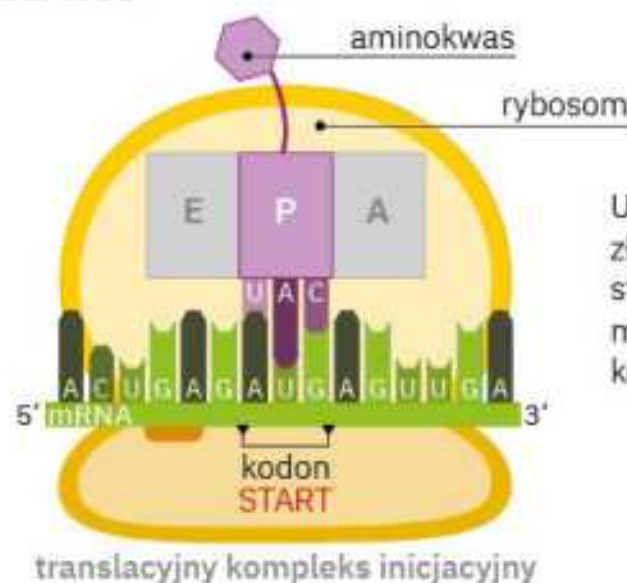
Przebieg translacji

Translacja zachodzi na **rybosomach**, które ułatwiają parowanie się kodonów mRNA z antykononami tRNA. Dodatkowo pełnią funkcję rusztowania – przytrzymują cały kompleks w taki sposób, aby możliwa była reakcja między kolejnymi aminokwasami i wytworzenie łączącego je wiązania chemicznego. Rybosom składa się z dwóch podjednostek i jest zbudowany z białek i cząsteczek **rybosomowego RNA (rRNA)**.

Translację, podobnie jak transkrypcję, dzielimy na trzy etapy: inicjację, elongację oraz terminację. W proces ten jest zaangażowanych wiele białek, a dodatkowo wymaga on dostarczenia energii.

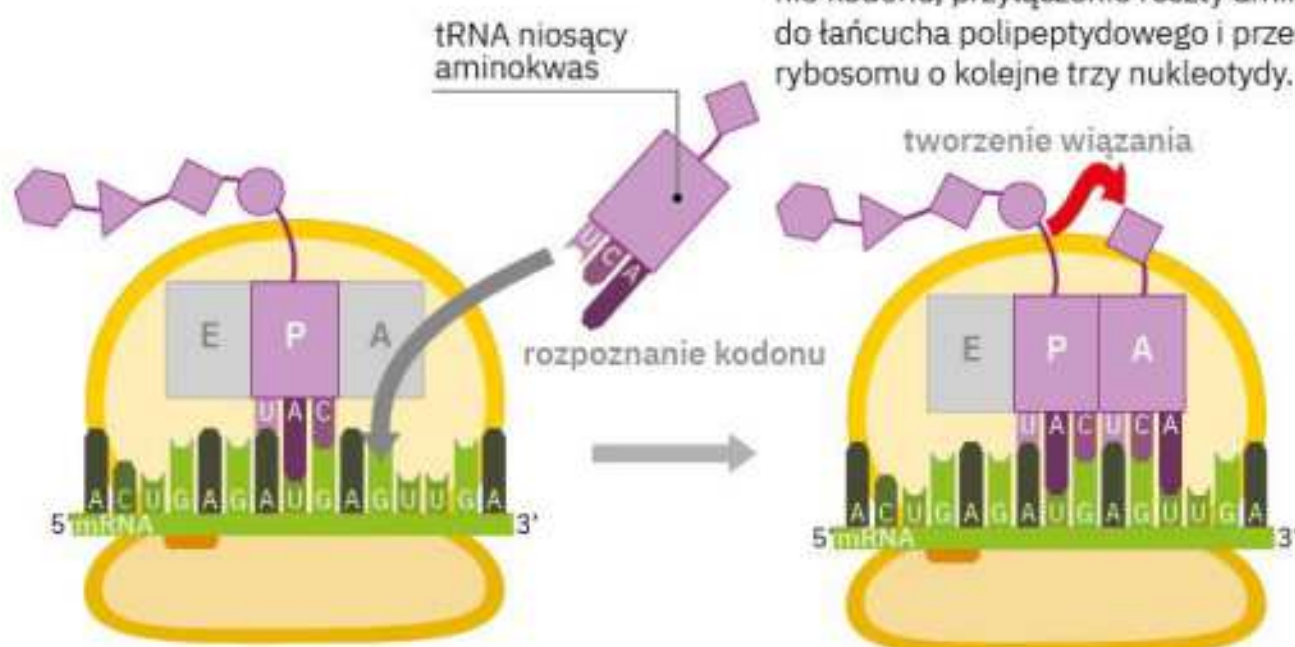
Inicjacja translacji polega na połączeniu się rybosomu z mRNA oraz z tRNA niosącym aminokwas metioninę (tzw. tRNA inicjatorowy). Związanie tRNA rozpoczynającego translację umożliwia przyjęcie tRNA z kolejnym aminokwasem (ryc. I.3.2.).

INICJACJA TRANSLACJI



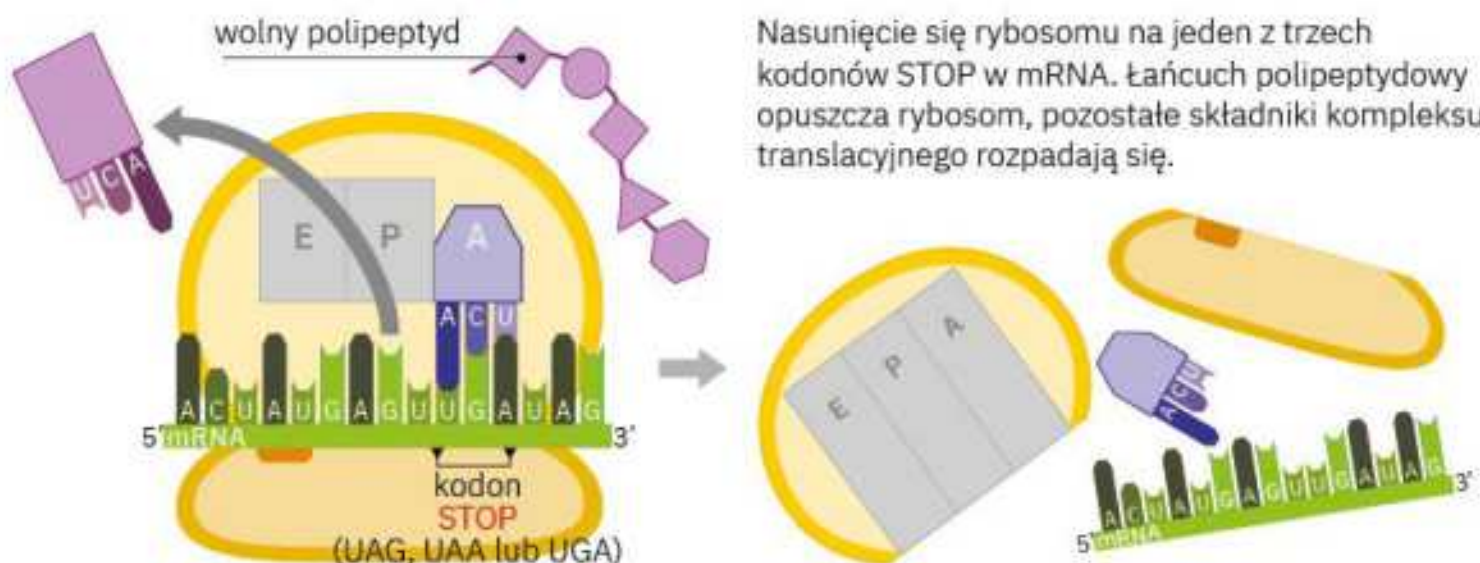
Utworzenie kompleksu inicjującego, złożonego z mRNA, obu podjednostek rybosomu oraz tRNA niosącego metioninę, który przyłącza się do kodonu startowego.

ELONGACJA



Dołączanie kolejnych aminokwasów, określonych przez kodony na mRNA. Cykl obejmuje: rozpoznanie kodonu, przyłączenie reszty aminokwasowej do łańcucha polipeptydowego i przesunięcie rybosomu o kolejne trzy nukleotydy.

TERMINACJA



Nasunięcie się rybosomu na jeden z trzech kodonów STOP w mRNA. Łańcuch polipeptydowy opuszcza rybosom, pozostałe składniki kompleksu translacyjnego rozpadają się.

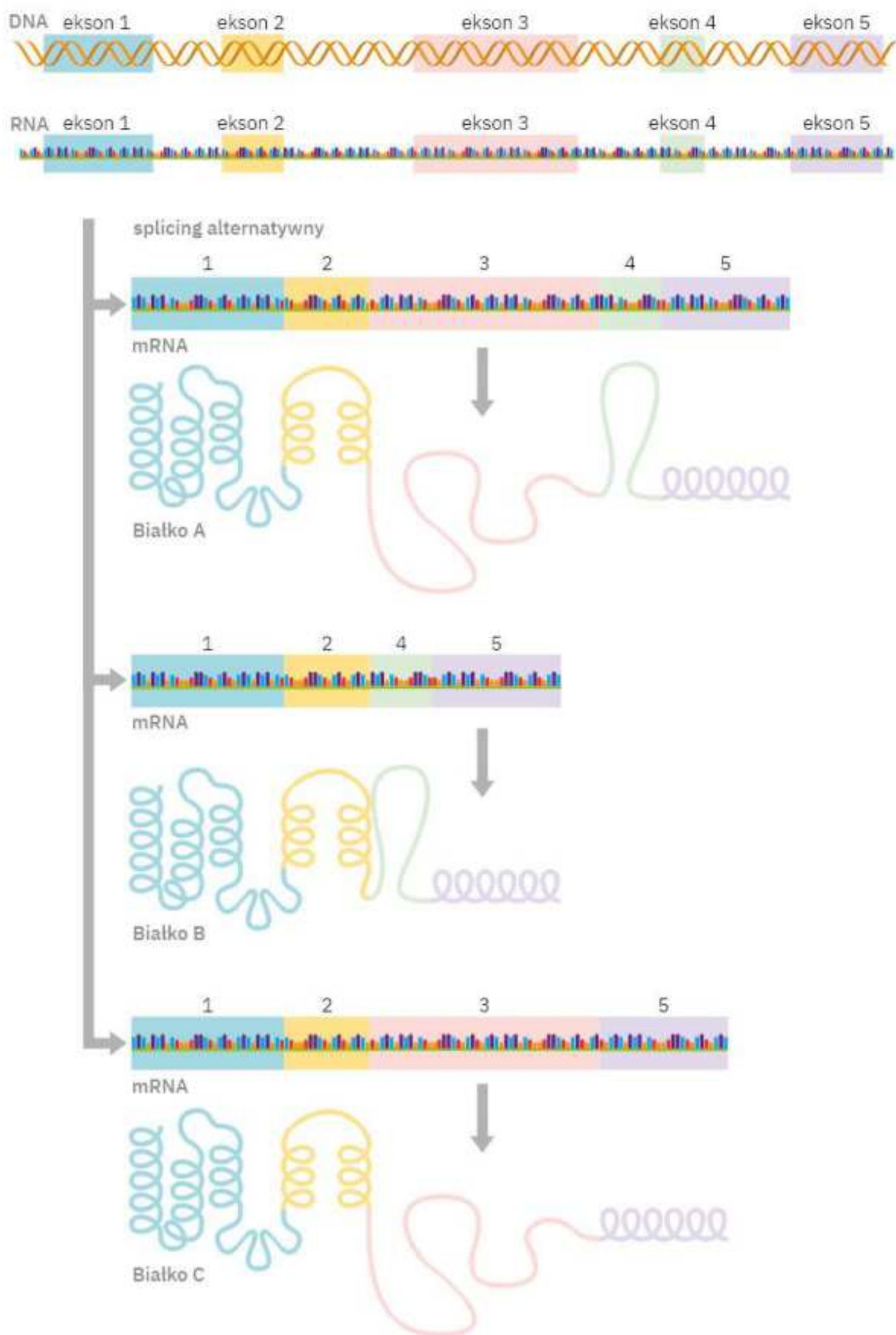
Ryc. I.3.2. Przebieg translacji.

Elongacja translacji polega na rozpoznawaniu kolejnych kodonów przez tRNA i przyłączaniu właściwych aminokwasów. W tym celu rybosom przesuwa się po cząsteczce mRNA, a przez to pozwala na odczytywanie kodonu po kodonie. Po sparowaniu kodonu mRNA z antykodonem tRNA dochodzi do wytworzenia wiązania chemicznego między aminokwasami. Cykl powtarza się aż do momentu odczytania wszystkich kodonów danego genu (ryc. I.3.2.). **Terminacja translacji** zachodzi, kiedy na nici mRNA zostanie rozpoznany kodon STOP (UGA, UAA, UAG) oznaczający zakończenie całego procesu. Utworzony polipeptyd zostaje uwolniony, a cały kompleks się rozpada. Powstały w czasie translacji łańcuch polipeptydowy podlega przemianom prowadzącym do wytworzenia aktywnego białka pełniącego określone funkcje.

Regulacja ekspresji genów

Liczba rodzajów komórek, zróżnicowanie budowy i funkcji organizmu wielokomórkowego oraz odpowiednia i szybka reakcja na zmieniające się warunki środowiska wymagają istnienia wysoce sprawnego systemu **regulacji ekspresji genów**. Komórki, mimo że zawierają taką samą informację genetyczną, różnią się między sobą właśnie dlatego, że ekspresja genów podlega kontroli, a w każdej z komórek tylko część informacji genetycznej jest aktywna. Regulacja ekspresji genu ma miejsce na każdym etapie przepływu informacji genetycznej. U eukariontów zachodzi ona na etapie transkrypcji, dojrzewania mRNA, eksportu mRNA z jądra do cytoplazmy, translacji, a także na poziomie samego białka.

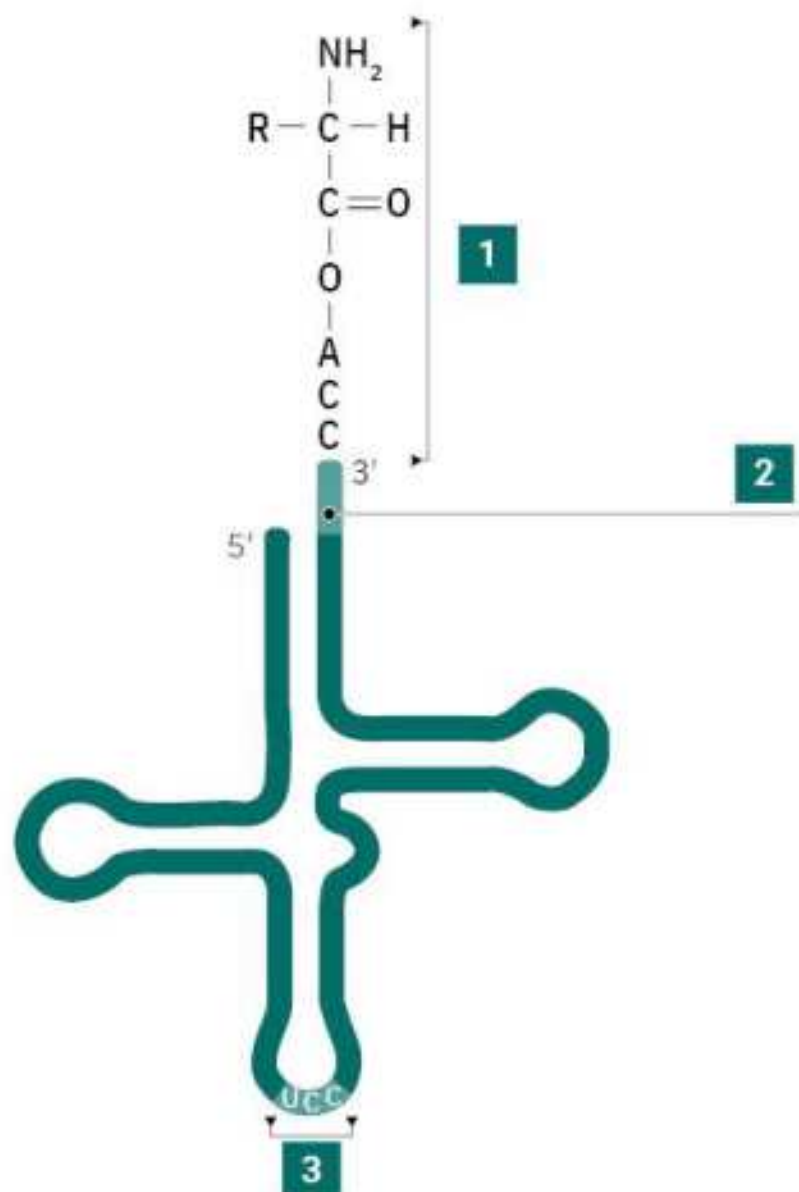
Jednym z przykładowych mechanizmów regulacji ekspresji genów jest **zmiana szybkości transkrypcji danego genu**. Regulacja opiera się na aktywności wyspecjalizowanych białek zwanych czynnikami transkrypcyjnymi, które mogą wzmacniać lub osłabiać wydajność transkrypcji genów. Inny przykład regulacji to **splicing alternatywny** (czytaj: splajsing) polegający na różnym sposobie łączenia się eksonów z pre-mRNA (ryc. I.3.3.). W ten sposób z jednego genu może powstać więcej niż jedna cząsteczka mRNA, a co za tym idzie – kilka różnych białek.



Ryc. I.3.3. W czasie splicingu alternatywnego eksony są łączone w różnych kombinacjach.

PYTANIA I POLECENIA

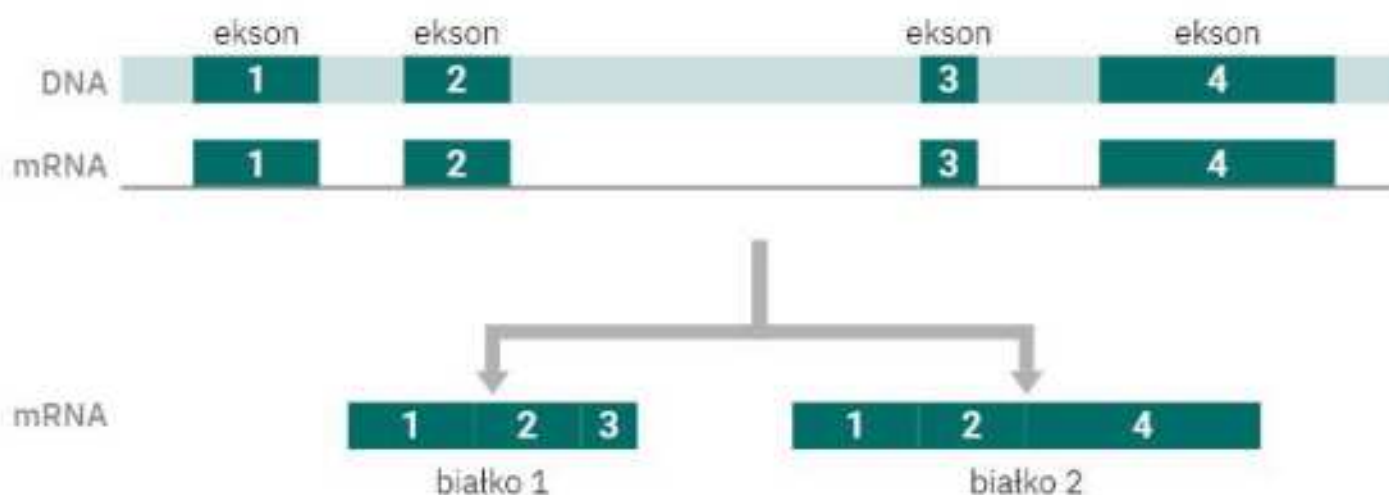
1. Nazwij i omów udział w translacji cząsteczki przedstawionej na schemacie.



2. Poniżej podano sekwencję nukleotydową cząsteczki mRNA, która zaczyna się kodonem AUG oznaczającym początek translacji i kodującym aminokwas metioninę. Korzystając z tabeli kodu genetycznego (ryc. II.2.2.), zapisz w zeszycie sekwencję aminokwasową łańcucha polipeptydowego. Zaczniij od miejsca startu translacji.

AUGGCAUCCGCAAAUCCUGGGGGGCUCUGA

3. Podaj nazwę oraz znaczenie procesu przedstawionego za pomocą poniższego schematu. Wyjaśnij jego biologiczne znaczenie.



Podsumowanie działu

1. DNA jako nośnik informacji genetycznej

- Do zrozumienia roli DNA przyczyniło się wiele odkryć, w tym odkrycie jego struktury przez Watsona i Cricka.
- Podstawowy dogmat biologii molekularnej wskazuje, w jakim kierunku przepływa informacja genetyczna – od DNA przez RNA do białka.
- Proces syntezy mRNA na matrycy DNA to transkrypcja. Proces syntezy białka nazywa się translacją, a replikacja DNA to proces jego kopiowania.
- W czasie replikacji nici podwójnej helisy DNA ulegają rozpleceniu, a enzym polimeraza DNA przeprowadza syntezę nowych nici.
- Replikacja jest procesem semikonserwatywnym, ponieważ w potomnych cząsteczkach DNA jedna nić jest nowa, a druga – stara.
- Informacja genetyczna każdego organizmu jest zapisana w genomie zbudowanym z DNA (u większości organizmów) lub RNA (u wirusów).
- Genom zawiera geny, czyli odcinki nukleotydów DNA niosące informację o budowie białek. W genomie człowieka mieści się ok. 20 000 genów, które stanowią mniej niż 1% całkowitego DNA.
- Geny ulegają ekspresji, w czasie której informacja zawarta w DNA jest przepisywana na RNA, a następnie na białko.
- Geny organizmów eukariotycznych składają się z intronów (odcinków niekodujących białek) oraz eksonów (odcinków kodujących).
- Sekwencjonowanie genomów to odczytywanie kolejności nukleotydów DNA.
- Genom człowieka zsekwencjonowano w 2001 r. Do dziś poznano genomy setek organizmów.

2. Ekspresja informacji genetycznej – od genu do białka

- Transkrypcja to proces syntezy RNA na matrycy DNA. Produktem transkrypcji jest cząsteczka informacyjnego RNA (mRNA).
- Transkrypcja genu rozpoczyna się w ściśle określonym miejscu DNA i obejmuje trzy etapy: inicjację, elongację i terminację.
- Synteza nowej nici RNA opiera się na zasadzie komplementarności z nukleotydami nici matrycowej DNA. Za dobudowanie kolejnych nukleotydów i wydłużanie nici odpowiada polimeraza II RNA.

- U organizmów eukariotycznych produktem transkrypcji jest pierwotny transkrypt (pre-mRNA), z którego są wycinane introny, a eksony łączone ze sobą.
- Kod genetyczny to zbiór podstawowych zasad wskazujących, w jaki sposób komórka ma odczytywać informację zapisaną w sekwencji nukleotydów, aby uzyskać z niej białko.
- Kod genetyczny opiera się na kolejnych trójkach nukleotydów mRNA zwanych kodonami lub tripletami, z których każdy odpowiada jednemu aminokwasowi dodawanemu do nowo tworzonego łańcucha polipeptydowego.
- Kod genetyczny jest trójkowy (tworzą go trzy kolejne nukleotydy), zdegenerowany (kilka kodonów koduje ten sam aminokwas), jednoznaczny (dany kodon odpowiada tylko jednemu aminokwasowi), niezachodzący (informacja jest odczytywana jako ciąg kolejnych tripletów), bezprzecinkowy (brak w kodzie wolnych nukleotydów między kodonami) oraz uniwersalny (u zdecydowanej większości organizmów te same kodony oznaczają te same aminokwasy).

3. Translacja – biosynteza białka

- Translacja to synteza białka, w czasie której informacja zawarta w sekwencji kodonów mRNA jest tłumaczona na sekwencję aminokwasów w białku.
- Cząsteczka tRNA zawiera antykodon, który rozpoznaje komplementarnym kodonem w mRNA oraz miejsce wiązania aminokwasu.
- Translacja zachodzi na rybosomach, które umożliwiają parowanie się kodonów mRNA i tRNA oraz syntezę wiązania chemicznego między kolejnymi aminokwasami.
- Inicjacja translacji polega na łączeniu się mRNA z podjednostkami rybosomu oraz z tRNA niosącym metioninę.
- Elongacja translacji polega na rozpoznawaniu kolejnych kodonów przez tRNA i przyłączaniu odpowiednich aminokwasów. Etap ten przebiega do kodonu STOP na mRNA. Polipeptyd opuszcza rybosom, a kompleks translacyjny się rozpada.
- Regulacja ekspresji genów ma miejsce na każdym etapie przepływu informacji genetycznej.
- Przykładami mechanizmów regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych są zmiana szybkości transkrypcji genu oraz splicing alternatywny.



GENETYKA KLASYCZNA

1. Dziedziczenie cech

Od odkrycia budowy DNA wiadano, że jest w nim zapisana informacja genetyczna. Jednak przez wiele lat nie potrafiono wytłumaczyć sposobu przekazywania cech z pokolenia na pokolenie. Dopiero w XIX w. czeski zakonnik, z wykształcenia przyrodnik, Gregor Johann Mendel (1822–1884) odkrył dowody na istnienie czynników odpowiedzialnych za dziedziczenie, zwanych dzisiaj genami.

Na podstawie własnych badań Mendel sformułował proste reguły przekazywania cech z pokolenia na pokolenie, nazywane obecnie **prawami Mendla**.

I prawo Mendla

Mendel doświadczenia prowadził na **grochu zwyczajnym**, którego odmiany krzyżował między sobą (ryc. II.1.1.).

Hodując groch zwyczajny, Mendel krzyżował rośliny pochodzące z **czystych linii**, czyli osobników, u których dana cecha, np. biały kolor kwiatów, utrzymuje



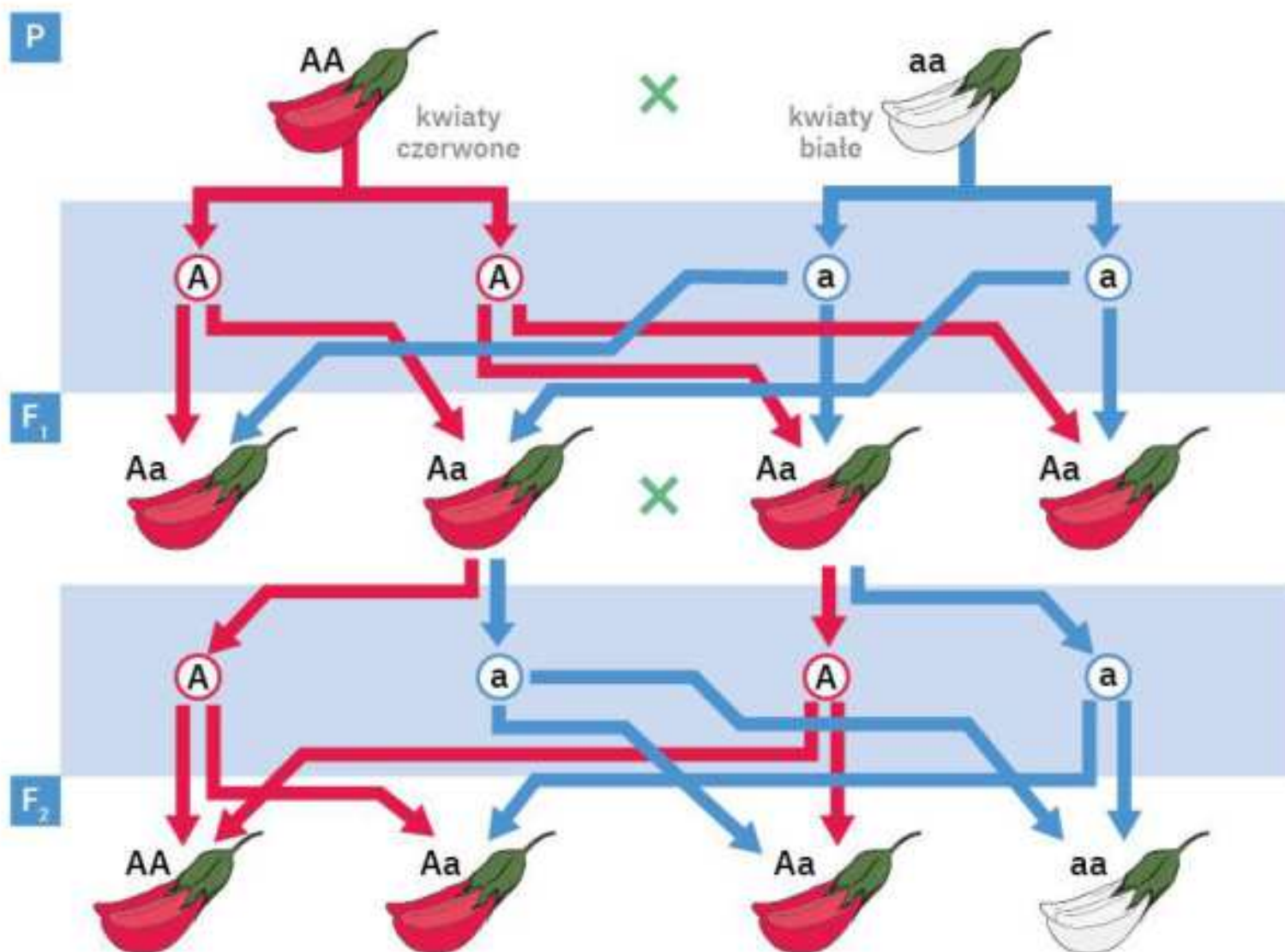
Ryc. II.1.1. Groch zwyczajny (*Pisum sativum*) jest prosty w uprawie i powszechnie dostępny oraz samopylny. Można łatwo przeprowadzić jego sztuczne zapylanie oraz ochronić przed samozapylaniem i zapylaniem przez owady.

się z pokolenia na pokolenie (ryc. II.1.2.). Następnie krzyżował ze sobą osobniki z dwóch linii czystych – groch o kwiatach białych z grochem o kwiatach czerwonych, przenosząc pyłek kwiatowy z jednej rośliny na drugą. Rośliny te stanowiły **pokolenie rodzicielskie** (łac. *parentes* – rodzice), oznaczane literą **P**. Użyte z tych roślin nasiona wysiewał i otrzymywał nowe **pokolenie potomne**, oznaczane literą **F** (łac. *filii* – potomstwo).

Mendel po skrzyżowaniu roślin o kwiatach białych z roślinami o kwiatach czerwonych otrzymał w pierwszym pokoleniu potomnym – F_1 – wyłącznie rośliny o kwiatach czerwonych. Było to podstawą wniosku, że barwa czerwona kwiatów jest **cechą dominującą**, a barwa biała kwiatów – **cechą recesywną**, ponieważ nie ujawniła się w potomstwie. Następnie Mendel krzyżował ze sobą rośliny pokolenia F_1 i otrzymał pokolenie F_2 , które składało się

z osobników o kwiatach czerwonych i białych. Grochu o kwiatach czerwonych było trzy razy więcej niż grochu o kwiatach białych. Na tej podstawie Mendel wywnioskował, że barwa biała kwiatów grochu – cecha recesywna – nie zanikała w pokoleniu F_2 , chociaż nie była widoczna. Cecha recesywna została stłumiona cechą dominującą – barwą czerwoną kwiatów.

Badacz w ten sposób wykazał obecność jednostki dziedziczenia, którą obecnie nazywamy **genem**, oraz jej wersji nazywanej **allele**.



Ryc. II.1.2. Dziedziczenie barwy kwiatów u grochu zwyczajnego – I prawo Mendla.

Współcześnie zapisujemy krzyżówki zgodnie z następującymi zasadami:

- dużą literą oznaczamy alle warunkujące cechę dominującą, np. A – barwa czerwona kwiatów grochu;
- małą literą oznaczamy alle warunkujące cechę recesywną, np. a – barwa biała kwiatów grochu;
- osobnika mającego dwa identyczne allele tego samego genu nazywamy **homozygotą** (np. AA – homozygota dominująca, aa – homozygota recesywna);
- osobnika mającego dwa różne allele tego samego genu nazywamy **heterozygotą** (Aa).

Zespół wszystkich genów organizmu nazywamy **genotypem**. Zespół możliwych do zaobserwowania cech morfologicznych, fizycznych i biochemicznych danego organizmu uwarunkowanych genotypem i środowiskiem określamy jako **fenotyp**. Mendel podczas swoich eksperymentów wywnioskował, że podczas powstawania gamet allele danego genu, nazwane przez Mendla czynnikami dziedziczenia, rozdzielają się losowo i każda gameta ma tylko jeden z nich. Na tej podstawie zostało sformułowane **pierwsze prawo Mendla – prawo czystości gamet, które mówi, że gamety zawierają tylko po jednym allelu danego genu**.

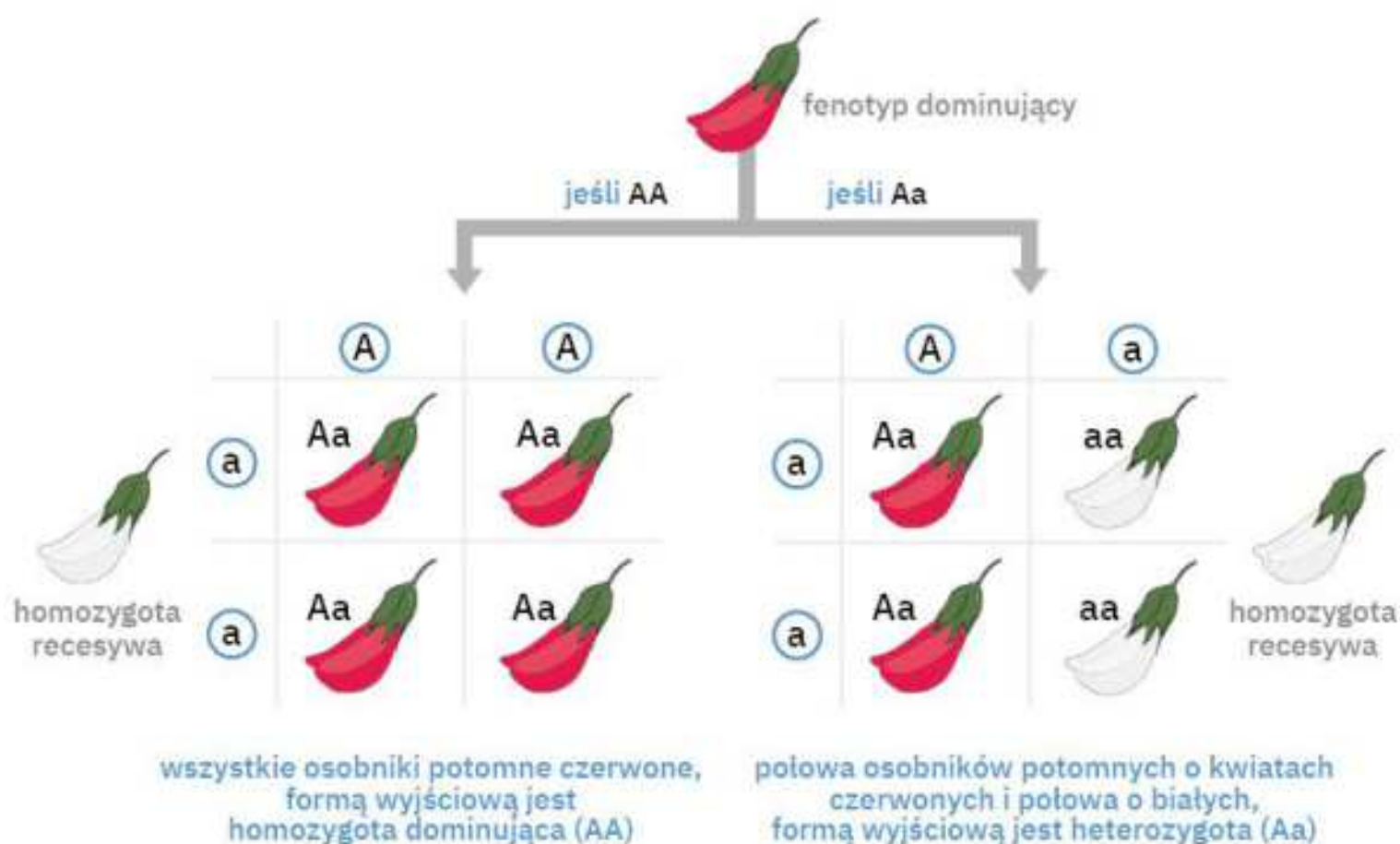
Jeśli znamy genotypy pokolenia rodzicielskiego, możemy ustalić za pomocą szachownicy Punnetta genotypy pokolenia potomnego (ryc. II.1.3.) W pierwszej kolumnie wpisujemy symbole wszystkich alleli występujących w gametach żeńskich, a w pierwszym rzędzie – symbole wszystkich alleli występujących w gametach męskich. Genotypy osobników pokolenia potomnego wyznaczamy, zapisując symbole alleli pochodzących od każdej z łączących się gamet. Na podstawie genotypów osobników potomnych można wyznaczyć ich fenotypy i ustalić prawdopodobieństwo, z jakim ujawni się dana cecha.



Ryc. II.1.3. Określanie prawdopodobieństwa wystąpienia fenotypów i genotypów potomstwa.

Osobnik, który ma kwiaty czerwone, ma genotyp AA lub Aa. W celu ustalenia genotypu takiego osobnika stosuje się tzw. **krzyżówkę testową**, czyli krzyżówkę osobnika o dominującym fenotypie z homozygotą recesywną (ryc. II.1.4.).

Krzyżówki jednogenowe z pełną dominacją jednego genu nad drugim stanowią podstawę dziedziczenia u wszystkich organizmów wyższych. Odchylenie od proporcji fenotypów 3:1 powoduje między innymi niepełną dominację i kodominację (współdominowanie).

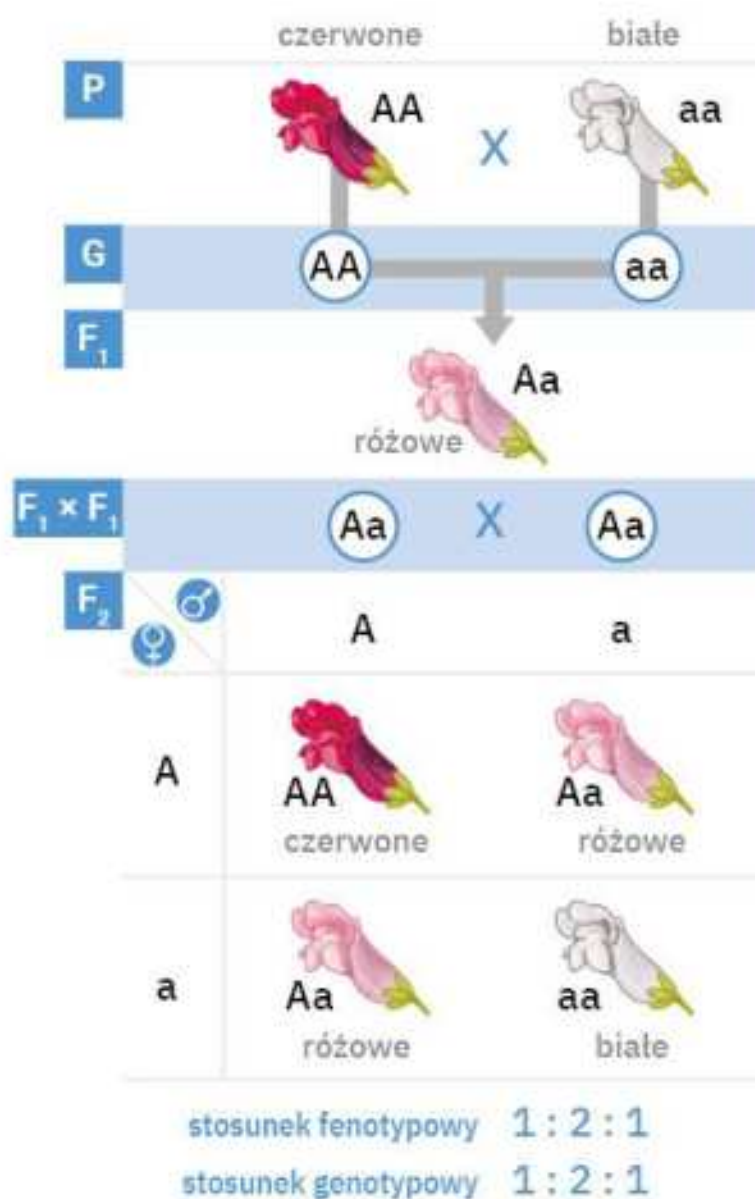


Ryc. II.1.4. Krzyżówka testowa.

Dominacja niepełna

W dominacji niepełnej allel dominujący nie maskuje allelu recesywnego. W efekcie heterozygota ma fenotyp pośredni w porównaniu z fenotypami rodzicielskimi. W pokoleniu potomnym F_2 stosunek fenotypowy wynosi 1:2:1 i jest taki sam, jak stosunek genotypowy. Przykładem dominacji niepełnej jest dziedziczenie barwy kwiatów wyżłinu (ryc. II.1.5.).

Ryc. II.1.5. Dziedziczenie barwy kwiatów u wyżłinu większego (*Antirrhinum majus*, inaczej: lwiej paszczy). Po skrzyżowaniu kwiatów wyżłinu o barwie białej i czerwonej wszystkie rośliny w pokoleniu F_1 są różowe, natomiast pokolenie F_2 składa się z 1/4 osobników o kwiatach czerwonych, 1/2 o kwiatach różowych i 1/4 o kwiatach białych.



Kodominacja

W **kodominacji** oba allele są równoważne i w heterozygotcie ujawniają się cechy fenotypowe obu alleli danego genu niezależnie od siebie, np. dziedziczenie u ludzi grup krwi układu AB0.

Za dziedziczenie grup krwi odpowiadają trzy różne allele – dwa dominujące I^A i I^B oraz jeden recesywny i (tab. II.1.1.).

Tab. II.1.1. Fenotyp i genotyp grup krwi A, B, AB, 0

Fenotyp (grupa krwi)	Genotyp
A	$I^A I^A$ lub $I^A i$
B	$I^B I^B$ lub $I^B i$
AB	$I^A I^B$
0	ii

Allele dominujące warunkują powstawanie tzw. antygenów A i B na powierzchni erytrocytów. Osoby z genotypem ii nie mają na powierzchni erytrocytów antygenów A i B. U heterozygot $I^A I^B$ na krwinkach występują zarówno antygeny A, jak i B. Osoby o takim genotypie mają grupę AB, a allele I^A i I^B są kodominujące.

Allele wielokrotne – oznaczają występowanie w populacji więcej niż dwóch alleli danego genu (ryc. II.1.6.). Przykładem są trzy allele I^A , I^B , i^0 określające grupy krwi układu AB0 u człowieka. W dziedziczeniu grup krwi układu AB0 relacje między allelami są następujące:

- zarówno allele I^A , jak i allele I^B dominują całkowicie nad allelem i ;
- allele I^A oraz I^B wykazują względem siebie kodominację.

Jeśli matka ma grupę krwi B, a ojciec – grupę A (obydwoje w układzie heterozygotycznym), to dziedziczenie grup krwi potomstwa zachodzi według schematu przedstawionego na rycinie II.1.6.

Grupę krwi określa także obecność lub brak antygeny D na powierzchni erytrocytu, tzw. czynnik Rh. Gen kodujący ten antygen ma dwa allele: dominujący D i recesywny d. Osoby z dominującym allelem (DD i Dd) mają grupę krwi Rh^+ , a u homozygot recesywnych (dd) występuje grupa Rh^- (brak antygeny). Cecha ta jest dziedziczona zgodnie z I prawem Mendla.

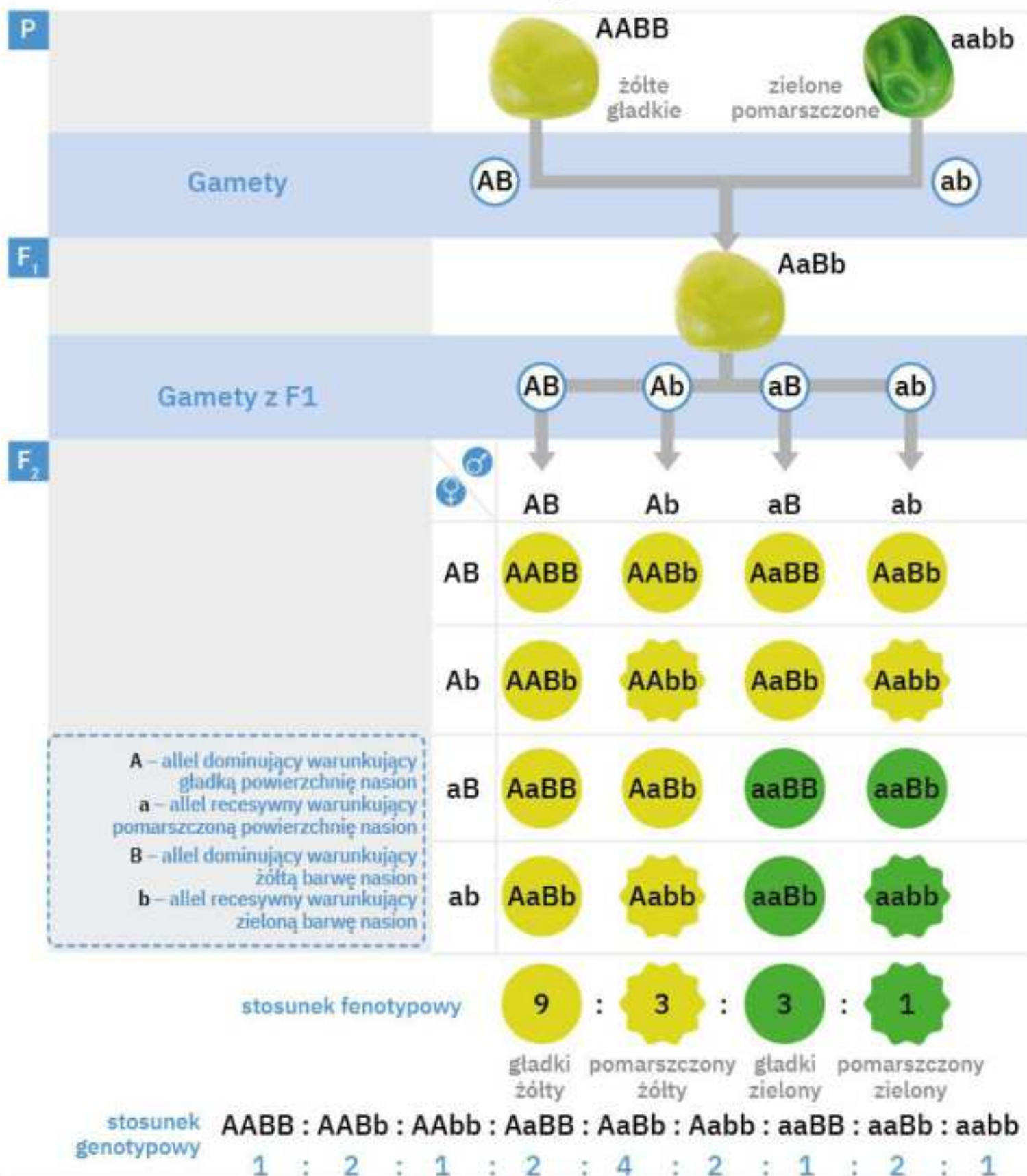
Znajomość czynnika Rh wraz z grupami krwi A, B, AB, 0 jest bardzo ważna w przypadku przeprowadzania transfuzji krwi.

P		♂ $I^A i$	x	♀ $I^B i$
F₁		♂	♀	
		I^A	i	
	I^B	$I^A I^B$ grupa AB	$I^B i$ grupa B	
	i	$I^A i$ grupa A	ii grupa 0	

Ryc. II.1.6. Dziedziczenie grup krwi potomstwa heterozygotycznych rodziców.

II prawo Mendla

Mendel do eksperymentów wykorzystywał także krzyżówki grochu różniące się od siebie więcej niż jedną cechą. Badacz krzyżował rośliny np. o odmiennym kształcie nasion i odmiennej barwie nasion. Przed rozpoczęciem doświadczeń Mendel wyhodował rośliny linii czystych (homozygotyczne pod względem dwóch cech). Po skrzyżowaniu tych roślin w pokoleniu F_1 uzyskał rośliny o takim samym fenotypie, właściwe tylko dla jednej odmiany: nasiona żółte i gładkie. Następnie badacz wysiał te rośliny, które w pokoleniu F_2 dały cztery klasy cech fenotypowych.



Ryc. II.1.7. Krzyżówka dwugenowa grochu zwyczajnego – II prawo Mendla.



Na podstawie współczesnej wiedzy o genach i ich budowie można wyjaśnić wyniki doświadczenia Mendla. Każda gameta pokolenia rodzicielskiego miała jeden allel odpowiedzialny za barwę nasion i jeden allel odpowiedzialny za rodzaj powierzchni. Potomstwo powstałe z połączenia tych gamet było heterozygotami o nasionach gładkich i żółtych (heterozygoty AaBb). Każdy osobnik z pokolenia F_1 wytworzył cztery rodzaje gamet. W drugim pokoleniu F_2 pojawiły się cztery klasy osobników w stosunku fenotypowym 9:3:3:1, które najliczniej były reprezentowane przez rośliny o nasionach żółtych i gładkich, a najmniej znajdowało się w nim roślin o nasionach zielonych i pomarszczonych.

Dziedziczenie dwu lub więcej cech obecnie nazywamy **II prawem Mendla (inaczej prawem niezależnej segregacji alleli)**, które brzmi: **allele dwóch różnych genów przechodzą do gamet niezależnie od siebie**.

Dziedziczenie dwugenowe z pełną dominacją jednego allelu nad drugim stanowi podstawę w określaniu dziedziczenia u roślin, zwierząt i grzybów.

Prawa Mendla są współcześnie wykorzystywane do analizowania dziedziczenia chorób u człowieka (analiza rodowodów). Wiele chorób spowodowanych przez mutacje w pojedynczych genach jest dziedziczonych w sposób mendlowski.

PYTANIA I POLECENIA

1. Połącz opisy z odpowiednimi pojęciami. Odpowiedzi zapisz w zeszycie.

I. Zespół wszystkich genów organizmu.

II. Zespół cech organizmu uwarunkowanych genotypem i wpływem środowiska.

III. Osobnik mający dwa identyczne allele tego samego genu.

IV. Osobniki, u których dana cecha utrzymuje się z pokolenia na pokolenie.

A. linia czysta B. genotyp C. homozygota D. fenotyp

2. Oceń prawdziwość podanych zdań.

A. Osobnik mający dwa różne allele tego samego genu nazywamy homozygotą dominującą.

B. Prawo czystości gamet określa, że każda gameta organizmu diploidalnego zawiera jeden allel danego genu.

C. Krzyżówka testowa ma na celu sprawdzenie, czy badany osobnik jest homozygotą czy heterozygotą.

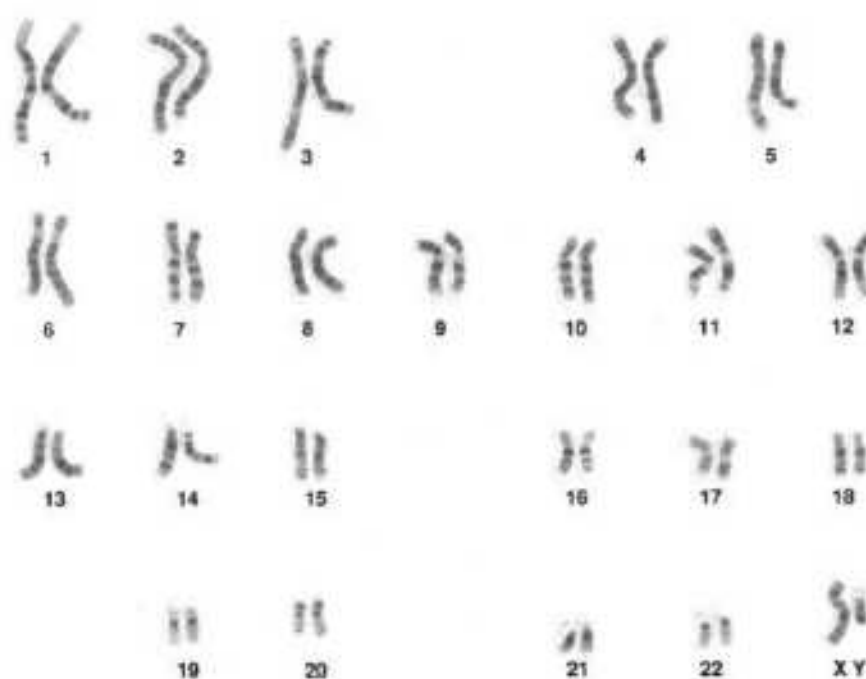
D. W dominacji niecałkowitej jeden allel musi dominować nad drugim.

3. Czerwona barwa jest dominująca nad białą. Roślinę o kwiatach czerwonych (AA) skrzyżowano z rośliną o kwiatach białych (aa). Zapisz w zeszycie krzyżówkę genetyczną. Podaj, jaki będzie stosunek genotypów i fenotypów w pokoleniu F_2 .
4. U róży obecność kolców jest cechą dominującą, a brak kolców – cechą recesywną. Wyjaśnij, w jaki sposób można się przekonać, czy róża z kolcami jest homozygotą czy heterozygotą. Zapisz w zeszycie właściwą krzyżówkę genetyczną.
5. Grupy krwi człowieka są uwarunkowane przez allele I^A , I^B , i. Rodzice dziecka mają grupę krwi B.
 - a) Wypisz w zeszycie wszystkie możliwe genotypy matki i ojca dziecka.
 - b) Wyjaśnij, czy dziecko tych rodziców może mieć inną grupę krwi niż jego rodzice. Zapisz w zeszycie właściwą krzyżówkę genetyczną.

2. Genetyczne uwarunkowania płci

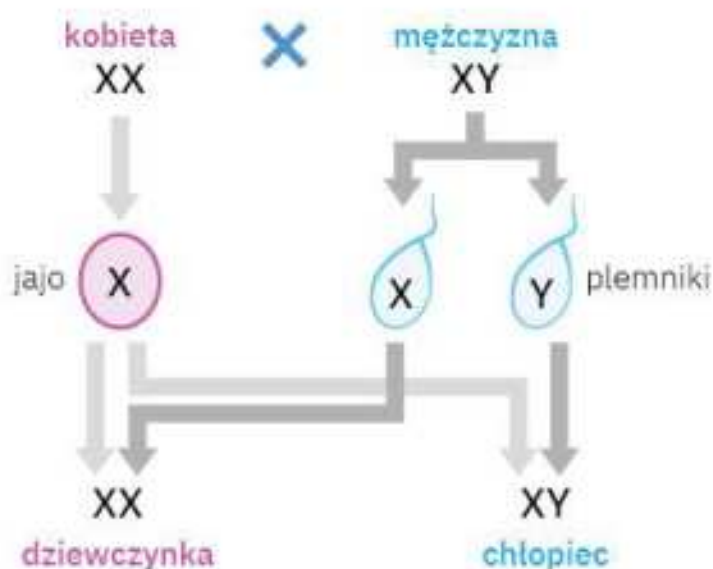
Dziedziczenie płci u człowieka

Genotyp człowieka składa się z 23 par chromosomów – 22 par autosomów i jednej pary chromosomów płci (ryc. II.2.1.).



Ryc. II.2.1. Kariogram (fotografia wszystkich chromosomów) zdrowego mężczyzny 46, XY (2 chromosomy płci – chromosom X i chromosom Y).

Kobieta ma dwa jednakowe chromosomy X, a mężczyzna dwa różne chromosomy X i Y. U człowieka w początkowym etapie rozwoju zarodkowego gonady produkujące komórki rozrodcze nie są zróżnicowane. O rozwoju jąder lub jajników decyduje gen znajdujący się w chromosomie Y, który koduje białka niezbędne do prawidłowego wykształcenia jąder u zarodków męskich. Brak genu powoduje rozwój jajników. Osobniki z chromosomem Y rozwijają się jako osobniki męskie, a te z chromosomami X – jako żeńskie (ryc. II.2.2.).



Ryc. II.2.2. Mechanizm dziedziczenia płci u człowieka. Komórka jajowa ma chromosom X, natomiast połowa plemników – chromosom X, a połowa – chromosom Y. W wyniku zapłodnienia plemnikiem z chromosomem X urodzi się dziewczynka, a w przypadku zapłodnienia plemnikiem z chromosomem Y – chłopiec. Prawdopodobieństwo poczęcia dziewczynki lub chłopca jest takie samo i wynosi 50%.

Chromosomy płci wyznaczają płeć także u innych organizmów niż człowiek, ale w odmienny sposób. Na przykład u ptaków, ciem oraz niektórych gadów i ryb samce mają dwa jednakowe chromosomy płci, a samice – dwa różne. Z kolei u niektórych gatunków owadów o płci decyduje liczba kompletów chromosomów (osobnik haploidalny jest samicą, a diploidalny – samcem; ryc. II.2.3.). O płci mogą również decydować czynniki środowiska, jak temperatura, np. u aligatorów w temperaturze 33°C rodzą się tylko samce, a w 30°C – wyłącznie samice. (ryc. II.2.3.).



tylko samce, a w 30°C – wyłącznie samice. (ryc. II.2.3.).

Ryc. II.2.3. Pierścienica (*Ophryotrocha puerilis*) żyje w parach, w których większy osobnik pełni funkcję samicy. Osobnik męski szybciej rośnie, a kiedy stanie się większy od partnerki, zmienia płeć na żeńską. Wówczas samica przejmuje funkcje samca. Taka zmiana może następować kilkakrotnie.

Cechy sprzężone z płcią

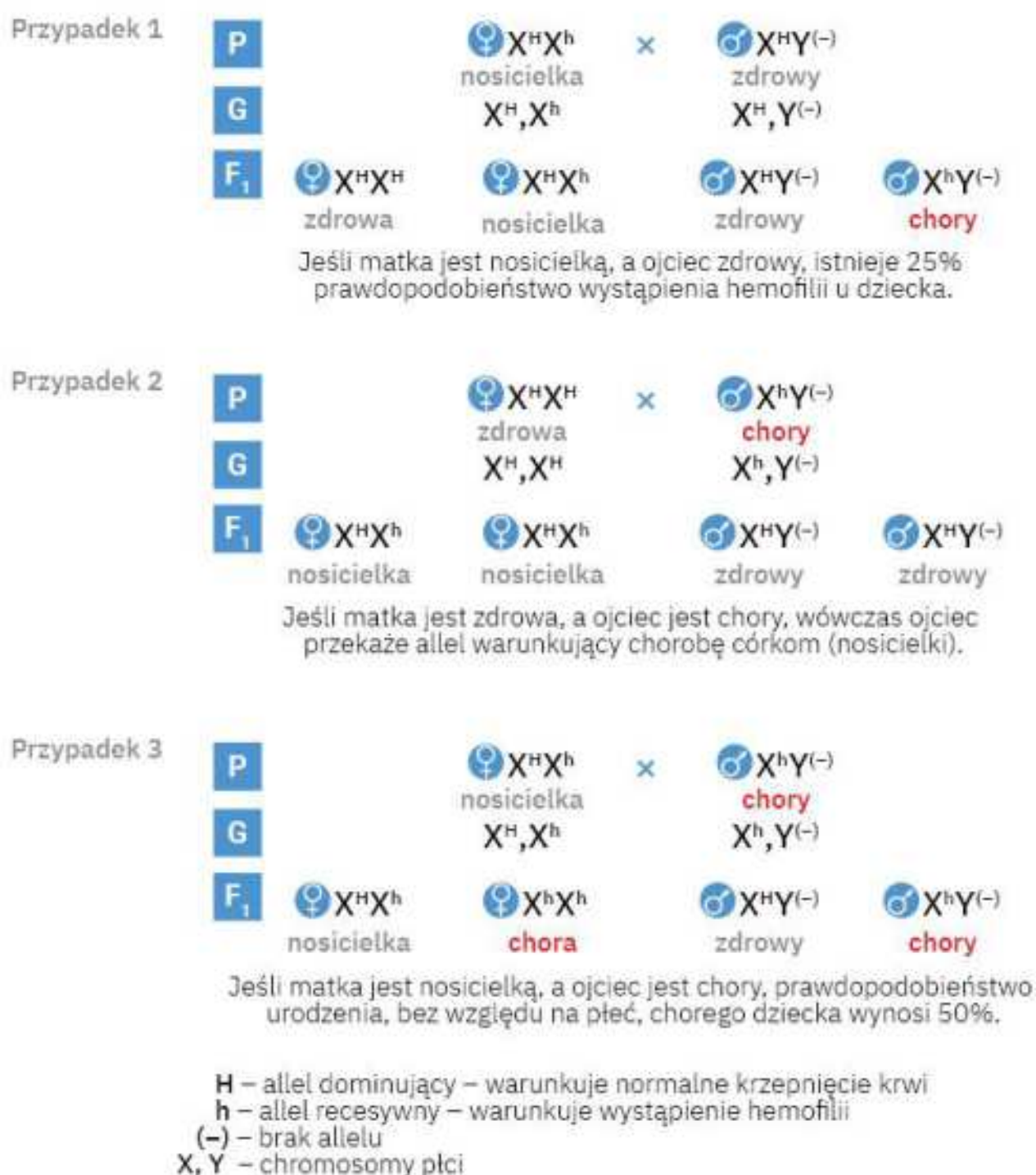
Cechy uwarunkowane genami leżącymi na chromosomie X to cechy sprzężone z płcią. Cechy te rzadziej ujawniają się u kobiet niż u mężczyzn. Mężczyźni mogą otrzymać allel recesywny od swoich matek wraz z ich chromosomem X. To wy-

starczy do ujawnienia się cechy, gdyż na chromosomie Y nie ma odpowiedniego allelu dominującego. Aby u kobiety ujawniła się cecha sprzężona z płcią, musiałaby ona odziedziczyć dwa allele recesywne, po jednym po każdym z rodziców. Kobiety, które są heterozygotami pod względem cech sprzężonych z płcią oraz mają w swoim genotypie allel dominujący i allel recesywny, nazywamy **nosicielkami**. W ich fenotypie allel recesywny zwykle się nie ujawnia, ale mogą go przekazać swoim dzieciom.

Główne geny sprzężone z płcią

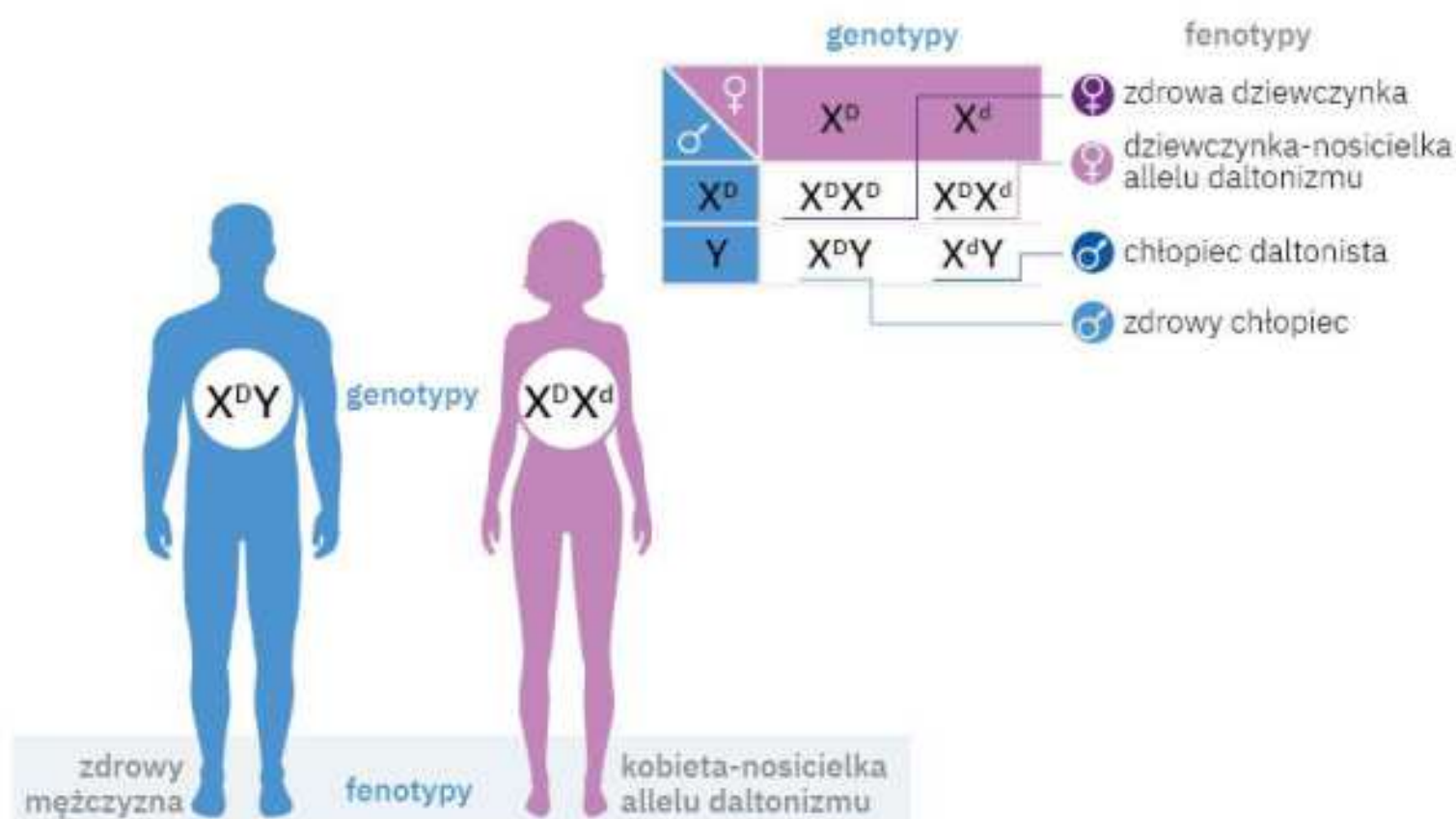
Do głównych genów sprzężonych z płcią należą:

- gen kodujący białko niezbędne do procesu krzepnięcia krwi; recesywny zmutowany allel tego genu jest odpowiedzialny za **hemofilię** – chorobę objawiającą się upośledzeniem krzepliwości krwi (ryc. II.2.4.);



Ryc. II.2.4. Dziedziczenie hemofilii u człowieka.

- gen zawierający informację o białku niezbędnym do prawidłowego rozróżniania kolorów; recesywny, zmutowany allel tego genu odpowiada za daltonizm – wadę wzroku polegającą na nierozpoznawaniu barw, najczęściej koloru czerwonego i zielonego (ryc. II.2.5.);



Ryc. II.2.5. Dziedziczenie daltonizmu. Jeśli matka jest nosicielką daltonizmu, a ojciec jest zdrowy, to prawdopodobieństwo, że każda córka będzie nosicielką daltonizmu, wynosi 50%, a prawdopodobieństwo, że każdy syn będzie chory na daltonizm, to również 50%.

PYTANIA I POLECENIA

- Oceń prawdziwość podanych zdań.
 - Genotyp człowieka składa się z 23 par chromosomów.
 - Wszystkie 23 pary chromosomów człowieka są takie same.
 - Autosomy to 22 pary chromosomów niezwiązane z płcią.
 - O płci człowieka decyduje obecność lub brak chromosomu X.
- Prawdopodobieństwo poczęcia dziewczynki i chłopca jest takie samo. Na podstawie rocznika statystycznego z ubiegłego roku sprawdź liczbę urodzonych dziewczynek i chłopców. Wyjaśnij mechanizm determinacji płci u człowieka.
- Oszacuj, jakie jest ryzyko urodzenia się dziecka chorego na daltonizm, jeśli jego ojciec jest chory, matka – zdrowa, a w rodzinie kobiety nie występowała ta choroba. Zapisz w zeszycie właściwy schemat tzw. krzyżówki genetycznej.

4. Hemofilia to choroba sprzężona z płcią. Matka jest nosicielką hemofilii, a ojciec – zdrowy. Sprawdź, jakie jest prawdopodobieństwo urodzenia zdrowej córki. Wykonaj w zeszycie krzyżówkę genetyczną.
5. Daltonizm jest chorobą sprzężoną z płcią i objawiającą się zaburzeniami w rozpoznawaniu barw, głównie czerwonej i zielonej. Sprawdź za pomocą krzyżówki genetycznej prawdopodobieństwo urodzenia chorej córki w rodzinie, w której matka jest nosicielką choroby, a ojciec choruje na daltonizm. Wyjaśnij, dlaczego mężczyźni częściej zapadają na tę chorobę niż kobiety.

Podsumowanie działu



1. Dziedziczenie cech

- Podstawy genetyki klasycznej stworzył pod koniec XIX w. czeski zakonnik Gregor Mendel.
- Mendel sformułował dwa prawa, na których opiera się współczesna genetyka klasyczna:
 - I prawo Mendla (prawo czystości gamet) – gamety zawierają tylko po jednym allelu danego genu.
 - II prawo Mendla (prawo niezależnej segregacji dwóch par alleli) – allele dwóch różnych genów przechodzą do gamet niezależnie od siebie.
- Allele jednego genu mogą wykazywać dominację pełną, niepełną lub kodominację.

2. Genetyczne uwarunkowania płci

- Kariotyp człowieka składa się z 46 chromosomów: 44 autosomów i dwóch chromosomów płci.
- Płeć człowieka jest determinowana obecnością chromosomów płci: u kobiet – dwóch chromosomów X, u mężczyzn – jednego chromosomu X i jednego chromosomu Y.
- Cechy sprzężone z płcią, np. ślepota barw i hemofilia, są warunkowane przez allele recesywne genów położonych na chromosomie X.
- Cechy sprzężone z płcią ujawniają się zdecydowanie częściej u mężczyzn niż u kobiet.



ZMIENNOŚĆ ORGANIZMÓW

1. Zmienność organizmów i jej przyczyny

Zmienność organizmów to występowanie różnic między osobnikami należącymi do tego samego gatunku. Osobniki mogą się między sobą różnić, np. masą ciała, długością kończyn, barwą oczu, kształtem nasion, barwą kwiatów oraz wieloma innymi



Ryc. III.1.1. Podstawowe rodzaje zmienności.

cechami. Do tych zmian przyczyniają się czynniki genetyczne i warunki środowiska. Zmiany genetyczne są dziedziczone i przekazywane z pokolenia na pokolenie, a zmiany wywołane warunkami środowiska są niedziedziczne (ryc. III.1.1.).

Zmienność środowiskowa

Niektóre czynniki środowiskowe, np. promieniowanie jonizujące, promieniowanie ultrafioletowe, szereg związków chemicznych, niektóre zanieczyszczenia przemysłowe mogą powodować uszkodzenia w DNA. **Zmienność środowiskowa** to zmiany fenotypu wywołane określonymi warunkami środowiska, np. ilością i jakością składników pokarmowych, temperaturą, pH gleby, wilgotnością, wysokością nad poziomem morza czy ilością docierającego światła (ryc. III.1.2.). Zmiany te nie są utrwalane w materiale genetycznym i nie mogą być przekazane potomstwu przez rodziców. Z tego powodu zmienność środowiskowa nie ma bezpośredniego wpływu na pulę genową populacji i nie jest rozpatrywana przy wyjaśnianiu mechanizmów ewolucji.



Ryc. III.1.2. Bliźnięta jednojajowe mają identyczny materiał genetyczny. Jeśli żyją w tych samych warunkach, mają taki sam wygląd i podobnie się rozwijają (A). Zmiana warunków życia może powodować zmiany w wyglądzie, stanie zdrowia czy kondycji fizycznej (B).

Przykładem zmienności środowiskowej jest między innymi różny kształt korony drzew w zależności od zajmowanego przez nie siedliska (ryc. III.1.3.).

A



B



Ryc. III.1.3. Zmienność kształtu korony sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris*) na otwartym terenie (A – korona osadzona nisko) i w zwartym drzewostanie (B – korona osadzona wysoko).

Zmienność środowiskowa to także zmienna barwa kwiatów hortensji w zależności od pH podłoża, na którym rosną. Kwiaty hortensji zawierają barwniki – antocyjany, które reagują na zmieniające się wartości współczynnika kwasowości gleby. Na podłożu kwaśnym kwiaty mają kolor niebieski, a na zasadowym – różowy. Zmiany w fenotypie mogą być też spowodowane spożywaniem określonego rodzaju pokarmu przez zwierzęta (ryc. III.1.4.).

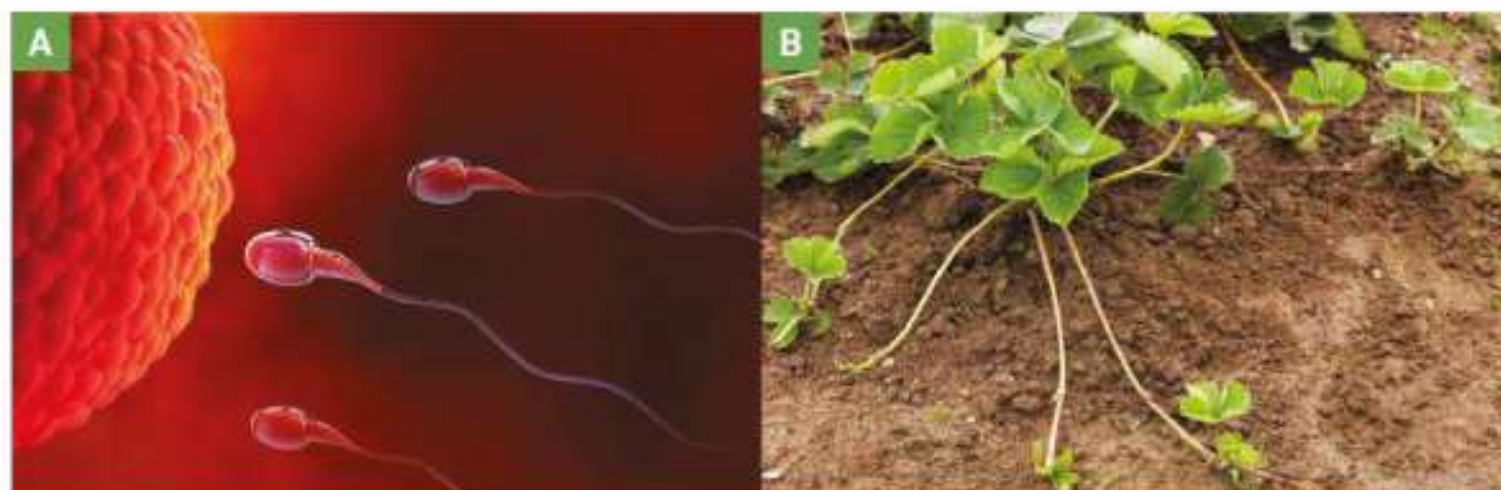


Ryc. III.1.4. Zawarty w pokarmie żółty barwnik ksantofil sprawia, że barwa tłuszczu królików staje się żółta. Usunięcie z pokarmu ksantofilu przywraca barwę białą tłuszczu.

Zmienność genetyczna

Zróżnicowanie genotypów u osobników jednego gatunku nazywamy **zmiennością genetyczną**. Zmiany te są przekazywane potomstwu. Podstawą tej zmienności jest rekombinacja materiału genetycznego – **zmienność rekombinacyjna** oraz mutacje – **zmienność mutacyjna**.

Zmienność rekombinacyjna prowadzi do powstania kombinacji alleli genów osobników potomnych różnych od form rodzicielskich. Źródłem zmienności rekombinacyjnej są procesy zachodzące podczas rozmnażania płciowego: *crossing-over*, losowe rozchodzenie się chromosomów w czasie mejozy oraz przypadkowe łączenie się komórek rozrodczych podczas zapłodnienia (ryc. III.1.5.). Procesy te zostały przedstawione podczas omawiania podziałów komórkowych w klasie pierwszej.

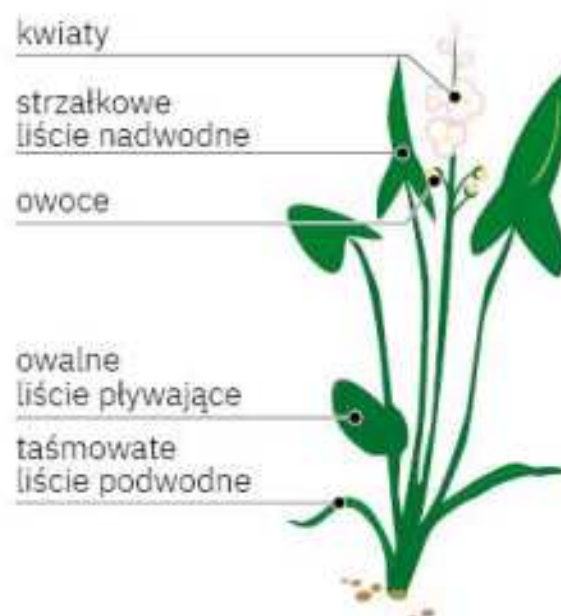


Ryc. III.1.5. Rekombinacje powstają podczas rozmnażania płciowego (A). Nowe kombinacje genów osobników potomnych mają istotny wpływ na przystosowanie się do zmian zachodzących w środowisku. Natomiast osobniki potomne powstałe w wyniku rozmnażania bezpłciowego są identyczne genetycznie z organizmem macierzystym, co zmniejsza ich przystosowanie (B).

Zmienność mutacyjna prowadzi do powstania nowych alleli genów, których nie miały osobniki rodzicielskie. Mogą one obejmować zarówno pojedyncze geny, jak i duże fragmenty chromosomów, a także ich liczby. Wraz ze zmiennością rekombinacyjną zmienność mutacyjna stanowi czynnik warunkujący ewolucję organizmów.

PYTANIA I POLECENIA

1. Na rysunku przedstawiono trzy rodzaje liści strzałki wodnej (*Sagittaria sagittifolia*). Wyjaśnij, jaką zmienność prezentują trzy rodzaje liści rośliny. Uzasadnij swoją odpowiedź.
2. Wyjaśnij, dlaczego niektóre cechy człowieka zapisane w genach, np. niski wzrost, nie zawsze mogą się ujawnić w fenotypie.



3. Podczas tworzenia się gamet losowo rozdzielają się chromosomy pochodzące od ojca i matki. Każda gameta składa się z haploidalnego zestawu chromosomów będących losową kombinacją chromosomów matki i ojca.

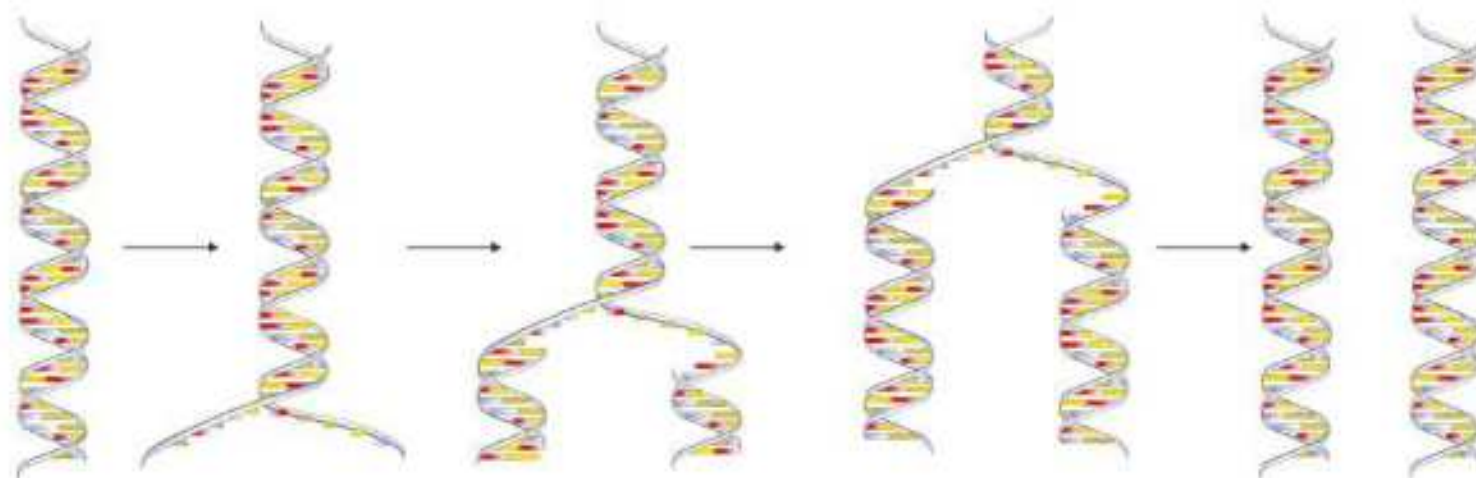
Wyjaśnij, jakie źródło zmienności stanowi ów proces. Wskaż jego znaczenie w adaptacji organizmów do życia w nowych warunkach środowiska.

4. Oceń prawdziwość podanych zdań.

- A. Zmienność organizmów dzielimy na środowiskową i genetyczną.
- B. Zmienność środowiskowa jest dziedziczna.
- C. Do zmienności dziedzicznej należy zmienność rekombinacyjna i mutacyjna.
- D. Zmienność mutacyjna nie prowadzi do powstania nowej informacji genetycznej.

2. Trwałe zmiany w materiale genetycznym

Mutacje są trwałymi zmianami w materiale genetycznym komórki. Mogą pojawiać się samoistnie lub na skutek działania szeregu czynników. **Mutacje spontaniczne** pojawiają się w wyniku błędów popełnionych podczas procesu replikacji DNA (ryc. III.2.1.).



Ryc. III.2.1. Synteza nowej nici DNA u Eukaryota zachodzi z szybkością ok. 3000 nukleotydów na minutę. Jeden błąd pojawia się średnio na mniej więcej miliard dobudowanych nukleotydów.

Większość tych błędów zostaje wykryta i poprawiona przez enzymy systemów naprawczych komórki. Jednak czasami zdarzają się źle wstawione nukleotydy, które mogą doprowadzić do wystąpienia mutacji. Mutacje dzielimy na genowe i chromosomowe.

Mutacje indukowane są wynikiem działania czynników mutagennych zwanych mutagenami (tab. III.2.1.).

Tab. III.2.1. Rodzaje mutagenów

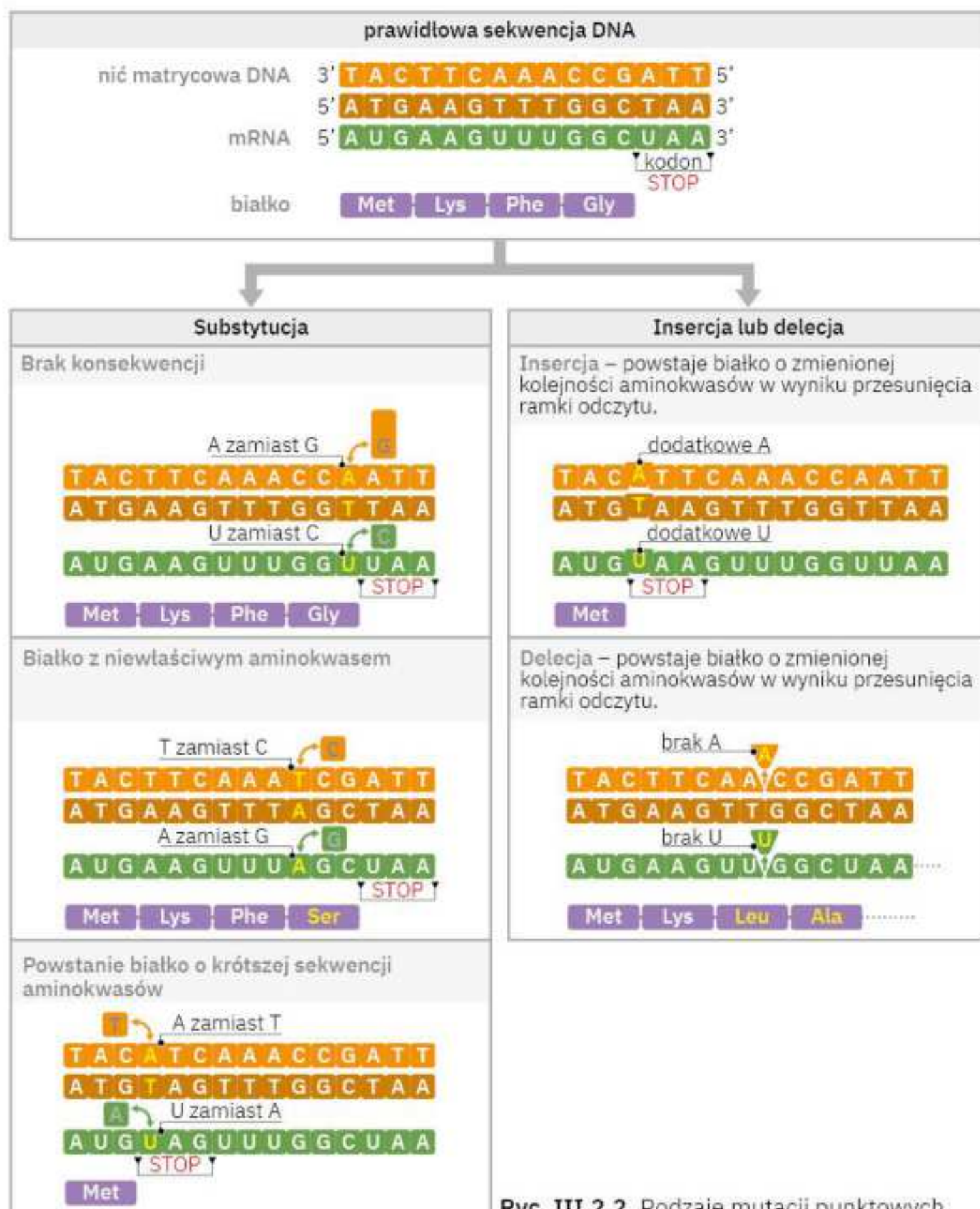
Typ mutagenu	Przykład	Źródło mutagenu
fizyczne	promieniowanie jonizujące, np. promieniowanie X lub gamma	• aparaty rentgenowskie • odpady radioaktywne • awarie reaktorów jądrowych
	promieniowanie ultrafioletowe (UVA, UVB, UVC)	• światło słoneczne • źródła sztuczne (solarium, kwarcówki, lampy stosowane w utwardzaniu polimerów, lampy bakteriobójcze, lampy rtęciowe, światła halogenowe, niektóre typy lasera)
chemiczne	niektóre kwasy, np. kwas azotowy III (HNO_2)	• środki konserwujące w artykułach spożywczych, np. azotan sodu
	benzopiren	• dym tytoniowy • spaliny samochodowe • składnik smogu wskutek ogrzewania budynków mieszkalnych węglem lub drewnem • pieczone, grillowane i wędzone mięso • zboża i warzywa uprawiane na zanieczyszczonych glebach
	reaktywne formy tlenu, np. nadtlenek wodoru	• zaburzenia homeostazy w organizmie na skutek infekcji • zatrucia toksynami • napromieniowania
biologiczne	kolchicina	• alkaloid występujący w ziemowicie jesiennym stosowany w leczeniu dny moczanowej
	niektóre wirusy, np. wirus opryszczki, wirus zapalenia wątroby typu B i C, wirus brodawczaka ludzkiego	• zakażenie przez płyny ustrojowe, np. krew
	niektóre mikroorganizmy, np. grzyby pleśniowe	• grzyby powodujące pleśnienie artykułów spożywczych, mogą występować w zbożach, orzechach, kukurydzy, przyprawach, olejach na bazie roślin, suszonych owocach i warzywach, mięsie i nabiale pochodzenia zwierzęcego

Mutacje genowe – zmiany nukleotydów

Mutacje genowe (punktowe) polegają na zmianach w sekwencji nukleotydów we fragmencie cząsteczki DNA. Wyróżniamy trzy główne rodzaje mutacji genowych:

- **substytucje** – polegają na zmianie jednej pary zasad na inną parę zasad azotowych;
- **delekcje** – dochodzi do nich w wyniku wypadnięcia jednego lub kilku nukleotydów;
- **insercje** – wynikają ze wstawienia jednego lub kilku dodatkowych nukleotydów.

Substytucje mogą mieć różne skutki dla funkcjonowania komórki. Jeśli pomimo zmiany nukleotydu aminokwas pozostaje niezmieniony, wówczas taka mutacja nie powoduje zmiany w budowie białka. Jeśli w wyniku kodowania przez zmieniony nukleotyd powstanie inny aminokwas, wtedy zbudowane z niego białko może mieć inną budowę i właściwości, co może przyczynić się do wystąpienia u człowieka chorób genetycznych. Jeśli wskutek substytucji nowy nukleotyd okaże się jednym z trzech kodonów STOP – wówczas synteza cząsteczki białka zostanie w tym miejscu zahamowana i powstanie krótszy łańcuch polipeptydowy (ryc. III.2.2.).



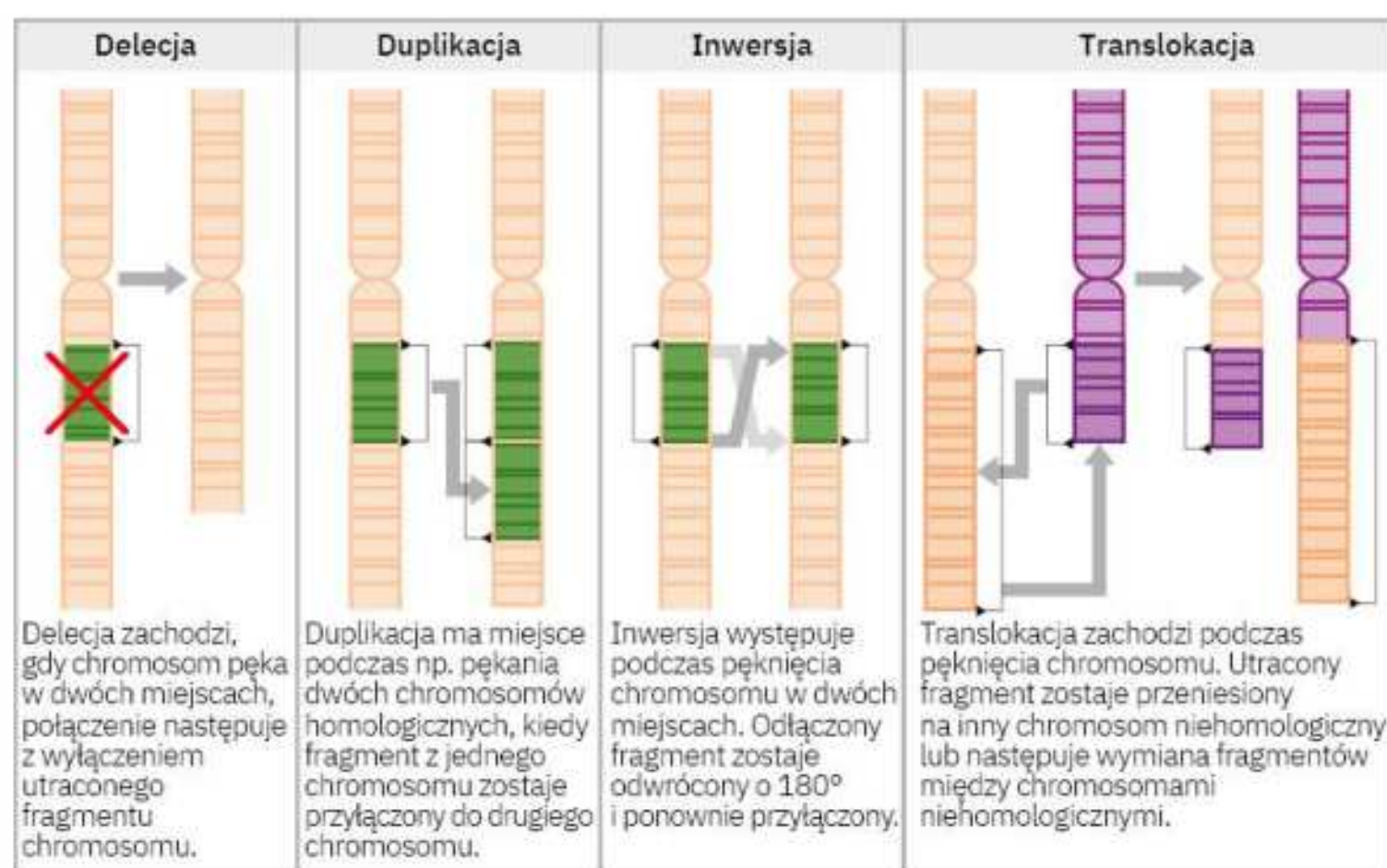
Ryc. III.2.2. Rodzaje mutacji punktowych.

Delecja i insercja mogą powodować zmianę (przesunięcie) ramki odczytu w genie. Ramka odczytu oznacza serię kodonów w sekwencji DNA, która rozpoczyna się od kodonu START, a kończy się kodonem STOP. Powstaje wówczas białko o zmienionej kolejności aminokwasów.

Mutacje chromosomowe – zmiany w chromosomach

Mutacje chromosomowe polegają na zmianie budowy chromosomu lub liczby chromosomów. Mutacje obejmujące zmiany w strukturze chromosomów nazywamy **mutacjami chromosomowymi strukturalnymi**. W zależności od zmian w strukturze chromosomu wyróżniamy:

- **delecję (deficjencję)** – polegającą na usunięciu części chromosomu;
- **duplikację** – w jej wyniku następuje podwojenie części chromosomu;
- **inwersję** – polegającą na odwróceniu fragmentu chromosomu o 180° ;
- **translokację** – zachodzącą w wyniku przemieszczenia fragmentu chromosomu na inny chromosom niehomologiczny (ryc. III.2.3.).



Ryc. III.2.3. Zmiany struktury chromosomów.

Mutacje liczbowe powodują zmianę liczby chromosomów znajdujących się w jądrze komórkowym podczas podziałów komórki. Dochodzi do nich w wyniku:

- zwiększenia lub zmniejszenia pojedynczej liczby chromosomów;
- zwielokrotnienia liczby wszystkich chromosomów, czyli poliploidyzacji.

Zmiana pojedynczej liczby chromosomów u człowieka przyczynia się do powstania chorób genetycznych lub prowadzi do śmierci.

Natomiast poliploidyzacja jest powszechnym zjawiskiem u roślin. W jej wyniku rośliny lepiej się rozwijają, osiągają większe rozmiary i dają wyższe plony (ryc. III.2.4.).



Ryc. III.2.4. Pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum*) jest heksaploidem o liczbie chromosomów $2n = 42$. Zawiera sześć zestawów chromosomów, na które składają się po dwa chromosomy pochodzące od następujących gatunków: pszenicy samopszej (*Triticum urartu*), egilopsa orkiszowatego (*Aegilops speltoides*) oraz *Aegilops tauschii*. Początek polipoidyzacji nastąpił ok. 580–820 tysięcy lat temu. Dwa pierwsze gatunki w wyniku samorzutnej mutacji dały pszenicę płaskurkę (*Triticum dicoccon*), która po skrzyżowaniu się z trzecim gatunkiem wytworzyła gatunek pszenicy nazywany orkiszem (*Triticum speltum*) o sześciu zestawach chromosomów. Orkisz w wyniku mutacji dał początek pszenicy zwyczajnej.

Niektóre organizmy poliploidalne mogą powstać w wyniku krzyżówek międzygatunkowych, a zestaw ich chromosomów pochodzi od ojca i matki, np. muł stanowi krzyżówkę ogiera osła i klaczy konia.

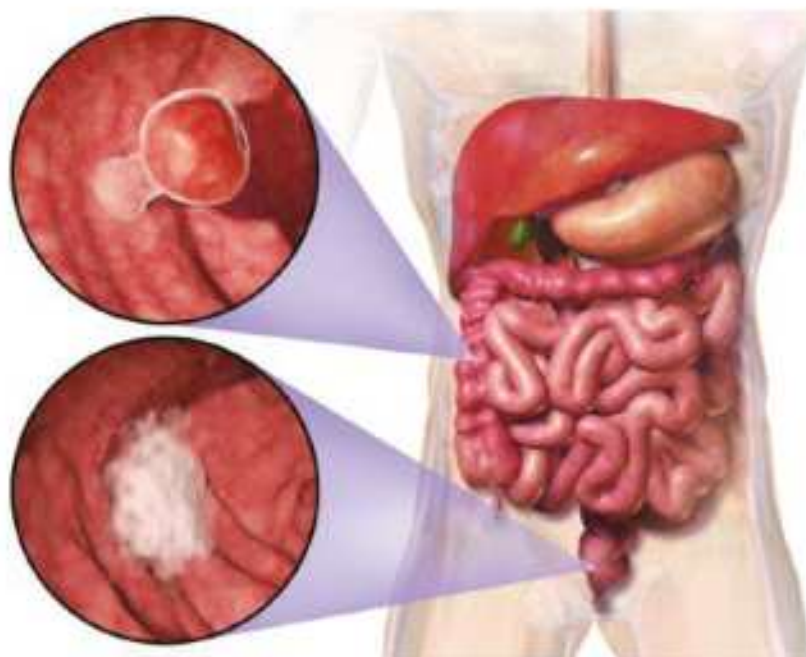
Skutki mutacji

Mutacje mogą być dla organizmu neutralne, niekorzystne lub korzystne. Większość pojawiających się w organizmie mutacji wyróżnia się **charakterem neutralnym (obojętnym)**. Ich pojawienie się nie powoduje żadnych zmian w fenotypie, ponieważ część z nich stanowi mutacje dotyczące niekodujących części genomu.

Mutacje mogą mieć także **charakter niekorzystny (negatywny)**. W ich wyniku powstają białka, które nie mogą prawidłowo spełniać swoich funkcji, co prowadzi do poważnych zaburzeń w funkcjonowaniu komórek, a nawet do ich śmierci.

Mutacje pojawiające się w komórkach rozrodczych organizmu wielokomórkowego przenoszą się na cały organizm potomny, ponieważ dziedziczą je wszystkie jego komórki. **Mutacje w ko-**

mórkach somatycznych, np. mięśni, wątroby czy skóry, nie mają istotnego wpływu na organizm, ponieważ funkcję takiej uszkodzonej komórki przejmują inne komórki tworzące tkanki. Mutacje takie nie są dziedziczone. Wyjątek stanowią mutacje, które mogą doprowadzić do nadmiernej aktywności genów regulujących cykl komórkowy, co skutkuje niekontrolowanym podziałem komórek i w konsekwencji rozwojem choroby nowotworowej (ryc. III.2.5.).



Ryc. III.2.5. Niektóre nowotwory są wynikiem mutacji dziedzicznych, np. w rozwoju nowotworu jelita grubego i odbytnicy ok. 15% stanowią czynniki dziedziczne.

Zdarzają się także **mutacje korzystne (pozytywne)**, które zwiększają szanse przeżycia osobnika w zmieniających się warunkach środowiska.

Czasami mutacje niekorzystne w niektórych warunkach środowiska stają się korzystne, np. allel warunkujący anemię sierpowatą, który powoduje powstawanie zmienionej hemoglobiny. Zagadnienie to jest szczegółowo opisane i wyjaśnione w rozdziale 5.

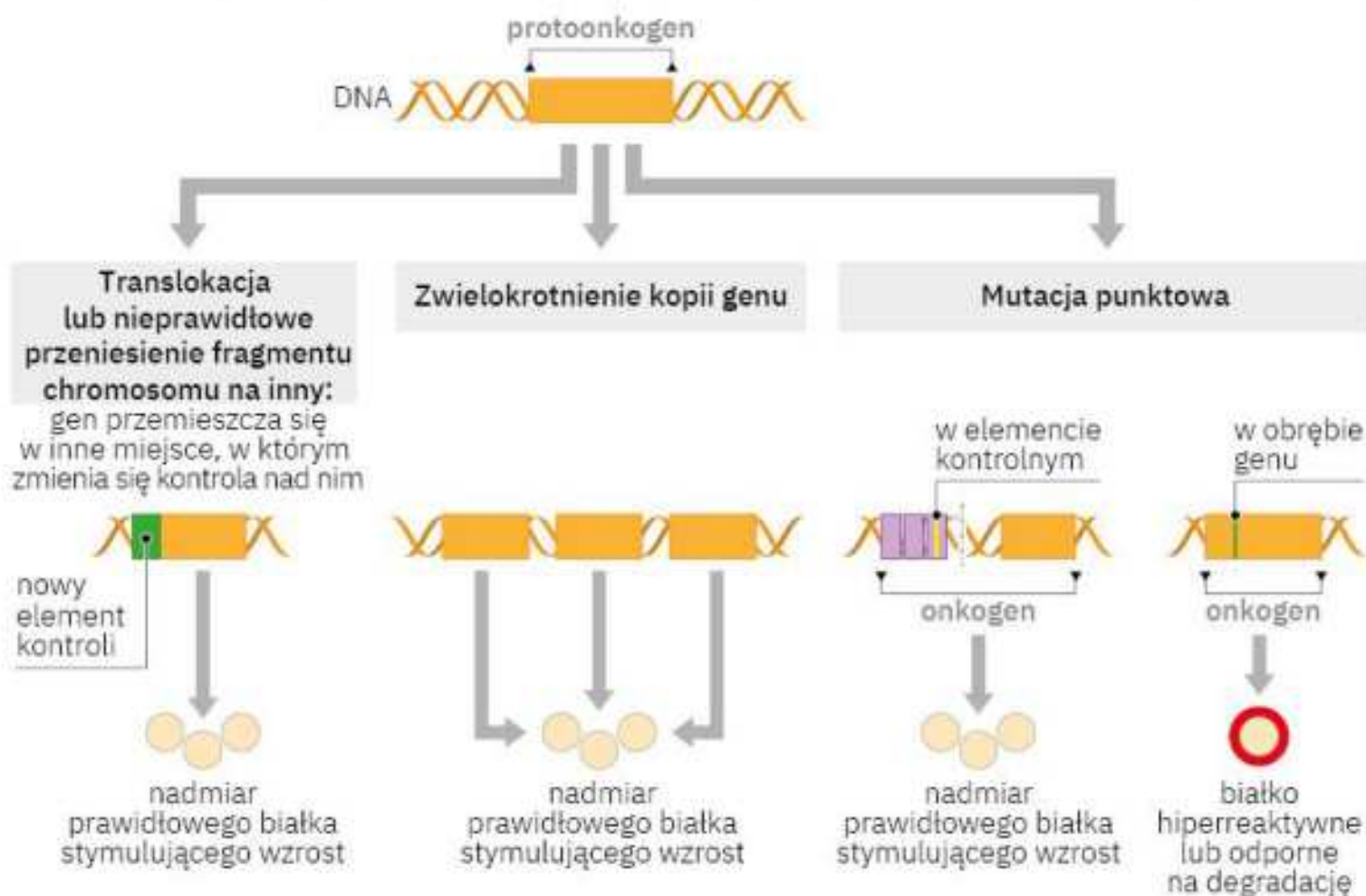
Transformacje nowotworowe komórek – skutek mutacji

W procesie tworzenia nowotworu uczestniczą trzy klasy genów: onkogeny, geny supresorowe i geny naprawcze DNA (ryc. III.2.6.).



Ryc. III.2.6. Geny odpowiedzialne za regulację cyklu komórkowego to m.in. protoonkogeny i geny supresorowe (anty-onkogeny). Protoonkogeny regulują prawidłowy wzrost i podział komórek, a geny supresorowe zatrzymują podziały komórek z defektami genetycznymi.

Onkogeny wywodzą się z protoonkogenów (ryc. III.2.7.). Mutacje w **protoonkogenach** sprawiają, że tworzą się onkogeny. Ich aktywacja zapobiega śmierci komórek i stymuluje ich wzrost. Proces ten prowadzi do wzrostu liczby komórek.



Ryc. III.2.7. Zmiany genetyczne prowadzące do przekształcenia protoonkogenu w onkogen.

Niektóre rodzaje nowotworów odznaczają się specyficzną translokacją chromosomów, w wyniku której może nastąpić połączenie się dwóch protoonkogenów w nowy gen o cechach onkogeny, np. w chronicznej białaczce szpikowej. Powstanie nowotworu poprzedza także mutacja **genu supresorowego**. Wówczas gen supresorowy traci swoje funkcje, a komórki z uszkodzonym DNA mogą dalej kontynuować cykl komórkowy. **Geny naprawcze DNA** zapobiegają uszkodzeniom materiału genetycznego w komórce. Mutacje części z nich mogą prowadzić do rozwoju chorób nowotworowych. Ponadto mutacje genów supresorowych w komórkach szlaku płciowego (komórkach pośrednio lub bezpośrednio poprzedzających powstawanie gamet) lub genów naprawczych DNA mogą być przyczyną dziedzicznej predyspozycji do zachorowalności na choroby nowotworowe, np. nowotwór piersi. Rozpoznanie wymaga dokładnych badań molekularnych właściwych genów, co jest możliwe dzięki poradnictwu genetycznemu i profilaktyce onkologicznej.

PYTANIA I POLECENIA

1. Omów wpływ na organizm człowieka czterech wybranych czynników mutageny.

2. Wyjaśnij różnice między rekombinacją genetyczną a mutacją. Podaj przykłady tych zmienności.
3. Przedstaw znaczenie poliploidyzacji w świecie roślin i zwierząt.
4. Omów schemat rozwoju transformacji nowotworowej na przykładzie nowotworu jelita grubego i nowotworu piersi.

3. Choroby genetyczne człowieka

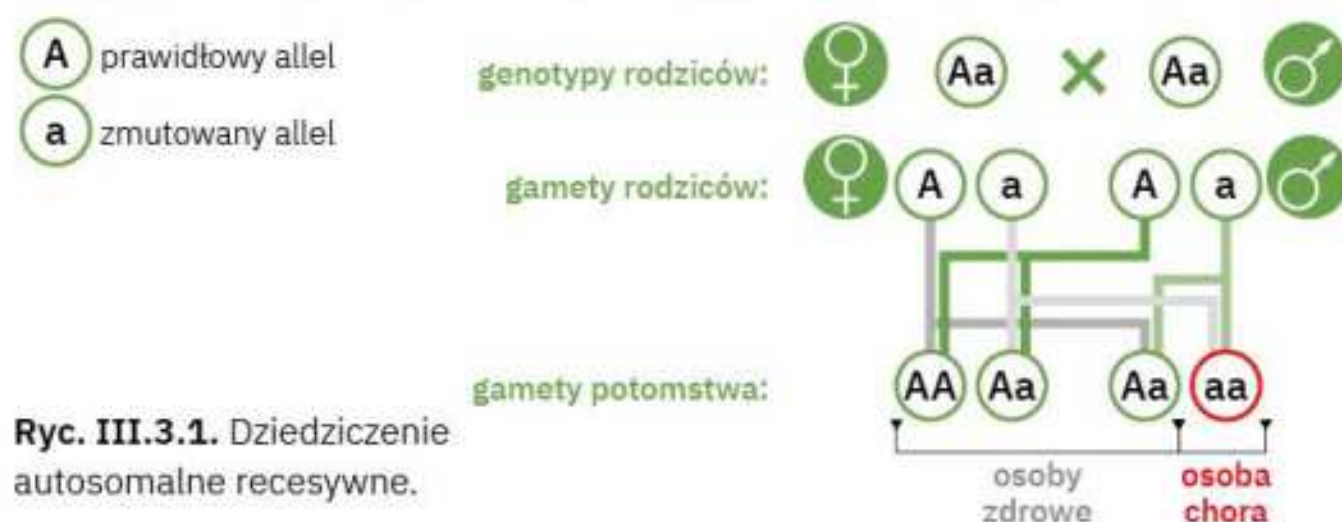
Wiele chorób występujących u ludzi ma podłoże genetyczne. Ze względu na zakres zmian w strukturze DNA dzielimy je na:

- **jednogenowe** (punktowe) – wywołane mutacjami w jednym genie, np. daltonizm, hemofilia;
- **chromosomalne** – spowodowane zmianą struktury lub liczby chromosomów, np. zespół Downa (czytaj: dauna), zespół Turnera (czytaj: ternera);
- **wieloczynnikowe** (wielogenowe) – spowodowane mutacjami różnych genów, a także czynnikami środowiska lub trybem życia, np. autyzm, schizofrenia, nadciśnienie tętnicze, cukrzyca.

Choroby genetyczne jednogenowe są dziedziczone w zależności od miejsca zachodzenia mutacji. Jeżeli mutacja wystąpiła w genie znajdującym się w autosomie, wówczas choroba dziedziczy się w sposób autosomalny (recesywny lub dominujący). Natomiast mutacja, która zaszła w genie położonym w chromosomie płci, dziedziczy się w sposób sprzężony z płcią.

Choroby dziedziczone autosomalnie recesywnie

Objawy chorób autosomalnych recesywnych ujawniają się tylko u homozygot recesywnych, czyli osób z dwoma wadliwymi, recesywnymi allelami genu. U heterozygot, osób z jedną wadliwą wersją genu, mutacja się nie ujawni (ryc. III.3.1.).



Ryc. III.3.1. Dziedziczenie autosomalnie recesywne.

Przykładem choroby dziedziczonej autosomalnie recesywnie jest albinizm (bielactwo). Choroba wynika z mutacji w genie kodującym enzym niezbędny do syntezy barwnika – melaniny. Melanina nadaje barwę komórkom skóry, włosów oraz tęczówki oka. Niedobór lub brak melaniny sprawia, że osoby chore na albinizm (albinosi) mają białe włosy, rzęsy i brwi oraz bardzo jasną skórę i bezbarwne tęczówki oczu (ryc. III.3.2.).

Chorzy na albinizm są szczególnie wrażliwi na promieniowanie słoneczne (UV), co przejawia się m.in. światłowstrętem, powstawaniem pęcherzy skórnych i większym zrogowaceniem skóry. Ponadto prawdopodobieństwo zachorowania albinosów na nowotwory skóry jest większe niż osób zdrowych. Albinizmu się nie leczy, ale można zmniejszyć niepożądane skutki przez unikanie przebywania na słońcu.

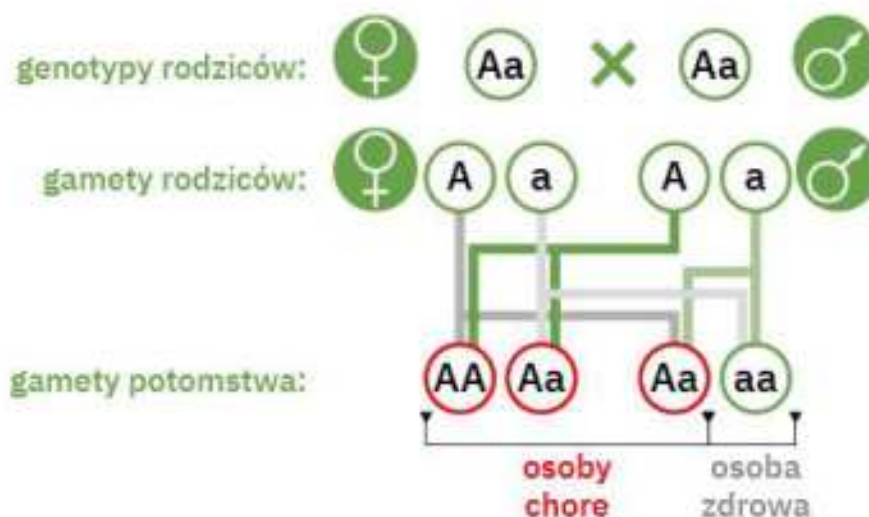


Ryc. III.3.2. Częstość występowania albinizmu u ludzi wynosi średnio od 1:5000 do 1:15 000, a w pewnych populacjach może być wyraźnie wyższa, np. w Tanzanii czy w niektórych grupach etnicznych w Afryce Południowej. W niektórych wierzeniach afrykańskich uważa się, że części ciała albinosów mają magiczną moc, co stało się powodem prześladowań tych osób.

Choroby dziedziczone autosomalnie dominująco

Choroby dziedziczone autosomalnie dominująco są stwierdzane znacznie rzadziej niż choroby dziedziczone recesywnie. Objawy tych chorób ujawniają się przede wszystkim u heterozygot, ale mogą chorować także osoby będące homozygotami (ryc. III.3.3.). U osoby mającej dwa wadliwe allele danego genu objawy choroby są dużo cięższe niż u osób z tylko jednym zmutowanym allelem.

- A** zmutowany allel
- a** prawidłowy allel



Ryc. III.3.3. Dziedziczenie autosomalne dominujące.

Chorobą dziedziczną autosomalnie dominująco jest **choroba Huntingtona** (czytaj: hantingtona). Jest to choroba wywołana mutacją pojedynczego genu, który koduje białko huntingtynę. Białko gromadzi się w postaci złogów w komórkach nerwowych, co prowadzi do ich degeneracji. Objawami choroby są m.in. niekontrolowane ruchy ciała, drżenia kończyn, zmniejszenie napięcia mięśni, a także zaburzenia psychiczne. Choroba ujawnia się ok. 30.–40. roku życia, co przyczynia się do jej utrwalenia w populacji. Choroba Huntingtona jest chorobą nieuleczalną, a jej leczenie polega na łagodzeniu skutków objawów – zaburzeń ruchowych, objawów psychicznych czy depresyjnych.

Choroby dziedziczone w sposób sprzężony z płcią

Choroby sprzężone z płcią są wynikiem występowania mutacji w genie znajdującym się w chromosomie X (ryc. III.3.4.).

Chromosom Y zawiera znacznie mniej genów od chromosomu X i są one głównie odpowiedzialne za rozwój męskich zarodków zgodnie z ich genetyczną płcią. Mutacje w obrębie genów znajdujących się w chromosomie Y powodują bezpłodność i nie są dziedziczone.



Ryc. III.3.4. Dziedziczenie recesywne sprzężone z płcią.

Hemofilia jest wywołana mutacją genu kodującego czynnik krzepliwości krwi. Skutkuje to zaburzeniami krzepnięcia krwi, co objawia się silnymi wewnętrznymi i zewnętrznymi krwotokami, które mogą doprowadzić do śmierci. Leczenie polega na podawaniu leków z czynnikiem krzepliwości krwi.



Daltonizm to efekt mutacji w genie odpowiedzialnym za prawidłowe rozpoznawanie barw. Osoby chore mają nieprawidłową budowę barwników światłoczułych znajdujących się w czopkach. Daltonista może stosować soczewki ułatwiające rozpoznawanie obiektów o różnych barwach.

Choroby spowodowane mutacjami liczbowymi

Mutacje liczbowe są przyczyną występowania szeregu chorób człowieka. Poszczególne jednostki chorobowe mogą pojawiać się w różnych odmianach, jak

zespół Downa, którego wyróżniamy trzy typy w zależności od sposobów zajścia mutacji. W podręczniku przedstawiono tylko wybrane choroby spowodowane mutacjami liczbowymi.

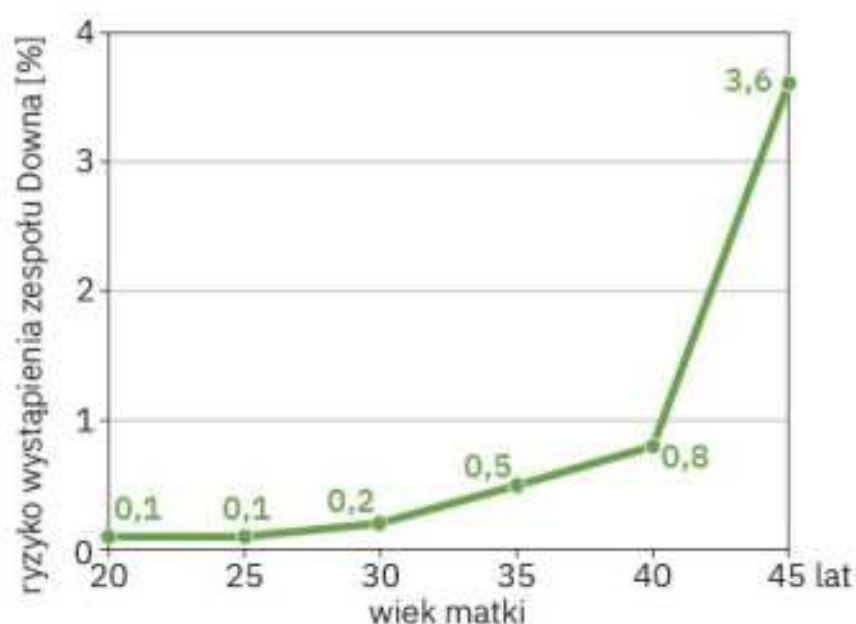
Zespół Downa

Choroba jest wynikiem obecności dodatkowego chromosomu przy 21 parze chromosomów. Występuje ona z częstością 1 na 700 urodzeń. Kariotyp osoby chorej zapisujemy następująco: **47,XY, + 21** lub **47,XX, +21** (ryc. III.3.5.).



Ryc. III.3.5. Kariogram osoby z zespołem Downa.

Do podstawowych cech zespołu Downa należą: skośne oczy, fałdy skórne na powiekach, płaski profil twarzy, często lekko spłaszczony tył głowy, małe, nisko osadzone uszy, kończyny krótkie w stosunku do długości tułowia, szerokie dłonie i stopy o krótkich palcach. U chorych mogą pojawić się wady serca, choroby tarczycy czy obniżona płodność, a także różny stopień upośledzenia umysłowego. Prawdopodobieństwo urodzenia dziecka z zespołem Downa zależy od wieku matki (ryc. III.3.6.).

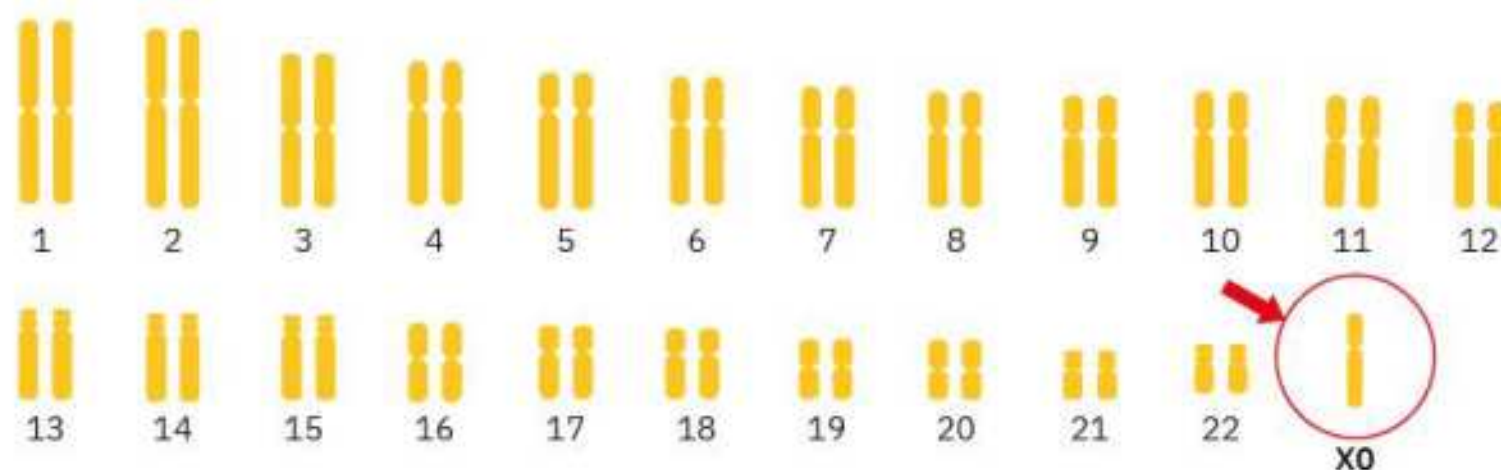


Ryc. III.3.6. Ryzyko urodzenia dziecka z zespołem Downa znacznie wzrasta, gdy kobieta osiągnie wiek 35–45 lat. W 85% przypadków dodatkowy chromosom pochodzi od matki, a w 15% – od ojca.



Zespół Turnera

Choroba wynika z braku 1 chromosomu płci – chromosomu X. Występuje z częstością 1 na 5000 urodzonych dziewczynek. Ich karyotyp przedstawia się jako **45,X** (ryc. III.3.7).



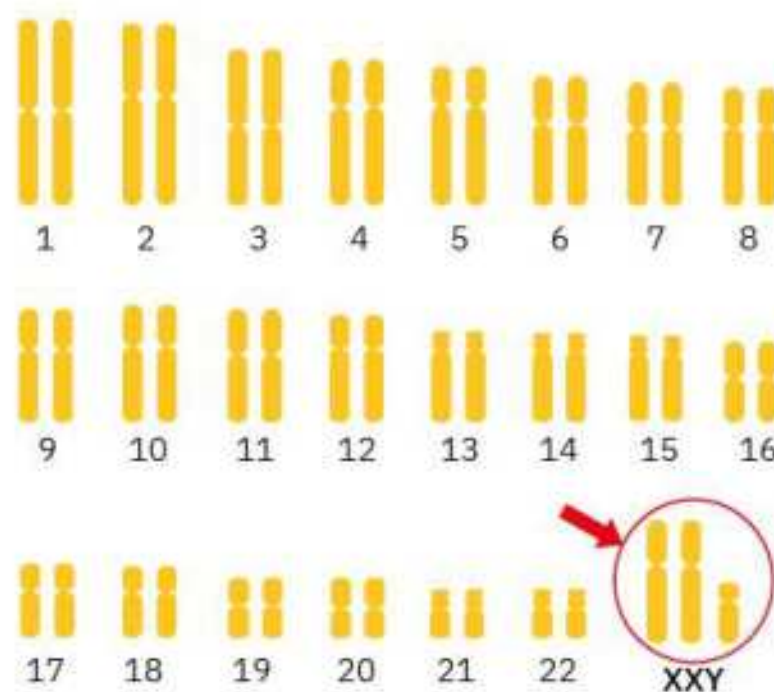
Ryc. III.3.7. Kariogram kobiety z zespołem Turnera.

Osoby chore są niskiego wzrostu (ok. 145 cm), odznaczają się krępą budową ciała, zaokrąglonymi biodrami i brakiem talii, a także niedorozwojem wewnętrznych i zewnętrznych narządów płciowych (przyczyna bezpłodności). Często chorobie towarzyszą wrodzone wady serca, nerek i innych narządów. Stosowanie terapii hormonalnej jest szansą na zwiększenie wzrostu i wykształcenia wtórnych cech płciowych.

Zespół Klinefeltera

Choroba jest wynikiem obecnością dodatkowego chromosomu X. Występuje z częstością 1 na 1000 urodzonych chłopców. Występuje u mężczyzn, których karyotyp zapisuje się jako **47,XXY** (ryc. III.3.8.).

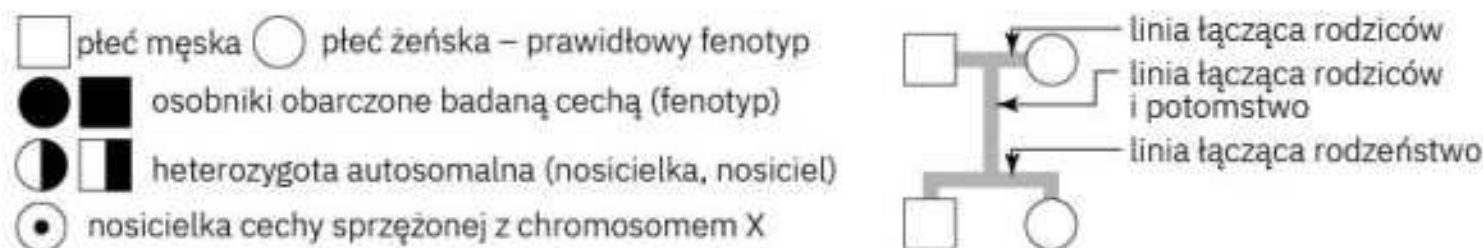
Mężczyźni ze względu na niższe od normalnego stężenie testosteronu mają słabo zaznaczone męskie cechy płciowe, a wyraźnie rozwiniętą kobiecą sylwetkę ciała. W leczeniu stosuje się terapię testosteronem, która pozwala na rozwój wtórnych cech płciowych, ale nie przywraca płodności.



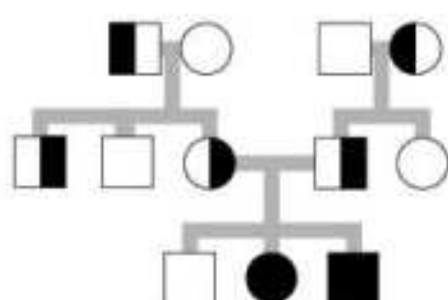
Ryc. III.3.8. Kariogram mężczyzny z zespołem Klinefeltera. Dodatkowy chromosom X pochodzi w 60% przypadków od matki, a w 40% – od ojca.

Analiza rodowodów

Rodowód to graficzny sposób przedstawienia informacji o danej rodzinie. Ułatwia ocenę prawdopodobieństwa wystąpienia choroby genetycznej u potomstwa. Za pomocą specjalnych symboli graficznych oznacza się fenotypy poszczególnych osób tworzących drzewo genealogiczne rodziny (ryc. III.3.9.).

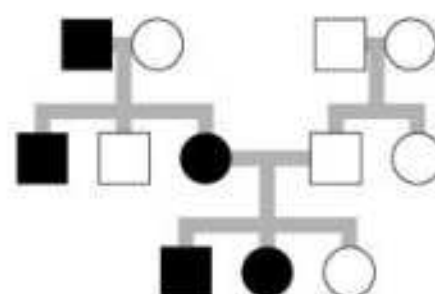


Ryc. III.3.9. Podstawowe symbole wykorzystywane podczas tworzenia drzew rodowych.



Mutacja autosomalna recesywna.

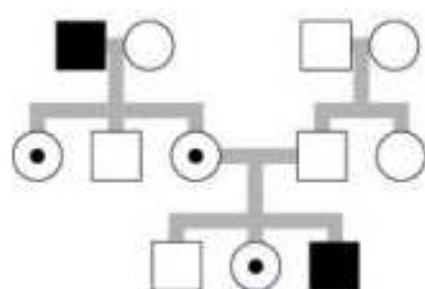
Choroba nie musi ujawniać się w każdym pokoleniu. Dotyka w równym stopniu kobiet i mężczyzn, jednak chorują jedynie homozygoty recesywne.



Mutacja autosomalna dominująca.

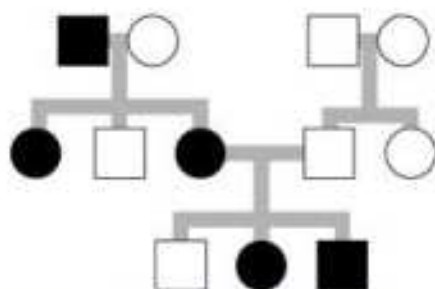
Choroba ujawnia się w każdym pokoleniu. W jednakowym stopniu chorują kobiety i mężczyźni.

Ryc. III.3.10. Rodowody rodzin z dziećmi dotkniętymi chorobą genetyczną autosomalną recesywną i dominującą.



Mutacja recesywna sprzężona z płcią w chromosomie X.

Choroba nie musi ujawniać się w każdym pokoleniu. Chorują mężczyźni i homozygotyczne kobiety. Chory mężczyzna ma córki nosicielki, synom nie przekazuje uszkodzonych alleli.



Mutacja dominująca sprzężona z płcią w chromosomie X.

Choroba ujawnia się w każdym pokoleniu. Chory mężczyzna nie przekazuje synom uszkodzonych alleli, chore kobiety mogą być heterozygotami lub homozygotami dominującymi.

Ryc. III.3.11. Rodowody rodzin z dziećmi dotkniętymi chorobą genetyczną sprzężoną z chromosomem X.

W tworzeniu rodowodów ważne jest właściwe stosowanie symboli i określonych zasad. Członkowie danego pokolenia powinni znajdować się na tym samym poziomie rodowodu. Linie męską pokolenia zaznacza się zawsze po prawej stronie. Czasami pokolenia mogą być określone rzymskimi cyframi, a osoby wchodzące

w skład danego poziomu – numerowane od lewej strony cyframi arabskimi. Potomków danej pary rodziców zaznacza się od lewej strony – od najstarszego do najmłodszego.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij podłoże takich chorób, jak: cukrzyca, otyłość, schizofrenia.
2. Oceń, czy podane osoby mogą być nosicielami wskazanych chorób. W każdym przypadku uzasadnij swoją odpowiedź.

A. kobieta nosicielka hemofilii

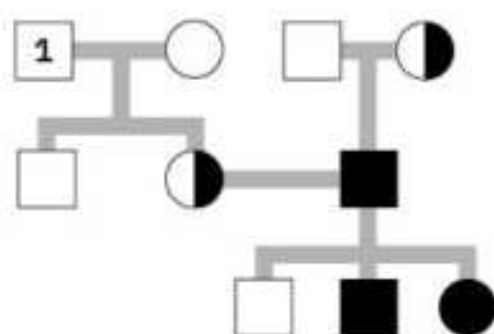
B. mężczyzna nosiciel daltonizmu

C. mężczyzna nosiciel choroby Huntingtona

D. kobieta nosicielka zespołu Downa

3. Daltonizm jest uwarunkowany recesywnym allelem (d) leżącym w chromosomie X. Prawidłowy allel dominujący oznacza się jako (D).

Na schemacie przedstawiono dziedziczenie daltonizmu w pewnej rodzinie.



Zapisz w zeszycie genotyp mężczyzny oznaczonego na schemacie cyfrą 1 i określ, czy jest on daltonistą. Uzasadnij swoją odpowiedź.

Podsumowanie działu

1. Zmienność organizmów i jej przyczyny

- Zmienność organizmów może zależeć od czynników środowiska (zmienność środowiskowa) lub może mieć podłoże genetyczne (zmienność dziedziczna).
- Zmienność uwarunkowana wpływem środowiska nie podlega dziedziczeniu.
- Zmienność o podłożu genetycznym wynika z procesów rekombinacji (zmienność rekombinacyjna) lub pojawiających się w genomie mutacji (zmienność mutacyjna).
- Źródłem zmienności rekombinacyjnej są procesy związane z podziałem meiotycznym – *crossing-over* i z niezależną segregacją chromosomów podczas tworzenia się gamet.

2. Trwałe zmiany w materiale genetycznym

- Wszystkie trwałe zmiany w strukturze genu niewynikające z rekombinacji nazywamy mutacjami.
- Mutacje możemy podzielić na spontaniczne i indukowane. Mutacje spontaniczne wynikają z błędów popełnionych podczas replikacji.
- Mutacje indukowane są wynikiem działania czynników mutagennych: fizycznych, chemicznych i biologicznych.
- Mutacje można podzielić na genowe oraz chromosomowe.
- Mutacje genowe mogą polegać na zastąpieniu jednego nukleotydu innym nukleotydem (substytucja), wypadnięciu jednego lub kilku nukleotydów (delecja) lub wstawieniu jednego lub kilku nukleotydów (insercja).
- Wśród mutacji chromosomowych wyróżniamy mutacje strukturalne i liczbowe.
- Mutacje chromosomowe strukturalne powodują zmianę w strukturze chromosomów. Zaliczamy do nich: duplikacje, deficyjencje, inwersje i translokacje.
- Mutacje chromosomowe liczbowe polegają na wzbogaceniu lub utracie chromosomów lub powieleniu całego zestawu chromosomów.
- Mutacje mają różny charakter. Niektóre mogą być neutralne, inne mogą być niekorzystne i powodować liczne choroby, w tym nowotworowe, a nawet śmierć osobnika. Tylko nieliczne są korzystne.
- Zmiany wywołane mutacjami w komórkach somatycznych nie są przekazywane potomstwu. Mutacje, które zaszły w komórkach płciowych, są dziedziczone.

3. Choroby genetyczne człowieka



- Ze względu na przyczynę choroby genetyczne dzieli się na:
 - jednogenowe – mutacje pojedynczych genów, m.in. albinizm, daltonizm, hemofilia, choroba Huntingtona;
 - chromosomalne – mutacje chromosomowe, m.in. zespół Downa, zespół Turnera, zespół Klinefeltera;
 - wieloczynnikowe – mutacje w wielu genach i często związane z działaniem czynników środowiskowych, m.in. cukrzyca, otyłość, nadciśnienie.
- Choroby genetyczne mogą być dziedziczone autosomalnie recesywnie, autosomalnie dominująco, w sposób sprzężony z płcią.
- Na podstawie analizy występowania objawów chorób genetycznych u różnych osób w rodzinie można określić sposób dziedziczenia i wyliczyć prawdopodobieństwo pojawienia się mutacji. Do tego służą rodowody.



IV

BIOTECHNOLOGIA

1. Biotechnologia tradycyjna

Biotechnologia to interdyscyplinarna dziedzina nauki, która posługuje się organizmami, ich składnikami oraz przeprowadzanymi przez nie procesami w celu wytwarzania i późniejszego zastosowania określonych produktów lub metod. Biotechnologię dzielimy na tradycyjną i nowoczesną (molekularną). **Biotechnologia tradycyjna** bazuje na naturalnie występujących w środowisku organizmach i produkowanych przez nich substancjach. **Biotechnologia nowoczesna** (molekularna) uzyskuje i wykorzystuje zmodyfikowane organizmy, komórki oraz enzymy, opierając się na najnowszych osiągnięciach biologii molekularnej.

Biotechnologia tradycyjna

Rośliny i zwierzęta towarzyszą ludziom od niepamiętnych czasów. Przede wszystkim służyły im jako pożywienie. Rośliny dawały schronienie, a także używano ich jako materiał na ubrania oraz stosowano je do leczenia różnego typu schorzeń. Ludzie nauczyli się wykorzystywać pożądane właściwości wybranych gatunków roślin lub zwierząt, co spowodowało, że część gatunków została wyeliminowana z ich otoczenia. Na przykład obecnie ok. 200 gatunków roślin przynosi pożytek człowiekowi, z czego 30 stanowi podstawę wyżywienia (m.in. ryż, pszenica, kukurydza, soja, ziemniaki). Z tych gatunków korzysta także przemysł farmaceutyczny, włókienniczy, kosmetyczny czy spożywczy.

Biotechnologia tradycyjna w działaniach człowieka

Do działań człowieka zaliczanych do biotechnologii tradycyjnej należą przede wszystkim **sztuczna selekcja** oraz **krzyżowanie**. Sztuczna selekcja to celowy wybór do dalszego rozmnażania osobników mających pożądane cechy. Krzyżowanie to kojarzenie wyselekcjonowanych osobników tego samego gatunku (krzyżowanie wewnątrzgatunkowe) lub różnych gatunków (krzyżowanie międzygatunkowe). Ludzie przez wieki prowadzili te zabiegi na wybranych gatunkach w celu uzyskania określonego efektu w postaci lepszego smaku, koloru, zwiększenia wartości odżywczych czy uodpornienia na choroby. Ponadto od początku XX w. nowe odmiany uzyskiwano za pomocą **mutagenezy**, czyli celowego wprowadzania zmian w materiale genetycznym z zastosowaniem czynników mutagennych (np. promieniowania). Wszystkie te metody przyczyniły się do powstania odmian lub ras znacznie różniących się od wyjściowych organizmów, a także wyraźnie różniących się między sobą. Roślinnym przykładem obrazującym efekt takich modyfikacji jest kapusta warzywna, której liczne odmiany nie przypominają wyjściowego organizmu (ryc. IV.1.1.).



Ryc. IV.1.1. Wszystkie obecnie dostępne odmiany kapusty (B, C, D, E, F, G) wywodzą się od jednego gatunku *Brassica oleracea* (A).



Ryc. IV.1.2. Współcześnie występujące rasy psów znacznie różnią się między sobą.

W świecie zwierzęcym dobrym przykładem tego typu działań są współcześnie występujące rasy psów (znanych jest ponad 400; ryc. IV.1.2.). Wywodzą się one od wilkopodobnego przodka.

Tradycyjne procesy biotechnologiczne i ich współczesne zastosowania

Procesy biotechnologiczne to procesy biologiczne zachodzące w komórkach organizmów, ale przeprowadzane na dużą, przemysłową skalę w celu uzyskania



Ryc. IV.1.3. Malowidła ściennie z grobowca Ken-Amuna (Egipt) obrazujące proces wyrabiania chleba.

określonego produktu. Procesy te były wykorzystywane przez człowieka od bardzo dawna. Bazując na fermentacji, czyli jednym z podstawowych procesów biotechnologicznych, 6000 lat temu w Egipcie pieczono chleb (ryc. IV.1.3.) i warzono piwo z użyciem drożdży, a w Chinach produkowano ser i wino.

Metody tradycyjnej biotechnologii mają zastosowanie w wielu obszarach gospodarki, m.in. w przemyśle spożywczym, farmaceutycznym, rolnictwie czy ochronie środowiska. Podstawowym procesem biotechnologicznym jest **fermentacja**, która zachodzi w komórkach mikroorganizmów w warunkach beztlenowych. Najbardziej istotne w kontekście biotechnologicznym są fermentacja etanolowa



Ryc. IV.1.4. Bioreaktor do namnażania komórek zwierzęcych.

i fermentacja mleczanowa. **Fermentacja etanolowa** to rozkład cukrów prostych do alkoholu etylowego i dwutlenku węgla. Jest przeprowadzana przez drożdże i niektóre bakterie. Z kolei fermentacja mleczanowa polega na rozkładzie cukrów do kwasu mlekowego. Przeprowadzają ją liczne gatunki bakterii, m.in. z rodzaju *Lactobacillus* czy *Streptococcus*. Aby na przemysłową skalę wykorzystywać zdolność mikroorganizmów do przeprowadzania fermentacji i uzyskiwania rozmaitych produktów, konieczna jest ich masowa hodowla. Hodowlę taką prowadzi się w specjalnych urządzeniach zwanych **bioreaktorami** lub **fermentorami** (ryc. IV.1.4.). Jest to najczęściej

duże, metalowe lub szklane naczynie z opcją mieszania i napowietrzania, zazwyczaj sterowane automatycznie. Pojęcie *bioreaktor* w biotechnologii nowoczesnej ma też inne znaczenie – określa się nim mikroorganizmy, rośliny oraz zwierzęta, ponieważ również je wykorzystuje się do produkcji związków potrzebnych człowiekowi (np. białek). To znaczenie zostanie omówione w dalszej części tego działu.

Biotechnologia tradycyjna w przemyśle spożywczym

Biotechnologia w przemyśle spożywczym bazuje głównie na procesach fermentacyjnych. **Fermentacja mlekowa** zachodzi podczas produkcji jogurtów, kefirów (w połączeniu z fermentacją alkoholową), śmietany, a także kiszenia warzyw i owoców (ryc. IV.1.5.). Kiszenie to jedna z najstarszych znanych metod konserwacji żywności. Bakterie mlekowe prowadzą do obniżenia pH roztworu, w którym się rozwijają, co uniemożliwia rozwój bakterii odpowiedzialnych za psucie się żywności. Fermentację mlekową wykorzystuje się także do wyrobu produktów mięsnych, takich jak metka i salami. Również przy produkcji pieczywa wykorzystujemy bakterie kwasu mlekowego znajdujące się w zawieszynie nazywanej zakwasem chlebowym. Proces fermentacji mlekowej znalazł zastosowanie w tzw. dojrzewaniu serów podpuszczkowych (np. parmezanu).

Z kolei **fermentacja alkoholowa** jest wykorzystywana do produkcji piwa, wina oraz pieczywa i ciast. Jako substrat do produkcji wina stosuje się soki owocowe, a do produkcji piwa – głównie zboża.

Różne rodzaje fermentacji wykorzystuje się także do produkcji czekolady (fermentacji poddaje się ziarno kakaowca), kawy, octu, sosu sojowego oraz wielu dań kuchni orientalnych, np. kimchi (ryc. IV.1.6.).



Ryc. IV.1.5. Fermentacja mlekowa w przemyśle spożywczym jest wykorzystywana do produkcji przetworów mlecznych oraz kiszonek.



Ryc. IV.1.6. Kimchi (czytaj: kimczy) to tradycyjne danie kuchni koreańskiej składające się ze sfermentowanych warzyw.

Biotechnologia tradycyjna w przemyśle farmaceutycznym

Klasyczne procesy biotechnologiczne w obszarze farmacji są wykorzystywane do pozyskiwania substancji leczniczych z mikroorganizmów – grzybów i bakterii. Przykładami są **antybiotyki**, m.in. penicylina z grzyba *Penicillium notatum*, streptomycyna z bakterii *Streptomyces* czy **enzymy** (np. α -amylaza z bakterii *Bacillus*). Klasyczne procesy biotechnologiczne są także wykorzystywane do poszukiwania nowych substancji biologicznie czynnych ze źródeł biologicznych (m.in. mikroorganizmów, roślin), syntezy związków leczniczych czy do opracowania nowych szczepionek. Choć klasyczne metody biotechnologiczne w przemyśle farmaceutycznym są ciągle wykorzystywane, to ustępują one nowym, bazującym na biologii molekularnej.

Do działań w zakresie biotechnologii farmaceutycznej należy także wykorzystanie roślin i związków w nich zawartych do leczenia różnych chorób. Człowiek dawno nauczył się rozpoznawać, które gatunki roślin potrafią łagodzić rozmaite dolegliwości. Dziś wiele związków roślinnych, ważnych z punktu widzenia medycznego, odkrywa się na nowo, modyfikuje i wykorzystuje jako składniki nowoczesnych leków.

Biotechnologia tradycyjna w ochronie środowiska

Metody biotechnologiczne w ochronie środowiska stosuje się w dwóch głównych celach:

- do ochrony środowiska, czyli zapobiegania i/lub ograniczania ilości wprowadzanych zanieczyszczeń do wód, gleby i do atmosfery; w tym zakresie mieści się oczyszczanie ścieków, unieszkodliwianie odpadów, a także wytwarzanie biopaliw;
- do odbudowy terenów zdegradowanych (np. w wyniku katastrof ekologicznych); proces ten nazywamy **bioremediacją**, bo zachodzi z udziałem organizmów.

Procesy biotechnologiczne wykorzystywane w oczyszczaniu ścieków bazują na **osadzie czynnym**, czyli zawiesinie mikroorganizmów (bakterii, pierwotniaków), których zadaniem jest rozkład związków organicznych do prostych związków nieorganicznych (CO_2 , H_2O , azotany). Dodatkowo wyselekcjonowane gatunki bakterii osadu czynnego usuwają ze ścieków nadmiar azotu oraz fosforu. W oczyszczaniu ścieków wykorzystuje się także proces fermentacji metanowej, który prowadzi do rozkładu materii organicznej i powstawania biogazu wykorzystywanego jako źródło energii.

Bioremediacja to usuwanie toksyn z terenów zanieczyszczonych (gleby, wody), które zachodzi z udziałem różnych populacji mikroorganizmów zamieszkujących stale te tereny. Drobnoustroje wykorzystują te substancje jako źródło pokarmu

i przetwarzają je do nietoksycznych związków. Odmianą bioremediacji jest **fitoremediacja**, czyli odbudowa zanieczyszczonych terenów z wykorzystaniem roślin. W takim procesie biorą udział rośliny wykazujące zdolność do gromadzenia (akumulowania) w swoich tkankach ponadprzeciętnych ilości toksyn i metali ciężkich, np. ołowiu. Rośliny te nazywamy **hiperakumulatorami**. Do hiperakumulatorów, sadzonych np. na terenach pogórnich, należy m.in. rzeżusznik Hallera (ryc. IV.1.7.).



Ryc. IV.1.7. Rzeżusznik Hallera jest hiperakumulatorem i może rosnąć na terenach o wysokiej zawartości metali.

Biotechnologia tradycyjna w rolnictwie

Bakterie z rodzaju *Rhizobium* i *Azotobacter* potrafią wykorzystywać azot cząsteczkowy (N_2) i przekształcać go w formy przyswajalne dla roślin, dlatego są wykorzystywane do wzbogacania gleby w związki azotowe niezbędne dla ich rozwoju (w postaci tzw. szczepionek bakteryjnych stosowanych zwykle przed wysiewem nasion). Większa dostępność związków azotowych przyczynia się do zwiększania ilości plonów.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij, na czym polega różnica między biotechnologią tradycyjną a nowoczesną.
2. Wymień procesy, które wykorzystuje się obecnie w biotechnologii, a ludzkość zna je od dawna. Wyjaśnij, na czym one polegają.
3. Wytłumacz, co oznacza pojęcie *bioreaktor*.
4. Sporządź w zeszycie tabelę dotyczącą wykorzystania procesów biotechnologicznych w przemyśle spożywczym, farmaceutycznym i w ochronie środowiska. Uwzględnij rodzaje procesów, wykorzystywane organizmy oraz przykłady zastosowań.

2. Biotechnologia nowoczesna

U podstaw nowoczesnej biotechnologii leży rozwój biologii molekularnej i inżynierii genetycznej. **Biologia molekularna** bada właściwości cząsteczek budujących komórkę, głównie białek i kwasów nukleinowych. **Inżynieria genetyczna** to zespół technik pozwalających na celową zmianę właściwości materiału genetycznego, przenoszenie genów między organizmami, a także otrzymywanie organizmów genetycznie zmodyfikowanych (GMO). Nowoczesna biotechnologia jest szeroko wykorzystywana w rolnictwie, technologii żywności, ochronie środowiska, farmacji, medycynie i w nauce. Działania biotechnologii w tych obszarach dla ułatwienia oznaczono kolorami:

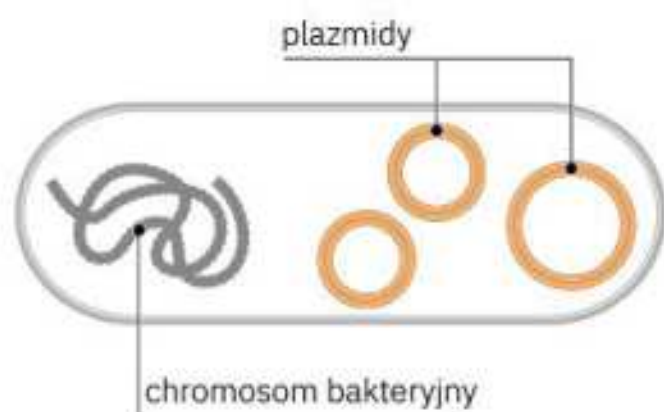
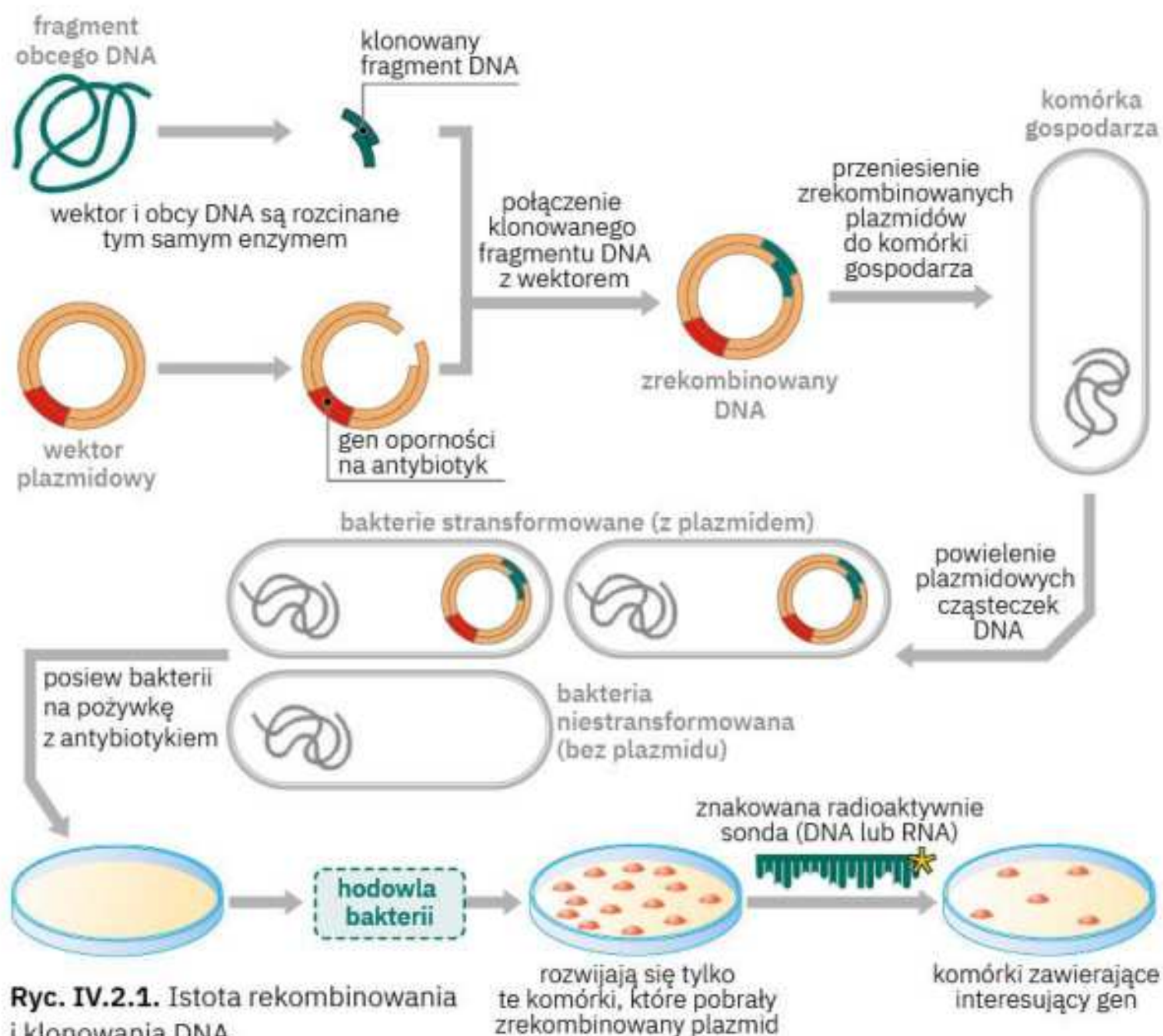
- **zielona biotechnologia** zajmuje się pracami związanymi z rolnictwem,
- **czerwona biotechnologia** dotyczy zdrowia człowieka,
- **biała biotechnologia** to biotechnologia ochrony środowiska i przemysłu.

Inżynieria genetyczna

Metody inżynierii genetycznej pozwalają na zmiany w materiale genetycznym, wprowadzanie obcych genów i wytwarzanie nowych nieistniejących w naturze połączeń kombinacji DNA. DNA uzyskany w wyniku tych technik nazywamy **rekombinowanym DNA**. Aby na bazie genu wprowadzonego do DNA biorcy uzyskać pożądaną produkt, czyli białko, musi on włączyć się do materiału genetycznego gospodarza i podlegać wraz z nim replikacji, transkrypcji i translacji. W tym celu fragmenty DNA najpierw izoluje się i powiela za pomocą **klonowania genowego** (ryc. IV.2.1.). Metoda ta polega na wstawieniu klonowanego fragmentu do innej cząsteczki DNA, która służy jako nośnik (wektor) zdolny do replikacji w żywych komórkach. Połączenie cząsteczek DNA pochodzących z różnych źródeł prowadzi do powstania cząsteczki zrekombinowanego DNA. Taka cząsteczka zostaje wprowadzona do komórki gospodarza (np. bakterii), która powielając się, tworzy klon. Spośród namnożonych bakterii selekcjonuje się te, które zawierają wektor z obcym fragmentem DNA. Następnie z tej grupy komórek, za pomocą znakowanych radioaktywnie fragmentów kwasów nukleinowych (tzw. sond), wyszukuje się te, które zawierają interesujący nas gen. Techniki rekombinowania DNA obecnie wykorzystuje się do uzyskiwania białek ludzkich w komórkach bakterii (np. insuliny, hormonu wzrostu). Aby uzyskać ludzkie białko, rekombinowany DNA wprowadza się do komórek bakteryjnych za pomocą **wektorów** (ryc. IV.2.1.) lub wykorzystuje się **metody bezwektorowe**.

Wektory charakteryzują się zdolnością do replikacji przebiegającej niezależnie od genomu gospodarza (np. genomu komórki eukariotycznej). Do najczęściej wyko-

rzystywanych wektorów zaliczamy plazmidy (kuliste cząsteczki DNA występujące głównie u bakterii), bakteriofagi (wirusy bakteryjne) oraz wirusy (adenowirusy, re-trowirusy). Przykładem metod bezwektorowych jest mikroiniekcja, w czasie której DNA wprowadza się bezpośrednio do jądra za pomocą szklanej mikroigły (koniec tej igły ma średnicę 0,1 mikrometra; ryc. IV.2.2.).



Ryc. IV.2.2. Plazmidy to małe kuliste DNA, którego replikacja przebiega niezależnie od DNA chromosomu bakteryjnego.



Ryc. IV.2.3. W czasie mikroiniekcji DNA do komórki wprowadza się materiał genetyczny za pomocą mikroigły.

Zastosowania technik inżynierii genetycznej

Badania DNA są obecnie nieocenionym narzędziem w wielu dziedzinach naszego życia. Wykorzystuje się je w **sądownictwie** do **ustalania ojcostwa** czy w sprawach spadkowych. Zgodnie z polskim prawem matką dziecka jest kobieta, która je urodziła, a ojcem jest mężczyzna wskazany przez matkę. Jeśli mężczyzna nie zgadza się tym, co mówi kobieta, może wnieść do sądu sprawę o ustalenie spornego ojcostwa. Jednym z podstawowych dowodów jest wówczas badanie DNA wykonane na zlecenie sądu w specjalistycznej placówce.

Badania DNA są także niezastąpione w **kryminalistyce**, np. podczas identyfikacji śladów biologicznych pozostawionych przez sprawców przestępstw (ryc. IV.2.4.). Porównanie DNA pochodzącego ze śladów biologicznych znalezionych na miejscu przestępstwa z DNA podejrzanego może potwierdzić lub wykluczyć udział danej osoby w sprawie. Obecnie dostępne metody pozwalają na powtórna analizę zebranych przed laty dowodów, wznowianie umorzonych śledztw i rozwiązywanie spraw, których dotąd nie udało się rozwikłać.

Analizy DNA wykorzystuje się też w celach naukowych – do wzbogacania wiedzy o ewolucji gatunków i tworzenia rodowodów. Genetycy zajmują się również badaniem starożytnego DNA, czyli wyizolowanego z martwych organizmów (np. zasuszonych okazów). Analizy te umożliwiają uzyskanie nowych informacji na temat wymarłych gatunków zwierząt (np. niedźwiedzia jaskiniowego) oraz ich linii rozwojowych i pokrewieństwa z gatunkami żyjącymi obecnie.



Ryc. IV.2.4. Do przeprowadzenia analizy DNA wystarczy kilka komórek pochodzących np. ze śliny pozostawionej na koperce czy niedopałku papierosa, z zabrudzonych ubrań lub fragmentów skóry pod paznokciami ofiary.

PYTANIA I POLECENIA

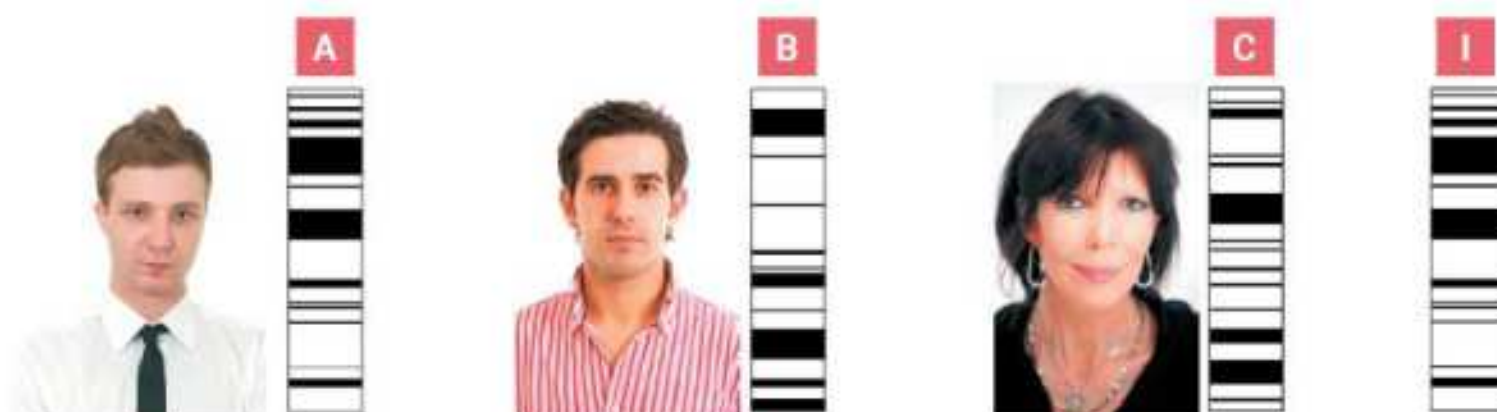
1. Przerysuj tabelę do zeszytu i ją uzupełnij. Przyporządkuj podane przykłady do kolorów biotechnologii.
 - wytwarzanie czynnika krzepliwości krwi w mleku zwierząt
 - produkcja plastiku w liściach roślin genetycznie zmodyfikowanych
 - kukurydza z wprowadzoną odpornością na szkodniki
 - uzyskiwanie zwierząt, od których można będzie przeszczepiać organy ludziom

Zielona biotechnologia	Czerwona biotechnologia	Biała biotechnologia

2. Wyjaśnij, co to jest rekombinowanie DNA i w jakim celu się je przeprowadza.
3. Wytłumacz, co to są wektory, i wymień dwa przykłady.
4. W dostępnych źródłach (internet, prasa) znajdź cztery przykłady zastosowania analiz DNA w sprawach sądowych. Na tej podstawie sporządź notatkę w zeszycie.
5. W pewnym mieście włamano się do sklepu. Policjanci zatrzymali troje podejrzanych. Na miejscu zdarzenia znaleziono kilka włosów, z których wyizolowano DNA. Na tej podstawie określono profil genetyczny sprawcy (przedstawia go kolumna I). Określono także profile genetyczne trojga zatrzymanych (kolumny A, B i C).

Przeanalizuj profile i odpowiedz, czy dzięki nim można określić, który z podejrzanych był obecny na miejscu włamania. Uzasadnij swoją odpowiedź.

Na podstawie: R. Walker, *Geny i DNA*, SAMP Informacja i Edukacja, Warszawa 2004.



3. Mikroorganizmy genetycznie zmodyfikowane

Terminem **organizmy genetycznie zmodyfikowane** (organizmy GM, GMO; ang. *genetically modified organisms*) określa się organizmy, których materiał genetyczny został zmieniony przy użyciu technik inżynierii genetycznej w celu uzyskania nowych cech lub zmiany cech już istniejących. Jeżeli do genomu organizmu zostanie wprowadzony gen pochodzący z innego organizmu, mamy do czynienia z **organizmem transgenicznym**. Pierwszym wprowadzonym do sprzedaży organizmem transgenicznym był pomidor FlavrSavr™ (1994 r.). Modyfikacjom genetycznym są poddawane mikroorganizmy, rośliny oraz zwierzęta.

Mikroorganizmy genetycznie zmodyfikowane (GMM)

Do mikroorganizmów (drobnoustrojów) zalicza się bakterie, wirusy, pierwotniaki, liczne glony oraz niektóre grzyby. Mają one ogromne znaczenie w inżynierii genetycznej – zarówno jako organizmy modelowe, jak i wektory genowe. Mikroorganizmy transgeniczne, nazywane również mikroorganizmami GM, wykorzystuje się m.in. w medycynie, rolnictwie, przemyśle (np. farmaceutycznym i spożywczym) czy w ochronie środowiska. Do zalet mikroorganizmów należą szybkie tempo ich wzrostu oraz łatwość hodowli. Ponadto genomy większości wykorzystywanych w procesach biotechnologicznych mikroorganizmów są znane.

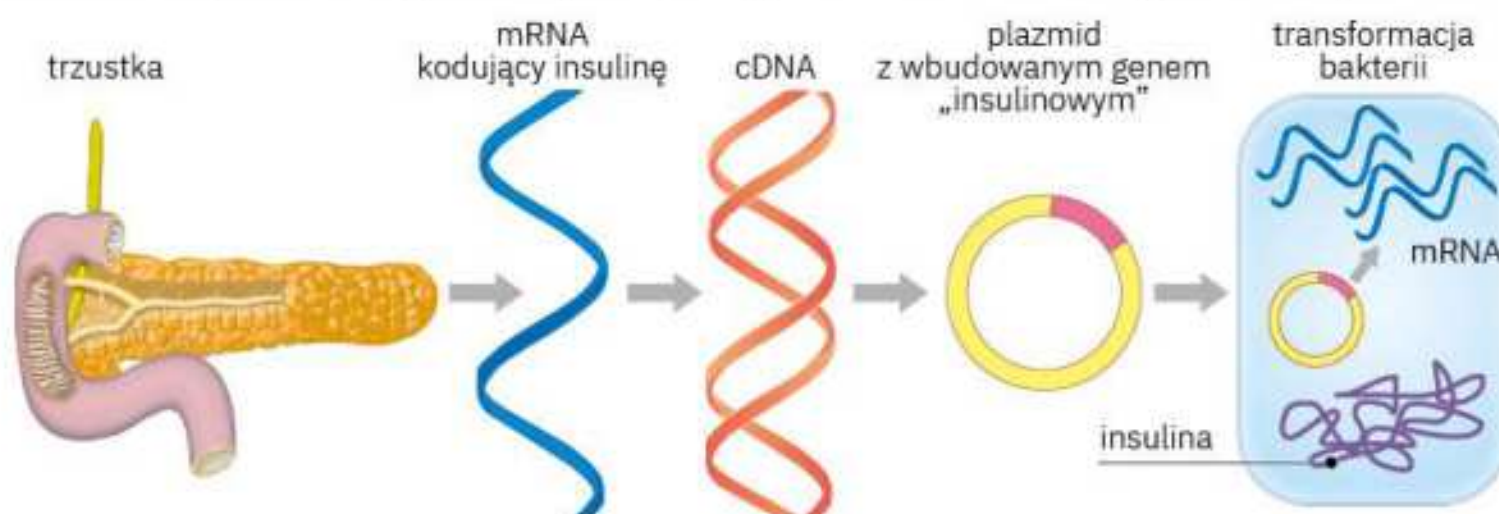
Mikroorganizmy genetycznie zmodyfikowane w medycynie

Chociaż medycyna stale się rozwija, z powodu infekcji wirusowych i bakteryjnych na świecie umiera rocznie wiele milionów osób. Najbardziej skuteczną metodą walki z tym zagrożeniem okazały się jak dotąd **szczepienia**. Dzięki szczepieniom profilaktycznym udało się wyeliminować lub znacznie ograniczyć występowanie groźnych chorób (np. ospy prawdziwej, gruźlicy, polio). Istotą szczepień ochronnych jest wprowadzenie do organizmu małej dawki drobnoustrojów chorobotwórczych, dzięki czemu system odpornościowy uczy się je rozpoznawać i zwalczać. Wykorzystanie mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych pozwala uzyskać nowe szczepionki, których bezpieczeństwo i dostępność są znacznie większe niż szczepionek tradycyjnych. Nowym osiągnięciem są także **szczepionki DNA** zawierające kwasy nukleinowe. Szczepionki DNA stosowane są na razie jedynie u zwierząt. Składają się one z plazmidów, w których występuje jeden lub kilka genów kodujących białka drobnoustrojów. Szczepionki RNA zawierają sekwencję kodującą białko patogenu (np. wirusa), które w czasie translacji jest produkowane w organizmie człowieka. Jego obecność skutkuje odpowiedzią immunobiologiczną w postaci produkcji przeciwciał skierowywanych przeciwko tym białkom. Pierwsze szczepionki RNA dopuszczone do stosowania u ludzi są skierowane

przeciwno chorobie Covid-19. Do ich zalet należą większe bezpieczeństwo oraz niższe koszty produkcji w porównaniu ze szczepionkami tradycyjnymi.

Mikroorganizmy transgeniczne wykorzystuje się także do produkcji przemysłowych ilości wysokiej czystości **antybiotyków**. Najczęściej stosuje się w tym celu bakterie, zwłaszcza z rodzaju *Streptomyces* (ponad 50 antybiotyków stosowanych w lecznictwie, w tym streptomycyna).

Mikroorganizmy genetycznie zmodyfikowane wykorzystuje się także do produkcji **białek ludzkich** na skalę przemysłową. Najczęściej wykorzystuje się do tego celu zmodyfikowaną pałeczkę okrężnicy – *Escherichia coli* (ryc. IV.3.1.).



Ryc. IV.3.1. Aby w pałeczkach okrężnicy (*Escherichia coli*) można było produkować insulinę, należy wprowadzić gen kodujący ludzką insulinę do plazmidu bakteryjnego. Bakterie namnaża się, tak aby uzyskać wiele kopii genu, a w efekcie wiele białka – insuliny.



Ryc. IV.3.2. Zapotrzebowanie na insulinę jest ogromne (nawet do 16 ton rocznie na świecie), ponieważ cukrzycę diagnozuje się u coraz większej liczby osób w coraz młodszy wieku.

W ten sposób obecnie uzyskuje się ludzką insulinę stosowaną do leczenia cukrzycy (ryc. IV.3.2.). Zastąpiła ona wykorzystywaną wcześniej insulinę zwierzęcą (głównie bydlęcą lub świńską). Zwiększyło to skuteczność leczenia cukrzycy oraz bezpieczeństwo chorego. Przykłady innych substancji uzyskiwanych z zastosowaniem mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych podano w tabeli IV.3.1.

Tab. IV.3.1. Przykłady białek i mikroorganizmów transgenicznych wykorzystywanych do ich produkcji

Zmodyfikowany mikroorganizm	Produkowane substancje
<i>Escherichia coli</i> (bakteria)	ludzka insulina, interferon, hormon wzrostu
<i>Pichia pastoris</i> (drożdże)	żelatyna, ludzkie przeciwciała
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (drożdże piekarnicze)	ludzki hormon wzrostu

Mikroorganizmy GM w rolnictwie, ochronie środowiska i przemyśle

Geny bakterii wprowadza się do materiału genetycznego roślin, dzięki czemu uzyskuje się gatunki odporne na herbicydy, szkodniki czy patogeny. Zmodyfikowane grzyby oraz bakterie wykorzystuje się także zamiast nawozów chemicznych bądź jako ich uzupełnienie. Bakterie z rodzaju *Rhizobium*, które żyją w symbiozie z korzeniami roślin motylkowych, zmodyfikowano w taki sposób, że przeprowadzany przez nie proces wiązania azotu atmosferycznego (N_2) przebiega znacznie intensywniej, co przekłada się na wyższe i lepsze plony.

Jednym z osiągnięć inżynierii genetycznej jest wytworzenie transgenicznych mikroorganizmów, które rozkładają substancje zanieczyszczające środowisko. Wiele z tych związków jest toksycznych i rakotwórczych. Przykładem są polichlorowane bifenyle (PCB). Ulegają one powolnemu rozkładowi, w trakcie którego wydzielają się trujące związki. Do usuwania spowodowanych przez PCB skażeń z gleby i wody wykorzystuje się transgeniczne bakterie z rodzaju *Pseudomonas*, które degradują (czyli rozkładają) te substancje.

Duże nadzieje wiąże się z wykorzystaniem zmodyfikowanych bakterii do usuwania rtęci po katastrofach morskich (rtęć kumuluje się w łańcuchu pokarmowym, przez co staje się toksyczna dla ryb, ptaków oraz ludzi). Mikroorganizmy transgeniczne są używane również do produkcji **materiałów biodegradowalnych**, czyli takich, które są rozkładane do prostych związków,

np. dwutlenku węgla i wody. Zapobiega to składowaniu wytworzonych z nich opakowań na wysypiskach. Upowszechnienie tej metody byłoby prawdziwym przełomem, ponieważ rocznie na świecie produkuje się kilkanaście milionów ton odpadów polistyrenowych. Większość tych odpadów jest składowana, a tylko 1% – utylizowany. Przykładami biopolimerów są m.in.



Ryc. IV.3.3. Biodegradowalne polimery (PLA, PCL) łatwo ulegają rozkładowi – zarówno w glebie, jak i w wodzie.

polilaktyd (PLA) otrzymywany np. z mączki kukurydzianej oraz polikaprolakton (PCL). Polimery te wykorzystywane są do produkcji jednorazowych naczyń oraz w celach biomedycznych, np. do produkcji wchłaniających nici chirurgicznych.

Drobnoustroje żyjące w środowiskach ekstremalnych (gorących źródłach, lodach arktycznych, silnie zanieczyszczonych terenach) budzą duże zainteresowa-

nie jako źródło nowych enzymów i związków. Wykorzystanie genów i kodowanych przez nie białek pochodzących od tych organizmów służy uzyskaniu m.in. bezpiecznych dla środowiska proszków do prania oraz innych detergentów.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wymień podobieństwa i różnice między szczepionkami tradycyjnymi i szczepionkami DNA i RNA.
2. Wyjaśnij, jakie znaczenie w leczeniu chorych na cukrzycę miało zastąpienie insuliny zwierzęcej insuliną ludzką produkowaną przez zmodyfikowane genetycznie bakterie.
3. Wymień korzyści wynikające ze stosowania transgenicznych mikroorganizmów w rolnictwie.
4. Przeczytaj poniższy fragment artykułu, a następnie oceń prawdziwość podanych zdań.

Mikroorganizmy wywołujące większość zatruć pokarmowych być może pewnego dnia wyprodukują znaczną część paliwa wykorzystywanego przez środki transportu. Naukowcy zmodyfikowali genom pospolitych bakterii Escherichia coli (pałeczki okrężnicy) tak, aby produkowały olej napędowy oraz inne węglowodory. Najpierw genetycznie zmodyfikowano bakterie, aby przetwarzały cukier i wydelały gotowe biopaliwo. Wyływa ono na powierzchnię zbiornika, w którym prowadzi się fermentację, i nie wymaga dalszej destylacji ani oczyszczania. Badacze, dążąc do zminimalizowania negatywnego wpływu produkcji biopaliwa na podaż żywności, w innych gatunkach znaleźli geny produkujące enzymy, które rozkładają podstawowy składnik ścian komórkowych – celulozę. Nie jest ona pokarmem dla człowieka. Naukowcy wprowadzili te geny do E. coli i uzyskali mikroorganizmy nie tylko rozkładające celulozę, ale także produkujące biopaliwo.

Na podstawie: *Pożyteczne mikroorganizmy*, „Świat Nauki” 2010, nr V, s. 18.

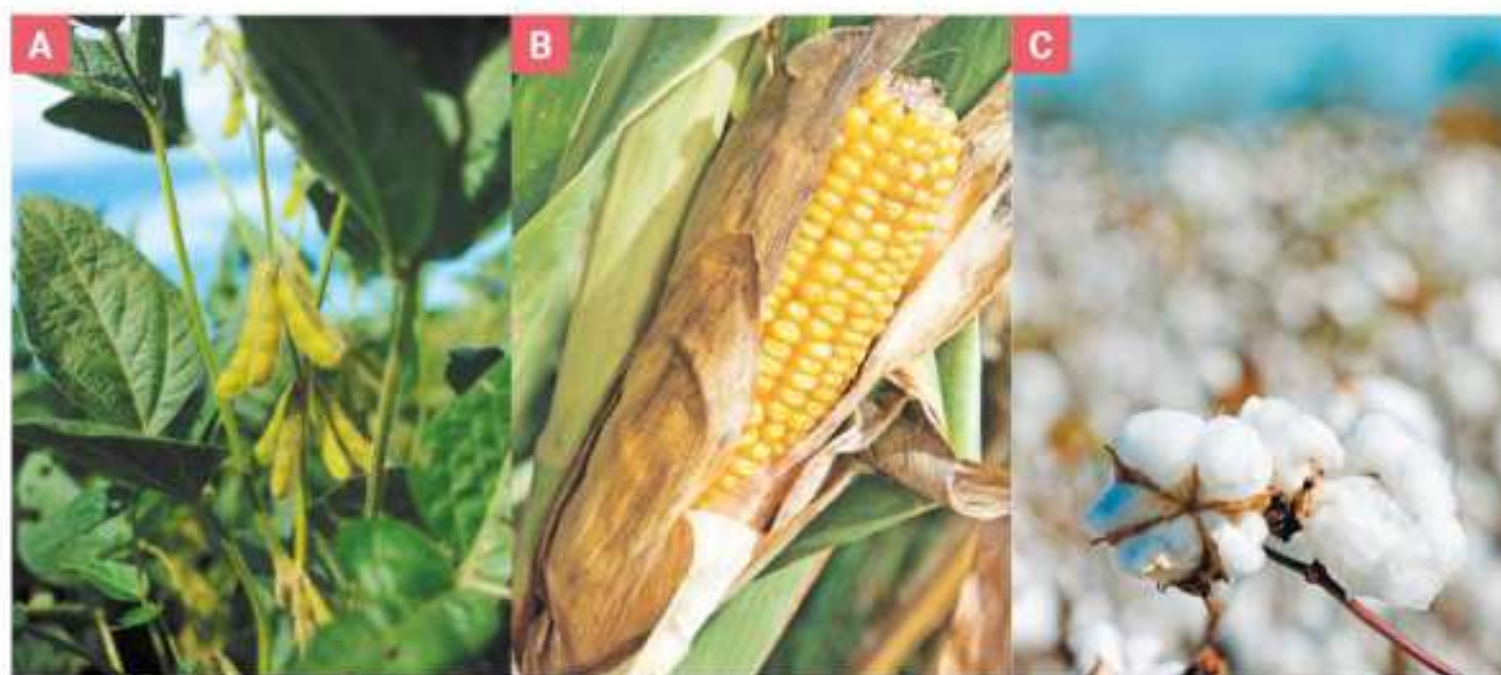
- A. *Escherichia coli* została zmodyfikowana w taki sposób, aby cukry i białka przetwarzała na paliwo.
- B. Biopaliwo produkowane przez zmodyfikowane bakterie może być od razu wykorzystane.
- C. Zmodyfikowana bakteria zawiera enzymy zdolne do rozkładania cukrów, których człowiek nie jest w stanie trawić.
- D. Jeden gatunek bakterii rozkłada celulozę, a inny produkuje biopaliwo z produktów tego rozkładu.

4. Modyfikacje genetyczne roślin i zwierząt

Szacuje się, że do 2050 r. liczba ludzi na świecie wzrośnie do 9 miliardów, co rodzi konieczność zaspokojenia olbrzymich potrzeb żywieniowych. Tradycyjne metody hodowli mogą nie zapewnić wystarczającej ilości żywności, dlatego z pomocą rolnikom przychodzi biotechnologia. Zastosowanie roślin transgenicznych może przyczynić się do podniesienia wydajności upraw, zwiększając produkcję na określonej powierzchni przy jednoczesnym zmniejszeniu nakładów finansowych i ograniczeniu użycia pestycydów. Rośliny i zwierzęta transgeniczne znajdują zastosowanie w medycynie.

Rośliny transgeniczne

W 2018 r. światowe uprawy roślin genetycznie zmodyfikowanych (roślin GM) zajmowały powierzchnię ponad 191 milionów hektarów, z czego połowa to uprawy soi. Do uprawianych roślin GM należą też kukurydza, bawełna (ryc. IV.4.1.), rzepak, dynia i lucerna. Najwięcej roślin GM produkuje się w Stanach Zjednoczonych. W Unii Europejskiej uprawy roślin transgenicznych znajdują się w Hiszpanii i Portugalii.



Ryc. IV.4.1. Rośliny najczęściej modyfikowane genetycznie: soja (A), kukurydza (B), bawełna (C).

Rośliny modyfikowane genetycznie w rolnictwie

Inżynieria genetyczna wspiera rolników w staraniach o uzyskanie lepszej jakości roślin oraz w zwiększeniu ich produktywności. Cel ten jest realizowany poprzez:

- **zwiększenie tolerancji roślin na niesprzyjające warunki środowiska**, czyli suszę, zmiany temperatury, zasolenie gleby (np. odporne na suszę pomidor i ziemniak, eukaliptus odporny na niskie temperatury);

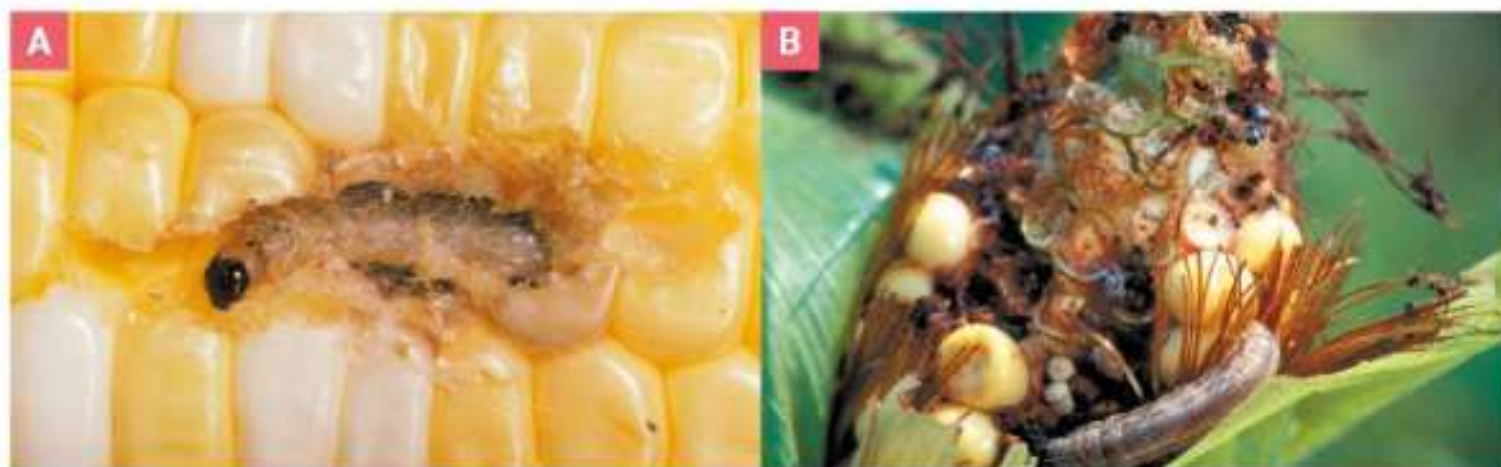
- **zwiększenie wartości odżywczej roślin** oraz poprawę ich jakości w wyniku zmiany składu aminokwasowego, zwiększenia zawartości witamin, skrócenia czasu dojrzewania owoców oraz wydłużenia czasu ich przechowania (np. kawa o zmniejszonej zawartości kofeiny, tytoń z mniejszą zawartością nikotyny czy śliwki o wydłużonym czasie przechowania);

Dzięki inżynierii genetycznej udało się uzyskać złoty ryż (ang. *New Golden Rice*), który zawiera wysoki poziom prowitaminy A (ryc. IV.4.2.). Niedobory witaminy A dotyczą mieszkańców krajów najuboższych i rozwijających się, głównie dzieci, których dieta jest nie zróżnicowana i oparta na produktach zbożowych. Wprowadzenie do niej odmian roślin z wyższą zawartością witaminy A daje nadzieje na zahamowanie ślepoty zmierzchovej powodowanej niedoborem tej witaminy.



Ryc. IV.4.2. W tzw. krajach Trzeciego Świata wielu ludzi umiera lub traci wzrok z powodu niedoboru witaminy A. Spożywanie złotego ryżu mogłoby pomóc temu zapobiegać.

- uzyskanie **roślin odpornych na choroby wirusowe, bakteryjne i grzybowe** (np. ziemniak odporny na wirusa liściozwoju);
- uzyskanie **roślin uprawnych niewrażliwych na herbicydy**; herbicydy to substancje chemiczne toksyczne wykorzystywane do zwalczania chwastów; najpowszechniej uprawianą rośliną tego typu jest soja, ale do tej grupy należą także bawełna, kukurydza, rzepak, żyto;
- wytworzenie **roślin odpornych na szkodniki owadzie**; takie rośliny najczęściej uzyskuje się, wprowadzając do ich materiału genetycznego gen bakterii glebowej warunkujący produkcję białka toksycznego dla owadów (białko to nazywa się toksyną Bt); roślinę transgeniczną wyposażoną w gen tej toksyny nazywamy **rośliną Bt**, np. kukurydza Bt odporna na omacnicę prosowiankę (ryc. IV.4.3.).



Ryc. IV.4.3. Najgroźniejszym szkodnikiem atakującym kukurydzę jest omacnica prosowianka – ciepłolubny motyl nocny (A – gąsienica omacnicy prosowianki na ziarniakach kukurydzy; B – kolba kukurydzy uszkodzona przez omacnicę).

Rola roślin transgenicznych w medycynie i ochronie środowiska

Inżynieria genetyczna stawia sobie także za cel stworzenie roślin na użytek medycyny, np. produkujących ludzką albuminę surowicy krwi, hormony, enzymy oraz przeciwciała. Przykłady roślin-bioreaktorów podano w tabeli IV.4.1. Warto wspomnieć, że polscy naukowcy uzyskali transgeniczny len, którego włókna zawierają silne antyutleniacze. Opatrunki wykonane z włókien tego lnu, a także maści czy kremy z jego dodatkiem przyspieszają gojenie się ran i działają bakteriobójczo.

Tab. IV.4.1. Przykłady biofarmaceutyków wytwarzanych w roślinach i ich zastosowanie

Białko	Wykorzystywana roślina	Możliwe zastosowanie w medycynie
α -interferon	ryż, rzepak	terapię antywirusową
czynnik wzrostu naskórka	tytoń	leczenie oparzeń
erytropoetyna	tytoń	leczenie anemii, niewydolności nerek
hemoglobina	tytoń	produkcja preparatów krwiozastępczych do leczenia niedokrwistości
hirudyna	tytoń, gorczyca	leczenie zaburzeń krzepnięcia krwi

Zwierzęta transgeniczne

Modyfikacje genetyczne zwierząt są znacznie bardziej skomplikowane, długotrwałe i kosztowne niż modyfikacje roślin, dlatego nie są tak rozpowszechnione. O zwierzętach transgenicznych mówimy wówczas, kiedy obcy gen jest wbudowany do materiału genetycznego komórek rozrodczych, to znaczy – kiedy może on być przekazany następnym pokoleniom. Pierwszym zwierzęciem uzyskanym przy użyciu technik inżynierii genetycznej była mysz, do której genomu wprowadzono gen hormonu wzrostu pochodzący od szczura.

Cele modyfikacji genetycznej zwierząt

Modyfikacje genetyczne zwierząt mają na celu zwiększenie odporności na choroby (np. na ptasią grypę czy priony wywołujące chorobę szalonych krów), a także zmiany jakościowe produktów zwierzęcych. Efekt ten osiąga się m.in. przez:

- zwiększenie masy ciała zwierząt hodowlanych (np. ryb, świń czy królików);



Ryc. IV.4.4. Transgeniczny łosoś z genem hormonu wzrostu jest znacznie większy niż łosoś niezmodyfikowany. Fot. AquaBounty Technologies – Barrett & MacKay Photography.

- wzrost wydajności mlecznej zwierząt oraz poprawę jakości produktów nabiałowych czy zwiększenie przyrostu i jakości wełny;
- zwiększenie zawartości niezbędnych nienasyconych kwasów tłuszczowych (NNKT) w tłuszczu ssaków (kwasy te nie są syntetyzowane w organizmie człowieka i muszą być dostarczane wraz z pożywieniem).

Wykorzystanie zwierząt transgenicznych do celów medycznych polega przede wszystkim na uzyskiwaniu ludzkich białek czy hormonów z mleka zmodyfikowanych krów, kóz i owiec, a także m.in. z krwi zwierząt-bioreaktorów (tab. IV.4.2.). Modyfikacjom genetycznym poddaje się nie tylko kręgowce. Trwają prace nad uzyskaniem komarów niezdolnych do przenoszenia zarodźców malarii, a także pszczoł odpornych na choroby.

Tab. IV.4.2. Przykłady białek o znaczeniu medycznym wytwarzanych w mleku zwierząt transgenicznych

Białko	Zwierzę	Zastosowanie
ludzki czynnik krzepliwości krwi (antytrambina)	koza	kontroluje powstawanie zakrzepów
albumina krwi (białko krwi)	koza, bydło	wykorzystywana podczas transfuzji krwi
ludzki hormon wzrostu (odpowiada za wzrost i różnicowanie komórek)	królik, koza	leczenie karłowatości i spowalnianie procesów starzenia
erytropoetyna (odpowiada za powstawanie erytrocytów)	owca, krowa, świnia	leczenie anemii

Trwają również prace nad uzyskaniem narządów **do transplantacji** od zwierząt transgenicznych (tzw. ksenotransplantacji). Polegają one przede wszystkim na znoszeniu bariery immunologicznej między gatunkami (ryc. IV.4.5.).

Metody inżynierii genetycznej pozwalają również na **zapobieganie wyginięciu gatunków zwierząt**. W celu ochrony gatunków zagrożonych i wymierających stosuje się głównie sztuczne zapłodnienie, zamrażanie gamet i zarodków, a także klonowanie (patrz rozdz. 6.).

Ryc. IV.4.5. Transgeniczna świnia TG 1154, uzyskana w 2003 r. w krakowskim Instytucie Zootechniki, miała wbudowany gen, który zniósł barierę immunologiczną świnia – człowiek.



Genetycznie zmodyfikowane zwierzęta są również wykorzystywane w **celach naukowych**. Odgrywają olbrzymią rolę jako modele ludzkich chorób (np. cukrzyca, otyłość) i obiekty badań. Dzięki temu możliwe jest zdobycie wiedzy niezbędnej do zrozumienia badanych zjawisk, znalezienie ich przyczyn oraz sposobów reagowania na nie, np. poprzez testowanie działania nowych leków.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij pojęcie *roślina genetycznie zmodyfikowana*.
2. Skonstruuj w zeszycie tabelę dotyczącą roślin i zwierząt genetycznie zmodyfikowanych. Uwzględnij gatunek, rodzaj wytwarzanych związków oraz ich zastosowania.
3. Wytłumacz, w jaki sposób uzyskuje się rośliny odporne na szkodniki owadzie.
4. Przeczytaj poniższy tekst, a następnie wykonaj polecenia.

Na amerykańskim Uniwersytecie Cornella przeprowadzono badania, w których wykazano, że pyłek transgenicznej kukurydzy Bt działa owadobójczo nie tylko na larwy omacnicy prosowianki, ale także na larwy motyla monarchy żerujące na liściach trojeści (rodzaj chwastu). Doniesienia te na około 6 lat wstrzymały proces regulacyjny dla nowych GMO w UE. Po wykonaniu badań polowych naukowcy z Uniwersytetu Cornella opublikowali sprostowanie. Okazało się, że dawki pyłku kukurydzy użyte w laboratorium były całkowicie nieproporcjonalne do potencjalnych dawek w warunkach polowych. Okres żerowania larw nie pokrywa się z okresem pylenia kukurydzy, a trojeść rzadko występuje w uprawach kukurydzy. Ponadto stwierdzono, że motyle monarchy giną w wyniku zabiegów chemicznych stosowanych dla ochrony kukurydzy niemodyfikowanej.

Na podstawie: <http://link.operon.pl/n73291> [dostęp z dnia 05.02.2021]

- a) Wyjaśnij, dlaczego wyniki doświadczeń laboratoryjnych różniły się od wyników uzyskanych w doświadczeniach polowych.
 - b) Podaj, które z wymienionych w tekście warunków nie zostały uwzględnione przez naukowców z Uniwersytetu Cornella w czasie prac laboratoryjnych.
 - c) Wskaż stwierdzenia, które mogą stanowić wniosek z sytuacji opisanej w powyższym tekście.
- A. Badania laboratoryjne dotyczące wpływu pyłku kukurydzy Bt na larwy motyla monarchy nie odzwierciedlają sytuacji występującej w naturze.

B. W celu stwierdzenia wpływu pyłku transgenicznej kukurydzy na larwy motyla monarchy należało wykonać równoległe badania laboratoryjne i polowe.

C. Sytuacja występująca w środowisku naturalnym jest znacznie bardziej złożona niż w warunkach laboratoryjnych.

5. Przeczytaj tekst i wykonaj polecenie.

W Banku Materiałów Genetycznych Instytutu Zootechniki [w Balicach] zgromadzono nasienie i zarodki bydła rasy polskiej czerwonej, owiec rasy: świ-niarka, olkuska górską, romanowską, wrzosówką oraz wyselekcjonowanych pod względem wybitnych cech użytkowych i hodowlanych królików rasy: białej nowozelandzkiej, czerwonej nowozelandzkiej, białej duńskiej, czarnej alaski, białej termondzkiej i szynszyla dużego.

Źródło: B. Gajda, Z. Smorąg, *Wykorzystanie metod biotechnologii rozrodu w zachowaniu bioróżnorodności zwierząt*, „Biotechnologia” 2007, nr 4.

Wyjaśnij, w jakim celu gromadzi się nasienie zwierząt wymienionych w tekście.

5. Zagrożenia związane z GMO

Coraz szersze zastosowanie osiągnięć inżynierii genetycznej i biotechnologii budzi duże obawy. Mimo korzyści, jakie płyną z uzyskiwania organizmów transgenicznych, od kilkunastu lat toczą się dyskusje na temat GMO. Rodzą się pytania o zagrożenia, jakie te organizmy mogą stanowić dla zdrowia ludzi oraz dla środowiska.

Zagrożenia wynikające ze stosowania mikroorganizmów transgenicznych

Hodowle mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych nie powodują tak dużych kontrowersji, jak wykorzystanie transgenicznych roślin czy zwierząt. W przypadku GMM największe obawy wzbudza szybkie tempo ich rozmnażania się, co w przypadku przedostania się tych organizmów do środowiska może uniemożliwić kontrolę nad nimi. Liczne badania pokazują, że zmodyfikowane mikroorganizmy bardzo trudno przystosowują się do środowiska naturalnego. Ponadto manipulacje genetyczne są prowadzone w taki sposób, aby można było je usunąć ze środowiska, kiedy nie są już potrzebne.

Argumenty przeciw GMO

Istotną obawą związaną z organizmami transgenicznymi jest lęk przed wpływem, jaki mogą one wywrzeć na informację genetyczną człowieka na skutek spożywania wytworzonych z nich produktów. Wynika to z niezrozumienia faktu, że człowiek od tysięcy lat zjada geny zawarte w żywności i nie spowodowało to ich wbudowania do DNA ludzkiego.

Istnieje wiele organizacji skupiających przeciwników uzyskiwania organizmów zmodyfikowanych genetycznie. Organizacje te w różny sposób wyrażają swoją opinię (ryc. IV.5.1.). Przepisy prawne zobowiązują producentów żywności do znakowania produktów zawierających GMO lub będących GMO. Obecnie coraz częściej na produktach spożywczych możemy znaleźć informacje podkreślające, że dane towary są wolne od GMO (ryc. IV.5.2.).



Ryc. IV.5.1. Oznakowanie niektórych produktów spożywczych informujące o tym, że został on wytworzony lub pozyskany bez użycia organizmów genetycznie zmodyfikowanych.



Ryc. IV.5.2. Protest Greenpeace przeciwko GMO przed budynkiem Ministerstwa Środowiska w Warszawie.

Rośliny transgeniczne

Obawy związane z uprawami roślin genetycznie zmodyfikowanych odnoszą się w głównej mierze do bezpieczeństwa uzyskiwanej z nich żywności oraz do bezpieczeństwa środowiska naturalnego. Jednym z potencjalnych zagrożeń może być **negatywny wpływ roślin transgenicznych na inne organizmy**. Istnieją obawy, że toksyny produkowane przez rośliny odporne na szkodniki mogą wpływać na gatunki blisko spokrewnione ze szkodnikami oraz na zwierzęta, które się tymi szkodnikami odżywiają. Aby ocenić, czy takie ryzyko istnieje, przeprowadzono wiele badań naukowych, jednak dotychczas nie wykazały one negatywnych skutków takiego oddziaływania. Mimo to możliwość przeniesienia obcych genów wraz z pyłkiem kwiatowym (przez wiatr, owady) czy nasionami istnieje. W związku z tym są podejmowane próby tworzenia takich roślin GM, u których

taki gen po wypełnieniu swojej funkcji uległby samozniszczeniu. Każda metoda produkcji roślin GM jest stale udoskonalana, a hodowle są restrykcyjnie monitorowane i regulowane prawnie.

Innym argumentem często wysuwany przez przeciwników GMO jest możliwość **pojawienia się patogenów odpornych na toksyny** oraz **chwastów odpornych na herbicydy** – tzw. superchwastów. Wyniki prowadzonych obserwacji nie wykluczają tej możliwości. Dlatego zwykle rośliny transgeniczne są pozbawione zdolności wytwarzania pyłku lub zapylają się same.

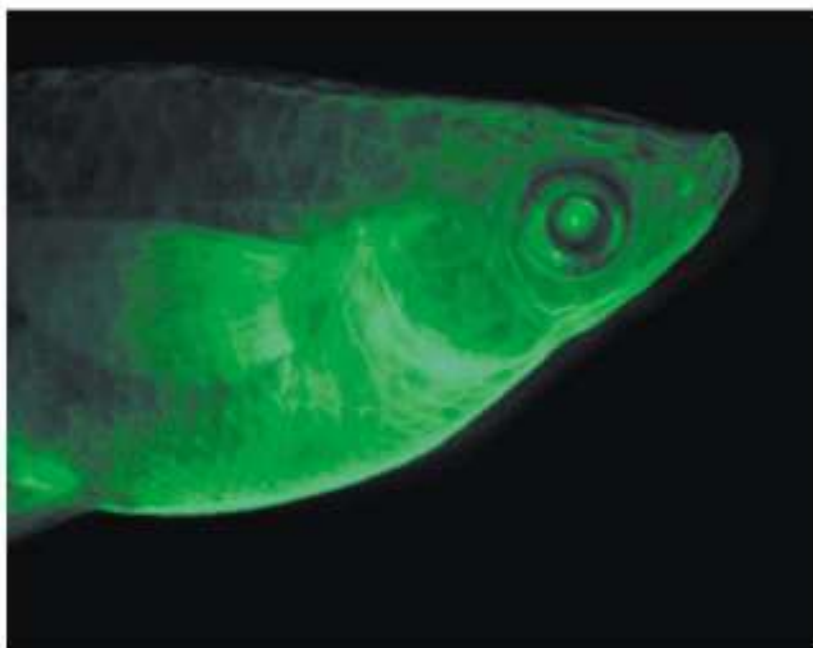
Brak zaufania społeczeństwa do GMO wynika również z popełnionych w przeszłości pomyłek. Przykładem może być omyłkowe wprowadzenie do sprzedaży w Stanach Zjednoczonych zmodyfikowanej genetycznie kukurydzy przeznaczonej na paszę dla zwierząt. Budzi to obawy o **zanieczyszczenie żywności produktami GMO**. Do badania obecności GMO w produktach spożywczych powołano sieć laboratoriów, których zadaniem jest kontrola ich czystości.

Niepokój budzi również ryzyko **przenoszenia przez transgeniczne rośliny genów warunkujących alergię pokarmową**. Warto jednak pamiętać, że to nie gen wywołuje alergię, ale jego produkt, czyli białko. Białka te są wykrywane na długo przed tym, zanim roślinę transgeniczną zacznie się uprawiać.

Podobne obawy budzi wprowadzanie genów warunkujących odporność na antybiotyki jako genów pozwalających rozróżnić komórki transgeniczne od niemodyfikowanych. Dlatego geny niosące odporność na antybiotyki eliminuje się przed wprowadzeniem roślin do uprawy lub w ogóle nie stosuje się tego typu selekcji.

Zwierzęta transgeniczne

Zastosowanie metod inżynierii genetycznej w przypadku zwierząt budzi mniej kontrowersji niż w przypadku roślin. Prawdopodobieństwo **przedostania się zwierzęcia transgenicznego do środowiska** jest niewielkie, ponieważ w większości nie są one zdolne do przeżycia czy rozmnażania w warunkach naturalnych. Obawa ta dotyczy głównie ryb zmodyfikowanych genetycznie, dlatego gatunki przeznaczone do hodowli na szerszą skalę są bezpłodne (ryc. IV.5.3.).



Ryc. IV.5.3. Transgeniczne ryby są zwykle bezpłodne, aby po przedostaniu się do środowiska nie mogły się rozmnażać.

Wiele obaw związanych ze zwierzętami GM wiąże się również z podejrzeniem, że geny zwierzęce mogą przedostać się do genomu człowieka. Człowiek jednak od tysięcy lat spożywa pokarmy zwierzęce, więc taka sytuacja wydaje się niemożliwa.

Wśród argumentów przeciw uzyskiwaniu zwierząt transgenicznych wymienia się także **ryzyko przenoszenia chorób** od zwierząt na człowieka oraz problemy natury etycznej (np. dotyczące wykorzystania organów zwierzęcych do transplantacji).

Postępowi metodycznemu i wykorzystaniu GMO powinno towarzyszyć upowszechnianie wiedzy o GMO. W wyniku braku zrozumienia podstaw genetyki większość społeczeństwa bardzo krytycznie ocenia działania biotechnologii. Brak wiedzy w tym zakresie jest główną przyczyną nieufności i uprzedzeń wobec tego tematu. Wątpliwości są dodatkowo podsycane przez wypowiedzi medialne. Tylko rzetelna informacja, przedstawiona w zrozumiały sposób, pozwoli społeczeństwu na obiektywną ocenę działań nowoczesnej biotechnologii, w tym wykorzystania organizmów genetycznie zmodyfikowanych.

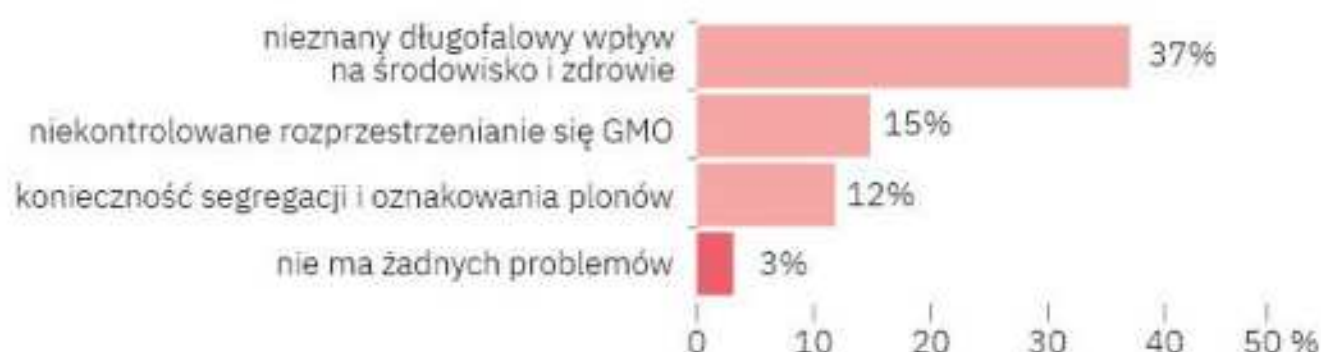
PYTANIA I POLECENIA

1. Wraz z kolegami i koleżankami podzielcie się na dwie grupy: zwolenników oraz przeciwników GMO. Przeprowadźcie dyskusję na temat GMO, w której przedstawicie po cztery argumenty za i przeciw.
2. Polska Federacja Biotechnologii przeprowadziła wywiad wśród rolników na temat upraw roślin genetycznie zmodyfikowanych. Poniżej zamieszczono wybrane pytania z ankiety oraz wykresy ilustrujące uzyskane odpowiedzi.

A. Jakie są Pana/Pani zdaniem największe korzyści związane z uprawą roślin zmodyfikowanych genetycznie?



B. Jakie są Pana/Pani zdaniem największe problemy związane z uprawą roślin zmodyfikowanych genetycznie?



- Przeanalizuj wyniki badania oraz wskaż najważniejsze korzyści i problemy, jakie dostrzegają rolnicy w związku z uprawami roślin GM.
- Określ, czy twoim zdaniem wyniki badania wskazują na konieczność edukacji społeczeństwa oraz przekazywania rzetelnej wiedzy na temat uprawy roślin GM. Odpowiedź uzasadnij.
- Przeprowadź podobną ankietę wśród uczniów w klasie oraz wśród członków rodziny. Przedstaw wyniki w zeszycie w postaci diagramów oraz dokonaj ich analizy.

- Przeczytaj pochodzące z różnych źródeł informacje dotyczące tej samej sprawy, a następnie wyjaśnij, na czym polega różnica między nimi.

*W sierpniu [2006 roku] w importowanym z USA ryżu długoziarnistym znaleziono próbki genetycznie modyfikowanego ryżu LL Rice 601. W całej Unii Europejskiej żadna z odmian transgenicznych ryżu nie jest dopuszczona do obrotu. W odpowiedzi Komisja Europejska zastrzyła przepisy dotyczące importu ryżu z USA – musi uzyskiwać atest, iż nie zawiera odmian modyfikowanych genetycznie. Brak gwarancji kontroli przy uprawie roślin transgenicznych, jak i późniejszym obrocie produktami jest jednym z głównych argumentów przeciwników GMO. (...) Tolerancję ryżu Liberty-Link (LL) Rice 601 na herbicyd uzyskano poprzez wprowadzenie do genomu rośliny gen ze *Streptomyces hygroscopicus* (...). W ten sposób na polu opryskiwanym herbicydem przeżywają tylko rośliny transgeniczne, chwasty giną. Ryż LL Rice 601 w USA został wprowadzony do środowiska w 1999 roku uprawiany jest z przeznaczeniem do spożycia dla ludzi, na paszę dla bydła i do przemysłowego wykorzystania. Próby polowe przeprowadzone w latach 1997–1998 nie wykazały występowania negatywnych skutków na środowisko, oraz zdrowie zwierząt i człowieka. Od 2006 roku uprawiany jest także w Kanadzie.*

Na podstawie: <http://link.operon.pl/n73292> [dostęp z dnia 05.02.2021]

Czy wiesz, że kupując w polskim sklepie ryż, możesz trafić na produkt zmodyfikowany genetycznie? To nie żart! W sierpniu 2006 roku w Europie wybuchł skandal, związany z zanieczyszczeniem ryżu importowanego z USA ryżem modyfikowanym genetycznie (LL601). Ryż ten nigdzie na świecie nie został zatwierdzony do spożycia przez ludzi i zwierzęta! (...). Komisja Europejska nakazała wszystkim krajom członkowskim przeprowadzenie testów na obecność tego produktu na ich terenie. (...) Greenpeace wysłał (...) pismo (...) do kluczowych detalistów polskich z zapytaniem, czy i jakie podejmują kroki w celu sprawdzenia, czy ryż LL601 znajduje się u nich w sprzedaży, domagając się jednocześnie ewentualnego wycofania go ze sprzedaży. Zaskakujący jest fakt, iż odpowiedzi udzieliła tylko niewielka liczba respondentów. (...) W świetle zebranych faktów uważamy, że skala problemu może być większa, niż przedstawione to jest w rozpowszechnianych dotąd informacjach. (...) Biotechnologia jest stosunkowo młodą dziedziną nauki i nie dysponuje wystarczającą ilością długofalowych badań, które potwierdzałyby fakt, że genetycznie modyfikowane rośliny nie są szkodliwe dla zdrowia ludzi i zwierząt. Dlatego trudno jest przewidzieć, jakie skutki dla zdrowia człowieka może mieć spożywanie ryżu modyfikowanego genetycznie. Dotychczasowe badania, prowadzone na zwierzętach laboratoryjnych, karmionych genetycznie modyfikowanymi roślinami, wykazały, że ich spożycie negatywnie wpłynęło na ich możliwości rozrodcze, spowodowało zaburzenia nerek oraz wywołało reakcje alergiczne.

Źródło: <http://link.operon.pl/n73293> [dostęp z dnia 05.02.2021]



6. Klonowanie organizmów

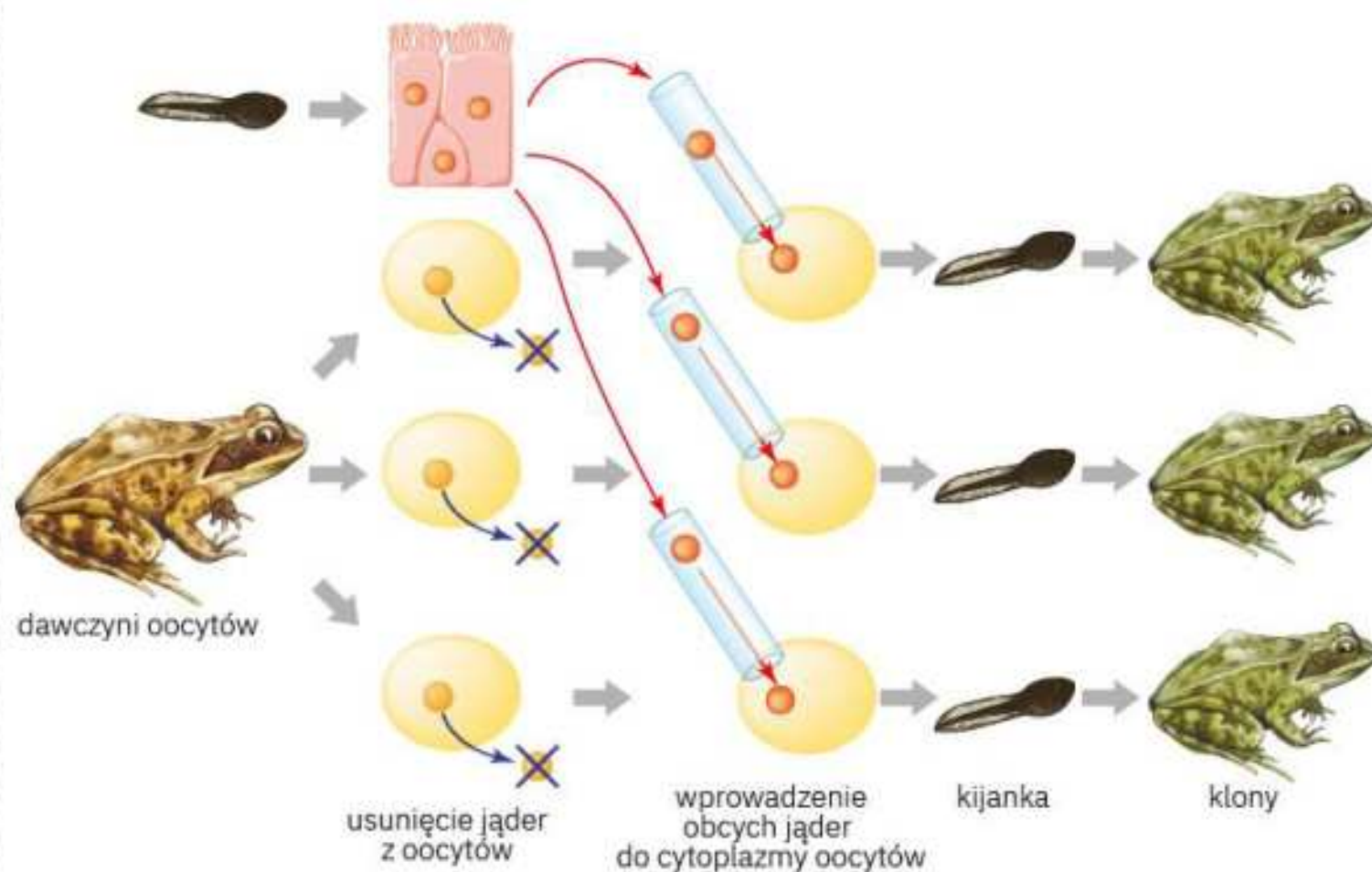
Termin *klon* oznacza zbiór komórek lub organizm identyczny pod względem genetycznym z innym organizmem (będący jego genetyczną kopią). Klony mogą powstawać w sposób naturalny lub w wyniku sztucznego zabiegu. Naturalnymi klonami są bliźnięta jednojajowe oraz potomstwo organizmów rozmnażających się bezpłciowo (np. przez podział, pączkowanie czy rozłogi; ryc. IV.6.1.).

Metody klonowania organizmów

Podstawową metodą sztucznego klonowania zwierząt jest **transfer jąder komórkowych** (zwany także klonowaniem somatycznym). Metoda ta polega na pobraniu jądra komórkowego z zarodka lub komórki somatycznej dorosłego organizmu. Następnie przenosi się do (pozbawionych wcześniej własnych jąder) dojrzewających komórek jajowych bądź zygoty tego samego gatunku. Komórki te pobudza się do rozwoju. Pierwszym zwierzęciem sklonowanym tą metodą była żaba (ryc. IV.6.2.).



Ryc. IV.6.1. Naturalne klony powstają przez podział organizmu wyjściowego (A – pantofelek, B – drożdże, C – truskawka) lub przez podział zygoty (D – bliźnięta jednojajowe).



Ryc. IV.6.2. Klonowanie zarodka żaby metodą transferu jąder komórkowych.

Klonowanie somatyczne jest mało wydajne, a uzyskanie jednego klonu wymaga wielu prób. Pierwszym sklonowanym ssakiem (1996 r.) uzyskanym z zastosowaniem tej metody była owca Dolly. Komórki użyte do klonowania pochodziły z wymienia jednej z owiec. W eksperymencie, w wyniku którego przyszła na świat, wykorzystano aż 277 zygot. Ze względu na chorobę płuc po sześciu latach Dolly została uśpiona.

Kolejnymi sklonowanymi ssakami były myszy, świny, muflon europejski, muł, kot, jeleń, wilk i pies. Klonowaniu poddaje się także zwierzęta transgeniczne w celu pozyskania większych ilości substancji produkowanych np. w mleku. Klonowanie można również wykorzystać do zachowania odmian zwierząt o cechach wartościowych dla rolników, np. mlecznych krów czy świń o dużej masie ciała. Podejmowane są także próby klonowania zwierząt zagrożonych wyginięciem, np. sklonowanie „Lady” – ostatniej żyjącej krowy rasy Enderby Island żyjącej na Nowej Zelandii. W przypadku gatunków wymarłych stosuje się **międzygatunkowe klonowanie somatyczne**. Materiał genetyczny danego zwierzęcia wprowadza się wówczas do organizmów matek zastępczych innego gatunku. Sklonowano w ten sposób zagrożonego wyginięciem gaura, woła występującego w Azji Południowej i Południowo-Wschodniej (ryc. IV.6.4.).



Ryc. IV.6.3. Dolly – pierwszy sklonowany ssak.



Ryc. IV.6.4. Za pomocą międzygatunkowego klonowania somatycznego udało się sklonować gaura.

Klonowanie terapeutyczne z użyciem komórek macierzystych

Rodzaje komórek macierzystych

Komórki macierzyste zachowują zdolność do podziałów przez całe życie organizmu. Drugą ważną ich cechą jest umiejętność różnicowania się w inne typy komórek. Ze względu na źródło pochodzenia wyróżnia się: **embrionalne** (zarodkowe) komórki macierzyste pochodzące z zygot lub węzłów zarodkowych, **płodowe** komórki macierzyste uzyskiwane z krwi pępowinowej oraz **somatyczne** komórki macierzyste, znajdujące się w tkankach dorosłego organizmu (m.in. w szpiku, jelitach, naskórku, tkance nerwowej, krwi czy siatkówce oka).

Liczne badania prowadzone na zarodkowych komórkach macierzystych pozwoliły poznać geny i białka odpowiadające za ich możliwości różnicowania się. Wiadomo także, w jaki sposób doprowadzić w warunkach *in vitro* do tego, aby komórki te przekształciły się w określony typ komórek (np. w neurony czy włókna mięśniowe). Trwają badania mające na celu sprawdzenie, czy komórki macierzyste mogłyby zostać wykorzystane zamiast uszkodzonych tkanek. Najlepszy potencjał do różnicowania się mają zarodkowe komórki macierzyste, które można pozyskać dwoma sposobami: w wyniku zapłodnienia *in vitro* lub w wyniku klonowania techniką transferu jąder komórkowych. Ponieważ uzyskiwanie komórek macierzystych z ludzkich zarodków budzi wiele kontrowersji natury etycznej, trwają intensywne prace nad pozyskiwaniem ich z innych źródeł. Duże nadzieje wiąże się z opracowaną niedawno metodą uzyskiwania komórek macierzystych z komórek już zróżnicowanych (np. fibroblastów czy komórek wątroby) nazwanych **indukowanymi pluripotentnymi komórkami macierzystymi** (iPS, ang. *induced pluripotent stem cells*). Są one obecnie wykorzystywane do testowania działania leków, a także poznawania podłoża schorzeń genetycznych.

Komórki macierzyste mogą być także pozyskane z **krwi pępowinowej**. Mogą one przekształcać się w komórki krwi. Mimo takiej oczywistej specjalizacji niektórzy uważają, że dowolne komórki macierzyste można stosować w różnych chorobach. Próbuje się zatem wykorzystywać komórki krwi pępowinowej w leczeniu chorób serca, uszkodzeń rdzenia kręgowego, chorób neurodegeneracyjnych, jak stwardnienie zanikowe boczne czy w cukrzycy. Zastosowania takie, wątpliwe z biologicznego punktu widzenia, są krytykowane przez specjalistów, zwracających także uwagę na niebezpieczeństwa, jakie mogą rodzić takie eksperymentalne terapie. Oczekiwania ciężko chorych pacjentów, jak aktora Christophera Reeve'a (czytaj: kristofera riwa) oraz ich rodzin mogą być niestety wykorzystywane przez prywatne kliniki oferujące odpłatnie takie niepotwierdzone terapie (ryc. IV.6.5.). Przestrzegają przed tym odpowiedzialni naukowcy oraz rzetelne instytucje, np. Europejska Agencja Leków (EMA).

Ryc. IV.6.5. Terapie z użyciem komórek macierzystych popierał zmarły w 2004 r. amerykański aktor Christopher Reeve (odtwórca roli Supermana), który w 1995 r. został sparaliżowany po upadku z konia.



Profilaktyka chorób genetycznych

Profilaktyka zdrowotna to działania zapobiegające występowaniu chorób, w tym chorób genetycznych. Profilaktyka pierwotna obejmuje usuwanie i kontrolowane czynniki ryzyka (np. utrzymanie prawidłowej diety, niepalenie papierosów). Profilaktyka wtórna to zapobieganie chorobom poprzez wczesne ich wykrywanie oraz leczenie. Ponieważ dostępne metody leczenia mają ograniczone zastosowanie w odniesieniu do chorób genetycznych, choroby te stanowią współcześnie poważny problem. Wszelkie działania zmniejszające ryzyko ich wystąpienia są więc niezmiernie ważne.

Poradnictwo genetyczne

Profilaktyka pierwotna w przypadku tego typu chorób genetycznych opiera się na poradnictwie genetycznym, które obejmuje głównie rodziny obarczone ryzy-



Ryc. IV.6.6. Wizyta w poradni genetycznej jest niezbędna, jeśli w rodzinie istnieje ryzyko wystąpienia choroby dziedzicznej.

wystąpienia chorób genetycznych. Poradnictwo to obejmuje następujące etapy: prawidłowe rozpoznanie choroby, analizę rodowodu rodziny, określenie ryzyka wystąpienia choroby, przekazanie porady oraz ocenę jej skutków. Celem poradnictwa genetycznego jest przekazanie pełnej informacji o rozpoznanej chorobie (wraz z opisem jej przebiegu i istniejących sposobów leczenia), a także określenie genetycznego podłoża choroby oraz oszacowanie ryzyka pojawienia się jej u pozostałych członków rodziny oraz potomstwa. Przekazane informacje powinny pomóc osobom konsultowanym w podjęciu działań zgodnych z uzyskaną wiedzą, przekonaniem i celami życiowymi, a także przyczynić się do jak najlepszego funkcjonowania chorego oraz ograniczenia ponownego pojawienia się choroby w rodzinie. Porada genetyczna jest udzielana jedynie osobom zainteresowanym i ma charakter informacyjny. Udzielający jej lekarz powinien wzbudzać

ryzykiem ich wystąpienia. W przypadku wieloczynnikowych chorób genetycznych profilaktyka pierwotna jest bardzo skuteczna (np. zapobieganie wadom cewy nerwowej u płodu przez przyjmowanie kwasu foliowego przez kobiety planujące ciążę i będące w ciąży).

Termin **poradnictwo genetyczne** został wprowadzony w 1947 r. Oznacza on formę specjalistycznej pomocy medycznej dla rodzin, w których istnieje ryzyko

zaufanie i wykazywać się taktem. Decyzja o dalszym postępowaniu należy do osób zasięgających porady. Podstawowym zadaniem poradnictwa genetycznego jest zwiększenie wiedzy osób konsultowanych o chorobie i ryzyku jej wystąpienia oraz o możliwym jej wpływie na życie chorego i jego rodziny.

Testy genetyczne

Test genetyczny jest badaniem DNA (a także RNA, białek, chromosomów itp.) wykonywanym dla celów poradnictwa genetycznego i celów klinicznych. Test umożliwia poznanie genetycznej przyczyny choroby lub określenie ryzyka rozwoju choroby genetycznej (test na nosicielstwo genetyczne) u danej osoby lub u jej potomstwa. Testy genetyczne są wykorzystywane podczas badań przesiewowych. Pozwala to podjąć kroki zapobiegające wystąpieniu poważnych zaburzeń na skutek niewłaściwej opieki. Badania tego typu są jednym z ważniejszych narzędzi profilaktyki wtórnej chorób uwarunkowanych genetycznie.

Testy genetyczne osoba zainteresowana może też wykonać w firmach zajmujących się tym komercyjnie. Warto jednak zastanowić się nad wpływem, jaki uzyskana wiedza (np. o ryzyku zachorowania na jakąś chorobę) może wyrzucić na nasze życie. Wynik testów może spowodować, że zaczniemy lekceważyć swoje zdrowie (np. wiedza o minimalnym ryzyku zachorowania na raka płuc nie zmotywuje do rzucenia palenia papierosów). Z dużą dozą ostrożności należy podchodzić także do testów dostępnych w internecie. Zarówno przed wykonaniem jakiegokolwiek testu genetycznego, jak i po jego wykonaniu powinniśmy skonsultować się z lekarzem. Z jednej strony pozwoli to ocenić zasadność przeprowadzenia tego typu badania, a z drugiej – uniknąć błędnej interpretacji wyników i jej konsekwencji.

PYTANIA I POLECENIA

1. Przeanalizuj ilustracje i określ, czy przedstawione na nich organizmy są swoimi klonami. Uzasadnij swoją odpowiedź.





2. Przeczytaj poniższy tekst i wykonaj polecenia.

Południowokoreańscy naukowcy pierwsi na świecie sklonowali psa – trzyletniego charta afgańskiego. Z pobranych od suk labradora (matek zastępczych) niezapłodnionych komórek jajowych usunięto jądra komórkowe. Następnie wprowadzono do nich jądra komórkowe pobrane z komórek skóry ucha klonowanego psa. Komórki te stymulowano, aby zaczęły się dzielić i rozwijać. Potem wprowadzono je do macic matek zastępczych. W wyniku klonowania uzyskano dwa szczeniaki charta afgańskiego. Jeden z nich zdechł po 22 dniach, drugi – Snuppy – przeżył. Zdaniem naukowców sklonowanie psa umożliwi lepsze poznanie przyczyn wielu poważnych chorób i opracowanie skutecznych sposobów ich leczenia.

Na podstawie: <http://link.operon.pl/n73292> [dostęp z dnia 05.02.2021]

a) Określ, jaką metodę klonowania wykorzystali naukowcy, aby stworzyć Snuppy'ego.

b) Oceń prawdziwość podanych zdań.

A. Choroba płuc spowodowała śmierć jednego ze sklonowanych labradorów.

B. Komórki do klonowania pobrano z ucha charta afgańskiego.

C. Komórki jajowe suk labradora zostały pozbawione własnych jąder przed wprowadzeniem jąder komórek somatycznych charta afgańskiego.

D. Klony psów mogą zostać wykorzystane jako modele zwierzęce chorób człowieka.

3. Wymień rodzaje komórek macierzystych. Omów możliwości zastosowania komórek macierzystych w leczeniu.

4. Wymień zadania i cele poradnictwa genetycznego.

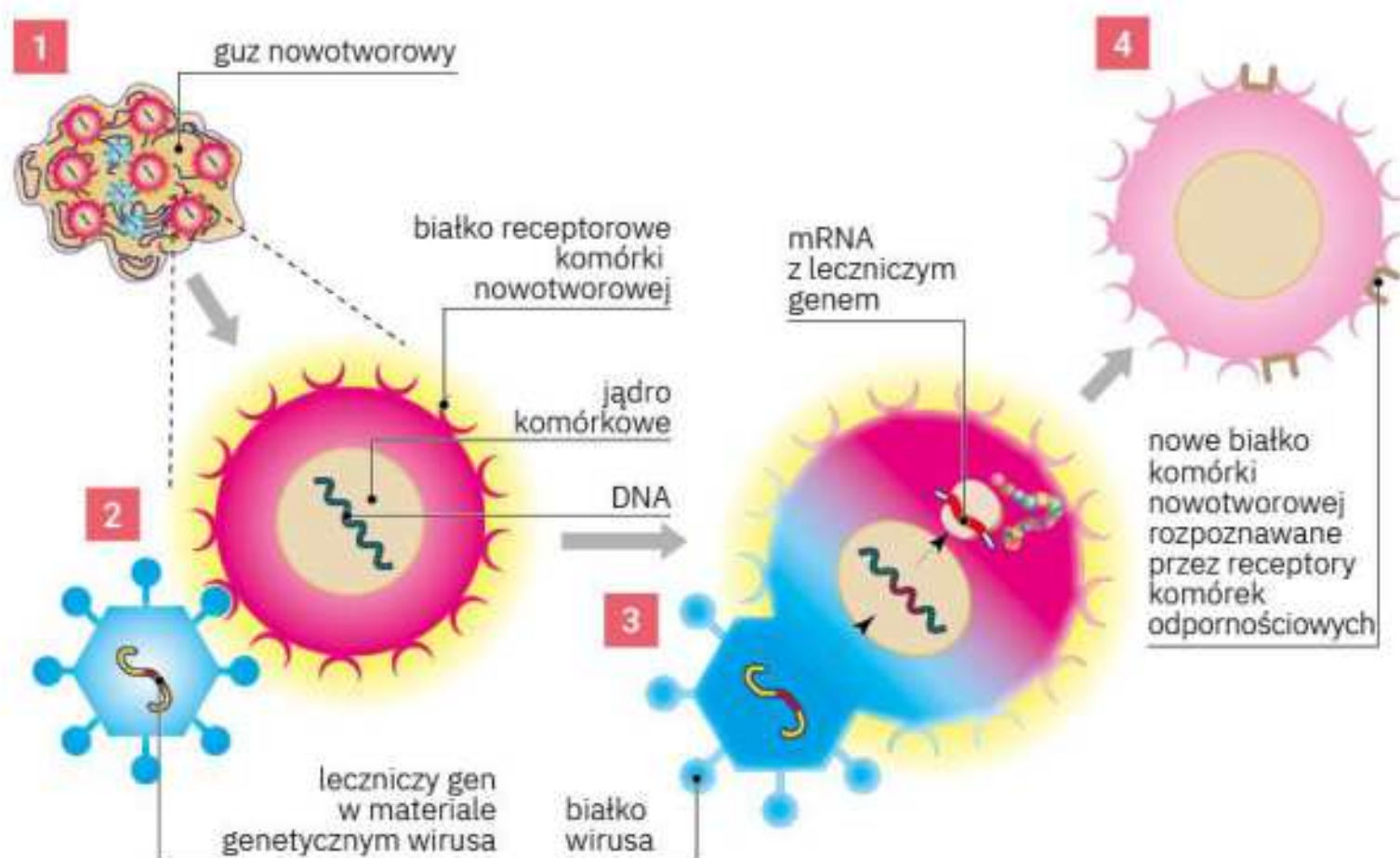
5. Wyobraź sobie, że jesteś lekarzem genetykiem. U twojej pacjentki, młodej kobiety, analiza DNA wykazała obecność zmutowanej wersji genu BRCA. Odegraj wraz z kolegą lub koleżanką scenkę, w której wcielisz się w rolę lekarza i poinformujesz pacjentkę o wyniku analizy oraz wyjaśnisz jej, co ta mutacja oznacza.

7. Terapia genowa

Jak dotąd nie istnieje w pełni skuteczna metoda leczenia chorób uwarunkowanych genetycznie. Najczęściej leczy się ich objawy (np. deformacje ciała). Naprawa wadliwych genów jest nie lada wyzwaniem. Takie możliwości stwarza **terapia genowa**, która stała się szansą nie tylko dla osób cierpiących na choroby genetyczne.

Istota terapii genowej

Terapia genowa to nowatorska metoda leczenia polegająca na modyfikacji informacji genetycznej nieprawidłowo funkcjonujących komórek za pomocą metod biologii molekularnej. Terapię genową próbuje się stosować zarówno w przypadku chorób uwarunkowanych genetycznie, np. hemofilii, mukowiscydozy, wrodzonych zaburzeń odporności, jak i nowotworów. Terapia genowa polega na wprowadzaniu prawidłowych wersji genów, usuwaniu genów wadliwych albo wpływaniu na ich ekspresję (hamowanie lub wzmacnianie; ryc. IV.7.1.). Za jej pomocą można też doprowadzić do zniszczenia komórki przez wprowadzenie do niej genów pobudzających aktywność układu immunologicznego lub odpowiedzialnych za apoptozę, m.in. w przypadku nowotworów.

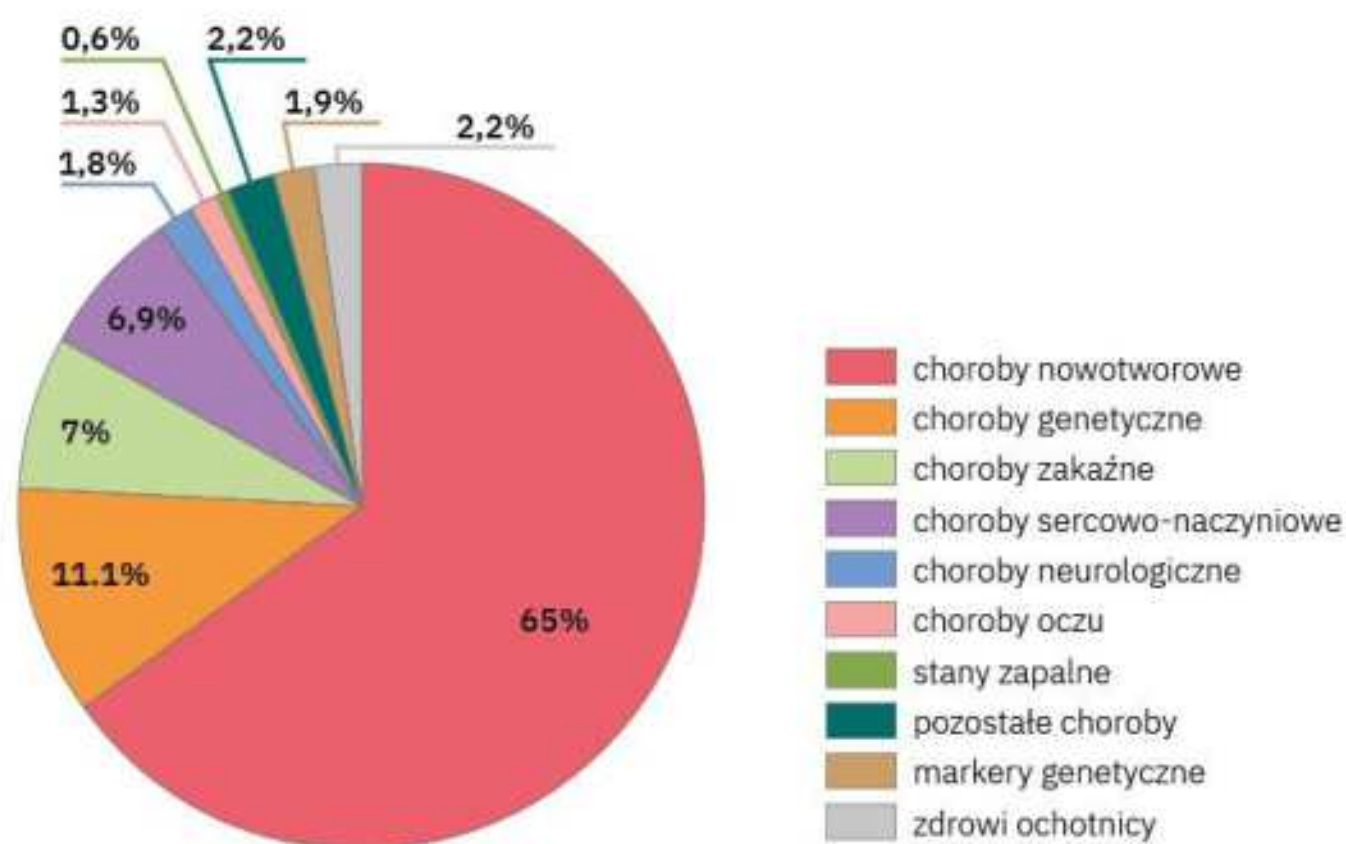


Ryc. IV.7.1. Terapia genowa polega na wprowadzaniu do organizmu człowieka leczniczych genów (prawidłowych wersji uszkodzonych genów) najczęściej za pomocą wirusów pozbawionych chorobotwórczych właściwości.



Stosowanie terapii genowej naraża wiele trudności. Jedną z nich jest ryzyko wywołania przez wprowadzony gen i kodowane przez niego białko niepożądanego odpowiedzi immunologicznej organizmu. Aby uniknąć takiej sytuacji, przeprowadza się najpierw testy na modelach zwierzęcych. Innym problemem jest skuteczne przetransportowanie DNA do jądra komórkowego. To najtrudniejszy etap terapii – decydujący o jej efektywności.

Dotychczas na świecie, głównie w Stanach Zjednoczonych, przeprowadzono prawie kilka tysięcy prób klinicznych w zakresie terapii genowej różnych chorób, przede wszystkim nowotworowych i chorób serca (ryc. IV.7.2.).



Ryc. IV.7.2. Grupy schorzeń objęte próbami klinicznymi w zakresie terapii genowej (udział procentowy). Dane wg Ginn i współaut., „Journal of Gene Medicine” 2018.

Sukcesy i porażki terapii genowej

Choć pierwsze efekty zastosowania terapii genowej były rozczarowujące, to w ostatnich latach nastąpił znaczny postęp w tej dziedzinie. Badacze pracujący nad tą terapią dążą do tego, aby była ona skuteczna, pozbawiona efektów ubocznych, łatwa w stosowaniu oraz tania.

Obecnie skuteczność terapii genowej jest stosunkowo mała. Próbuje się ją stosować w okresie prenatalnym, obejmując nią zarodki i płody, a także komórki płciowe i zygoty. Niestety, terapii genowej nie stosuje się wciąż rutynowo w terapii u ludzi (nadzieję budzą jednak obiecujące wyniki badań prowadzonych m.in. na szczurach). Terapia genowa okazała się skuteczna w leczeniu ciężkich złożonych niedoborów odporności (SCID). Choroba ta charakteryzuje się całkowitym bra-

kiem odporności. Pacjent nieleczony umiera w pierwszym roku życia, a nawet najdrobniejsze infekcje mogą doprowadzić do śmierci. Jedynym jak dotąd ratunkiem dla osób ze SCID jest przeszczep szpiku. Zastosowanie terapii genowej u dzieci ze SCID spowodowało poprawę stanu zdrowia u części pacjentów trwającą do 10 lat.



Ryc. IV.7.3. Dzieci chore na SCID, nazywane „balonowymi dziećmi” (z ang. *bubble babies*), muszą przebywać w specjalnych, sterylnych namiotach chroniących je przed zarazkami.

Terapia genowa w leczeniu innych chorób znajduje się w fazie eksperymentów. Dąży się do tego, aby można ją było stosować powszechnie, ale cecha będąca największą zaletą tej terapii – precyzja – jest zarazem największą przeszkodą w jej rozwoju. Uwarunkowania każdej choroby są inne, co wydłuża czas opracowania skutecznej metody leczenia z zastosowaniem terapii genowej i wymaga znacznych nakładów finansowych. Mimo wszystko tę terapię uważa się za przyszłość medycyny.

Terapia genowa wzbudza olbrzymie zainteresowanie ze względu na możliwości, jakie stwarza w zakresie modyfikowania wybranych funkcji organizmu, co umożliwia jej nielegalne wykorzystanie. Na przykład dla nieuczciwych sportowców zwiększenie wydolności za pomocą genetycznego dopingu może okazać się silną pokusą. Doping genetyczny



Ryc. IV.7.4. Doping genetyczny polega na manipulowaniu materiałem genetycznym sportowca lub kontrolowaniu ekspresji jego genów w celu zwiększenia wydolności organizmu.

polega na manipulacji w materiale genetycznym zawodnika lub kontroli ekspresji genów odpowiadających za zwiększenie wydolności. Doping taki byłby niezmiernie trudny do wykrycia. Światowa Agencja Antydopingowa (WADA) próbuje przeciwdziałać potencjalnemu zagrożeniu, wspierając badania nad testami wykrywającymi doping genetyczny.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij, na czym polega terapia genowa.
2. Na podstawie danych przedstawionych na wykresach na rycinie IV.7.2. oceń prawdziwość poniższych stwierdzeń.
 - A. Najwięcej badań w zakresie terapii genetycznej dotyczy chorób genetycznych.
 - B. Terapię genową testuje się zarówno w przypadku chorób genetycznych, jak i nabytych.
 - C. Najwięcej prób klinicznych w zakresie terapii genetycznej dotyczy chorób nowotworowych.
3. Wytłumacz, jak rozumiesz sformułowanie *doping genetyczny*. Korzystając z dostępnych źródeł, znajdź informacje na temat metod przeciwdziałania temu problemowi.

8. Szanse i zagrożenia związane z biotechnologią i inżynierią genetyczną

Rzeczywisty rozwój biotechnologii i inżynierii genetycznej jest nieunikniony. Szanse i korzyści związane z jej rozwojem przedstawiono w poprzednich rozdziałach tego działu. Jednak mimo oczywistych korzyści, jakie te dziedziny nauki przynoszą człowiekowi, budzą one także ogromne kontrowersje. Najwięcej obaw dotyczy działań, które mogą mieć negatywne konsekwencje dla ludzkiego zdrowia i życia. Istotne stają się również kwestie natury etycznej, religijnej i światopoglądowej, a także konieczność modyfikacji obowiązujących przepisów prawa w taki sposób, aby skutecznie regulowały problematyczne zagadnienia.

Co wywołuje najczęściej kontrowersji?

Najwięcej obaw wiąże się z genetycznie zmodyfikowanymi organizmami (GMO, co zostało omówione w rozdziale 5.). Oprócz tej kwestii istnieją inne kontrower-

syjne zagadnienia. Jednym z nich jest wykorzystanie **organów zwierzęcych do ksenotransplantacji**, które budzi obawy o przenoszenie infekcji ze zwierząt na ludzi. Aby uniknąć takiego zagrożenia, konieczne są kontrole zwierząt-dawców i organów, które mają być przeszczepione. Kontrole te powinny obejmować pochodzenie zwierząt (pobieranie organów od zwierząt wolno żyjących nie jest brane pod uwagę) i stan ich zdrowia, warunki hodowli (powinny spełnić najwyższe standardy bezpieczeństwa), sposób żywienia oraz procedurę pozyskiwania organu i (ewentualnie) jego przechowywania.

Ogromne sprzeciwy wzbudza również **gromadzenie i przechowywanie ludzkich zarodków oraz gamet** (nasienia i komórek jajowych) w specjalnych bankach (ryc. IV.8.1.). Przechowywane w bankach zarodki wykorzystuje się do pozyskiwania zarodkowych komórek macierzystych oraz w celach reprodukcyjnych. Najczęściej wątpliwości związane z bankami zarodków dotyczą liczby i potencjalnego wykorzystania zarodków oraz czasu ich przechowywania.



Ryc. IV.8.1. Banki zarodków i gamet przechowują je w pojemnikach z ciekłym azotem.

Gorące dyskusje wywołuje również **zapłodnienie *in vitro*** (zapłodnienie pozaustrojowe), które stosuje się przede wszystkim w leczeniu niepłodności. Zabieg budzi kontrowersje z powodu powikłań, możliwych zarówno w przypadku kobiety (np. na skutek stymulacji hormonalnej), jak i dziecka. Największe sprzeciwy wywołuje jednak fakt wytwarzania wielu zarodków. Istnieją obawy, że niewykorzystane zarodki będą niszczone lub używane do innych celów medycznych. Także związana z zabiegiem diagnostyka, która może prowadzić do odrzucania zarodków z wadami genetycznymi, jest odbierana jako działanie niemoralne i nietyczne. Konieczne są więc ścisłe regulacje prawne obejmujące wszystkie aspekty zjawiska budzące wątpliwości.

Szybki rozwój i ciągle malejące koszty metod stosowanych w biotechnologii rodzą również obawy, że jej osiągnięcia mogą zostać wykorzystane w nieodpowiedni sposób – np. jako narzędzie **bioterroryzmu**. Mogłoby to mieć katastrofalne skutki w skali całego świata. Dlatego wszystkie informacje, protokoły i technologie muszą być zabezpieczone tak, aby nie można było ich użyć przeciwko człowiekowi.

Akty prawne dotyczące biotechnologii

Zakres i sposoby wykorzystania osiągnięć biotechnologii określają akty prawne zatwierdzane na szczeblu międzynarodowym, europejskim oraz krajowym (dotyczy to zwłaszcza organizmów genetycznie modyfikowanych). Najważniejszymi międzynarodowymi aktami regulującymi te kwestie są: konwencja o różnorodności biologicznej z Rio de Janeiro oraz protokół o bezpieczeństwie biologicznym z Kartageny. Na szczeblu europejskim zagadnienia te porządkują dyrektywy i rozporządzenia Unii Europejskiej.

Głównym krajowym dokumentem regulującym kwestie związane z GMO jest Ustawa z dnia 15 stycznia 2015 r. o zmianie ustawy o organizmach genetycznie zmodyfikowanych oraz niektórych innych ustaw. Ustawa ta dostosowuje prawo polskie do prawa unijnego i dotyczy zamkniętego użycia (w laboratoriach) organizmów genetycznie zmodyfikowanych, zamierzonego uwalniania organizmów genetycznie zmodyfikowanych do środowiska oraz wprowadzania do handlu produktów genetycznie zmodyfikowanych.

Inne obowiązujące przepisy określają m.in. rolę instytucji rządowych w zakresie regulowanych przez nie spraw. Organem podejmującym decyzje odnośnie do GMO jest w Polsce minister klimatu i środowiska, któremu doradza komisja do spraw GMO. Kontrole nad przestrzeganiem przepisów sprawują poza tym: Państwowa Inspekcja Sanitarna, Inspekcja Ochrony Roślin i Nasiennictwa, Inspekcja Ochrony Środowiska, Inspekcja Weterynaryjna, Inspekcja Handlowa oraz Państwowa Inspekcja Pracy.

PYTANIA I POLECENIA

1. Przerysuj poniższą tabelę do zeszytu i ją uzupełnij. Wpisz po jednym argumentie za ksenotransplantacją i zapłodnieniem *in vitro* oraz przeciw nim.

Działanie	Za	Przeciw
ksenotransplantacja		
zapłodnienie <i>in vitro</i>		

2. Wyjaśnij, co to są banki gamet i zarodków. Jak sądzisz, dlaczego ich istnienie wzbudza kontrowersje?
3. Przeczytaj tekst i wykonaj polecenia.

Techniki biologii molekularnej używane w biotechnologii mogą okazać się bardzo niebezpiecznym narzędziem w rękach terrorystów (tzw. czarna

biotechnologia). Dzięki inżynierii genetycznej jesteśmy w stanie stworzyć organizmy o nowych cechach (np. bakterie odporne na większą liczbę antybiotyków). W 1997 roku naukowcy z byłych radzieckich laboratoriów (...) podali, że ich własna żywa szczepionka węglkowa (...) nie stanowi skutecznej ochrony przeciw nowemu szczepowi bakterii [który wyhodowali]. Zmodyfikowana bakteria (...) wytwarza nową toksynę i wywołuje syndrom chorobowy, którego mechanizm powodujący śmierć u zwierząt jest nieznany. (...) Badania nad obroną przed bronią biologiczną są zawsze trudniejsze niż badania nad programami ofensywnymi. Można jedynie mieć nadzieję, że terroryści nie będą dysponowali laboratoriami oraz wykwalifikowaną kadrą naukową do dokonywania modyfikacji genetycznych mikroorganizmów, ani źródłem, z którego takie mikroorganizmy mogliby pozyskać.

Źródło: <http://link.operon.pl/n73294> [dostęp z dnia 05.02.2021]

- a) Na podstawie tekstu określ, jakie zagrożenia niesie czarna biotechnologia.
 - b) Omów cechy zmodyfikowanej bakterii wyhodowanej przez radzieckich naukowców. Jakie skutki mogłoby wywołać zakażenie tą bakterią?
 - c) Wyjaśnij, w jaki sposób można chronić zdobycze biotechnologii przed terrorystami.
4. Twój znajomy poszukuje informacji o organizmach genetycznie zmodyfikowanych. Wyjaśnij mu, gdzie powinien ich szukać.

Podsumowanie działu

1. Biotechnologia tradycyjna

- Biotechnologia wykorzystuje organizmy, ich składniki oraz procesy biologiczne do wytwarzania określonych produktów.
- Biotechnologia tradycyjna bazuje na naturalnie występujących w środowisku organizmach i produkowanych przez nie substancjach.
- Biotechnologia tradycyjna towarzyszy człowiekowi od niepamiętnych czasów – udomowienie roślin i zwierząt bazowało na sztucznej selekcji, krzyżowaniu i mutagenezie, czego efektem są współczesne odmiany roślin (np. kapusty warzywnej) oraz zwierząt (np. rasy psów).
- Procesy biotechnologiczne to procesy zachodzące w komórkach organizmów, przeprowadzane na dużą skalę w celu uzyskania określonego produktu.
- Podstawowym procesem biotechnologicznym jest fermentacja (mleczanowa i alkoholowa).
- Fermentacja mleczanowa jest przeprowadzana przez bakterie. Wykorzystuje się ją do produkcji przetworów nabiałowych (jogurty, kefiry, kwaśna śmietana), kiszenia warzyw i owoców oraz produktów mięsnych (salami, metka).
- Fermentację alkoholową przeprowadzają drożdże i jest ona wykorzystywana do produkcji piwa, wina, pieczywa i ciast.
- W przemyśle farmaceutycznym klasyczne procesy biotechnologiczne są wykorzystywane do uzyskiwania związków leczniczych głównie z grzybów (antybiotyki) oraz z bakterii (np. enzymy).
- Na procesach biotechnologicznych opiera się także oczyszczanie ścieków metodą osadu czynnego, czyli zawiesiny mikroorganizmów rozkładających materię organiczną do prostych związków nieorganicznych.
- Mikroorganizmy glebowe i wodne są wykorzystywane w procesie bioremediacji, czyli usuwania toksyn z zanieczyszczonych terenów.
- Bakterie z rodzaju *Rhizobium* i *Azotobacter* zdolne do wiązania azotu atmosferycznego są wykorzystywane do wzbogacania gleby w dostępne dla roślin związki azotu.

2. Biotechnologia nowoczesna

- Nowoczesna biotechnologia wykorzystuje narzędzia i techniki biologii molekularnej oraz inżynierii genetycznej.
- Inżynieria genetyczna to zespół technik, które pozwalają na celową zmianę właściwości materiału genetycznego, przenoszenie genów między organizmami oraz uzyskiwanie organizmów genetycznie zmodyfikowanych.
- Biotechnologię dzielimy na dziedziny oznaczone kolorami: zielona biotechnologia dotyczy rolnictwa, czerwona – medycyny, biała – przemysłu i ochrony środowiska.
- Rekombinowanie DNA to tworzenie nowych, nieistniejących w naturze połączeń cząsteczki DNA.
- Rekombinowany DNA jest wprowadzany do komórek za pomocą wektorów (plazmidy, wirusy, bakteriofagi) lub metodami bezwektorowymi, np. mikroiniekcją.
- Badania DNA są niezastąpione w sądownictwie (np. przy ustalaniu ojcostwa) i kryminalistyce (np. do analizy śladów biologicznych).
- Starożytny DNA (aDNA) to DNA pochodzący z zachowanych do dziś szczątków organizmów żyjących wiele lat temu i wykorzystywany do celów naukowych.

3. Organizmy genetycznie zmodyfikowane

- Organizm genetycznie zmodyfikowany to organizm, którego materiał genetyczny został zmieniony przy użyciu technik inżynierii genetycznej.
- Organizm transgeniczny to organizm, do którego genomu wprowadzono gen pochodzący od innego organizmu.
- Modyfikacjom genetycznym poddaje się mikroorganizmy, rośliny oraz zwierzęta.
- Mikroorganizmy (bakterie, grzyby, pierwotniaki) genetycznie zmodyfikowane (GMM) wykorzystuje się w wielu gałęziach przemysłu.
- Wykorzystanie GMM w medycynie bazuje na uzyskiwaniu szczepionek nowej generacji o wyższej skuteczności i bezpieczeństwie dla pacjenta, a także antybiotyków oraz ludzkich białek.
- Dostępna obecnie insulina jest produkowana przez zmodyfikowane genetycznie bakterie *Escherichia coli*, do których genomu wprowadzono gen ludzkiej insuliny.
- Mikroorganizmy GM stosuje się w rolnictwie jako zielony nawóz do wzbogacania gleby w związki azotu, a także związki wykorzystywane w przemyśle.
- W ochronie środowiska GMM stosuje się do usuwania toksyn i metali ciężkich, a także do produkcji tworzyw biodegradowalnych.

4. Modyfikacje genetyczne roślin i zwierząt

- Areal upraw roślin genetycznie modyfikowanych w 2018 r. wynosił 191 mln ha.
- Do najczęściej modyfikowanych roślin należą: soja, rzepak, kukurydza, bawełna, lucerna.
- Modyfikacje roślin przeprowadza się w celu poprawy ich jakości oraz zwiększania plonów.
- Główne cele modyfikacji roślin to: zwiększenie tolerancji roślin na złe warunki środowiska, zwiększenie wartości odżywczej, uzyskanie roślin odpornych na choroby, herbicydy i na szkodniki owadzie.
- Rośliny modyfikuje się w celu wytwarzania w ich tkankach biofarmaceutyków (białek, hormonów).
- Zwierzęta transgeniczne mają obcy gen wbudowany do materiału genetycznego komórek rozrodczych.
- Zwierzęta modyfikuje się w celu zwiększenia odporności na choroby oraz w celu poprawy jakości produktów zwierzęcych (zwiększenia masy mięśni, wzrostu wydajności mlecznej, poprawy jakości wełny).
- Z mleka i krwi zwierząt transgenicznych uzyskuje się biofarmaceutyki (hormony, białka).
- Modyfikacje genetyczne zwierząt mają na celu uzyskanie narządów do ksenotransplantacji.
- Metodami inżynierii genetycznej próbuje się zapobiegać wyginięciu niektórych gatunków.
- Zwierzęta modyfikowane genetycznie stanowią modele chorób człowieka (np. cukrzycy czy otyłości) i służą m.in. do badań nad nowymi terapiami.

5. Zagrożenia związane z GMO

- Hodowle GMM są ściśle kontrolowane, a ryzyko ich rozprzestrzenienia się spada w związku z zastosowaniem zabójczych elementów genetycznych, które unieszkodliwia GMM po przedostaniu się ich do środowiska.
- Hodowle mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych są ściśle kontrolowane, a ryzyko ich przedostania się do środowiska jest niewielkie.
- Brak jest udokumentowanych doniesień o negatywnych efektach działań inżynierii genetycznej.
- Obawy związane z uprawami roślin GM odnoszą się w głównej mierze do bezpieczeństwa uzyskiwanej z nich żywności oraz bezpieczeństwa środowiska naturalnego.

- Najczęstszymi argumentami przeciwko uprawom roślin transgenicznych są: negatywny wpływ na rośliny niemodyfikowane, pojawienie się chwastów odpornych na herbicydy („superchwastów”), możliwość przenoszenia genów na inne rośliny, nabycie odporności na antybiotyki oraz wywoływanie alergii.
- Każdy przypadek uzyskiwania i wprowadzania do obrotu roślin modyfikowanych genetycznie jest oddzielnie badany i podlega ścisłej kontroli.
- Obawy związane z uzyskiwaniem zwierząt transgenicznych dotyczą głównie możliwości przedostania się ich do środowiska i niekontrolowanego rozwoju.
- Obawy związane z GMO pogłębia brak rzetelnej informacji.
- Krytyczny odbiór wiedzy biotechnologicznej wynika z niezrozumienia podstaw genetyki i braku upowszechnienia biotechnologii.

6. Klonowanie organizmów

- Klon to organizm lub zbiór komórek identycznych pod względem genetycznym z innym organizmem czy zbiorem komórek.
- Klon może powstać w sposób naturalny (np. w wyniku rozmnażania wegetatywnego) lub sztuczny (przez podział zarodków lub transfer jąder).
- Najczęściej wykorzystywaną techniką klonowania jest metoda transferu jądra komórkowego z komórki klonowanego organizmu do komórki jajowej uprzednio pozbawionej jądra.
- Pierwszym sklonowanym zwierzęciem była żaba, a pierwszym sklonowanym ssakiem – owca Dolly.
- Zwierzęta klonuje się w celu pozyskania zwierząt transgenicznych produkujących biofarmaceutyki lub powielania odmian zwierząt o cechach wartościowych dla rolników, a także by chronić gatunki zagrożone wymarciem lub przywrócić zwierzęta już wymarłe.
- Komórki macierzyste zachowują zdolność podziałów przez całe życie organizmu i mogą różnicować się w każdy typ komórek.
- Wyróżnia się komórki macierzyste: embrionalne, płodowe i somatyczne.
- Profilaktyka zdrowotna to wszystkie działania zapobiegające występowaniu chorób, w tym chorób genetycznych. Dzielimy ją na pierwotną i wtórną.
- Poradnictwo genetyczne jest przykładem profilaktyki pierwotnej – to specjalistyczna pomoc dla rodzin, w których istnieje ryzyko wystąpienia chorób genetycznych.
- Poradnictwo genetyczne obejmuje prawidłowe rozpoznanie choroby, analizę rodowodu rodziny, określenie ryzyka genetycznego oraz przekazanie porady.

- Na testy genetyczne składa się badanie DNA, RNA oraz białek lub chromosomów wykonywane dla celów poradnictwa genetycznego i w celach klinicznych (poznanie genetycznej przyczyny choroby).

7. Terapia genowa

- Terapia genowa polega na modyfikowaniu informacji genetycznej nieprawidłowo działającej komórki, m.in. przez wstawienie lub usunięcie genu bądź wykorzystanie zjawiska interferencji RNA.
- Terapia genowa jest stosowana w leczeniu chorób uwarunkowanych genetycznie oraz nowotworów.
- Na świecie przeprowadzono wiele prób klinicznych z zastosowaniem terapii genetycznej (najczęściej w leczeniu nowotworów).
- Terapia genowa jest w fazie eksperymentalnej, jednak uważa się ją za przyszłość medycyny.
- Terapia genowa może być użyta w sposób niedozwolony, np. w dopingu genetycznym.

8. Szanse i zagrożenia związane z biotechnologią i inżynierią genetyczną

- Wykorzystanie do przeszczepów narządów pobranych od zwierząt budzi wiele obaw, dlatego konieczna jest kontrola tego procesu, obejmująca m.in. warunki hodowli zwierząt czy procedury pobierania narządów.
- Sprzeciw społeczeństwa wzbudza przechowywanie ludzkich gamet oraz zarodków w bankach. Dotyczy to zwłaszcza liczby zarodków oraz ich potencjalnego wykorzystania.
- Duże kontrowersje budzi fakt odrzucania zarodków niewykorzystanych podczas zapłodnienia *in vitro* lub wykorzystania ich do innych celów medycznych.
- Szybki rozwój biotechnologii wywołuje obawy o możliwość wykorzystania jej osiągnięć przez terrorystów.
- Sprawy związane z biotechnologią reguluje prawo międzynarodowe (konwencja z Rio de Janeiro oraz protokół kartageński), europejskie (dyrektywy i rozporządzenia) oraz krajowe (Ustawa z dnia 15 stycznia 2015 r. o zmianie ustawy o organizmach genetycznie zmodyfikowanych).



EWOLUCJONIZM

1. Historia rozwoju myśli ewolucyjnej

Ewolucja to ciągły proces, który zachodzi od momentu pojawienia się życia na Ziemi i trwa nadal. Polega na zmianach zachodzących w czasie w kolejnych pokoleniach organizmów. Zmiany te zachodzą pod wpływem czynników środowiskowych i mogą prowadzić do powstawania nowych gatunków, a także do wymierania już istniejących.

Prześledzenie ewolucji dostarcza informacji na temat życia na Ziemi, a ponadto ma znaczenie praktyczne. Reguły tego procesu uwzględnia się m.in. w rolnictwie, żeby poradzić sobie z odpornością szkodników upraw na pestycydy. Każdego roku naukowcy badają i przewidują, jak szybko będzie ewoluował szczep wirusa grypy, ponieważ wiedza ta jest niezbędna do opracowania szczepionki przeciw grypie na kolejny rok. Podobne prace dotyczą rozszyfrowania praw ewolucji koronawirusa SARS-CoV-2.

Poglądy na ewolucję

Czasy przeddarwinowskie

Autorem **teorii ewolucji** jest uczony z XIX w. – Karol Darwin. Jednak już dużo wcześniej formułowano idee dotyczące źródeł różnorodności i pokrewieństwa gatunków. W IV w. p.n.e. Arystoteles opracował tzw. drabinę życia (nazywaną też „schodami przyrody”). Na najniższym poziomie drabiny umieścił organizmy najprostsze, a na wyższych – te najbardziej złożone. Na długo przed sformułowaniem teorii ewolucji przez Darwina odkrywano różnego rodzaju skamieniałości uznawane za organizmy, które żyły w dawnych czasach. Jednym z takich odkrywców był Leonardo da Vinci. Większość przyrodników aż do połowy XIX w. sądziła, że organizmy są niezmiennie i stałe. Ten nurt, nazwany **kreacjonizmem**, został obalony wraz z rozwojem nauk przyrodniczych. Znanym kreacjonistą był Karol Linneusz (1707–1778), autor dwuczłonowego systemu nazewnictwa organizmów (ryc. V.1.1.A).



Ryc. V.1.1. Karol Linneusz był kreacjonistą (A), Jan Baptysta Lamarck (czytaj: lamark) odkrył istnienie ewolucji (B).

Lamarckizm

Pierwszą logiczną teorię dotyczącą ewolucji sformułował w 1809 r. Jan Baptysta Lamarck (ryc. V.1.1.B). Głównymi założeniami tej teorii były:

- organizmy mają wewnętrzną siłę, która napędza je do samodoskonalenia się oraz większej złożoności;
- zmienność organizmów jest wynikiem oddziaływania na nie czynników środowiskowych – adaptacja do zmieniających się warunków życia stanowi przyczynę zmian ewolucyjnych;
- rozwój i wynikająca z niego sprawność danego narządu są proporcjonalne do stopnia używania tego narządu; według Lamarcka narząd, który stale jest aktywny, byłby wzmacniany i powiększany, a nieużywanie któregoś z narządów prowadziłoby do jego zaniku lub redukcji; w ten sposób Lamarck tłumaczył obecność długiej szyi u żyrafy, która miała być wynikiem stałego sięgania przez zwierzę po liście z wysokich partii drzew;
- wszystkie zmiany nabyte przez organizm w ciągu jego życia są dziedziczone.

Lamarck odkrył istnienie ewolucji i tym samym zaprzeczył kreacjonizmowi. Niektóre z podanych przez niego założeń były słuszne, jednak jego idea nie wyjaśniała, jakie mechanizmy stanowią źródło ewolucji.

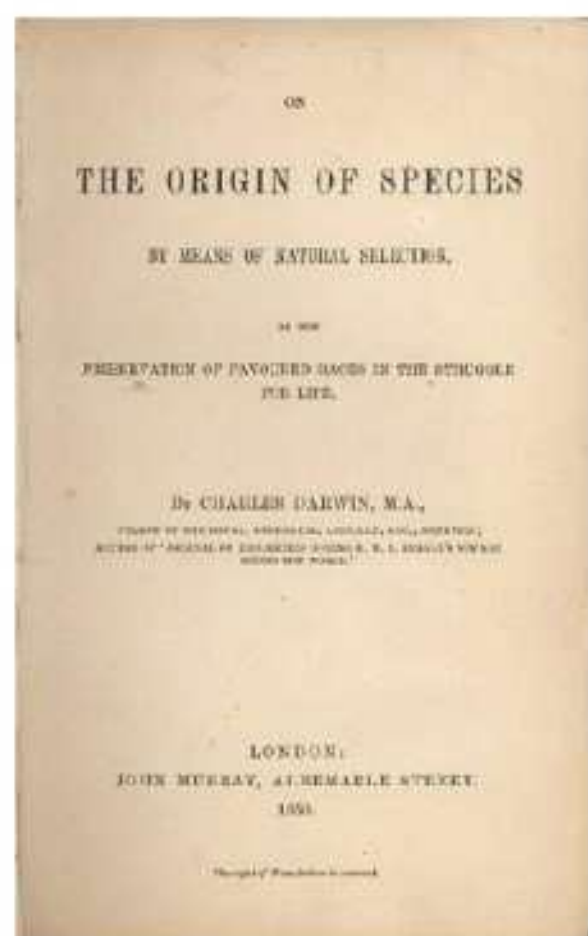
Ewolucja według Darwina (darwinizm)

Sformułowana przez wybitnego angielskiego uczonego Karola Darwina teoria ewolucji była efektem jego badań prowadzonych w trakcie pięcioletniej podróży dookoła świata na wojskowym okręcie Beagle (czytaj: bigł; ryc. V.1.2.). Najbardziej cenne dla opracowania jego teorii okazały się materiały zebrane wzdłuż wschodniego i zachodniego wybrzeża Ameryki Południowej oraz archipelagu wysp Galapagos (ryc. V.1.2.).



Ryc. V.1.2. Trasa podróży okrętu wojkowego Beagle.

Ryc. V.1.3. Zmienna budowa dziobów u darwinek z wysp Galapagos.



Ryc. V.1.4. Okładka pierwszego wydania *O powstawaniu gatunków* Karola Darwina, 1859 r.

Założenia teorii ewolucji Darwina

Opracowana przez Darwina teoria ewolucji i jej wyjaśnienie opierają się na czterech podstawowych zjawiskach występujących w przyrodzie, do których należą:

- **nadmierna rozrodczość** – liczba wydawanego na świat potomstwa każdego gatunku jest na ogół znacznie większa niż liczba osobników osiągających dojrzałość płciową;
- **zmienność** – osobniki w populacji nie są takie same, a każdy z nich ma wyjątkowy dla siebie układ cech, który u jednych zwiększa szanse na przeżycie i wydanie potomstwa, a u innych nie; zmienność warunkująca ewolucję jest dziedziczna;
- **walka o byt** – czyli współzawodnictwo organizmów o ograniczone, dostępne dla nich zasoby środowiska, m.in. pokarm, terytorium czy słońce; walka o byt wyznacza granice wzrostu populacji, tzn. które osobniki dożyją do rozrodu; innymi czynnikami ograniczającymi wzrost populacji są: drapieżniki, patogeny oraz niekorzystne warunki atmosferyczne;
- **dobór naturalny** – powoduje, że przeżywają i wydają potomstwo tylko osobniki o najkorzystniejszym zestawie cech; podstawą doboru naturalnego jest więc sukces rozrodczy – najlepiej przystosowane osobniki wydają najwięcej potomstwa, a gorzej przystosowane – mniej lub wcale.

Darwin zauważył również, że jeśli na różne grupy osobników tego samego gatunku będą oddziaływać inne czynniki środowiska, to doprowadzą one do zmian u tych osobników, czyli **adaptacji**. Natomiast dostatecznie długo trwająca izolacja geograficzna może przyczynić się do powstania nowego gatunku (jak w przypadku zięb Darwina, patrz wyżej).

Syntetyczna teoria ewolucji

W czasach Darwina nie były znane zasady dziedziczenia. Dopiero po połączeniu wyników badań Gregora Mendla oraz teorii Darwina w latach 40. XX w. naukowcy opracowali spójne wyjaśnienie ewolucji, które nazywamy **syntetyczną teorią ewolucji** lub **synteza współczesną**. Wraz z rozwojem nauk przyrodniczych, m.in. genetyki, ekologii, systematyki, biologii molekularnej, bioinformatyki, oraz na podstawie nowych odkryć zaczęto dogłębnie wyjaśniać i rozumieć teorię zaproponowaną przez Darwina. Obserwowaną przez niego zmienność osadzono w kategoriach mutacji i rekombinacji, które tworzą zmienność genetyczną. Mutacje i rekombinacje mają różną wartość w odniesieniu do działania doboru naturalnego. Niektórzy badacze uważają, że mechanizmy ewolucji powinniśmy wyjaśniać na poziomie molekularnym (m.in. badając sekwencje aminokwaso-

we białek, sekwencje nukleotydowe kwasów nukleinowych). Jednym z nich jest angielski biolog Richard Dawkins (czytaj: riczard dołkins), który wysunął teorię „samolubnego genu”. Zakłada ona, że dobór naturalny działa nie na poziomie osobników, ale na poziomie genów, które ten osobnik posiada. Niewykluczone, że obserwowany aktualnie postęp w naukach przyrodniczych oraz nowe odkrycia doprowadzą do uszczegółowienia i modyfikacji obowiązującej syntezy współczesnej.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij, na czym polega ewolucja i wymień jej praktyczne zastosowania.
2. Podaj główne założenia teorii sformułowanej przez Lamarcka. Wskaż założenia błędne i wytłumacz, czego dotyczyły.
3. Znajdź w dostępnych źródłach informacje na temat życia i działalności naukowej Karola Darwina. Sporządź na ten temat krótką notatkę w zeszycie.
4. Na poniższym rysunku przedstawiono kształt dziobów trzech blisko spokrewnionych gatunków ptaków, które Darwin badał na wyspach Galapagos. Ptaki te potocznie są nazywane ziębami Darwina. Wyjaśnij, w jaki sposób Darwin wytłumaczył różnice w budowie dziobów tych ptaków.



5. Przerysuj do zeszytu tabelę dotyczącą założeń teorii Darwina i ją uzupełnij.

Założenie	Opis
nadmierna rozrodczość	
zmienność	
	współzawodnictwo o ograniczone dostępne zasoby środowiska (pokarm, światło, terytorium)
	przeżywają i wydają potomstwo tylko osobniki o najkorzystniejszym zestawie cech

6. Wytłumacz różnice między darwinowską teorią ewolucji a syntetyczną teorią ewolucji.

2. Dowody ewolucji

Dowodów potwierdzających istnienie ewolucji dostarczają różne dziedziny nauki, w tym paleontologia, anatomia porównawcza czy biochemia i biologia molekularna. Postęp w naukach przyrodniczych umożliwia także doświadczalne sprawdzenie niektórych hipotez.

Dowody paleontologiczne

Bezpośrednim dowodem potwierdzającym ewolucję są pozostałości gatunków wymarłych, czyli **skamieniałości**, których odkrywaniem i badaniem zajmuje się **paleontologia**. Skamieniałościami mogą być: **szczątki kopalne**, czyli części ciała organizmów, **odciski** powstałe w skałach lub **odlewy** (ryc. V.2.1.). Dotychczas paleontolodzy odkryli ponad 300 000 gatunków kopalnych, a każdego roku pojawiają się doniesienia o nowych znaleziskach. W 2008 r. grupa polskich naukowców odkryła ślady tetrapoda (najstarszego czworonoga), datowane na 390 mln lat, w kamieniołomie w Zachełmiu niedaleko Kielc (ryc. V.2.2.). Dowodami paleontologicznym są także całe organizmy wyjątkowo dobrze zachowane w torfie, lodzie, bursztynie czy smole. Przykładem są szczątki mamuta włochatego zachowane w zmarzlinie syberyjskiej (ryc. V.2.3.).



Ryc. V.2.1. Skamieniałości: szczątki kopalne (A), odciski (B), odlewy (C).



Ryc. V.2.2. Kamieniołom w Zachełmiu, gdzie odkryto ślady tetrapoda.



Ryc. V.2.3. Szkielet mamuta włochatego.

Analizy skamieniałości stanowią źródło wiedzy na temat budowy, miejsca i sposobu życia dawnych gatunków. Na ich podstawie można niekiedy odtworzyć pochodzenie organizmów, które występują współcześnie.

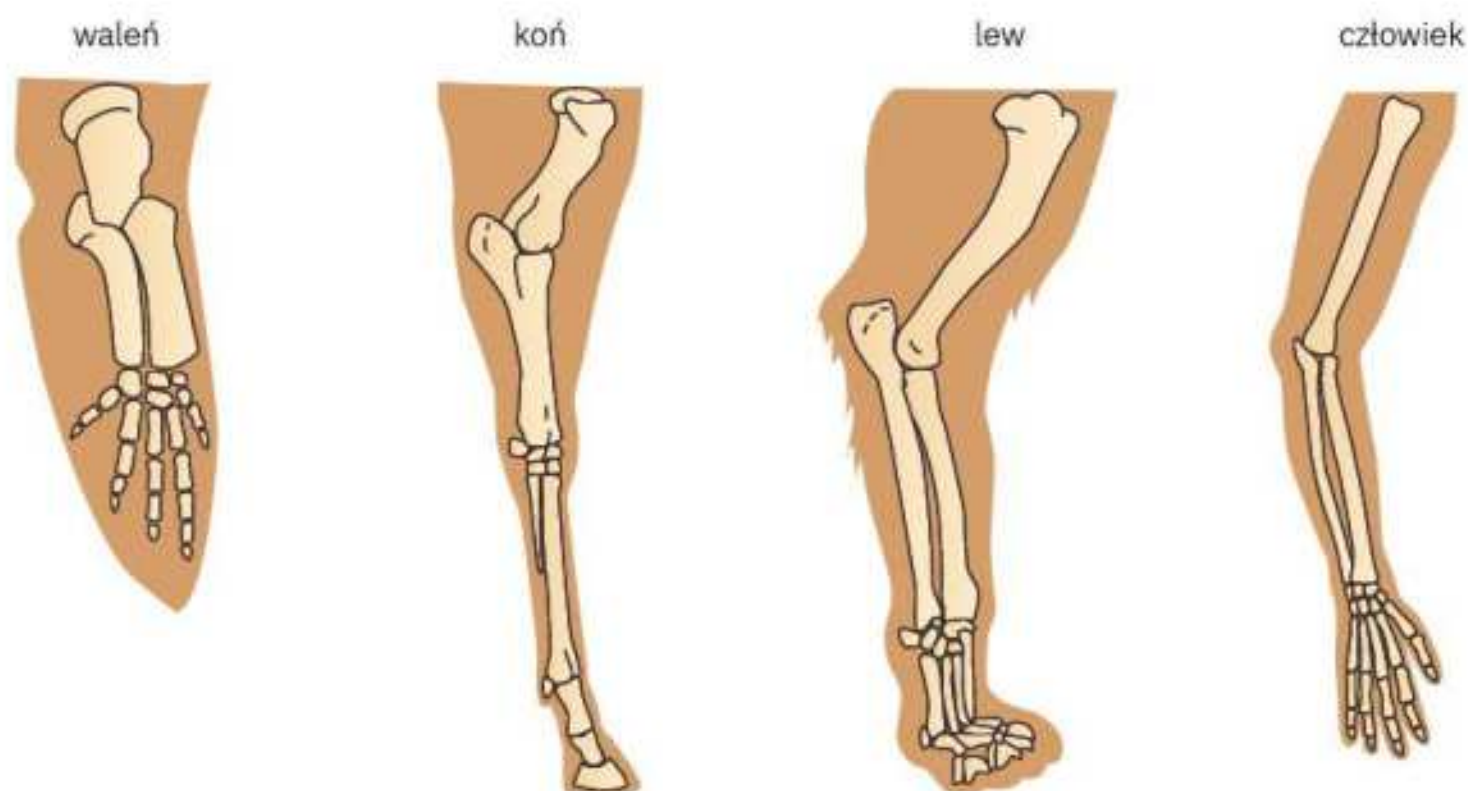
O istnieniu ewolucji świadczą także występujące obecnie **żywe skamieniałości**, czyli organizmy o niskim tempie ewolucji, które przetrwały wymieranie i bardzo przypominają dawne gatunki. Badanie tych organizmów pozwala na zrozumienie biologii ich przodków. Do żywych skamieniałości zaliczamy miłorząb dwuklapowy czy hatterię (ryc. V.2.4.).



Ryc. V.2.4. Przykłady żywych skamieniałości: miłorząb dwuklapowy (A), hatteria (B).

Dowody z zakresu anatomii porównawczej

Wiele dowodów potwierdzających ewolucję pochodzi z analiz podobieństw i różnic w budowie narządów organizmów. Zajmuje się tym **anatomia porównawcza**.



Ryc. V.2.5. Narządy homologiczne – przednie kończyny ssaków.

Porównując szczegóły budowy narządów osobników spokrewnionych, widzimy podobieństwo podstawowego planu budowy. Przykładem są kości kończyn ssaków (ryc. V.2.5.). Mimo różnego wyglądu zewnętrznego i pełnienia różnej funkcji występuje u nich taki sam rozkład kości, mięśni i nerwów. Narządy o takim samym planie budowy, wynikającym ze wspólnego pochodzenia, nazywamy **narządami homologicznymi**. Narządy homologiczne powstały jako efekt rozbiegania się linii ewolucyjnych w związku z adaptacją do różnych środowisk i pełnienia odmiennych funkcji.

Niekiedy w podobnych warunkach środowiska organizmy niespokrewnione ze sobą wytwarzają podobne do siebie narządy jako wynik adaptacji do pełnienia tych samych funkcji. Narządy te nazywamy **analogicznymi**. Przykładem narządów analogicznych są skrzydła owadów, ptaków i nietoperzy – powierzchownie podobne, ale zasadniczo różne – powstały jako adaptacja do lotu (ryc. V.2.6.).



Ryc. V.2.6. Narządy analogiczne: skrzydło ptaka (A), nietoperza (B) i owada (C).

Anatomia porównawcza zajmuje się także badaniem **narządów szczątkowych**. Są to pozostałości lepiej wykształconych narządów, które występowały u przodków, a u współcześnie żyjących gatunków nie pełnią już swojej pierwotnej funkcji. U człowieka zidentyfikowano ponad 100 struktur szczątkowych, m.in. kość ogonową, tzw. zęby mądrości (trzecia para zębów trzonowych) czy wyrostek robaczkowy.

Dowody z zakresu genetyki i biochemii

Wiele przekonujących dowodów na ewolucję dostarcza analiza podobieństw i różnic biochemicznych oraz biologia molekularna. Kluczowym dowodem w tym zakresie jest **uniwersalny kod genetyczny** (z nielicznymi wyjątkami). Cecha ta

pokazuje, że wszystkie organizmy pochodzą od wspólnego przodka, od którego kod genetyczny przez miliony lat ewolucji był przekazywany na wszystkie poziomy drzewa rodowego.

Analizy na poziomie molekularnym bazują na porównywaniu białek, wybranych sekwencji DNA, a także genomów różnych organizmów. Przykładem białka wykorzystywanego w badaniach ewolucyjnych jest **cytochrom c**, który bierze udział w transporcie elektronów w czasie oddychania tlenowego. W wyniku mutacji zachodzących w toku ewolucji pojawiają się zmiany w sekwencji aminokwasów cytochromu c pochodzącego z różnych organizmów. Im więcej zmian w sekwencji, tym dłuższy czas, jaki minął od rozdzielenia się dwóch porównywanych gatunków. Analizy te dostarczają dowodów na pokrewieństwo ewolucyjne. W tym zakresie bardzo użyteczne jest sekwencjonowanie DNA (patrz str. 11). Niejednokrotnie to właśnie analiza molekularna umożliwia wykazanie relacji ewolucyjnych bądź zaprzeczenie im, gdyż wielu z nich nie można rozstrzygnąć w wyniku porównania cech morfologicznych (zewnętrznych).

PYTANIA I POLECENIA

1. Wymień rodzaje skamieniałości, a następnie zaklasyfikuj poniższe przykłady do każdej z podanych przez ciebie kategorii.

zęby mamutów i rekinów, ślady stóp tetrapoda, fragmenty szkieletu australopiteka, kamienny wzór lub odwzorowanie muszli amonita

2. Zdecyduj, czy przedstawione na rysunku narządy są narządami homologicznymi czy analogicznymi. Podaj dwa argumenty.



3. Wymień przykłady genetycznych dowodów potwierdzających ewolucję i krótko je omów.

3. Mechanizmy ewolucji

Zmiany ewolucyjne dotyczą całej populacji, choć działanie doboru naturalnego jest skierowane na pojedynczy organizm. **Populacja** to zbiór osobników tego samego gatunku, występujących jednocześnie na określonym obszarze, które swobodnie się krzyżują. W badaniach ewolucji naukowcy mierzą, jaką zmienność wykazuje dana cecha (np. ubarwienie) w obrębie całej populacji. W swoich analizach posługują się pewnymi pojęciami i założeniami, których znajomość ułatwia zrozumienie mechanizmów ewolucyjnych zachodzących w populacjach. Należą do nich:

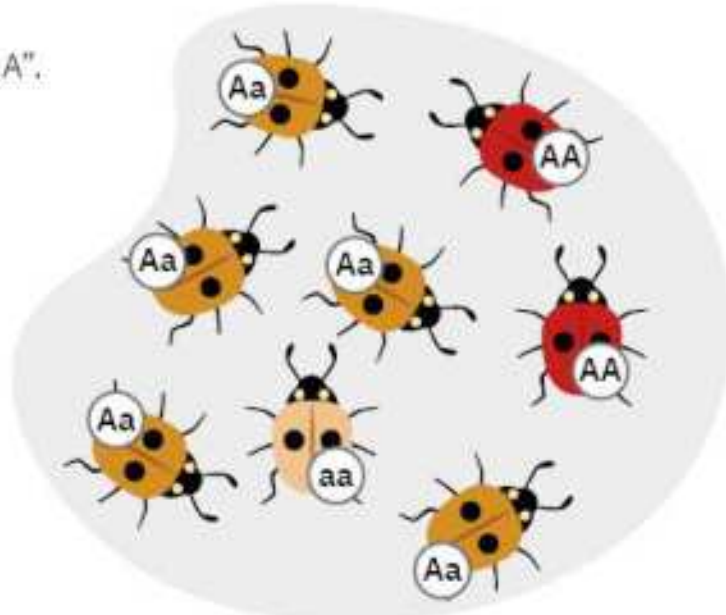
- **pula genowa**, czyli zbiór alleli genów wszystkich osobników danej populacji (ryc. V.3.1.). Allel to jedna z dwóch lub więcej odmian genu, które zajmują odpowiednie miejsca, czyli loci (w l. poj. locus), na chromosomach homologicznych; osobniki diploidalne mają najwyżej dwa różne allele w danym locus: dominujący oznaczony tu jako **A** i recesywny **a**; rozpatrując pulę genową całej populacji, możemy stwierdzić, że pojedynczy osobnik ma tylko mały ułamek alleli wchodzących w jej skład; z kolei zmienność osobników w populacji świadczy o tym, że każdy z nich ma inny zestaw alleli z tej puli;
- **częstość alleli** to parametr, który wskazuje udział określonego allelu w danej populacji, czyli dominującego **A** lub recesywnego **a**;
- **częstość genotypu**, czyli udział określonego genotypu w populacji (homozygoty dominującej **AA**, heterozygoty **Aa** i homozygoty recesywnej **aa**); analogicznie – **częstość fenotypu** to udział danego fenotypu (np. białego ubarwienia) w populacji; jeśli w populacji mamy zarówno allele dominujące, jak i recesywne, to nie można odróżnić osobników heterozygotycznych od homozygot dominujących; tylko homozygoty recesywne mają inny fenotyp; jeśli znamy częstość fenotypów, możemy obliczyć (wykonując proste działania matematyczne) częstość allelu recesywnego i dominującego; znajomość zmiany częstości alleli w kolejnych pokoleniach pozwala na określenie skali zmian ewolucyjnych w populacjach.

Mała populacja genowa złożona z 8 osobników.
Każdy osobnik ma dwa allele dla jednego genu „A”.

W populacji w sumie występuje 16 alleli.

W populacji występują osobniki o fenotypach:

- homozygota dominująca (AA)
- heterozygota (Aa)
- homozygota recesywna (aa)



Ryc. V.3.1. Pula genowa populacji i częstość alleli, genotypów i fenotypów.

Czynniki ewolucji

Ewolucję napędza pięć kluczowych zjawisk: krzyżowanie losowe, mutacje, dryf genetyczny, przepływ genów (migracje) oraz dobór naturalny.

Krzyżowanie losowe

Zmiany ewolucyjne w populacji powstają w wyniku wybierania przez osobniki partnerów do rozrodu na podstawie fenotypu (a przez to pośrednio warunkującego go genotypu). Nierzadko zdarza się, że osobniki krzyżują się częściej z osobnikami sąsiadującymi niż z dalszymi członkami danej populacji.

Mutacje

Mutacje są pierwotnym źródłem zmienności w populacji. Mutacje zachodzące w komórkach rozrodczych są przekazywane potomstwu i mogą zdecydować o zakresie ich adaptacji do zmieniających się warunków środowiska. Mutacje, z których większość jest szkodliwa, są eliminowane przez dobór naturalny. Niekiedy jednak mutacje nie ujawniają się w fenotypie osobnika diploidalnego, przez to nie są wykluczane przez dobór naturalny i mogą być przekazywane potomstwu. To prowadzi do zwiększenia różnorodności genetycznej populacji.

Dryf genetyczny

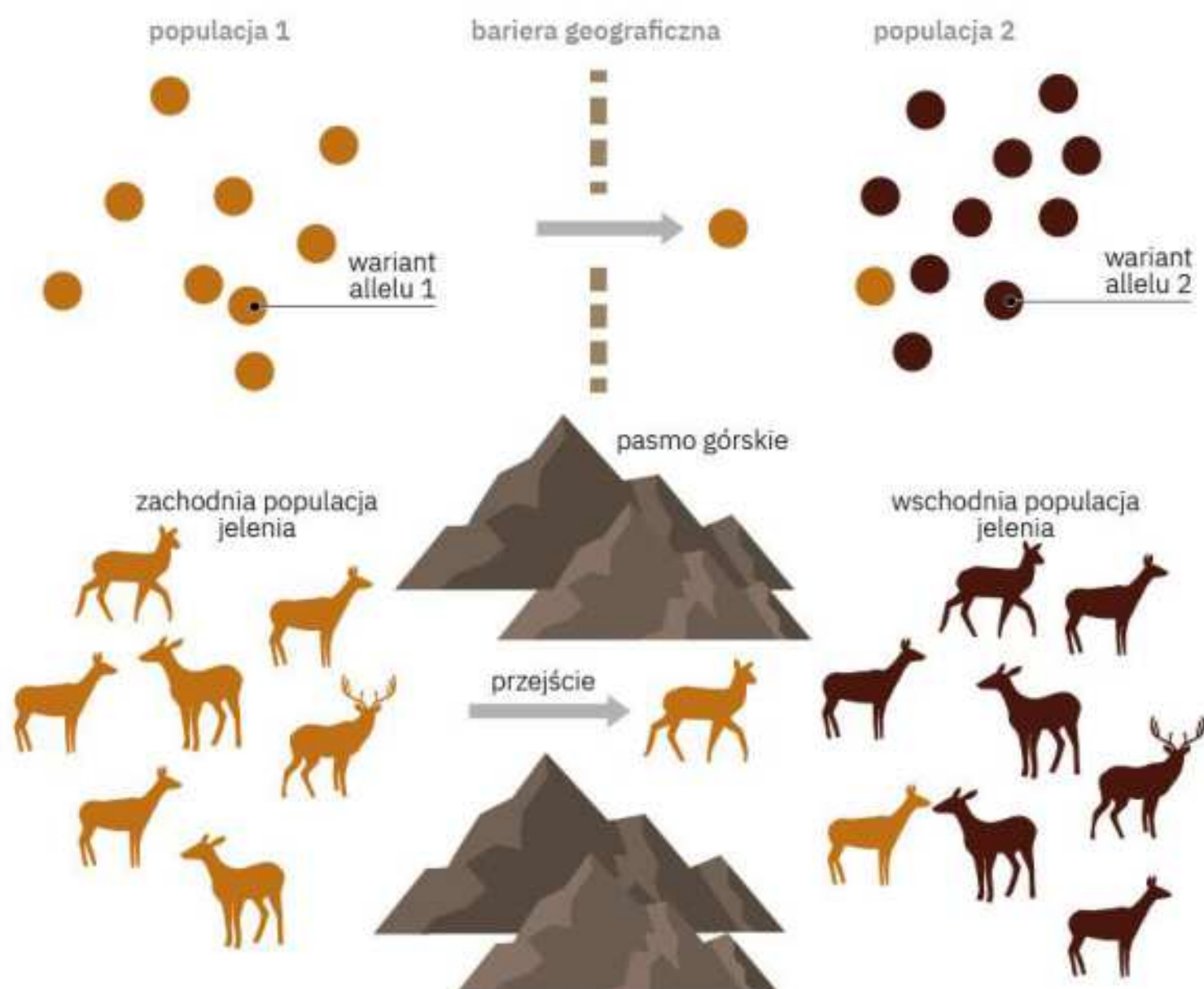
Dryf genetyczny polega na przypadkowych zmianach prowadzących do zmiany częstości alleli w populacji z pokolenia na pokolenie, które nie wynikają z doboru, mutacji czy migracji. Występuje w małych, izolowanych populacjach. Jeden z alleli może zostać całkowicie wyeliminowany przez przypadek i nie ma znaczenia, czy jest on szkodliwy, korzystny czy obojętny (np. jeśli osobniki noszące ten allel zostaną zjedzone przez drapieżnika; ryc. V.3.2.). Pula genowa powstałej w ten sposób populacji będzie różniła się od wyjściowej – nie będzie zawierała wszystkich alleli genów, które pierwotnie ją tworzyły. Dryf genetyczny zmniejsza zmienność genetyczną w obrębie populacji, ale zazwyczaj zwiększa różnice genetyczne między populacjami.



Ryc. V.3.2. Istota dryfu genetycznego – na skutek drapieżnictwa dochodzi do zmniejszenia liczebności populacji owadów w wyniku eliminacji osobników o zielonym ubarwieniu. Pula genowa powstałej populacji jest mniej zróżnicowana niż wyjściowa.

Przepływ genów (migracje)

Migracje zdolnych do rozrodu osobników między populacjami prowadzą do przepływu genów, co skutkuje zmianami poziomu zmienności genetycznej. Jeśli allele przepływają z jednej populacji do drugiej, to mogą zwiększać zmienność genetyczną tej populacji (ryc. V.3.3.). Jeśli wymiana alleli jest intensywna, to może doprowadzić do połączenia się sąsiadujących populacji w jedną wspólną pulę genową. Wprowadzone w wyniku migracji nowe allele podlegają działaniu doboru naturalnego, który może prowadzić do zwiększania ich częstości (jeśli będą prowadzić do lepszego przystosowania) lub jej zmniejszenia (w wyniku ograniczenia szans na przeżycie).



Ryc. V.3.3. Migracje prowadzą do zmiany poziomu zmienności genetycznej populacji w wyniku wprowadzania do niej nowych alleli. Losy nowych alleli będą zależały od działania doboru naturalnego – te, które będą zwiększać szanse na przeżycie i rozród, będą częstsze.

Dobór naturalny

Działanie doboru naturalnego polega na tym, że osobniki lepiej przystosowane do środowiska mają większe szanse na przeżycie i wydanie potomstwa. Dobór naturalny działa bezpośrednio na fenotyp organizmu, a przez to pośrednio na jego genotyp. Dobór naturalny jest jednym z najważniejszych mechanizmów

ewolucji. Prowadzi do zmian w populacji zwiększających adaptację (przystosowanie) do warunków środowiskowych.

Rola doboru naturalnego w powstawaniu adaptacji

Adaptacje powstają jako odpowiedź na zmiany zachodzące w środowisku, zarówno te naturalne, jak i te, na które bezpośrednio wpływa działalność człowieka. W przyrodzie obserwujemy wiele dowodów działania doboru naturalnego, np.: melanizm przemysłowy, odporność na pestycydy i antybiotyki czy adaptacje ochronne.

Melanizm przemysłowy

Melanizm to ciemne zabarwienie ciała wynikające ze zwiększonej zawartości ciemnych barwników. Melanizm przemysłowy zaobserwowano pierwszy raz u ćmy zwanej krępakiem brzozowym. Barwa tego motyla jest zróżnicowana – od jasnej, przez szarą do czarnej (ryc. V.3.4.). Pierwotnie podstawowym ubarwieniem ćmy była brawa szara, a osobniki czarne występowały rzadko. Rozwój przemysłu i zwiększające się zanieczyszczenie powietrza spowodowały, że jasne ćmy zostały wyparte przez ciemno zabarwione, ponieważ ciemne motyle były mniej widoczne na ciemnej korze drzew. Jasne osobniki jako lepiej widoczne padały ofiarą ptaków owadożernych. Obecnie na terenach uprzemysłowionych przeważa odmiana ciemna, a na terenach rolniczych – jasna.



Ryc. V.3.4. Melanizm przemysłowy u krępaka brzozowego.

Oporność na pestycydy i antybiotyki

Pestycydy to naturalne lub syntetyczne związki chemiczne stosowane w rolnictwie jako ochrona przed szkodnikami powodującymi straty w działalności rolnej, do których należą m.in. chwasty i owady. Powszechność ich używania spowodowała, że zaczęły się pojawiać gatunki odporne na te środki. Taka adaptacja szybko rozprzestrzeniła się w środowisku, ponieważ zapewnia przeżycie i rozród. Podobna sytuacja dotyczy stosowania antybiotyków. Zbyt częste ich przyjmowanie sprzyja pojawieniu się bakterii niosących gen oporności na antybiotyki.

Adaptacje ochronne

Działanie doboru naturalnego przejawia się także w powstawaniu adaptacji ochronnych. Ich przykładem jest mimetyzm oraz mimikra. **Mimetyzm** to upodabnianie się zwierząt barwą, kształtem lub wzorem na powierzchni ciała do otoczenia, co pomaga im ukryć się przed drapieżnikami. Zwierzę z ubarwieniem ochronnym ma większe szanse przeżycia i wydania potomstwa (ryc. V.3.5.A). **Mimikra** polega na upodobnieniu się osobnika bezbronnego do innego organizmu, który dysponuje środkami odstraszającymi (takimi jak jad, kolce, żądło) lub jest trujący (ryc. V.3.5.B).

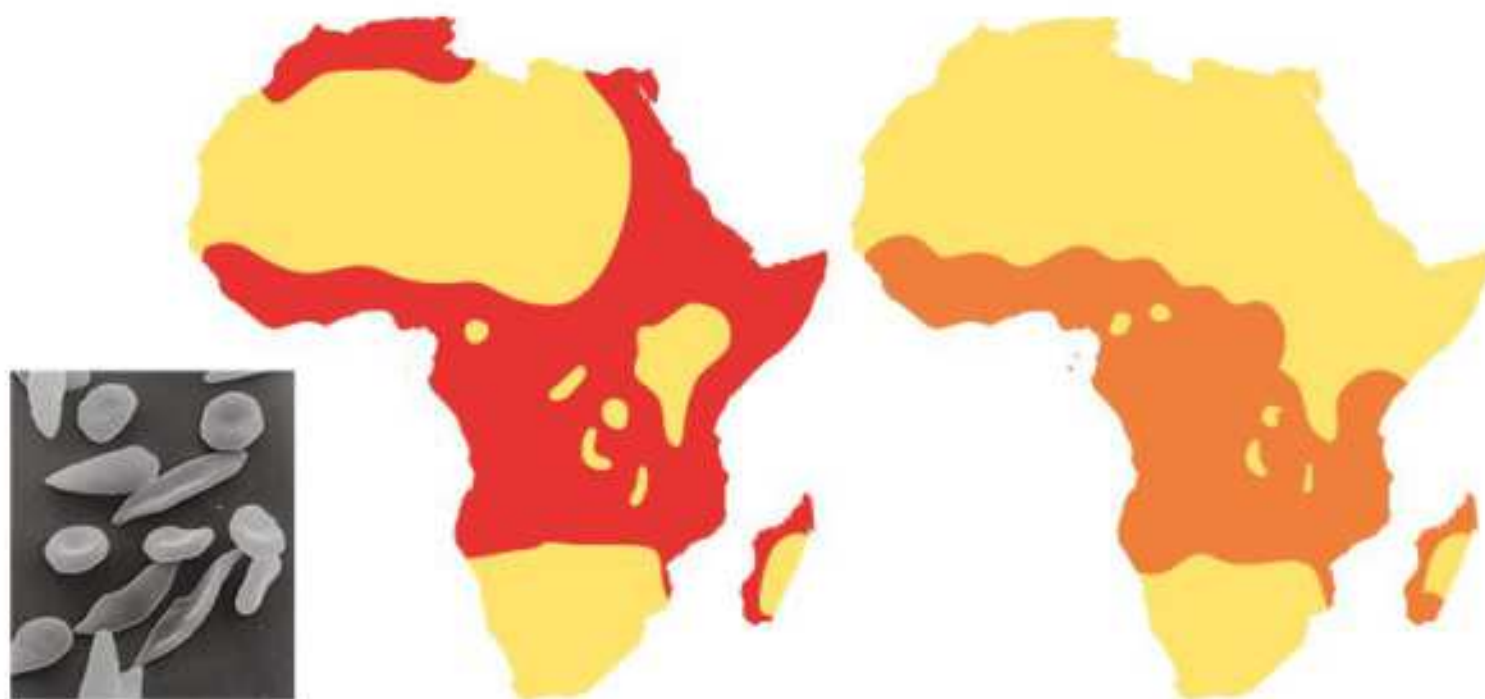


Ryc. V.3.5. Adaptacje ochronne mimetyzm (A), mimikra (B).

Wpływ doboru naturalnego na częstość alleli warunkujących choroby genetyczne

Częstość alleli warunkujących choroby genetyczne zależy od tego, czy dana choroba jest determinowana allelem dominującym (A) czy recesywnym (a). Te choroby, które są determinowane allelem dominującym (A), w wyniku działania doboru naturalnego są szybko eliminowane, ponieważ ujawniają się zarówno w stanie homozygotycznym (AA), jak i heterozygotycznym (Aa). W przypadku allelu recesywnego (a) dobór naturalny nie prowadzi do jego całkowitego usunięcia z populacji. Allel recesywny nie ujawnia się w heterozygotach (Aa), a więc w pewnym sensie jest „niewidoczny”, jego eliminacja jest powolna i następuje dopiero wtedy, gdy pojawi się on w homozygotcie (aa). Dzieje się tak, ponieważ dobór naturalny działa na fenotyp, a przez to tylko pośrednio na allel. Jeśli w fenotypie nie przejawia się szkodliwość allelu, to dobór naturalny nie będzie go eliminował. Klasycznym przykładem jest allel warunkujący anemię sierpowatą, który prowadzi do powstania zmienionej hemoglobiny. W przypadku niskiej zawartości tlenu taka hemoglobina wytrąca się i powoduje zniekształcenie błon

erytrocytów, które przyjmują kształt sierpa (ryc. V.3.6.). Organizmy homozygotyczne pod względem allelu anemii sierpowatej zwykle umierają w młodym wieku. Natomiast u osobników heterozygotycznych w erytrocytach występują zarówno normalne, jak i zmienione cząsteczki hemoglobiny (w ilości ok. 40%). Takie erytrocyty nie przyjmują sierpowatego kształtu, ale stają się odporne na zarodźca malarii, który wywołuje malarię. Zatem osobniki heterozygotyczne mają przewagę przystosowawczą nad homozygotami dominującymi. To powoduje, że na terenach występowania malarii utrzymują się oba allele, mimo że w stanie homozygotycznym (aa) ten allel jest śmiertelny (ryc. V.3.6.).

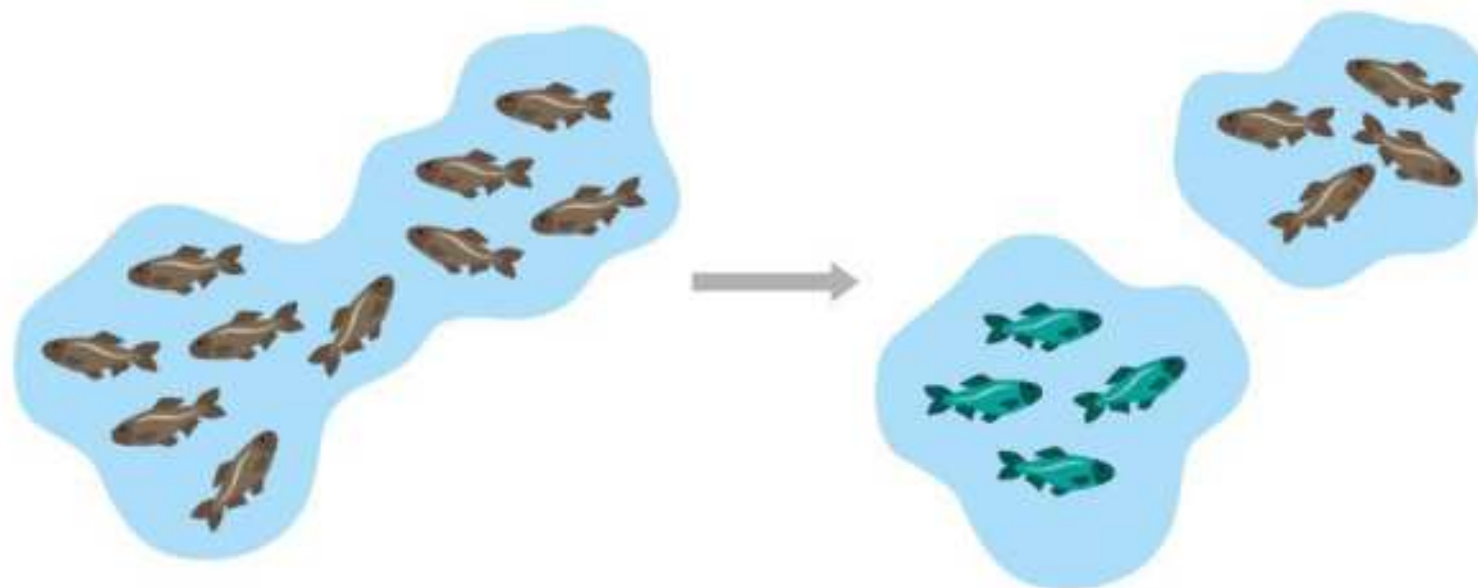


Ryc. V.3.6. Porównanie obszarów występowania malarii (po lewej) i anemii sierpowatej (po prawej) w Afryce.

Specjacja – powstawanie nowego gatunku

Definicja gatunku, którą zaproponował Linneusz, obejmuje organizmy podobne do siebie pod względem cech morfologicznych i zamieszkujące tę samą niszę ekologiczną. W ujęciu ewolucyjnym gatunek to izolowana rozrodczo pula genowa, która składa się z jednej lub więcej populacji krzyżujących się ze sobą w naturze, natomiast niekrzyżujących się z przedstawicielami innych gatunków. Definicja ta odnosi się tylko do organizmów rozmnażających się płciowo. **Izolacja rozrodcza** zapobiega krzyżowaniu się osobników należących do różnych gatunków, których obszar występowania się pokrywa. Warunkuje odrębność genetyczną danego gatunku, przez co uniemożliwia przepływ genów między gatunkami. Bariery rozrodcze działają zarówno przed krzyżowaniem, jak i po zapłodnieniu. Przykładem takiego działania jest izolacja geograficzna związana z obecnością fizycznej przeszkody, np. morza (jak w przypadku żeb Darwina występujących na wyspach Galapagos), gór czy trasy komunikacyjnej.

Specjacja, czyli powstawanie nowego gatunku, to jeden z kluczowych procesów w ewolucji życia na Ziemi. Dochodzi do niego wtedy, gdy jakaś populacja zostaje rozrodczo odizolowana od pozostałej części gatunku, a skład genetyczny jej puli genowej staje się inny. Jeśli między tą populacją a gatunkiem wyjściowym nie ma przepływu genów, to mówimy, że zaszła specjacja.



Ryc. V.3.7. Specjacja to proces powstawania nowych gatunków.

Wymieranie gatunków

Procesem odwrotnym do powstawania nowych gatunków jest ich wymieranie. Za moment wyginięcia gatunku uznaje się śmierć ostatniego osobnika tegoż gatunku, chociaż utrata możliwości rozmnażania ma miejsce zwykle wcześniej (ryc. V.3.8.). Wymarły gatunek już się nie odrodzi. Do wymierania gatunków dochodziło od początku życia na Ziemi. Często nowe gatunki zastępują te wymarłe. Wśród najczęstszych przyczyn wymierania organizmów wymienia się: zmiany klimatu, katastrofy (np. uderzenie w Ziemię asteroidy lub komety), aktywność wulkaniczną, konkurencję międzygatunkową oraz działanie człowieka (niszczenie naturalnych siedlisk, zanieczyszczanie powietrza).



Ryc. V.3.8. Dinozaury wymarły ok. 66 mln lat temu.

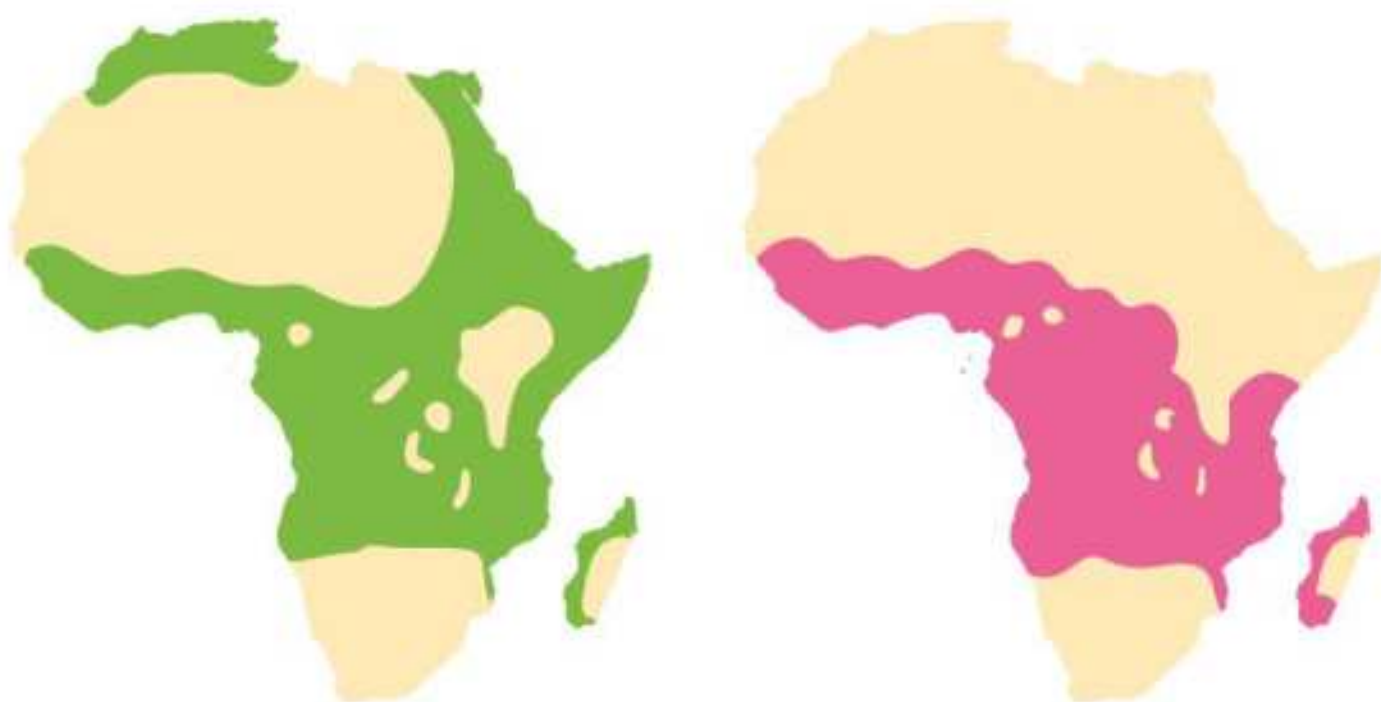
PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij pojęcia *populacja*, *pula genowa*, *częstość alleli*.
2. Wskaż, do którego z podanych czynników ewolucji odnosi się poniższy opis.

Proces ten polega na losowych zmianach prowadzących do zmiany częstości alleli w populacji z pokolenia na pokolenie. Występuje w małych, izolowanych populacjach i prowadzi do zmniejszania zmienności genetycznej w obrębie populacji, ale zazwyczaj zwiększa różnice genetyczne między populacjami.

mutacje, krzyżowanie losowe, dobór naturalny, dryf genetyczny,
migracje

3. Przedstaw, na czym polega melanizm przemysłowy.
4. Na poniższych rysunkach przedstawiono geograficzne obszary występowania malarii (zielony) oraz anemii sierpowatej (różowy). Podaj dwa wnioski wynikające z analizy map.

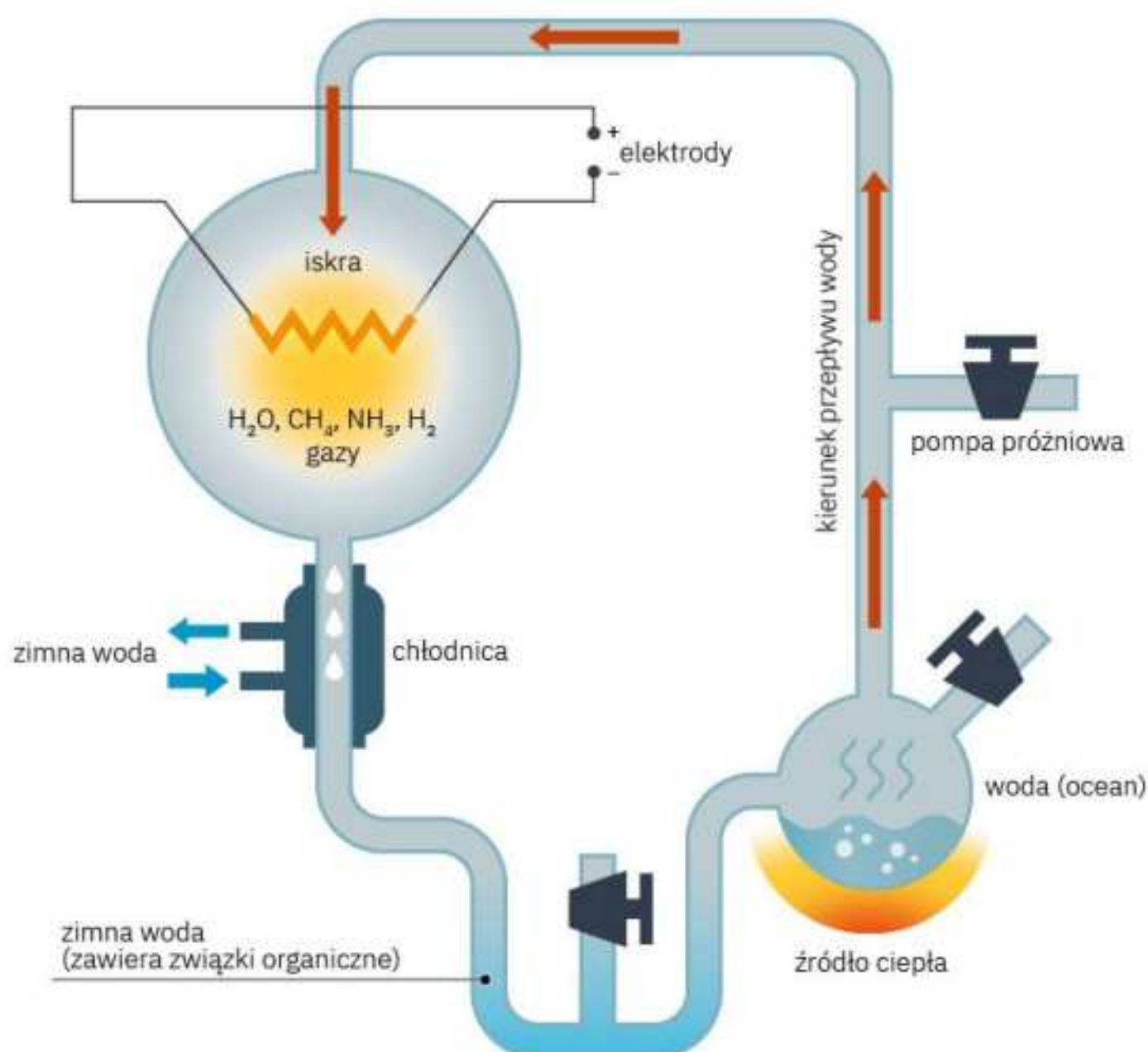


4. Wytłumacz, w jaki sposób dochodzi do powstawania nowych gatunków.
5. W dostępnych źródłach znajdź informację na temat tura – przodka niektórych ras bydła domowego. Sporządź notatkę w zeszycie, w której podasz czas i przyczyny wymarcia tego zwierzęcia.

4. Powstanie i dzieje życia na Ziemi

Wiek Ziemi

Wiek Ziemi jest szacowany na blisko 4,7 mld lat. Na podstawie wyników badań pochodzących z różnych dziedzin nauki wykazano, że atmosfera ziemską na początkach swojego istnienia zawierała dwutlenek węgla, parę wodną, tlenek węgla i azot, a wolny tlen występował w ilościach śladowych lub nie było go wcale. Wykazano także, że powstanie życia na Ziemi przebiegało w warunkach beztlenowych i nastąpiło w wyniku syntezy bardziej złożonych związków z prostych związków nieorganicznych (m.in. CO_2 , H_2O , NH_3 , CH_4). Konieczna do tej syntezy energia pochodziła z wyładowań atmosferycznych, wybuchów wulkanów i intensywnego promieniowania (głównie UV). Potwierdzeniem tych przypuszczeń było doświadczenie (ryc. V.4.1.) wykonane w latach 50. XX w. przez Millera i Ureya (czytaj: ureja). Naukowcy otrzymali w warunkach laboratoryjnych związki organiczne, w tym aminokwasy, z mieszaniny gazów imitującej skład pierwotnej atmosfery.



Ryc. V.4.1. Doświadczenie Millera i Ureya.



Początki życia na Ziemi

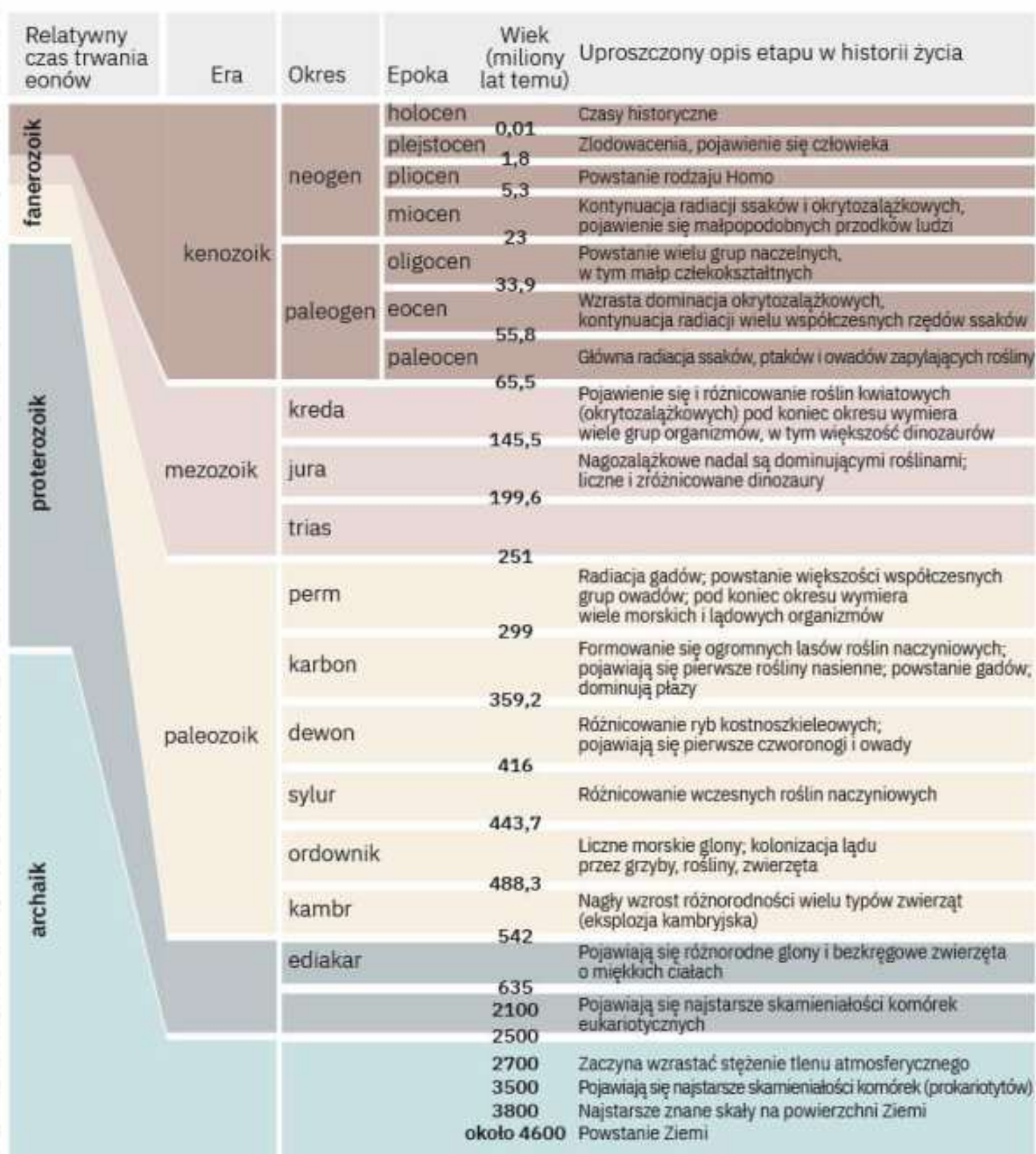
Proces powstawania życia był rozłożony w czasie, ale szacuje się pojawiło ono dość wcześnie w historii Ziemi. Powstanie związków organicznych, zwane ewolucją biochemiczną, poprzedziło powstanie pierwszych komórek. Mogły nimi być **protobiony**, czyli kompleksy makrocząsteczek organicznych, wykazujące niektóre cechy komórek (m.in. podział po osiągnięciu pewnej wielkości czy utrzymywanie rozdzielności środowiska wewnętrznego, aktywność katalityczną). Powstanie ostatecznej formy komórki najprawdopodobniej następowało stopniowo, a kluczowymi etapami było wykształcenie błon komórkowych, rozpoczęcie przemian metabolicznych będących źródłem energii oraz powstanie sprawnego systemu replikacji zdolnego do przekazywania informacji o budowie komórki. Według **hipotezy świata RNA** pierwszą cząsteczką zdolną do przenoszenia informacji był RNA, a białka i DNA powstały znacznie później. Doświadczalnie potwierdzono, że skład chemiczny pierwotnej Ziemi umożliwiał powstanie RNA, które były zarówno substratami, jak i katalizatorami swojej własnej replikacji.

Pierwsze komórki były najpewniej beztlenowymi prokariotami, odżywiającymi się heterotroficznie. Naukowcy szacują, że stało się to **ok. 3,8 mld lat temu**. Dopiero w dalszej kolejności pojawiły się prokariotyczne komórki zdolne do przeprowadzania fotosyntezy (sinice), których aktywność spowodowała stopniowe gromadzenie się tlenu w atmosferze. Prawdopodobnie stało się to ok. 3,5 mld lat temu. Z kolei ok. 2,4 mld lat temu zawartość tlenu w atmosferze wzrosła do poziomu, który umożliwił pojawienie się organizmów tlenowych. Ponieważ wykorzystanie tlenu w utlenianiu komórkowym pozwala na uzyskanie znacznie więcej energii niż w procesie fermentacji (przeprowadzanym przez beztlenowce), organizmy tlenowe wygrały konkurencję z beztlenowymi i wyparły je ze środowiska. Dzięki fotosyntezie doszło do zmniejszenia zawartości CO_2 w atmosferze, a w górnej jej części wytworzyła się warstwa ozonowa, czyli ochrona Ziemi przed UV. Większość obecnie żyjących organizmów (rośliny, zwierzęta, grzyby) to organizmy tlenowe.

Komórki eukariotyczne powstały z komórek prokariotycznych. Na podstawie materiałów kopalnych oszacowano, że stało się to ok. 2,2 mld lat temu. Tłumacząca ich powstanie **teoria endosymbiozy** zakłada, że organelle komórkowe powstały jako wynik wchłonięcia bakterii tlenowych i sinic przez inną komórkę prokariotyczną. Koewolucja tych komórek była korzystna dla obu komponentów i doprowadziła do wykształcenia między nimi ścisłej zależności. Z czasem powstały błona komórkowa i jądro komórkowe, a w dalszej kolejności coraz większa specjalizacja prowadziła do powstania złożonych, wielokomórkowych organizmów. 13) porządkuje chronologicznie wydarzenia z historii życia na Ziemi; wykazuje zmiany warunków środowiskowych miały wpływ na przebieg ewolucji; 14) porządkuje chronologicznie formy kopalne c

Dzieje życia na Ziemi

Skąły osadowe powstają w wyniku osadzania się (sedymencacji) materiału mineralnego. Ich ułożenie jest warstwowe – te, które leżą najgłębiej, są najstarsze. Grubość określonej warstwy skalnej jest proporcjonalna do czasu jej tworzenia się. W warstwach znajdują się informacje biologiczne (skamieniałości), klimatyczne i geologiczne charakterystyczne dla okresu, z którego pochodzą. Na ich podstawie geolodzy podzielili historię Ziemi na jednostki czasu: eony, ery, okresy i epoki. Podział ten, wraz z najważniejszymi wydarzeniami biologicznymi w historii Ziemi, został przedstawiony na rycinie V.4.2.



Ryc. V.4.2. Dzieje życia na Ziemi.

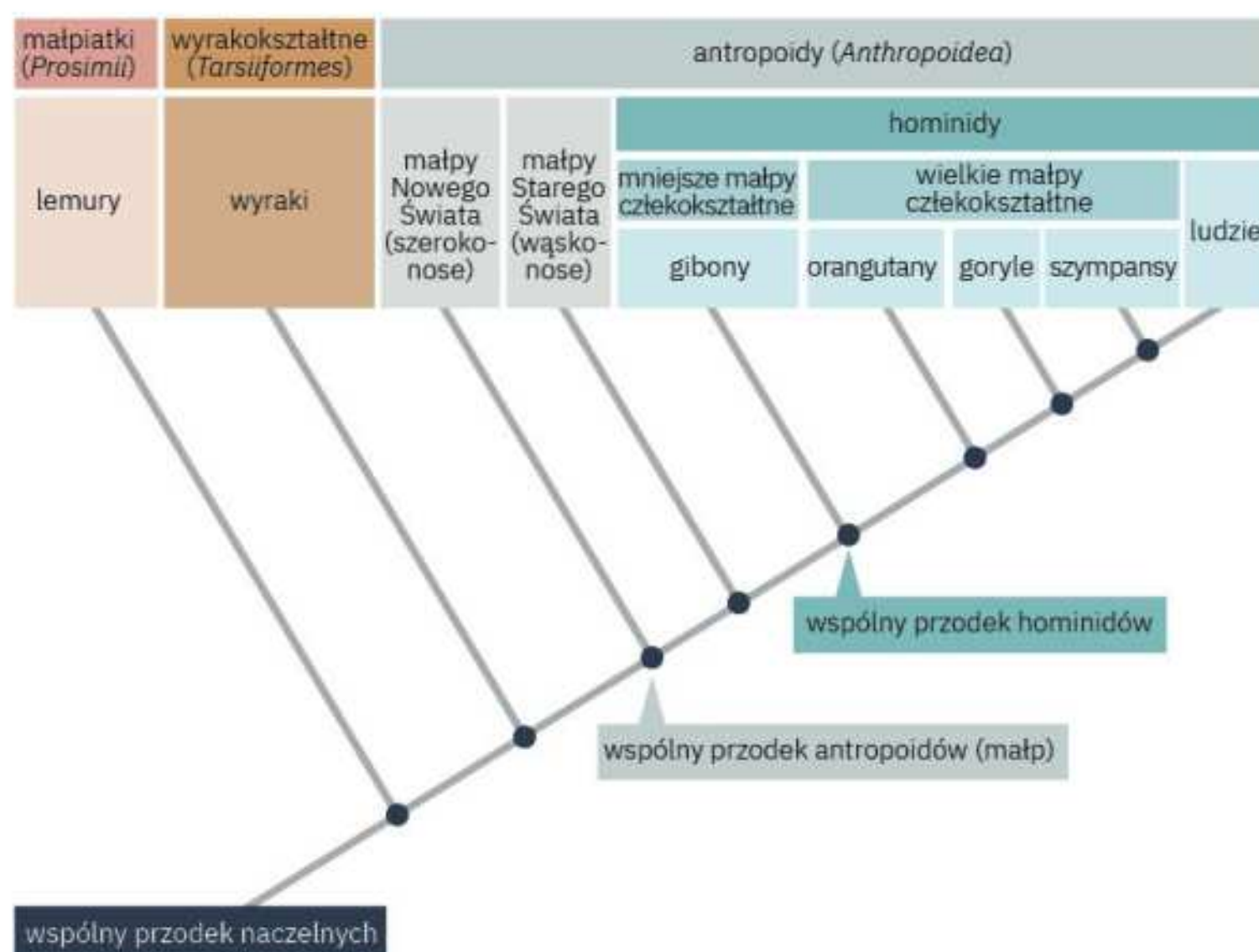


PYTANIA I POLECENIA

1. Omów chronologicznie proces powstawania życia na Ziemi.
2. Korzystając z ryciny V.4.2., podaj, kiedy (era, okres, wiek w mln lat):
 - pojawiły się pierwsze czworonogi i owady;
 - dominowały rośliny nagozalążkowe i zaszła ewolucja dinozaurów;
 - powstały naczelnne, w tym małpy człekokształtne.

5. Antropogeneza

Badaniem ewolucji człowieka zajmuje się **antropologia**. Ewolucja człowieka to nie tylko zmiany w jego budowie, lecz także przemiany zachowań. Człowiek należy do rzędu naczelnnych. Systematykę tego rzędu przedstawiono na rycinie V.5.1.



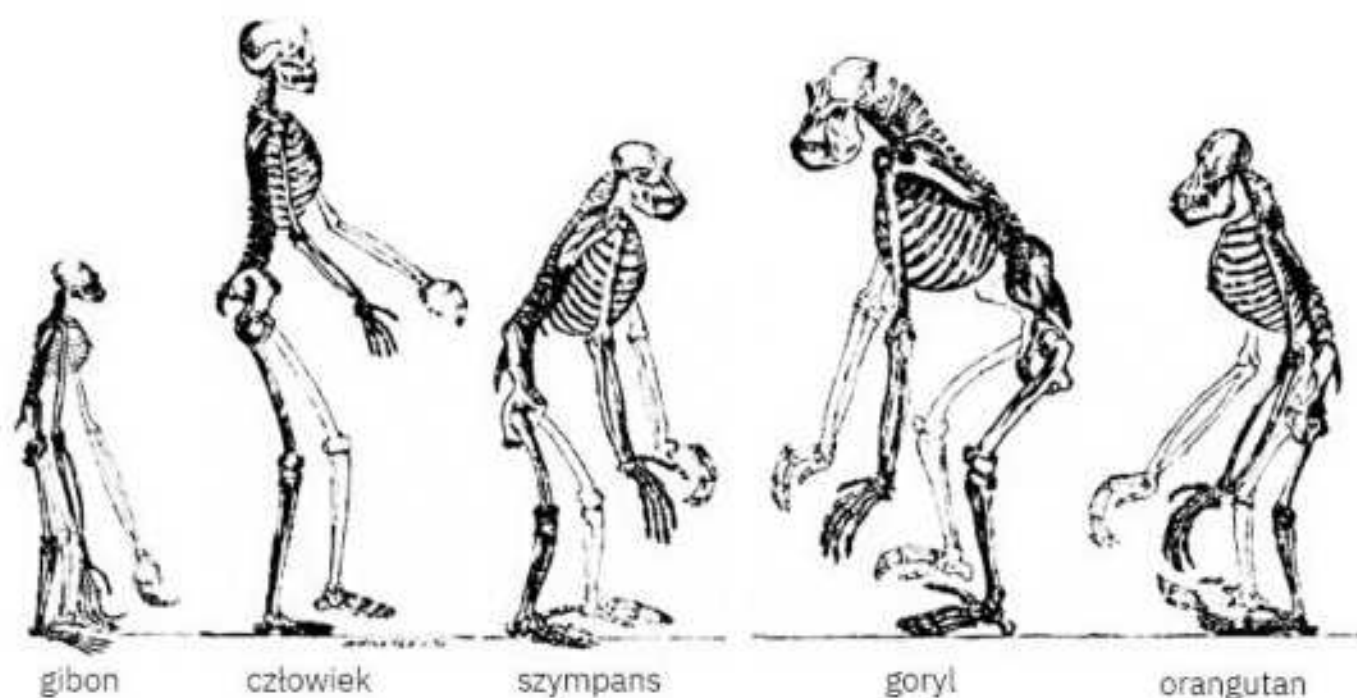
Ryc. V.5.1. Systematyka naczelnnych.

Naczelne (małpiatki, wyrakokształtne, małpy właściwe i ludzie) wykazują szereg wspólnych cech, do których należą:

- pięciopalczaste ręce i stopy z przeciwnym kciukiem i palcami wyposażonymi w paznokcie, co znacznie ułatwia chwytanie;
- położenie oczu w płaszczyźnie czołowej, umożliwiające trójwymiarowe, barwne widzenie;
- uzębienie składające się z zębów trzonowych, przedtrzonowych, siekaczy i kłów;
- znaczny rozwój mózgowia;
- mała liczba potomstwa oraz długi okres opieki nad nim.

Najbliższymi żyjącymi krewnymi człowieka są małpy człekokształtne, czyli gibony, orangutany, goryle i szympany (ryc. V.5.2.). Jednym z najstarszych odkrytych w Afryce wspólnych przodków małp człekokształtnych jest Prokonsul, którego szczątki datuje się na 20 mln lat. Na ścisłe pokrewieństwo małp człekokształtnych i człowieka wskazują nie tylko cechy anatomiczne, lecz także wyniki badań biochemicznych i molekularnych (np. brak różnic między białkami osocza krwi). Badania pokazują, że naszym najbliższym krewnym spośród małp człekokształtnych jest szympan. Świadczą o tym m.in. prawie identyczna sekwencja aminokwasowa hemoglobiny oraz podobieństwo genomów (w 98%). Do innych wspólnych cech człowieka i małp człekokształtnych należą:

- dwunożna postawa;
- brak ogona;
- podobny wzór uzębienia;
- silny rozwój mózgu i wynikające z tego zachowania socjalne, takie jak: wyrażanie emocji ruchem, używanie prostych narzędzi, możliwość uczenia się poprzez naśladowanie czy więzi społeczne.



Ryc. V.5.2. Człowiek i małpy człekokształtne (gibony, goryle, orangutany i szympansy) wywodzą się od wspólnego przodka.

Ewolucja hominidów

Cechami, które odróżniają człowieka od małp człekokształtnych, są:

- duża objętość mózgu i zwiększenie rozmiarów mózgowcowości;
- spłaszczenie części twarzowej czaszki i uwypuklenie nosa;
- zaokrąglony łuk zębowy i schowane kły (nie wystają ponad linię zgryzu);
- zmiany w budowie szkieletu (kręgosłup esowato wygięty, krótka i szeroka miednica, krótsze kończyny górne od dolnych, wysklepienie stopy) będące adaptacją do dwunożności i wyprostowanej postawy;
- wysoki poziom inteligencji (wytwarzanie i wykorzystanie narzędzi, dobra pamięć, zdolność mówienia, pisanie);
- długi czas opieki nad potomstwem wraz z wytworzeniem silnych więzi społecznych;
- tworzenie sztuki i w ogóle kultury.

Człowieka i jego przodków określimy wspólną nazwą **hominidów**. Badania wykazały, że ewolucja hominidów zaczęła się w Afryce. Do najwcześniejszych członków tej grupy należą sahelantrop, orrorin, ardipitek oraz australopitek. Natomiast pierwszym hominidem, którego zalicza się do rodzaju *Homo*, był *Homo habilis*, czyli człowiek zręczny. Charakterystykę najważniejszych hominidów przedstawiono w tabeli V.5.1.

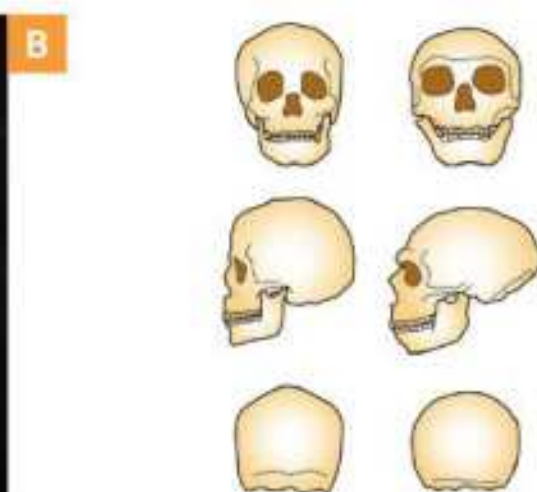
Tab. V.5.1. Charakterystyka najważniejszych hominidów

Hominid	Czas, w którym żył	Charakterystyka
Sahelantrop <i>Sahelanthropus</i>	7–6 mln lat temu	Odkryty na dnie jeziora Czad, miał czaszkę o małej objętości; twarz i zęby podobne do ludzkich. Jest uznawany za wspólnego przodka małp człekokształtnych i ludzi.
Orrorin	6 mln lat temu	Odkryty w Kenii, poruszał się na dwóch nogach w postawie wyprostowanej.
Ardipitek <i>Ardipithecus</i>	6–4 mln lat temu	Znaleziony w Etiopii, poruszał się na dwóch nogach, w postawie wyprostowanej. Miał prymitywne uzębienie.
Australopitek <i>Australopithecus</i>	4,2–1 mln lat temu	Wyróżniał się dwunożną postawą, małą objętością mózgu (380–530 cm ³), niskim wzrostem, masywną szczęką z mocnymi zębami, krótkimi kłami oraz stopą o nieprzeciwstawnym paluchu, a także wyraźnym dymorfizmem płciowym.
	4 mln lat	Gatunki: – <i>Australopithecus anamensis</i> wykazywał cechy wspólne zarówno ze współczesnymi szympanсами, jak i z ludźmi (żuchwa i szczęki szympansie). Miał wyprostowaną postawę oraz masywną budowę twarzy i aparatu żującego. Był roślinożerny.
	3,6–3,2 lat temu (Lucy – kompletny szkielet; ryc. V.5.3.)	– <i>Australopithecus afarensis</i> był roślinożercą. Wyróżniał się kręłą budową ciała, czaszką o małej pojemności, wydatnymi wałami nadoczołowymi, wysuniętą żuchwą, dużymi kłami, szeroką miednicą, wysklepioną stopą. Miał długie ramiona oraz nieprzeciwstawny paluch stopy; kciuk przeciwstawny. Pojemność jego mózgu wynosiła ok. 500–600 cm ³ . Prawdopodobnie nie wytwarzał narzędzi.
	3 mln lat	– <i>Australopithecus africanus</i> miał wyprostowaną postawę. Jego ręce i zęby były zbliżone do ludzkich. Odżywiał się zarówno pokarmem roślinnym, jak i zwierzęcym. Charakteryzował się małym mózgiem oraz delikatniejszą budową ciała. Wykazywał bardziej złożone zachowania społeczne.



Ryc. V.5.3. Rekonstrukcja szkieletu Lucy należącej do *Australopithecus afarensis* (A) oraz rekonstrukcja jej wyglądu (B).

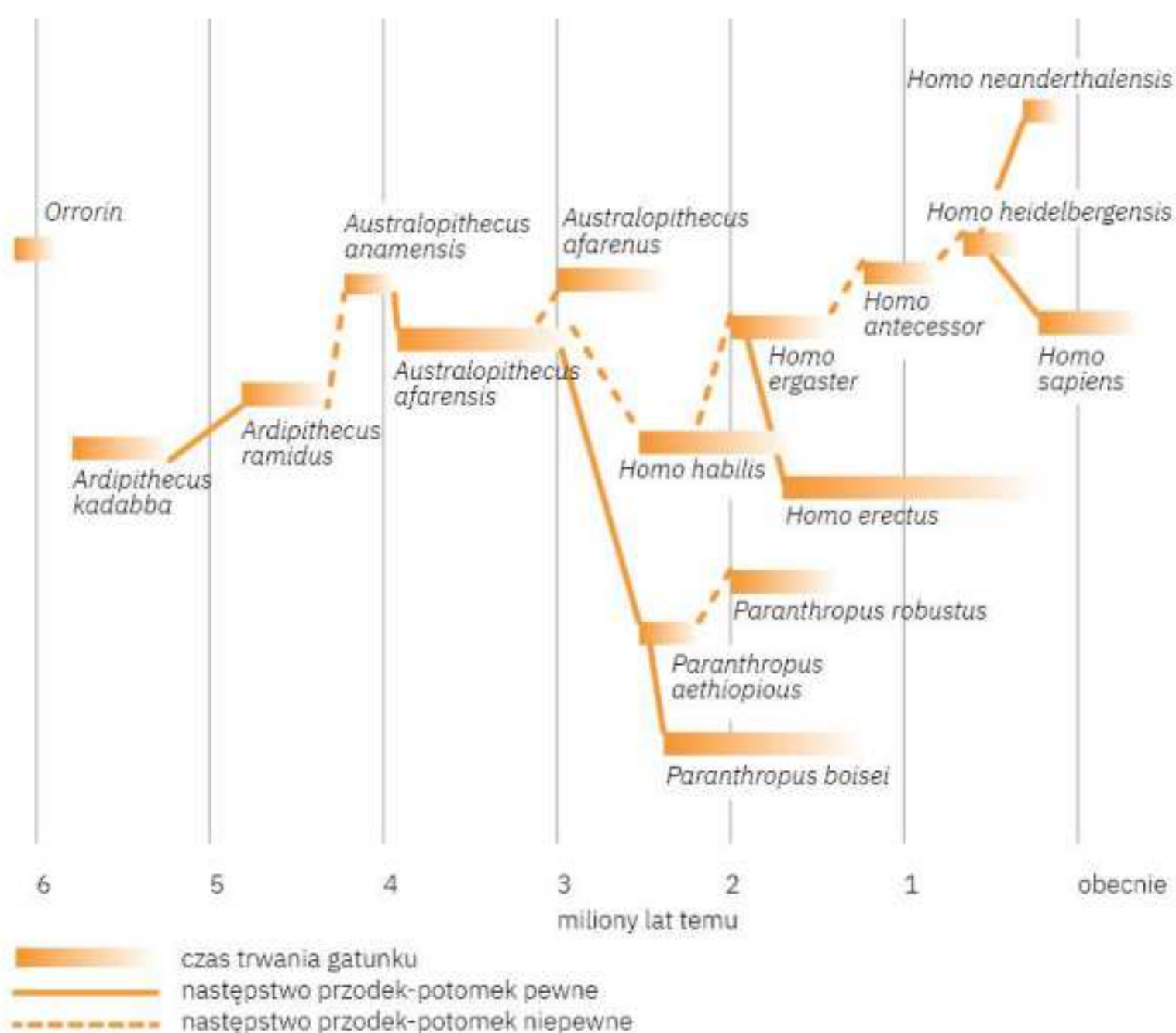
Hominidy należące do rodzaju <i>Homo</i>	Czas, w którym żył	Charakterystyka
<i>Homo habilis</i> (człowiek zręczny)	2,5–1,5 mln lat temu	Odkryty w Tanzanii. Część twarzowa jego czaszki podobna do australopiteka. Pojemność mózgu człowieka zręcznego wynosiła 600–750 cm ³ . Wyróżniał się dwunożnością, wysklepioną stopą, kończynami górnymi relatywnie dłuższymi niż dolne. Posługiwał się prymitywnymi narzędziami.
<i>Homo erectus</i> (człowiek wyprostowany)	1,8–0,3 mln lat temu	Wyemigrował z Afryki, opanował Europę i Azję. Pierwsze szczątki człowieka wyprostowanego znaleziono w Indonezji. Pojemność jego mózgu wynosiła ok. 1000 cm ³ , a wzrost ok. 160–180 cm. Charakteryzował się czaszką z wydatnymi wałami oczodołowymi i niską mózgoczaszką, słabo zaznaczonym dymorfizmem płciowym. Wytwarzał bardziej wyrafinowane narzędzia – siekiery, topory. Posługiwał się ogniem, okrywał ciało, mieszkał w jaskiniach i polował na zwierzęta.
<i>Homo neanderthalensis</i> neandertalczyk (ryc. V.5.4.)	230 000–28 000 lat temu	Występował na terenie Europy, szczątki znalezione w dolinie Neander w Niemczech. Wyróżniał się krępa i solidną budową ciała oraz niską, długą czaszką z wydatnymi wałami oczodołowymi. Pojemność jego czaszki wynosiła ok. 1450 cm ³ . Odżywił się upolowanymi zwierzętami – polował także na duże osobniki. Wytwarzał różne kamienne narzędzia, mieszkał w jaskiniach, budował szałas. Wykazywał złożone zachowania społeczne, takie jak grzebanie zmarłych i opieka nad słabszymi. Ponadto funkcjonował w grupie o mocnych więzach społecznych i uczestniczył w rytuałach religijnych. Neandertalczyk występował razem z człowiekiem przez kilka tysięcy lat.
<i>Homo sapiens</i> (człowiek rozumny)	195 000 lat temu	Wywodzi się z Afryki. Charakteryzuje się smukłą budową ciała i spłaszczoną twarzoczaszką. Pojemność jego mózgu wynosi ok. 1350 cm ³ . Wytwarza wyrafinowane narzędzia. Wyróżnia się wysokim stopniem rozwoju społecznego i kulturowego.



Ryc. V.5.4. Rekonstrukcja wyglądu neandertalczyka (A) oraz porównanie czaszki neandertalczyka i człowieka (B).

Homo sapiens rozprzestrzeniając się po świecie, wyparł inne hominidy (m.in. *H. erectus*, *H. neanderthalensis*). Około 30 tys. lat temu *Homo sapiens* stał się jedynym przedstawicielem rodzaju *Homo*. Badania wykazują, że współczesny człowiek pochodzi od populacji żyjącej w Afryce – potwierdzają to zarówno znaleziska kopalne, jak i badania molekularne. Prawdopodobne pokrewieństwo hominidów i pozycję gatunku *Homo sapiens* na drzewie rodowym człowieka przedstawiono na rycinie V.5.5.

Najnowsze hipotezy sugerują, że bezpośrednim przodkiem człowieka był *Homo ergaster* pochodzący od *Homo habilis*. Od niego z kolei mają się wywodzić archaiczni ludzie o mózgu zbliżonym wielkością do mózgu dzisiejszego człowieka. Wykształcali oni bardzo zróżnicowane kultury, a także wytwarzali różnorakie narzędzia i symboliczne przedmioty. Do archaicznych ludzi należą m.in.: *Homo antecessor* (żyjący 1,2 mln–800 000 lat temu), którego szczątki znaleziono w Hiszpanii, oraz jego potomek *Homo heidelbergensis* (600 000–300 000 lat temu). Jego szczątki odkryto w Niemczech (ryc. V.5.5.).



Ryc. V.5.5. Drzewo rodowe człowieka.

Badania dowiodły, że wcześni ludzie byli łowcami i zbieraczami, nie osiedlali się na stałe, ale wędrowali w celu poszukiwania nowych zasobów pożywienia (byli nomadami). Około 10 000 lat temu ludzie rozpoczęli uprawy rolne oraz udomawianie zwierząt, co wiązało się osiedlaniem się na stałe na danym terenie i zakładaniem osad. Postęp w rolnictwie oraz wzrost populacji doprowadził do rewolucji przemysłowej (w XVIII w.), a następnie naukowo-technicznej, która trwa do dziś.

PYTANIA I POLECENIA

1. Skonstruuj w zeszycie tabelę dotyczącą cech wspólnych człowieka z naczelnymi oraz z małpami człekokształtnymi.
2. Wymień cechy odróżniające człowieka od małp człekokształtnych.
3. W dostępnych źródłach znajdź informację na temat Selam, jednego z hominidów. Sporządź w zeszycie notatkę, w której uwzględniś przynależność systematyczną tego hominida, cechy jego budowy, lata w których żył itp.
4. Korzystając z drzewa rodowego przedstawionego na rycinie V.5.5., wymień pięciu kolejnych przodków człowieka *Homo sapiens*.

Podsumowanie działu

1. Historia rozwoju myśli ewolucyjnej

- Ewolucja zachodzi od momentu powstania życia na Ziemi i polega na zmianach w kolejnych pokoleniach organizmów.
- Na zachodzenie zmian ewolucyjnych wpływają warunki środowiskowe, które mogą prowadzić do powstawania i do wymierania gatunków.
- Kreacjoniści uważali, że gatunki są stałe i niezmiennie. Znanym kreacjonistą był Karol Linneusz.
- Jan Baptysta Lamarck odkrył istnienie ewolucji i opracował jej założenia, do których należały: samodoskonalenie się organizmów, zmienność organizmów będąca wynikiem działania czynników środowiskowych, wpływ używania danego narządu na jego sprawność i rozwój oraz dziedziczenie nabytych zmian.
- Karol Darwin stworzył teorię ewolucji na podstawie długoletnich badań w czasie podróży, podczas której badał florę i faunę wybrzeży Ameryki Południowej i wysp Galapagos. Swoją teorię opublikował w dziele *O powstawaniu gatunków* z 1859 r.
- Darwinowska teoria ewolucji opiera się na czterech założeniach: nadmiernej rozrodczości gatunków, dziedzicznej zmienności, walce o byt (pokarm, terytorium) oraz doborze naturalnym (przeżywają i wydają potomstwo tylko osobniki o najkorzystniejszym zestawie cech).
- Syntetyczna teoria ewolucji łączy darwinowską teorię ewolucji z późniejszymi odkryciami (m.in. zasady dziedziczenia cech, mutacje, rekombinacje).

2. Dowody ewolucji

- Dowody potwierdzające ewolucję pochodzą z różnych dziedzin naukowych.
- Dowody bezpośrednie stanowią skamieniałości: szczątki kopalne, odciski i odlewy, których badaniem zajmuje się paleontologia.
- Żywe skamieniałości to organizmy o niskim tempie ewolucji, które przypominają dawne gatunki, a ich badanie dostarcza informacji na temat biologii przodków (np. miłorząb, hatteria).
- Anatomia porównawcza zajmuje się analizą podobieństw i różnic w budowie narządów organizmów.
- Narządy homologiczne mają taki sam plan budowy, ale pełnią inne funkcje w związku z adaptacją do różnych środowisk (np. przednie kończyny ssaków).

- Narządy analogiczne są powierzchownie do siebie podobne i powstały jako wynik adaptacji do pełnienia tych samych funkcji (np. skrzydła ptaka, nietoperza i owada).
- Istnienie ewolucji potwierdza uniwersalny kod genetyczny, który przez miliony lat jest przekazywany pomiędzy organizmami.
- Potwierdzeniem ewolucji jest analiza podobieństw i różnic w sekwencji aminokwasów w białkach, wybranych odcinkach DNA oraz genomach organizmów.

3. Mechanizmy ewolucji

- Zmiany ewolucyjne są mierzone jako zmienność danej cechy w populacji.
- Pula genowa to zbiór alleli genów wszystkich osobników danej populacji (dominujących i recesywnych).
- Częstość alleli to udział danego allelu w populacji. Częstość genotypu to udział genotypu (homozygoty dominującej, homozygoty recesywnej i heterozygoty) w populacji. Częstość fenotypu stanowi udział danego fenotypu w populacji.
- Czynniki ewolucji są: krzyżowanie losowe, mutacje, przepływ genów, dryf genetyczny oraz dobór naturalny.
- Dryf genetyczny zachodzi w małych, izolowanych populacjach i polega na losowych zmianach prowadzących do zmiany częstości alleli w populacji i prowadzi do zmniejszenia różnic genetycznych między populacjami.
- Dobór naturalny jest jednym z najważniejszych mechanizmów ewolucji. Prowadzi do zmian w populacji zwiększających adaptację (przystosowanie) do warunków środowiskowych.
- Dobór naturalny prowadzi do powstania adaptacji na zmiany zachodzące w środowisku.
- Przykładami działania doboru naturalnego są: melanizm przemysłowy (zmiana zabarwienia ciała pod wpływem zanieczyszczenia środowiska), odporność na pestycydy i antybiotyki czy adaptacje ochronne (mimetyzm, mimikra).
- Dobór naturalny nie eliminuje alleli chorób genetycznych, które występują w heterozygotach i są „niewidoczne” w fenotypie.
- Osoby heterozygotyczne pod względem anemii sierpowatej stają się odporne na zarodźca malarii, co zwiększa ich szanse na przeżycie na terenach, gdzie malaria występuje.
- Gatunek w ujęciu ewolucyjnym to izolowana rozrodczo pula genowa składająca się z jednej lub więcej populacji, które krzyżują się ze sobą, ale nie krzyżują się z innymi gatunkami.

- Izolacja rozrodcza zapobiega krzyżowaniu się osobników należących do różnych gatunków, które występują na tym samym terenie.
- Specjacja to proces powstawania nowego gatunku. Zachodzi, kiedy jakaś populacja zostanie rozrodczo odizolowana od pozostałej części gatunku, a skład genetyczny jej puli genowej staje się inny.
- Do wymierania gatunków dochodzi wówczas, kiedy zginie ostatni przedstawiciel danego gatunku.

4. Powstanie i dzieje życia na Ziemi

- Wiek Ziemi jest szacowany na blisko 4,7 mld lat.
- Atmosfera ziemską na początku swojego istnienia zawierała m.in. CO_2 , H_2O , CO , N_2 i nie zawierała tlenu.
- Powstanie życia na Ziemi przebiegało w warunkach beztlenowych w wyniku syntezy bardziej złożonych związków z prostych związków nieorganicznych dzięki energii pochodzącej z wyładowań atmosferycznych, wybuchów wulkanów lub promieniowania UV.
- Ewolucja biochemiczna, czyli powstanie związków organicznych, poprzedziła powstanie pierwszych kompleksów organicznych wykazujących cechy komórek zwanych protobiontami.
- Według hipotezy świata RNA pierwszą cząsteczką zdolną do przenoszenia informacji był RNA, a DNA i białka powstały później.
- Pierwsze komórki powstały ok. 3,8 mld lat temu i najpewniej były beztlenowymi prokaryotami odżywiającymi się heterotroficznie.
- Pojawienie się sinic przeprowadzających fotosyntezę (ok. 3,5 mld lat temu) doprowadziło do wzrostu zawartości tlenu w atmosferze i pojawienia się (ok. 2,4 mld lat temu) organizmów tlenowych.
- Komórki eukariotyczne powstały z prokariotycznych ok. 2,2 mld lat temu, a pochodzenie organelli komórkowych tłumaczy teoria endosymbiozy.
- Na podstawie zapisu geologicznego i biologicznego w skałach osadowych historię życia na Ziemi dzielimy na eony, ery, okresy i epoki.
- Historia życia na Ziemi obejmuje trzy eony (fanerozoik, proterozik i archaik), trzy ery fanerozoiku (kenozoik, mezozoik i paleozoik) podzielone dodatkowo na epoki.
- Era paleozoiczna (542–251 mln lat temu) została podzielona na okresy: kambr, ordowik, sylur, dewon, karbon, perm.
- Era mezozoiczna (251–65 mln lat temu) dzieli się na: trias, jurę i kredę.

- Era kenozoiczna (65,5 mln lat temu – do dziś) dzieli się na okresy: paleogen (epoki: paleocen, eocen, oligocen), neogen (miocen, pliocen) oraz czwartorzęd (plejstocen i holocen).

5. Antropogeneza

- Antropologia zajmuje się badaniem ewolucji człowieka.
- Rząd naczelnych obejmuje małpki, wyrakokształtne, małpy właściwe i ludzi.
- Naczelne wykazują cechy wspólne: pięciopalczaste ręce i stopy, oczy w pozycji czołowej, uzębienie, silny rozwój mózgowia, mała liczba potomstwa połączona z długim czasem opieki nad nim.
- Małpy człekokształtne to gibony, orangutany, goryle i szympanse. Do ich cech wspólnych z człowiekiem należą: dwunożna postawa, brak ogona, uzębienie, rozwój mózgu, zachowania społeczne oraz podobieństwa na poziomie biochemicznym i genetycznym.
- Hominidy to grupa obejmująca człowieka oraz jego przodków. Ewolucja tej grupy rozpoczęła się w Afryce.
- Najwcześniejszymi hominidami są: sahelantrop, orrorin, ardipitek i australopitek.
- Pierwszym hominidem zaliczanym do rodzaju *Homo* był człowiek zręczny, czyli *Homo habilis* – o dwunożnej postawie, objętości mózgu 600–750 cm³. Człowiek zręczny posługiwał się prostymi narzędziami.
- *Homo sapiens* pojawił się ok. 195 000 lat temu i wyparł innych przedstawicieli rodzaju, m.in. *Homo erectus*, *Homo neanderthalensis* (neandertalczyk).
- Badania sugerują, że bezpośrednim przodkiem człowieka był *Homo ergaster* pochodzący od *Homo habilis*.
- Do archaicznych ludzi należą m.in.: *Homo antecessor* (żyjący 1,2 mln – 800 000 lat temu) oraz jego potomek *Homo heidelbergensis* (600 000 – 300 000 lat temu).
- Wcześni ludzie byli łowcami i zbieraczami wędrowali w celu poszukiwania pożywienia (nomadzi).
- Około 10 000 lat temu ludzie rozpoczęli uprawy rolne oraz udomawianie zwierząt i zakładali osady.
- Postęp w rolnictwie oraz wzrost populacji doprowadził do rewolucji przemysłowej (w XVIII w.) oraz kolejnej naukowo-technicznej trwającej do dziś.



VI

EKOLOGIA

1. Co to jest ekologia?

Ekologia to nauka o związkach między organizmami lub grupami organizmów a środowiskiem, w którym one żyją. Zajmuje się poziomami organizacji żywej materii, począwszy od osobnika (rozumianego jako organizm), przez populację, biocenozę, ekosystem, aż do biomu i biosfery (tab. VI.1.1.).

Tab. VI.1.1. Zakres badań ekologicznych



Populacja to zespół osobników tego samego gatunku żyjących na tym samym obszarze, mogących się swobodnie krzyżować i wydawać płodne potomstwo.



Biocenoza to zespół populacji różnych gatunków (inaczej biotyczna, czyli żywa część środowiska), powiązanych interakcjami międzygatunkowymi i występujący na tym samym terenie.



Biotop (siedlisko) obejmuje środowisko nieożywione, w którym występuje określona biocenoza, populacja czy osobnik. Biocenoza wraz z biotopem tworzy **ekosystem**.



Krajobraz to mozaika połączonych ekosystemów, w których przepływa energia i krąży materia.



Zespoły ekosystemów wraz z typowymi dla nich warunkami środowiskowymi tworzą **biomy** (np. tundra, tajga, sawanna, step, pustynia).



Biomy składają się na środowisko życia naszej planety, czyli **biosferę**.

Organizm (inaczej osobnik) jest pojedynczym przedstawicielem danego gatunku, zdolnym do życia dzięki stałej wymianie materii i energii ze środowiskiem, w którym egzystuje.

Środowisko to bardzo szerokie pojęcie – oznacza zespół czynników, w którym żyją organizmy. W środowisku jako całości możemy wyróżnić dwie części: **środowisko abiotyczne** (nieożywione) i **środowisko biotyczne** (ożywione). Każdy organizm zależy od innych organizmów (środowisko biotyczne) i od czynników abiotycznych (fizycznych i chemicznych), takich jak: natężenie światła, temperatura, ciśnienie i ruch powietrza, wilgotność i opady atmosferyczne, stężenie gazów w atmosferze i w wodzie, zasolenie, obecność makro- i mikroelementów, gleba oraz wiele innych.

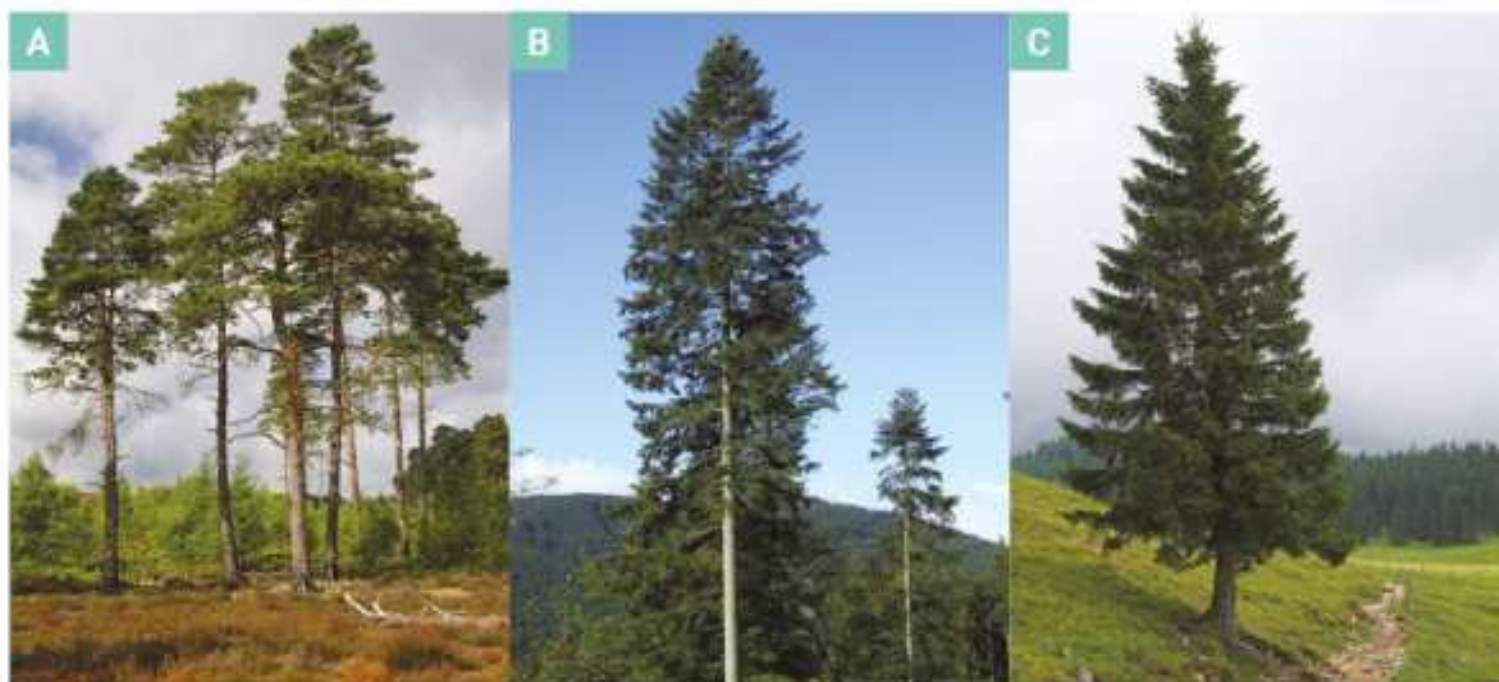
Miejsce, w którym występuje i żyje stale lub okresowo organizm, nazywamy **siedliskiem**. Warunki panujące w siedlisku tworzą środowisko. Każde siedlisko jest częścią środowiska. Związek organizmu ze środowiskiem określa **nisza ekologiczna**, czyli przestrzeń fizyczna zajmowana przez organizm wraz z jego funkcją w środowisku wyznaczoną przez oddziaływanie ze strony drapieżników i konkurentów (ryc. VI.1.1.).



Ryc. VI.1.1. Dla kreta (A) niszą jest nora wraz z glebą oraz żyjącymi w niej dżdżownicami i pędrakami, którymi się żywi, a siedliskiem są tereny trawiaste, łąka, ogród czy polana leśna (B).

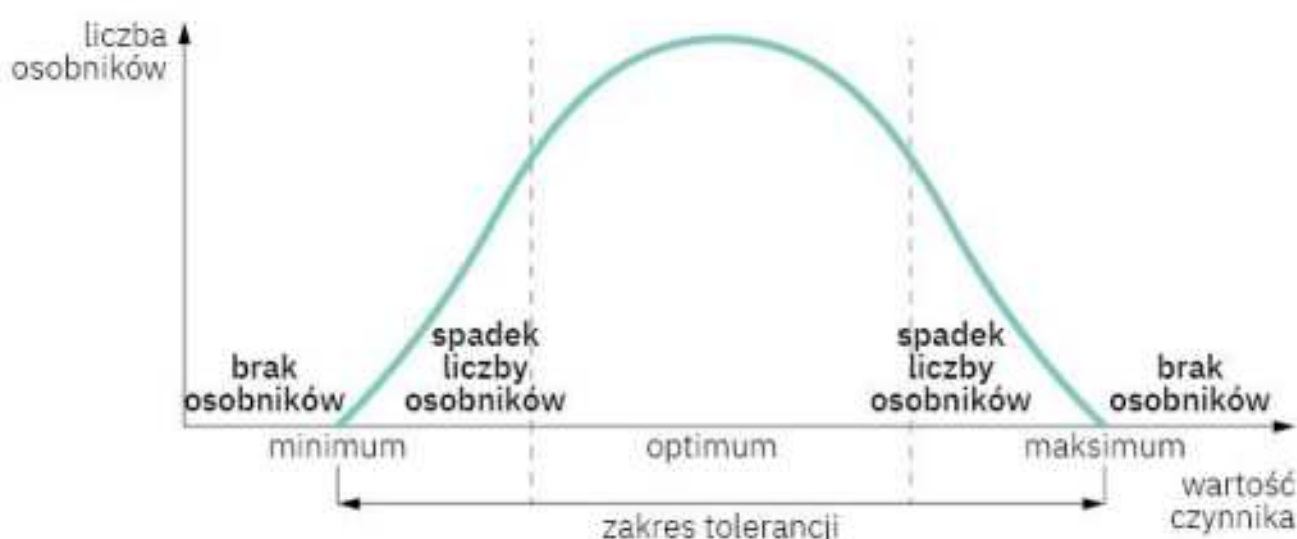
Tolerancja ekologiczna organizmów

Każdy organizm, aby mógł występować i rozwijać się w danych warunkach, musi mieć zapewnione w środowisku podstawowe warunki potrzebne do wzrostu, rozmnażania i innych funkcji życiowych. Gatunki mają różne wymagania środowiskowe i różnie reagują na te same czynniki (ryc. VI.1.2.).



Ryc. VI.1.2. Wśród naszych drzew iglastych sosna (A) potrzebuje dużo światła i lubi gleby piaszczyste, a jodła pospolita (B) wymaga mniej światła, ale dużo ciepła i wilgoci, rośnie na glebach żyznych, jest bardzo wrażliwa na zanieczyszczenia powietrza. Wymagania świerka (C) – to również dobra żyzna gleba, ale stosunkowo mało światła.

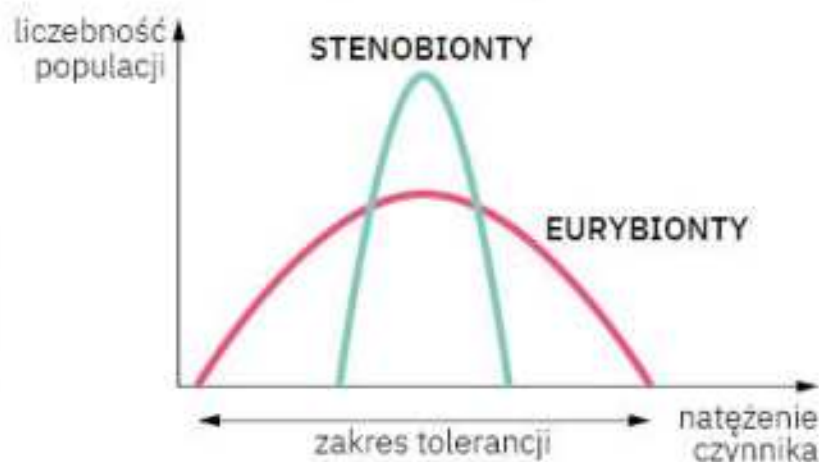
Każdy gatunek toleruje zmiany wartości poszczególnych czynników środowiska tylko w pewnym zakresie, w którego obrębie organizm jest zdolny utrzymać procesy życiowe. Graficznie możemy to wyrazić za pomocą tzw. **krzywej tolerancji ekologicznej** (ryc. VI.1.3.).



Ryc. VI.1.3. Krzywa tolerancji ekologicznej.

Najbardziej sprzyjające dla badanego organizmu warunki życia znajdują się w przedziale zwanym **optimum**. Zarówno najniższe – minimum, jak i najwyższe wartości – maksimum, tj. niedobór i nadmiar danego czynnika, stanowią granice, po których przekroczeniu może nastąpić śmierć organizmu.

Znamy organizmy zarówno o szerokim i o wąskim zakresie tolerancji ekologicznej w stosunku do poszczególnych czynników. Wąski zakres tolerancji mają w stosunku do zasolenia typowo oceaniczne zwierzęta, takie jak: ośmiornice, kałamarnice, jeżowce. Te gatunki nazywamy **stenobiontami** (ryc. VI.1.4.). Występują one w większości mórz i oceanów, gdzie zasolenie wynosi około 30‰, ale nie żyją w Bałtyku, gdzie zasolenie jest niewielkie – ok. 7‰. Małż omułek występuje zarówno w wodzie oceanicznej, jak i w Bałtyku (różni się tylko wielkością – w wodach o mniejszym zasoleniu omułki są mniejsze). Omułek jest zwierzęciem o szerokich granicach tolerancji dotyczących zasolenia. Trzcina pospolita występuje na wszystkich kontynentach świata, bo jest gatunkiem o bardzo szerokim zakresie tolerancji – jest **eurybiontem**. Występuje w małych sadzawkach oraz w dużych jeziorach, w wodach stojących i płynących, w wodach słodkich i słonych, w deltach rzek uchodzących do mórz, w klimacie tropikalnym, umiarkowanym i zimnym. Zakres tolerancji gatunku może być szeroki w stosunku do jednego czynnika (np. temperatury), a wąski w stosunku do innego (np. zasolenia).



Ryc. VI.1.4. Zakresy tolerancji ekologicznej.

Znajomość zakresu tolerancji ekologicznej ma duże znaczenie praktyczne. Na podstawie informacji dotyczących różnej wrażliwości organizmów na zanieczyszczenia (np. stężenie trucizn) czy skutki ich działania (np. brak tlenu w wodzie zanieczyszczonej ściekami) opracowano różne **systemy biologicznych wskaźników stanu środowiska**.

Gatunkami wskaźnikowymi (bioindykatorami) mogą być naturalnie gatunki o wąskim zakresie tolerancji na dane czynniki w środowisku, przez to są wskaźnikami stanu środowiska w miejscu swojego występowania, np. porosty wrażliwe na stężenie dwutlenku siarki w powietrzu, pokrzywa zwyczajna wymagająca gleb bogatych w azot czy larwy ochotkowatych mogące zamieszkiwać wody ubogie w tlen (ryc. VI.1.5.).

Tab. VI.1.2. Skala porostowa. Określone gatunki porostów wykazują wrażliwość na stężenie dwutlenku siarki w powietrzu wyrażone w mikrogramach na metr sześcienny powietrza. Porosty są uszeregowane według wzrastającej wrażliwości na stężenie dwutlenku siarki.

	Strefa 1 powyżej 170 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$ Pustynia porostowa. Brak porostów na drzewnych, na pniach mogą występować glony. Duże miasta i ośrodki przemysłowe.	
	Strefa 2 100–170 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$ Na korze drzew występują najodporniejsze porosty skorupiate (proszkowate). Obszary w miastach i ośrodkach przemysłowych.	



Złotorost ścienny
Xanthoria parietina

Strefa

3

70–100 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$

Na pniach drzew mogą rosnąć porosty listkowate. Obszary zadrzewione w miastach



Pustułka pęcherzykowata
Hypogymnia physodes



Obrost gniazdowaty
Phycia stellaris

Strefa

4

50–70 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$

Porosty listkowate. Mogą pojawiać się gatunki krzaczkowate. Obszary leśne w pobliżu miast i ośrodków przemysłowych



Mąkla tarniowa
Evernia prunastri



Żółtlica chropowata
Flavoparmelia caperata

Strefa

5

40–50 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$

Porosty listkowate zajmują znaczne powierzchnie na pniach drzew, spotyka się też porosty krzaczkowate. Najczęściej duże kompleksy leśne



Mąklik otrębiasty
Pseudevernia furfuracea



Odnożyca mączysta
Ramalina farinacea

Strefa

6

30–40 $\mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$

Pnie i gałęzie drzew obficie pokryte porostami listkowatymi i krzaczkowatymi. Rozległe naturalne kompleksy leśne.



Brodaczka nadobna
Usnea florida



Pawężniczka
Nephroma

Strefa
7
poniżej $30 \mu\text{g SO}_2/\text{m}^3$
Nieliczne w Polsce obszary o powietrzu prawie czystym, z bogatą florą porostów na pniach i gałęziach drzew.

Granicznik płucnik
Lobaria pulmonaria

Eksperyment biologiczny

Badanie tolerancji ekologicznej rzeżuchy (*Cardamine L.*) na zawartość soli w podłożu

Wprowadzenie: Tolerancja ekologiczna to przystosowanie organizmu do życia w określonym przedziale wartości danego czynnika środowiska.

Problem badawczy: Jaką tolerancję ma rzeżucha na zawartość soli w podłożu?

Hipoteza badawcza: Rzeżucha odznacza się niską tolerancją ekologiczną na zawartość soli w podłożu.

Instrukcja przeprowadzenia eksperymentu: Przygotowanie próby kontrolnej i badawczej. Przygotuj trzy jednakowej wielkości spodki szklane i wyłóż je jednakowej grubości ligniną. Przygotuj następujące roztwory soli: jedną łyżeczkę soli rozpuść w 1 l wody destylowanej, pół łyżeczki soli rozpuść w 1 l wody destylowanej. Pierwszy spodek zwilż roztworem z jedną łyżeczką soli (próba badawcza), drugi – roztworem z pół łyżeczki soli (próba badawcza), a trzeci – samą wodą destylowaną bez soli (próba kontrolna). Na spodki wysiej po 50 nasion rzeżuchy w takich samych odległościach. Postaw wszystkie spodki w tym samym miejscu.

Wyniki: Po tygodniu policz wykiełkowane nasiona na każdym spodku.

Wniosek: Rzeżucha ma niską tolerancję na zawartość soli w podłożu.

Wyjaśnienie: Sól opóźnia kiełkowanie nasion rzeżuchy i wpływa niekorzystnie na wzrost i rozwój rośliny.

PYTANIA I POLECENIA

1. W czasie wakacji nad Morzem Bałtyckim nie spotkasz jeżowca, rozgwiazdy czy innej szkarłupni, ale możesz znaleźć wyrzuconą na brzeg brunatnicę – morszczyk czy dostrzec w wodzie meduzę. Wyjaśnij dlaczego.

2. Wykorzystując dostępne źródła, przedstaw elementy niszy ekologicznej dzika, sarny i dzięcioła.
3. Wyjaśnij funkcję organizmów wskaźnikowych w ocenie stanu czystości środowiska.

2. Cechy populacji

Na populację jako zbiór osobników jednego gatunku wpływają czynniki wewnętrzne i zewnętrzne. **Czynniki wewnętrzne** wynikają z biologii danego gatunku, czyli odżywiania, rozmnażania, wzrostu, sposobu przemieszczania się (migracji). Natomiast **czynnikami zewnętrznymi** są wzajemne oddziaływania między osobnikami (czynniki biotyczne) oraz wpływ środowiska nieożywionego (czynniki abiotyczne).

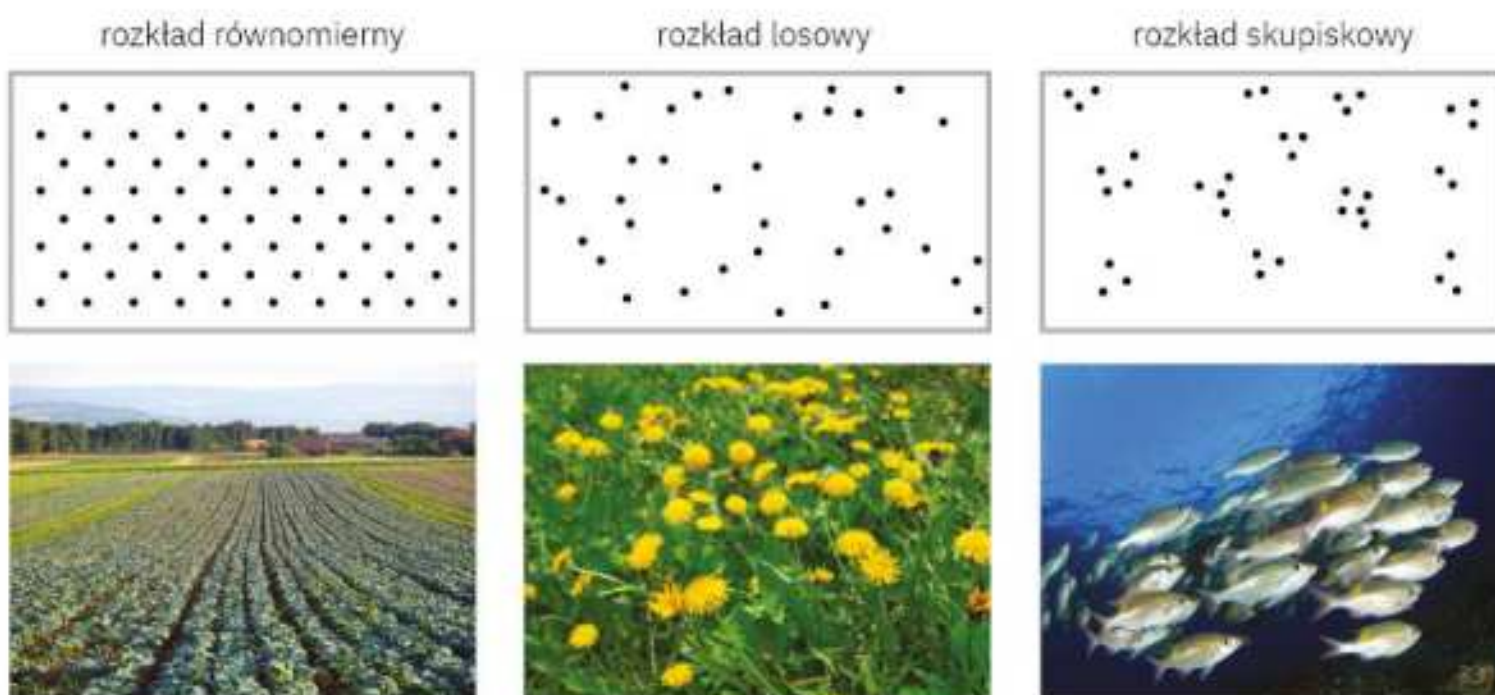
Populacja wykazuje cechy wspólne z tworzącymi ją osobnikami – cechy grupowe określane jako struktury: przestrzenna, wiekowa i płciowa.

Struktura przestrzenna jest wyrażana przez liczebność i zagęszczenie. Mówiąc o **liczebności populacji**, myślimy o liczbie osobników, które ją tworzą. Na przykład możemy mówić o populacji modrzewia polskiego w parku, rysy w lesie, karpia w stawie itp. Policzenie wszystkich osobników, a nawet tylko określenie granic występowania populacji, jest często bardzo trudne, a w przypadku małych i licznych organizmów, np. rozwielitek w jeziorze, nawet niemożliwe. Łatwiej określić tzw. **zagęszczenie populacji**, czyli liczbę osobników przypadających na jednostkę powierzchni lub objętości środowiska.

Jak są rozmieszczone rośliny i zwierzęta?

Część przestrzeni, która zaspokaja wszystkie podstawowe potrzeby życiowe osobnika (związane z odżywianiem się, rozrodem, oddziaływaniem pozytywnym lub negatywnym na inne osobniki populacji czy przekształcaniem przestrzeni przez wydeptywanie ścieżek, wydalenie ekskrementów itd.), to **areał osobniczy**. Jeżeli osobniki żyją w grupach, koloniach czy stadach i korzystają ze wspólnej bazy pokarmowej, wówczas mówimy o **areale grupy, kolonii** czy **stada**. Obszar, na którym występują osobniki tej samej populacji, nazywamy **arealem populacji**.

W zależności od sposobu rozmieszczenia arealów wyróżniana się zasadniczo **trzy typy rozmieszczenia**: równomierny, losowy i skupiskowy (ryc. VI.2.1.).



Ryc. VI.2.1. Typy przestrzennego rozmieszczenia osobników.

Najczęściej występującym typem jest **rozmieszczenie skupiskowe** spotykane u organizmów kolonijnych, takich jak owady społeczne (mrówki, pszczoły, termity), czy mszyce, gawrony, pieski preriowe, renifery, zebry i lwy. Tendencję do tworzenia skupisk obserwujemy u wielu gatunków ryb tworzących ławice, a także u wielu gatunków zwierząt osiadłych, np. małży, ostryg, pąkli. Skupiska są charakterystyczne dla organizmów żyjących w stadach, a w przypadku roślin dla wielu gatunków żyjących w kępach i rozmnażających się wegetatywnie, np. u trzciny, pałki czy perzu.

Rozmieszczenie losowe, zwane także przypadkowym, w warunkach naturalnych występuje rzadko (np. u pajaków zamieszkujących dno lasu). Losowość rozmieszczenia jest charakterystyczna dla organizmów, które nie mogą się aktywnie przemieszczać, np. przedstawiciele planktonu roślinnego w toni wodnej czy też zwierzęta żyjące w glebie. Ten typ rozmieszczenia spotykamy u niektórych drobnych stawonogów, np. krocionogów w ściółce leśnej. Najczęściej to rozmieszczenie pojawia się krótkotrwale po katastrofach środowiskowych, w wyniku dużej śmiertelności osobników w populacji.

Rozmieszczenie równomierne spotykamy najrzadziej – jest zwykle związane z ostrą konkurencją między osobnikami tego samego gatunku o zasoby środowiska, np. wodę, światło, przestrzeń do życia. Taki typ rozmieszczenia obserwuje się między innymi u niektórych gatunków pajaków sieciowych. Konkurencja o wodę i pokarm wywołuje równomierne rozmieszczenie trzciny w szuwarach na brzegu jeziora. Równomierne rozmieszczenie wiąże się często z działalnością człowieka, np. równomiernie na polu sadzona kapusta czy kalafior, a także sadzonki drzew w szkółce leśnej.

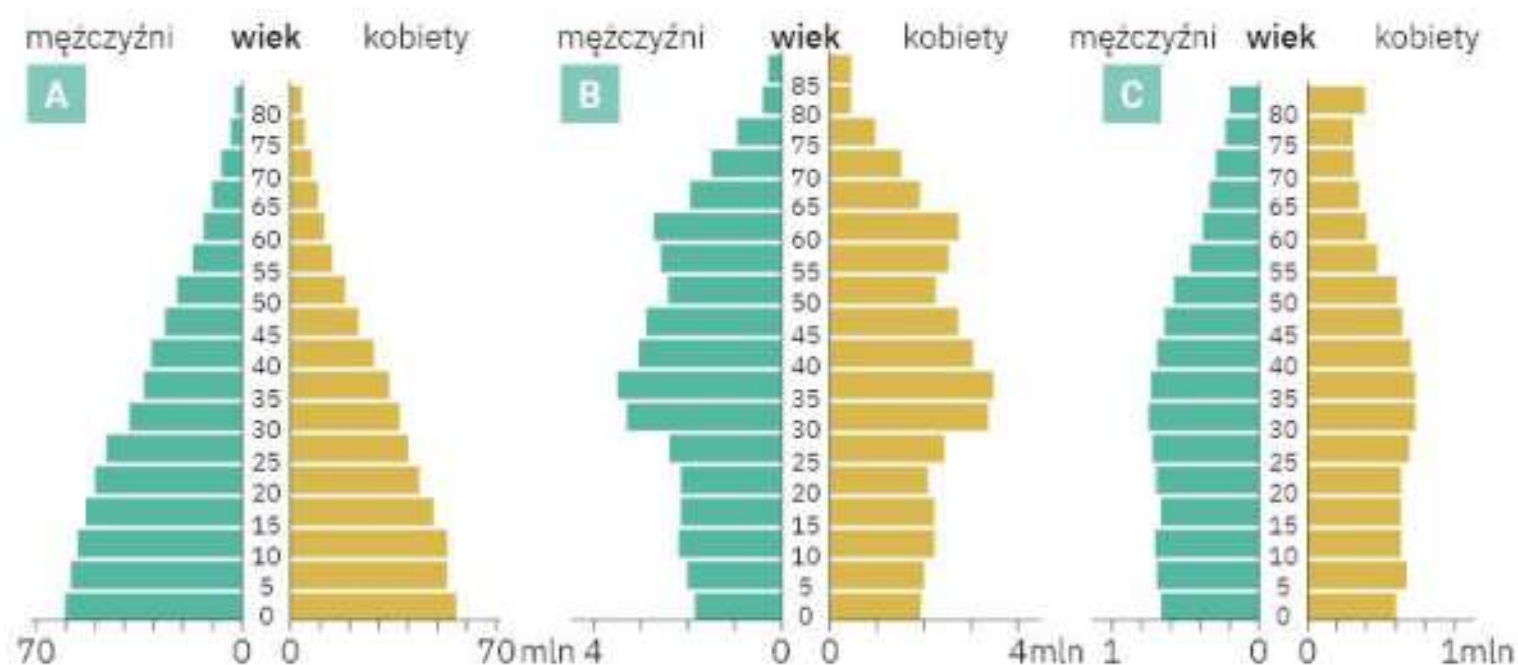
Co to jest terytorializm?

Z rozmieszczeniem przestrzennym równomiernym i losowym wiąże się zjawisko **terytorializmu**. Terytorializm jest jednym z mechanizmów łagodzących konkurencję wewnątrz populacji między tworzącymi ją organizmami. Osobniki, pary czy rodziny mają przeważnie określony obszar, na którym żyją. Jeśli jest on aktywnie broniący przed osobnikami własnego gatunku, to mówimy o terytorium. Aktywna obrona obejmuje zwykle oznakowanie obszaru chronionego odchodami lub wydaliniami, prezentowanie określonego zachowania – śpiewu czy charakterystycznej postawy grożącej przeciwnikowi, a także wyraża się w wyglądzie, np. jaskrawe upierzenie. Broniony obszar powinien zapewnić dostatecznie dużą przestrzeń i odpowiednią ilość pokarmu do wychowania młodych.

Terytoria zajmują też niektóre owady społeczne (np. niektóre mrówki) oraz przede wszystkim wiele kręgowców, szczególnie ptaków i ssaków.

Struktura płciowa i wiekowa

Zróżnicowanie osobników w populacji jest widoczne w strukturze płciowej i wiekowej. **Struktura płciowa** określa liczbę samców przypadającą na określoną liczbę samic. **Struktura wiekowa** jest wskaźnikiem możliwości rozwojowych populacji i przedstawia udział w populacji osobników różnych grup wiekowych (młodych, dojrzałych i starych). Można ją zaprezentować graficznie w postaci **piramid wieku**, niekiedy z równoczesnym podziałem na płeć (piramidy wiekowo-płciowe; ryc. VI.2.2.).



Ryc. VI.2.2. Piramidy wiekowo-płciowe dla ludności trzech krajów: A. populacja rozwijająca się (Sudan Południowy; szeroka podstawa piramidy o przewadze osobników młodych), B. populacja wymierająca (Estonia; wąska podstawa piramidy o przewadze osobników starych), C. populacja ustabilizowana (Australia; podstawa piramidy nieznacznie węższa od jej środkowej części).



Obserwacja

Obserwacja populacji ryb w akwarium

Materiał: akwarium z rybami różnych gatunków

Przeprowadzenie obserwacji: Obserwuj ryby w akwarium i podaj, ile populacji żyje w akwarium. Wskaż strukturę przestrzenną dla poszczególnych populacji oraz określ ich liczebność i zagęszczenie na badanej powierzchni.

Zanotuj swoje obserwacje i wyciągnij wnioski dotyczące struktury przestrzennej obserwowanych populacji.

PYTANIA I POLECENIA

1. Zwierzęta tworzące plankton często występują w skupieniach zwanych agregacjami. Wyjaśnij przyczynę tworzenia agregacji.
2. Wyjaśnij, jaki typ rozmieszczenia reprezentują pola uprawne, rabaty kwiatowe czy sady owocowe. Podaj przyczynę takiej struktury przestrzennej.
3. Podaj, jaki typ piramidy wieku reprezentują wysoko rozwinięte państwa europejskie. Uzasadnij swoją odpowiedź.

3. Stosunki między populacjami

W przyrodzie populacje nie żyją w izolacji – tworzą **biocenozy**. Populacje jednej biocenozy łączą różnego typu zależności. Przejawem istnienia tych zależności jest działanie jednej populacji na drugą poprzez wzajemny wpływ na jej liczebność. Na przykład organizmy jednej populacji wydzielają do środowiska substancje szkodliwe dla organizmów populacji drugiej, konkurują z nimi o pokarm, światło, a nawet je zjadają. W innych przypadkach mogą działać na siebie korzystnie, przy czym takie współdziałanie bywa korzystne jednostronnie albo obustronnie.

Wyróżniamy **trzy grupy zależności między populacjami** różnych gatunków: nieantagonistyczne, antagonistyczne oraz neutralne.

Do grupy **stosunków nieantagonistycznych** zaliczamy **mutualizm obligatoryjny** (obydwa gatunki odnoszą korzyści), **mutualizm fakultatywny** (obydwa gatunki odnoszą korzyści od czasu do czasu) oraz **komensalizm** (tylko jeden gatunek korzysta, a drugi nie ponosi szkody).

Stosunki antagonistyczne polegają na tym, że populacje obydwu gatunków ponoszą straty, wówczas jest to **konkurencja**, lub populacja jednego gatunku

ponosi straty, a drugiego – odnosi korzyści, co określa się jako **drapieżnictwo** i **pasożytnictwo**. Jeśli dwie populacje nie oddziałują na siebie, mówimy o **neutralizmie**. Typy oddziaływań (interakcji) między populacjami różnych gatunków przedstawiono w tabeli VI.3.1. W zależności od typu konkurencji obserwujemy różne jej konsekwencje (ryc. VI.3.1.).



Ryc. VI.3.1. Konkurencja wewnątrzgatunkowa (A) u organizmów osiadłych, jak rośliny, pąkle, małże, które przed konkurencją nie mogą się bronić ucieczką, prowadzi do eliminacji osobników o małych rozmiarach ciała. Przeżywają tylko osobniki o większych rozmiarach ciała. Konkurencja międzygatunkowa u dwóch gatunków zięb Darwina (B, C) zamieszkujących ten sam obszar prowadzi do rozejścia się nisz ekologicznych i korzystania z innego rodzaju pokarmu, do czego ptaki przystosowały się wielkością dziobów.

Tab. VI.3.1. Interakcje między populacjami A i B (+ wpływ korzystny, – wpływ niekorzystny, 0 brak wpływu)

Typ interakcji	A	B	Charakterystyka	Przykłady
Oddziaływania nieantagonistyczne				
mutualizm obligatoryjny	+	+	Jest korzystny i nieodzowny dla życia obu populacji.	• glon i grzyb (tworzące porost) • ssaki kopytne i bakterie trawiące celulozę • termity i wiciowce trawiące celulozę • rośliny motylkowe i bakterie brodawkowe wiążące azot atmosferyczny • drzewa i grzyby (tzw. mikoryza)
mutualizm fakultatywny	+	+	Korzystny dla obu populacji – nie jest jednak nieodzowny. Współżycie może być stałe lub czasowe.	• krab i ukwiat • duże ssaki afrykańskie (np. bawół, nosorożec, słon) i ptaki bąkojady • mrówki i mszyce
komensalizm	+	0	Polega na współbiesiadnictwie, współżyciu dwóch populacji, z których jedna czerpie korzyści ze współżycia, a dla drugiej jest ono obojętne (nie odnosi korzyści i nie ponosi strat).	• lew i hiena • rekin i podnawka • skójką lub szczeżuja i ryba różanka • wieloryb i pąkle

Typ interakcji	A	B	Charakterystyka	Przykłady
Oddziaływania antagonistyczne				
konkurencja wewnątrzgatunkowa, międzygatunkowa	–	–	Wpływa niekorzystnie na wzrost i przeżycie obu populacji. Jest tym silniejsza, im populacje mają bliższe sobie wymagania i potrzeby życiowe (konkurencja o światło, wodę, przestrzeń, składniki mineralne), a nisze ekologiczne są podobne i często się pokrywają. Jej efektem jest rozdzielenie nisz ekologicznych populacji o podobnych wymaganiach życiowych, a tym samym eliminacja słabszych, mniej przystosowanych. Konkurencja wewnątrzgatunkowa jest silniejsza od międzygatunkowej i prowadzi do zróżnicowania wielkości osobników, przyczynia się do migracji i terytorializmu. Konkurencja międzygatunkowa może modyfikować cechy morfologiczne, fizjologiczne czy behawioralne osobników. U roślin obserwuje się zjawisko allelopatii, tj. wydzielania substancji chemicznych do środowiska, uniemożliwiające lub utrudniające współwystępowanie innym gatunkom roślin (duże znaczenie praktyczne przy uprawie roślin).	• bawół i zebra • mewa srebrzysta i kormoran czarny • kormoran czarny i kormoran czubaty
drapieżnictwo	+	–	Zabijanie i zjadanie osobnika jednej populacji (ofiara) przez osobnika drugiej populacji (drapieżca). Drapieżnik jest naturalnym regulatorem liczebności populacji ofiary, usuwając ze środowiska osobniki słabe, zwiększa zróżnicowanie w populacji ofiar oraz ich dostosowanie. Nie prowadzi do całkowitego wygaśnięcia populacji ofiary (wyjątkiem są warunki laboratoryjne). Interakcję, w której ofiarą jest roślina, nazywamy roślinożernością.	• ryś i zając • lew i antylopa • szczupak i płoć • jaskółka i mucha • rośliny drapieżne (rosiczka) i owady
pasożytnictwo	+	–	Populacja jednego gatunku (pasożyta) żyje w ciele lub na ciele drugiego (gospodarza, czyli żywiciela). Pasożyt jest mniejszy od żywiciela, żyje na jego koszt, a czasami – choć niezbyt często – przyczynia się do jego śmierci. Śmierć żywiciela może oznaczać śmierć pasożyta pozbawionego pokarmu i środowiska życia.	tasiemiec i człowiek, kleszcz i pies, komar i człowiek, węgorek i burak

W układzie drapieżnik – ofiara obie populacje nawzajem regulują swoją liczebność (ryc. VI.3.2.).



Ryc. VI.3.2. Zmiany liczebności wilków (drapieżnik) i łosi (ofiara). Jeśli w wyniku intensywnych połowów drapieżnika spada liczebność ofiar, to po pewnym czasie na skutek braku pożywienia zmaleje liczebność drapieżnika. Wówczas następuje odrodzenie populacji, ofiary i zmiany liczebności obu populacji cyklicznie się powtarzają. Zmiany w układzie drapieżnik – ofiara, roślinożerca – roślina mają charakter ujemnego sprzężenia zwrotnego.

Miliony lat wspólnego oddziaływania drapieżników i ich ofiar doprowadziły do pojawienia się szeregu **adaptacji**. Drapieżnik – mięsożerca wykształcił m.in. wyostrome zmysły słuchu i powonienia, pazury, zęby jadowe, żądła, toksyny, szybkość, zwinność czy możliwość maskowania się. Natomiast ofiara broni się ucieczką, tworzeniem skupisk, ubarwieniem ochronnym czy ostrzegawczym, pozami odstrasżającymi, np. stroszeniem sierści, pokazywaniem kłów, tupaniem kończynami, okrzykami alarmującymi, środkami mechanicznymi, jak kolce u jeży, kopyta i rogi u przeżuwaczy, mimikrą czy mimetyzmem (ryc. VI.3.3.).



Ryc. VI.3.3. Przeziernik osowiec (*Sesia apiformis*) upodabnia się kształtem ciała, barwą i wzorem na odwłoku do drapieżnej osy pospolitej (*Vespula vulgaris*) (A. mimikra). Patyczak rogaty (*Medauroidea extradentata*) upodabnia się kształtem ciała do gałęzi (B. mimetyzm).

Roślinożerca rozwinął zęby siekacze umożliwiające ścieranie pokarmu, wielokomorowy żołądek, np. u przeżuwaczy, długie jelito cienkie, dobrze rozwinięty zmysł smaku i węchu umożliwiające rozpoznawanie roślin trujących, a także żyje

w symbiozie z bakteriami i Protista (np. przeżuwacze, termity). Rośliny w obro- nie przed zjadaniem przez roślinożerców wytworzyły adaptacje strukturalne – kolce, ciernie, woski parzące czy kłujące oraz adaptacje chemiczne w postaci związków chemicznych (garbniki, olejki eteryczne).

W układzie pasożyt – żywiciel organizm żywiciela jest nie tylko dla pasożyta źród-łem pokarmu, lecz także miejscem jego bytowania. Pasożyty wytworzyły dosko- nałe adaptacje do takiego sposobu życia, jak złożony cykl rozwojowy z wieloma żywicielami pośrednimi, np. przywra krwi zaraża ok. 200 milionów ludzi, produk- cja ogromnej liczby jaj, przez co następuje zwiększenie szans zarażenia nowego żywiciela, przystosowania w budowie ciała, jak spłaszczone ciało, obecność ele- mentów czepnych, brak pewnych narządów i układów (np. układu pokarmowego), oddychanie beztlenowe u pasożytów wewnętrznych (tasiemce, przywry). Żywiciel – zwierzę broni się przed pasożytem odpowiedzią immunologiczną, produkując przeciwciała, oczyszcza ciało z pasożytów, a rośliny wytwarzają chemiczne związ- ki obronne lub reagują miejscowym obumieraniem tkanek.



Eksperyment biologiczny

Badanie konkurencji międzygatunkowej u roślin

Wprowadzenie: Konkurencja międzygatunkowa to konkurencja osobników dwóch lub więcej gatunków korzystających z tych samych ograniczonych zasobów środowiska.

Problem badawczy: Jakie są skutki konkurencji międzygatunkowej rzeżuchy (*Cardamine L.*) i pokrzywy zwyczajnej (*Urtica dioica L.*)?

Hipoteza badawcza: Pokrzywa zwyczajna ogranicza kiełkowanie i wzrost nasion rzeżuchy.

Instrukcja przeprowadzenia eksperymentu: Przygotuj próbę kontrolną i bada- wczą. Dwa jednakowej wielkości spodki szklane wyłoż jednakowej grubości ligniną. Liście świeżej pokrzywy zalej wodą destylowaną. Następnie uzyskany roztwór przesącz przez bibułę filtracyjną w celu uzyskania klarownego wyciągu. Pierwszy spodek zwilż wyciągiem z pokrzywy (próba badawcza), drugi – samą wodą destylowaną (próba kontrolna). Na spodki wysiej po 50 nasion rzeżuchy w takich samych odległościach. Postaw spodki w tym samym miejscu. Podlewaj je przez tydzień odpowiednim roztworem: próbę badawczą wyciągiem z pokrzy- wy, a próbę kontrolną wodą destylowaną.

Wyniki: Po tygodniu policz wykiełkowane nasiona w każdym spodku. Następnie zmierz za pomocą papieru milimetrowego długość części nadziemnej każdej rośliny.

Wniosek: Wyciąg z liści pokrzywy zwyczajnej ogranicza kiełkowanie nasion i wzrost rzeżuchy.

Wyjaśnienie: W doświadczeniu zaobserwowano konkurencję międzygatunko- wą u roślin – allelopatię.

PYTANIA I POLECENIA

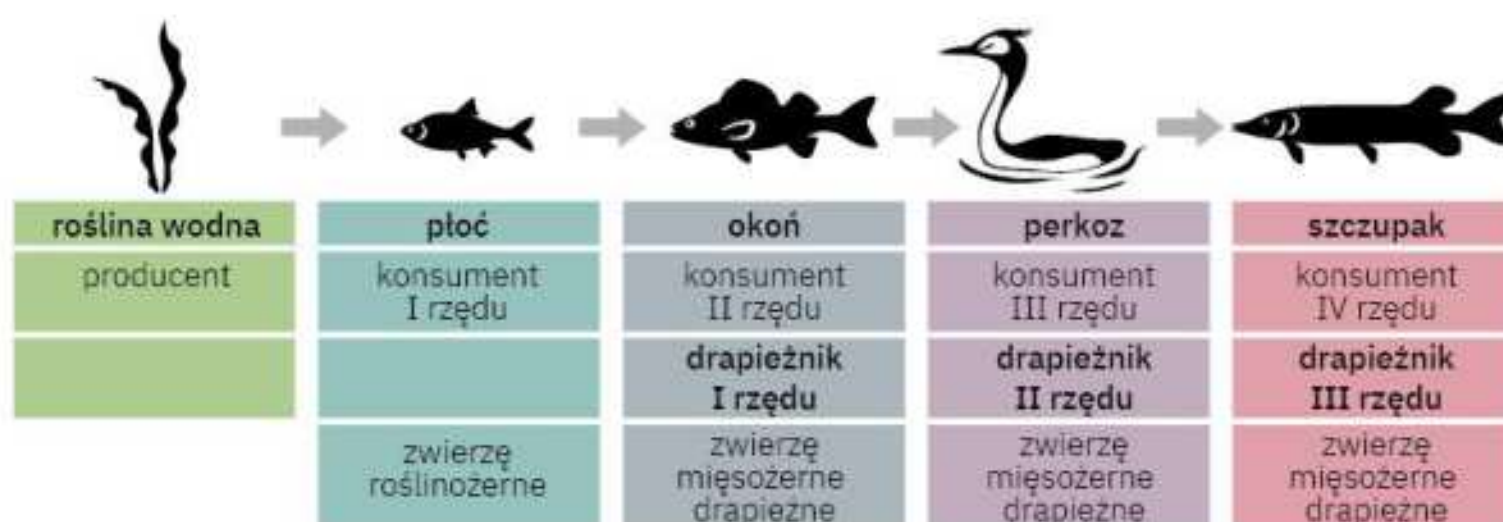
1. Na liściach paproci żyją mszyce oraz odżywiające się nimi biedronki i sieciarki. Jeżeli usuniemy biedronki i sieciarki, nastąpi wzrost liczebności mszyc o blisko 30%. Wyjaśnij przyczynę tego zjawiska.
2. Pantofelek jest organizmem jednokomórkowym, odżywiającym się komórkami drożdży. Jeżeli umieścimy w naczyniu razem pantofelki i drożdże, wówczas liczebności obydwu populacji zmieniają się prawie równocześnie – liczba komórek pantofelki i drożdży wzrasta i maleje na przemian. Wytlumacz przyczynę takich zmian liczebności.
3. Zestaw w tabeli w zeszycie cechy wspólne i różnice między układami drapieżnik – ofiara a pasożyt – żywiciel.

4. Zależności pokarmowe w ekosystemach, czyli kto kogo zjada

Ekosystem jest podstawową jednostką funkcjonalną w przyrodzie. Składa się z zespołu organizmów żywych, czyli **biocenozy**, oraz ich środowiska nieożywionego – **biotopu**. W biocenozie zespoły gatunków są powiązane przede wszystkim zależnościami pokarmowymi. Ze względu na rodzaj pobieranego pokarmu wyróżniamy **producentów** i **konsumentów**, a biorąc pod uwagę rolę w ekosystemie – także producentów, konsumentów oraz **destruentów**. Każda z tych grup organizmów tworzy **poziom troficzny** (gatunki o podobnym charakterze odżywiania). Producentami są organizmy autotroficzne, czyli samożywne, wytwarzające materię organiczną w procesie fotosyntezy lub chemosyntezy (rośliny zielone, protisty roślinopodobne oraz niektóre bakterie i sinice fotosyntetyzujące i bakterie chemosyntetyzujące). Materia organiczna jest wykorzystywana do procesów metabolicznych oraz częściowo zostaje wbudowana w ciała producentów i tworzy tzw. **biomasę**. Z biomasy producentów korzystają jako organizmy heterotroficzne, czyli cudzożywne, pozostałe grupy konsumentów. **Roślinożercy** odżywiający się producentami to **konsumenci I rzędu**. **Mięsożercy** odżywiający się roślinożercami tworzą poziom **drapieżników I rzędu** (czyli konsumentów II rzędu), a zjadając drapieżników I rzędu, stają się **drapieżnikami II rzędu** (czyli konsumentami III rzędu). Martwymi szczątkami producentów i konsumentów oraz inną martwą materią organiczną (np. opadłymi liśćmi, resztkami owoców, niestrawionymi cząstkami pokarmowymi) odżywiają się **destruenci** (głównie bakterie i grzyby saprofityczne).

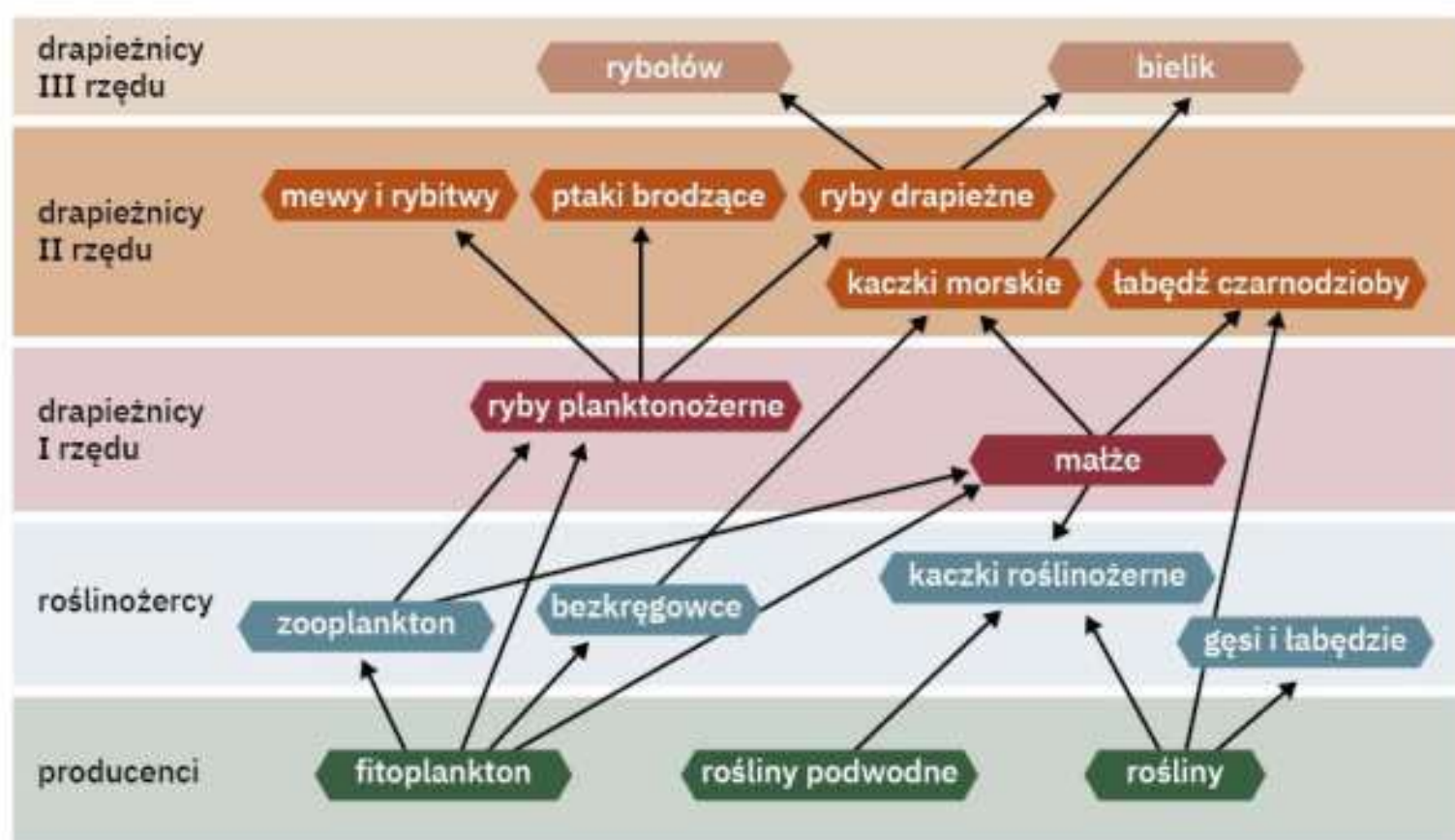
Łańcuchy i sieci troficzne

Rośliny, roślinożercy i drapieżcy tworzą **łańcuch troficzny** (pokarmowy), czyli uporządkowany szereg grup organizmów, z których każda jest podstawą pożywienia następnej grupy (roślina zostaje zjedzona przez zwierzę, ono – przez inne zwierzę, a to kolejne – przez jeszcze inne itd.; ryc. VI.4.1.).



Ryc. VI.4.1. Przykładowy łańcuch pokarmowy w ekosystemie wodnym.

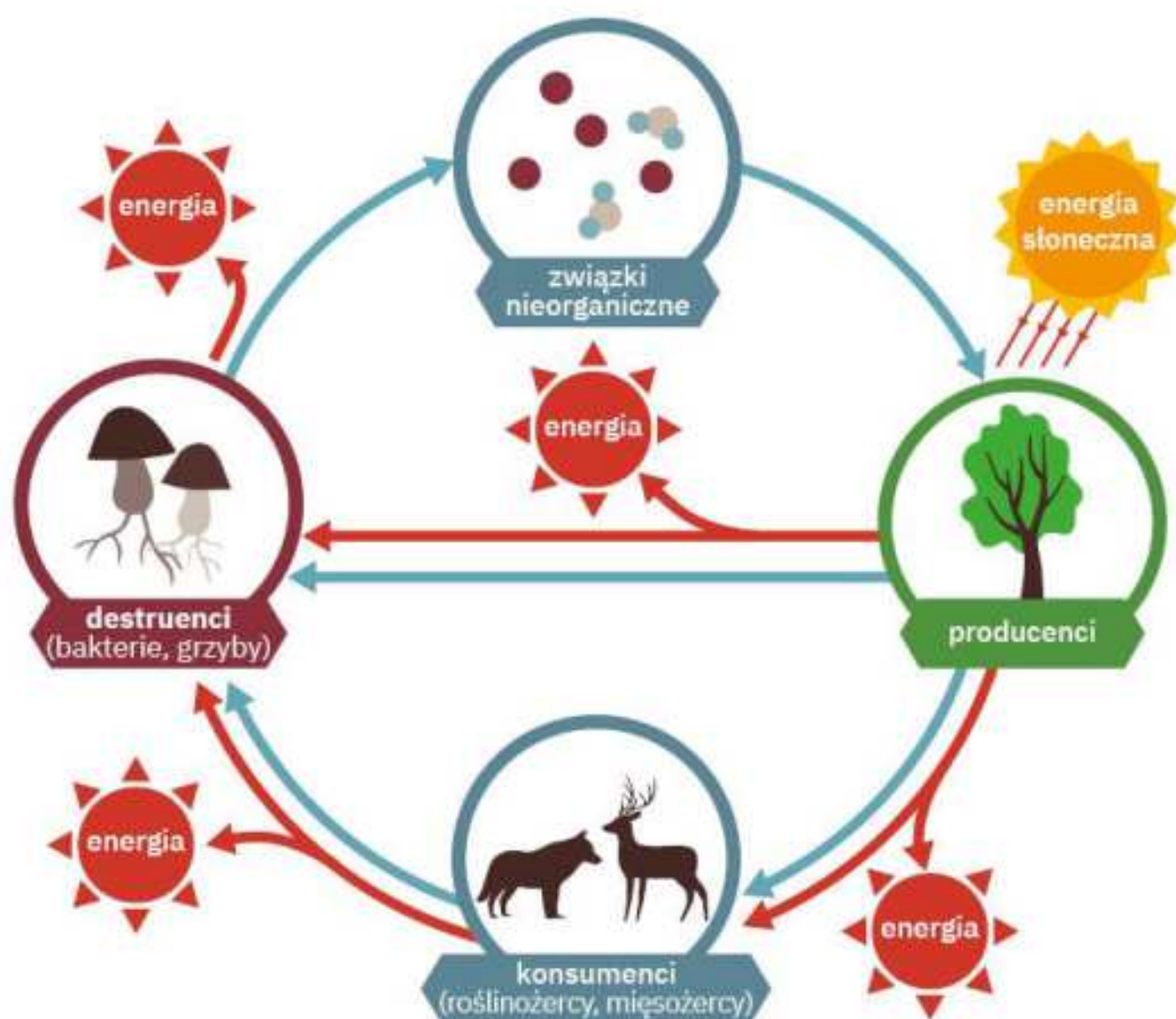
W naturalnych ekosystemach łańcuchy troficzne nie są proste. W rzeczywistości żaden łańcuch nie jest izolowany, ale łączy się z wieloma innymi łańcuchami, tworząc **sieć pokarmową**. Przedstawiciele poszczególnych ogniw sieci są zjadani przez więcej niż tylko jeden gatunek roślinożercy czy przez więcej niż jeden gatunek drapieżcy. Każdy konsument może odżywiać się różnymi gatunkami: roślinożerca – różnymi roślinami, drapieżnik – różnymi ofiarami (ryc. VI.4.2.).



Ryc. VI.4.2. Przykładowa sieć troficzna w ekosystemie jeziora.

Produkcja pierwotna i wtórna

Materia organiczna wytworzona przez producentów i wbudowana w ich tkanki jest wykorzystywana przez konsumentów wyższych poziomów troficznych. Producenci są zjadani przez konsumentów I rzędu, a ci – przez konsumentów II rzędu, natomiast konsumentów II rzędu zjadają konsumenci III rzędu. Destruenci, rozkładając martwą materię organiczną, uwalniają nieorganiczne składniki pokarmowe, które wykorzystują producenci do wytworzenia pokarmu dla organizmów cudzożywnych. Dzięki temu w przyrodzie mamy do czynienia z **zamkniętym obiegiem materii** (ryc. VI.4.3.).



Ryc. VI.4.3. Schemat krążenia materii i przepływu energii przez ekosystem.

W odróżnieniu od obiegu materii, w ekosystemie jest **przepływ energii** (ryc. VI.4.3.). Ekosystem pod względem energetycznym to układ otwarty. Nie produkuje sam energii, a jego główne źródło energii stanowią Słońce oraz energia reakcji chemicznych zachodzących w procesach chemosyntezy. Producenci ekosystemu przekształcają energię słoneczną w energię chemiczną swoich tkanek. Jest ona dalej wykorzystywana przez organizmy cudzożywne (konsumentów). Na każdym poziomie troficznym następują duże jej straty. Z poziomu na poziom przechodzi tylko ok. 10% energii. Reszta zostaje zużyta na własną przemianę

materii i energii organizmów danego poziomu – zostaje wydzielona i rozproszona jako ciepło. W związku z tym przepływ energii przebiega w jednym kierunku i nie tworzy zamkniętego obiegu.

Przeciętnie tylko ok. 1% (a najwyżej do 5%) padającej na powierzchnię Ziemi energii zostaje zużyte przez rośliny w procesie fotosyntezy i zmienione w energię chemiczną ich tkanek, czyli w materię organiczną, z której są zbudowane ciała roślin.

Całość materii organicznej wytworzonej przez rośliny nazywamy **produkcją pierwotną brutto**. Część produkcji pierwotnej wytworzonej przez producentów zostaje zużyta na ich potrzeby w procesie oddychania (ok. 10%), a resztę mogą wykorzystać organizmy cudzożywne – konsumenci. Jest to **produkcja pierwotna netto** – produkcja pierwotna brutto pomniejszona o straty w procesie oddychania. Materię organiczną przyswojoną przez konsumentów razem z energią zgromadzoną w ich tkankach nazywamy **produkcją wtórną brutto**. Tę część, która pozostaje w tkankach konsumentów po odjęciu kosztów utrzymania (oddychanie, utrzymanie stałej temperatury ciała), nazywamy **produkcją wtórną netto**.

PYTANIA I POLECENIA

1. Z podanych pojęć utwórz schemat ekosystemu w zeszycie.
biotop, producenci, ekosystem, destrukcja, konsumenci
2. Na schemacie przedstawiono łańcuch pokarmowy w środowisku wodnym.
rośliny wodne – kijanki – chrząszcze wodne – szczupak
Które organizmy są ofiarami drapieżników? Wyjaśnij, jakie zmiany nastąpią w łańcuchu pokarmowym, jeżeli szczupak zostanie usunięty.
3. Wyjaśnij, dlaczego skracanie łańcuchów pokarmowych w naturalnych biocenozach jest korzystne z punktu widzenia człowieka.

5. Dojrzewanie ekosystemu – sukcesja ekologiczna

Ekosystemy nie są całkowicie stałe i niezmiennie. W wielu z nich można zaobserwować kierunkowy, stopniowy proces zmian, w wyniku których powstają na danych terenach nowe ekosystemy. Proces ten nazywamy **sukcesją** (dojrzewaniem ekosystemu). Składa się ona z szeregu tzw. **stadiów sukcesyjnych**, w których stopniowo przekształcające się biocenozy zmieniają swoje środo-

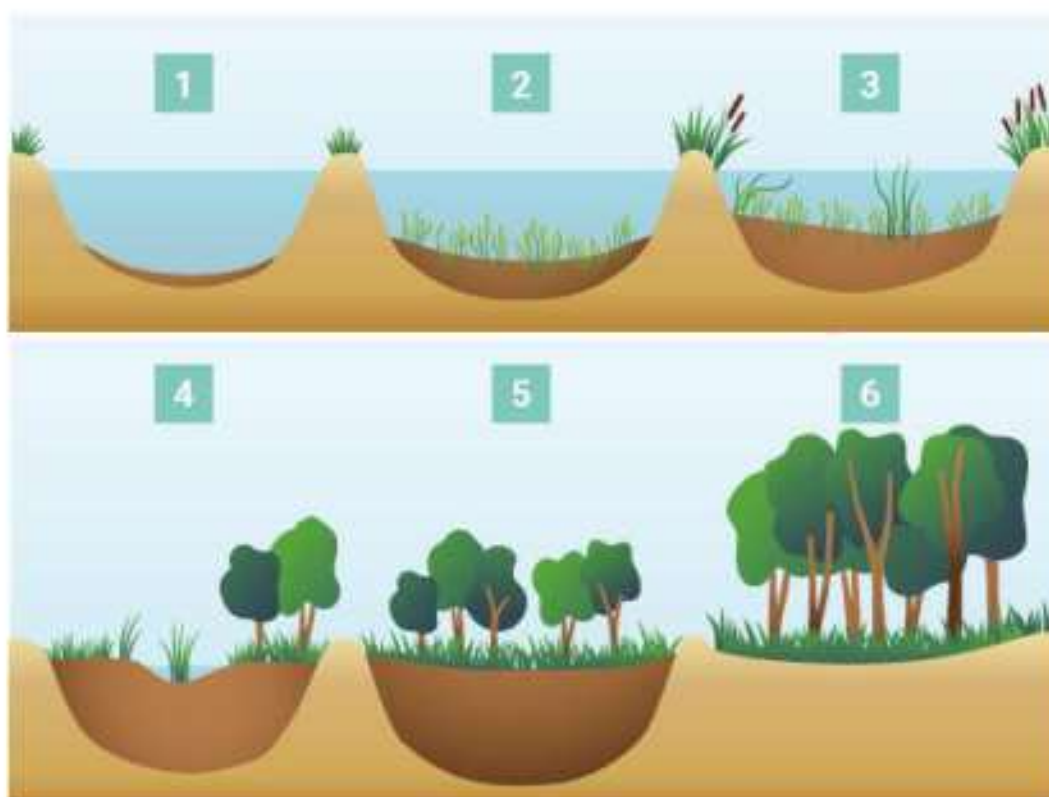
wisko i coraz bardziej je modyfikują. W zmienionym środowisku kształtuje się nowa postać biocenozy. Stopniowo kolejne formy biocenozy dojrzewają – składają się z coraz większej liczby składników (populacji), odznaczają się większą stabilnością. Końcowe, najbardziej trwałe i zrównoważone w danych warunkach klimatycznych i glebowych ekologiczne stadium, nazywa się **klimaksem**. Przykładem stadium klimaksowego w klimacie umiarkowanym na żyznych glebach jest las liściasty.

Przejawem sukcesji jest proces, w którym na nagich skałach zaczynają się rozwijać pierwsi pionierzy – porosty. Ich obumierające szczątki i pył nawiewany przez wiatr gromadzą się w szczelinach skalnych i tworzą zaczątek gleby. Na niej następnie pojawiają się mchy. Wśród nich i w glebie można znaleźć drobne bezkręgowce, np. wrotki, nicienie, ślimaki. Ilość gleby wzrasta i zaczynają się rozwijać trawy i inne rośliny zielne. Proces ten powoli postępuje dalej – pojawiają się niewielkie drobne byliny, krzewy, a po setkach lub nawet tysiącach lat rozwija się las. Ocenia się, że rozwój biocenozy od niezamieszkanego terenu piaszczystego czy skalnego do ukształtowania się lasu trwa średnio ok. 1000 lat. Jest to **sukcesja pierwotna** (ryc. VI.5.1.).



Ryc. VI.5.1. Schemat głównych etapów sukcesji pierwotnej.

Sukcesja wtórna zachodzi wtedy, gdy na miejscu zniszczonej przez klęskę ekologiczną biocenozy zostaje odbudowany nowy zespół, np. po pożarze lasu na pogorzelisku zaczyna się kształtować nowa biocenoza. Ponadto sukcesję wtórną można zaobserwować na terenach zniszczonych przez przemysł, przekształconych przez działalność ludzką. Największe współczesne obszary sukcesji wtórnej to pola uprawne (ryc. VI.5.2.).



Ryc. VI.5.2. Schemat głównych etapów sukcesji wtórnej – zarastanie jeziora (1), której ostateczną formą jest las. Na dnie zbiornika odkłada się gruba warstwa osadów (2). Następuje spływanie zbiornika, stopniowo poszerza się pas roślinności przybrzeżnej (3). Jezioro stopniowo przekształca się w bagno (4), a następnie w torfowisko (5), aż staje się podmokłym lasem (6).

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij różnice między sukcesją pierwotną a wtórną.
2. Wypas owiec może zahamować rozwój sukcesji na danym obszarze. Wyjaśnij dlaczego.
3. Po zakończeniu budowy autostrady budowniczym zabrakło funduszy na zagospodarowanie poboczy, czyli posadzenie krzewów i drzew. Została goła ziemia. Jak myślisz, jak będą wyglądały pobocza za lat:
a) 10, b) 30, c) 50?

Podsumowanie działu

1. Tolerancja ekologiczna organizmów

- Ekologia jest nauką o zależnościach między organizmami a środowiskiem, w którym żyją.
- Poziomy organizacji żywej materii w ekologii to: osobnik, populacja, biocenoza, ekosystem, krajobraz, biom i biosfera.
- Siedlisko to przestrzeń fizyczna, w której występuje organizm. Pełni funkcję niszy ekologicznej.
- Zakres tolerancji ekologicznej określa warunki środowiska, w których organizm może się rozwijać bez szkody dla jego życia.
- Organizmy mogą się różnić zakresami tolerancji ekologicznej.
- Organizmy o wąskim zakresie tolerancji ekologicznej (bioindykatory) służą do oceny stanu środowiska naturalnego.

2. Cechy populacji

- Obszar zajmowany przez populację składa się z areatów osobniczych poszczególnych osobników tworzących populację.
- Osobniki tworzące populację na zajmowanym areale mogą być rozmieszczone skupiskowo, losowo lub równomiernie.
- Z rozmieszczeniem równomiernym lub losowym jest związane terytorium (aktywnie broniony obszar areatu osobniczego).
- Wskaźnikiem zdolności rozwojowych populacji jest jej struktura wiekowa.

3. Stosunki między populacjami

- Organizmy należące do różnych lub tych samych gatunków są powiązane licznymi interakcjami nieantagonistycznymi (mutualizm obligatoryjny i fakultatywny, komensalizm) i antagonistycznymi (konkurencja, drapieżnictwo, pasożytnictwo).
- W układach drapieżnik-ofiara, roślina-roślinożerca oraz pasożyt-żywiciel powstały adaptacje ze strony dwóch oddziałujących na siebie gatunków.

4. Zależności pokarmowe w ekosystemach, czyli kto kogo zjada

- Strukturę troficzną ekosystemu tworzą producenci, konsumenci oraz destruenci (reducenci).
- Producenci wytwarzają materię organiczną w procesie fotosyntezy lub chemosyntezy.

- Energia przepływa przez ekosystem, a materia krąży między jego elementami.
- Biomasa wytworzona przez producentów to produkcja pierwotna ekosystemu, a materia organiczna przyswojona przez konsumentów to produkcja wtórna.

5. Dojrzewanie ekosystemu – sukcesja ekologiczna

- Ekosystemy ulegają przekształceniom – sukcesji.
- Osiągnięcie stanu równowagi w ekosystemie to klimaks.
- Sukcesja może mieć charakter pierwotny lub wtórny.



VII

BIORÓŻNORODNOŚĆ

1. Bioróżnorodność i bogactwo życia na Ziemi

Czym jest różnorodność biologiczna?

Różnorodność biologiczna opisuje liczbę, zróżnicowanie, zmienność organizmów oraz częstość ich występowania. Według tekstu Konwencji o różnorodności biologicznej, przedstawionego w czasie Szczytu Ziemi w Rio de Janeiro w 1992 r., różnorodność biologiczna to „zróżnicowanie wszystkich żywych organizmów występujących na Ziemi w ekosystemach lądowych, morskich i słodkowodnych oraz zespołach ekologicznych”. Wyróżniamy trzy poziomy różnorodności biologicznej: genetyczną, gatunkową i ekosystemową (ryc. VII.1.1.).



Ryc. VII.1.1. Poziomy różnorodności biologicznej: genetyczna (A), gatunkowa (B), ekosystemowa (C).

Różnorodność genetyczna określa zróżnicowanie genów zawartych w pulach genowych poszczególnych gatunków. Duża różnorodność genetyczna zwiększa szanse przetrwania gatunków, chroniąc je np. przed większą podatnością na choroby. Różnorodność genetyczna spełnia też ważną funkcję w ewolucji gatunków. Pozwala na przystosowanie się gatunków do nowego środowiska lub ułatwia przetrwanie w środowiskach bardziej zróżnicowanych. Ma to szczególne znaczenie u udomowionych gatunków zwierząt, które mają niski poziom zróżnicowania genetycznego (np. rasy psów, koni, bydła czy wielu innych zwierząt domowych).

Różnorodność gatunkowa przedstawia liczbę i częstość występowania gatunków na obszarze ekosystemu, biomu lub planety. Duże zróżnicowanie gatunkowe zwiększa liczbę powiązań i interakcji międzygatunkowych, jak drapieżnictwo czy pasożytnictwo. Sprzyja także tworzeniu licznych powiązań troficznych, co wpływa pozytywnie na obieg materii i przepływ energii w ekosystemie. Pozwala to na zachowanie stabilności ekosystemu, dzięki czemu jest on odporny na zaburzenia.

Różnorodność ekosystemowa określa bogactwo ekosystemów na danym obszarze i na całej planecie. Obejmuje wszystkie typy ekosystemów (lądowe, mor-

skie, słodkowodne) tworzące charakterystyczne dla różnych terenów krajobrazy ekologiczne. Bogactwo ekosystemów pozwala na przetrwanie gatunkom roślin i zwierząt o różnych wymaganiach, co jest niezwykle istotne dla zachowania różnorodności genetycznej i gatunkowej. Różnorodność ekosystemów daje zróżnicowany i mozaikowy krajobraz – dostarcza nam wielu wrażeń estetycznych, pozwala odpoczywać oraz umożliwia rekreację fizyczną i psychiczną.

Zasięg występowania określonego gatunku może być często hamowany przez czynniki wewnętrzne (przemieszczanie się, drapieżnictwo, pasożytnictwo, konkurencja, choroby) i zewnętrzne, czyli środowiskowe (klimat, strefy roślinności, przeszkody fizyczne). Stanowią one **bariery** wyznaczające występowanie rozmaitych gatunków roślin i zwierząt. Wyróżniamy bariery **fizyczno-geograficzne**, jak morza i oceany, rzeki, wydłużone jeziora, góry, grzęskie bagna, pasy lawy wulkanicznej, oraz **ekologiczne**, czyli naturalne przeszkody wynikające z obecności innych organizmów. To, czy dany organizm występuje w określonym miejscu, zależy od bardzo wielu czynników. Czynniki te wpływają więc na rozmieszczenie gatunków na Ziemi. Na zasięg występowania największy wpływ mają: gęstość ośrodka, temperatura, światło, woda i wilgotność. Są to czynniki najbardziej różnicujące środowisko wodne i lądowe.

Gęstość ośrodka decyduje przede wszystkim o kształcie ciała, jego wielkości i budowie. Woda ze względu na kilkakrotnie większą gęstość od powietrza stawia większy opór, dlatego organizmy aktywnie poruszające się w niej mają opływowy kształt ciała oraz większe rozmiary (największe zwierzę świata – płetwal błękitny – żyje w wodzie). Woda pozwala także drobnym organizmom na bierne unoszenie się w toni wodnej – jest to tzw. plankton. Na lądzie, gdzie występuje znacznie mniejszy opór, a opływowość nie jest tak ważna, zwierzęta wykształciły rogi, jak jeleni, kolce, długie szyje czy długie i cienkie nogi u szybko biegających antylop. Mała gęstość powietrza wymusiła u organizmów lądowych pojawienie się odpowiednich struktur szkieletowych (zwierzęta) czy tkanek wzmacniających (rośliny). Na lądzie nie znajdziemy odpowiednika planktonu. Długie, bierne unoszenie się w powietrzu jest dość trudne ze względu na mały opór. Taką umiejętność opanowały jedynie nieliczne grupy, jak owady, ptaki i nietoperze.

Temperatura wpływa na wszystkie procesy życiowe roślin i zwierząt. Większość organizmów wykazuje aktywność życiową w temperaturze od 0°C (temperatura zamarzania wody słodkiej) do +42°C (temperatura, w której zachodzi denaturacja białka). Spotykamy także organizmy żyjące w bardzo niskich temperaturach (do -70°C na Syberii): bakterie, sinice, porosty, mszaki, zwierzęta polarne, czy bardzo wysokich (do +80°C na pustyniach). Wahania temperatury w wodzie są mniejsze niż na lądzie (woda powoli się nagrzewa, ale i powoli stygnie). Cechą charakterystyczną jest pionowy układ temperatur w zbiorniku wodnym, czyli im głębiej, tym chłodniej.

U roślin temperatura wpływa na wzrost i owocowanie. Pośrednio wiąże się ona z dostępnością wody w środowisku. Wszystkie rośliny lądowe muszą magazynować wodę, gdyż przy wysokiej temperaturze następują jej ogromne straty. Zwierzęta na temperaturę reagują zmiennoocieplnością lub stałocieplnością. Zmiennoocieplne, których temperatura ciała jest zbliżona do temperatury otoczenia, to większość zwierząt (wszystkie bezkręgowce, ryby, płazy i gady). Wraz ze wzrostem temperatury wzrasta ich aktywność życiowa. W krajach tropikalnych, w których są aktywne przez cały rok, osiągają duże rozmiary ciała. Stałocieplne, do których należą ptaki i ssaki, wykazują stałą temperaturę ciała, niezależną od otoczenia, dzięki możliwości wytwarzania ciepła w procesach metabolizmu. Mogą zasiedlać tereny chłodniejsze, a nawet podbiegunowe. Są większe od swoich krewniaków żyjących w klimacie ciepłym, co zapewnia im mniejsze straty ciepła przez skórę (duże zwierzę ma mniejszą powierzchnię w stosunku do swojej objętości). Zwierzęta te przystosowują się do niesprzyjających warunków temperaturowych poprzez zapadanie w sen zimowy (w klimacie umiarkowanym i chłodnym) lub sen letni (w klimacie podzwrotnikowym i gorącym), w czasie którego spowalniają swoje procesy życiowe.

Światło jest dla roślin czynnikiem niezbędnym do życia ze względu na istotną rolę w procesie fotosyntezy. Długość okresu światła i ciemności decyduje o przejściu z fazy wzrostu do kwitnienia. Światło wpływa też na aktywność dzienną czy nocną zwierząt oraz na orientację zwierząt w przestrzeni i czasie. Dla ptaków skracanie się dnia jest sygnałem do wędrówek z północy na południe.

Woda i wilgotność są czynnikami ograniczającymi występowanie organizmów głównie w środowisku lądowym, a w wodnym tylko tam, gdzie ilość wody podlega dużym wahaniom. Ze względu na sposób wykorzystania zasobów wodnych środowiska rośliny dzielimy na cztery grupy ekologiczne (ryc. VII.1.2.).

Zwierzęta wypracowały sobie również sposoby ograniczania strat wody. Te, które są dobrze zabezpieczone przed utratą wody, mogą żyć w suchym klimacie pustynnym, a bez zabezpieczeń – w klimacie wilgotnym. Na przykład gady, jak jaszczurki i węże mają zrogowaciały naskórek, pokryty łuskami. Natomiast u ptaków i ssaków skóra jest pokryta piórami i sierścią. W przeciwieństwie do nich płazy, np. żaby lub traszki, przez swoją cienką i wilgotną skórę łatwo tracą wodę i dlatego występują głównie w miejscach o dużej wilgotności. W podobnym środowisku żyją dżdżownice, stawonogi czy mniej odporne ślimaki, które nie wytworzyły wodoszczelnych osłon. Pokrycie ciała wodoszczelną skórą lub szczelnym pancerzem jak u pajęczaków i owadów zmniejsza straty wody, ale jednocześnie utrudnia oddychanie. W związku z tym wykształciły się odpowiednie narządy oddechowe lub usprawniło oddychanie. Zwierzęta żyjące w strefie podzwrotnikowej (podobnie jak rośliny strefy umiarkowanej w trakcie zimy) do czasu opadów deszczu często zapadają w stan uśpienia, który jest podobny do hibernacji.



Rośliny wodne, np. grążel żółty (*Nuphar lutea*)



Rośliny wilgociolubne, np. mchy (*Bryophyta*)



Rośliny o średnich wymaganiach wodnych



Rośliny sucholubne, np. agawa (*Agave L.*)

Ryc. VII.1.2. Grupy ekologiczne roślin ze względu na wykorzystanie wody.

Wiatr zwiększa szybkość parowania wody z ciała roślin i zwierząt oraz ułatwia przemieszczanie organizmom na znaczne odległości. Szybkość i kierunek wiatru są ważne przy pyleniu roślin, rozsiewaniu nasion, zarodników roślin i grzybów, owoców. Wiatr przenosi bezkręgowce, np. ułatwia rozprzestrzenianie się pająkom, które z pajęczyną unoszą się w powietrzu jako tzw. babie lato. Ponadto wiatr często działa jako czynnik selekcyjny, eliminując gatunki słabsze, a także pozwala na zasiedlanie wysp położonych daleko od lądu. Organizmy przystosowały się do działania silnych wiatrów. Szczególnie jest to widoczne na małych wyspach, gdzie organizmy przeszły do życia naziemnego.

Wiatr dla wielu gatunków ptaków jest siłą napędową oraz ułatwia im orientację w środowisku. Jest także czynnikiem wysuszającym glebę i powodującym jej erozję. W ekosystemach wodnych podobną funkcję do wiatru spełniają falowanie i prądy. Z prądem są niesione drobne organizmy. Wymywaniu organizmów przeciwdziałają ich przystosowania morfologiczne i anatomiczne (ryc. VII.1.3.).



Ryc. VII.1.3. Larwy niektórych chruścików (owady, których postać dorosła żyje na lądzie, a larwy – w wodzie) noszą w swoich domkach niewielkie kamyczki, które utrudniają unoszenie z prądem.

Na zróżnicowanie ekosystemów, a tym samym żyjących w nich gatunków, decydujący wpływ mają klimat i ukształtowanie powierzchni. Miejsca o zróżnicowanym ukształtowaniu powierzchni stwarzają podłoże do osiedlania się wielu gatunków. Wraz ze wzrostem średnich rocznych temperatur oraz ilości opadów warunki do przeprowadzenia przez rośliny fotosyntezy stają się korzystne i produkcja ekosystemu wzrasta. Takie warunki umożliwiają rozwój większej liczby gatunków. Dlatego najwięcej gatunków żyje w strefach klimatu równikowego i podrównikowego. W miarę oddalania się od równika w stronę biegunów różnorodność gatunków maleje.

Na świecie najbogatszym ekosystemem są lasy tropikalne i Wielka Rafa Koralowa u wybrzeży Australii (ryc. VII.1.4.).



Ryc. VII.1.4. Wilgotny las równikowy jest wiecznie zieloną formacją roślinną rosnącą na glebach o odczynie kwaśnym i ubogich w substancje odżywcze w strefie międzyzwrotnikowej w klimacie gorącym i wilgotnym. Klimat tej strefy odznacza się obfitymi, całorocznymi opadami deszczu, silnym nasłonecznieniem, wysoką średnią roczną temperaturą oraz dużą wilgotnością. Tropikalny las deszczowy charakteryzuje się ogromną biomasą i produktywnością – największą z ekosystemów lądowych.

Na świecie wyróżniamy ogniska różnorodności biologicznej, na których występuje szczególnie dużo gatunków roślin i zwierząt. Mają one specjalne znaczenie dla zachowania wielu cennych gatunków.

PYTANIA I POLECENIA

1. Już ponad 20 lat temu zauważono, że w Zatoce Puckiej z powodu zanieczyszczeń i eutrofizacji drastycznie spadła ilość glonów tworzących podwodne łąki. Jedną z konsekwencji zmniejszania ilości glonów, w tym także brunatnic, było zmniejszanie się różnorodności mięczaków, skorupiaków i ryb (nie tylko roślinożernych).

Wyjaśnij, jakie znaczenie dla utrzymania różnorodności biologicznej ryb mają glony tworzące łąki podwodne. Podaj dwa argumenty.

2. Wyjaśnij cele ochrony różnorodności biologicznej.
3. Przedstaw wpływ klimatu na kształtowanie różnorodności biologicznej.

2. Przyczyny wzrostu zagrożenia różnorodności biologicznej

Obserwuje się ciągłe zmniejszanie się bogactwa gatunkowego Ziemi – od strefy tropikalnej do biegunów. Coraz częściej działalność człowieka prowadzi do nieodwracalnych zmian w środowisku. Głównymi przyczynami współczesnego wymierania gatunków są niszczenie siedlisk i ekosystemów, eksploatacja zasobów przyrody (rozwój leśnictwa i rolnictwa, gospodarka łowiecka, gospodarka morską i rybacka, kolekcjonerstwo), a także wprowadzanie do ekosystemów gatunków, które wcześniej w nich nie występowały.

Niszczenie siedlisk i ekosystemów stanowi główną przyczynę zmniejszenia różnorodności genetycznej, gatunkowej i ekosystemowej. Procesy te wynikają ze wzrostu liczebności populacji ludzkiej, rozwoju rolnictwa i komunikacji. Następuje podzielenie siedlisk o charakterze ciągłym na mniejsze fragmenty przeznaczone pod budowę dróg, kolei, autostrad, lotnisk, zbiorników zaporowych, pod uprawy rolnicze czy pastwiska (ryc. VII.2.1.). **Fragmentacja lasów** prowadzi do podzielenia



Ryc. VII.2.1. Obszary bagienne, torfowiska, wrzosowiska, będące ostoją rzadkich gatunków, zmniejszyły się w ostatnich latach w Europie o 60–80%.

terytoriów łowieckich dużych drapieżników na mniejsze, co zakłóca naturalne procesy biocenotyczne i prowadzi np. do zanikania dużych drapieżników i niekontrolowanego przyrostu liczebności zwierząt z grupy ofiar.

Do spadku różnorodności biologicznej przyczynia się także **bezpośrednia eksploatacja zasobów przyrody** w postaci nadmiernego pozyskiwania drewna i runa leśnego dla celów gospodarczych. Na terenach niezalesionych często prowadzi się niewłaściwą gospodarkę wodną związaną ze stosowaniem nadmiernych zabiegów melioracyjnych, co skutkuje obniżeniem poziomu wód gruntowych i erozji odsłoniętych gleb. Wycinka drzew powoduje zmniejszenie ilości tlenu i wzrost dwutlenku węgla w atmosferze. Nadmierne wykorzystywanie naturalnych łowisk bez uwzględnienia możliwości odnowy populacji oraz prowadzenie jednogatunkowych hodowli ryb i introdukcja obcych gatunków przyczyniają się do zmniejszenia różnorodności biologicznej w ekosystemach wodnych.

Istotne zagrożenie dla różnorodności biologicznej na wszystkich poziomach: genetycznym, gatunkowym i ekosystemowym stanowi **współczesne rolnictwo**. Stosowanie jednolitych monokultur sprzyja nadmiernemu rozwojowi owadów szkodników. Środki ochrony roślin – pestycydy, chemiczne regulatory wzrostu, antybiotyki, nawozy mineralne wykorzystywane przez rolnictwo – kumulują się w łańcuchu troficznym. Doprowadzają przez to do zatrucia zjadających je kolejnych rzędów konsumentów, a także przyczyniają się do postępującego w zbiornikach wodnych **procesu eutrofizacji** (ryc. VII.2.2.).



Ryc. VII.2.2. Eutrofizacja, czyli gwałtowny wzrost żyzności wód naturalnych, jest spowodowana zwiększoną koncentracją soli mineralnych (szczególnie biogenów: fosforu, azotu, węgla, z których producenci wytwarzają materię organiczną). Skutkiem tego procesu są zmiany jakości wód. Nadmierna żyzność ekosystemów wodnych wynika z działalności ludzkiej, takiej jak: zrzuty ścieków, intensyfikacja rolnictwa, wyrąb lasów w zlewni. Biogeny dopływające do zbiornika wywołują masowy rozwój fitoplanktonu. Zmniejsza się przezroczystość wody, następują znaczne dobowe wahania koncentracji tlenu, a nawet jego okresowe braki. Następuje wydzielanie siarkowodoru. To wszystko powoduje zmiany w składzie gatunkowym biocenozy wodnych.

Dużym niebezpieczeństwem jest hodowla i uprawa jednolitych genetycznie ras zwierząt i odmian roślin uzyskanych drogą doboru sztucznego. To zjawisko może doprowadzić do wypierania rodzimych gatunków. Natomiast wprowadzenie do hodowli i upraw zwierząt i roślin modyfikowanych genetycznie stwarza niebezpieczeństwo krzyżowania organizmów modyfikowanych genetycznie z rodzimymi, co może doprowadzić do powstania np. superchwastów.

Człowiek wprowadzał obce gatunki w czasie przemieszczania się po całym globie świadomie, czyli poprzez **introdukcję**, lub przez przypadek, czyli poprzez **zawleczenie**. Ma to niekorzystny wpływ na różnorodność biologiczną. Często w wyniku swojej ekspansji gatunki takie wypierały rodzimą faunę lub florę, szczególnie jeżeli odznaczały się dużą rozrodczością, łatwością rozprzestrzeniania się oraz przystosowaniem do szerokiego zakresu warunków siedliskowych i pokarmowych. Ta ekspansja była szczególnie widoczna w środowisku pozbawionym

naturalnych drapieżników (jak króliki w Australii). Celowo wprowadzono do Europy z Ameryki ziemniaki, pomidory i piżmaki czy króliki z Europy do Australii. Spośród kręgowców największy sukces osiągnęły szczury, które pływając z człowiekiem na statkach, zostały zawleczone na cały świat. Drogą morską z Europy do Ameryki Północnej dostał się słodkowodny małż – racicznica zmienna. Małż ten przyczepia się do twardych powierzchni rur wodociągowych i stanowi poważne utrudnienie w dostawach wody. Przypadkowo zostały też przeniesione niektóre chorobotwórcze mikroorganizmy, jak krętek blady czy wirus HIV. Skutki introdukcji czy zawleczenia dla środowiska są różne. Wprowadzenie do Europy z Dalekiego Wschodu jenota nie wywołało większych zaburzeń w ekosystemie. W Polsce takim celowo wprowadzonym intruzem jest barszcz Sosnowskiego (ryc. VII.2.3.).



Ryc. VII.2.3. Barszcz Sosnowskiego został sprowadzony z Kaukazu z przeznaczeniem na roślinę paszową. Zwierzęta jednak niechętnie konsumowały kiszonki sporządzane z tej rośliny. Zaniechano uprawy, ale roślina szybko rozprzestrzeniła się w północnej i południowo-wschodniej Polsce. Jest niebezpieczna dla ludzi, ponieważ w upalne dni wydziela olejki eteryczne, które wywołują oparzenia.

Człowiek przekształcając przyrodę, doprowadził do wytworzenia środowiska sztucznego (antropogenicznego), w którym zamieszkują gatunki synantropijne (np. szczury, myszy, wróble, bociany, jaskółki, gawrony, karaluchy, mrówki faraona, skrzypy polne i inne). Szereg gatunków w wyniku zawężania ich naturalnych siedlisk żyje w pobliżu człowieka, np. sarny, lisy, zające czy myszy leśne. Zjawisko to stale się pogłębia (ryc. VII.2.4.).



Ryc. VII.2.4. Gawrony, ptaki z rodziny krukowatych, coraz chętniej zbliżają się do dużych osiedli ludzkich i zakładają kolonie w rejonie miast lub ich obrzeży.

PYTANIA POLECENIA

1. Wyjaśnij wpływ introdukcji obcych gatunków na różnorodność biologiczną.
2. Przedstaw rolę Wielkiej Rafy Koralowej w zachowaniu różnorodności biologicznej.
3. Wytłumacz wpływ współczesnego rolnictwa na różnorodność biologiczną.

3. Działania prowadzące do wzrostu różnorodności biologicznej

Ochrona przyrody w Polsce obejmuje ochronę gatunkową rzadkich i zagrożonych roślin, zwierząt i grzybów. Prawną ochroną są objęte gatunki wymierające lub zagrożone wymarciem – to **ochrona całkowita** – oraz gatunki mające istotne znaczenie dla gospodarki i przyrody – w ramach **ochrony częściowej**.

Do celów **ochrony gatunkowej** należą zabezpieczenie dziko występujących gatunków roślin, zwierząt i grzybów, zapewnienie ich wysokiej liczebności oraz zachowanie różnorodności gatunkowej. Istotą ochrony gatunkowej jest zakaz niszczenia, zrywania, ścinania lub usuwania ze stanowisk roślin chronionych, a także zakaz zbywania, nabywania, przenoszenia i wywożenia za granicę zarówno w stanie świeżym, jak i suszonym. W przypadku roślin objętych ochroną częściową w określonych przypadkach można je pozyskiwać dla celów leczniczych lub przemysłowych. Ochrona gatunkowa zwierząt polega na zakazie zabijania, odłowu, wywożenia za granicę, płoszenia i niszczenia ostoi gatunków. Cele ochrony



Ryc. VII.3.1. Żubr (*Bison bonasus*) był zagrożony wyginięciem w wyniku masowych polowań. Na początku XX w. w Puszczy Białowieskiej i na Kaukazie żyły ostatnie naturalne populacje tego ssaka. Zostały one wytępione doszczętnie w czasie pierwszej wojny światowej. Dzięki działaniu polskich przyrodników jeszcze w latach 30. XX w. stworzono w Puszczy ośrodek hodowlany i doprowadzono do odnowy populacji.

gatunkowej są realizowane ponadto poprzez rozmnażanie i rozprzestrzenianie ginących gatunków roślin i zwierząt oraz ochronę tras migracyjnych zwierząt. Odbudowę gatunku przeprowadza się przez **restytucję**, czyli przeniesienie zagrożonych gatunków do miejsc, w których mogą się rozmnażać, rozwijać i uzyskać odpowiednią liczbę do funkcjonowania w warunkach naturalnych. Tak uzyskane osobniki wprowadza się do naturalnych ekosystemów, z których zostały one usunięte – przeprowadza się reintrodukcję. Stosując **reintrodukcję**, naukowcy starają się ponownie osiedlić rysia

w Puszczy Kampinoskiej, popielicę w zachodniej Polsce czy fokę szarą w Bałtyku. Przykładem udanej restytucji w Polsce jest odtworzenie populacji żubra czy konia Przewalskiego (ryc. VII.3.1.). Podobnie ocalono od wyginięcia bobra. Po drugiej wojnie światowej znano tylko jedną kolonię tego gatunku na Suwalszczyźnie,

a obecnie – dzięki konsekwentnej ochronie i przesiedleniom – populacja została odnowiona.

Ważne zadanie w ochronie różnorodności biologicznej odgrywają ogrody zoologiczne, botaniczne i arboreta (arboretum to typ ogrodu botanicznego przeznaczony do uprawy i badań roślin drzewiastych, np. w Kórniku koło Poznania). Są w nich zachowane gatunki, które wymierają lub całkowicie wyginęły w warunkach naturalnych.

Dla zachowania różnorodności genetycznej istotna jest **ochrona starych ras** zwierząt gospodarskich oraz starych odmian roślin. Były one hodowane i uprawiane przez drobnych rolników przed okresem intensyfikacji rolnictwa w wielu częściach Europy. Dawniej ze względów ekonomicznych rolnicy preferowali zróżnicowanie gatunkowe, które dawało im niezależność od zmian w środowisku naturalnym. Obecnie starym rasom i odmianom grozi wyginięcie, ponieważ są zastępowane przez bardziej produktywne organizmy modyfikowane genetycznie. Stare odmiany i rasy są niepowtarzalnym materiałem genetycznym, który może być wykorzystany w przyszłości. W Polsce dzięki słabo rozwiniętemu rolnictwu nowoczesnemu zachowało się wiele cennych odmian i ras, np. polska owca górska, świnię złotnickie, królik popielniański, konik polski, kury zielononóżki, stare odmiany jabłek, grusz, i śliw (ryc. VII.3.2.).



Ryc. VII.3.2. Dzikim przodkiem konika polskiego był tarpan. Konik polski odznacza się dobrym zdrowiem oraz odpornością na choroby i trudne warunki utrzymania.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij, dlaczego całkowita ochrona gatunkowa może zakłócić równowagę w środowisku.
2. Omów znaczenie rodzimych ras i gatunków dla zachowania różnorodności genetycznej.
3. Przedstaw, jaką rolę odgrywają ogrody zoologiczne w zachowaniu różnorodności biologicznej.

4. Formy ochrony różnorodności biologicznej

System obszarów chronionych

Bardzo ważną formą ochrony różnorodności jest ochrona całych obszarów zawierających najcenniejsze ekosystemy. Obecnie wyróżnia się cztery główne grupy obszarów chronionych. Są to: parki narodowe, rezerваты przyrody, parki krajobrazowe i obszary chronionego krajobrazu.

Park narodowy stanowi najwyższą formę ochrony przyrody w Polsce. Obejmuje obszar o powierzchni nie mniejszej niż 1000 ha, podlegający specjalnej, chronionej prawem i zorganizowanej opiece. W parku jest chroniony pierwotny stan całości przyrody lub niektórych jej elementów. Działalność człowieka ogranicza się do badań naukowych i zorganizowanej turystyki. W parkach stosuje się **ochronę ścisłą** bez ingerencji człowieka lub **częściową** polegającą na prowadzeniu przez człowieka świadomej gospodarki zmierzającej do przywrócenia stanu naturalnego. Niektóre z parków mogą mieć znaczenie międzynarodowe, określone odpowiednimi uchwałami – są to tzw. **rezerваты biosfery** (np. parki Babiogórski, Tatrzański, Słowiński) lub znajdują się na Liście światowego dziedzictwa kulturalnego i przyrodniczego UNESCO, jak Białowieski Park Narodowy. Obecnie w Polsce istnieją 23 parki narodowe, o łącznej powierzchni 317406 ha, co stanowi około 1% powierzchni kraju (ryc. VII.4.1.). Rozważa się utworzenie trzech następnych: Jurajskiego (Wyżyna Krakowsko-Częstochowska), Mazurskiego (okolice jeziora Śniardwy) i Turnickiego (podgórze Bieszczadów).

Rezerwat przyrody to obszar stosunkowo mało zmieniony przez działalność człowieka, ważny przyrodniczo, chroniony prawnie ze względu na zachowanie wartości naukowych, krajobrazowych, estetycznych i dydaktycznych. Wyróżnia się rezerваты krajobrazowe, wodne, geologiczne, faunistyczne, florystyczne, leśne, stepowe, torfowiskowe, łąkowe i słonoroślowe.

Niższą, ale też cenną formą ochrony, są **parki krajobrazowe**. Obejmują tereny poddane ochronie ze względu na nieprzeciętne właściwości środowiska przyrodniczego lub wysokie walory historyczne i kulturowe. Parki krajobrazowe mają zwykle duże znaczenie turystyczno-rekreacyjne. Zachowuje się w nich uprzedni sposób użytkowania ziemi, ale ogranicza niszczący wpływ człowieka na ekosystemy.

Najprostszą formą ochrony ekosystemów stanowią **obszary chronionego krajobrazu**. Są to przeważnie tereny użytkowane rolniczo i turystycznie, ale powinny zapewniać stan równowagi ekologicznej systemów przyrodniczych. System gospodarowania i zabudowy pozostaje tu pod ścisłą kontrolą. Obszary te pełnią często funkcję łącznikową dla parków narodowych i krajobrazowych.

Obszary Natura 2000 obejmują obszary specjalnej ochrony (OSO) wyznaczone dla ochrony ostoi dziko występujących gatunków ptaków (określone w dokumencie zwanym dyrektywą ptasią) i specjalne obszary ochrony (SOO) wyznaczone dla ochrony siedlisk przyrodniczych lub dla siedlisk dziko występujących roślin lub siedlisk zwierząt (określonych w dyrektywie siedliskowej). Celem dyrektywy ptasiej jest ochrona i zachowanie wszystkich populacji ptaków występujących w stanie dzikim, prawne uregulowanie zasad handlu oraz pozyskiwania ptaków łownych, a także przeciwdziałanie niedopuszczalnym metodom ich chwytania i zabijania. Dyrektywa siedliskowa ma na celu ochronę naturalnych siedlisk oraz siedlisk gatunków, a ponadto utworzenie systemów ochrony gatunków. Sieć Natura 2000 to najmłodsza forma ochrony przyrody w Polsce. Została wprowadzona w 2004 r. w ramach europejskiej sieci ekologicznej realizowanej przez kraje Unii Europejskiej.



Ryc. VII.4.1. Rozmieszczenie parków narodowych w Polsce.

Ochrona indywidualna

Ochrona indywidualna obejmuje pomniki przyrody, stanowiska dokumentacyjne oraz zespoły przyrodniczo-krajobrazowe.

Pomniki przyrody to pojedyncze obiekty przyrodnicze lub ich zespoły, cenne pod względem naukowym, kulturowym i historycznym. Najczęściej są to drzewa (np. dąb Bartek w Górach Świętokrzyskich czy dąb Jagiełły w Puszczy Białowiejskiej), głazy narzutowe (np. Dwunastu Apostołów na plaży w Pucku czy Duży Kamień w Żarnowie), skały (np. Maczuga Herkulesa w Ojcowie czy Pielgrzym w Górach Stołowych), jaskinie (np. Raj, Piekło), aleje i parki wiejskie (np. aleja lipowa koło Pucka).

Istotne pod względem naukowym i dydaktycznym są miejsca występowania przyrody nieożywionej, czyli formacje geologiczne, nagromadzenia skamieniałości i minerałów. Tworzą one **stanowiska dokumentacyjne**. Chronione są także pozostałości ekosystemów, które mają istotne znaczenie dla zachowania unikatowych typów środowisk, jak naturalne zbiorniki wodne, śródpolne oraz śródleśne kępy drzew i krzewów, bagna, wydmy, starorzecza, a także stanowią zasoby genów. Nazywamy je **użytkami ekologicznymi**. Natomiast w celu ochrony wyjątkowo cennych fragmentów krajobrazu naturalnego i kulturowego wyznaczono **zespoły przyrodniczo-krajobrazowe**.

Zrównoważony rozwój

Polska podpisała wiele międzynarodowych konwencji i porozumień dotyczących ochrony różnorodności biologicznej. Tylko postrzeganie różnorodności biologicznej w kategoriach globalnych daje szansę na skuteczną jej ochronę. Jedną z nich jest Konwencja o międzynarodowym handlu dzikimi zwierzętami i roślinami gatunków zagrożonych wyginięciem (tzw. konwencja waszyngtońska lub konwencja CITES; ryc.



Ryc. VII.4.2. Logo konwencji waszyngtońskiej.

VII.4.2.). Konwencja zakazuje handlu gatunkami uznanymi za wymierające i wykonanymi z nich przedmiotami (np. wyrobami z kości słoniowej). Na listach konwencji znajduje się ponad 50 tysięcy gatunków i podgatunków podlegających ochronie. Ważnymi dokumentami podpisanymi przez Polskę była konwencja ramsarska i bońska. Konwencja ramsarska dotyczyła ochrony obszarów wodno-błotnych mających istotne znaczenie dla życia ptaków wodnych. Natomiast konwencja bońska została podpisana w celu ochrony wędrownych gatunków dzikich zwierząt, dzięki której powstają listy gatunków chronionych i międzynarodowe porozumienia w celu ochrony konkretnych gatunków.

W 1987 r. w raporcie Komisji Środowiska i Rozwoju ONZ przedstawiono ideę zrównoważonego rozwoju. Według tej koncepcji ochrona przyrody żywej powinna być zgodna z trwałym rozwojem świata. Należy racjonalnie gospodarować zasobami przyrody i chronić środowisko naturalne, aby zaspokoić potrzeby obecnych i przyszłych pokoleń człowieka.

zrównoważony rozwój = wzrost gospodarczy + ochrona przyrody i środowiska + odpowiedzialność społeczna

Do działań koniecznych dla ochrony różnorodności biologicznej należą:

- opracowanie krajowych strategii, planów i programów ochrony i zróżnicowanego użytkowania różnorodności biologicznej;
- inwentaryzacja elementów różnorodności genetycznej, gatunkowej i ekosystemowej;
- określenie procesów i zjawisk mających istotny wpływ na kształtowanie różnorodności;
- wprowadzenie odpowiednich regulacji prawnych;
- międzynarodowa współpraca i wymiana informacji, tworzenie baz danych.

Na Szczycie Ziemi w Rio de Janeiro w 1992 r. – międzynarodowej konferencji poświęconej środowisku i rozwojowi gospodarczemu świata – powstały m.in. Konwencja o różnorodności biologicznej oraz Agenda 21. Są to dokumenty zawierające zasady zrównoważonego rozwoju.

PYTANIA I POLECENIA

1. Wyjaśnij, w jakim celu kolejne obszary i obiekty w Polsce powinny być objęte różnymi formami ochrony różnorodności.
2. Wyobraź sobie, że deweloper proponuje wycięcie lasu, który stanowi korytarz ekologiczny między dwoma parkami. Jako rekompensatę proponuje dołączenie takiego samego obszaru lasu do jednego z parków.
Podaj argumenty przeciwko zniszczeniu korytarza ekologicznego.
3. Wyspy Salomona to 900 tropikalnych rajów na Oceanie Spokojnym, 4 godziny samolotem z zachodniego wybrzeża Australii. Woda u wybrzeży wysp jest bardzo czysta, z licznymi koralowcami, ukwiałami, gąbkami – stanowi idealne miejsce do nurkowania. Wybierasz się na tygodniowy urlop na jedną z wysp – Santa Cruz. Chcesz z dalekiej podróży przywieźć do domu żywe pamiątki, które oferują miejscowi mieszkańcy. Decydujesz się na papugę – kakadu niebieskokłą. Wskaż, którą międzynarodową konwencję złamałeś/złamałaś.

Podsumowanie działu

1. Bioróżnorodność i bogactwo życia na Ziemi

- Różnorodność biologiczną rozpatruje się na trzech poziomach: genetycznym, gatunkowym i ekosystemowym.
- Na zasięg występowania gatunków największy wpływ mają: gęstość ośrodka, temperatura, światło, woda i wilgotność. Są to czynniki najbardziej różnicujące środowisko wodne i lądowe.
- Czynnikiem kształtującym różnorodność biologiczną jest klimat.
- Różnorodność biologiczna wzrasta od biegunów do strefy tropikalnej, gdzie osiąga największe bogactwo.
- Największa różnorodność biologiczna występuje w wilgotnym lesie tropikalnym i Wielkiej Rafie Koralowej.

2. Powody wzrostu zagrożenia różnorodności biologicznej

- Główną przyczyną spadku różnorodności biologicznej jest działalność człowieka.
- Do głównych przyczyn spadku różnorodności biologicznej należą: zmniejszanie się naturalnych siedlisk oraz ich przekształcenie, nadmierna eksploatacja środowiska naturalnego, rozwój rolnictwa, introdukcja obcych gatunków.

3. Działania prowadzące do wzrostu różnorodności biologicznej

- Zachowanie różnorodności biologicznej następuje przez ochronę całkowitą i częściową, restytucję i reintrodukcję gatunków.
- Utrzymywanie tradycyjnych odmian roślin i ras zwierząt zachowuje różnorodność genetyczną.

4. Formy ochrony różnorodności biologicznej

- Do form ochrony różnorodności biologicznej w Polsce należą: parki narodowe, rezerваты przyrody, parki krajobrazowe, obszary chronionego krajobrazu, obszary Natura 2000, pomniki przyrody, stanowiska dokumentacyjne oraz zespoły przyrodniczo-krajobrazowe.
- Polska współpracuje z innymi państwami w ochronie różnorodności biologicznej poprzez uczestnictwo w międzynarodowych konwencjach.
- W Polsce realizuje się ideę zrównoważonego rozwoju.

Indeks

A

adaptacje 148
anatomia porównawcza 110
antropologia 124
antybiotyki 64
antykodon 18
areal
 grupy 142
 osobniczy 142
 populacji 142

B

bariery
 ekologiczne 159
 fizyczno-geograficzne 159
biocenoza 136, 145, 150
bioindykatory 141
biologia molekularna 66
biom 137
biomasa 150
bioreaktor 62
bioremediacja 64
biosfera 137
biotechnologia
 nowoczesna 60
 tradycyjna 60
biotop 136, 150

C

cecha
 dominująca 26
 recesywna 26
choroba Huntingtona 52
choroby
 chromosomalne 50
 jednogenowe 50
 wieloczynnikowe 50
częstość
 alleli 113
 fenotypu 113
 genotypu 113

D

daltonizm 53
darwinizm 105
delecja 44, 46
destruenci 150
dobór naturalny 107, 115

drapieżnictwo 146
dryf genetyczny 114
duplikacja 46

E

ekologia 136
ekosystem 136
ekson 10
elongacja
 transkrypcji 14
 translacji 20
eurybionty 139

F

fenotyp 28
fermentacja 62
 alkoholowa 63
 etanolowa 62
 mlekowa 63
fitoremediacja 65

G

gen 10
genom 10
genotyp 28
geny
 naprawcze 49
 supresorowe 49

H

hemofilia 35, 52
heterozygota 27
hominidy 124, 126
homozygota 27

I

inicjacja
 transkrypcji 14
 translacji 18
insercja 44
introdukcja 164
intron 10
inwersja 46
inżynieria genetyczna 66

K

klonowanie organizmów 84
kod

genetyczny 14
 trójkowy 14

kodominacja 30
kodon 14
komensalizm 145
komórki macierzyste 86
konkurencja 145
konsumenci 150
krajobraz 137
kreacjonizm 104
krzywa tolerancji ekologicznej 139
krzyżowanie losowe 114
krzyżówka testowa 28

L

lamarkizm 105
łańcuch troficzny 151
liczebność populacji 142

M

melanizm przemysłowy 116
migracje 115
mimetyzm 117
mimikra 117
mutacje 43, 114
 chromosomowe 46
 genowe 44
 indukowane 43
 korzystne 48
 liczbowe 46
 spontaniczne 43
mutageneza 60
mutualizm
 fakultatywny 145
 obligatoryjny 145

N

park 168
narządy
 analogiczne 111
 homologiczne 111
 szczątkowe 111
neutralizm 146
nić matrycowa 13
niepełna dominacja 29
nisza ekologiczna 138

O

obieg materii 152
obszary chronionego krajobrazu 168
Obszary Natura 2000 169
ochrona
całkowita 166
częściowa 166, 168
indywidualna 170
ściśła 168
odciski 109
odlewy 109
onkogeny 49
optimum 139
organizm transgeniczny 70

P

paleontologia 109
park
krajobrazowy 168
pasożytnictwo 146
piramida wieku 144
pokolenie
potomne 26
rodzicielskie 26
polimeraza 13
populacja 113, 136
poradnictwo genetyczne 88
poziom troficzny 150
prawa Mendla 26
pre-mRNA 14
procesy biotechnologiczne 62
producenci 150
promotor 13
protobiony 122
protoonkogeny 49
przepływ energii 152
pula genowa 113

R

ramka odczytu 15
regulacja ekspresji genów 20

reintrodukcja 166
rekombinowanie DNA 66
replikacja 9
restytucja 166
rezerwat przyrody 168
rodowód 55
roślinożercy 150
rośliny transgeniczne 74
rozmieszczenie
losowe 143
równomierne 143
skupiskowe 143
różnorodność
biologiczna 158
ekosystemowa 158
gatunkowa 158
genetyczna 158

S

sekwencjonowanie 11
semikonserwatywność 9
sieć pokarmowa 151
siedlisko 136, 138
skamieniałość 109
skutki mutacji 47
specjacja 119
środowisko 137
biologiczne 137
fizyczne 137
stanowisko dokumentacyjne 170
stenobionty 139
struktura
płciowa 144
przestrzenna 142
wiekowa 144
substytucja 44
sukcesja 153
pierwotna 154
wtórna 154
synteza współczesna 107
szczątki kopalne 109
sztuczna selekcja 60

T

teoria
endosymbiozy 122
ewolucji 104
terapia genowa 91
terminacja
transkrypcji 14
translacji 20
terytorializm 144
testy genetyczne 89
transgeniczne zwierzęta 76
transkrypcja 8
translacja 8
translokacja 46
triplet 14
tRNA 17

U

użytek ekologiczny 170

W

wektory 66

Z

zagęszczenie populacji 142
zawleczenie 164
zespół
Downa 53
Klinefeltera 54
przyrodniczo-krajobrazowy 170
Turnera 54
zmienność
genetyczna 41
mutacyjna 42
rekombinacyjna 42
środowiskowa 40
zrównoważony rozwój 170
żywa skamieniałość 110