NOWA Biologia na czasie

4

PODRĘCZNIK • LICEUM • TECHNIKUM

ZAKRES ROZSZERZONY

FRANCISZEK DUBERT

MAREK JURGOWIAK

WŁADYSŁAW ZAMACHOWSKI

nowa era Twoje mocne strony

NOWA
Biologia
na czasie



O czym jest podręcznik?

W podręczniku *Biologia na czasie 4* znajdziesz informacje dotyczące genetyki, biotechnologii, ewolucji organizmów i ekologii. Pozwolą Ci one lepiej zrozumieć m.in. mechanizmy dziedziczenia cech, związek między organizmami a środowiskiem, a także wpływ procesów ewolucyjnych na różnorodność organizmów.



Do czego służą poszczególne elementy podręcznika?

Przypomnij sobie

Najważniejsze treści omawiane **w klasach 1, 2 i 3** pomogą Ci zrozumieć nowe wiadomości.

Samouczek

Samouczek ułatwi Ci **naukę kluczowych umiejętności** biologicznych krok po kroku.

Ważne w tym temacie

Wyszczególnienie głównych treści na początku tematu podpowie Ci, które wiadomości są najważniejsze.

Doświadczenie

Doświadczenia i **obserwacje** zostały opisane w sposób, który umożliwi Ci dokładne przeanalizowanie ich poszczególnych etapów. **Obowiązkowe** doświadczenia i obserwacje zostały oznaczone symbolem .

Dowiedz się więcej

Dodatkowe treści dotyczące danego tematu pozwolą Ci lepiej zrozumieć omawiane zagadnienia i pogłębić wiedzę biologiczną.

Polecenia kontrolne

Wykonanie poleceń umieszczonych na końcu tematu pozwoli Ci sprawdzić wiedzę i utrwalić zdobyte wiadomości.

WIESZ, UMIESZ, ZDASZ
Metoda kształcenia kluczowych umiejętności z biologii

Podsumowanie

Syntetyczne zestawienie kluczowych wiadomości z danego działu umożliwi Ci szybkie opanowanie wiedzy przed sprawdzianem.

Sposób na zadania

Szczegółowe wskazówki i podpowiedzi pozwolą Ci wykształcić umiejętność rozwiązywania zadań o różnej formie.

Zadania powtórzeniowe

Te **zadania** umożliwią Ci sprawdzenie wiedzy z danego działu oraz wykształcenie umiejętności rozwiązywania różnorodnych typów zadań.

Tablice biologiczne

Ważne **zagadnienia biologiczne opracowane w tabelaryczny sposób** ułatwią Ci uporządkowanie i utrwalenie wiedzy.

Spis treści

1. Genetyka molekularna

1.1. Budowa i rola kwasów nukleinowych 6
1.2. Replikacja DNA 15
1.3. Ekspresja genów 23
1.4. Regulacja ekspresji genów 38
Podsumowanie 42
Sposób na zadania 44
Zadania powtórzeniowe 46

2. Genetyka klasyczna

2.1. Podstawowe pojęcia i prawa genetyki klasycznej 50
2.2. Dziedziczenie jednogenowe. Różne stosunki dominacji 61
2.3. Dziedziczenie wielogenowe 69
2.4. Chromosomowa teoria dziedziczenia 75
2.5. Determinacja płci. Cechy sprzężone z płcią 85
2.6. Dziedziczenie pozajądrowe 92
Podsumowanie 95
Sposób na zadania 97
Zadania powtórzeniowe 99

3. Zmienność organizmów

3.1. Rodzaje zmienności 102
3.2. Analiza statystyczna w badaniu zmienności organizmów 106
3.3. Mutacje 110
3.4. Choroby jednogenowe 119
3.5. Zespoły aberracji chromosomowych 126
Podsumowanie 129
Sposób na zadania 131
Zadania powtórzeniowe 134

4. Biotechnologia molekularna

4.1. Biotechnologia 136
4.2. Podstawowe narzędzia i techniki inżynierii genetycznej 141
4.3. Organizmy zmodyfikowane genetycznie 155
4.4. Klonowanie organizmów i komórek 163
4.5. Zastosowania biologii molekularnej 170
Podsumowanie 188
Sposób na zadania 191
Zadania powtórzeniowe 192

5. Ewolucja organizmów

5.1. Dowody ewolucji 196
5.2. Dobór naturalny – główny mechanizm ewolucji 211
5.3. Ewolucja na poziomie gatunku i populacji 220
5.4. Powstawanie gatunków – specjacja 227
5.5. Prawidłowości ewolucji. Koewolucja 239
5.6. Antropogeneza 244
Podsumowanie 251
Sposób na zadania 254
Zadania powtórzeniowe 256

6. Ekologia i różnorodność biologiczna

6.1. Podstawy ekologii. Tolerancja ekologiczna 260
6.2. Ekologia populacji 271
6.3. Zależności nieantagonistyczne 281
6.4. Zależności antagonistyczne 286
6.5. Ekologia ekosystemu 298
6.6. Obieg azotu i węgla w przyrodzie 305
6.7. Różnorodność biologiczna 309
6.8. Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną 318
6.9. Ochrona różnorodności biologicznej 327
Podsumowanie 335
Sposób na zadania 338
Zadania powtórzeniowe 340
Sposób na zadania – odpowiedzi 342
Doświadczenia i obserwacje – odpowiedzi 343
Przydatne terminy 344
Indeks 348
Literatura uzupełniająca 351

1. Genetyka molekularna

Fot. Model przedstawiający rybosom w trakcie translacji.

1.1. Budowa i rola kwasów nukleinowych

Ważne w tym temacie!

- skład chemiczny oraz struktura cząsteczek DNA i RNA
- biologiczne znaczenie kwasów nukleinowych

Wyróżnia się dwa rodzaje kwasów nukleinowych: **kwas deoksyrybonukleinowy** (DNA) oraz **kwas rybonukleinowy** (RNA). Związki te są nośnikami informacji genetycznej, ponieważ są w nich zapisane informacje o cechach organizmu. Kompletna informacja genetyczna organizmu lub wirusa nosi nazwę **genomu**.

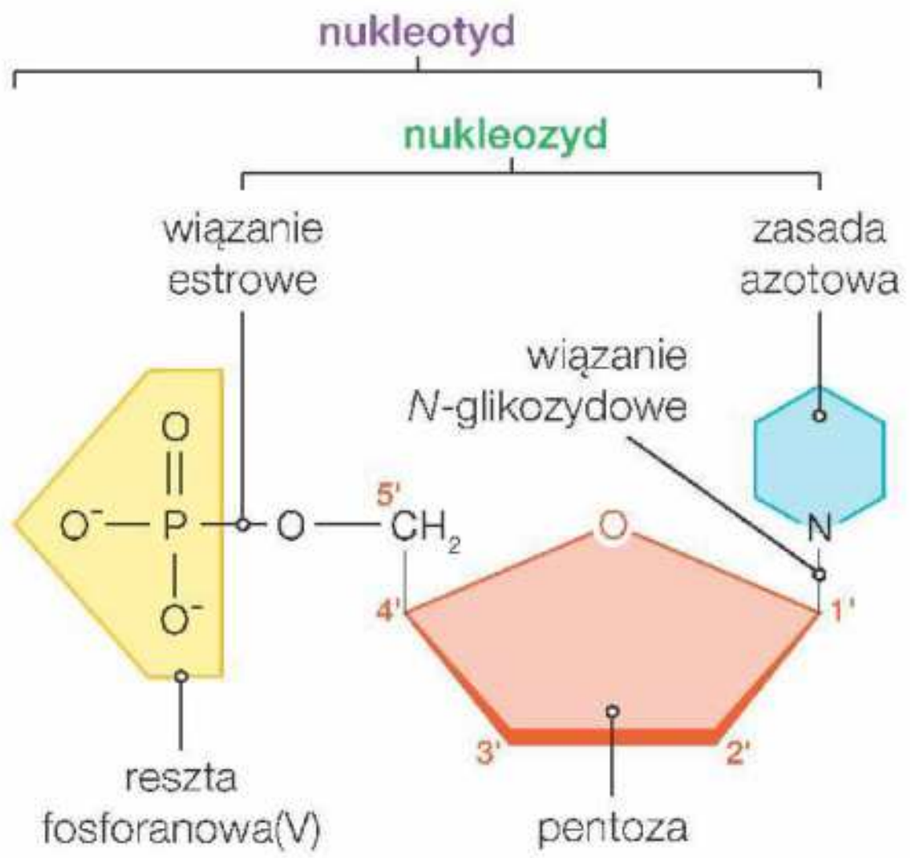
Pod względem budowy oba kwasy nukleinowe są polimerami, które składają się z monomerów – **nukleotydów**.

Budowa nukleotydów

Każdy nukleotyd składa się z:

- **pięciowęglowego cukru** (pentozy) – rybozy lub deoksyrybozy,
- **reszty fosforanowej(V)**,
- jednej z pięciu **zasad azotowych**:
  - dwupierścieniowych puryn: adeniny (A) lub guaniny (G),
  - jednopierścieniowych pirymidyn: cytozyny (C), tyminy (T) lub uracylu (U).

Pięciowęglowy cukier łączy się z zasadą azotową wiązaniem N-glikozydowym, w wyniku czego powstaje **nukleozyd**. Z kolei nukleozyd łączy się z resztą fosforanową(V) wiązaniem estrowym i tak powstaje **nukleotyd**.



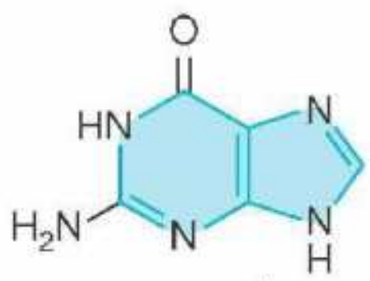
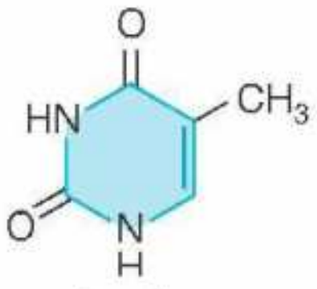
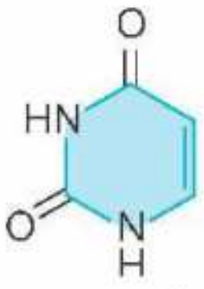
Budowa nukleotydu.

Porównanie budowy nukleotydu z budową nukleozydu

nukleotyd = zasada azotowa + pięciowęglowy cukier + reszta fosforanowa(V)

nukleozyd = zasada azotowa + pięciowęglowy cukier

Rodzaje zasad azotowych

Dwupierścieniowe puryny		Jednopierścieniowe pirymidyny		
 guanina	 adenina	 cytozyna	 tymina	 uracyl

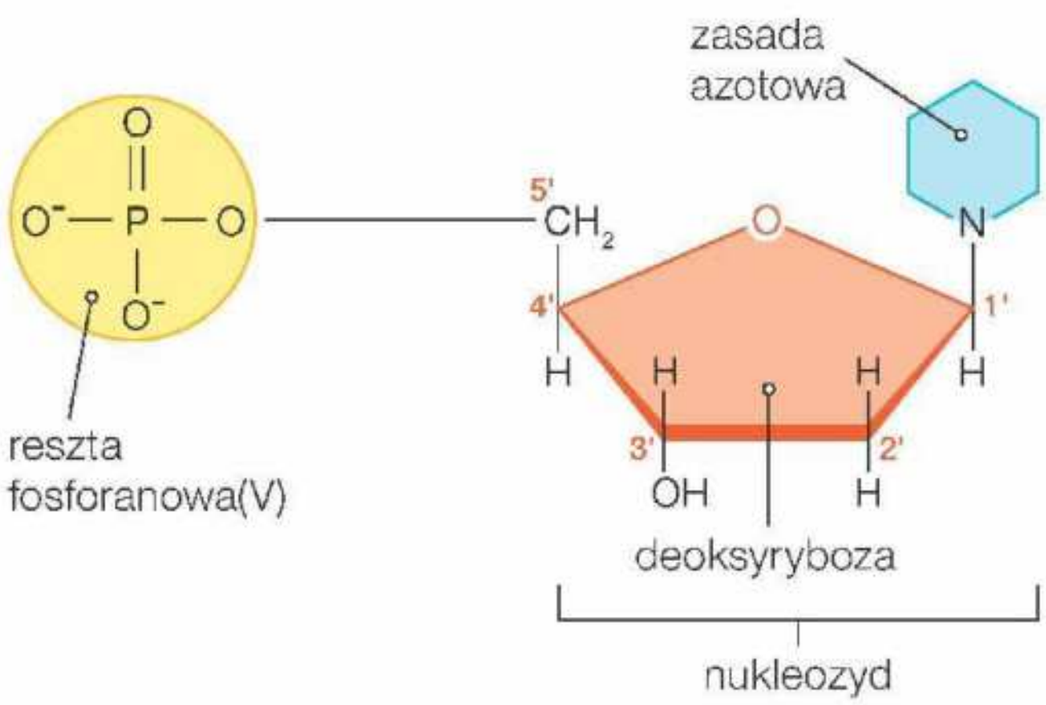
Budowa nukleotydu DNA

Nukleotydy DNA (deoksyrybonukleotydy) składają się z:

- pięciowęglowego cukru – deoksyrybozy,
- reszty fosforanowej(V),
- jednej z czterech zasad azotowych: adeniny (A), guaniny (G), cytozyny (C) lub tyminy (T).

Nazwy nukleotydów DNA pochodzą od nazw odpowiadających im nukleozydów: deoksyadenozyny, deoksyguanozyny, deoksycytydyny lub tymidyny. Konstruuje się je według wzoru: nukleozydo-5′-monofosforan (np. deoksyguanozyno-5′-monofosforan). Cyfra 5′ pochodzi od miejsca przyłączenia reszty fosforanowej(V), czyli piątego atomu węgla deoksyrybozy.

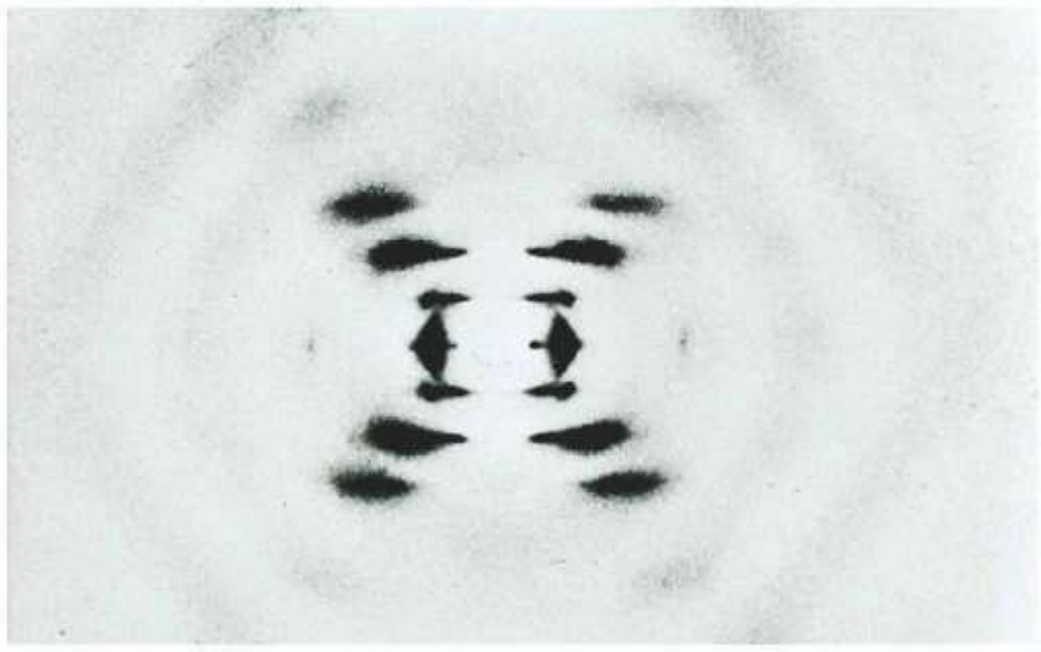
Długość dwuniciowej cząsteczki DNA określa się w parach zasad (pz). Liczba par zasad odpowiada liczbie par nukleotydów wchodzących w skład cząsteczki DNA.



Budowa nukleotydu DNA (deoksyrybonukleotydu).

Budowa przestrzenna DNA

Budowę przestrzenną cząsteczki DNA udało się ustalić dopiero w 1953 r. Dokonali tego James Watson [wym. dżejms łotsn] i Francis Crick [wym. fransis krik]. Nie prowadzili oni jednak badań laboratoryjnych nad strukturą DNA, ale opierali się na wynikach prac innych naukowców. Najważniejsze w tym względzie okazały się eksperymenty Rosalind Franklin pracującej w zespole badawczym Maurice'a Wilkinsa [wym. małrisa łilkinza]. Rosalind Franklin próbowała ustalić strukturę DNA na podstawie zdjęć rentgenowskich kryształów DNA.



Zdjęcie rentgenowskie kryształu DNA uzyskane przez R. Franklin. Widoczne ciemne plamy ułożone w centrum w kształt X świadczą o tym, że DNA ma strukturę helisy.



Watson i Crick z modelem budowy DNA.

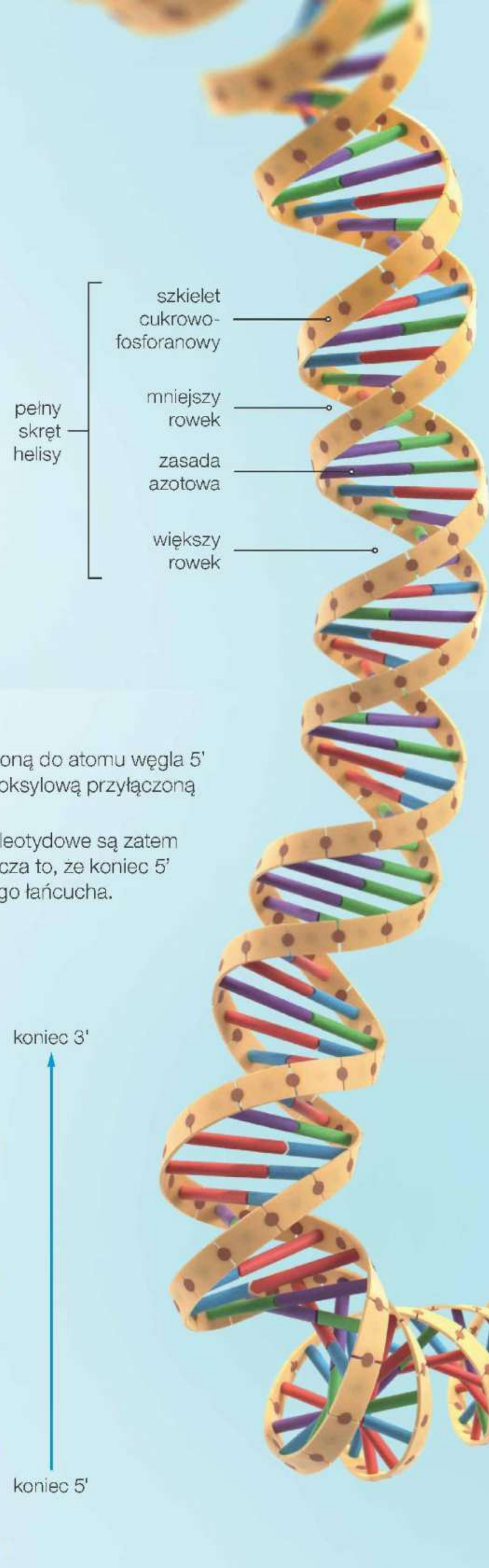
Dzięki tym badaniom odkryto, że cząsteczka DNA składa się zwykle z dwóch łańcuchów polinukleotydowych, skręconych śrubowo (helikalnie) wokół wspólnej osi. Struktura ta nosi nazwę **podwójnej helisy**. Dokładny schemat budowy DNA wraz z wiązaniami łączącymi poszczególne elementy tego kwasu znajduje się na → s. 8–9.

Rola DNA

Kwas deoksyrybonukleinowy jest materiałem genetycznym u wszystkich organizmów oraz niektórych wirusów. Określa on strukturę pierwszorzędową zarówno cząsteczek RNA, jak i cząsteczek białek. Od białek zależą natomiast poszczególne cechy organizmu (morfologiczne, anatomiczne i fizjologiczne). Cechy te są przekazywane z pokolenia na pokolenie, co oznacza, że DNA jest nośnikiem informacji genetycznej, odpowiadającym za dziedziczenie cech.

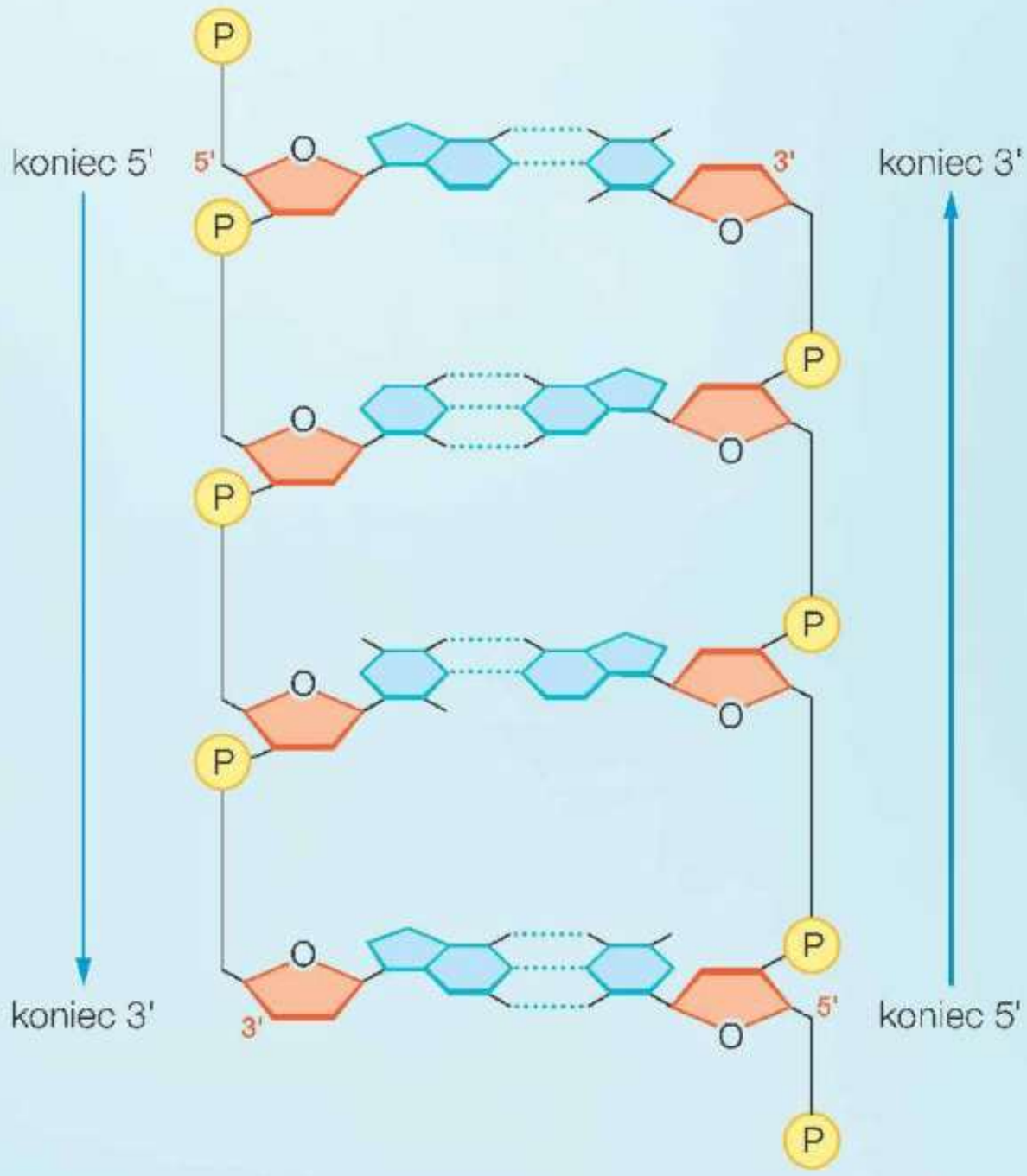
Budowa DNA

Cząsteczka DNA ma strukturę prawoskrętnej podwójnej helisy. Po jej zewnętrznej stronie znajdują się cząsteczki deoksyrybozy oraz reszty fosforanowe(V) tworzące szkielet cukrowo-fosforanowy. Do wnętrza są skierowane zasady azotowe. Nici DNA są tak skręcone, że powstają dwa rodzaje rowków, dzięki którym białka łączące się z DNA mogą rozpoznać odpowiednią sekwencję nukleotydów bez rozplatania podwójnej helisy. Na pełny skręt helisy przypada 10 par nukleotydów.

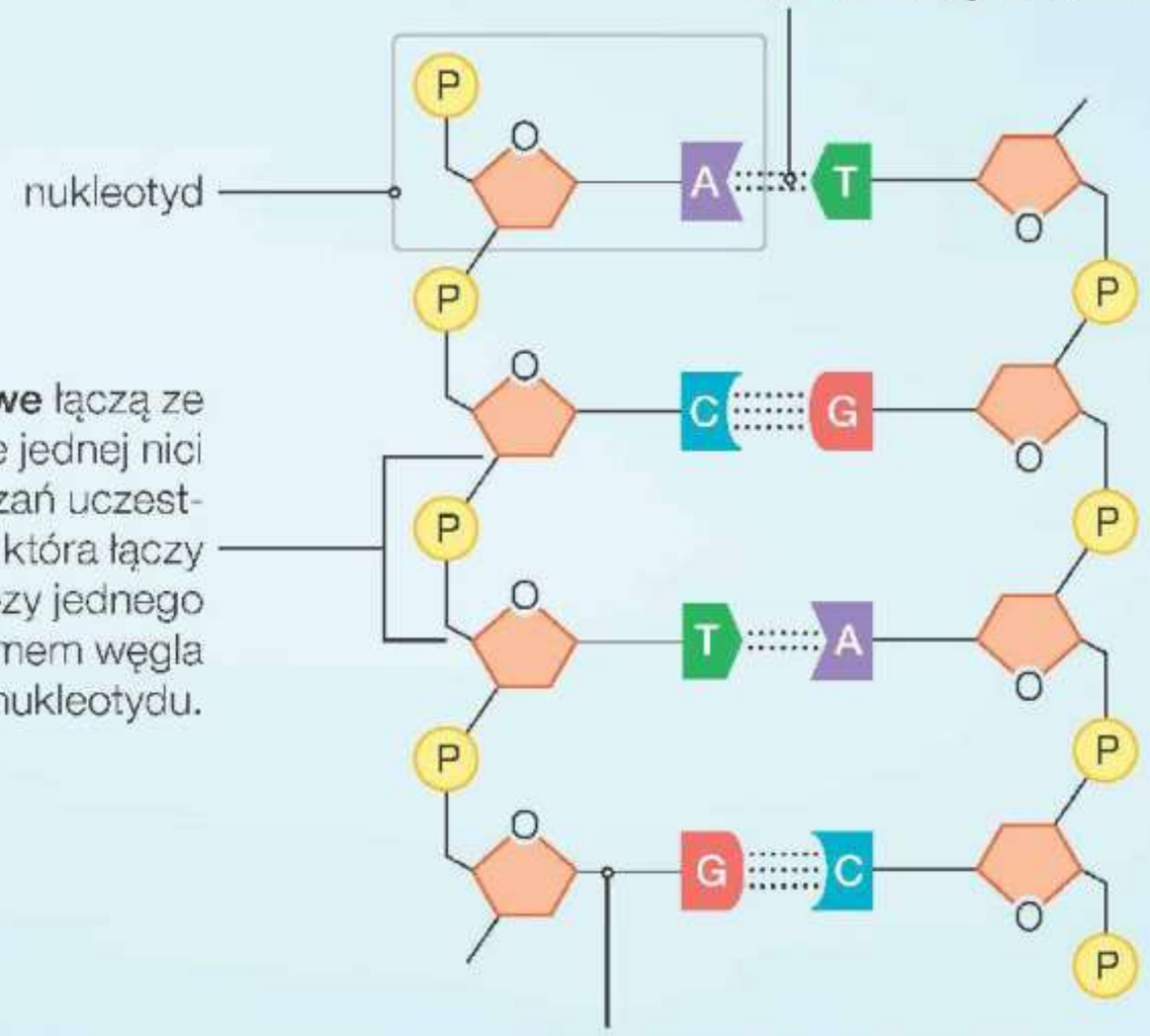


Końce nici DNA

- **Koniec 5'** to koniec z grupą fosforanową przyłączoną do atomu węgla 5' deoksyrybozy, a **koniec 3'** to koniec z grupą hydroksylową przyłączoną do atomu węgla 3' deoksyrybozy.
- W dwuniciowej cząsteczce DNA łańcuchy polinukleotydowe są zatem **antyrównoległe** (przeciwnie zorientowane). Oznacza to, że koniec 5' jednego łańcucha leży naprzeciw końca 3' drugiego łańcucha. Tę właściwość nazywamy **polarnością nici DNA**.



Rodzaje wiązań w cząsteczce DNA



Wiązania wodorowe łączą ze sobą leżące naprzeciwko siebie zasady azotowe.

Wiązania 3',5'-fosfodiestrowe łączą ze sobą nukleotydy w obrębie jednej nici DNA. W tworzeniu tych wiązań uczestniczy reszta fosforanowa(V), która łączy trzeci atom węgla deoksyrybozy jednego nukleotydu z piątym atomem węgla deoksyrybozy drugiego nukleotydu.

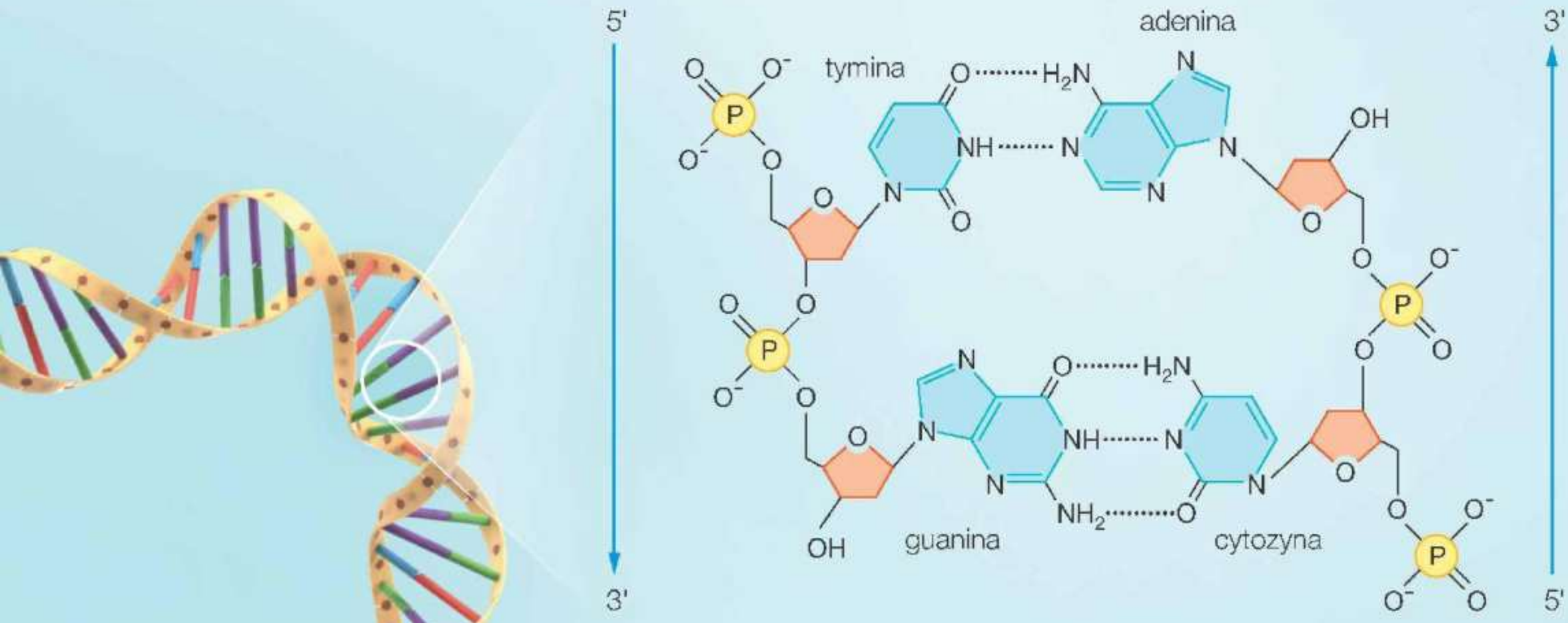
Wiązanie N-glikozydowe łączy zasadę azotową z deoksyrybozą.

Zasada komplementarności

Nici DNA łączą się ze sobą za pomocą wiązań wodorowych występujących pomiędzy zasadami azotowymi, które tworzą pary zgodnie z **zasadą komplementarności**:

- adenina łączy się zawsze z tyminą (za pomocą dwóch wiązań wodorowych),
- guanina łączy się zawsze z cytozyną (za pomocą trzech wiązań wodorowych).

Dzięki temu w cząsteczce DNA ilość adeniny jest równa ilości tyminy, a ilość cytozyny jest równa ilości guaniny. Prawidłowość ta jest nazywana **regułą Chargaffa** [wym. szargafa]. Reguła Chargaffa nie dotyczy cząsteczek jednoniciowego DNA (ssDNA) występującego u niektórych wirusów.

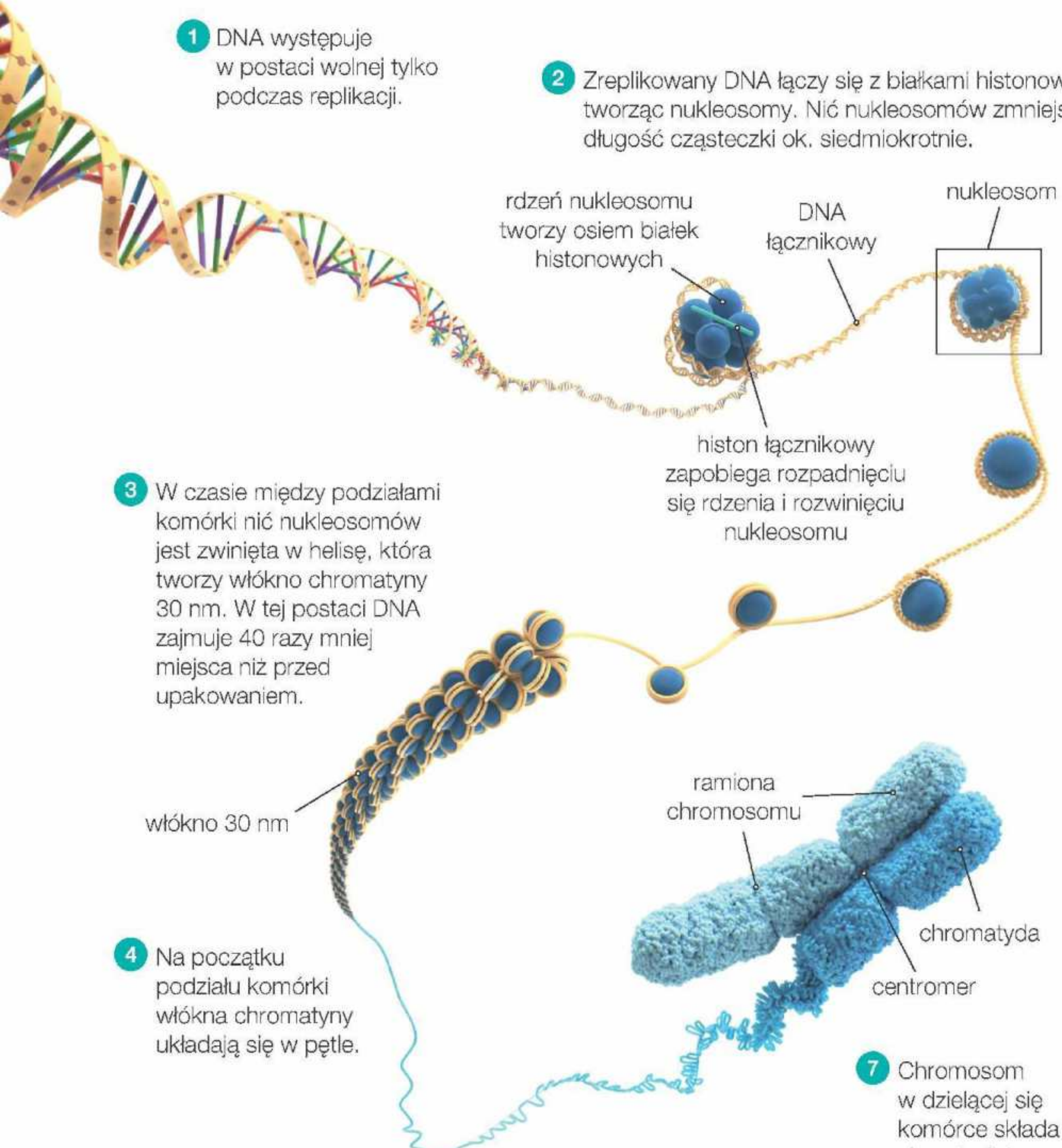


Upakowanie DNA w jądrze komórkowym

Łączna długość cząsteczek DNA w jądrze komórki człowieka wynosi ok. 2 m, podczas gdy średnica jądra komórkowego ma zaledwie 5–8 µm. Aby częsteczki DNA mogły się zmieścić w tak małej przestrzeni, muszą być odpowiednio upakowane. Jest to możliwe dzięki ich łączeniu się z białkami histonowymi.

1 DNA występuje w postaci wolnej tylko podczas replikacji.

2 Zreplikowany DNA łączy się z białkami histonowymi, tworząc nukleosomy. Nić nukleosomów zmniejsza długość cząsteczki ok. siedmiokrotnie.



3 W czasie między podziałami komórki nić nukleosomów jest zwinięta w helisę, która tworzy włókno chromatyny 30 nm. W tej postaci DNA zajmuje 40 razy mniej miejsca niż przed upakowaniem.

4 Na początku podziału komórki włókna chromatyny układają się w pętle.

5 Pętle zwijają się spiralnie i tworzą włókna chromatyny 300 nm.

6 W postaci najbardziej skondensowanej długość cząsteczki DNA zmniejsza się ok. 9 tys. razy.

7 Chromosom w dzielącej się komórce składa się z dwóch jednakowych cząsteczek DNA, zwanych chromatydami siostrzanymi.

Samouczek

Wykorzystanie zasady komplementarności do obliczania liczby poszczególnych nukleotydów w DNA

Przykład

Cząsteczka DNA składa się z 250 nukleotydów, z których 75 zawiera cytozynę.

Określ, ile nukleotydów w tej cząsteczce zawiera tyminę.

Wskazówka:

Dzięki zasadzie komplementarności wiesz, że liczba nukleotydów z tyminą (T) jest równa liczbie nukleotydów z adeniną (A). Jednakowa jest także liczba nukleotydów z cytozyną (C) i liczba nukleotydów z guaniną (G).

Krok 1

Ustal liczbę nukleotydów z guaniną.
Jeśli liczba nukleotydów z C = 75, to liczba nukleotydów z G = 75.
Łączna liczba nukleotydów z C i G wynosi:
75 + 75 = 150

Krok 2

Aby obliczyć liczbę nukleotydów z adeniną i tyminą, musisz odjąć od całkowitej liczby nukleotydów sumę nukleotydów z cytozyną i guaniną.
Łączna liczba nukleotydów z A i T wynosi:
250 – 150 = 100

Krok 3

Oblicz liczbę nukleotydów z tyminą – w tym celu podziel wynik otrzymany w poprzednim działaniu przez dwa.
Liczba nukleotydów z T wynosi: 100 : 2 = 50

Odpowiedź:

W opisywanej cząsteczce tyminę zawiera 50 nukleotydów.

Wykorzystanie reguły Chargaffa do odróżniania DNA dwuniciowego od DNA jednoniciowego

Przykład

Fragment DNA o długości 200 nukleotydów zawiera 63 nukleotydy z guaniną i 56 nukleotydów z adeniną.

Ustal, czy jest to cząsteczka jednoniciowa czy dwuniciowa. Uzasadnij odpowiedź.

Krok 1

Załóż, że cząsteczka DNA jest dwuniciowa. Prawdziwość tego założenia sprawdzisz, ustalając, czy dane z zadania zgadzają się z informacjami dotyczącymi budowy dwuniciowego DNA. Ustal liczbę wszystkich rodzajów nukleotydów.

Krok 2

Wykorzystaj regułę Chargaffa do obliczenia liczby nukleotydów komplementarnych.
Liczba nukleotydów podana w zadaniu: G = 63, A = 56
Według reguły Chargaffa: liczba C jest równa liczbie G, czyli C = 63; liczba T jest równa liczbie A, czyli T = 56

Krok 3

Oblicz całkowitą liczbę nukleotydów w cząsteczce i porównaj ją z liczbą podaną w zadaniu.
Liczba nukleotydów:
liczba G + liczba A + liczba C + liczba T, czyli:
63 + 56 + 63 + 56 = 238
Liczba nukleotydów podana w zadaniu = 200
Liczby są różne.

Odpowiedź:

Jest to jednoniciowa cząsteczka DNA. W dwuniciowej cząsteczce DNA odpowiednie zasady azotowe są komplementarne. Jeżeli nukleotydów zawierających guaninę było 63, a nukleotydów zawierających adeninę – 56, to cząsteczka DNA musiałaby liczyć 238 nukleotydów. Według danych z zadania w cząsteczce jest tylko 200 nukleotydów, zatem zasady azotowe nie mogą być wzajemnie komplementarne – oznacza to, że cząsteczka nie może być dwuniciowa.

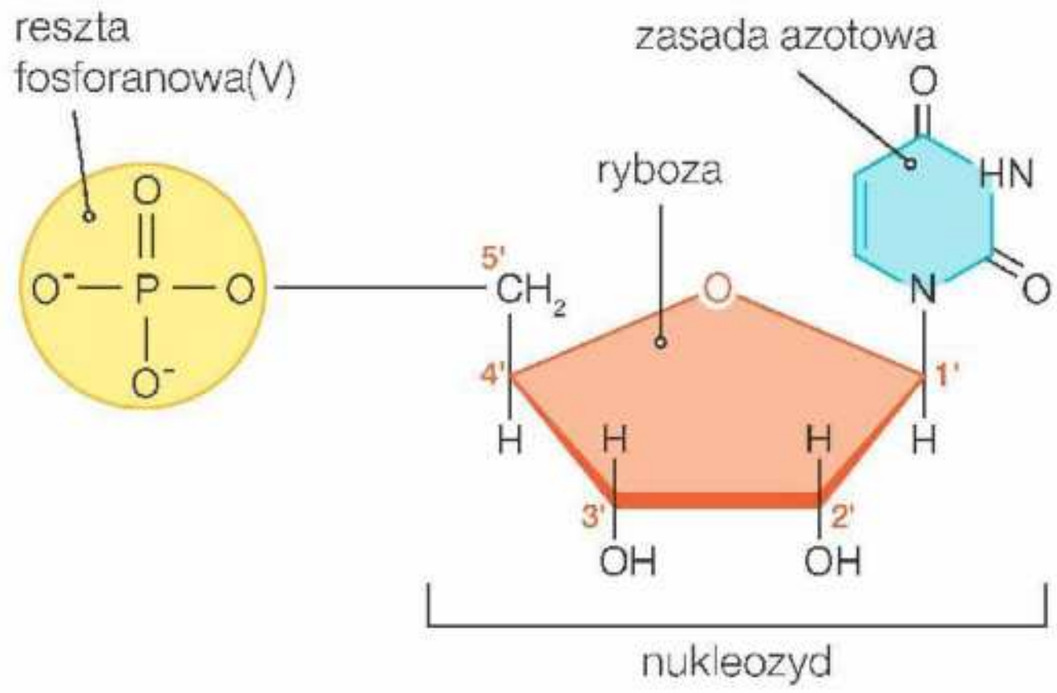
Budowa RNA

Nukleotydy RNA (rybonukleotydy) składają się z:

- pięciowęglowego cukru – rybozy,
- reszty fosforanowej(V),
- jednej z czterech zasad azotowych: adeniny (A), guaniny (G), cytozyny (C) lub uracylu (U).

Nazwy nukleotydów RNA pochodzą od nazw odpowiadających im nukleozydów: adenozyny, guanozyny, cytydyny lub urydyny. Konstruuje się je według wzoru: nukleozydo-5′-monofosforan (np. guanozyno-5′-monofosforan). Cyfra 5′ pochodzi od miejsca przyłączenia reszty fosforanowej(V), czyli piątego atomu węgla rybozy.

Cząsteczki RNA, w odróżnieniu od cząsteczek DNA, są zwykle jednoniciowe – buduje je jeden łańcuch polinukleotydowy. Mogą w nich jednak występować fragmenty dwuniciowe, powstałe na skutek łączenia się komplementarnych nukleotydów jednej nici. Komplementarne pary zasad w RNA to: adenina i uracyl oraz guanina i cytozyna.



Budowa nukleotydu RNA (rybonukleotydu).

Rodzaje RNA

Trzy podstawowe rodzaje RNA, które występują u wszystkich organizmów, to:

- **mRNA** – informacyjny (matrycowy) RNA,
- **rRNA** – rybosomowy RNA,
- **tRNA** – transportujący RNA.

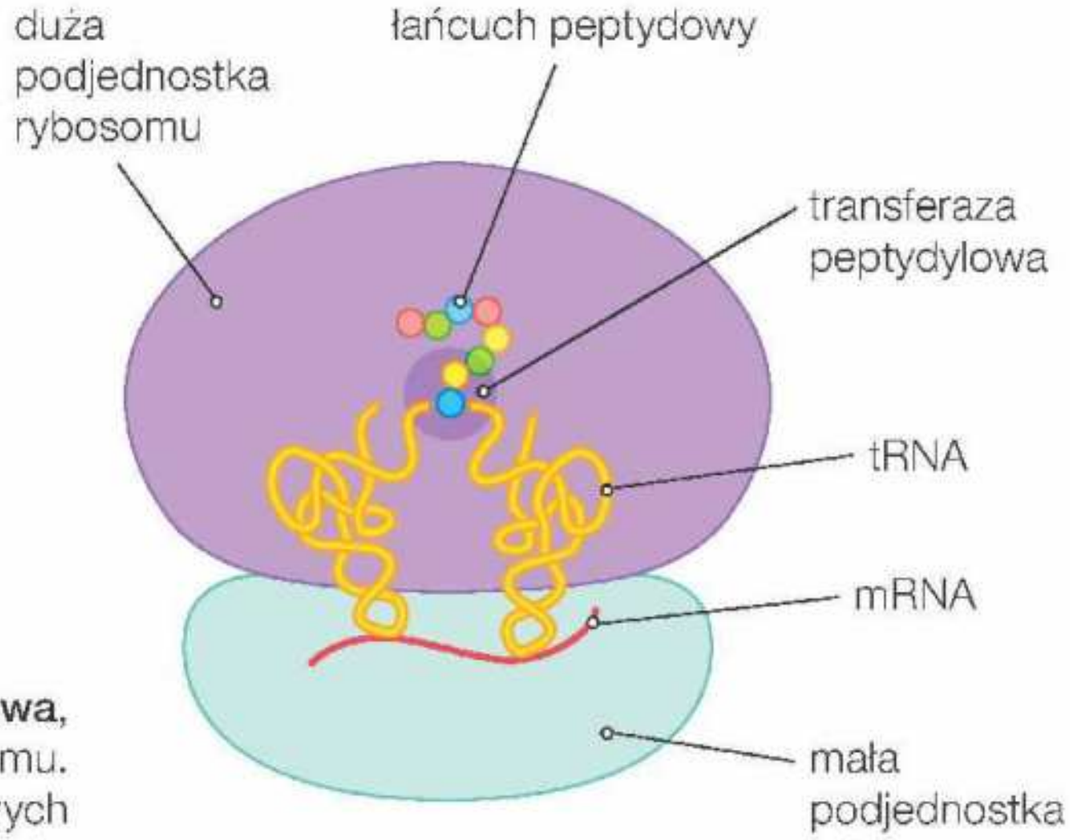
U organizmów eukariotycznych występują też inne rodzaje RNA. Uczestniczą one bezpośrednio lub pośrednio w odczytywaniu informacji genetycznej, przy czym główną rolę odgrywają w tym procesie mRNA, rRNA i tRNA (→ s. 13). Informacyjny RNA (mRNA) odpowiada za przenoszenie informacji o budowie białek zakodowanej w DNA. Z tego względu określa się go mianem **kodującego RNA**. Pozostałe rodzaje RNA nazywa się **niekodującym RNA**.

Niektóre cząsteczki RNA wykazują aktywność enzymatyczną – są to tzw. **rybozymy**.

Przypomnij sobie

Rybozymy

Rybozymy to cząsteczki RNA o właściwościach katalitycznych. Zwykle są one jednoniciowe, jednak występują w nich także fragmenty dwuniciowe, powstałe na skutek łączenia się komplementarnych nukleotydów jednej nici.



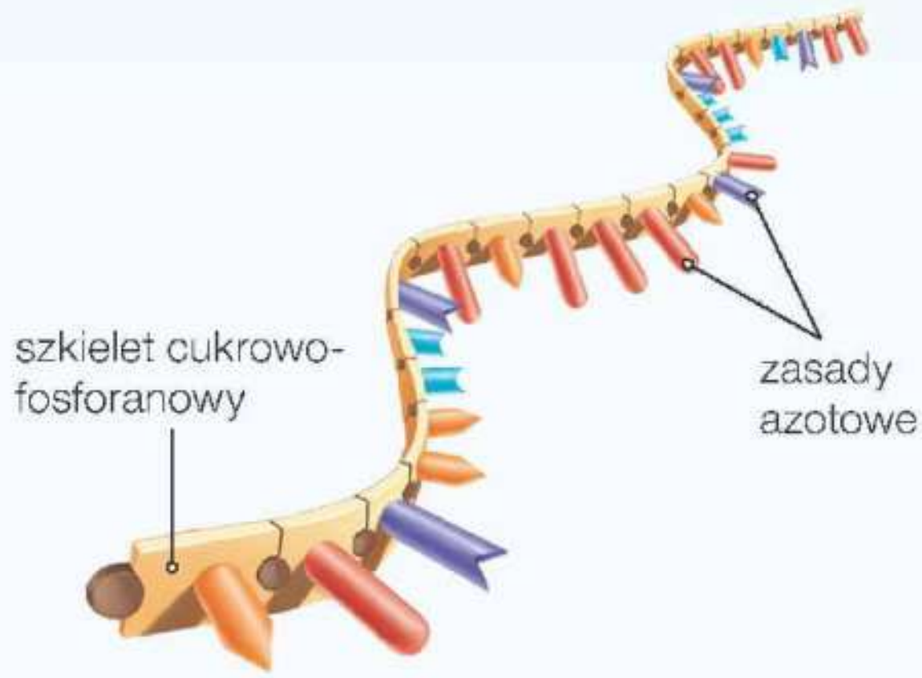
Przykładem rybozymu jest transferaza peptydylowa, która wchodzi w skład dużej podjednostki rybosomu. Katalizuje ona tworzenie wiązań peptydowych w trakcie syntezy białek.

Rodzaje i funkcje RNA

W komórkach występuje kilka rodzajów RNA, które różnią się od siebie liczbą oraz sekwencją budujących je nukleotydów, a także strukturą przestrzenną i funkcjami.

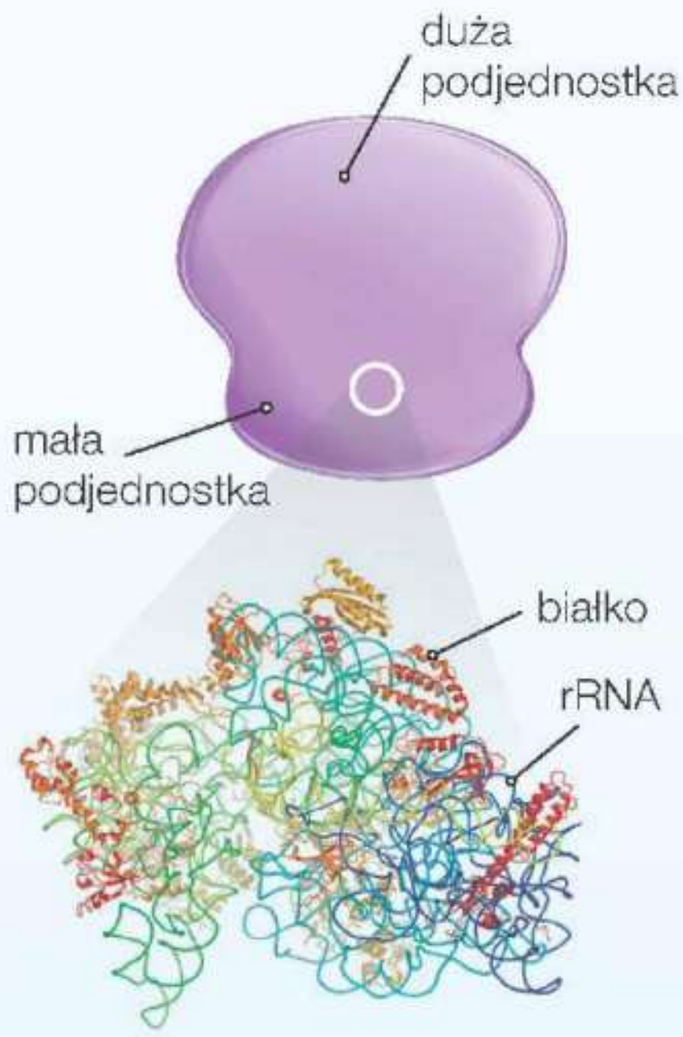
Informacyjny RNA (mRNA)

Budowa: pojedynczy łańcuch polinukleotydowy.
Funkcja: służy jako matryca do syntezy białka w procesie translacji (→ s. 32–33).



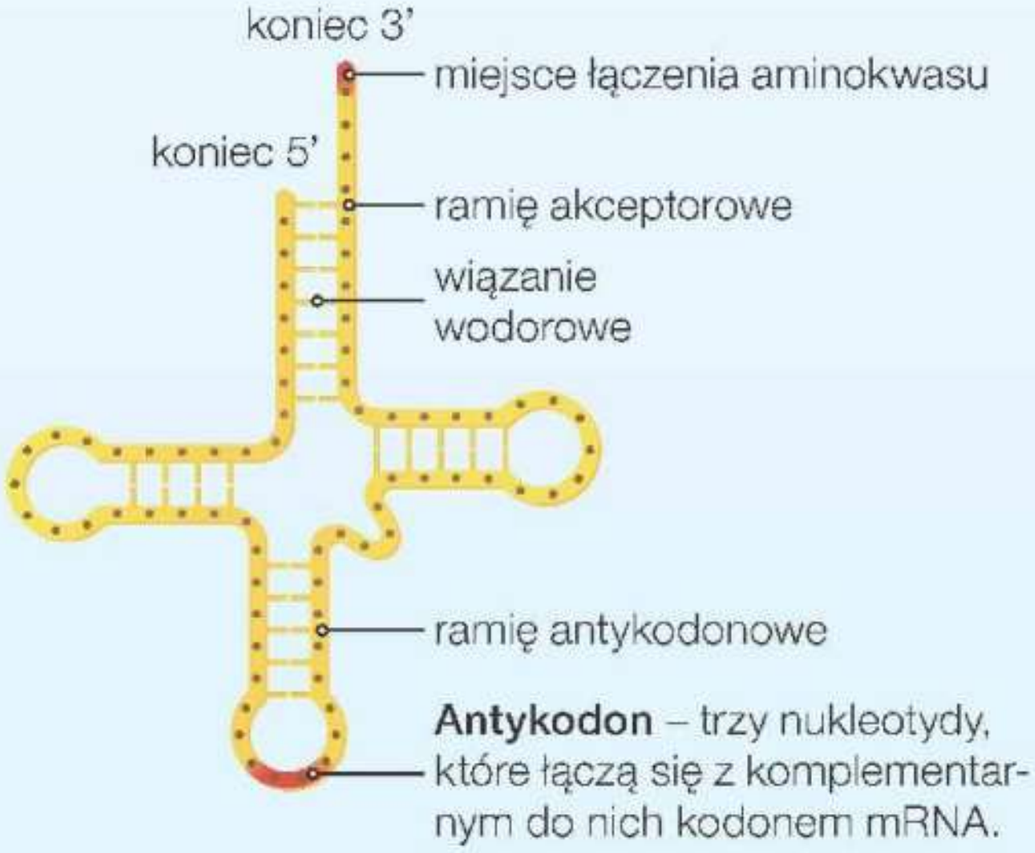
Rybosomowy RNA (rRNA)

Budowa: wchodzi w skład rybosomów – kompleksów nukleoproteinowych składających się z rRNA i białek.
Funkcja: rybosomy wiążą mRNA i na podstawie zawartej w nim informacji genetycznej syntetyzują białka w procesie translancji (→ s. 32–33).



Transportujący RNA (tRNA)

Budowa: pojedynczy łańcuch polinukleotydowy, który przyjmuje strukturę liścia koniczyny dzięki tworzeniu się wiązań wodorowych pomiędzy komplementarnymi parami zasad.
Funkcja: dostarczanie aminokwasów do rybosomów, gdzie zachodzi synteza białek zgodnie z kolejnością zapisaną w mRNA. Komórka zawiera wiele rodzajów tRNA, z których każdy wiąże określony aminokwas.



Lokalizacja RNA w komórce eukariotycznej

U organizmów eukariotycznych RNA występuje w jądrze komórkowym, cytozolu oraz organellach półautonomicznych – mitochondriach i chloroplastach.

W **jądrze komórkowym** są wytwarzane wszystkie rodzaje RNA, przy czym rRNA powstaje w jąderku. Wytworzone cząsteczki RNA, z wyjątkiem rRNA, wędrują przez pory jądrowe do cytozolu, gdzie pełnią różne funkcje. Z kolei rRNA łączy się w obrębie jąderka z białkami i tworzy w ten sposób podjednostki **rybosomów**, które również trafiają do cytozolu.

W **mitochondriach** i **chloroplastach** powstają: mRNA, tRNA i rRNA (składnik rybosomów organellowych), które uczestniczą w ekspresji genów znajdujących się w genomie mitochondrialnym i genomie chloroplastowym.

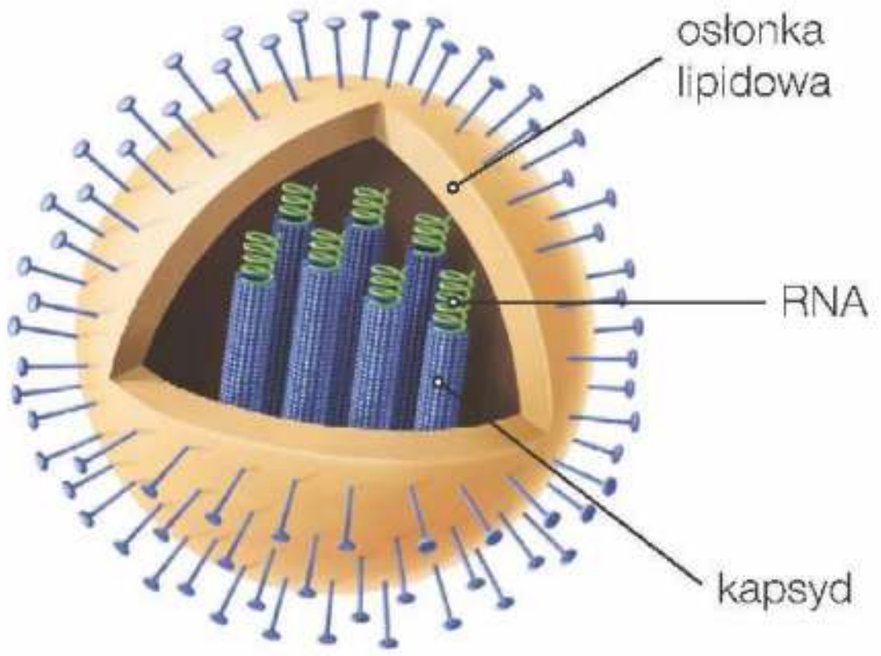
Lokalizacja RNA w komórce prokariotycznej

U organizmów prokariotycznych, które nie mają jądra komórkowego ani innych organelli komórkowych, wszystkie cząsteczki RNA i DNA znajdują się w **cytozolu**.

RNA jako materiał genetyczny wirusów

RNA stanowi materiał genetyczny niektórych wirusów. Jako materiał genetyczny RNA jest mniej stabilny niż DNA – podczas jego kopiowania powstaje więcej błędów. Ponadto RNA łatwiej ulega degradacji.

Cząsteczki RNA wirusów mogą być jednoniciowe (ssRNA) lub dwuniciowe (dsRNA). Do wirusów RNA należy większość wirusów atakujących komórki roślinne (np. wirus mozaiki tytoniu) i niektóre wirusy atakujące komórki zwierzęce (np. wirusy grypy, HIV i SARS-CoV-2).



Struktura wirusa grypy.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, w jaki sposób jest utrzymywana struktura podwójnej helisy DNA.
2. Omów, na czym polega polarność łańcuchów polinukleotydowych DNA.
3. Oblicz procentową zawartość:
   a. adeniny w dwuniciowej cząsteczce DNA, wiedząc, że cytozyna stanowi w niej 18% wszystkich zasad azotowych,
   b. guaniny w dwuniciowej cząsteczce DNA, wiedząc, że tymina stanowi w niej 22% wszystkich zasad azotowych.
4. Rozstrzygnij, czy fragment DNA o długości 300 par zasad, zawierający 120 nukleotydów z adeniną i 75 nukleotydów z cytozyną, jest cząsteczką jednoniciową czy dwuniciową. Odpowiedź uzasadnij.
5. Wyjaśnij, dlaczego parę zasad komplementarnych tworzy zasada purynowa z zasadą pirymidynową, a nie dwie zasady pirymidynowe lub dwie zasady purynowe. Zbadaj, jaki ma to wpływ na strukturę cząsteczki. W tym celu wykonaj tekturowy model fragmentu cząsteczki DNA.
6. Przeanalizuj podaną niżej sekwencję nukleotydów budujących jeden z łańcuchów DNA, a następnie zapisz w zeszycie sekwencję łańcucha komplementarnego do zaprezentowanego.
   5'-GCCATCATCCTTACC-3'

1.2. Replikacja DNA

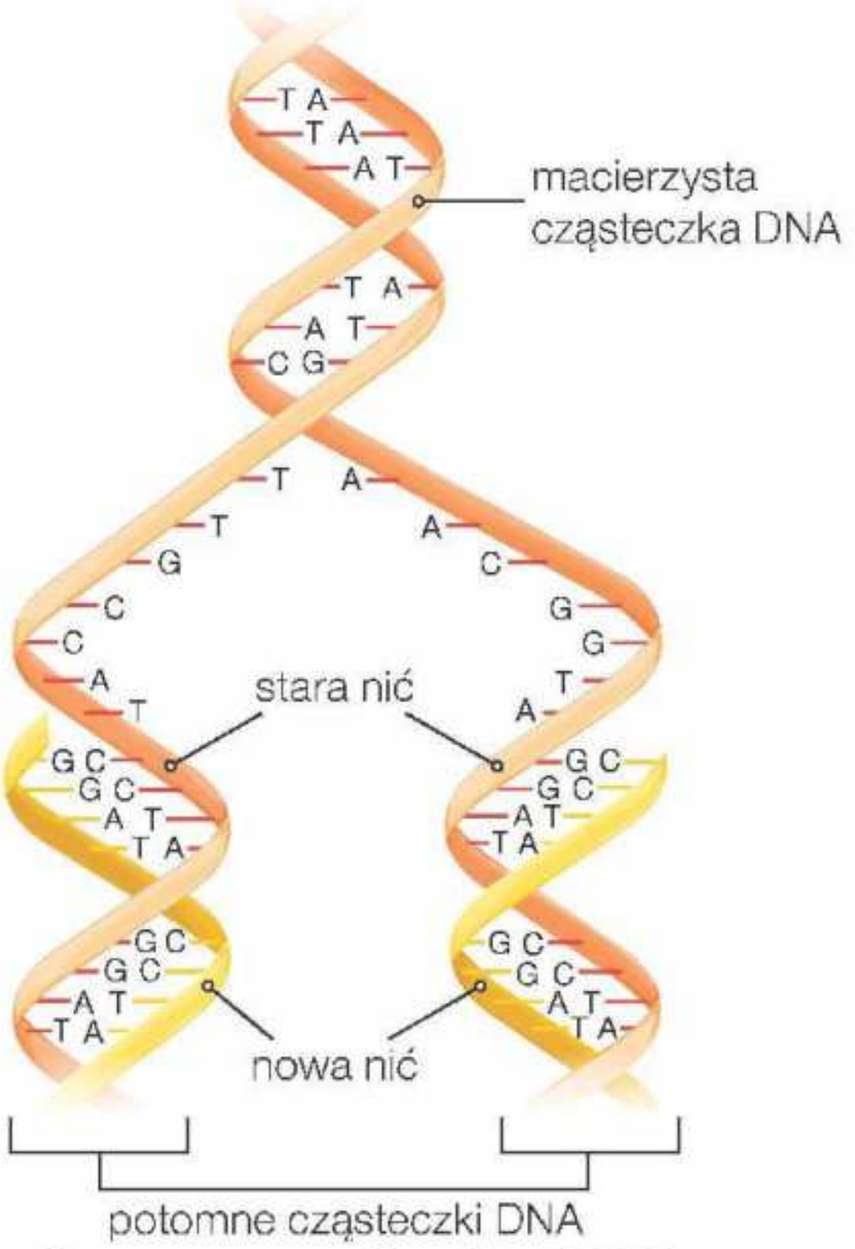
Ważne w tym temacie!

- znaczenie replikacji DNA
- mechanizm replikacji DNA

Replikacja DNA to proces, który prowadzi do powielenia cząsteczek DNA. Zachodzi on w **fazie S** cyklu komórkowego. W wyniku replikacji DNA powstają dwie identyczne kopie materiału genetycznego, które podczas podziałów komórkowych (faza M) mogą zostać przekazane do komórek potomnych. Z tego powodu replikacja DNA odgrywa zasadniczą rolę w przekazywaniu informacji genetycznej komórkom potomnym oraz organizmom potomnym.

Mechanizm semikonserwatywny

Replikacja jest procesem anabolicznym (→ s. 21). Macierzystą cząsteczkę DNA tworzą dwie komplementarne nici polinukleotydowe połączone wiązaniami wodorowymi. Po rozpleceniu helisy **(denaturacji DNA)** każda z nich stanowi matrycę do syntezy nowej nici, a kolejne nukleotydy są dobudowywane do niej zgodnie z zasadą komplementarności (→ s. 9). W wyniku replikacji DNA powstają dwie potomne cząsteczki DNA. Każda z nich składa się z jednej **nici starej**, pochodząca z cząsteczki macierzystej, i jednej **nici nowej**. Z tego względu replikację DNA określa się mianem **semikonserwatywnej** lub półzachowawczej.

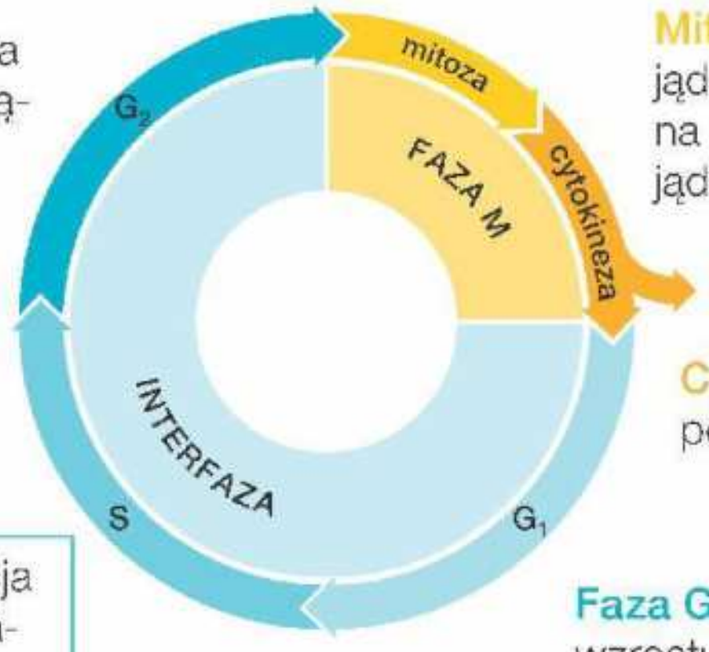


Model semikonserwatywnej replikacji DNA.

Przypomnij sobie

Cykl komórkowy

Cykl komórkowy to uporządkowany ciąg procesów zachodzących w trakcie życia komórki, obejmujący wzrost komórki, a następnie jej podział na dwie komórki potomne. Składa się z **interfazy**, czyli okresu międzypodziałowego, który obejmuje fazy G_1, S i G_2, oraz z **fazy M**, obejmującej mitozę i cytokinezę.



Faza G_2 – synteza białek uczestniczących w podziale komórki.

Mitoza – podział jądra komórkowego na dwa identyczne jądra potomne.

Cytokineza – podział cytoplazmy.

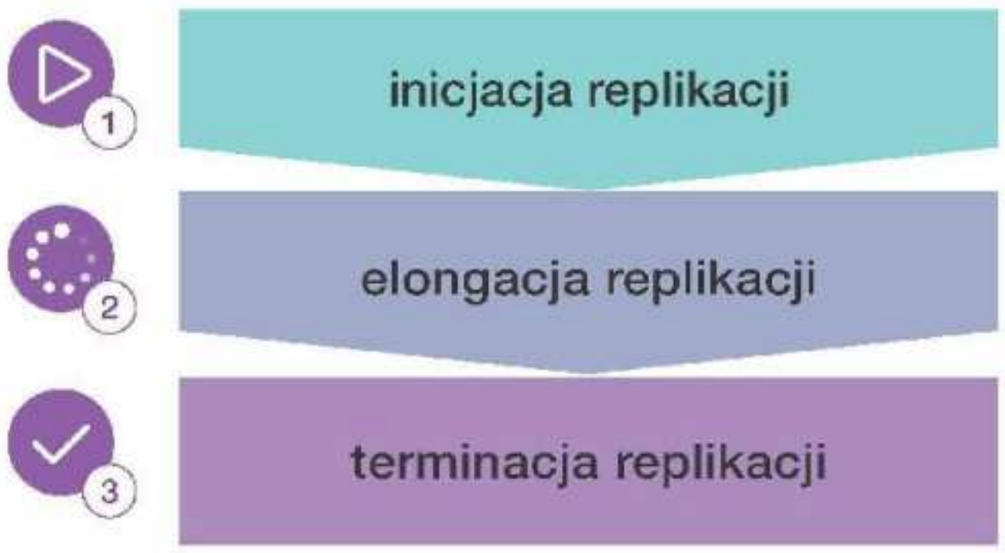
Faza S – replikacja DNA i synteza białek histonowych.

Faza G_1 – etap wzrostu komórki.

Przebieg replikacji DNA

Proces replikacji DNA przebiega w trzech głównych etapach.

Etapy replikacji DNA



Mechanizm replikacji DNA został najlepiej poznany u pałeczki okrężnicy (*E. coli*), dlatego zostanie on omówiony poniżej na jej przykładzie. Zilustrowany przebieg tego mechanizmu znajduje się na stronach (→ s. 17–19).

1 Inicjacja replikacji

Replikacja DNA rozpoczyna się przyłączeniem jednego z białek regulatorowych w miejscu inicjacji replikacji, zwanym również **miejscem *ori***. Dzięki temu na niewielkim odcinku następuje rozplecenie podwójnej helisy DNA. Struktura powstała w wyniku rozplecenia DNA jest nazywana **oczkiem replikacyjnym**. Boki oczka replikacyjnego przypominają kształtem literę Y, dlatego są nazywane **widełkami replikacyjnymi**.

2 Elongacja w replikacji

Tuż po rozpoczęciu replikacji DNA zaczynają działać cząsteczki **helikazy** – enzymu, który rozrywa wiązania wodorowe łączące obie nici DNA. To powoduje przesuwanie się widełek replikacyjnych w dwóch przeciwnych kierunkach i powiększanie się oczka replikacyjnego. Z tego względu replikację określa się mianem **dwukierunkowej**. Po utworzeniu oczka replikacyjnego na obu niciach DNA **prymaza** syntetyzuje startery – odcinki RNA zbudowane z ok. 10 nukleotydów. Synteza starterów odbywa się w kierunku 5′ → 3′. Po wytworzeniu każdego startera do jego końca 3′ przyłącza się **polimeraza DNA III** – enzym, który wytwarza nić DNA komplementarną do nici macierzystej.

Łańcuchy DNA są **antyrównoległe**, a synteza nowej nici DNA zachodzi zawsze w kierunku 5′ → 3′. Z tego powodu wytwarzanie obu nowych nici w sposób ciągły ku rozwierającym się widełkom replikacyjnym jest niemożliwe. W taki sposób może być syntetyzowana tylko jedna nić DNA, określana mianem **nici wiodącej**. Synteza drugiej nici, zwanej **nicią opóźnioną**, odbywa się w kierunku przeciwnym do kierunku przesuwania się widełek replikacyjnych. Nić ta jest syntetyzowana z wielu kolejnych miejsc startu i powstaje z połączenia krótkich odcinków, nazwanych od nazwiska ich odkrywcy **fragmentami Okazaki**. Za usuwanie starterów oraz uzupełnianie powstałych luk nukleotydami DNA odpowiada **polimeraza DNA I**. Z kolei poszczególne odcinki DNA łączy ze sobą enzym – **ligaza**. Wydłużanie nowych łańcuchów DNA trwa do momentu skopiowania całej cząsteczki DNA.

3 Terminacja replikacji

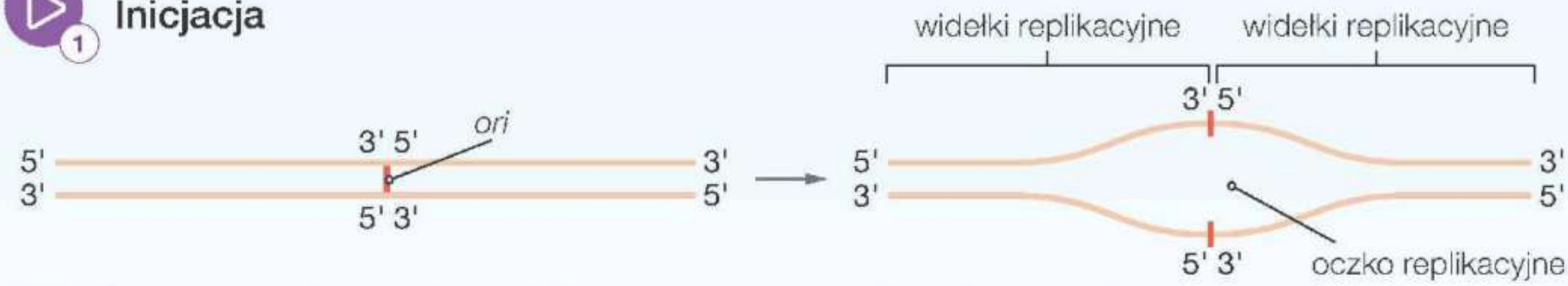
Powielanie DNA kończy się z chwilą powstania dwóch potomnych cząsteczek DNA. W komórce *E. coli* miejsce zakończenia replikacji DNA wyznaczają specjalne sekwencje, nazywane **sekwencjami terminacyjnymi**. W rejonie DNA, który zawiera te sekwencje, białka biorące udział w replikacji odłączają się od DNA. W rezultacie powstają dwie identyczne cząsteczki DNA.

Najważniejsze enzymy, które biorą udział w replikacji DNA

Enzymy uczestniczące w replikacji DNA			
helikaza	prymaza	polimeraza DNA III	ligaza

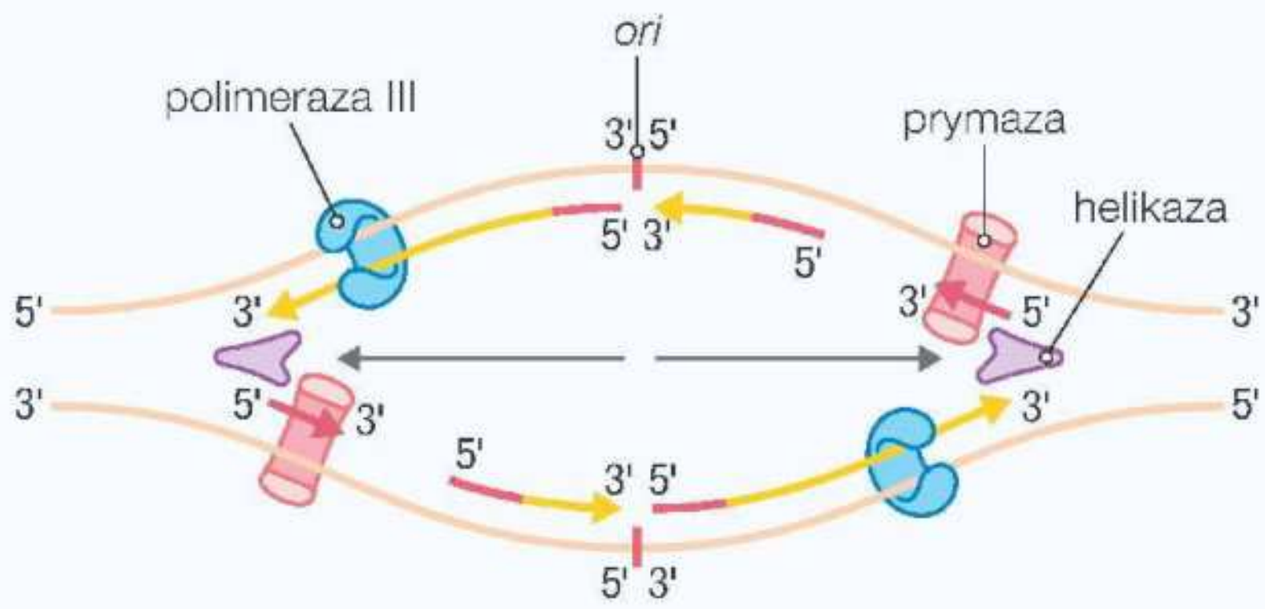
Etapy replikacji DNA

1 Inicjacja

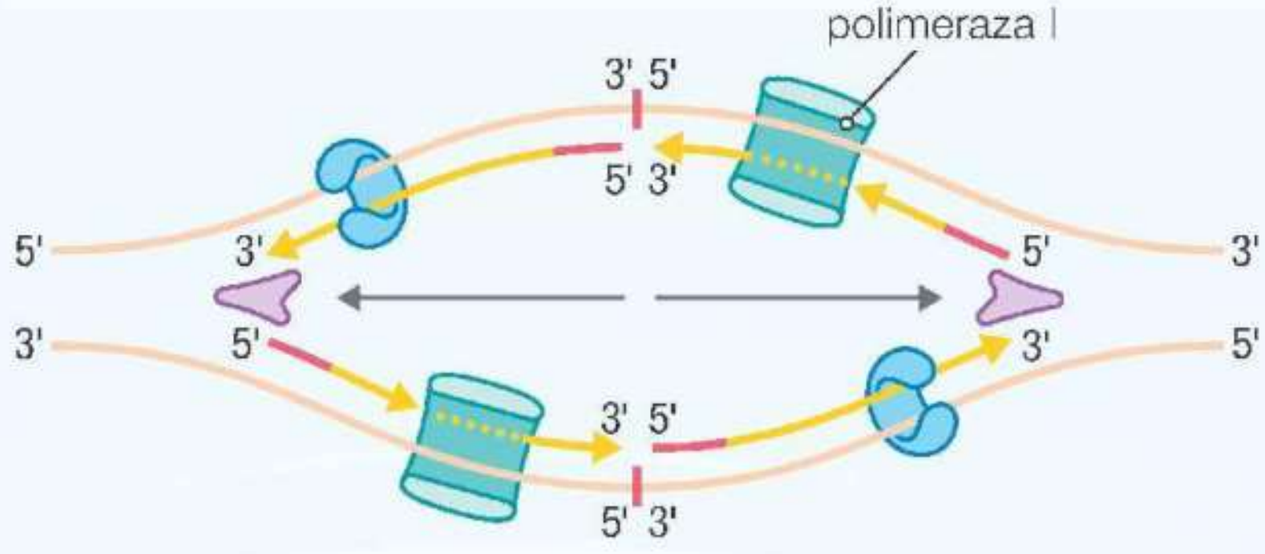


DNA ulega rozpleceniu w miejscu *ori*. Tworzy się **oczko replikacyjne**, a następnie powstają **widełki replikacyjne**.

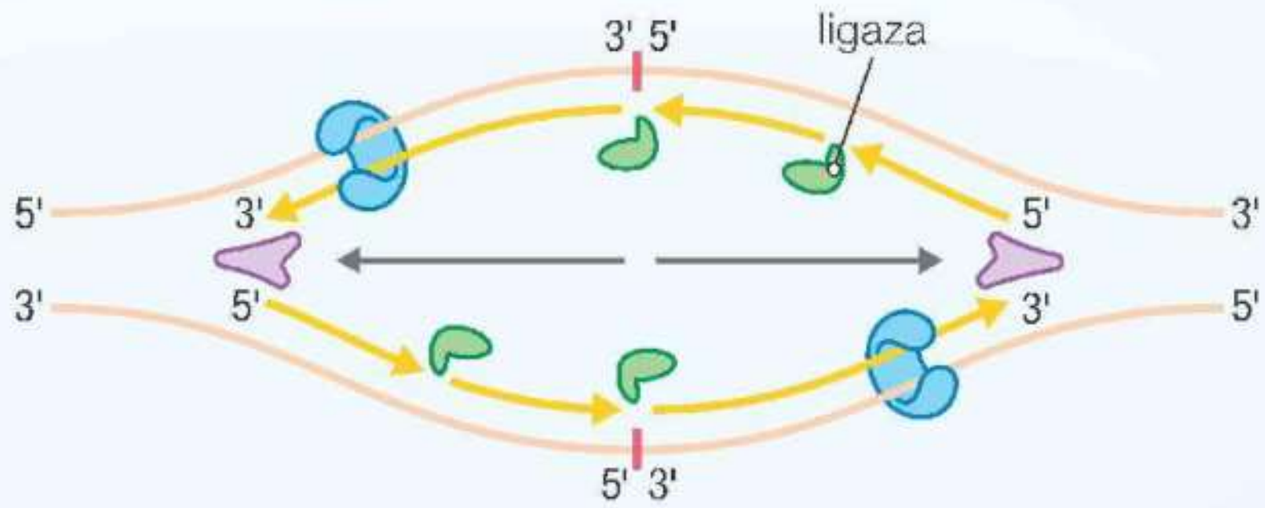
2 Elongacja



2a **Helikaza** rozrywa wiązania wodorowe łączące nici w podwójnej helisie DNA. **Prymaza** syntetyzuje startery RNA na matrycy starej nici DNA. **Polimeraza III** przyłącza nukleotydy do matrycy DNA.



2b **Polimeraza I** usuwa startery, a następnie uzupełnia ubytki nukleotydami DNA.



2c **Ligaza** łączy fragmenty Okazaki w jedną ciągłą nić.

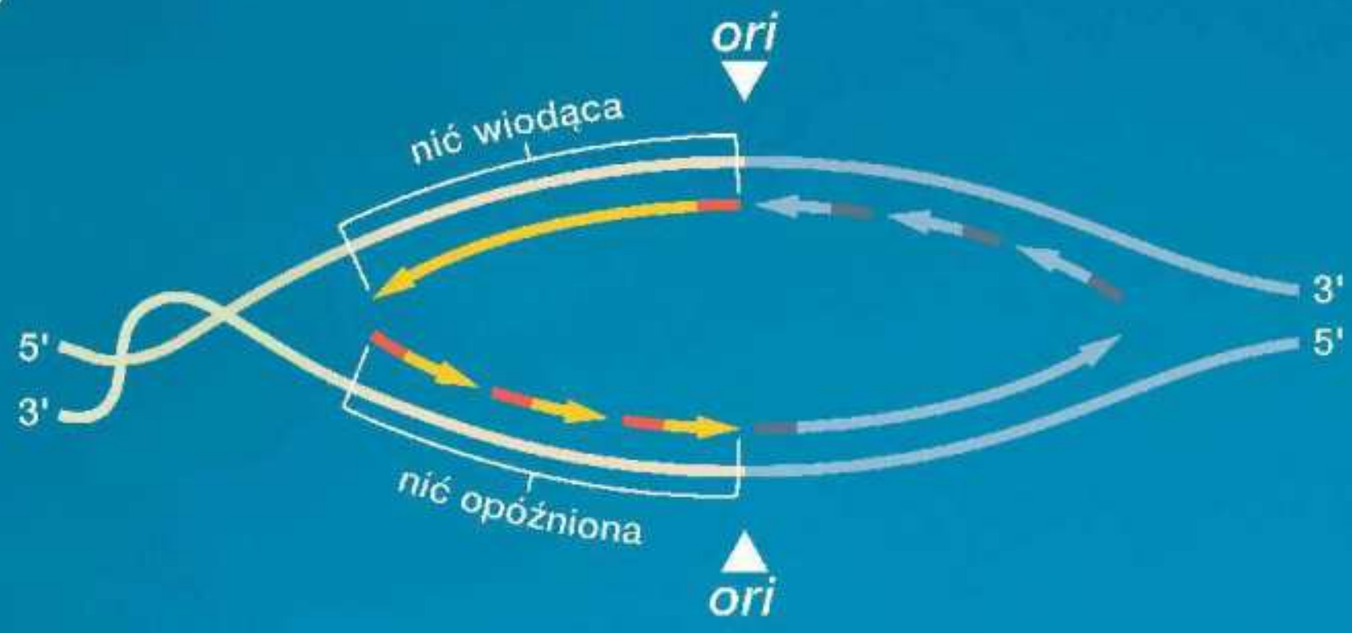
3 Terminacja

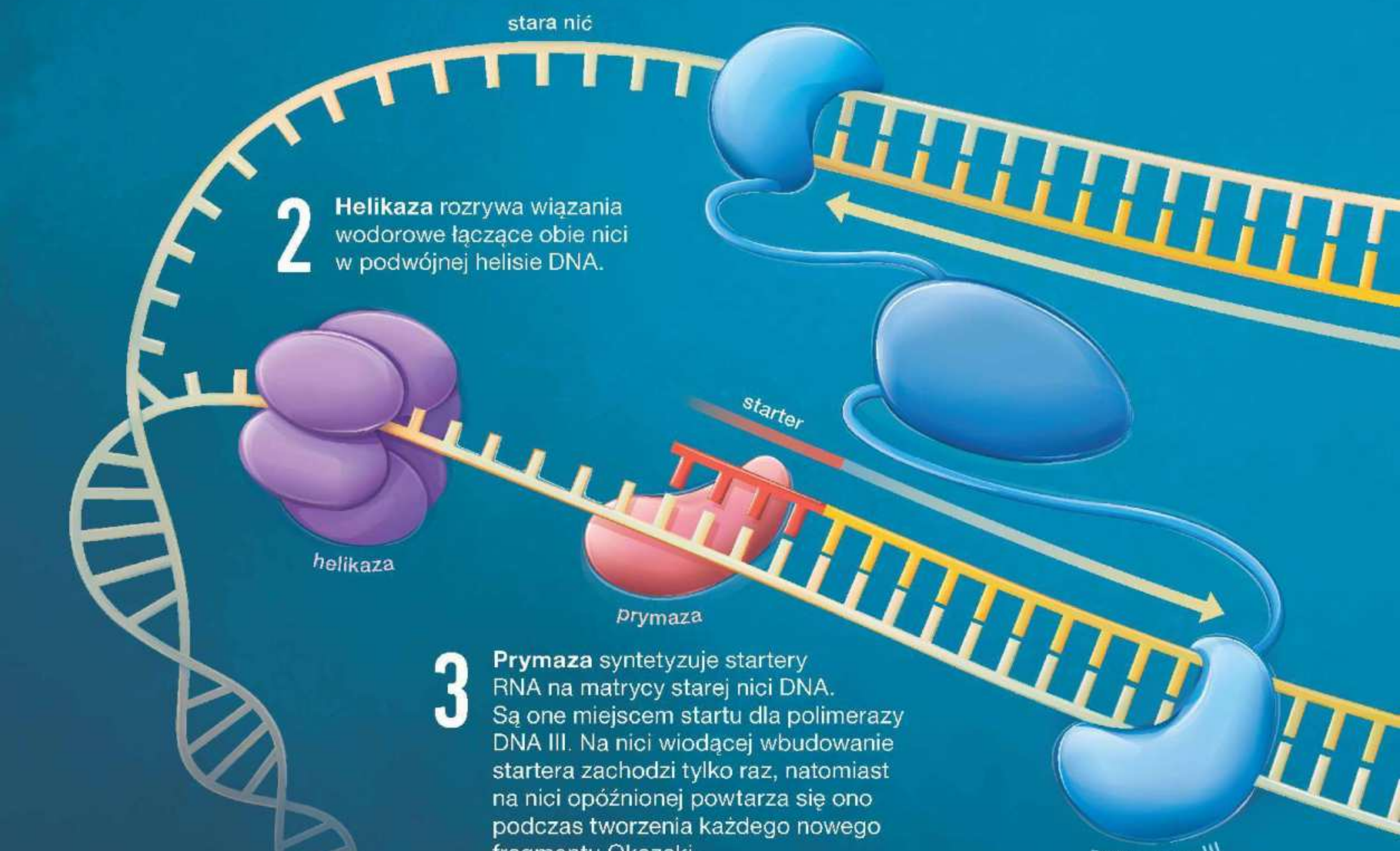


Proces replikacji kończy się po skopiowaniu obu nici DNA.

Przebieg procesu replikacji DNA u *E. coli*

Chromosom *E. coli* jest kolistą cząsteczką DNA o długości 4,6 mln pz. Jego replikacja zachodzi przed każdym podziałem komórki i trwa niecałe 40 minut. W chromosomie bakteryjnym występuje jedno miejsce inicjacji replikacji. Syntezę nowych nici DNA katalizują białka enzymatyczne – przesuwają się one wzdłuż DNA, rozplatając podwójną helisę i kopiując każdą z jej nici.





2 **Helikaza** rozrywa wiązania wodorowe łączące obie nici w podwójnej helisie DNA.

3 **Prymaza** syntetyzuje startery RNA na matrycy starej nici DNA. Są one miejscem startu dla polimerazy DNA III. Na nici wiodącej wbudowanie startera zachodzi tylko raz, natomiast na nici opóźnionej powtarza się ono podczas tworzenia każdego nowego fragmentu Okazaki.

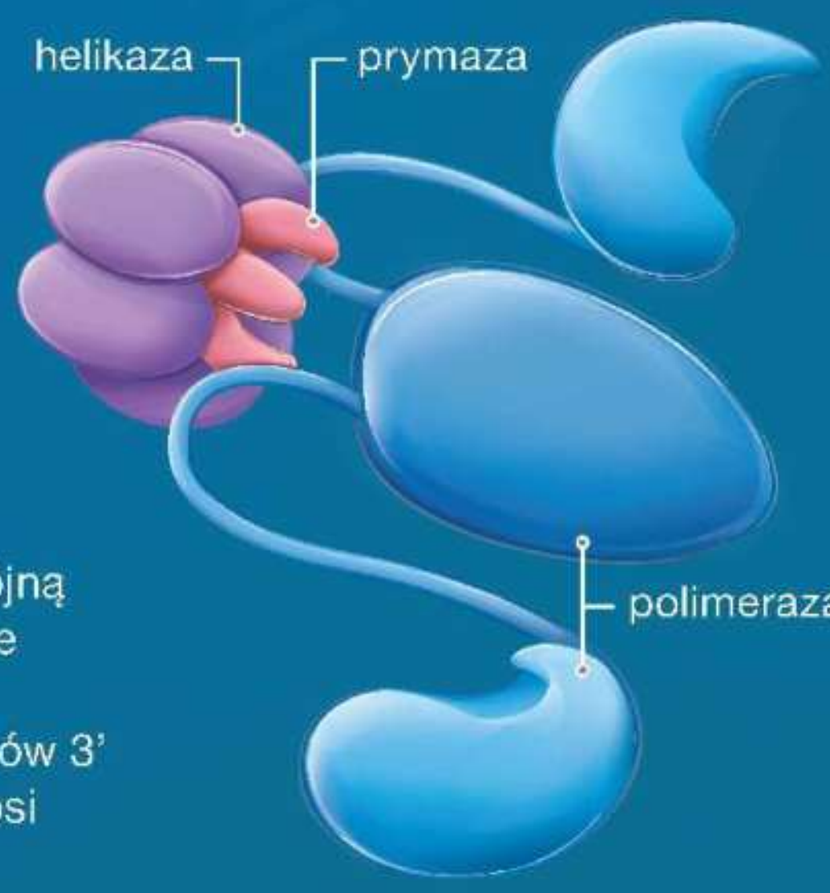
4 **Polimeraza III** przyłącza wolne nukleotydy do matrycy DNA. Nić wiodąca jest syntetyzowana w sposób ciągły, a nić opóźniona – w postaci kolejnych fragmentów Okazaki.

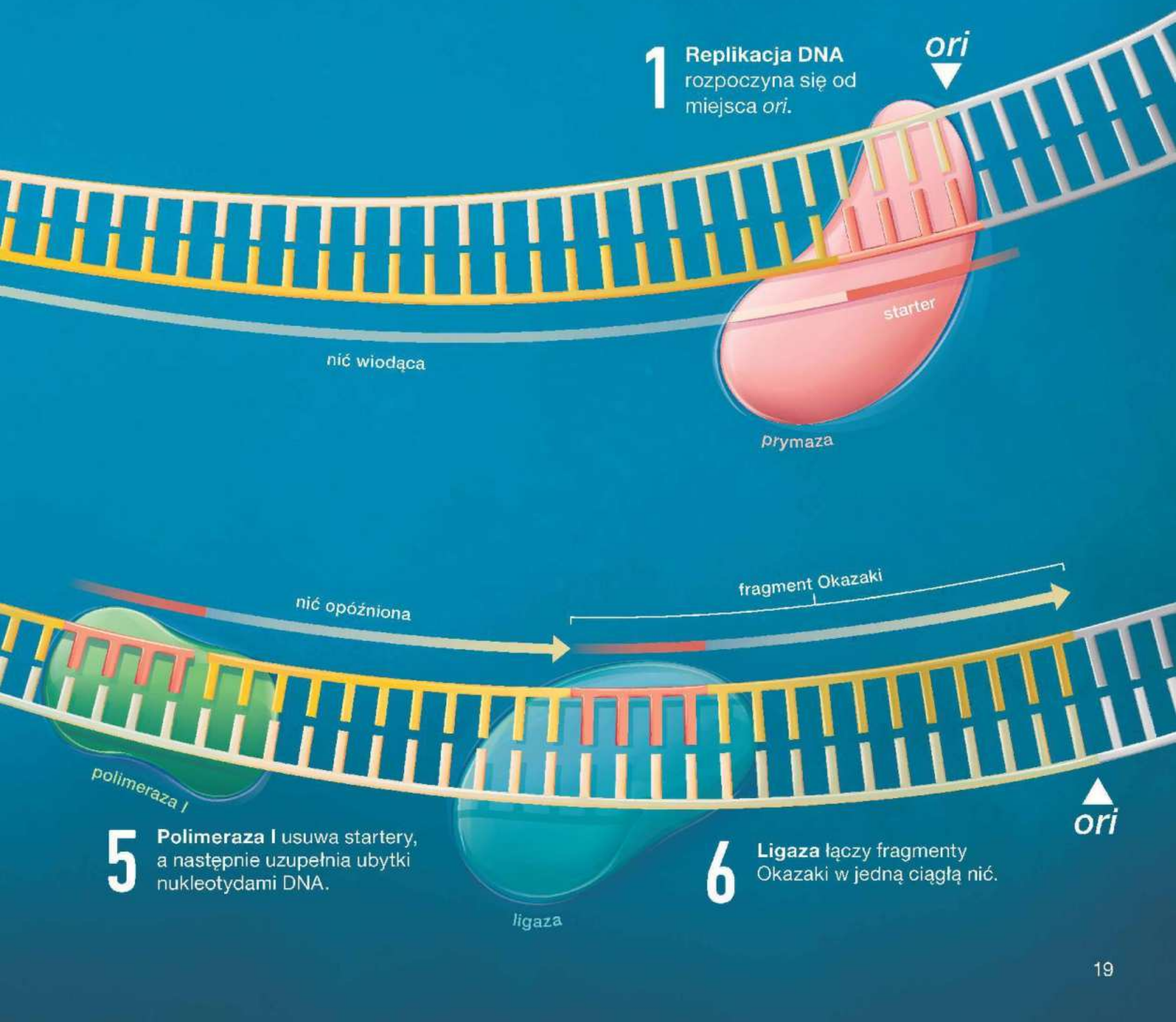
Replisom

W głównych etapach replikacji DNA uczestniczy replisom – duży białkowy kompleks, który tworzy się w obszarze widełek replikacyjnych. W skład replisomu wchodzą:

- prymosom – mniejszy białkowy kompleks zbudowany m.in. z helikazy i prymazy,
- polimeraza III.

Połączenie podstawowych enzymów replikacyjnych w kompleks replisomu umożliwia ich precyzyjne i zsynchronizowane działanie. Helikaza rozplata podwójną helisę DNA, a połączona z nią prymaza wstawia kolejne startery RNA. Tuż za prymazą podąża polimeraza III, która syntetyzuje nowe nici DNA – począwszy od końców 3' starterów. Szybkość działania replisomu u *E. coli* wynosi ok. 2000 pz/s.





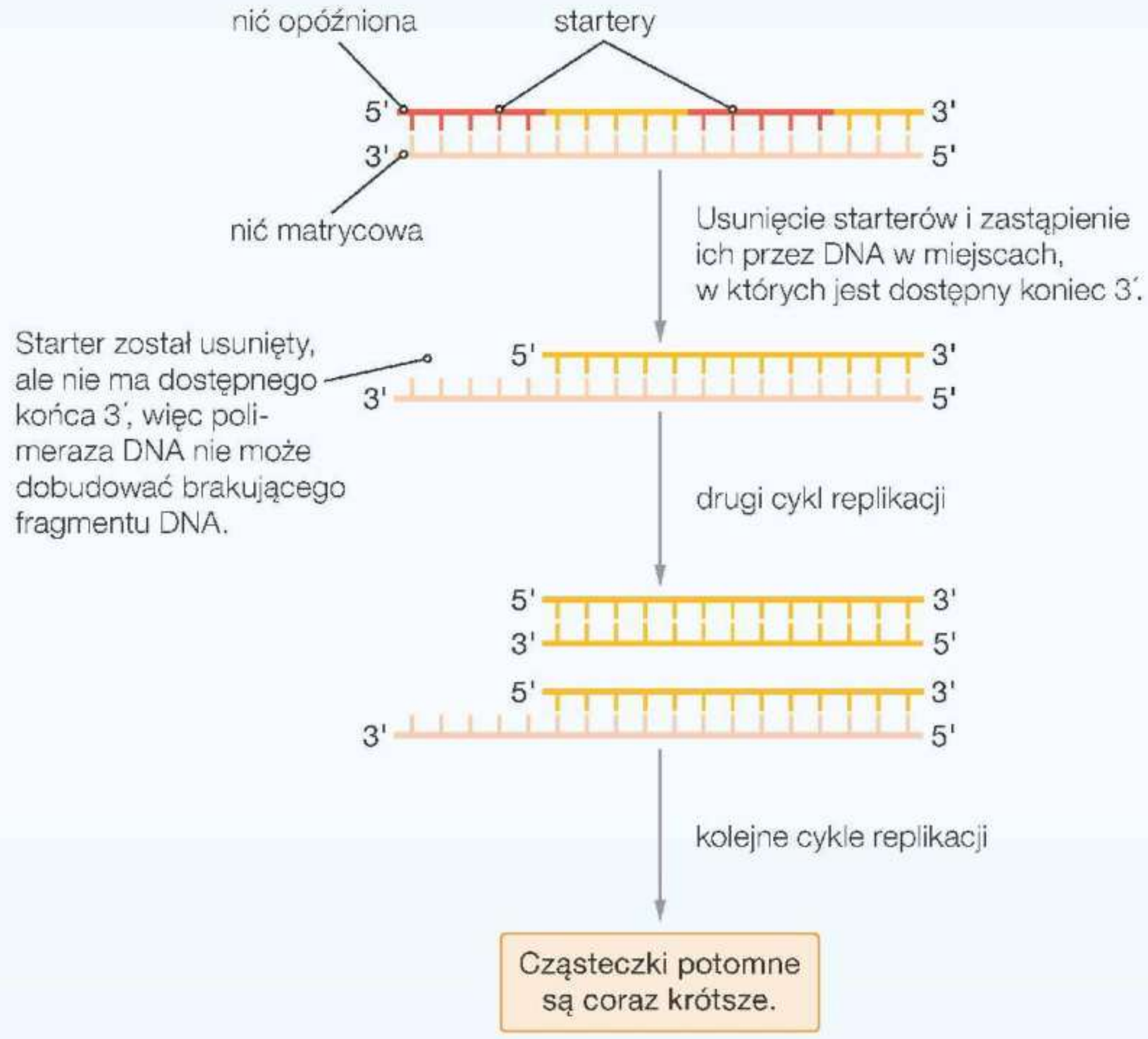
1 **Replikacja DNA** rozpoczyna się od miejsca *ori*.

5 **Polimeraza I** usuwa startery, a następnie uzupełnia ubytki nukleotydami DNA.

6 **Ligaza** łączy fragmenty Okazaki w jedną ciągłą nić.

Replikacja końców cząsteczek DNA

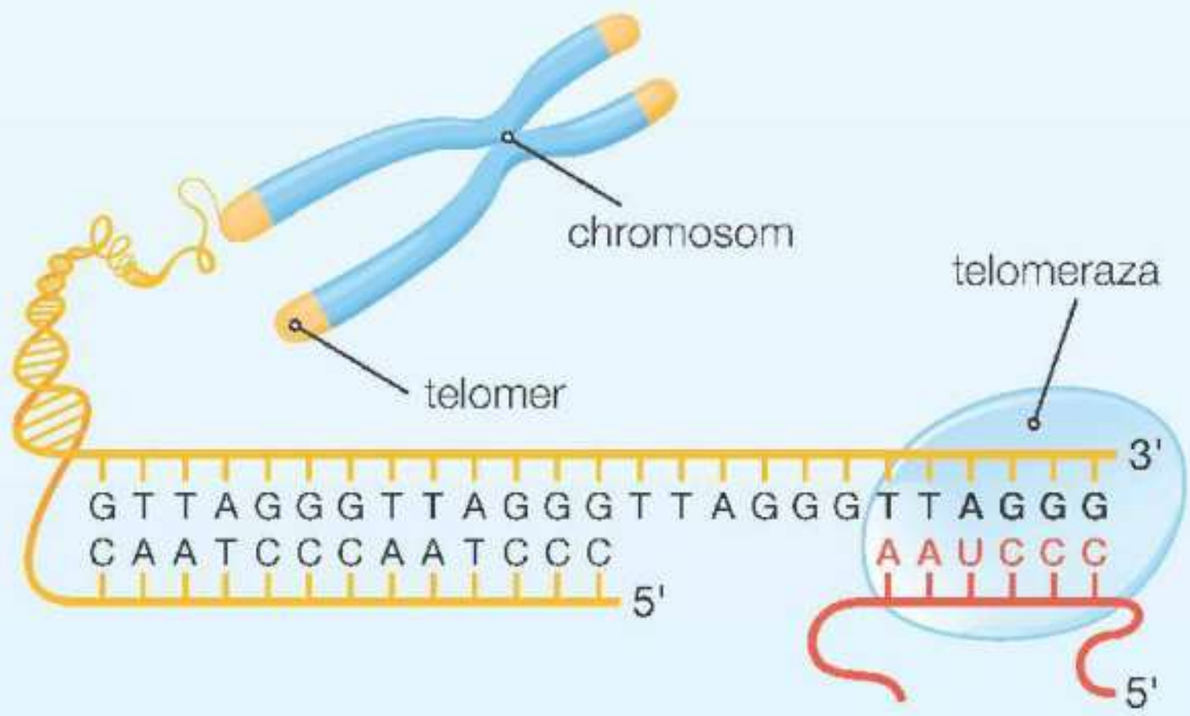
Podczas replikacji liniowego DNA u eukariontów nie da się całkowicie skopiować końca 5′ nici opóźnionej, ponieważ po usunięciu ostatniego startera brak jest miejsca do przyłączenia polimerazy DNA. W efekcie każdy kolejny cykl replikacji prowadzi do skracania cząsteczek DNA.



Skracanie się końców cząsteczek liniowego DNA podczas replikacji.

Jak ochronić geny przed uszkodzeniem w wyniku skracania się nici DNA?

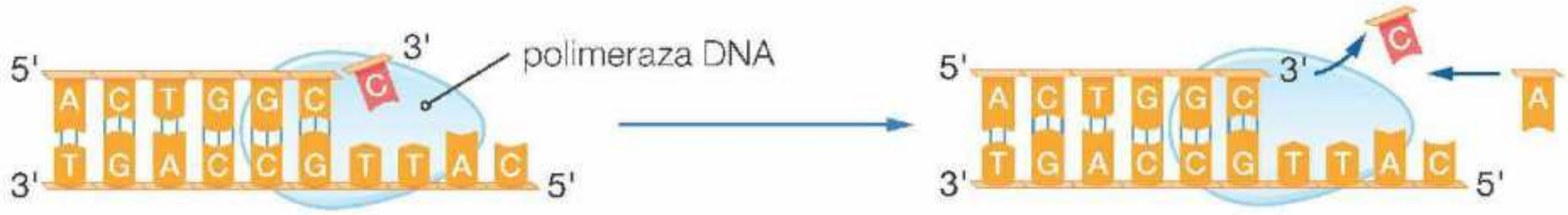
Aby chronić geny przed uszkodzeniem, końce chromosomów eukariotycznych zawierają **telomery** – powtarzalne sekwencje DNA, które nie kodują genów, lecz działają jak bufor skracający się przy każdej replikacji. W komórkach intensywnie dzielących się (np. w komórkach linii płciowej), aktywna jest **telomeraza** – enzym wydłużający telomery. W większości dojrzałych komórek telomeraza nie działa, co prowadzi do stopniowego skracania telomerów. Jednak w komórkach nowotworowych telomeraza jest reaktywowana, co umożliwia im nieograniczone podziały.



Telomeraza wydłuża końce DNA, które skracają się podczas replikacji, dzięki czemu długość chromosomów pozostaje prawie taka sama.

Naprawianie błędów w replikacji przez polimerazę DNA

Podczas replikacji DNA powstają błędy, które są spowodowane wstawieniem przez polimerazę DNA niewłaściwego nukleotydu. Polimeraza DNA może jednak naprawiać błędy w trakcie wydłużania łańcucha DNA. Dzięki temu liczba błędów w replikacji to ok. 1 błąd na 100 mln poprawnie wstawionych nukleotydów.



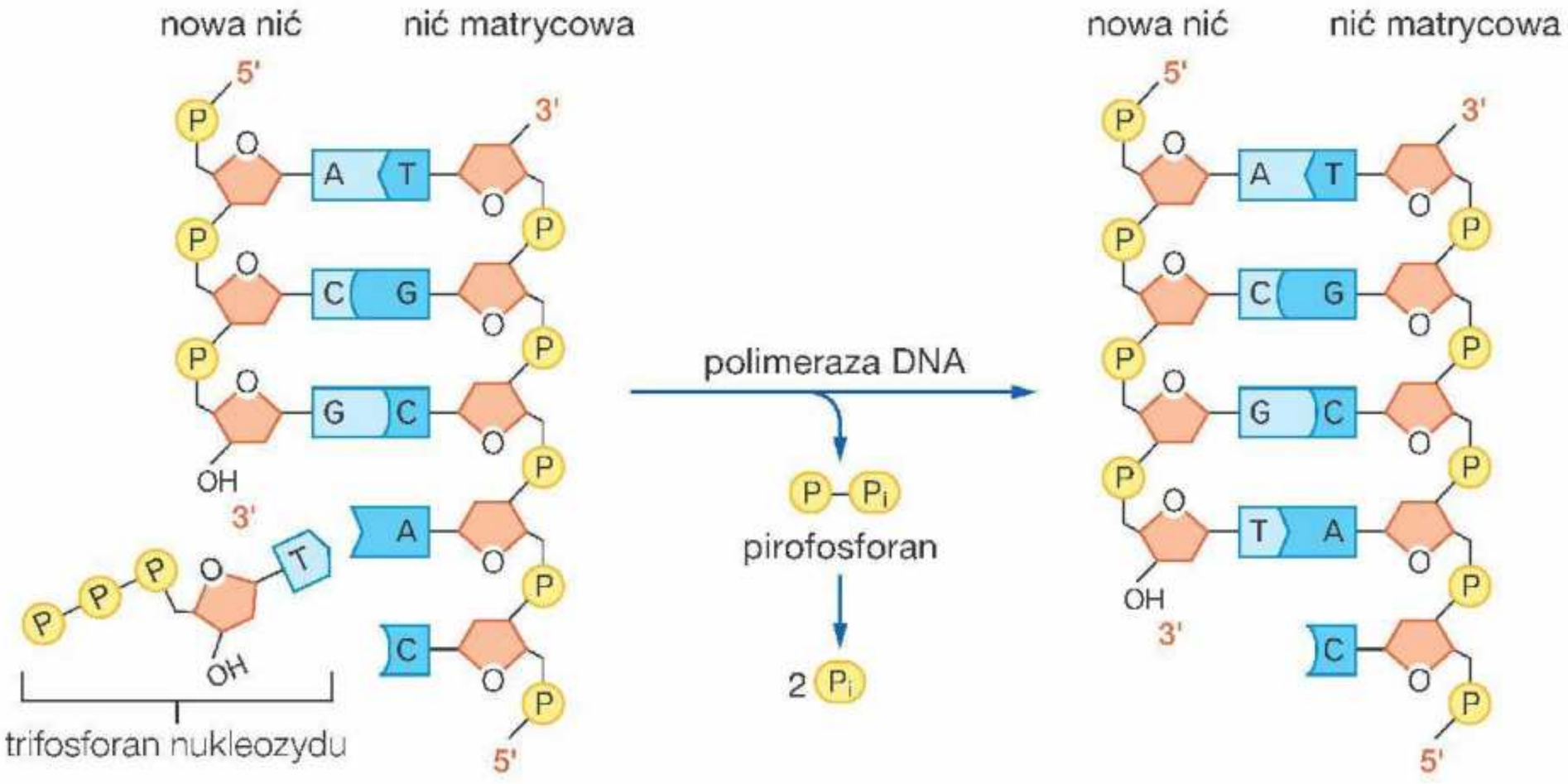
Polimeraza DNA ma zdolności korekcyjne – jest w stanie wykryć błędnie wstawiony nukleotyd i przyłączyć na jego miejsce właściwy.

Skąd pochodzi energia konieczna do replikacji DNA?

Replikacja DNA jest procesem anabolicznym, który wymaga nakładów energii. Każdy nukleotyd dodawany do wydłużającej się nici DNA pochodzi z **trifosforanu nukleozydu**, który składa się z zasady azotowej, deoksyrybozy i trzech reszt fosforanowych. Pomiędzy resztami fosforanowymi występują **dwa wiązania wysokoenergetyczne**. Wiązania te są rozkładane przez polimerazę DNA, a uwolniona energia umożliwia utworzenie wiązania estrowego między nukleotydami. Dzięki temu nowo powstająca nić DNA się wydłuża, a kolejne nukleotydy są dołączane przez polimerazę DNA zgodnie z zasadą komplementarności.

Regulacja replikacji DNA

Proces replikacji DNA podlega ścisłej regulacji – dzięki temu zachodzi on tylko raz przed każdym podziałem komórki. Dzieje się tak, ponieważ białka rozpoczynające replikację są odłączane od DNA zaraz po powstaniu oczka replikacyjnego. Zapobiega to tworzeniu wielu kopii macierzystego DNA. Ponadto replikacja DNA jest zatrzymywana w warunkach niekorzystnych dla komórki. W przypadku uszkodzenia DNA (np. na skutek promieniowania jonizującego) w komórce są wytwarzane białka, które uczestniczą w jego naprawie. Obecność tych białek wstrzymuje replikację DNA do czasu usunięcia uszkodzeń. Zapobiega to powstawaniu nieprawidłowych cząsteczek DNA.



Przyłączanie nukleotydów podczas replikacji DNA.

Porównanie przebiegu replikacji DNA u Eukariota i Prokariota

Replikacja DNA w komórkach eukariotycznych jest znacznie bardziej skomplikowana niż w komórkach prokariotycznych, choć jej ogólny przebieg jest podobny. Największe różnice dotyczą dwóch etapów: inicjacji i terminacji. Różnice te są związane m.in. z budową cząsteczek DNA.

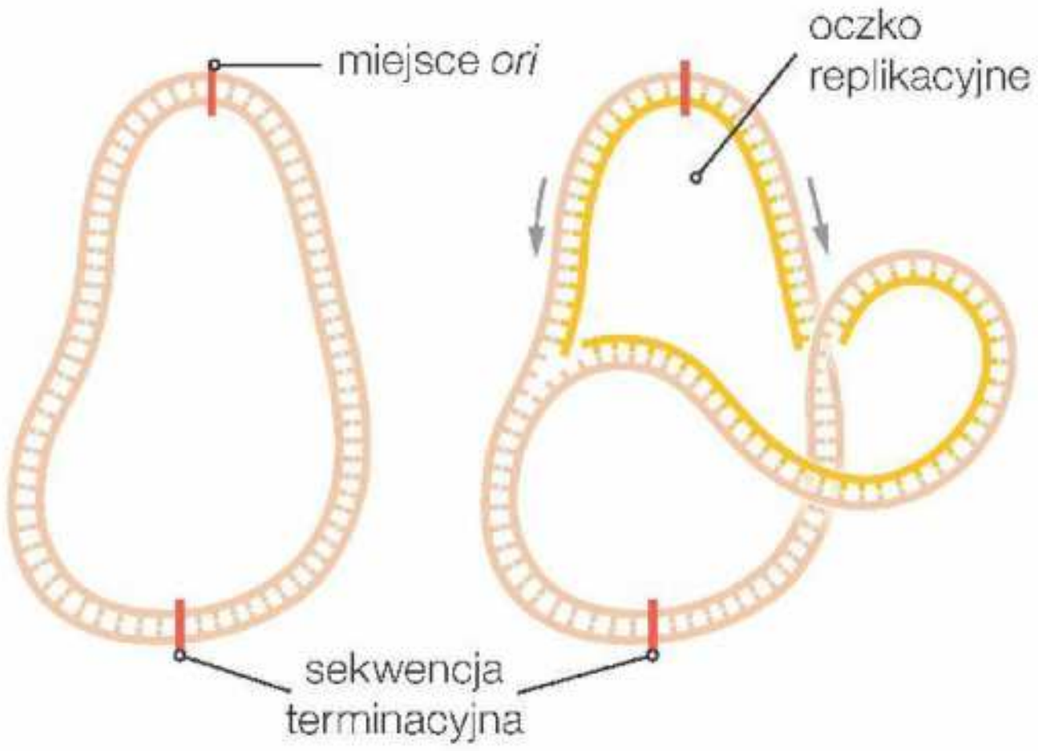
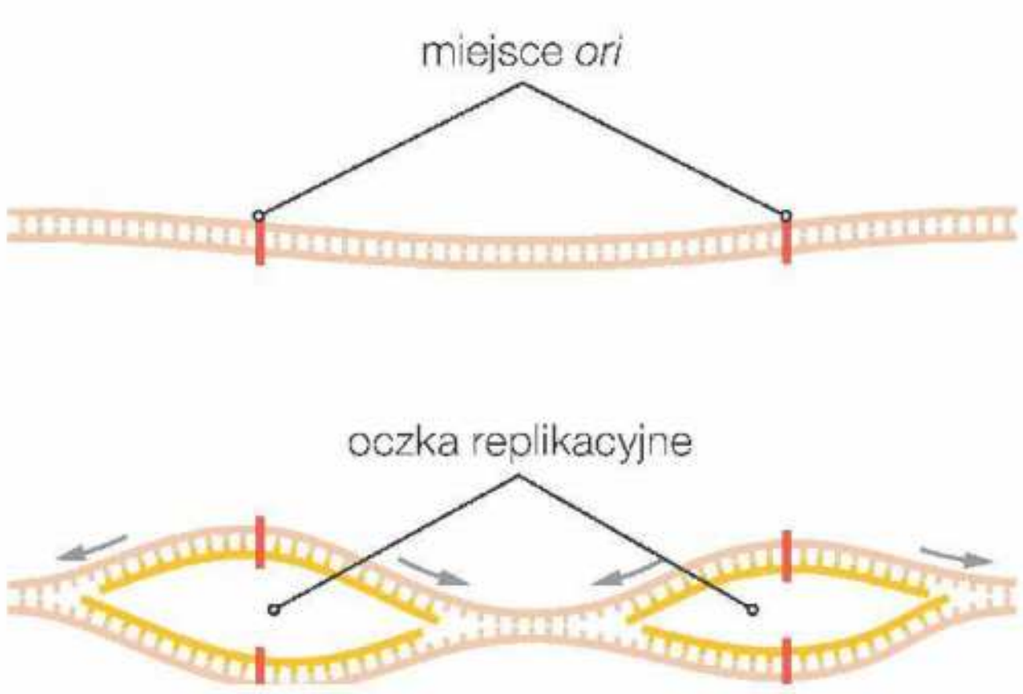
Przebieg replikacji DNA w komórkach prokariotycznych

W komórkach prokariotycznych DNA ma postać koliście zamkniętej cząsteczki zlokalizowanej w cytozolu. Powielanie DNA rozpoczyna się w jednym miejscu inicjacji replikacji i jest kontynuowane w obu kierunkach. Zakończenie powielania DNA wyznacza sekwencja terminacyjna położona naprzeciw miejsca *ori* (miejsca inicjacji replikacji).

Przebieg replikacji w komórkach eukariotycznych

Chromosomy w komórkach organizmów eukariotycznych mają postać liniowych cząsteczek DNA. Powielanie DNA rozpoczyna się jednocześnie w wielu miejscach *ori* i jest kontynuowane w obu kierunkach. Zakończenie powielania DNA wymaga połączenia się ze sobą wszystkich oczek replikacyjnych.

Porównanie przebiegu replikacji u organizmów prokariotycznych i eukariotycznych

Organizmy prokariotyczne	Organizmy eukariotyczne
	
Występuje jedno miejsce *ori*.	Występuje wiele miejsc *ori* (od kilkuset do nawet kilku tysięcy).
Miejsce zakończenia replikacji wyznaczają sekwencje terminacyjne położone naprzeciw miejsca *ori*.	Zakończenie powielania DNA wymaga połączenia się ze sobą wszystkich oczek replikacyjnych.

Polecenia kontrolne

1. Wykaż związek między replikacją DNA a zdolnością komórki do podziału.
2. Określ funkcję następujących enzymów w replikacji DNA u *E. coli*:
   a. helikazy,
   b. prymazy,
   c. polimerazy DNA,
   d. ligazy.
3. Wymień dwie różnice między replikacją DNA w komórkach prokariotycznych a replikacją DNA w komórkach eukariotycznych.

1.3. Ekspresja genów

Ważne w tym temacie!

- struktura genu u organizmów prokariotycznych i eukariotycznych
- cechy kodu genetycznego
- przebieg transkrypcji i translacji
- modyfikacje potranskrypcyjne i potranslacyjne

U wszystkich organizmów i większości wirusów **gen** to fragment cząsteczki DNA, który zawiera informacje potrzebne do wytworzenia białka lub RNA. Z tego powodu wyróżnia się:

- **geny kodujące białka** – pojedynczy gen koduje informacje o budowie jednego łańcucha polipeptydowego. Jeśli białko składa się z kilku różnych łańcuchów polipeptydowych (podjednostek), to informacja o każdym łańcuchu jest zawarta w innym genie;
- **geny kodujące RNA** – kodują wszystkie rodzaje RNA z wyjątkiem mRNA.

Budowa genów

We wszystkich genach znajdują się:

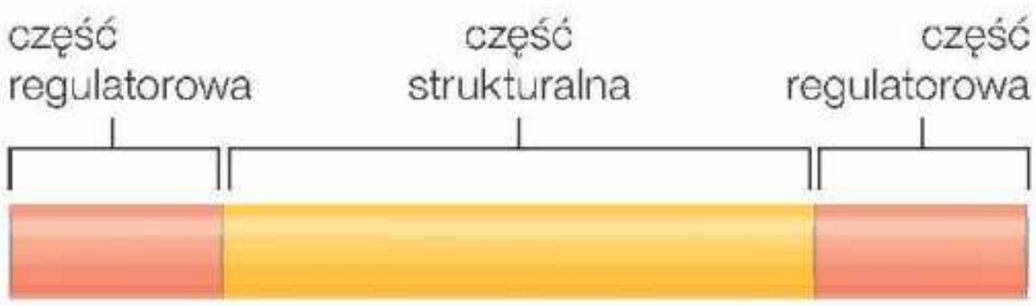
- **części strukturalne** – u organizmów eukariotycznych są one podzielone na:
  - **eksony** – odcinki genu kodujące informację o kolejności aminokwasów w białku lub nukleotydów w RNA,
  - **introny** – odcinki genu, które nie pełnią funkcji kodujących i są wycinane podczas obróbki potranskrypcyjnej w procesie składania RNA (→ s. 29);
- **części regulatorowe** – biorą one udział w regulowaniu odczytywania informacji genetycznej.

Introny i części regulatorowe nie zawierają informacji o budowie wytwarzanej cząsteczki – są to tzw. **sekwencje niekodujące genu**. Długość sekwencji niekodujących jest różna u różnych organizmów. Przykładowo u kręgowców sekwencje niekodujące genu mogą stanowić nawet ponad 90% długości całego genu.

Struktura genu

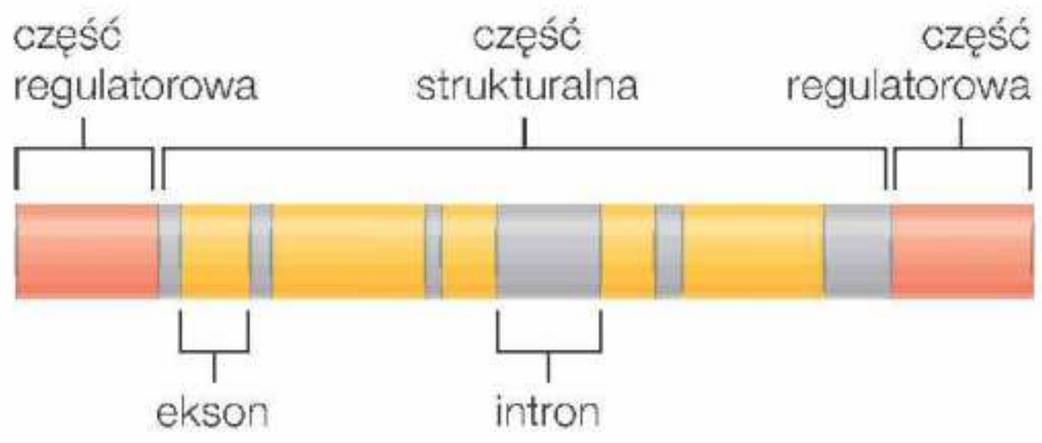
Ze względu na budowę wyróżnia się geny ciągłe i geny nieciągłe.

Budowa genu ciągłego



W genach ciągłych nie występują introny, dlatego środkowa część genu zawiera wyłącznie sekwencje kodujące. Są one otoczone częściami regulatorowymi genu. Występują głównie u **prokariontów**.

Budowa genu nieciągłego



Geny nieciągłe zawierają introny i eksony, które są otoczone częściami regulatorowymi genu. Geny nieciągłe występują głównie u **eukariontów**.

Kod genetyczny

Kod genetyczny to sposób zapisu informacji o kolejności aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym w sekwencji kwasów nukleinowych (DNA lub mRNA). Ma on cechy, które umożliwiają dokładne odczytywanie informacji genetycznej w komórkach wszystkich organizmów (→ s. 25). Kod genetyczny składa się z **kodonów**, czyli trójek nukleotydów.

Spośród 64 kodonów występujących u organizmów:

- 61 kodonów koduje aminokwasy, które służą do syntezy białek,
- 3 kodony są kodonami STOP (kodonami terminacyjnymi), czyli sygnałami do zakończenia syntezy białka. Są nimi następujące trójki nukleotydów: UAA, UAG, UGA.

Kodon AUG

Ciekawym przykładem kodonu jest **kodon AUG**, który pełni podwójną funkcję:

- jest sygnałem startu translacji dla wszystkich białek (tzw. kodon START),
- koduje aminokwas – metioninę.

Jak z tego wynika, metionina jest pierwszym aminokwasem wszystkich peptydów, choć później może z nich zostać usunięta podczas modyfikacji potranslacyjnych białek (→ s. 37).

Tabela kodu genetycznego

Tabela kodu genetycznego pokazuje, w jaki sposób kodony są powiązane z aminokwasami. Zawiera ona wszystkie możliwe kombinacje trójek nukleotydów mRNA i nazwy kodowanych przez nie aminokwasów. Aby dowiedzieć się, który aminokwas jest kodowany przez dany kodon, należy znaleźć w kolumnach kolejne nukleotydy wchodzące w skład tego kodonu.

PIERWSZY NUKLEOTYD	DRUGI NUKLEOTYD: U	DRUGI NUKLEOTYD: C	DRUGI NUKLEOTYD: A	DRUGI NUKLEOTYD: G	TRZECI NUKLEOTYD
U	UUU, UUC: fenyloalanina (PHE) UUA, UUG: leucyna (LEU)	UCU, UCC, UCA, UCG: seryna (SER)	UAU, UAC: tyrozyna (TYR) UAA, UAG: kodony STOP	UGU, UGC: cysteina (CYS) UGA: kodon STOP UGG: tryptofan (TRP)	U, C, A, G
C	CUU, CUC, CUA, CUG: leucyna (LEU)	CCU, CCC, CCA, CCG: prolina (PRO)	CAU, CAC: histydyna (HIS) CAA, CAG: glutamina (GLN)	CGU, CGC, CGA, CGG: arginina (ARG)	U, C, A, G
A	AUU, AUC, AUA: izoleucyna (ILE) AUG: metionina (MET)	ACU, ACC, ACA, ACG: treonina (THR)	AAU, AAC: asparagina (ASN) AAA, AAG: lizyna (LYS)	AGU, AGC: seryna (SER) AGA, AGG: arginina (ARG)	U, C, A, G
G	GUU, GUC, GUA, GUG: walina (VAL)	GCU, GCC, GCA, GCG: alanina (ALA)	GAU, GAC: kwas asparaginowy (ASP) GAA, GAG: kwas glutaminowy (GLU)	GGU, GGC, GGA, GGG: glicyna (GLY)	U, C, A, G

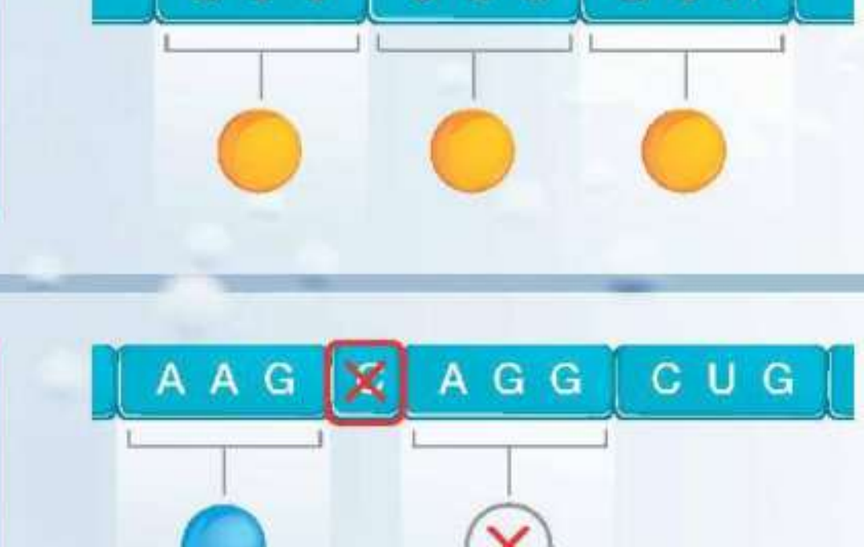
Cechy kodu genetycznego

Dzięki cechom kodu genetycznego informacja zapisana w DNA może zostać odczytana i przekształcona w białka – podstawowe elementy budulcowe i funkcjonalne komórek.

Kod genetyczny jest:

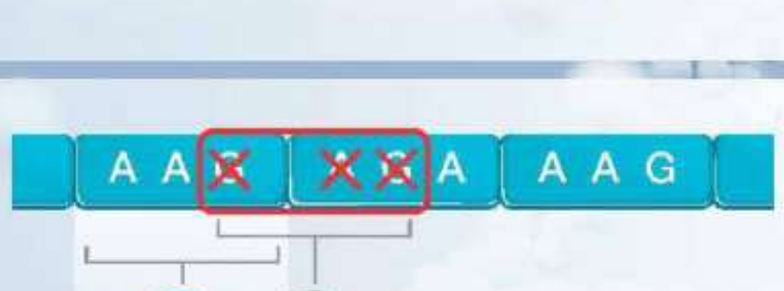
1 trójkowy

Jeden aminokwas kodują trzy nukleotydy, które tworzą tzw. **kodon.**



2 jednoznaczny

Jeden kodon oznacza zawsze wyłącznie jeden aminokwas.



3 zdegenerowany

Jeden aminokwas może być kodowany przez więcej niż jeden kodon.



4 bezprzecinkowy

Nie ma wolnych nukleotydów. Każdy nukleotyd wchodzi w skład jakiegoś kodonu.

5 niezachodzący

Nukleotyd wchodzący w skład jednego kodonu nie może być elementem kolejnego kodonu.



6 uniwersalny

Poza nielicznymi wyjątkami kodony u wszystkich organizmów oznaczają te same aminokwasy. Na przykład kodon AAG oznacza aminokwas lizynę niezależnie od gatunku organizmu.

Ekspresja genu – odczytywanie informacji genetycznej

Procesy prowadzące do odczytania informacji genetycznej zawartej w genie określa się mianem **ekspresji genu**. Ekspresja genu może zachodzić na dwa różne sposoby w zależności od rodzaju genu:

- **geny kodujące RNA** ulegają jednoetapowej ekspresji, podczas której informacja zakodowana w DNA jest przepisywana na RNA. W ten sposób powstają m.in. cząsteczki rRNA i tRNA;
- **geny kodujące białka** ulegają dwuetapowej ekspresji. W pierwszym etapie informacja zakodowana w DNA jest przepisywana na mRNA. W drugim etapie powstały mRNA zostaje wykorzystany do syntezy białka – końcowego produktu ekspresji genu.

Etap syntezy RNA nosi nazwę transkrypcji, a etap syntezy białka – translacji.

- **Transkrypcja** zachodzi w tych miejscach komórki, w których znajduje się DNA:
  - organizmów prokariotycznych jest to cytozol,
  - u organizmów eukariotycznych są to jądro komórkowe, mitochondria oraz plastydy.
- **Translacja** u wszystkich organizmów zachodzi na rybosomach znajdujących się w cytozolu, a oprócz tego u organizmów mających chloroplasty i mitochondria – również na rybosomach wewnątrz tych organelli.

Ekspresja genów kodujących białka

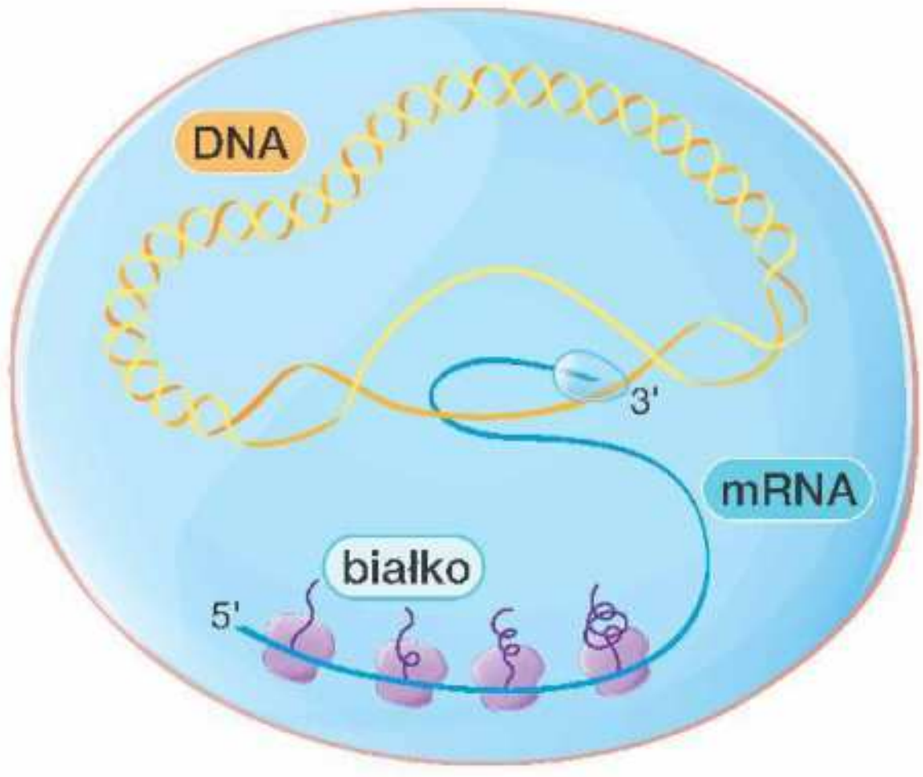


Ekspresja genów kodujących RNA

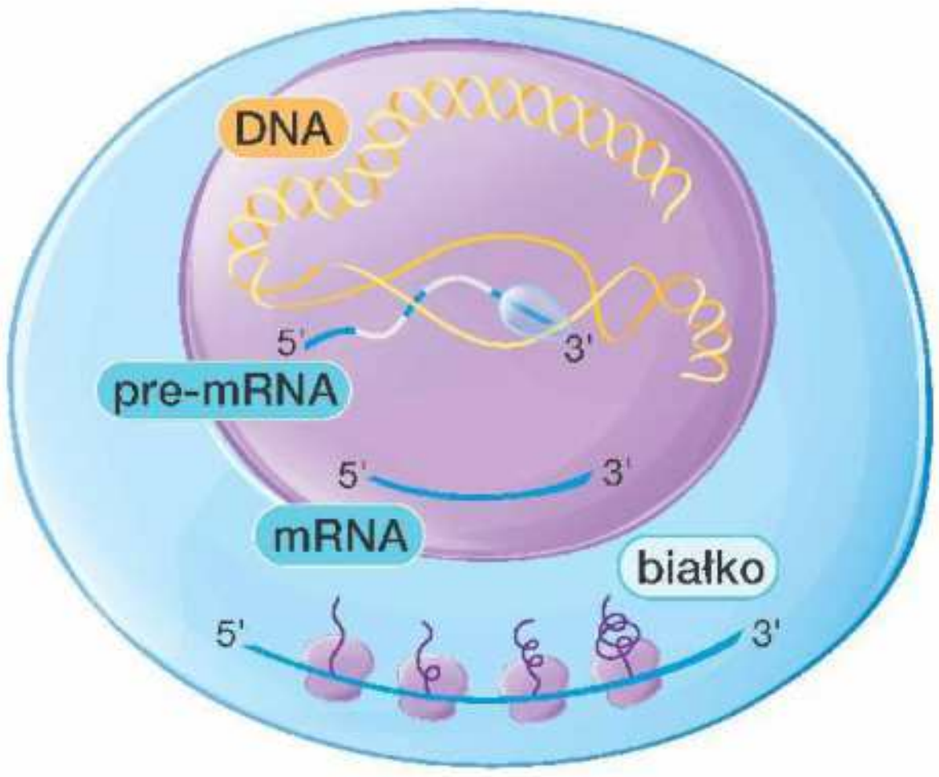


Ekspresja genów w komórkach prokariotycznych i eukariotycznych

W komórkach prokariotycznych transkrypcja i translacja zachodzą w cytozolu.
Z kolei w komórkach eukariotycznych transkrypcja zachodzi w jądrze komórkowym, a translacja – w cytozolu.



W komórkach prokariotycznych transkrypcja i translacja zachodzą w tym samym miejscu i w tym samym czasie. Rybosomy rozpoczynają syntezę białek, zanim zakończy się synteza mRNA.



W komórkach eukariotycznych transkrypcja i translacja są rozdzielone w przestrzeni i w czasie. W jądrze komórkowym powstaje pre-mRNA, a następnie mRNA. Dojrzały mRNA przemieszcza się przez pory jądrowe do cytozolu, gdzie odbywa się synteza białek.

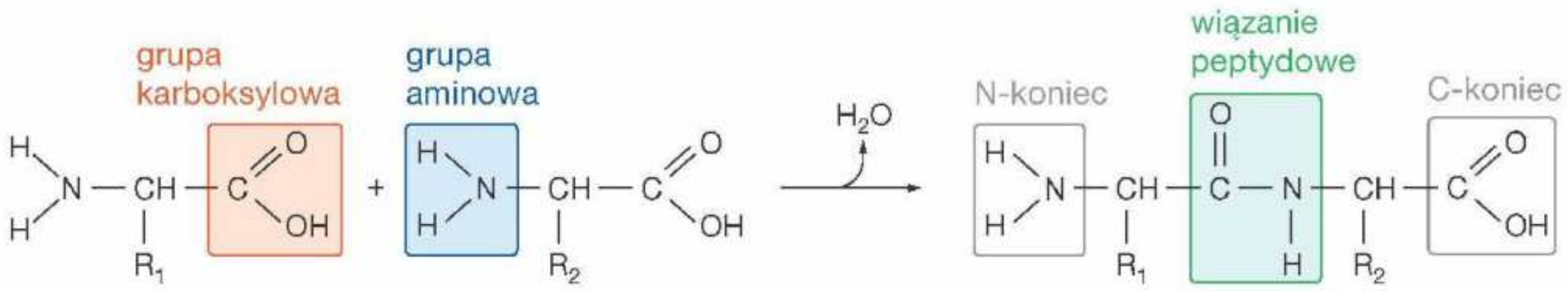
Przypomnij sobie

Wiązania peptydowe

Aminokwasy białkowe mogą łączyć się ze sobą **wiązaniami peptydowymi**. Wiązania te tworzą się między grupą karboksylową jednego aminokwasu a grupą aminową drugiego aminokwasu. W efekcie powstaje polarny łańcuch peptydowy: na jednym jego końcu (N) znajduje się wolna grupa aminowa, a na drugim końcu (C) – wolna grupa karboksylowa. Sekwencję aminokwasową łańcucha peptydowego zapisuje się od N-końca do C-końca.

W zależności od liczby aminokwasów wchodzących w skład łańcucha wyróżnia się:

- **peptydy**, zawierające od 2 do 50 aminokwasów,
- **białka** (polipeptydy), zawierające ponad 50 aminokwasów.



Synteza łańcucha peptydowego jest reakcją kondensacji, podczas której powstają również cząsteczki wody.

Samouczek

Obliczanie liczby kodonów w mRNA

Przykład

Białko X jest jednołańcuchowym polipeptydem złożonym z 225 aminokwasów, powstającym w wyniku odcięcia peptydu sygnałowego liczącego 30 aminokwasów.

Podaj całkowitą liczbę kodonów w mRNA stanowiącym matrycę do syntezy białka X.

Wskazówka:

- Jeden aminokwas jest kodowany przez jeden kodon.
- Sekwencja kodująca peptyd sygnałowy jest częścią mRNA, mimo że sam peptyd sygnałowy zostaje odcięty po syntezie białka.
- Kodon STOP znajduje się w mRNA, ale nie koduje aminokwasu – jego rolą jest zakończenie translacji.

Krok 1

Ustal liczbę kodonów kodujących białko X, peptyd sygnałowy i kodon STOP.

białko X: 225 aminokwasów = 225 kodonów

peptyd sygnałowy: 30 aminokwasów = 30 kodonów

kodon STOP: 1 kodon

Krok 2

Zsumuj ustalone w kroku 1 liczby.

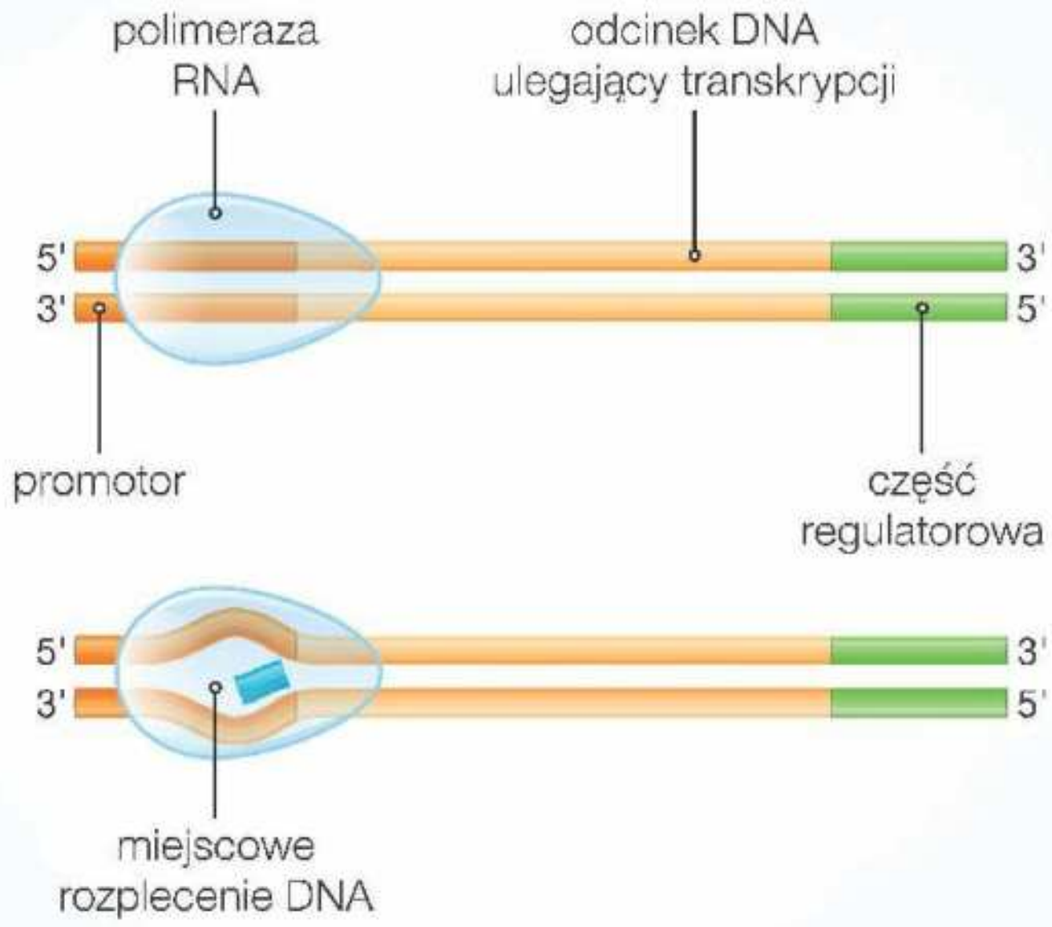
225 + 30 + 1 = 256

Odpowiedź:

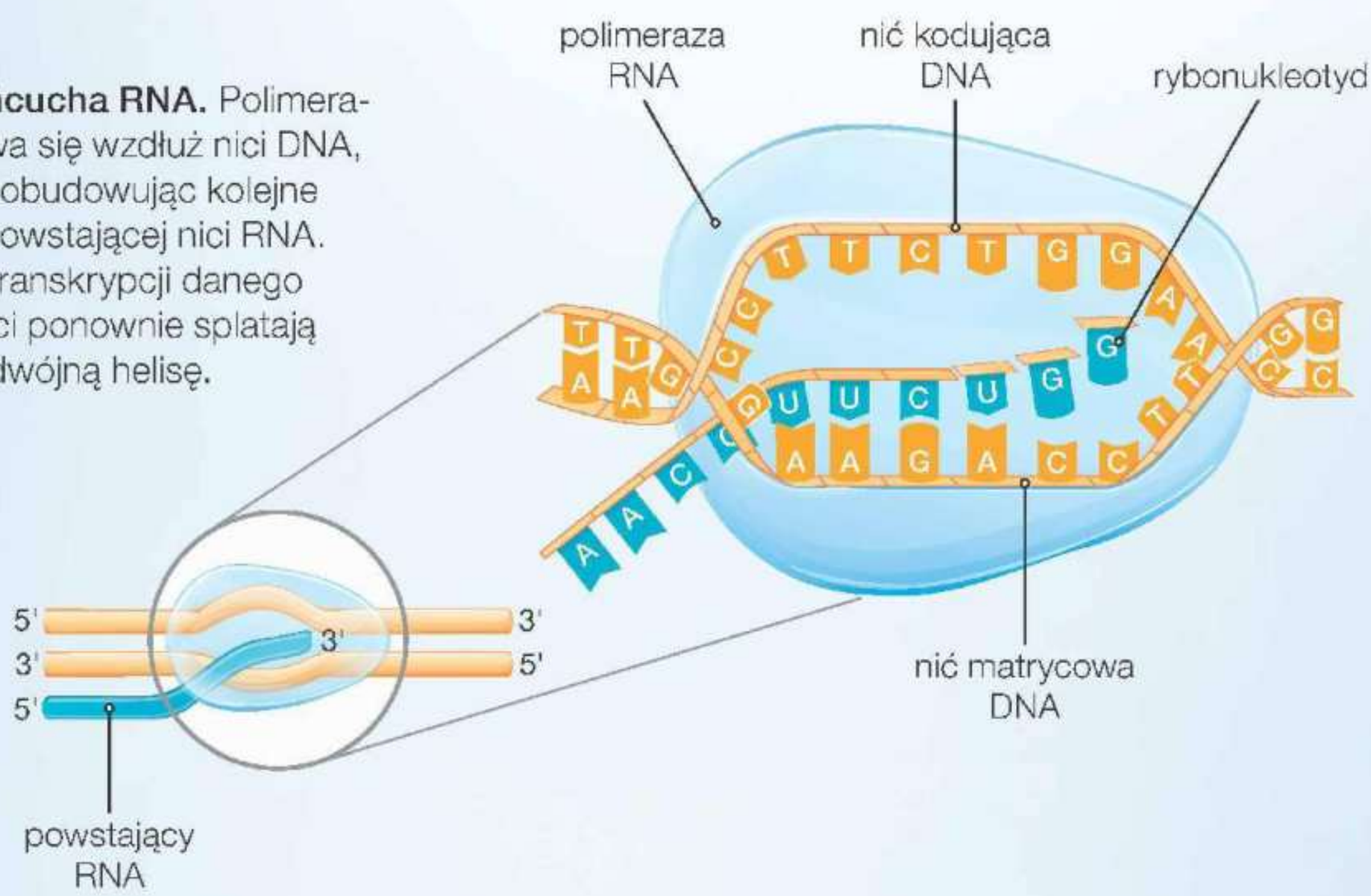
Liczba kodonów w mRNA stanowiącym matrycę podczas syntezy białka X wynosiła 256 kodonów.

Przebieg transkrypcji

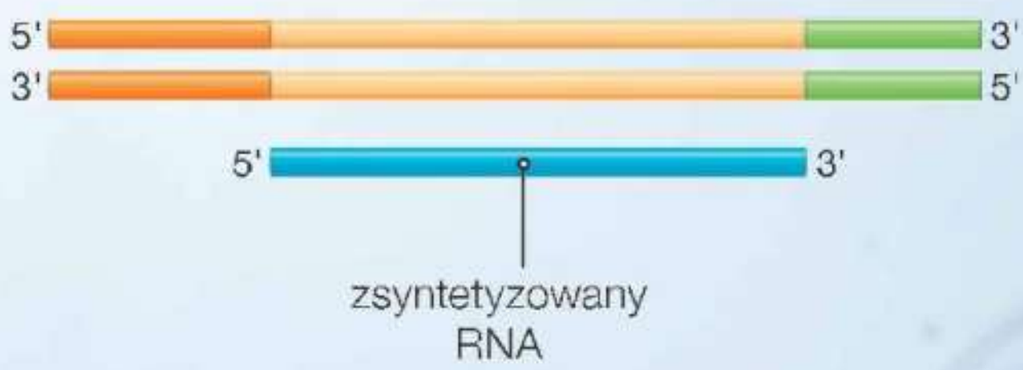
Transkrypcja to synteza RNA na matrycy DNA, przeprowadzana przez enzym polimerazę RNA. Proces ten przebiega podobnie w komórkach prokariotycznych i eukariotycznych.



1 Początek transkrypcji. Polimeraza RNA przyłącza się do promotora genu i powoduje miejscowe rozplecenie podwójnej helisy DNA.



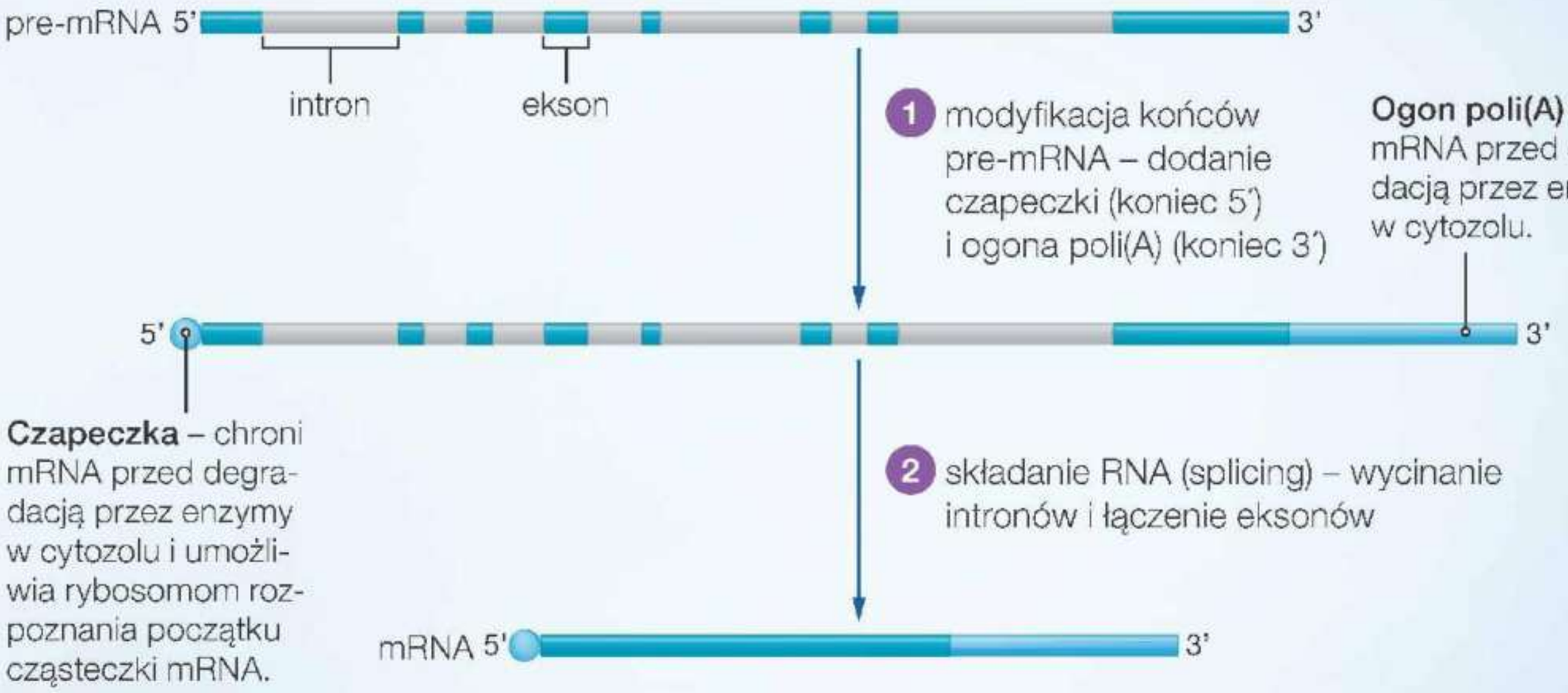
2 Wydłużanie łańcucha RNA. Polimeraza RNA przesuwa się wzdłuż nici DNA, rozplatając ją i dobudowując kolejne nukleotydy do powstającej nici RNA. Po ukończeniu transkrypcji danego odcinka DNA nici ponownie splatają się, tworząc podwójną helisę.



3 Zakończenie transkrypcji. Polimeraza RNA odłącza się od genu, a utworzona nić RNA zostaje uwolniona. Sekwencja powstałego RNA jest komplementarna do sekwencji nici matrycowej DNA i taka sama jak sekwencja nici kodującej DNA (sekwencja genu), jednak zamiast T występuje U.

Modyfikacje potranskrypcyjne pre-mRNA

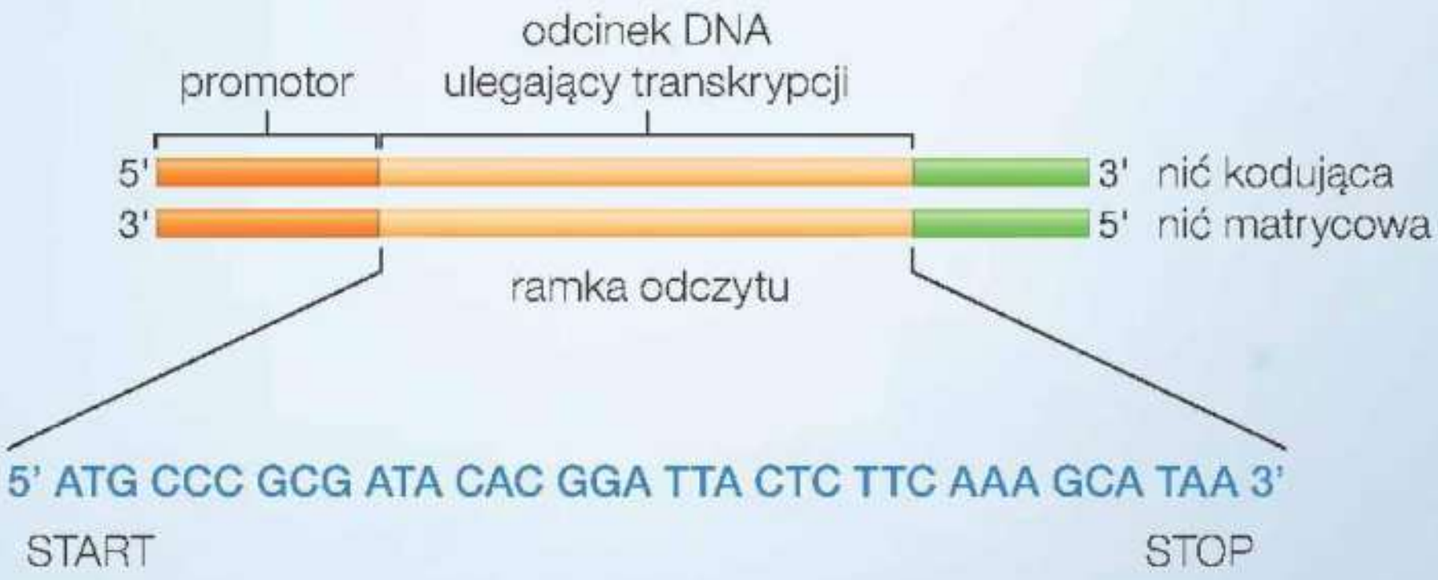
U organizmów eukariotycznych modyfikacje potranskrypcyjne pre-mRNA zachodzą w jądrze komórkowym. Dzięki nim powstaje cząsteczka mRNA, która może wziąć udział w translacji.



Uwaga! Część opisanych modyfikacji potranskrypcyjnych to w rzeczywistości modyfikacje ko-transkrypcyjne, zachodzące jeszcze przed zakończeniem procesu transkrypcji.

Ramka odczytu

Ramka odczytu to seria kodonów w nici kodującej DNA lub nici mRNA, rozpoczynająca się od kodonu START, a kończąca się kodonem STOP. Poszczególne kodony ramki odczytu wyznaczają kolejne aminokwasy w łańcuchu polipeptydowym.



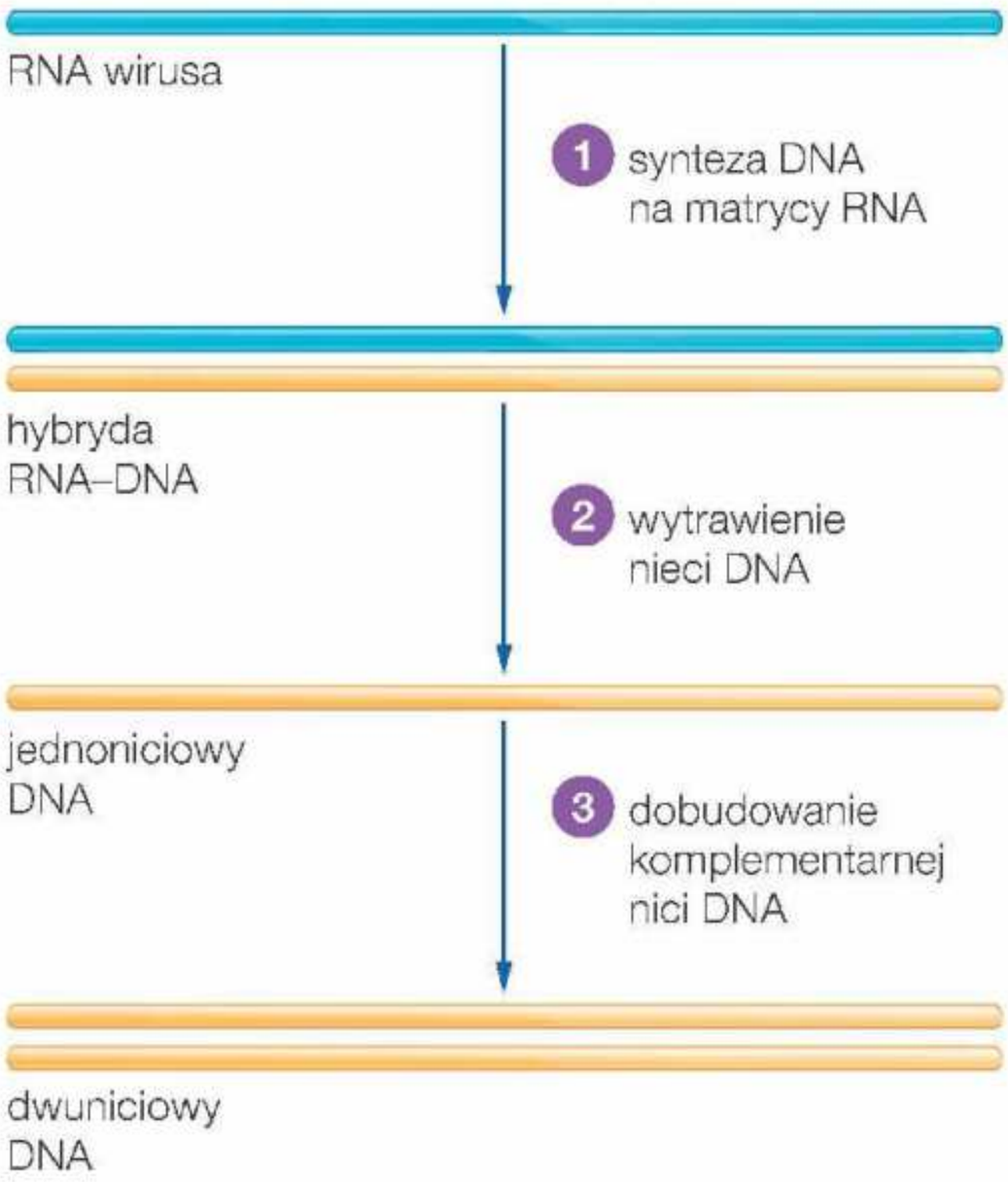
Odwrotna transkrypcja

Transkrypcja polega na przepisywaniu informacji genetycznej z DNA na RNA. Jednak niekiedy przepływ informacji genetycznej zachodzi w drugą stronę, od RNA do DNA. Proces ten nosi nazwę **odwrotnej transkrypcji** i jest katalizowany przez enzym o nazwie **odwrotna transkryptaza**.

Odwrotna transkrypcja przebiega w trzech etapach:

1. **synteza DNA na matrycy RNA** – odwrotna transkryptaza przyłącza się do RNA wirusa i syntetyzuje komplementarną do niego nić DNA w kierunku 5′ → 3′ dzięki obszarowi o aktywności polimerazy. Powstaje hybryda RNA–DNA;
2. **wytrawienie nici RNA** – odwrotna transkryptaza degraduje nić RNA za pomocą obszaru o aktywności rybonukleazy. Powstaje jednoniciowy DNA;
3. **dobudowanie komplementarnej nici DNA** – odwrotna transkryptaza syntetyzuje nową nić DNA na podstawie pierwszej nici DNA dzięki obszarowi o aktywności polimerazy. W efekcie powstaje dwuniciowa cząsteczka DNA.

Odwrotna transkrypcja występuje w cyklu infekcyjnym retrowirusów. Zalicza się do nich m.in. wirusa HIV, który wywołuje nabyty zespół niedoboru odporności (AIDS), wiele wirusów wywołujących nowotwory (wirusy onkogenne), a także wirus mozaiki kalafiora, zakażający liście tej rośliny. Proces odwrotnej transkrypcji występuje również w komórkach eukariotycznych podczas wydłużania końców chromosomów przez telomerazę (→ s. 20). Matrycą jest wówczas RNA stanowiący część enzymu, a w wyniku tego procesu powstaje jednoniciowy DNA telomeru.

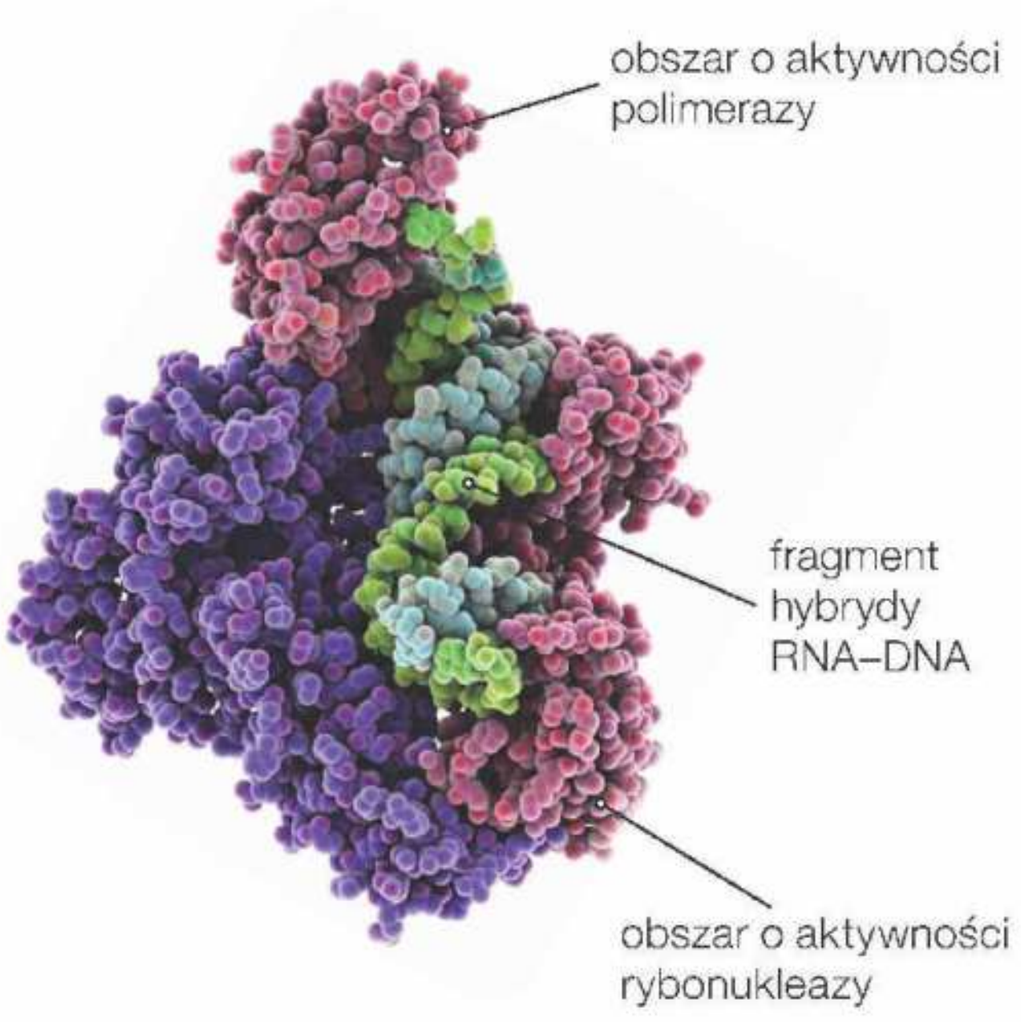


Etapy odwrotnej transkrypcji.

Odwrotna transkryptaza wirusa HIV

Materiałem genetycznym wirusa HIV jest RNA. W cyklu infekcyjnym tego wirusa dochodzi do integracji materiału genetycznego wirusa z DNA jądrowym. Aby to było możliwe, musi zajść proces odwrotnej transkrypcji przeprowadzanej przez odwrotną transkryptazę. Jedna z podjednostek tego enzymu zawiera obszary wykazujące dwie różne aktywności wobec kwasów nukleinowych:

- **obszar o aktywności polimerazy** – odpowiada za syntezę DNA (na matrycy RNA lub DNA),
- **obszar o aktywności rybonukleazy** – odpowiada za rozkład RNA.



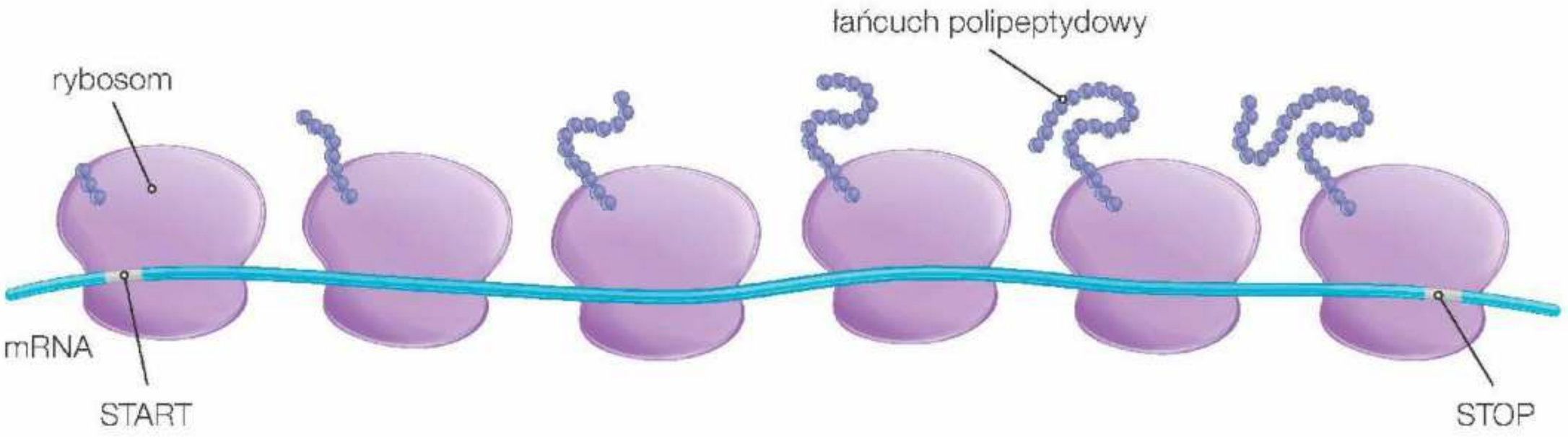
Translacja

U organizmów eukariotycznych cząsteczka mRNA opuszcza jądro komórkowe i dostaje się do cytozolu, gdzie zachodzi translacja. Podczas **translacji** sekwencja nukleotydów w mRNA jest tłumaczona na sekwencję aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym. Tłumaczenie to odbywa się według reguł **kodu genetycznego** (→ s. 25). Uczestniczą w nim cząsteczki mRNA, rybosomy, jony magnezu oraz cząsteczki tRNA z przyłączonymi aminokwasami, zwane aminoacylo-tRNA. Oprócz nich w procesie tym biorą udział białka enzymatyczne i uniwersalne przenośniki energii (ATP i GTP).

W translacji wyróżnia się trzy główne etapy:

1. **inicjacja translacji** (rozpoczęcie translacji) – w jego trakcie następuje utworzenie kompleksu złożonego z rybosomu, mRNA i pierwszego aminoacylo-tRNA (metionylo--tRNA),
2. **elongacja łańcucha polipeptydowego** (wydłużanie łańcucha polipeptydowego) – w jego trakcie następuje dalsze przyłączanie kolejnych aminoacylo-tRNA i wytwarzanie wiązań peptydowych pomiędzy kolejnymi aminokwasami,
3. **terminacja translacji** (zakończenie translacji) – w jego trakcie następuje związanie czynnika uwalniającego, który powoduje odłączenie się gotowego łańcucha polipeptydowego.

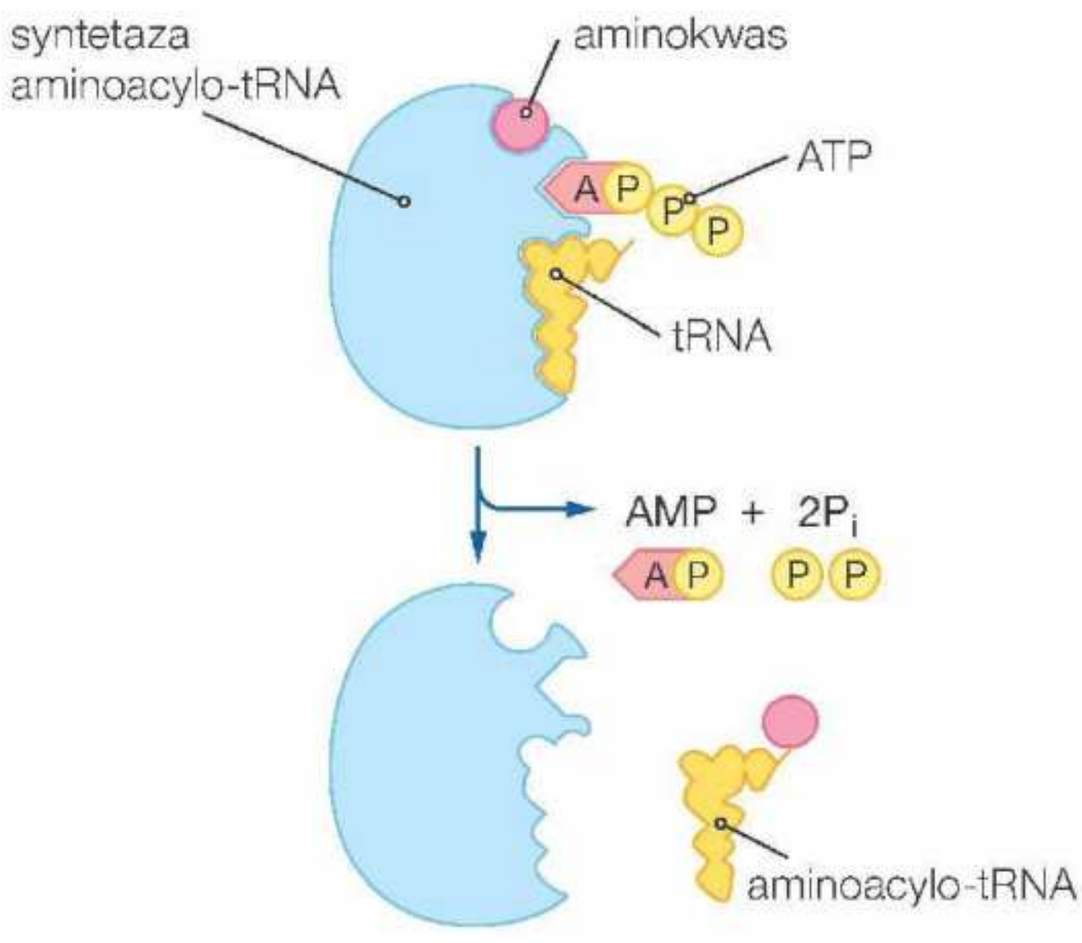
Aby zwiększyć wydajność procesu translacji, z jedną cząsteczką mRNA łączy się często więcej niż jeden rybosom. W ten sposób powstaje **polirybosom** (polisom). Na każdym z rybosomów zachodzi synteza łańcucha polipeptydowego.



Polirybosom.

Aminoacylo-tRNA

Aminokwasy zostają przetransportowane do miejsca syntezy białka – rybosomu – w formie związanej z odpowiednimi cząsteczkami tRNA. Wiązanie aminokwasu z cząsteczką tRNA następuje dzięki działaniu enzymów zwanych **syntetazami aminoacylo-tRNA**. Łączą one wiązaniem kowalencyjnym aminokwas z odpowiednim dla niego tRNA, wykorzystując do tego energię pochodzącą z rozkładu ATP. W ten sposób powstaje kompleks aminokwas–tRNA, nazywany **aminoacylo-tRNA** (w skrócie: aa-tRNA).



Działanie syntetazy aminoacylo-tRNA.

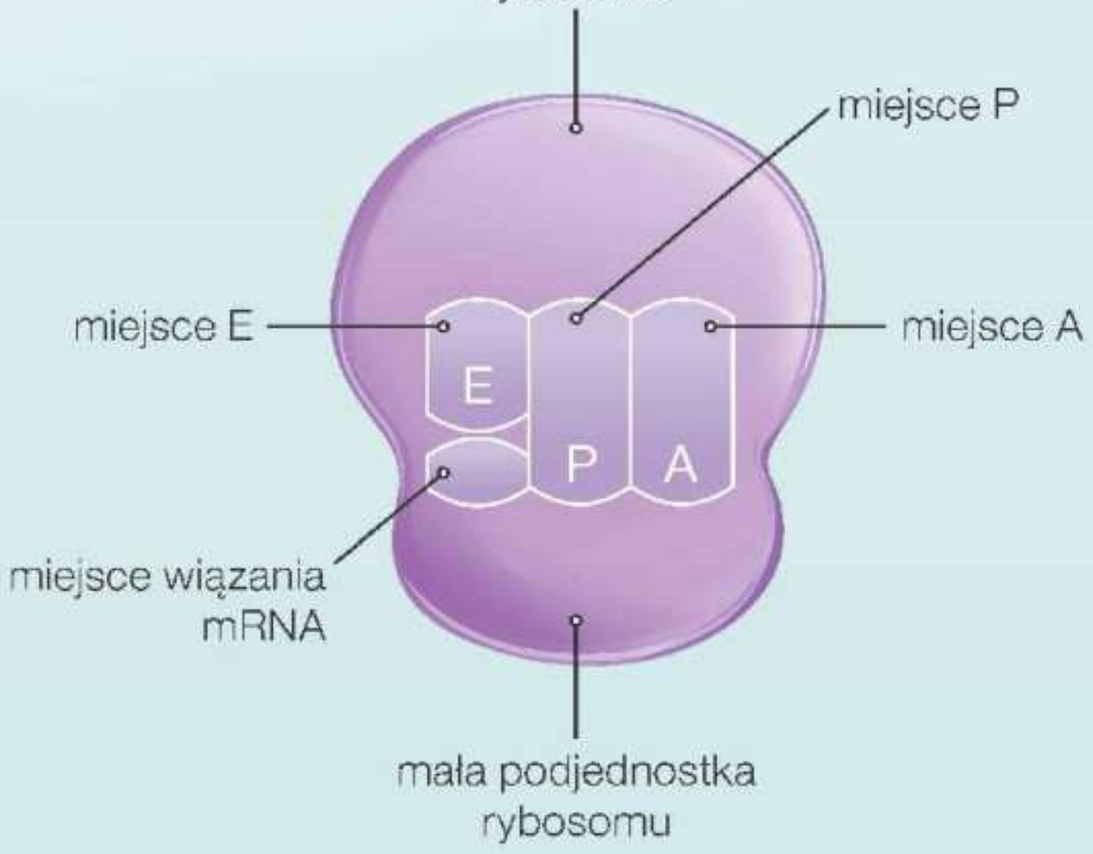
Przebieg translacji

Translacja (biosynteza białka) to proces przeprowadzany przez rybosomy. Struktury te odpowiadają za dopasowanie aa-tRNA do mRNA oraz za tworzenie wiązań peptydowych między aminokwasami. Tworzenie wiązań peptydowych jest katalizowane przez transferazę peptydylową – enzym dużej podjednostki rybosomu.

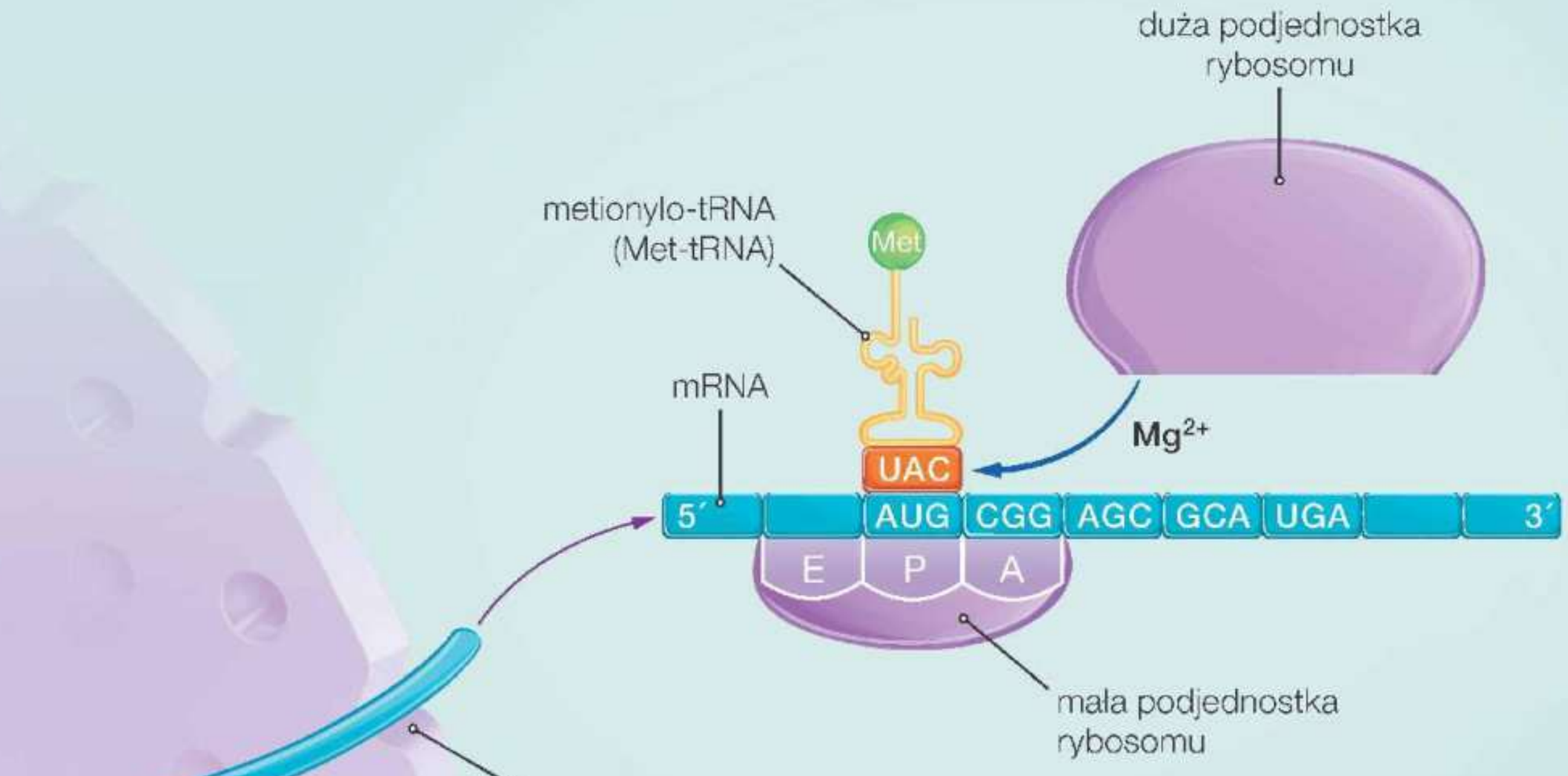
Miejsca aktywne rybosomu

Rybosom zawiera kilka miejsc aktywnych. Są to:

- miejsce wiązania mRNA,
- miejsce aminokwasowe (A), w którym są wiązane cząsteczki aminoacylo-tRNA,
- miejsce peptydylowe (P), w którym zachodzi tworzenie wiązania peptydowego,
- miejsce E (ang. *exit* – 'wyjście'), w którym zostaje odłączony tRNA.



Etapy translacji w komórkach eukariotycznych



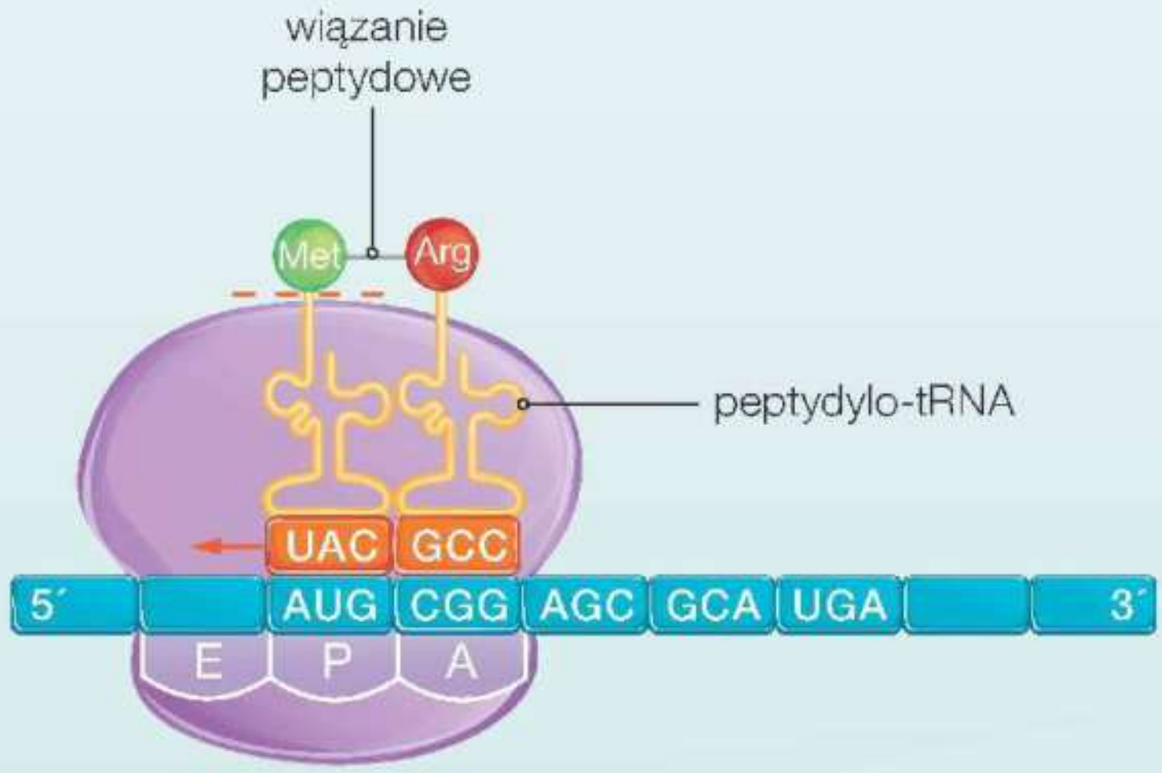
Kierunek odczytu informacji genetycznej w mRNA:
koniec 5′ → koniec 3′

Kierunek syntezy łańcucha polipeptydowego:
N-koniec aminokwasu → C-koniec aminokwasu

1 Inicjacja
Z miejscem P małej podjednostki rybosomu łączy się tRNA transportujący metioninę (Met-tRNA). Następnie przyłącza się mRNA, którego kodon AUG (START) tworzy wiązania wodorowe z antykodonem UAC Met-tRNA. Inicjacja kończy się przyłączeniem dużej podjednostki rybosomu przy udziale jonów magnezu.

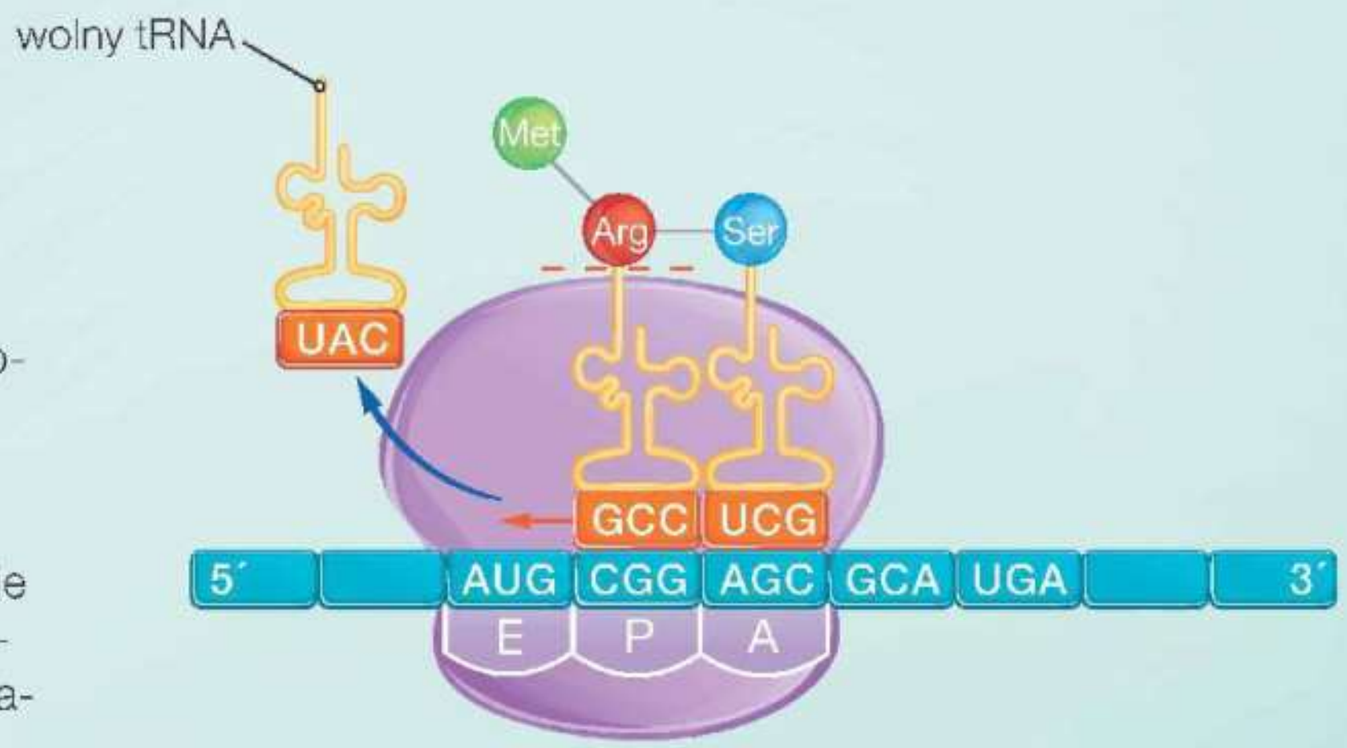
2a Elongacja

Z miejscem A rybosomu łączy się nowy aa-tRNA. Wiązanie między metioniną a tRNA w Met-tRNA ulega rozerwaniu i cząsteczka aminokwasu zostaje odłączona. Jednocześnie zachodzi wytworzenie wiązania peptydowego między metioniną a następnym aminokwasem, np. argininą (Arg), oraz przesunięcie wolnego tRNA do miejsca E. tRNA z więcej niż jednym przyłączonym aminokwasem nosi nazwę peptydylo-tRNA.



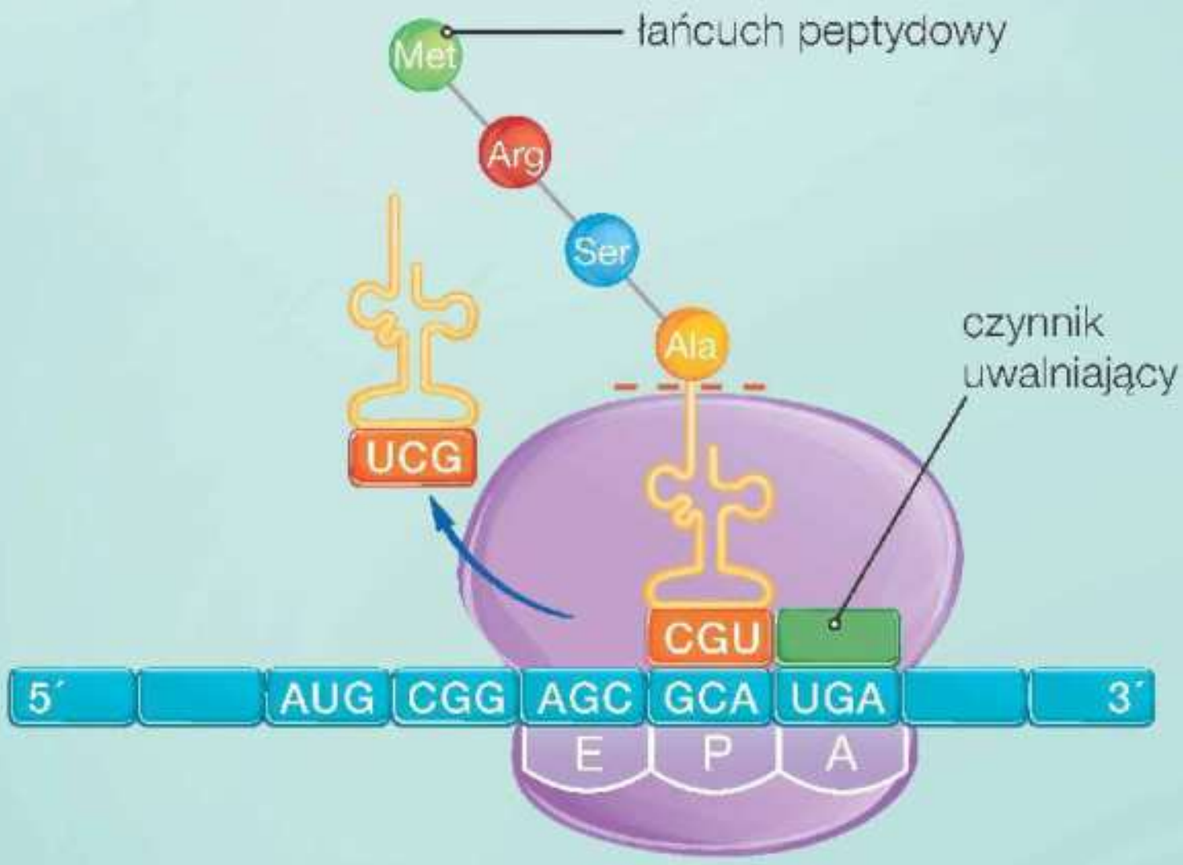
2b Następuje przesunięcie rybosomu względem mRNA o jeden kodon. Wolny tRNA opuszcza miejsce E i odłącza się od rybosomu. Peptydylo-tRNA przesuwa się na miejsce P, a z miejscem A łączy się następny aa-tRNA.

Elongacja trwa do czasu, aż wszystkie kodony zostaną odczytane, a wszystkie aminokwasy – połączone wiązaniami peptydowymi.



3 Terminacja

Do kodonu STOP przyłącza się białko zwane czynnikiem uwalniającym. Wówczas rybosom zrywa wiązanie między tRNA a łańcuchem polipeptydowym. Następuje uwolnienie tRNA i polipeptydu. Rybosom rozpada się na podjednostki małą i dużą. Odłączają się od niego mRNA i czynnik uwalniający.



Samouczek

Określanie nici kodującej i nici matrycowej DNA na podstawie ramki odczytu

Przykład

Gen koduje peptyd składający się z siedmiu aminokwasów.

Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Określ na podstawie ramki odczytu, która nić DNA jest nicią kodującą, a która – nicią matrycową.

Wskazówka:

Ramka odczytu to seria kodonów w nici kodującej DNA, rozpoczynająca się kodonem START, a kończąca się kodonem STOP.

Krok 1

Przeszukaj obie nici DNA pod kątem kodonu START (ATG), zaczynając najpierw od lewej, a potem od prawej strony cząsteczki.

- Od lewej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

- Od prawej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Krok 2

Przeanalizuj dalsze sekwencje obu nici DNA (począwszy od kodonu START) w taki sposób, by – idąc trójkami nukleotydów – trafić na jeden z kodonów STOP (TAA, TAG lub TGA).

- Od lewej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

- Od prawej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Krok 3

Ramka odczytu znajduje się tylko w nici 1 cząsteczki DNA – jest to zatem nić kodująca.
Nić 2 – komplementarna do nici kodującej – jest natomiast nicią matrycową.

Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Odpowiedź:

Nić 1, kodująca: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2, matrycowa: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′

Samouczek

Określanie nici kodującej i nici matrycowej DNA na podstawie kierunku transkrypcji

Przykład

Gen koduje peptyd składający się z siedmiu aminokwasów.

Nić 1: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′



Określ na podstawie kierunku transkrypcji, która nić DNA jest nicią kodującą, a która – nicią matrycową.

Wskazówka:

Polimeraza RNA wytwarza cząsteczkę RNA w kierunku 5′ → 3′. Matrycą do syntezy RNA jest nić DNA o odwrotnej polarności 3′ → 5′, czyli nić matrycowa. Nić kodująca jest nicią komplementarną do nici matrycowej.



Krok 1

Wstaw polarność nici mRNA na obu końcach strzałki przedstawiającej kierunek transkrypcji.

Nić 1: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′



Krok 2

Jeśli nić RNA jest syntetyzowana od końca 5′ w kierunku 3′, to matryca do jej syntezy musi mieć odwrotną polarność. Przeanalizuj polarność obu nici DNA i ustal, która nić stanowi matrycę, czyli jest nicią matrycową. Nić komplementarna do niej jest z kolei nicią kodującą.

Nić 1: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′



Odpowiedź:

Nić 1 jest nicią kodującą, a nić 2 – nicią matrycową.

Nić 1, kodująca: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2, matrycowa: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′

Samouczek

Określanie nici kodującej i nici matrycowej DNA na podstawie sekwencji peptydu

Przykład

Gen koduje peptyd składający się z siedmiu aminokwasów.

Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Sekwencja peptydu: Met – Pro – Val – Ile – Lys – Thr – Phe

Określ na podstawie sekwencji peptydu, która nić DNA jest nicią kodującą, a która – nicią matrycową.

Krok 1

Przeszukaj obie nici DNA pod kątem kodonu kodującego metioninę (Met), czyli pierwszy aminokwas łańcucha peptydowego. Kodon ten jest jednocześnie kodonem START (ATG). Zacznij najpierw od lewej, a potem od prawej strony cząsteczki.

- Od lewej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

- Od prawej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Krok 2

Wyszukaj podane aminokwasy w tabeli kodu genetycznego i zapisz oznaczające je kodony w DNA. Sprawdź, która z nici ma prawidłowy skład kodonów kodujących aminokwasy. Zaznacz również kodon STOP.

Aminokwasy	Prolina (Pro)	Walina (Val)	Izoleucyna (Ile)	Lizyna (Lys)	Treonina (Thr)	Fenyloalanina (Phe)
Kodony w DNA	CCC CCT CCA CCG	GTC GTT GTA GTG	ATA ATT ATC	AAG AAA	ACT ACC ACA ACG	TTC TTT

- Od lewej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

- Od prawej strony cząsteczki:

  Nić 1: AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC

  Nić 2: TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG

Krok 3

Ustal, która nić jest nicią kodującą, a która – nicią matrycową.

Odpowiedź:

Nić 1, kodująca: 5′ AACGCGCTAGTAATGCCCGTCATAAAGACTTTCTGAAAGGGCGC 3′

Nić 2, matrycowa: 3′ TTGCGCGATCATTACGGGCAGTATTTCTGAAAGACTTTCCCGCG 5′

Modyfikacje potranslacyjne białek

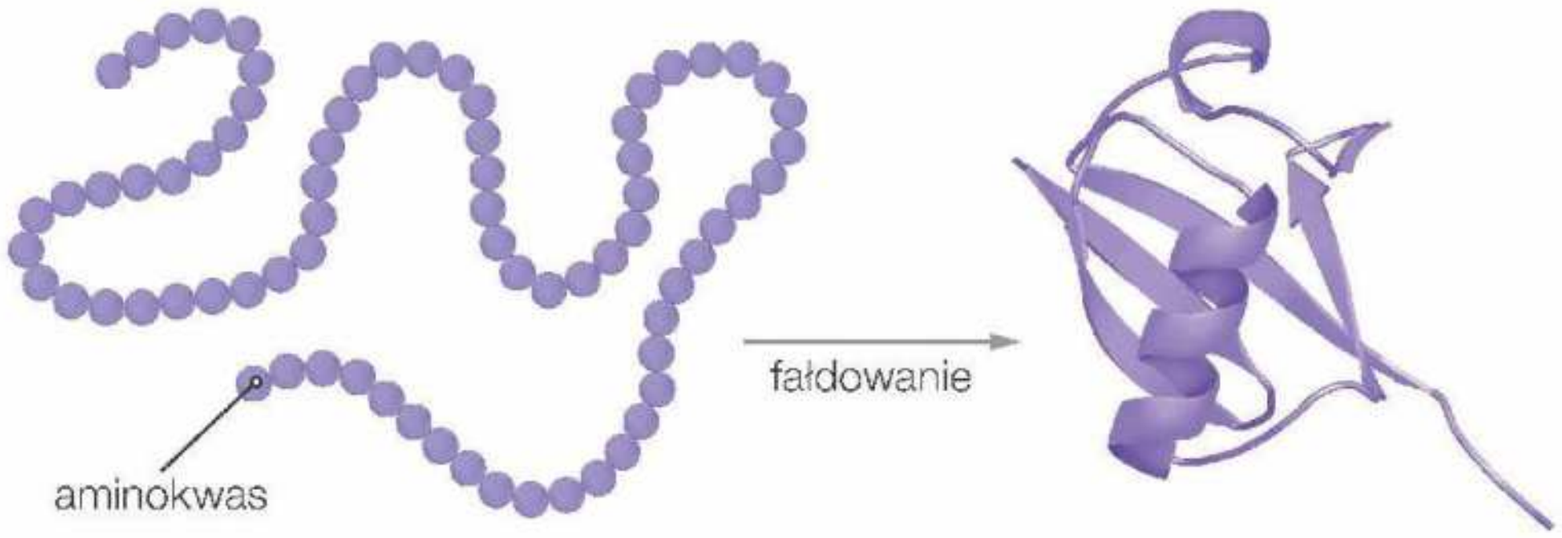
Białka ulegają **modyfikacjom potranslacyjnym**, dzięki którym stają się aktywne biologicznie. Modyfikacje te są związane przede wszystkim z procesem fałdowania, czyli uzyskiwania przez białko odpowiedniej struktury przestrzennej. Ostateczna struktura przestrzenna jest fizjologicznie czynną formą białka, czyli formą natywną.

Mimo że pierwszym aminokwasem w powstającym łańcuchu polipeptydowym jest metionina, nie wszystkie białka wytworzone w komórce rozpoczynają się od tego aminokwasu. W większości białek metionina jest enzymatycznie wycinana. Ponadto w przypadku wielu białek jest także konieczne wycięcie pewnej liczby aminokwasów ze środkowej lub z końcowej części łańcucha polipeptydowego. W efekcie mogą powstać krótsze formy białka bądź kilka mniejszych polipeptydów o specyficznych funkcjach. W przypadku niektórych białek są niezbędne modyfikacje, które polegają na przyłączaniu do aminokwasów dodatkowych grup chemicznych, np. reszt cukrowych, lipidowych czy fosforanowych.

Modyfikacje potranslacyjne pełnią też inną funkcję. Prowadzą one do znakowania białek, dzięki czemu następuje ich sortowanie i kierowanie do odpowiednich miejsc w komórce bądź poza komórką.

Fałdowanie białka

Fałdowanie (zwijanie) polega na uzyskiwaniu przez białko ostatecznej struktury przestrzennej, która jest strukturą trzeciorzędową lub czwartorzędową. Proces fałdowania zachodzi spontanicznie i rozpoczyna się już w czasie translacji. Niekiedy uczestniczą w nim tzw. białka opiekuńcze, które pomagają nowo powstałemu białku przyjąć odpowiednią strukturę przestrzenną.



W wyniku fałdowania z nieaktywnego białka o strukturze pierwszorzędowej powstaje aktywne białko, zwykle o strukturze trzeciorzędowej.

Polecenia kontrolne

1. Podaj sekwencje nici kodującej i nici matrycowej DNA dla przedstawionego poniżej odcinka mRNA. Zapisz je w zeszycie w kierunku 5′ → 3′.
   5′-AUUAGGUUCGUGGGG-3′
2. Określ sekwencję nukleotydów w mRNA, który posłużył do syntezy fragmentu białka o sekwencji aminokwasów: metionina – glicyna – asparagina – prolina. Czy zadanie może mieć więcej niż jedno poprawne rozwiązanie? Uzasadnij swoją odpowiedź.
3. Cząsteczka DNA o długości ok. 40 mln pz zawiera 500 genów. Geny mają długość ok. 15 tys. pz i zawierają średnio po 5 eksonów o długości 300 pz. Odpowiedz na pytania:
   a. Jaką część pozagenowego DNA zawiera ta cząsteczka DNA?
   b. Czy jest to cząsteczka należąca do genomu prokariotycznego czy eukariotycznego?

1.4. Regulacja ekspresji genów

Ważne w tym temacie!

- sposoby regulacji ekspresji genów w komórkach eukariotycznych

Organizmy potrafią zmieniać swój metabolizm w odpowiedzi na sygnały docierające do nich ze środowiska zewnętrznego lub środowiska wewnętrznego. Na poziomie komórki zmiana metabolizmu odbywa się dzięki regulacji ekspresji genów, która powoduje modyfikację składu białek w komórce.

Regulacja ekspresji genów w komórkach eukariotycznych

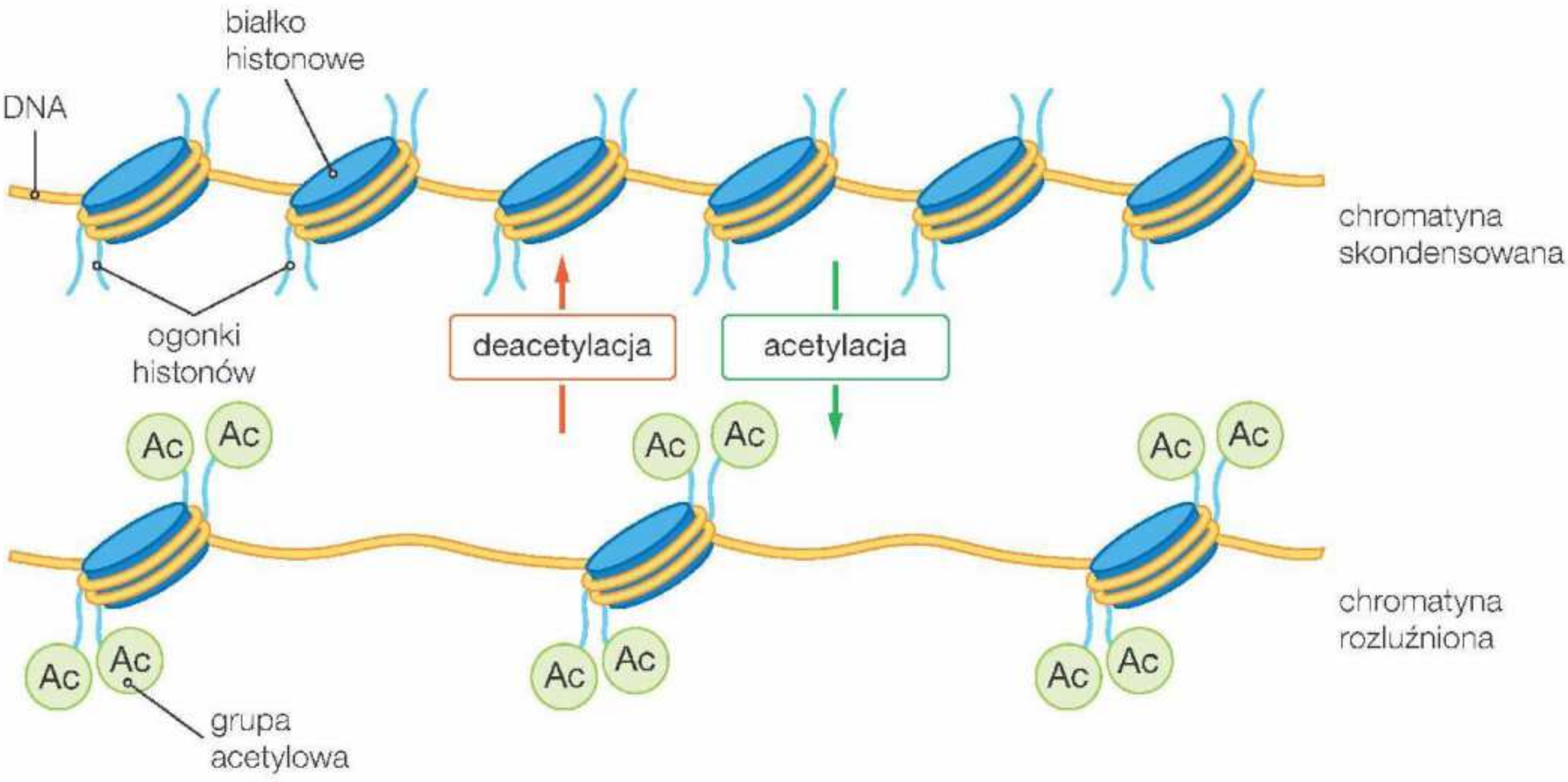
Regulacja ekspresji genów polega na włączaniu lub wyłączaniu ekspresji wybranych genów, w efekcie czego jest odczytywana tylko część informacji genetycznej. Regulacja ekspresji genów jest zatem podstawowym procesem umożliwiającym różnicowanie się komórek, a następnie ich organizowanie się w odpowiednie tkanki, narządy i układy narządów. Proces ten może się odbywać na kilku poziomach. Są to m.in. regulacje:

- dostępu do genu,
- inicjacji transkrypcji,
- składania RNA,
- translacji.

Regulacja dostępu do genu

U eukariontów DNA związany z białkami, m.in. histonami, tworzy chromatynę. Im bardziej jest upakowana chromatyna, tym trudniej polimerazie RNA połączyć się z genem i rozpocząć transkrypcję. Do rozpoczęcia ekspresji genu jest więc niezbędne rozluźnienie chromatyny, dzięki czemu enzymy mają dostęp do sekwencji DNA. Regulacja stopnia upakowania chromatyny polega m.in. na chemicznej modyfikacji histonów – białek wiążących DNA.

Regulowanie dostępu do genu na skutek modyfikacji kondensacji chromatyny



Acetylacja histonów (przyłączenie reszty kwasu octowego do ogonka białek histonowych) rozluźnia strukturę chromatyny, natomiast **deacetylacja** powoduje jej kondensację. Dzięki temu dostęp do genów może się zmieniać w zależności od potrzeb komórki.

Regulacja inicjacji transkrypcji

Rozpoczęcie transkrypcji w komórkach eukariotycznych wymaga działania odpowiednich białek regulatorowych, zwanych **czynnikami transkrypcyjnymi**. Wiążą się one z DNA i ułatwiają przyłączanie polimerazy RNA do promotora genu. Po tym etapie są uwalniane i mogą uczestniczyć w inicjacji transkrypcji innych genów.

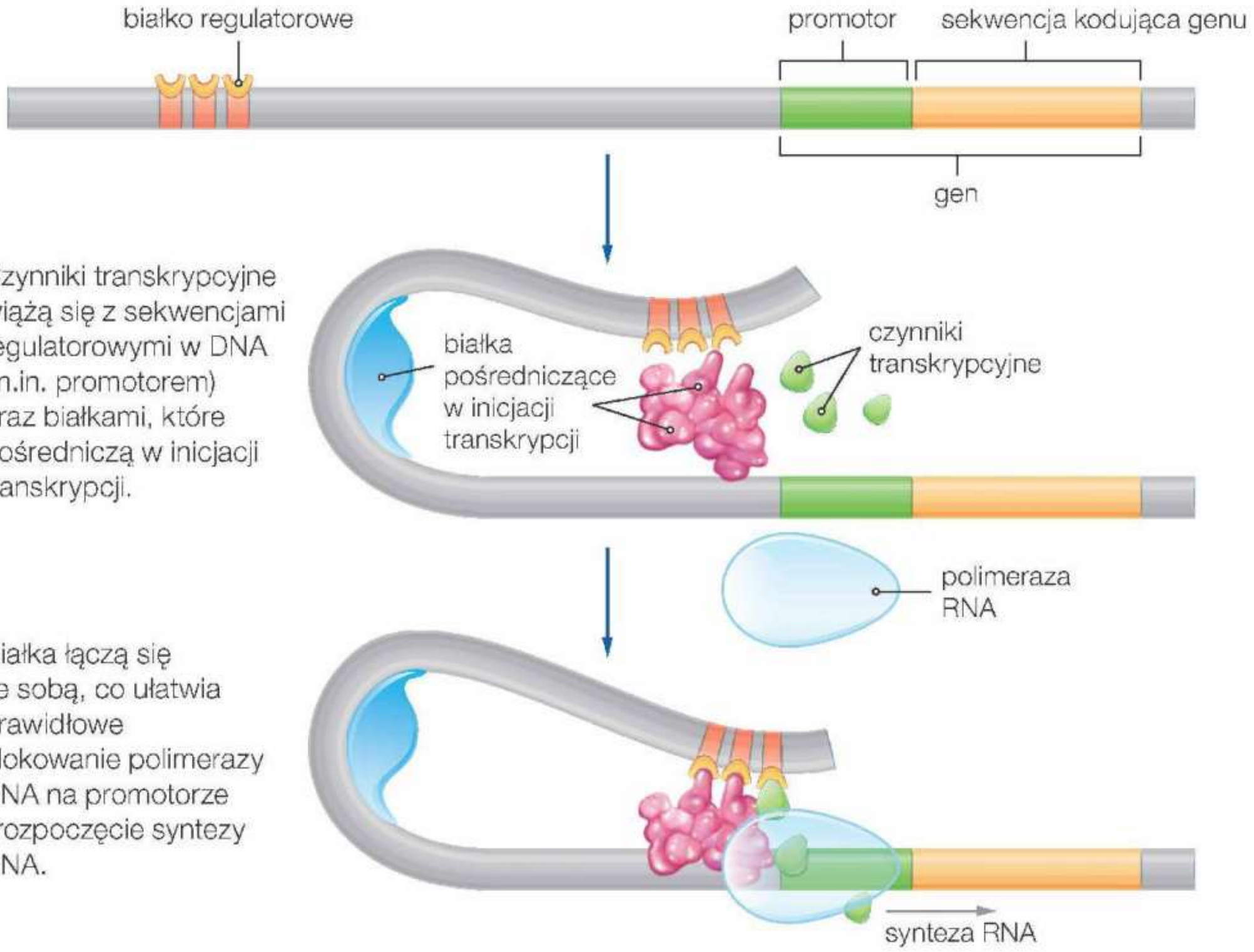
Ekspresja genów w danym typie komórki jest związana z charakterystycznymi dla tego typu komórki czynnikami transkrypcyjnymi. Na przykład w komórkach siatkówki oka odpowiednie czynniki transkrypcyjne powodują wytwarzanie białek niezbędnych w procesie widzenia, m.in. opsyny. Inny zestaw czynników transkrypcyjnych w komórkach kostnych sprawia, że opsyna nie jest w nich wytwarzana, wytwarzane są za to białka warunkujące proces mineralizacji kości.

Do czynników transkrypcyjnych należą m.in. wewnątrzkomórkowe receptory niektórych hormonów, np. hormonów steroidowych. W wyniku związania z hormonem przekształcają się one w aktywną formę, która wiążąc się z DNA, ułatwia przyłączenie polimerazy RNA do promotora i rozpoczęcie ekspresji odpowiedniego genu.

Regulacja inicjacji transkrypcji u eukariontów zależy zatem od wielu sekwencji regulatorowych w DNA oraz od wielu czynników transkrypcyjnych. Ponadto ekspresja niektórych genów jest skoordynowana – geny warunkujące jeden proces metaboliczny ulegają ekspresji w tym samym czasie. Sprawia to, że reakcje biochemiczne przebiegają efektywnie.

Czynniki transkrypcyjne

Aby doszło do inicjacji transkrypcji, musi połączyć się wiele czynników transkrypcyjnych, przy czym niektóre z nich mogą być specyficzne dla danego typu komórek.



1 Czynniki transkrypcyjne wiążą się z sekwencjami regulatorowymi w DNA (m.in. promotorem) oraz białkami, które pośredniczą w inicjacji transkrypcji.

2 Białka łączą się ze sobą, co ułatwia prawidłowe ulokowanie polimerazy RNA na promotorze i rozpoczęcie syntezy RNA.

Regulacja składania RNA

Alternatywne składanie (alternatywny *splicing*) polega na wycinaniu z pre-mRNA intronów, a następnie łączeniu eksonów w różne układy. Ponadto niektóre eksony mogą być wycinane wraz z intronami. W wyniku alternatywnego składania w komórkach powstają odmienne cząsteczki mRNA, a po translacji – odmienne formy białek.

Regulacja translacji

Regulacja translacji polega na ułatwianiu lub blokowaniu syntezy białek w zależności od potrzeb komórki. Odpowiadają za to m.in. białka regulatorowe i mikroRNA (miRNA).

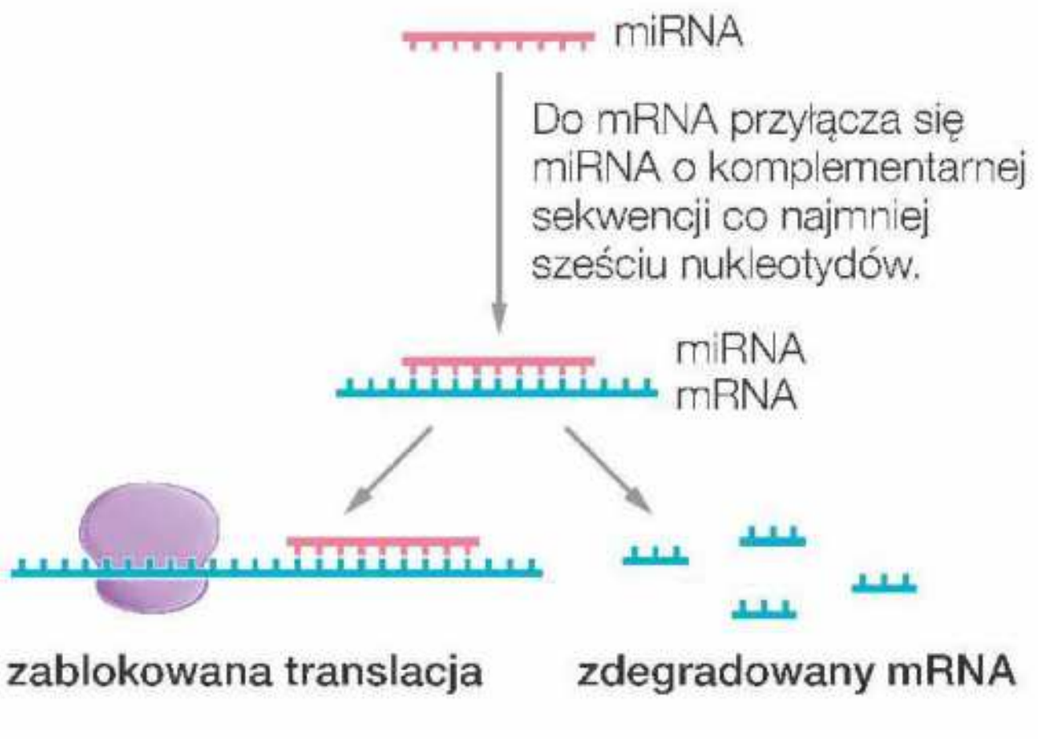
Białka regulatorowe

Białka regulatorowe aktywują lub blokują translację na etapie inicjacji. Białka, zwane czynnikami inicjacji translacji, łączą się z mRNA oraz rybosomem i ułatwiają rozpoczęcie translacji, np. przez udział w odnajdywaniu kodonu START. Inne białka regulatorowe blokują translację, ponieważ łącząc się z mRNA, uniemożliwiają jego przesuwanie się wzdłuż rybosomu. Białka te mogą odłączyć się od mRNA pod wpływem określonego czynnika, np. jonu metalu.

Cząsteczki miRNA

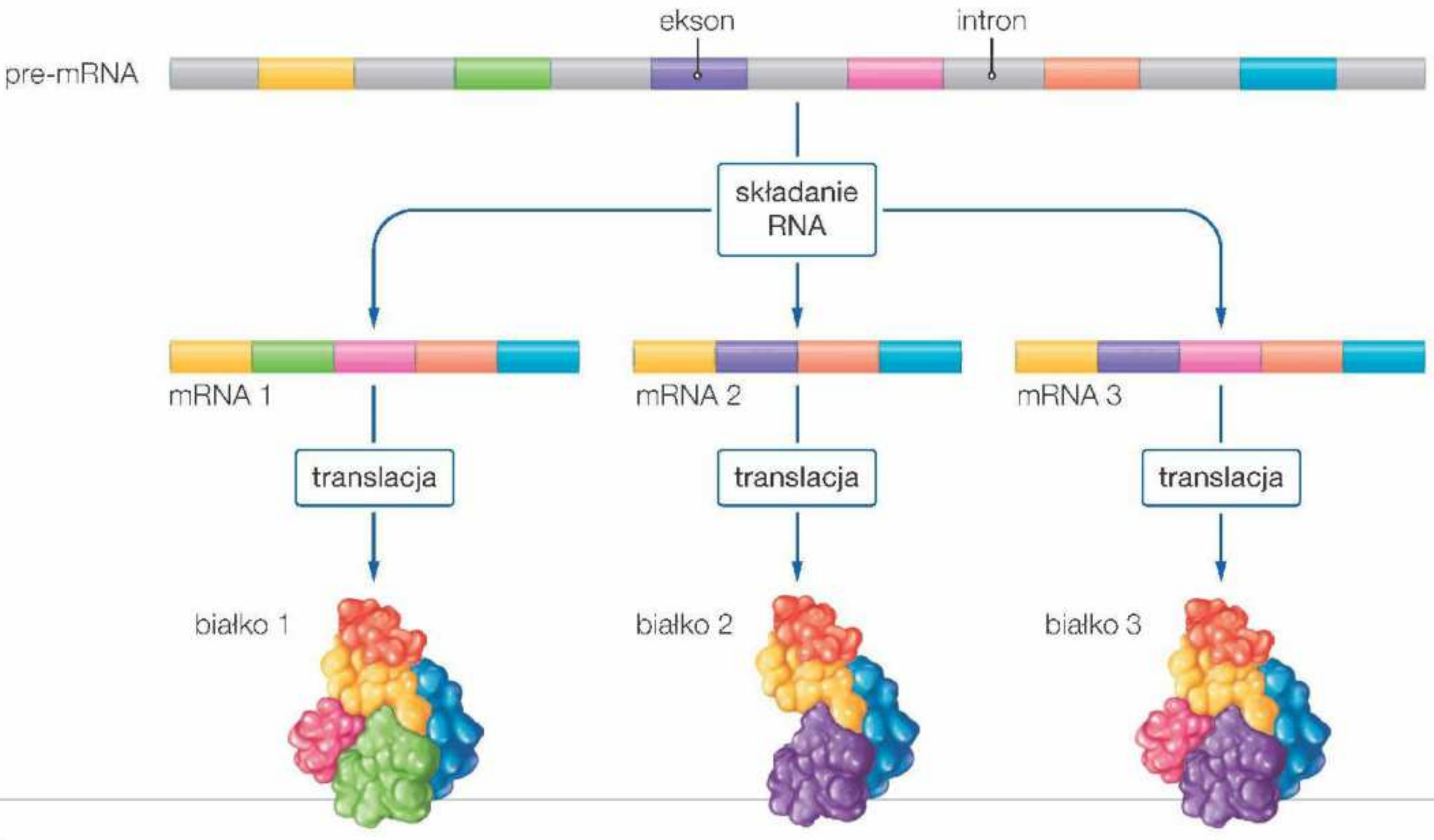
Cząsteczki miRNA (mikroRNA) to niewielkie jednoniciowe oligonukleotydy, które regulują ekspresję wielu genów człowieka. Mogą one nie tylko blokować translację, lecz także powodować degradację niepotrzebnego mRNA.

Regulacja ekspresji genów przez miRNA



Alternatywne składanie RNA (alternatywny *splicing*)

Alternatywne składanie RNA prowadzi do powstania odmiennych form białek podczas ekspresji tego samego genu w różnych tkankach.



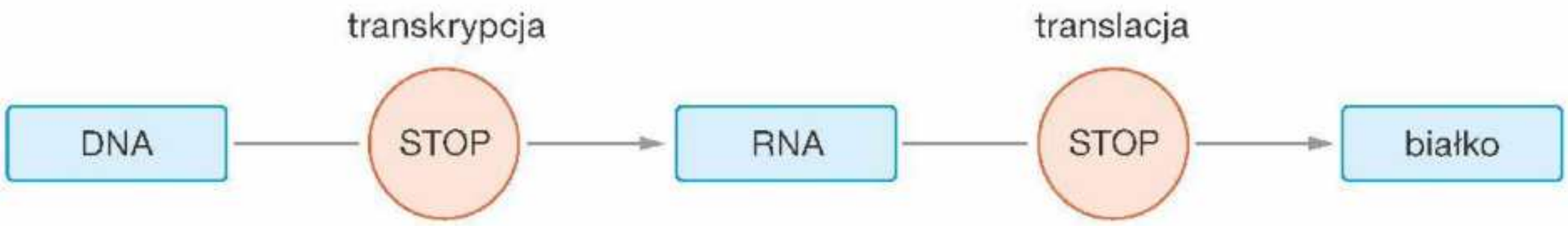
Celowe hamowanie ekspresji genów

Biologia w **medycynie**

Celowe hamowanie ekspresji genów znalazło zastosowanie w terapii oraz badaniu przyczyn niektórych chorób.

Terapia chorób

Niektóre choroby, np. zakażenia bakteryjne i nowotwory, można leczyć dzięki hamowaniu ekspresji genów na różnych etapach. Do tego celu stosuje się m.in. antybiotyki, takie jak rifampicyna, streptomycyna, tetracyklina czy erytromycyna.
Antybiotyki rozpoznają białka charakterystyczne tylko dla bakterii, np. bakteryjne polimerazy RNA lub składniki rybosomów bakteryjnych. Następnie łączą się z nimi, blokując w ten sposób ich działanie.



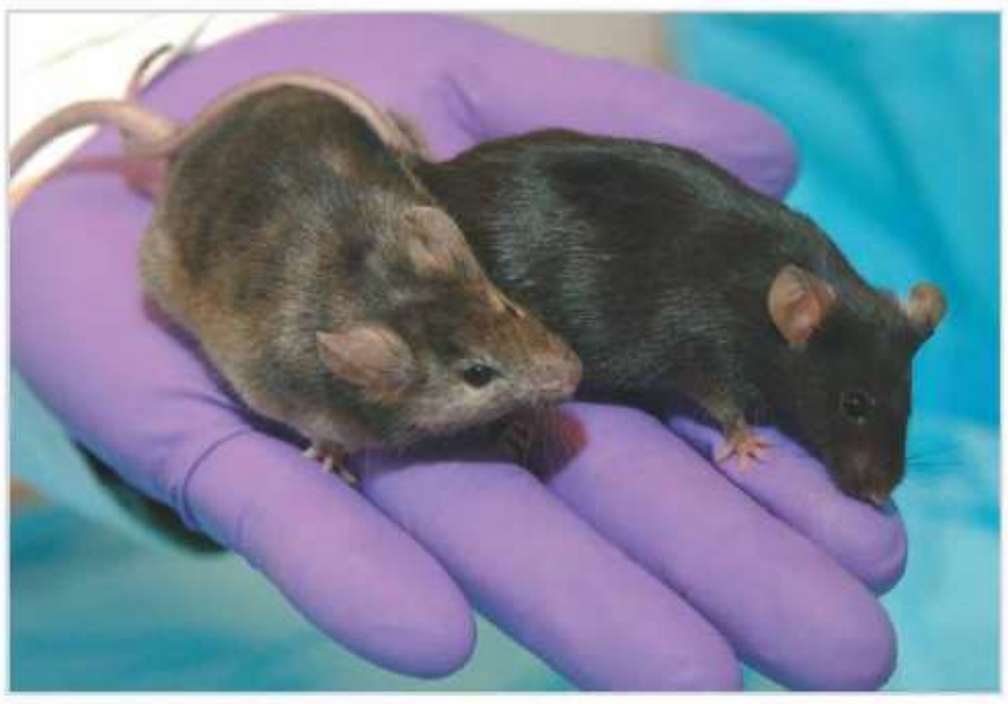
Rifampicyna – łączy się z bakteryjną polimerazą RNA.

Streptomycyna, tetracyklina – łączą się z małą podjednostką rybosomu bakteryjnego.

Erytromycyna – łączy się z dużą podjednostką rybosomu bakteryjnego.

Badanie przyczyn chorób

Jedną z metod celowego hamowania ekspresji genów jest nokaut genowy, który polega na inaktywacji pojedynczych genów u zwierząt laboratoryjnych. Metoda ta jest wykorzystywana m.in. do tworzenia mysich modeli stosowanych w badaniach niektórych chorób człowieka, np. cukrzycy, chorób sercowo-naczyniowych oraz chorób neurodegeneracyjnych.



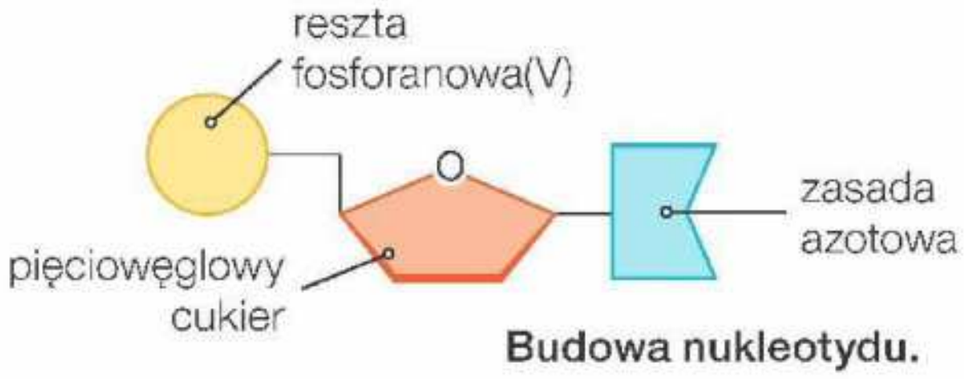
Mysz, u której został wyłączony gen wpływający na wzrost włosów (po lewej), oraz mysz z prawidłowo działającymi genami (po prawej).

Polecenia kontrolne

1. Rozstrzygnij, który z procesów – acetylacja czy deacetylacja – ułatwia transkrypcję genów. Odpowiedź uzasadnij.
2. Wyjaśnij, dlaczego komórki człowieka są zróżnicowane pod względem budowy i funkcji, chociaż mają tę samą informację genetyczną.
3. Omów, w jaki sposób z jednego genu eukariotycznego może zostać wytworzone wiele różnych cząsteczek mRNA.
4. Wyjaśnij, w jaki sposób może być regulowana ilość aktywnego białka w komórce, jeśli mRNA właściwy dla tego białka został już wytworzony.

Podsumowanie

1 **DNA** i **RNA** – kwasy nukleinowe zbudowane z nukleotydów połączonych wiązaniami fosfodiestrowymi.

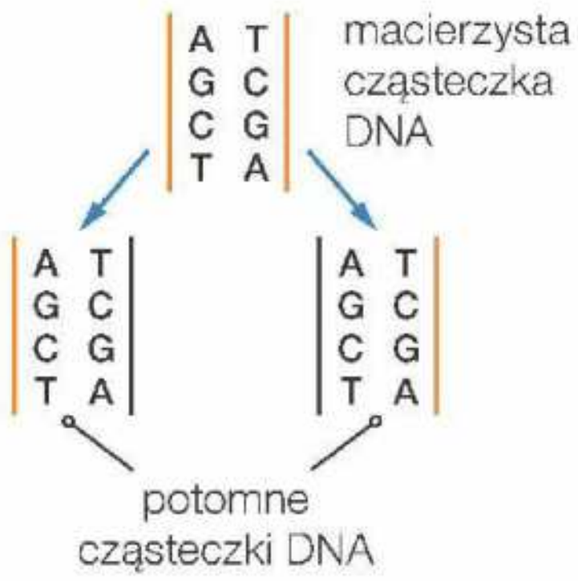


Budowa nukleotydu.

Porównanie cech kwasów nukleinowych

Cecha	DNA	RNA
Struktura cząsteczki	zwykle dwuniciowy (w postaci podwójnej helisy)	zwykle jednoniciowy
Cukier	deoksyryboza	ryboza
Zasady azotowe	guanina, cytozyna, adenina, tymina	guanina, cytozyna, adenina, uracyl
Podstawowe rodzaje	jeden rodzaj	mRNA – informacyjny RNA, tRNA – transportujący RNA, rRNA – rybosomowy RNA
Podstawowa funkcja	zawiera informację genetyczną – odpowiada za dziedziczenie cech	bierze udział w biosyntezie białek

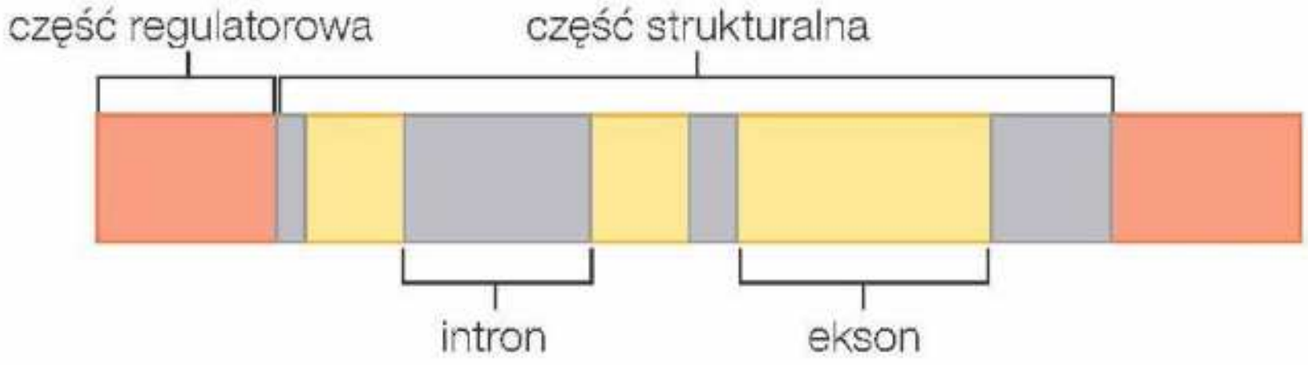
2 **Replikacja DNA** – proces, który prowadzi do powielenia cząsteczek DNA. Zachodzi on w fazie S cyklu komórkowego, a w jego wyniku tworzą się dwie identyczne kopie materiału genetycznego, które podczas podziałów komórkowych (faza M) mogą zostać przekazane do komórek potomnych.



3 **Gen** – jednostka dziedziczenia. Fragment DNA zawierający informację o budowie białka lub cząsteczki RNA.

Geny organizmów eukariotycznych są zbudowane z **części regulatorowych** i **części strukturalnej**. Są one nieciągłe. Oznacza to, że zawierają:

- **eksony** – sekwencje kodujące,
- **introny** – sekwencje niekodujące.



Budowa genu nieciągłego.

4 **Genom** – kompletna informacja genetyczna komórki (organizmu) lub wirusa. Genom tworzą geny i odcinki pozagenowe, które nie kodują białek ani RNA.

5 Organizacja materiału genetycznego w jądrze komórkowym

- Między podziałami chromosomy występują głównie w postaci włókien 30 nm.
- W czasie podziałów komórkowych zachodzi kondensacja chromatyny. Chromosomy są wtedy zbudowane z dwóch chromatyd siostrzanych, połączonych centromerem.

Chromatyda – połówka chromosomu, która zawiera jedną cząsteczkę DNA.



Centromer – miejsce połączenia dwóch chromatyd siostrzanych.

Budowa chromosomu w czasie podziału komórki.

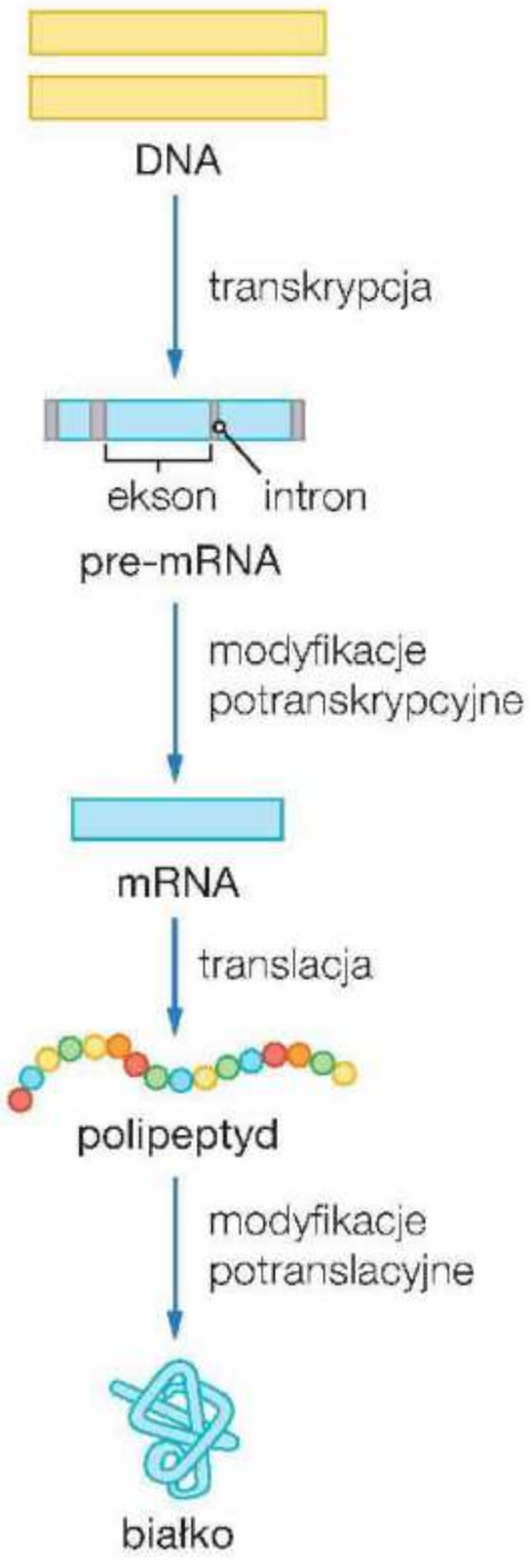
6 Kod genetyczny – sposób zapisu informacji o budowie białek w sekwencji kwasów nukleinowych (DNA lub RNA).

Kod genetyczny jest:

- trójkowy
- jednoznaczny
- bezprzecinkowy
- zdegenerowany
- niezachodzący
- uniwersalny

7 Ekspresja genu – proces odczytywania informacji genetycznej i syntezy na jej podstawie cząsteczek białka lub RNA.

Etapy ekspresji genu u organizmów eukariotycznych



1. **Transkrypcja** – proces przepisywania informacji genetycznej z DNA na RNA, zachodzący w jądrze komórkowym. Podczas transkrypcji na podstawie nici matrycowej DNA jest syntetyzowana cząsteczka pre-mRNA. W procesie tym uczestniczy polimeraza RNA.

2. **Modyfikacje potranskrypcyjne** – procesy, które prowadzą do wytworzenia dojrzałego RNA. W przypadku pre-mRNA polegają one na wycięciu intronów, połączeniu ze sobą eksonów oraz modyfikacji budowy końców. W ten sposób powstaje mRNA.

3. **Translacja** – proces syntezy białka zachodzący w cytoplazmie komórki. Sekwencja aminokwasów w białku jest wyznaczona przez sekwencję nukleotydów w mRNA, zgodnie z regułami kodu genetycznego.

4. **Modyfikacje potranslacyjne** – procesy polegające na przyjmowaniu przez białko ostatecznej struktury przestrzennej, wycinaniu niektórych aminokwasów lub modyfikacjach chemicznych aminokwasów.

8 Regulacja ekspresji genów polega na zmianie ich aktywności – w komórce aktywne są tylko te geny, które są niezbędne do jej funkcjonowania. Umożliwia to różnicowanie się komórek oraz reagowanie na bodźce dopływające ze środowiska zewnętrznego i środowiska wewnętrznego.

Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Sposób odczytu kodu genetycznego w mitochondriach różni się od sposobu odczytu kodu genetycznego w innych strukturach komórkowych. W mitochondriach zwierzęcych różnice te dotyczą sześciu kodonów. Przedstawia je poniższa tabela.

Kodon	Odczyt poza mitochondrium	Odczyt w mitochondrium	Organizmy, u których występuje różnica w sposobie odczytu kodu genetycznego
AUA	izoleucyna (Ile)	metionina (Met)	większość zwierząt
AAA	lizyna (Lys)	asparagina (Asn)	szkarłupnie i niektóre płazińce
AGA, AGG	arginina (Arg)	seryna (Ser)	większość bezkręgowców
		glicyna (Gly)	osłonice
		STOP	kręgowce
UGA	STOP	tryptofan (Trp)	wszystkie zwierzęta
UAA	STOP	tyrozyna (Tyr)	nicienie

Na podstawie: T. Ohira i in., *Decoding Mechanism of Non-universal Genetic Codes in* Loligo bleekeri *Mitochondria*, „Journal of Biological Chemistry" 2013, 288(11), s. 7645.

a) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące odczytu kodu genetycznego w mitochondriach zwierząt są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

Uniwersalność kodu genetycznego oznacza, że te same kodony u wszystkich organizmów oznaczają te same aminokwasy. Zastanów się, czy odczyt kodu genetycznego w mitochondriach zachodzi zgodnie z tą zasadą.

1.	Sposób odczytu kodu genetycznego w mitochondriach zwierząt stanowi odstępstwo od uniwersalności kodu genetycznego.	P	F
2.	W mitochondriach większości zwierząt metionina jest kodowana przez dwa kodony, natomiast poza mitochondriami tylko przez jeden kodon.	P	F
3.	W mitochondriach bezkręgowców jest więcej różnic w odczycie kodu genetycznego w stosunku do odczytu poza mitochondrialnego niż w mitochondriach kręgowców.	P	F

Przeanalizuj tabelę. Zastanów się, które z wymienionych w niej zwierząt należą do bezkręgowców, a które do kręgowców.

Sprawdź w tabeli kodu genetycznego, ile kodonów koduje metioninę. Następnie przeanalizuj tabelę w zadaniu. Zwróć uwagę, że w mitochondriach zwierząt metionina jest kodowana przez dodatkowy kodon AUA.

Rozwiązanie:
1. – P, 2. – P, 3. – P

Przypomnij sobie do jakich grup zwierząt zalicza się żabę trawną i glistę ludzką. Następnie sprawdź w tabeli dołączonej do zadania czy któreś z odstępstw dotyczą gatunków podanych w zadaniu.

b) Podaj sekwencję aminokwasową fragmentu polipeptydu kodowanego przez poniższy fragment mRNA w mitochondriach żaby trawnej oraz mitochondriach glisty ludzkiej. Sekwencję zapisz, posługując się oznaczeniami trójliterowymi aminokwasów.

5′ AAA UGA AGG CAU UAA 3′

Aby ustalić sekwencje aminokwasową fragmentu polipeptydu, konieczne są tabela kodu genetycznego i tabela odstępstw dołączona do zadania. Zanim zaczniesz zapisywać sekwencje aminokwasów, upewnij się, że podany fragment kwasu nukleinowego to mRNA, a nie DNA.

Rozwiązanie:

mitochondria żaby trawnej: Lys – Trp

mitochondria glisty ludzkiej: Lys –Trp – Arg – His – Tyr

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Sposób odczytu kodu genetycznego w mitochondrium drożdży różni się od sposobu odczytu standardowego kodu genetycznego. Różnice takie występują w przypadku dziewięciu kodonów. Przedstawia je poniższa tabela.

Kodon	Standardowy odczyt kodu genetycznego	Odczyt w mitochondrium drożdży
AUA	izoleucyna (Ile)	metionina (Met)
CUU	leucyna (Lue)	treonina (Thr)
CUC		
CUA		
CUG		
UGA	STOP	tryptofan (Trp)
CGA	arginina (Arg)	kodon nie występuje
CGC		

a) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące odczytu kodu genetycznego w mitochondriach drożdży są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

1.	Sposób odczytu kodu genetycznego w mitochondriach drożdży stanowi odstępstwo od zdegenerowania kodu genetycznego.	P	F
2.	W mitochondriach drożdży tryptofan jest kodowany przez dwa kodony, natomiast poza mitochondriami tylko przez jeden kodon.	P	F
3.	W mitochondriach drożdży więcej kodonów sygnalizuje rozpoczęcie i terminację translacji niż poza nimi.	P	F

b) Podaj sekwencję aminokwasową fragmentu polipeptydu kodowanego przez poniższy fragment mRNA w mitochondriach drożdży oraz poza mitochondriami. Sekwencję zapisz, posługując się oznaczeniami trójliterowymi aminokwasów.

5′ AUA UGU CUA UGA CUC 3′

Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 RNA występuje w komórkach wszystkich organizmów. Kwas ten – podobnie jak DNA – jest polimerem zbudowanym z nukleotydów. Jednak cząsteczki RNA, w odróżnieniu od cząsteczek DNA, są zwykle jednoniciowe.

a) Przerysuj tabelę do zeszytu. Następnie zaznacz właściwą lokalizację RNA w komórce prokariotycznej i w komórce eukariotycznej.

		Komórka prokariotyczna	Komórka eukariotyczna
1.	Cytoplazma	?	?
2.	Mitochondria	?	?
3.	Jądro komórkowe	?	?

b) Podaj przykład występowania dwuniciowych fragmentów cząsteczek RNA oraz wyjaśnij, w jaki sposób powstają te fragmenty.

2 Tryptofan to jeden z dwóch aminokwasów, które są kodowane tylko przez jeden kodon. Tryptofan jest kodowany przez kodon UGG.

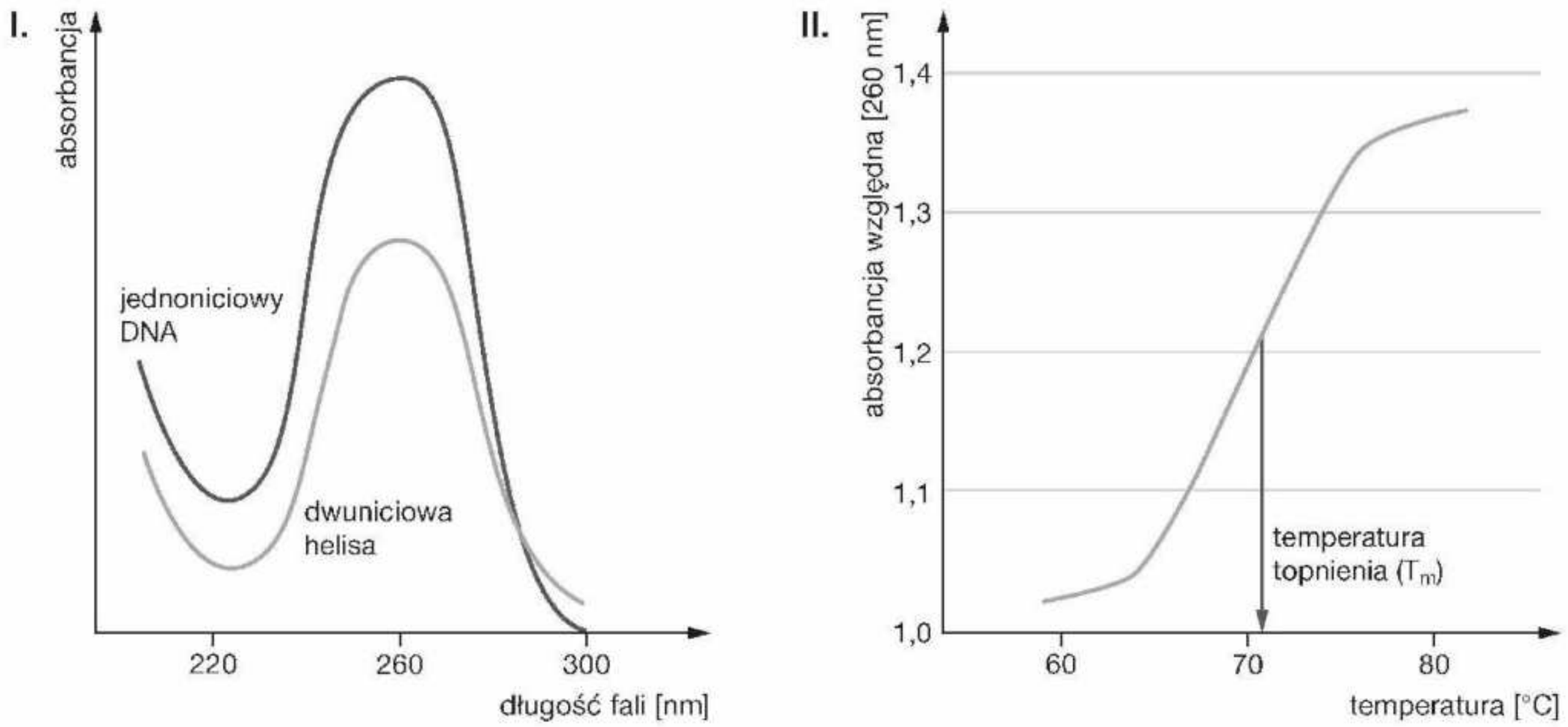
a) Podaj sekwencje fragmentów nici kodującej, nici matrycowej, mRNA i antykodonu tRNA, które są niezbędne w procesie biosyntezy białka zawierającego tryptofan.

b) Podaj cechę kodu genetycznego, która świadczy o tym, że większość aminokwasów – w przeciwieństwie do tryptofanu – jest kodowana przez kilka różnych kodonów.

c) Określ, który poziom rzędowości struktury białka wyznaczają liczba i kolejność aminokwasów występujących w łańcuchu polipeptydowym.

3 „Podczas replikacji DNA [...] dwie nici podwójnej helisy [...] muszą zostać od siebie oddzielone. Dwie nici w helisie DNA łatwo się rozdzielają, jeśli zostaną zerwane wiązania [...] między parami zasad. W warunkach laboratoryjnych podwójna helisa może zostać rozpleciona w wyniku podgrzewania roztworu DNA [...]. Rozplatanie dwuniciowej helisy jest często nazywane topnieniem, ponieważ w określonej temperaturze przebiega w sposób nagły. Temperatura, w której dochodzi do utraty połowy helikalnej struktury, nazywana jest temperaturą topnienia (Tm). [...] dwuniciowa helisa absorbuje mniej światła niż jednoniciowa [...]. Topnienie DNA można więc z łatwością śledzić przez pomiar absorpcji światła o długości fali 260 nm".

Wykres I przedstawia różnice w wielkości absorpcji (absorbancji) światła przez jednoniciową i dwuniciową cząsteczkę DNA. Wykres II przedstawia zależność między temperaturą a absorbancją światła o długości fali 260 nm.



Na podstawie: J.M. Berg, J.L. Tymoczko, L. Stryer, *Biochemia*, Warszawa 2009, s. 114–115.

a) Podaj nazwę wiązań utrzymujących strukturę podwójnej helisy DNA.

b) Wiedząc, że temperatura topnienia DNA zależy od liczby wiązań łączących nici DNA w podwójnej helisie (tzn. jest wyższa dla cząsteczek o większej liczbie wiązań), określ, która cząsteczka – A czy B – pierwsza ulegnie rozpleceniu podczas ogrzewania roztworu. Odpowiedź uzasadnij.

A. 5′-GCGATCGGGCGT-3′
3′-CGCTAGCCCGCA-5′

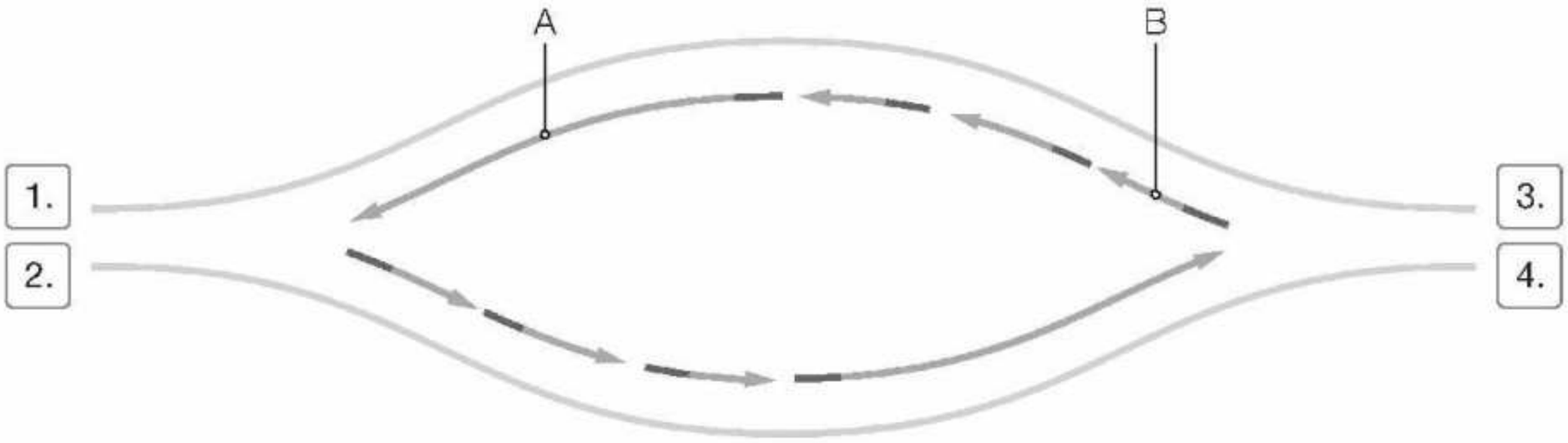
B. 5′-TTAAGCTATCAATA-3′
3′-AATTCGATAGTTAT-5′

c) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące topnienia DNA są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

1.	Dwuniciowa helisa absorbuje więcej światła niż jednoniciowa helisa.	P	F
2.	Im większa długość fali, tym większą ilość światła absorbuje DNA.	P	F
3.	Aby dwuniciowa cząsteczka DNA utraciła połowę struktury helikalnej, należy ją podgrzać do temperatury ok. 71°C.	P	F

d) Określ, czy fragment DNA o długości 160 nukleotydów, zawierający 44 nukleotydy cytozynowe i 36 nukleotydów tyminowych, to cząsteczka jednoniciowa czy cząsteczka dwuniciowa. Odpowiedź uzasadnij.

4 Schemat przedstawia przebieg replikacji w oczku replikacyjnym.



a) Uzupełnij schemat. Wpisz w odpowiednich miejscach (1–4) polarności nici DNA.

b) Określ, która z oznaczonych na schemacie nici – A czy B – jest nicią opóźnioną. Odpowiedź uzasadnij, odnosząc się do przedstawionego na schemacie przebiegu replikacji.

c) Podaj nazwę enzymu odpowiedzialnego za rozplatanie podwójnej helisy DNA podczas replikacji.

5 Jednym ze sposobów regulacji ekspresji genów w komórkach eukariotycznych jest alternatywne składanie. Proces ten polega na wycinaniu z pre-mRNA intronów (a czasem także niektórych eksonów), a następnie na łączeniu się pozostałych eksonów, które tworzą różne kombinacje.

a) Podaj nazwę struktury komórkowej, w której zachodzi alternatywne składanie.

b) Wybierz poprawne dokończenie zdania.

Alternatywne składanie RNA prowadzi do

A. zablokowania albo aktywacji procesu translacji – w zależności od potrzeb komórki.

B. zablokowania albo aktywacji procesu transkrypcji – w zależności od potrzeb komórki.

C. powstania różnych białek podczas ekspresji tego samego genu w różnych tkankach.

D. ekspresji odmiennych zestawów genów w różnych typach komórek.

c) Wyjaśnij, dlaczego ekspresja genów w komórkach prokariotycznych nie jest regulowana przez alternatywne składanie.

2. Genetyka klasyczna

Fot. Kolor włosów i odcień skóry należą do cech dziedzicznych.

2.1. Podstawowe pojęcia i prawa genetyki klasycznej

Ważne w tym temacie!

- pojęcia: gen, allel, homozygota, heterozygota, genotyp, fenotyp
- prawo czystości gamet
- prawo niezależnej segregacji cech

Zakodowana w DNA informacja genetyczna jest przekazywana kolejnym pokoleniom w procesie dziedziczenia. Dziedziną biologii zajmującą się mechanizmami dziedziczenia cech organizmów jest **genetyka klasyczna**. Prawa genetyki klasycznej opierają się na kilku podstawowych pojęciach, którymi są m.in.: *gen*, *allel*, *homozygota*, *heterozygota*, *genotyp* i *fenotyp*.

Gen i allel

Gen to podstawowa jednostka dziedziczności. U wszystkich organizmów i większości wirusów gen jest fragmentem cząsteczki DNA, który zawiera informacje potrzebne do wytworzenia białka lub RNA. Geny mogą występować w wielu wersjach nazywanych **allelami**. Różne allele powodują odmienne wykształcenie danej cechy. Na przykład gen warunkujący barwę oczu może występować w postaci allelu barwy niebieskiej lub allelu barwy brązowej. Jeśli istnieją dwa allele danego genu, to jeden z nich jest często **dominujący**, a drugi – **recesywny**. Do ujawnienia się cechy dominującej, warunkowanej przez allel dominujący, wystarczy jeden allel dominujący. Cecha recesywna, warunkowana przez allel recesywny, ujawnia się tylko w obecności dwóch alleli recesywnych.

Do oznaczania genów i ich alleli używa się m.in. symboli literowych lub skrótów nazw. Nazwę genu i jego alleli zapisuje się zwykle kursywą (pismem pochyłym), np. *A*. Allel dominujący genu oznacza się wielką literą, np. *A*, natomiast allel recesywny – małą literą, np. *a*. Z kolei produkt genu (białko) i cechę fenotypową warunkowaną przez ten gen oznacza się literą lub skrótem nazwy bez kursywy (np. A).

Homozygota i heterozygota

Homozygota, czyli tzw. linia czysta, to organizm diploidalny, który ma dwa takie same allele danego genu. Wyróżnia się:

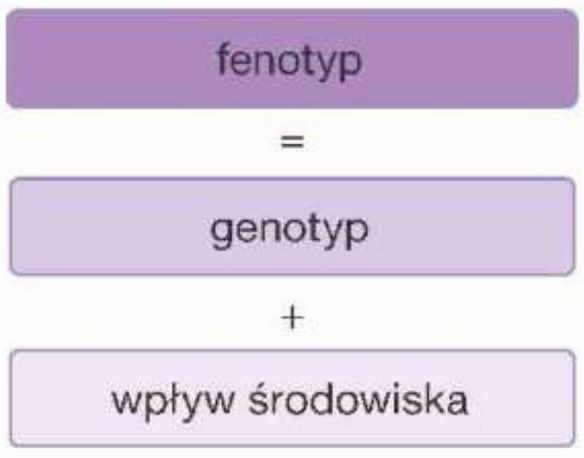
- **homozygotę dominującą**, u której występują dwa allele dominujące (np. *AA*),
- **homozygotę recesywną**, u której występują dwa allele recesywne (np. *aa*).

Heterozygota to organizm diploidalny, który ma dwa różne allele danego genu (np. *Aa*).

Genotyp i fenotyp

Mianem **genotypu** określa się zespół wszystkich genów danego organizmu, a mianem **fenotypu** – zespół wszystkich jego cech, które można zaobserwować. Do cech fenotypowych należą cechy zarówno morfologiczne (np. kształt nosa czy kolor włosów), jak i fizjologiczne (np. zdolność wytwarzania określonych enzymów). Fenotyp zależy przede wszystkim od genotypu, jednak mają na niego wpływ również czynniki środowiska oraz tryb życia organizmu.

Terminów genotyp i fenotyp używa się również w krzyżówkach genetycznych do opisu pojedynczego genu lub jednej cechy organizmu.

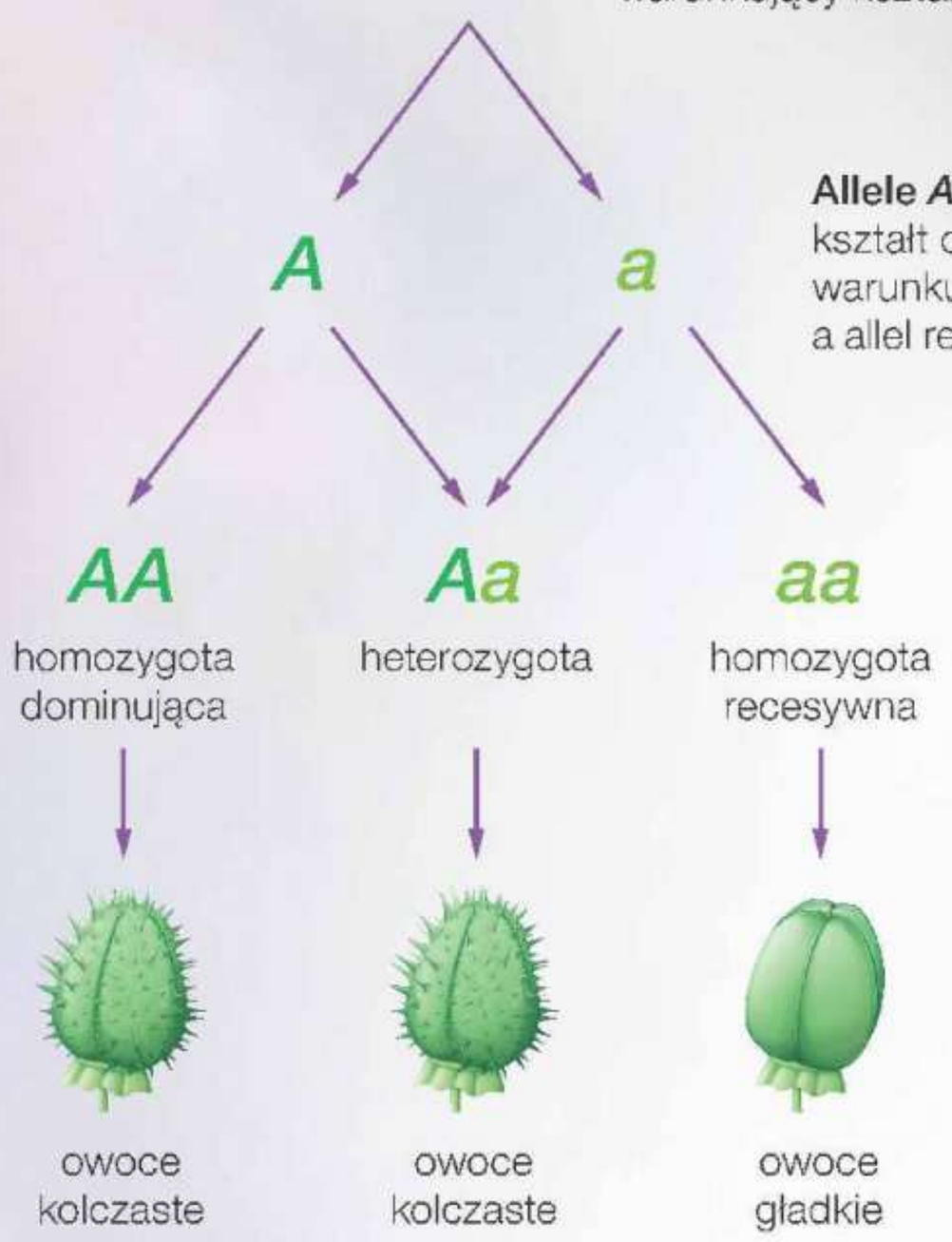


Fenotyp to zestaw cech strukturalnych lub funkcjonalnych organizmu, które kształtują się w wyniku oddziaływania środowiska na genotyp.

Podstawowe pojecia genetyczne w praktyce

Właściwe zastosowanie pojęć genetycznych pozwala analizować mechanizmy dziedziczenia. Przykładem jest dziedziczenie kształtu owoców bielunia dzięddzierzawy.





Gen *A* to fragment cząsteczki DNA warunkujący kształt owoców bielunia.

Allele *A* i *a* to wersje genu *A* warunkującego kształt owoców bielunia. Allel dominujący warunkuje wytwarzanie owoców kolczastych, a allel recesywny – wytwarzanie owoców gładkich.

Genotyp to zestaw alleli genu *A* w diploidalnej komórce wielunia warunkujący kształt owoców.

Fenotyp to cecha warunkowana genem *A*, czyli ukształtowanie powierzchni owoców (powierzchnia kolczasta lub gładka).

Czy osobniki o identycznym genotypie mają taki sam fenotyp?

Osobniki, które są identyczne pod względem genetycznym (tzw. klony), mogą różnić się cechami fenotypowymi. Dzieje się tak wtedy, gdy klony zostaną poddane działaniu różnych czynników środowiska.



Jednojajowe bliźnięta mają taki sam genotyp, ale mogą różnić się m.in. wyglądem i stanem zdrowia – w zależności od trybu życia.

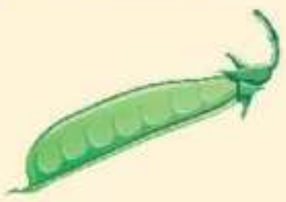
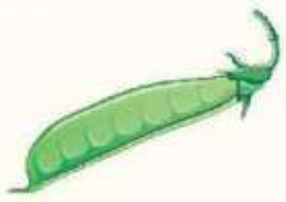
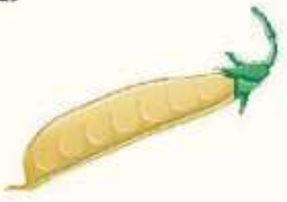


Rośliny, które powstały na drodze rozmnażania wegetatywnego, są klonami, ale mogą rozwijać się w różny sposób – w zależności od czynników środowiska, np. od dostępu do wody.

Cechy dominujące i recesywne u grochu zwyczajnego

Groch zwyczajny to roślina obupłciowa, samopylna i łatwa w uprawie. Jest on dostępny w wielu odmianach różniących się pod względem dobrze widocznych cech morfologicznych warunkowanych pojedynczymi genami, m.in.: barwą kwiatów, barwą i ukształtowaniem powierzchni nasion, wysokością pędów czy kształtem strąków.

Przykłady cech dominujących i recesywnych u grochu zwyczajnego

Rodzaj cechy	Cecha dominująca	Cecha recesywna
Barwa kwiatów	czerwona 	biała 
Ukształtowanie powierzchni nasion	gładka 	pomarszczona 
Barwa nasion	żółta 	zielona 
Kształt strąków	bez przewężeń 	z przewężeniami 
Barwa strąków	zielona 	żółta 
Długość pędów	długie 	krótkie 
Położenie kwiatów	boczne 	szczytowe 

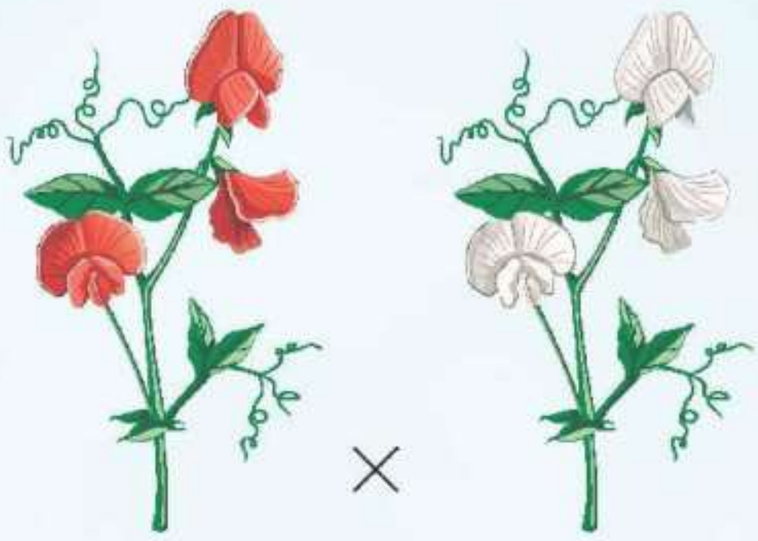
Prawo czystości gamet

Prawo czystości gamet (I prawo Mendla) głosi, że w każdej gamecie znajduje się tylko jeden allel danego genu. Dzięki temu po zapłodnieniu w zygocie występują dwa allele tego genu.

Jak działa prawo czystości gamet?

Działanie prawa czystości gamet możemy prześledzić na przykładzie dziedziczenia łatwo dostrzegalnej cechy, np. barwy kwiatów u grochu zwyczajnego. Cecha dominująca to czerwona barwa kwiatów. Allel, który za nią odpowiada, oznacza się jako *A*. Cecha recesywna to biała barwa kwiatów. Allel, który za nią odpowiada, oznacza się jako *a*.

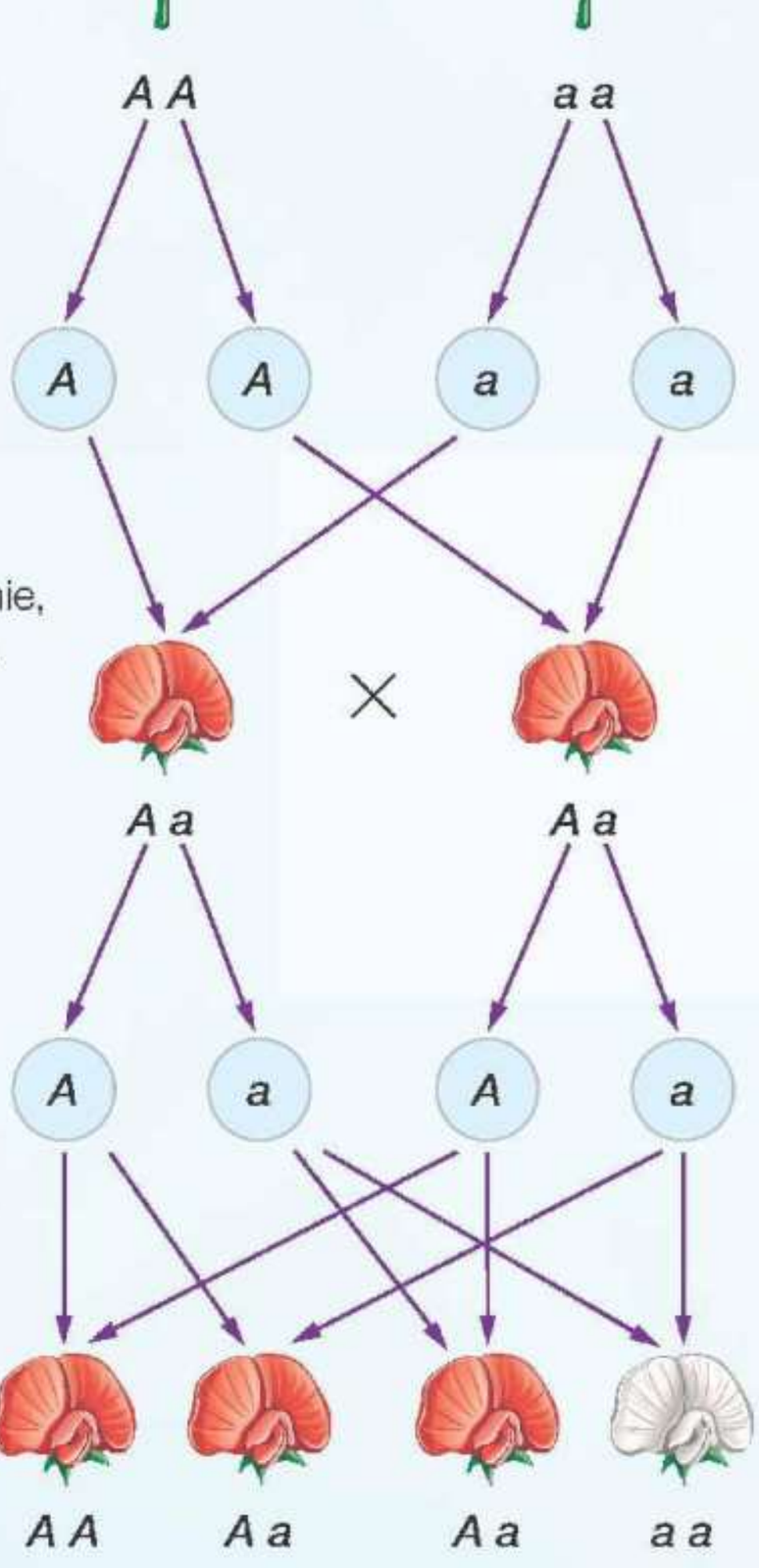
Litera **P** oznacza pokolenie rodzicielskie.



P: *A A* × *a a*

Genotypy gamet: *A* *A* *a* *a*

Litera **F** oznacza pokolenie potomne:
F_1 – pierwsze pokolenie,
F_2 – drugie pokolenie.



F_1: *A a* × *A a*

Genotypy gamet: *A* *a* *A* *a*

F_2: *A A* *A a* *A a* *a a*

1 Rośliny o czerwonych kwiatach, będące homozygotami dominującymi (*AA*), wytwarzają gamety z allelem dominującym (*A*). Natomiast rośliny o białych kwiatach, czyli homozygoty recesywne (*aa*), wytwarzają gamety z allelem recesywnym (*a*). Zobacz, co się stanie, gdy skrzyżuje się roślinę o białych kwiatach z rośliną o czerwonych kwiatach.

2 Z połączenia gamet osobników o białych kwiatach z gametami osobników o czerwonych kwiatach w pierwszym pokoleniu otrzyma się osobniki fenotypowo czerwone, które są **heterozygotami** – mają dwa różne allele (jeden dominujący i jeden recesywny). Allel recesywny się jednak u nich nie ujawnił.

3 W wyniku skrzyżowania heterozygot z pierwszego pokolenia w drugim pokoleniu nastąpiło rozszczepienie cech fenotypowych w **stosunku 3:1**. Oznacza to, że 75% osobników ma kwiaty czerwone, a 25% – kwiaty białe.

Samouczek

Określanie prawdopodobieństwa wystąpienia poszczególnych genotypów i fenotypów u potomstwa za pomocą szachownicy Punnetta

Przykład

Skrzyżowano heterozygotyczne osobniki grochu zwyczajnego o kwiatach czerwonych. Allel warunkujący czerwoną barwę kwiatów oznaczono jako *A*, natomiast allel warunkujący białą barwę kwiatów – jako *a*.

Ustal za pomocą szachownicy Punnetta prawdopodobieństwo wystąpienia poszczególnych genotypów i fenotypów u potomstwa skrzyżowanych osobników.

- Wyniki krzyżowania organizmów można przedstawić za pomocą szachownicy Punnetta (szachownicy genetycznej).
- Wzdłuż prostopadłych do siebie boków szachownicy umieszcza się symbole alleli występujących w gametach osobników rodzicielskich.
- Wewnątrz szachownicy wpisuje się wszystkie możliwe kombinacje alleli, co pozwala na ustalenie wszystkich genotypów i fenotypów potomstwa oraz określenie, w jakich proporcjach one występują.
- Analiza szachownicy Punnetta pozwala też na ustalenie prawdopodobieństwa wystąpienia np. określonego genotypu lub fenotypu. Wyraża się je w ułamkach lub procentach.

Krok 1

Wypisz genotypy pokolenia rodzicielskiego oraz wytwarzane przez to pokolenie genotypy gamet męskich i żeńskich.

Genotypy pokolenia rodzicielskiego: *Aa* x *Aa*

Genotypy gamet męskich: *A*, *a*

Genotypy gamet żeńskich: *A*, *a*

Krok 2

Narysuj szachownicę Punnetta. W pierwszej kolumnie wpisz oba genotypy gamet żeńskich, a w pierwszym wierszu – oba genotypy gamet męskich. Aby otrzymać zapis genotypów potomstwa, wypełnij kolejne pola szachownicy Punnetta, wpisując symbole alleli pochodzących od łączących się gamet.

♀ \ ♂	*A*	*a*
A	*AA*	*Aa*
a	*Aa*	*aa*

Krok 3

Oblicz prawdopodobieństwo wystąpienia poszczególnych genotypów u potomstwa.

AA = jedno spośród czterech pól szachownicy = = 1/4 = 0,25 = 25%

Aa = dwa spośród czterech pól szachownicy = 2/4 = = 1/2 = 0,5 = 50%

aa = jedno spośród czterech pól szachownicy = 1/4 = = 0,25 = 25%

Krok 4

Określ fenotypy potomstwa. Zaznacz genotyp potomka, u którego ujawni się cecha recesywna.

♀ \ ♂	*A*	*a*
A	 czerwone	 czerwone
	AA	*Aa*
a	 czerwone	 białe
	Aa	*aa*

Krok 5

Oblicz prawdopodobieństwo wystąpienia u potomstwa fenotypu kwiaty czerwone i fenotypu kwiaty białe.

Prawdopodobieństwo wystąpienia fenotypu kwiaty czerwone:

trzy spośród czterech pól = 3/4 = 0,75 = 75%

Prawdopodobieństwo wystąpienia fenotypu kwiaty białe:

jedno spośród czterech pól = 1/4 = 0,25 = 25%

Odpowiedź:

Prawdopodobieństwo wystąpienia poszczególnych genotypów wynosi: *AA* – 25%, *Aa* – 50%, *aa* – 25%. Prawdopodobieństwo wystąpienia fenotypu kwiaty czerwone wynosi 75%, natomiast fenotypu kwiaty białe – 25%.

Samouczek

Rozwiązywanie zadań dotyczących I prawa Mendla

Przykład 1

Osoby z grupą krwi Rh+ mają na powierzchni erytrocytów antygen D, natomiast u osób z grupą Rh– antygen ten nie występuje. Allel *D* warunkujący obecność antygenu D jest dominujący w stosunku do allelu *d*.

Oceń, czy rodzice o grupie krwi Rh+ mogą mieć dziecko o grupie krwi Rh–, a następnie określ prawdopodobieństwo jego urodzenia się. Zapisz genotypy rodziców oraz uzupełnij szachownicę Punnetta.

Krok 1

Wypisz genotypy rodziców i dziecka. Dziecko z grupą krwi Rh– może być tylko homozygotą recesywną. Musi zatem otrzymać po jednym allelu recesywnym od każdego z rodziców. Zdarzy się to tylko wtedy, gdy oboje rodzice będą heterozygotami.

Genotyp matki: *Dd*
Genotyp ojca: *Dd*
Genotyp dziecka: *dd*

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta. Następnie zaznacz genotyp potomka o grupie krwi Rh–.

♀ \ ♂	***D***	***d***
D	*DD*	*Dd*
d	*Dd*	*dd*

Krok 3

Oblicz prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z grupą krwi Rh–.

Prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z grupą krwi Rh–:

jedno spośród czterech pól = 1/4 = 0,25 = 25%

Odpowiedź:

Dziecko rodziców o grupie krwi Rh+ może mieć grupę krwi Rh– w przypadku, gdy zarówno matka, jak i ojciec są heterozygotami pod względem genu *D*. Prawdopodobieństwo jego urodzenia się wynosi 25%.

Przykład 2

Żółta barwa nasion grochu (*B*) jest dominująca, a zielona barwa (*b*) jest recesywna.

Sprawdź, czy osobnik o żółtej barwie nasion jest heterozygotą, jeżeli całe jego potomstwo otrzymane w wyniku skrzyżowania z osobnikiem o zielonej barwie nasion ma nasiona żółte.

Krok 1

Wypisz możliwe genotypy rośliny o żółtej barwie nasion. Pamiętaj, że może ona być heterozygotą lub homozygotą dominującą.

Możliwe genotypy:
heterozygota: *Bb*
homozygota dominująca: *BB*

Krok 2

Zapisz krzyżówkę genetyczną badanego osobnika z homozygotą recesywną, tzn. z rośliną o nasionach zielonych (genotyp *bb*). Rozważ dwa przypadki:

a) badany osobnik jest heterozygotą

♀ \ ♂	***B***	***b***
b	*Bb*	*bb*

Jeżeli u potomstwa połowa roślin ma nasiona żółte (heterozygoty – *Bb*), a połowa – zielone (homozygoty recesywne – *bb*), to badana roślina jest heterozygotą.

b) badany osobnik jest homozygotą

♀ \ ♂	***B***
b	*Bb*

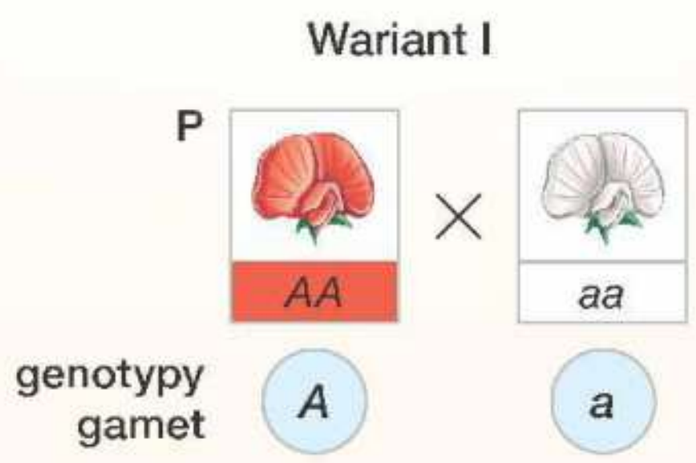
Jeżeli wszystkie rośliny pierwszego pokolenia mają nasiona żółte, to badany osobnik jest homozygotą dominującą.

Odpowiedź:

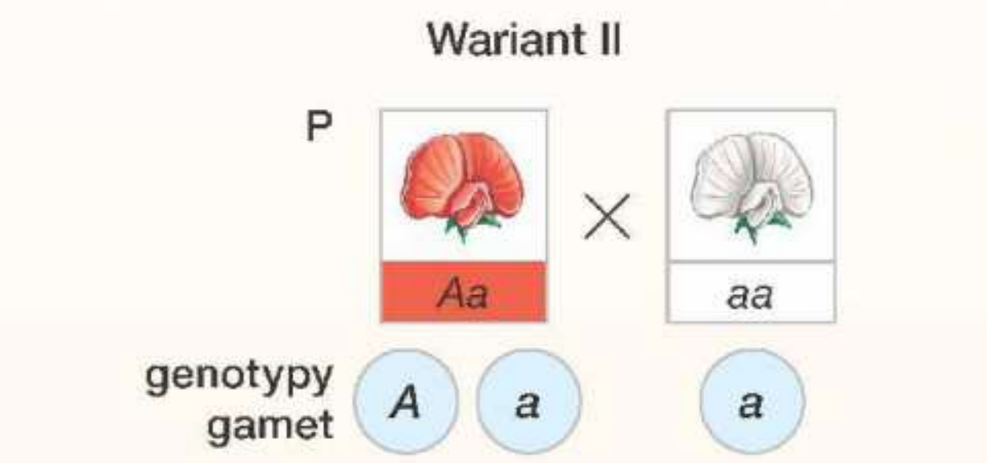
Badany osobnik nie jest heterozygotą, lecz homozygotą dominującą, ponieważ tylko w takim przypadku całe potomstwo ma nasiona o żółtej barwie.

Krzyżówki testowe – krzyżówka jednogenowa

Osobniki homozygotyczne pod względem jednej cechy (np. *AA*) mają taki sam fenotyp jak osobniki heterozygotyczne (*Aa*). Aby sprawdzić, czy badany osobnik jest homozygotą czy heterozygotą, wykonuje się **krzyżówkę testową**. Polega ona na krzyżowaniu osobnika, który wykazuje cechę dominującą i którego genotyp jest nieznany, z homozygotą recesywną.



Jeżeli osobnik rodzicielski wykazujący cechę dominującą jest homozygotą, to u wszystkich osobników potomnych fenotypowo ujawnia się cecha dominująca (kwiaty czerwone).



Jeżeli osobnik rodzicielski wykazujący cechę dominującą jest heterozygotą, to u połowy osobników potomnych fenotypowo ujawnia się cecha dominująca (kwiaty czerwone), a u połowy – cecha recesywna (kwiaty białe).

Praktyczne zastosowanie krzyżówek testowych

Krzyżówki testowe mają istotne znaczenie w hodowli zwierząt i uprawie roślin. Wykorzystuje się je do pozyskiwania osobników o pożądanych cechach użytkowych.

U kotów rasy brytyjskiej dominujący allel *B* odpowiada za czarną barwę sierści, a recesywny allel *b* – za czekoladową barwę sierści. Potomstwo homozygoty dominującej (*BB*) i homozygoty recesywnej (*bb*) jest zawsze jednolicie czarne. Z kolei wśród potomstwa heterozygoty (*Bb*) i homozygoty recesywnej część kociąt ma ubarwienie czarne, a część – ubarwienie czekoladowe. Jeśli hodowca kotów chce otrzymywać tylko kocięta czarne, to musi krzyżować ze sobą wyłącznie homozygoty dominujące.



Kot brytyjski czekoladowy jest homozygotą recesywną *(bb)*.



Kot brytyjski czarny może być homozygotą dominującą *(BB)* lub heterozygotą *(Bb)*.

Cechy człowieka warunkowane przez allele dominujące i recesywne

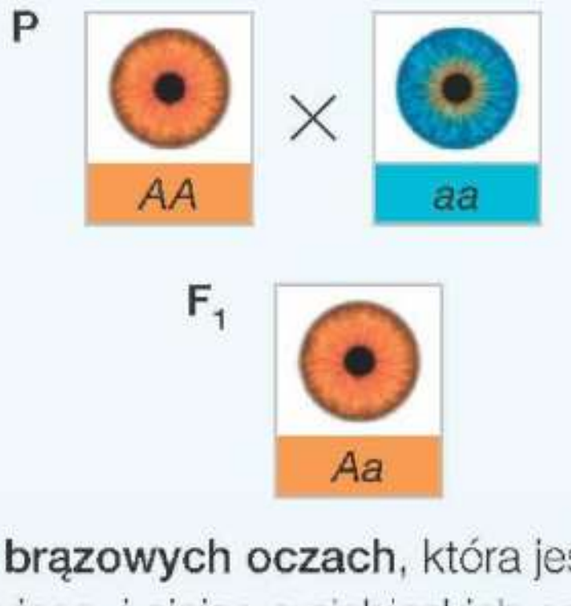
Stosunek dominacji występuje w przypadku wielu genów warunkujących cechy człowieka. Podczas rozwiązywania krzyżówek genetycznych dla uproszczenia można przyjąć, że wskazane w tabeli cechy dziedziczą się jednogenowo. Współczesne badania wskazują jednak na bardziej złożony sposób ich dziedziczenia.

Przykłady cech człowieka warunkowanych przez allele dominujące i recesywne

Allel dominujący	Allel recesywny
ciemne włosy	jasne włosy
kręcone włosy	proste włosy
długie rzęsy	krótkie rzęsy
ciemne oczy	jasne oczy
odstające uszy	przylegające uszy
piegi	brak piegów
orli nos	prosty nos
grupa krwi Rh+	grupa krwi Rh–

Dziedziczenie barwy oczu u człowieka

Barwa oczu zależy od obecności melaniny w tęczówce oka. Tęczówka jest zbudowana z dwóch warstw: warstwy przedniej i warstwy tylnej. W warstwie tylnej melanina obecna jest zawsze, co warunkuje niebieską barwę oczu. Jest to cecha recesywna. Obecność melaniny w przedniej warstwie warunkuje inną niż niebieska barwę oczu (np. szarą, zieloną, brązową, czarną). Jest to cecha dominująca.

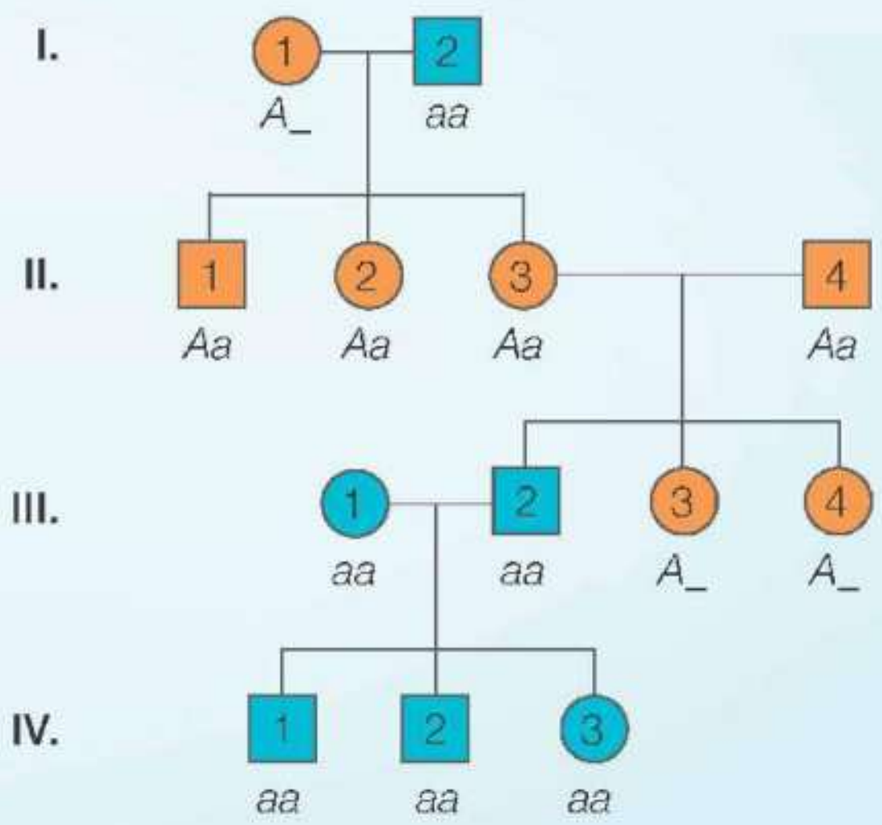


Matka o brązowych oczach, która jest homozygotą dominującą, i ojciec o niebieskich oczach, który jest homozygotą recesywną, będą mieli dzieci o brązowych oczach.

Rodowód genetyczny dziedziczenia barwy oczu u człowieka (zgodnie z założeniem, że cecha ta zależy od pary alleli)

Dziedziczenie barwy oczu w danej rodzinie można przedstawić graficznie za pomocą rodowodu genetycznego. Dzięki jego analizie można ustalić np. genotypy poszczególnych członków rodziny. Podstawowe zasady konstruowania rodowodu genetycznego:

- cyframi rzymskimi numeruje się kolejne pokolenia rodowodu,
- cyframi arabskimi numeruje się kolejne osoby w danym pokoleniu,
- kółko oznacza osobę płci żeńskiej, a kwadrat – osobę płci męskiej,
- pozioma kreska między osobami obu płci oznacza rodziców,
- pionowa kreska i jej rozgałęzienia oznaczają potomstwo danej pary rodziców.



Prawo niezależnej segregacji cech

Prawo niezależnej segregacji cech (II prawo Mendla) mówi o tym, że cechy są dziedziczone niezależnie od siebie, ponieważ allele różnych genów są rozdzielane do gamet w sposób losowy. Działanie tego prawa można prześledzić na przykładzie dziedziczenia barwy i rodzaju powierzchni nasion grochu zwyczajnego.

Oznaczenia alleli:

A – żółta barwa ***B*** – gładka powierzchnia

a – zielona barwa ***b*** – pomarszczona powierzchnia

1 Skrzyżowano dwie podwójne homozygoty. Były to:

- homozygota dominująca (*AABB*), która miała tylko cechy dominujące,
- homozygota recesywna (*aabb*), która miała tylko cechy recesywne.

P: *AABB* × *aabb*

2 Zgodnie z prawem czystości gamet gamety osobników rodzicielskich miały tylko po jednym allelu każdej cechy. Jeden osobnik rodzicielski wytworzył więc gamety zawierające tylko allele dominujące (*AB*), a drugi – wyłącznie allele recesywne (*ab*).

AB *AB* *ab* *ab*

3 W pokoleniu F_1 powstały wyłącznie **podwójne heterozygoty** – *AaBb* o nasionach żółtych i gładkich.

F_1: *AaBb* × *AaBb*

4 Podwójna heterozygota może wytworzyć cztery genotypy gamet. Każda gameta musi zawierać po jednym allelu danej cechy. To, który allel (dominujący czy recesywny) znajdzie się w danej gamecie, jest kwestią przypadku, dlatego trzeba prześledzić wszystkie możliwe kombinacje: ***AB***, ***Ab***, ***aB*** i ***ab***.

5 Zatem nasiona żółte nie zawsze są gładkie, a nasiona zielone nie muszą być pomarszczone. W pokoleniu F_2 pojawiły się też osobniki o nasionach żółtych i pomarszczonych oraz zielonych i gładkich. Geny umożliwiające wykształcenie tych cech dziedziczą się zatem niezależnie od siebie.

F_2:

♀ AaBb / ♂ AaBb	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
AB	*AABB*	*AABb*	*AaBB*	*AaBb*
Ab	*AABb*	*AAbb*	*AaBb*	*Aabb*
aB	*AaBB*	*AaBb*	*aaBB*	*aaBb*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	*aabb*

6 Na 16 możliwych kombinacji połączeń gamet (4 x 4) stosunek fenotypów osobników potomnych wynosił 9:3:3:1. Otrzymano:

- 9 nasion żółtych i gładkich,
- 3 nasiona żółte i pomarszczone,
- 3 nasiona zielone i gładkie,
- 1 nasiono zielone i pomarszczone.

Stosunek fenotypów:

*A_B_* *A_bb* *aaB_* *aabb*

9 : 3 : 3 : 1

Samouczek

Obliczanie prawdopodobieństwa wystąpienia danego fenotypu u potomstwa w przypadku niezależnego dziedziczenia dwóch cech

Przykład

U świnek morskich czarna barwa sierści dominuje nad brązową, a krótki włos dominuje nad długim. Skrzyżowano podwójnie heterozygotyczną pod względem tych cech samicę z heterozygotycznym pod względem koloru włosów, długowłosym samcem.

Wypisz genotypy oraz fenotypy opisanych osobników. Następnie określ, jakie jest prawdopodobieństwo, że potomstwo tych świnek będzie miało fenotyp brązowy, długowłosy.

Krok 1

Oznacz allele, np.:

A – czarna barwa sierści
a – brązowa barwa sierści
B – krótki włos
b – długi włos

Krok 2

Wypisz genotypy i fenotypy skrzyżowanych świnek. Pamiętaj, że cecha recesywna ujawnia się jedynie u homozygot recesywnych.

Genotyp samicy: *AaBb*
Fenotyp samicy: czarna, krótkowłosa
Genotyp samca: *Aabb*
Fenotyp samca: czarny, długowłosy

Krok 3

Aby móc określić fenotypy potomstwa, najpierw wypisz genotypy gamet wytwarzanych przez rodziców. Samica wytwarza cztery rodzaje gamet, a samiec wytwarza dwa rodzaje gamet.

Genotypy gamet samicy: *AB*, *Ab*, *aB*, *ab*
Genotypy gamet samca: *Ab*, *ab*

Krok 4

Narysuj i uzupełnij szachownicę Punnetta.

♂ \ ♀	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
Ab	*AABb*	*AAbb*	*AaBb*	*Aabb*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	*aabb*

Krok 5

Aby określić prawdopodobieństwo wystąpienia potomstwa o fenotypie brązowy, długowłosy, najpierw zaznacz genotyp, który odpowiada temu fenotypowi.

Wskazówka:
Brązowa barwa sierści i długi włos są cechami recesywnymi, dlatego taki fenotyp ujawni się jedynie u podwójnej homozygoty recesywnej.

♂ \ ♀	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
Ab	*AABb*	*AAbb*	*AaBb*	*Aabb*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	***aabb***

Krok 6

Oblicz prawdopodobieństwo wystąpienia potomstwa o fenotypie brązowy, długowłosy. Możesz to zrobić na podstawie uzupełnionej szachownicy Punnetta.

♂ \ ♀	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
Ab	*AABb* czarny, krótki	*AAbb* czarny, długi	*AaBb* czarny, krótki	*Aabb* czarny, długi
ab	*AaBb* czarny, krótki	*Aabb* czarny, długi	*aaBb* brązowy, krótki	***aabb*** **brązowy, długi**

Genotyp odpowiadający temu fenotypowi zajmuje jedno z ośmiu możliwych pól.

Prawdopodobieństwo wystąpienia fenotypu brązowy, długowłosy:
jedno spośród ośmiu pól = 1/8 = 0,125 = 12,5%

Odpowiedź:

Prawdopodobieństwo wystąpienia w pokoleniu F_2 potomstwa o fenotypie brązowy, długowłosy wynosi 12,5%.

Krzyżówki testowe – krzyżówka dwugenowa

W celu ustalenia, czy badany osobnik jest homozygotą dominującą czy heterozygotą pod względem dwóch cech, np. barwy i ukształtowania powierzchni nasion, wykorzystuje się **krzyżówkę testową dwugenową**. Wykonuje się ją, krzyżując osobnika o dominującym fenotypie z podwójną homozygotą recesywną, która wytwarza zawsze jeden rodzaj gamet. Genotyp osobnika ustala się, podobnie jak w przypadku krzyżówki testowej jednogenowej, na podstawie fenotypu uzyskanego potomstwa.

Wariant I

P: *AABB* × *aabb*

F_1:

♀ *AABB* / ♂ *aabb*	*AB*
ab	*AaBb*

Jednolite fenotypowo

AaBb

Jeżeli w pokoleniu F_1 wszystkie rośliny mają nasiona żółte i gładkie, to badany osobnik jest podwójną homozygotą dominującą (*AABB*).

Wariant II

P: *AaBb* × *aabb*

F_1:

♀ *AaBb* / ♂ *aabb*	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	*aabb*

Stosunek fenotypów:

AaBb : *Aabb* : *aaBb* : *aabb*

1 : 1 : 1 : 1

Jeżeli w pokoleniu F_1 występują cztery klasy osobników w proporcjach 1:1:1:1, to badany osobnik jest podwójną heterozygotą (*AaBb*).

Polecenia kontrolne

1. Barwa sierści świnek morskich zależy od dwóch alleli (*B* – sierść czarna, *b* – sierść brązowa). Czy para świnek morskich o brązowej barwie sierści może mieć potomstwo o czarnym umaszczeniu? Uzasadnij swoją odpowiedź.
2. Skrzyżowano dwie odmiany bydła z linii czystych pod względem rodzaju umaszczenia, czyli osobniki jednolicie czarne z osobnikami w czerwone łaty. Całe potomstwo pokolenia F_1 było jednolicie czarne, natomiast w pokoleniu F_2 pojawiły się cztery klasy fenotypowe: osobniki jednolicie czarne, osobniki jednolicie czerwone, osobniki w czarne łaty i osobniki w czerwone łaty. Zapisz krzyżówkę genetyczną i na jej podstawie podaj oczekiwany stosunek fenotypowy w pokoleniu F_2.

2.2. Dziedziczenie jednogenowe. Różne stosunki dominacji

Ważne w tym temacie!

- dominacja pełna, dominacja niepełna i kodominacja
- allele wielokrotne
- geny o działaniu plejotropowym

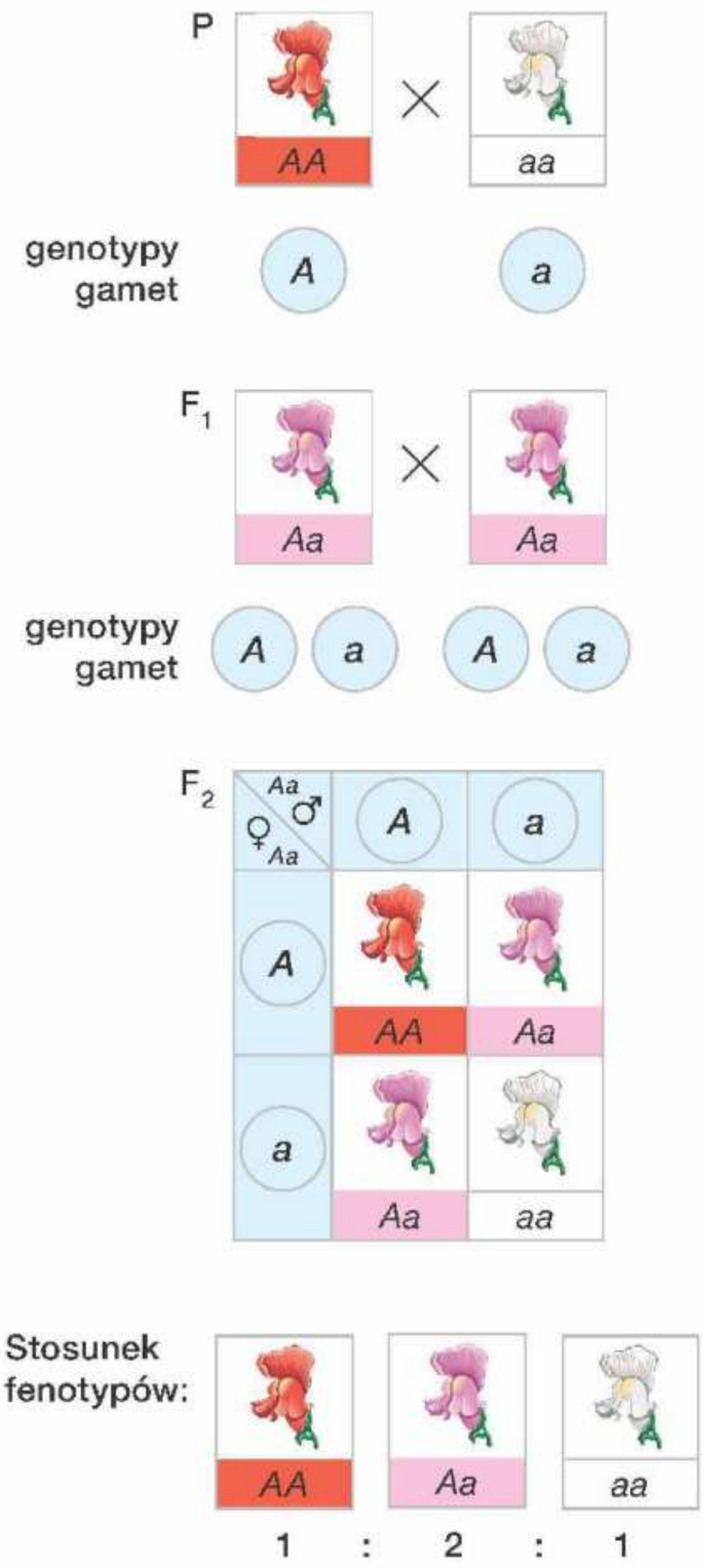
Z dziedziczeniem jednogenowym mamy do czynienia wtedy, gdy określona cecha organizmu zależy od pojedynczego genu. W przypadku wcześniej omówionych doświadczeń każdy z genów warunkujących cechy grochu zwyczajnego występował w dwóch wersjach – allelach, z których jeden był dominujący, a drugi recesywny. Niekiedy zdarza się jednak, że gen ma więcej niż dwa allele – wówczas noszą one nazwę alleli wielokrotnych. Ponadto nie zawsze można wyróżnić allel dominujący i allel recesywny.

Dominacja pełna i dominacja niepełna

Jeśli osobniki z pokolenia F_1 wyglądają jak jedna z dwóch odmian rodzicielskich, to jeden allel wykazuje nad drugim **dominację pełną** (zupełną). Jeśli dominacja jest pełna, to homozygota dominująca i heterozygota mają ten sam fenotyp – wykazują cechę dominującą.

W przypadku niektórych genów żaden z alleli nie dominuje w pełni nad drugim. Jest to tzw. **dominacja niepełna** (niezupełna), w której homozygota dominująca i heterozygota mają różne fenotypy. Na przykład różowa barwa kwiatów wyżlinu większego, zwanego potocznie lwią paszczą, jest spowodowana tym, że żaden z alleli kodującego ją genu nie dominuje w pełni nad drugim allelem. Fenotyp heterozygoty (kwiaty różowe) jest więc pośredni między fenotypem homozygoty dominującej (kwiaty czerwone) a fenotypem homozygoty recesywnej (kwiaty białe). Osobniki potomne homozygot dominującej i recesywnej, czyli pokolenia pierwszego, mają zatem inny fenotyp niż osobniki rodzicielskie, ponieważ do wykształcenia pełnej wartości cechy dominującej potrzebne są dwa allele dominujące. Krzyżówka heterozygot w drugim pokoleniu daje taki sam stosunek genotypów i fenotypów – 1:2:1.

Dominacja niepełna – dziedziczenie barwy kwiatów u wyżlinu większego



Kodominacja

Kodominacja polega na ujawnieniu się w fenotypie heterozygot obu alleli danego genu. Oznacza to, że w przypadku kodominacji nie można wyróżnić allelu dominującego oraz allelu recesywnego. Białka kodowane przez allele kodominujące są wytwarzane jednocześnie i niezależnie od siebie, więc każde z nich ujawnia się w fenotypie.

W przypadku kodominacji do zapisu alleli nie stosuje się wielkiej i małej litery, ale np. dwie takie same wielkie litery z innymi literami albo symbolami w indeksie górnym (np. A^X, A^Y) lub w indeksie dolnym (np. A_X, A_Y).

Przykłady kodominacji u roślin

U roślin efektem kodominacji są często odmiany charakteryzujące się dwubarwnymi kwiatami. Odmiany takie powstają w wyniku krzyżowania dwóch różnych odmian o kwiatach jednobarwnych. Występują one m.in. u kamelii i floksa.



Kwiaty jednej z odmian kamelii są czerwono-białe. Ich kolor jest determinowany dwoma allelami kodominującymi, z których jeden odpowiada za barwę czerwoną, a drugi – za barwę białą.

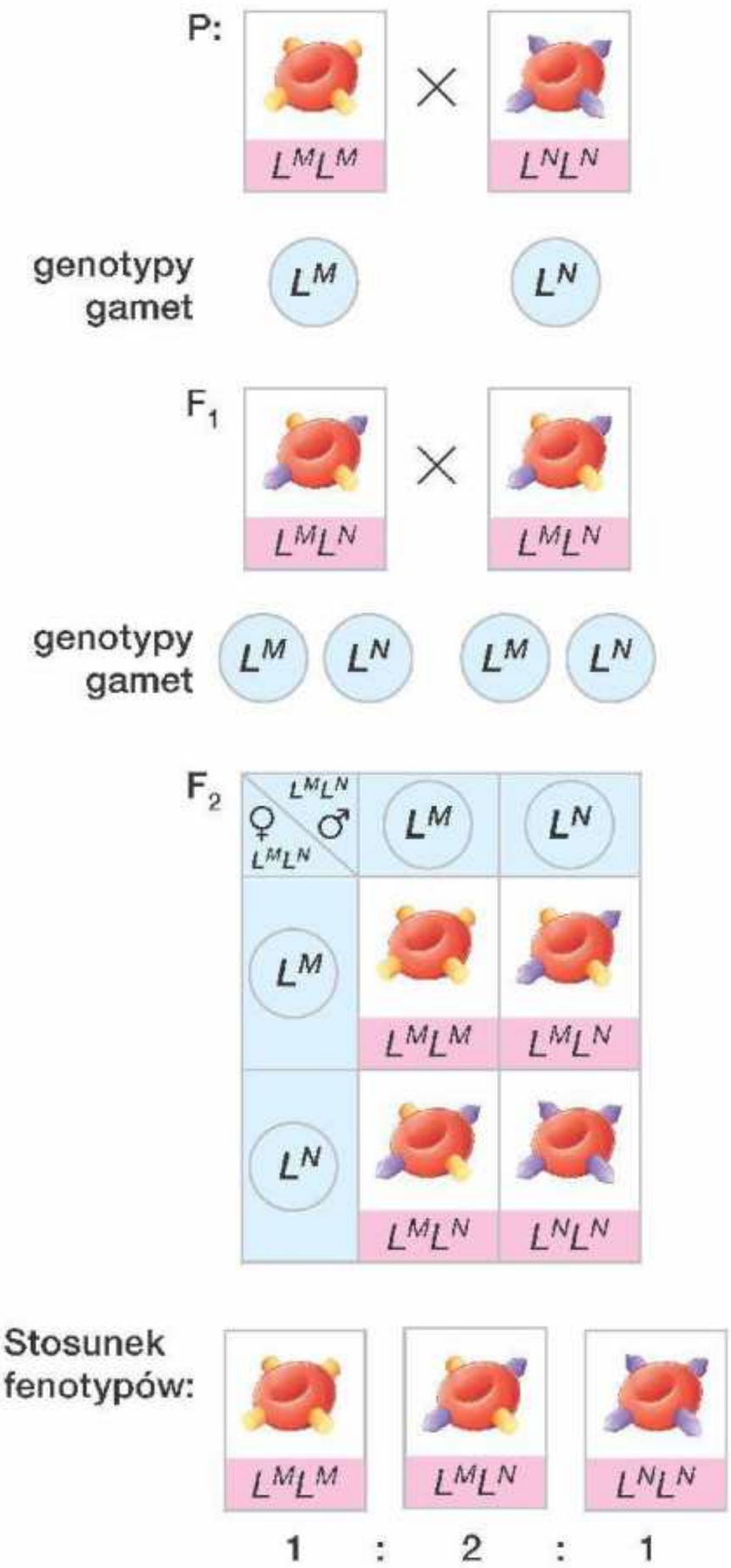
Przykłady kodominacji u człowieka

U człowieka kodominacja występuje m.in. w przypadku układu grupowego krwi MN. Jest to jeden z ok. 30 układów grupowych krwi (najbardziej znany jest układ AB0) wyróżnianych ze względu na występowanie na erytrocytach swoistych antygenów. Układ MN warunkuje występowanie trzech grup krwi: M, N i MN. Allele determinujące te grupy krwi, określane jako L^M i L^N, są kodominujące. Oznacza to, że osobnik o genotypie L^ML^M wytwarza tylko antygen M, osobnik o genotypie L^NL^N – tylko antygen N, a osobnik o heterozygotycznym genotypie L^ML^N – oba antygeny.

Układ grupowy krwi MN

Genotypy	Fenotypy	Antygeny na powierzchni krwinek
L^ML^M	M	M
L^ML^N	MN	M i N
L^NL^N	N	N

Kodominacja – dziedziczenie grupy krwi układu MN u człowieka

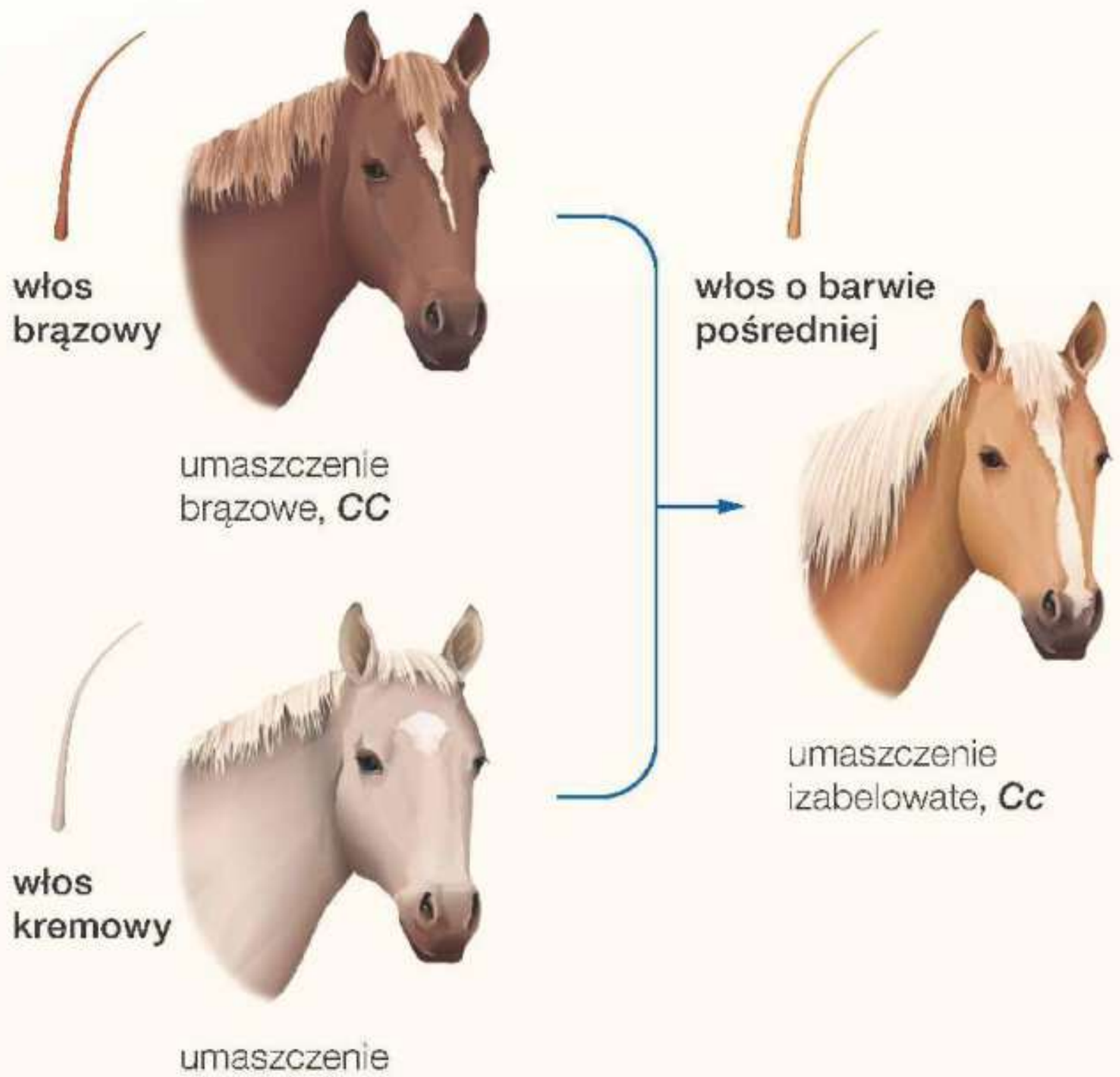


Porównanie dominacji niepełnej z kodominacją

Dominacja niepełna charakteryzuje się tym, że heterozygoty mają fenotyp pośredni między fenotypami obu rodzajów homozygot. W przypadku kodominacji fenotyp pośredni nie występuje, a oba allele tego samego genu są równe pod względem siły ujawniania się w fenotypie.

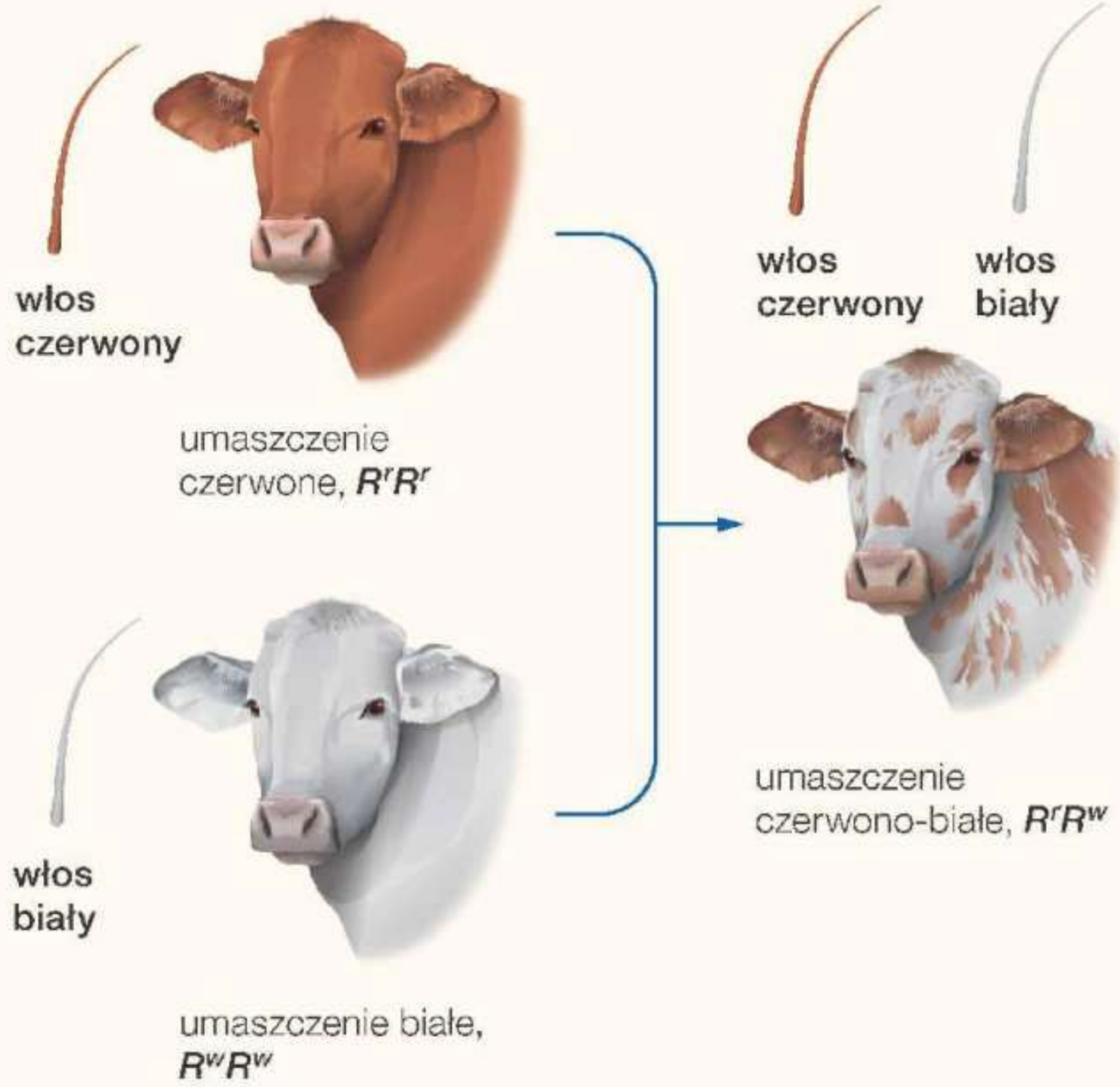
Dominacja niepełna

Występuje m.in. w przypadku dziedziczenia barwy umaszczenia u koni. Jeśli skrzyżuje się brązowego ogiera (*CC*) z klaczą o umaszczeniu kremowym (*cc*), to całe potomstwo będzie miało umaszczenie izabelowate (*Cc*) – pośrednie między brązowym a kremowym. Z kolei po skrzyżowaniu dwóch koni izabelowatych otrzyma się potomstwo o umaszczeniu brązowym, izabelowatym i kremowym w stosunku **1:2:1**.



Kodominacja

Występuje m.in. w przypadku dziedziczenia barwy umaszczenia u bydła rasy shorthorn. Jeśli skrzyżuje się czerwonego byka (R^rR^r) z białą krową (R^wR^w), to całe potomstwo będzie miało umaszczenie czerwono-białe (R^rR^w).
W tym typie umaszczenia w sierści występują włosy czerwone oraz włosy białe. Z kolei po skrzyżowaniu dwóch osobników dereszowatych otrzyma się potomstwo czerwone, czerwono-białe i białe w stosunku **1:2:1**.



Samouczek

Określanie stosunku genotypów i fenotypów w przypadku kodominacji

Przykład

U koniczyny za występowanie barwnych plam na liściach odpowiadają dwa allele. Allel A_1 warunkuje występowanie plam na obrzeżach blaszki liściowej, natomiast allel A_2 warunkuje występowanie plam na środku blaszki liściowej. U heterozygoty plamy występują zarówno na obrzeżach, jak i na środku blaszki liściowej. Skrzyżowano dwa osobniki heterozygotyczne pod względem tej cechy.

Określ, jaki stosunek genotypów i fenotypów zaobserwowano w pokoleniu potomnym.



A_1A_1 A_1A_2 A_2A_2

Krok 1

Wypisz genotypy pokolenia rodzicielskiego i wytwarzane przez to pokolenie typy gamet męskich i żeńskich.

Genotypy pokolenia rodzicielskiego: $A_1A_2 \times A_1A_2$
Genotypy gamet: A_1, A_2

Krok 2

Narysuj i uzupełnij szachownicę Punnetta.

Następnie zapisz genotypy i fenotypy potomstwa.

♀ \ ♂	A_1	A_2
A_1	A_1A_1 plamy na obrzeżach liści	A_1A_2 plamy na obrzeżach i na środku liści
A_2	A_1A_2 plamy na obrzeżach i na środku liści	A_2A_2 plamy na środku liści

Krok 3

Odczytaj z szachownicy Punnetta stosunek genotypów i stosunek fenotypów otrzymanych w pokoleniu potomnym.

Stosunek genotypów: 1:2:1
Stosunek fenotypów: 1:2:1

Odpowiedź:

Stosunek genotypów to 1:2:1, a stosunek fenotypów koniczyn z plamami na obrzeżach liści do koniczyn z plamami na obrzeżach i na środku liści do koniczyn z plamami na środku liści wynosi 1:2:1.

Plejotropia

Niekiedy pojedynczy gen wpływa na ujawnianie się kilku cech fenotypowych. Zjawisko to określa się mianem **plejotropii**, a funkcjonujące w ten sposób geny nazywa się **genami plejotropowymi**. Do tej grupy należą m.in. geny, których mutacja jest przyczyną pewnych chorób genetycznych człowieka, np. fenyloketonurii i mukowiscydozy. Objawy wymienionych chorób dotyczą wielu tkanek i narządów organizmu, a więc wielu cech fenotypowych jednocześnie. W mukowiscydozie są to np. zaburzenia w funkcjonowaniu układu oddechowego, wątroby i układu kostnego.

U niektórych zwierząt geny plejotropowe to m.in. geny związane z barwą sierści i oczu. Ponadto w określonych układach geny plejotropowe mogą wykazywać działanie letalne i powodować śmierć gamet, zygoty lub zarodka. Przykładem są owce karakuły, u których recesywny allel odpowiedzialny za siwe umaszczenie jest letalny w układzie homozygotycznym.



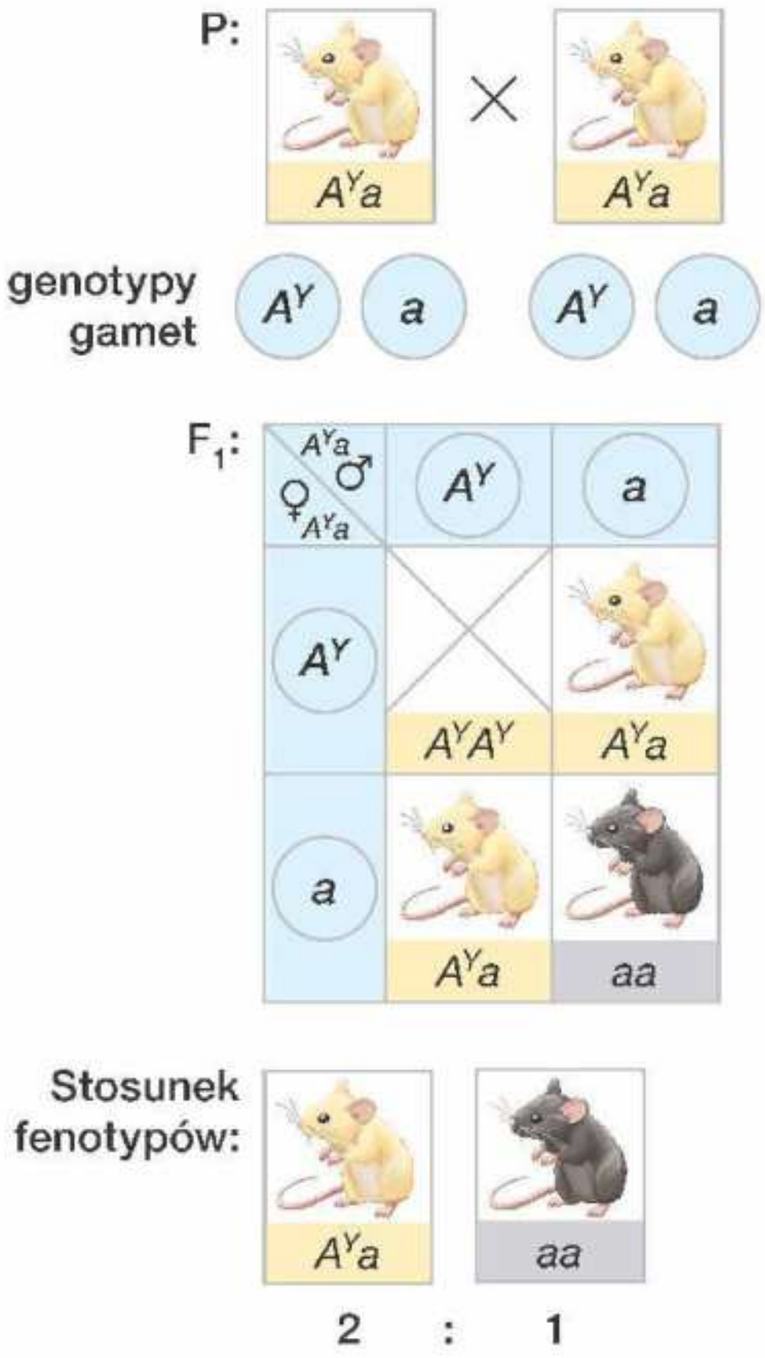
U kotów allel dominujący *W*, powoduje równoczesne wystąpienie białego futra, niebieskich tęczówek oraz wad słuchu.

Gen letalny u myszy

U myszy występuje allel A^Y o działaniu plejotropowym. Jest on jednocześnie allelem dominującym warunkującym żółtą barwę sierści oraz allelem recesywnym, którego produkt powoduje zaburzenia rozwoju zarodkowego. Inny allel tego samego genu – a – jest allelem recesywnym warunkującym szarą barwę sierści. W związku z tym:

- homozygoty dominujące pod względem barwy sierści i recesywne pod względem żywotności (A^YA^Y) nie rodzą się, ponieważ obumierają w stadium zarodka,
- heterozygoty (A^Ya) są w pełni żywotne i mają żółtą barwę sierści,
- homozygoty recesywne (aa) są w pełni żywotne i mają szarą barwę sierści.

Ze względu na efekt plejotropowy w wyniku krzyżowania dwóch heterozygotycznych żółtych myszy otrzymuje się myszy żółte i myszy szare w stosunku 2:1.



Allele wielokrotne

Jeżeli w populacji występują co najmniej trzy allele danego genu, to noszą one nazwę **szeregu (serii) alleli wielokrotnych**. Allele te kodują tylko jedną cechę organizmu. U pojedynczego osobnika komórka somatyczna zawiera dwa allele z szeregu alleli wielokrotnych, a gameta – tylko jeden allel.

Szeregiem alleli wielokrotnych jest determinowane np. umaszczenie u królików. Allel C warunkuje umaszczenie typu dzikiego (agouti), allel C^{ch} – umaszczenie szynszylowe, allel C^h – umaszczenie himalajskie, a allel c – umaszczenie białe (albinotyczne). Wymienione allele pozostają w następującym stosunku dominacji: $C > C^{ch} > C^h > c$.

Dziedziczenie umaszczenia u królików

	dziki (agouti)	szynszyla	himalajski	albinos
Typ umaszczenia				
Barwa umaszczenia	agouti (ciemna nasada i jasna końcówka włosa)	jasnoszary	biały z czarnymi uszami, nosem, łapami i ogonem	biały
Allel warunkujący umaszczenie	C	C^{ch}	C^h	c
Możliwe genotypy	CC, CC^{ch}, CC^h, Cc	$C^{ch}C^{ch}$, $C^{ch}C^h$, $C^{ch}c$	C^hC^h, C^hc	cc

Układ grupowy AB0 u człowieka

Występowanie alleli wielokrotnych jest prawdopodobnie zdobyczą ewolucyjną, umożliwiającą sprawne dostosowanie się populacji do zmieniających się warunków środowiska. W przypadku wystąpienia zmian pewne allele mogą odpowiadać za cechy, które okazują się korzystniejsze dla danej populacji, przez co szybko się w niej rozprzestrzeniają.

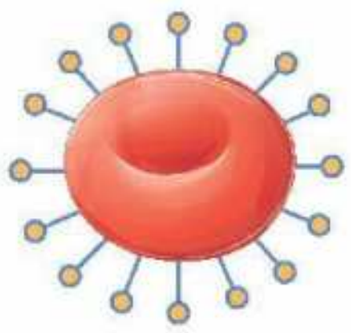
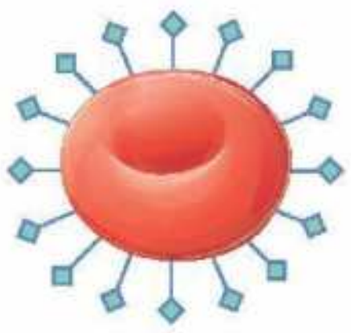
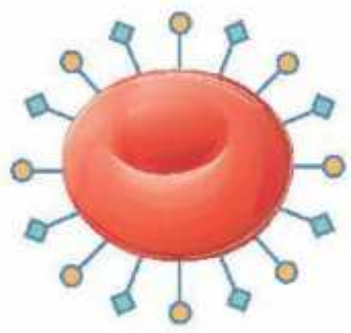
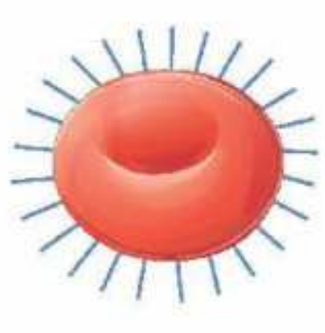
U człowieka allele wielokrotne odpowiadają za dziedziczenie m.in. grup krwi w układzie grupowym AB0 (ABO). Kryterium pozwalającym na wyróżnienie grup głównych krwi (A, B, AB, 0) jest występowanie w błonie komórkowej erytrocytów antygenów oznaczonych odpowiednio symbolami A, B i H. Syntezę tych antygenów warunkują allele:

- I^A – synteza antygenu A,
- I^B – synteza antygenu B,
- i – synteza antygenu H.

Między allelami odpowiadającymi za grupy krwi występują:

- **dominacja pełna** – między allelem I^A a allelem i, a także między allelem I^B a allelem i. Oznacza to, że allele I^A oraz I^B są dominujące względem recesywnego allelu i, co skutkuje obecnością na powierzchni erytrocytów odpowiednio antygenów A i antygenów B. U homozygoty recesywnej (ii) w błonie komórkowej erytrocytów występują tylko antygeny H;
- **kodominacja** – między allelem I^A a allelem I^B, które są równorzędne pod względem siły ujawniania się w fenotypie. Jeżeli w genotypie występują allele I^A oraz I^B, to oba ulegają ekspresji i na powierzchni erytrocytów występują zarówno antygeny A, jak i antygeny B.

Rodzaje antygenów na powierzchni erytrocytów w zależności od grupy krwi

Grupa krwi			
A	B	AB	0
			
 antygen A	 antygen B	 antygen A antygen B	antygen H
Obecność antygenu A jest warunkowana przez allel dominujący I^A.	Obecność antygenu B jest warunkowana przez allel dominujący I^B.	Obecność antygenów A i B jest warunkowana przez allele dominujące I^A oraz I^B.	Obecność antygenu H jest warunkowana przez allel recesywny i.
Możliwe genotypy			
I^AI^A, I^Ai	I^BI^B, I^Bi	I^AI^B	ii
Stosunek dominacji			
dominacja pełna	dominacja pełna	kodominacja	dominacja pełna

Samouczek

Określanie prawdopodobieństwa wystąpienia danego fenotypu u potomstwa w przypadku alleli wielokrotnych warunkujących grupy krwi

Przykład 1

Kobieta ma grupę krwi A, a mężczyzna – grupę krwi B, przy czym oboje są heterozygotami.

Oblicz prawdopodobieństwo urodzenia się tej parze dziecka o grupie krwi 0 oraz dziecka o grupie krwi AB.

Krok 1

Wypisz genotypy rodziców i wytwarzane przez nich gamety.

Genotyp kobiety: I^Ai
Genotyp mężczyzny: I^Bi
Genotypy gamet kobiety: I^A, i
Genotypy gamet mężczyzny: I^B, i

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta, a następnie zaznacz genotypy dzieci o grupach krwi 0 i AB.

♀ \ ♂	I^B	i
I^A	I^AI^B **grupa AB**	I^Ai grupa A
i	I^Bi grupa B	ii **grupa 0**

Krok 3

Oblicz prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z grupą krwi 0 oraz dziecka z grupą krwi AB.

Prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z grupą krwi 0:

jedno z czterech pól kwadratu = 1/4 = 0,25 = 25%

Prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z grupą krwi AB:

jedno z czterech pól kwadratu = 1/4 = 0,25 = 25%

Odpowiedź:

Gdy oboje rodzice są heterozygotami, prawdopodobieństwo wystąpienia u dziecka grupy krwi 0 i grupy krwi AB jest takie samo – wynosi 25%.

Przykład 2

Matka o grupie krwi 0 Rh– ma dziecko o grupie krwi A Rh–.

Określ, czy ojcem tego dziecka mógł być mężczyzna o grupie krwi AB Rh+.

Krok 1

Zapisz genotyp mężczyzny i wytwarzane przez niego gamety oraz genotyp matki i wytwarzane przez nią gamety. Pamiętaj, że allel warunkujący obecność antygenu D jest dominujący, a osoba, która go posiada, ma grupę krwi Rh+.

Genotyp mężczyzny: I^AI^BDD lub I^AI^BDd
Genotypy gamet mężczyzny: I^AD, I^BD lub I^AD, I^BD, I^Ad, I^Bd
Genotyp kobiety: $iidd$
Genotypy gamet kobiety: id

Krok 2

Zapisz genotyp dziecka. Pamiętaj, że od każdego z rodziców dziecko dostaje po jednym allelu odpowiedzialnym za grupę krwi i czynnik Rh. Oznacza to, że od matki otrzyma ono allele id.

Genotyp dziecka: I^Aidd

Krok 3

Oceń, czy mężczyzna mógł być ojcem dziecka. Zwróć uwagę na fakt, że dziecko otrzymało od ojca allele I^Ad. W związku z tym mężczyzna o genotypie I^AI^BDd mógł być ojcem tego dziecka.

Krok 4

Uzupełnij szachownicę Punneta, wpisując genotypy gamet rodziców. Następnie zaznacz odpowiedni genotyp dziecka.

♀ \ ♂	I^AD	I^Ad	I^BD	I^Bd
id	I^AiDd grupa A Rh+	I^Aidd **grupa A Rh–**	I^BiDd grupa B Rh+	I^Bidd grupa B Rh–

Odpowiedź:

Mężczyzna mógł być ojcem dziecka.

Samouczek

Określanie prawdopodobieństwa wystąpienia danego fenotypu u potomstwa w przypadku alleli wielokrotnych warunkujących barwę sierści

Przykład

Za kolor sierści u kotów odpowiada kilka alleli wielokrotnych. Allel c^+ warunkuje futro ciemne, allel c^r – futro srebrzyste, a allel c^s – futro syjamskie. Pod względem dominacji allele te można uszeregować w następującej kolejności: $c^+ > c^r > c^s$. Skrzyżowano ciemnego kocura ze srebrzystą kotką – otrzymano w ten sposób kocięta ciemne, srebrzyste oraz syjamskie.

Określ genotypy kotów pokolenia rodzicielskiego, a następnie ustal prawdopodobieństwo urodzenia się srebrzystych kociąt.

Krok 1

Wypisz wszystkie możliwe genotypy kocura i kotki z pokolenia rodzicielskiego.

Możliwe genotypy kocura: c^+c^+, c^+c^r, c^+c^s

Możliwe genotypy kotki: c^rc^r, c^rc^s

Krok 2

Wypisz wszystkie możliwe genotypy kociąt.

Możliwe genotypy kociąt ciemnych: c^+c^+, c^+c^r, c^+c^s

Możliwe genotypy kociąt srebrzystych: c^rc^r, c^rc^s

Możliwe genotypy kociąt syjamskich: c^sc^s

Krok 3

Wybierz genotypy kocura i kotki z pokolenia rodzicielskiego, które zawierają allel recesywny warunkujący futro syjamskie. Następnie wypisz genotypy gamet wytwarzanych przez kocura i kotkę.

Genotyp kocura: c^+c^s

Genotyp kotki: c^rc^s

Genotypy gamet kocura: c^+, c^s

Genotypy gamet kotki: c^r, c^s

Krok 4

Uzupełnij szachownicę Punnetta, po czym zaznacz genotyp kociąt o srebrzystym futrze.

♀ \ ♂	c^+	c^s
c^r	c^+c^r futro ciemne	c^rc^s **futro srebrzyste**
c^s	c^+c^s futro ciemne	c^sc^s futro syjamskie

Odpowiedź:

Kocur ma genotyp c^+c^s, a kotka – c^rc^s.

Prawdopodobieństwo urodzenia się srebrzystych kociąt wynosi 25%.

Polecenia kontrolne

1. Określ, jaki będzie wynik krzyżówki testowej heterozygoty z homozygotą recesywną w przypadku dziedziczenia barwy kwiatów u wyżlinu większego.
2. U owiec karakuł gen *A* determinuje czarną barwę sierści, a jego recesywny allel *a* – siwą barwę sierści. Skrzyżowano dwie czarne heterozygotyczne owce karakuły. W pokoleniu potomnym otrzymano wyłącznie osobniki czarne. Wyjaśnij, dlaczego w pokoleniu potomnym nie wystąpiły owce siwe.
3. U norek barwa sierści jest determinowana szeregiem alleli wielokrotnych, które pod względem dominacji można uszeregować w następującej kolejności: T – standard > t^s – pastel szkocki > t^p – palomino szwedzkie > t^w – palomino fińskie > t^h – albinos.
   a. Wypisz wszystkie możliwe genotypy norki o barwie sierści palomino szwedzkie.
   b. Określ genotypy i fenotypy potomstwa otrzymanego w wyniku skrzyżowania norki o genotypie Tt^s z norką o genotypie t^st^h.
4. Określ, które grupy krwi wystąpią u potomstwa, jeżeli:
   a. matka i ojciec mają grupę krwi AB,
   b. matka i ojciec mają grupę krwi 0,
   c. matka ma grupę krwi AB, a ojciec – grupę krwi 0.

2.3. Dziedziczenie wielogenowe

Ważne w tym temacie!

- geny: dopełniające się, epistatyczne, hipostatyczne, kumulatywne

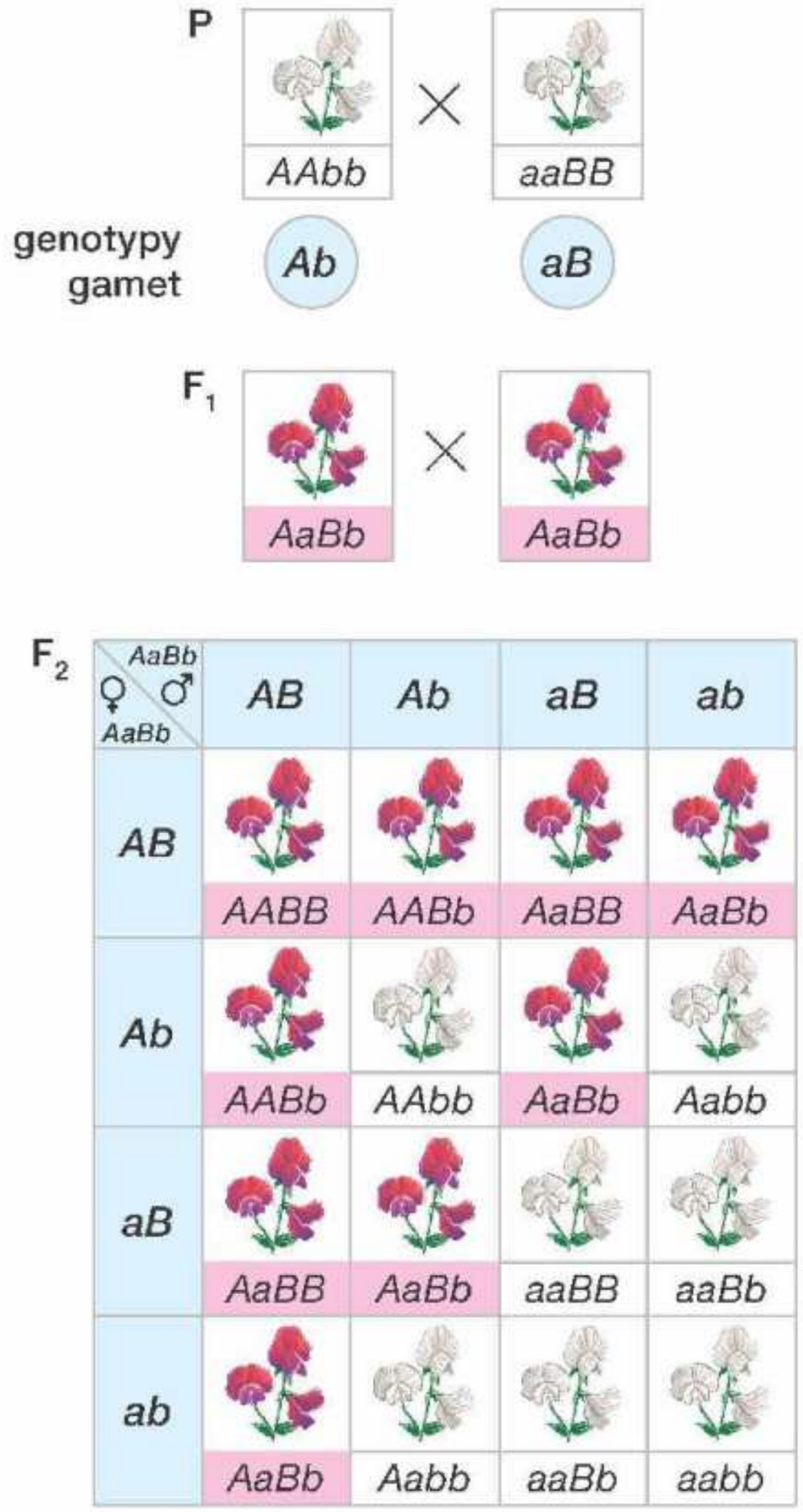
Niektóre cechy są warunkowane nie przez jeden gen, lecz przez wiele genów, od których ekspresji zależy ostateczny efekt fenotypowy. Taki typ dziedziczenia określa się mianem dziedziczenia wielogenowego.

Geny dopełniające się

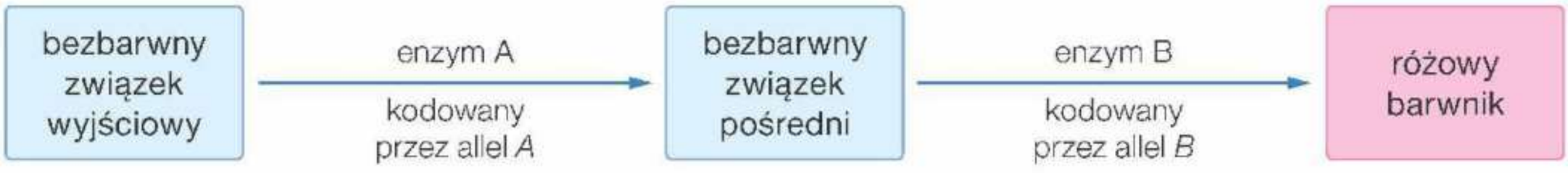
Pewne cechy organizmów powstają w wyniku współdziałania dwóch różnych genów, określanych mianem **genów dopełniających się** lub **genów komplementarnych**. Allele genów dopełniających się są rozdzielane do gamet niezależnie od siebie, czyli zgodnie z II prawem Mendla. Jednak allel dominujący jednego genu nie ujawnia się, jeżeli w genotypie brakuje allelu dominującego drugiego genu. Z tego powodu stosunek fenotypów w pokoleniu F_2 wynosi 9:7, a nie 9:3:3:1.

Przykładem działania genów dopełniających się jest czerwona barwa kwiatów u groszku pachnącego, która powstaje w wyniku współpracy dwóch enzymów – A i B – odpowiedzialnych za przemiany bezbarwnych prekursorów barwnika. Enzymy te uczestniczą w kolejnych etapach jednego szlaku metabolicznego. Każdy z dwóch enzymów jest kodowany przez odrębny gen, odpowiednio *A* i *B*. Allele dominujące (*A* i *B*) tych genów warunkują wytwarzanie aktywnych form enzymów, natomiast allele recesywne (*a* i *b*) powodują, że enzymy nie są aktywne, nie mogą zatem katalizować reakcji. Oznacza to, że rośliny o kwiatach różowych muszą mieć co najmniej jeden allel *A* i jeden allel *B*.

Geny dopełniające się – dziedziczenie barwy kwiatów u groszku pachnącego



Wytwarzanie różowego barwnika u kwiatów groszku pachnącego



Samouczek

Określanie genotypów i fenotypów potomstwa w przypadku genów dopełniających się

Przykład

U dzwonka karpackiego barwa kwiatów jest warunkowana przez dwa dopełniające się geny, których dominujące allele (*A* i *B*) umożliwiają syntezę dwóch enzymów koniecznych do powstania barwnika. Skrzyżowano biało kwitnące homozygotyczne odmiany dzwonka karpackiego. Wszystkie osobniki potomne pokolenia F_1 miały kwiaty niebieskie, natomiast w pokoleniu F_2 otrzymano rośliny o kwiatach niebieskich i białych w stosunku 9:7.

Wykonaj odpowiednie krzyżówki genetyczne, a następnie wypisz wszystkie możliwe genotypy roślin o kwiatach białych.

Krok 1

Zapisz genotypy pokolenia rodzicielskiego oraz pokolenia F_1.

Genotypy pokolenia rodzicielskiego: *aaBB* x *AAbb*

Genotyp pokolenia F_1: *AaBb*

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta, by określić genotypy pokolenia F_2.

♀ \ ♂	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
AB	*AABB*	*AABb*	*AaBB*	*AaBb*
Ab	*AABb*	*AAbb*	*AaBb*	*Aabb*
aB	*AaBB*	*AaBb*	*aaBB*	*aaBb*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	*aabb*

Krok 3

Zaznacz rośliny o kwiatach białych i wypisz ich genotypy.

♀ \ ♂	*AB*	*Ab*	*aB*	*ab*
AB	*AABB*	*AABb*	*AaBB*	*AaBb*
Ab	*AABb*	*AAbb*	*AaBb*	*Aabb*
aB	*AaBB*	*AaBb*	*aaBB*	*aaBb*
ab	*AaBb*	*Aabb*	*aaBb*	*aabb*

Odpowiedź:

Genotypy roślin o kwiatach białych: *AAbb*, *Aabb*, *aaBB*, *aaBb*, *aabb*.

Geny epistatyczne i hipostatyczne

Niekiedy jeden gen maskuje efekt działania innego genu – zjawisko to określa się mianem **epistazy**. Gen, który maskuje obecność innego genu, jest nazywany **genem epistatycznym**, a gen maskowany – **genem hipostatycznym**. Allel warunkujący epistazę może być dominujący lub recesywny.

Przykład epistazy u gryzoni

Przykładem epistazy jest dziedziczenie barwy sierści u gryzoni. Wpływają na nią m.in. następujące allele:

- *C* – warunkujący wytworzenie barwnika,
- *c* – odpowiadający za brak syntezy barwnika (biała sierść),
- *A* – warunkujący ubarwienie typu agouti (barwnik nie występuje w szczytowej części włosa, która w związku z tym pozostaje biała),
- *a* – warunkujący równomierne rozmieszczenie barwnika.

Ostateczny efekt fenotypowy, czyli barwa sierści, zależy od występowania oraz rozmieszczenia barwnika we włosie. Za wytworzenie barwnika odpowiada kilka genów, m.in. gen o allelach *C* i *c*, natomiast za rozmieszczenie barwnika odpowiada jeden gen (o allelach *A* i *a*).

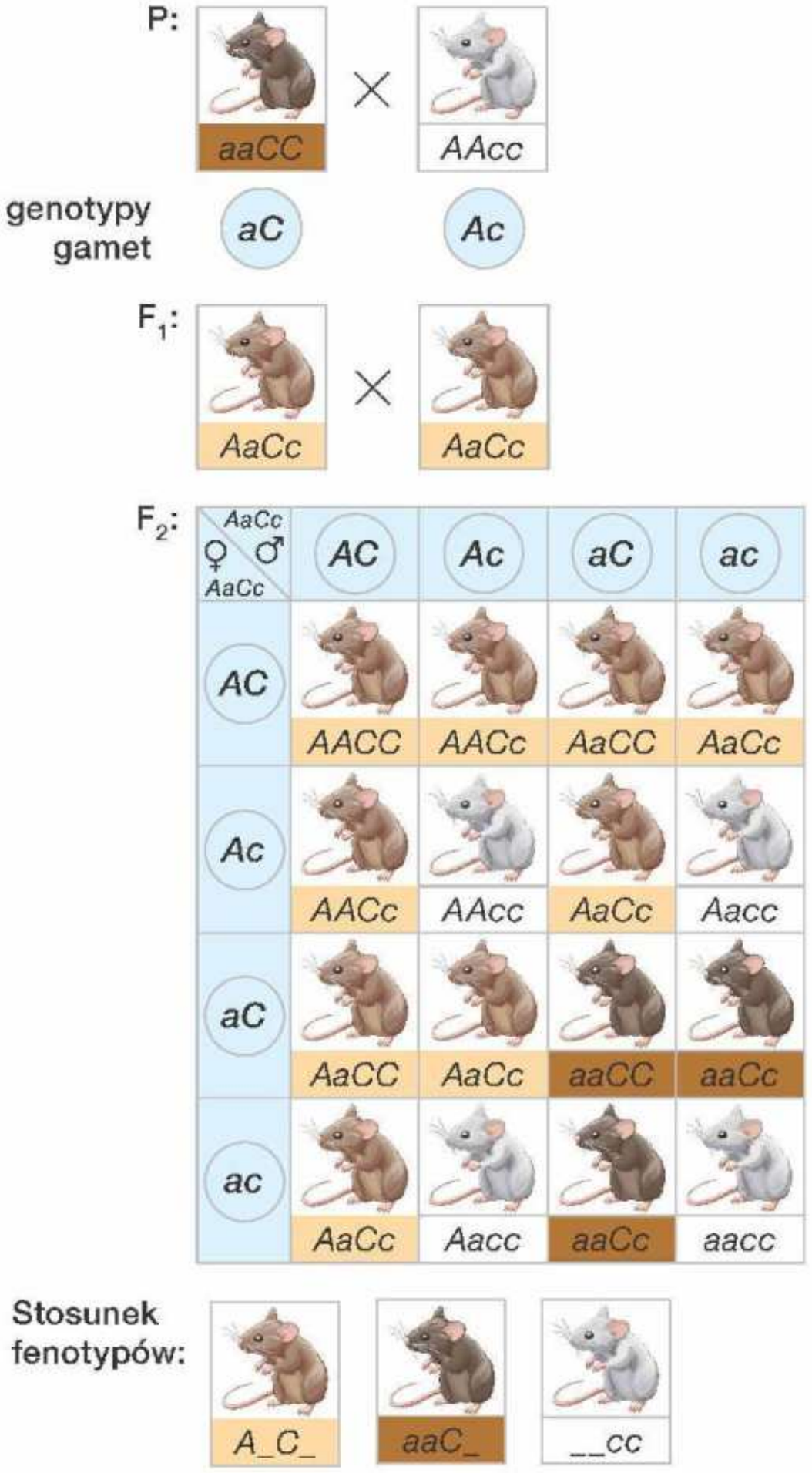
Z analizy efektów współdziałania wymienionych alleli wynika, że warunkiem syntezy barwnika jest obecność przynajmniej jednego allelu dominującego *C*. Osobniki

bez tego allelu, mają sierść białą. Osobniki, u których występuje co najmniej jeden allel *A* i co najmniej jeden allel *C*, mają sierść typu agouti. Pozostałe, czyli takie, u których występują chociaż jeden allel *C* i jednocześnie oba allele recesywne *aa*, mają futro jednolicie barwne. W sytuacji braku barwnika układ alleli odnoszących się do jego rozmieszczenia jest nieistotny, gdyż nie przejawia się w fenotypie. W takim przypadku allel genu decydującego o syntezie barwnika (*C*) określa się jako nadrzędny (epistatyczny) w stosunku do alleli genu wpływającego na rozmieszczenie barwnika (*A* i *a*). Równocześnie allele *a* i *A* są podrzędne (hipostatyczne) w stosunku do allelu *C*.

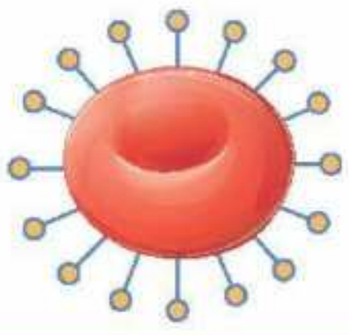
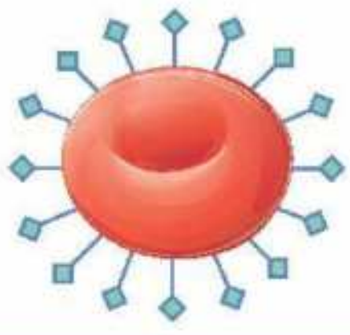
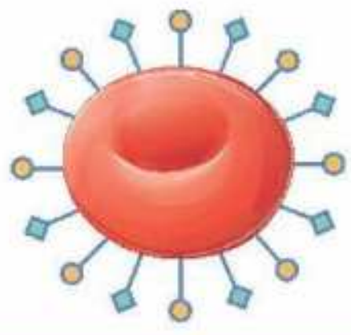
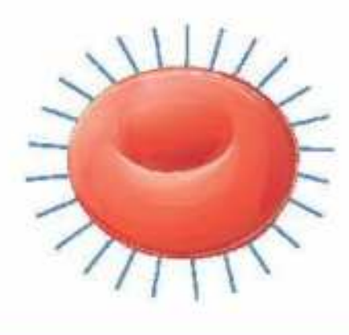
Przykład epistazy u człowieka

Przykładem epistazy u człowieka jest bardzo rzadki fenotyp bombajski (fenotyp Bombay), który występuje głównie u ludzi pochodzenia indyjskiego. Osoby z tym fenotypem mają grupę krwi 0 (oznaczaną symbolem 0h) – mimo obecności alleli dla antygenów grupowych A lub B. W syntezie glikoprotein błonowych A i B uczestniczy enzym, który jest produktem genu H. Wytworzenie tego enzymu wymaga obecności w genotypie co najmniej jednego dominującego allelu H. W układzie recesywnym hh enzym nie jest wytwarzany, co skutkuje brakiem syntezy antygenów A i B – mimo obecności warunkujących je alleli.

Dziedziczenie barwy sierści gryzoni



Fenotyp Bombay – działanie genu *H* w warunkowaniu grup krwi układu AB0

Grupa krwi				
A	B	AB	0	0_h
				
Możliwe genotypy				
I^AI^AHH, I^AI^AHh, $I^Ai HH$, $I^Ai Hh$	I^BI^BHH, I^BI^BHh, $I^Bi HH$, $I^Bi Hh$	I^AI^BHH, I^AI^BHh	$iiHH$, $iiHh$	I^AI^Ahh, I^Aihh, I^BI^Bhh, I^Bihh, I^AI^Bhh, $iihh$

Samouczek

Określanie fenotypu potomstwa w przypadku epistazy

Przykład

Barwa skóry i sierści pewnego gatunku zwierzęcia zależy od genu, którego dominujący allel *A* odpowiada za barwę czarną, a recesywny allel *a* – za barwę brązową. Jednocześnie ujawnienie się barwy zależy od innego genu, którego dominujący allel *B* warunkuje przekształcenie bezbarwnego prekursora obu barwników w ostateczny produkt. Z kolei recesywny allel *b* tego genu powoduje, że prekursor nie jest przekształcany – brak wówczas zabarwienia skóry i włosów. Skrzyżowano czarną samicę o genotypie *AaBb* z białym samcem o genotypie *Aabb*.

Określ możliwe fenotypy potomstwa tej pary. Następnie ustal, jakie jest prawdopodobieństwo urodzenia się osobnika o białej sierści.

Krok 1

Wypisz genotypy gamet żeńskich i męskich.

Genotypy gamet żeńskich: *AB*, *Ab*, *aB*, *ab*

Genotypy gamet męskich: *Ab*, *ab*

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta i określ fenotypy potomstwa.

♀ \ ♂	*Ab*	*ab*
AB	*AABb* czarny	*AaBb* czarny
Ab	*AAbb* biały	*Aabb* biały
aB	*AaBb* czarny	*aaBb* brązowy
ab	*Aabb* biały	*aabb* biały

Krok 3

Ustal prawdopodobieństwo urodzenia się osobnika o białej sierści.

Prawdopodobieństwo urodzenia się osobnika o białej sierści:

4/8 = 1/2 = 50%

Odpowiedź:

Fenotypy potomstwa: czarne, białe i brązowe.

Prawdopodobieństwo urodzenia się osobnika o białej sierści wynosi 50%.

Geny kumulatywne

Geny kumulatywne (geny addytywne, poligeny) to geny współodpowiedzialne za wytworzenie jednej cechy. Wywoływane przez nie zmiany kumulują się, co oznacza, że ostateczny efekt fenotypowy jest sumą efektów działania poszczególnych genów. Geny kumulatywne odpowiadają zwykle za **cechy ilościowe**, takie jak wzrost i masa organizmu.

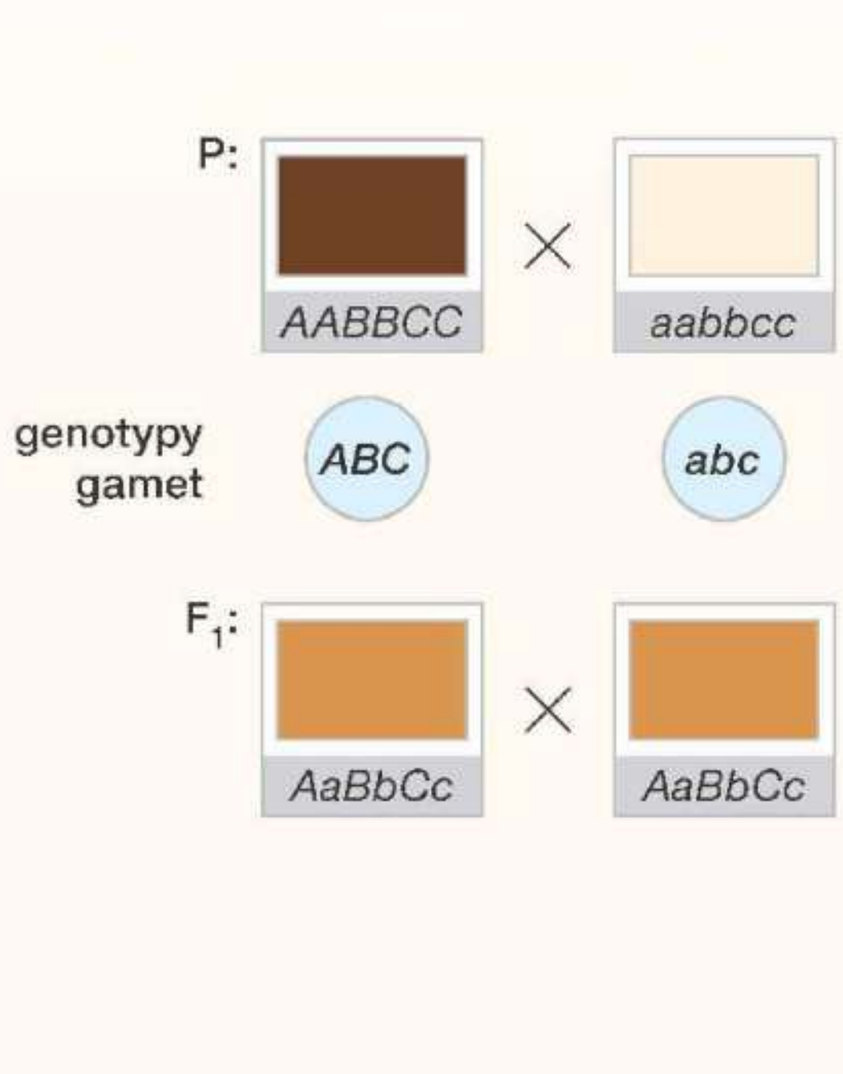
Jedną z cech zależnych od genów kumulatywnych jest kolor ziarniaków pszenicy. Warunkują ją trzy różne geny. Allele dominujące tych genów (*A*, *B*, *C*) odpowiadają za wytwarzanie czerwonego pigmentu, który nadaje barwę okrywie owocowo-nasiennej, przy czym każdy allel zwiększa intensywność barwy w takim samym stopniu. Oznacza to, że w genotypie pszenicy o najciemniejszych (purpurowych) ziarniakach występuje sześć takich alleli: *AABBCC*. Z kolei rośliny wytwarzające ziarniaki białe mają genotyp *aabbcc*.

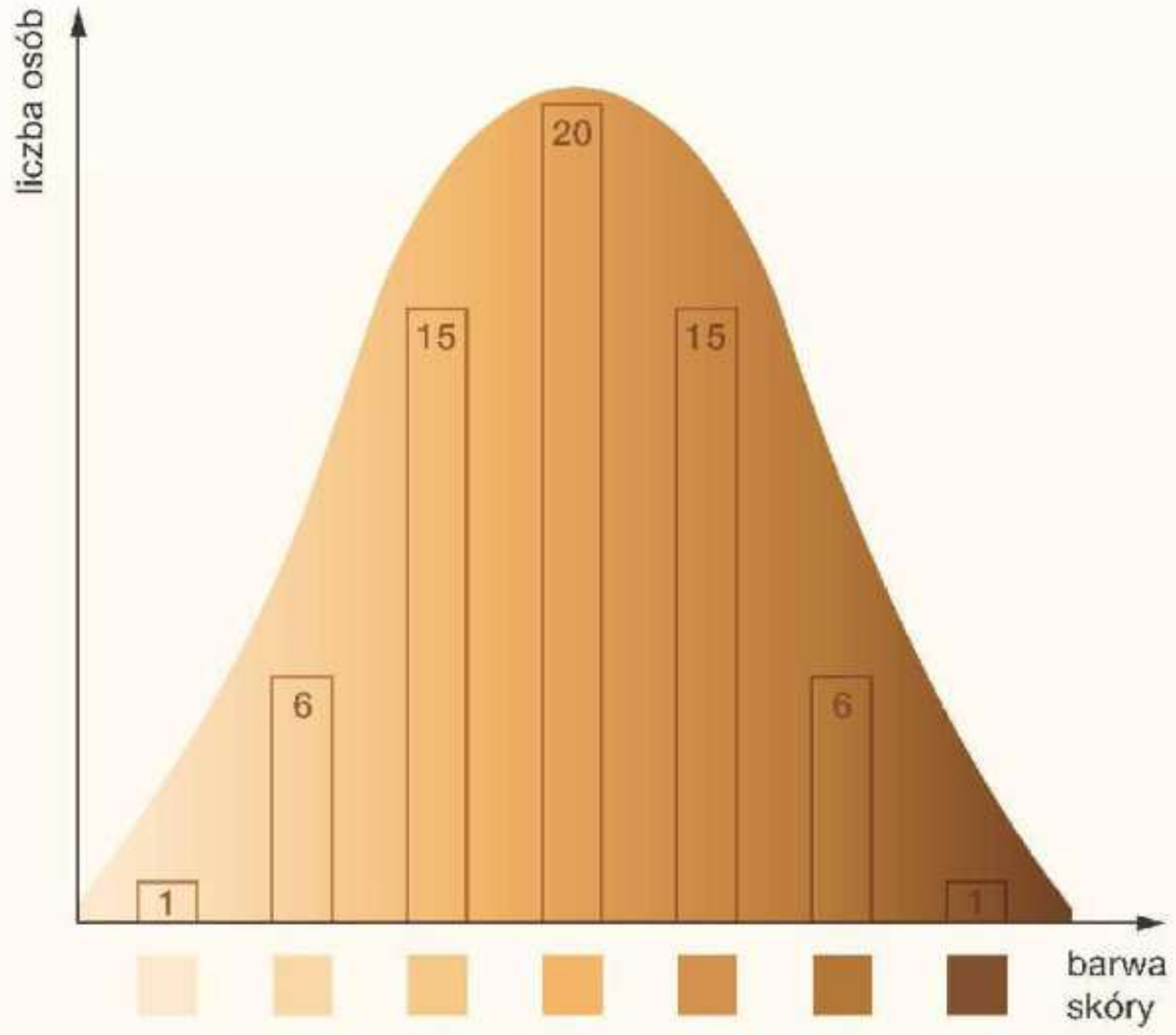


Kolor skóry u człowieka jest przykładem cechy warunkowanej przez geny kumulatywne.

Działanie genów kumulatywnych warunkujących barwę skóry człowieka

Barwa skóry człowieka zależy od wielu genów oraz od czynników środowiska. Upraszczając, można przyjąć, że jest ona uwarunkowana trzema genami: *A*, *B* i *C*. Im więcej alleli dominujących występuje w genotypie, tym barwa skóry jest ciemniejsza. Osoba o maksymalnej liczbie alleli dominujących (*AABBCC*) ma bardzo ciemną barwę skóry. Z kolei skóra osoby, która nie ma żadnego allelu dominującego (*aabbcc*), jest bardzo jasna.





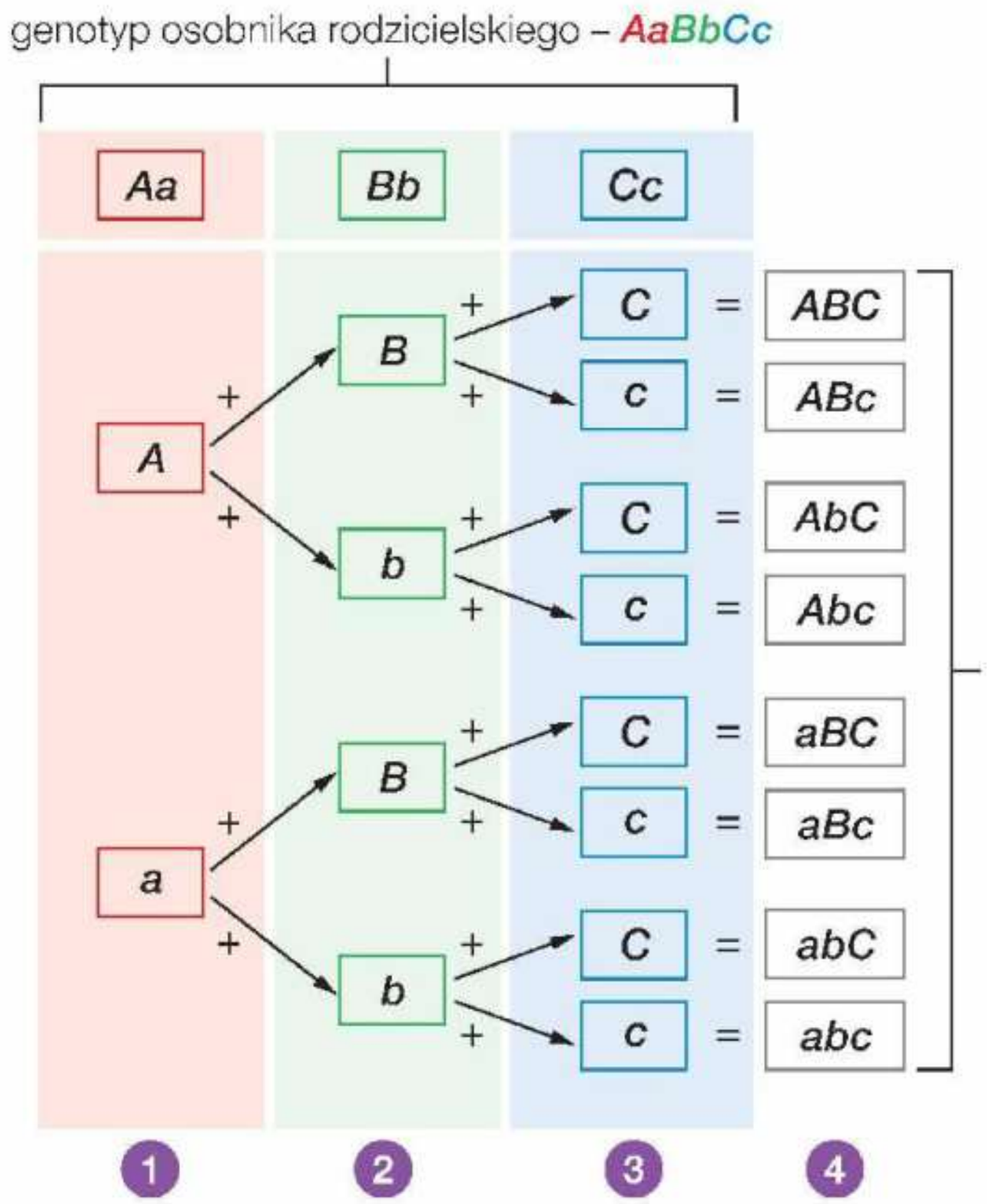
Rozkład zmienności barwy skóry u człowieka
zgodnie z założeniem determinacji trzygenowej.

F_2:

♀ AaBbCc / ♂ AaBbCc	ABC	ABc	AbC	aBC	abC	aBc	Abc	abc
ABC	AABBCC	AABBCc	AABbCC	AaBBCC	AaBbCC	AaBBCc	AABbCc	AaBbCc
ABc	AABBCc	AABBcc	AABbCc	AaBBCc	AaBbCc	AaBBcc	AABbcc	AaBbcc
AbC	AABbCC	AABbCc	AAbbCC	AaBbCC	AabbCC	AaBbCc	AAbbCc	AabbCc
aBC	AaBBCC	AaBBCc	AaBbCC	aaBBCC	aaBbCC	aaBBCc	AaBbCc	aaBbCc
abC	AaBbCC	AaBbCc	AabbCC	aaBbCC	aabbCC	aaBbCc	AabbCc	aabbCc
aBc	AaBBCc	AaBBcc	AaBbCc	aaBBCc	aaBbCc	aaBBcc	AaBbcc	aaBbcc
Abc	AABbCc	AABbcc	AAbbCc	AaBbCc	AabbCc	AaBbcc	AAbbcc	Aabbcc
abc	AaBbCc	AaBbcc	AabbCc	aaBbCc	aabbCc	aaBbcc	Aabbcc	aabbcc

Określanie genotypów gamet

Najłatwiejszym sposobem na określenie możliwych genotypów gamet wytwarzanych przez danego osobnika jest rozrysowanie alleli poszczególnych genów w postaci drzewka. Poniżej przedstawiono przykład ustalania wszystkich możliwych genotypów gamet wytwarzanych przez osobnika o genotypie *AaBbCc*.



1. Najpierw zapisz możliwości rozdzielenia się alleli pierwszego genu (*A*) do gamet.
2. Następnie zapisz możliwości rozdzielenia się alleli drugiego genu (*B*) do gamet.
3. Później zapisz możliwości rozdzielenia się alleli trzeciego genu (*C*) do gamet.
4. Na końcu wypisz genotypy gamet.

Obliczanie liczby genotypów gamet

Aby obliczyć liczbę genotypów gamet wytwarzanych przez danego osobnika, należy skorzystać ze wzoru 2^n (gdzie n oznacza liczbę genów o różnych allelach w genotypie). Na przykład osobnik o genotypie *AaBbCc* jest potrójną heterozygotą, dlatego może on wytworzyć osiem różnych genotypów gamet (n = 3).

Polecenia kontrolne

1. Barwa kolców u malin zależy od dwóch genów. Nawet pojedynczy dominujący allel genu (*T*) warunkuje syntezę antocyjanów, które sprawiają, że kolce są różowe. W obecności dwóch alleli recesywnych (*t*) antocyjany nie są wytwarzane, nie maskują więc obecności chlorofilu, dlatego kolce są zielone. Z kolei dominujący allel innego genu (*P*), w przeciwieństwie do jego recesywnej formy (*p*), zwiększa intensywność barwy kolców – stają się one purpurowe. Określ barwę kolców osobników o genotypach: *TTPP*, *TtPp*, *Ttpp*, *ttpp*, *ttPP*, *ttPp*. Który z wymienionych genów należy uznać za epistatyczny, a który za hipostatyczny? Uzasadnij swoją odpowiedź.
2. Wysokość pewnej rośliny zależy w równym stopniu od trzech genów kumulatywnych. Jej wysoka odmiana o genotypie *AABBCC* ma 110 cm wysokości. Odmiana niska o genotypie *aabbcc* ma 50 cm wysokości. Oblicz, o ile centymetrów podwyższa wysokość rośliny każdy z alleli dominujących.
3. Zapisz wszystkie możliwe genotypy gamet wytwarzanych przez osobnika o genotypie *AaBBCc*.

2.4. Chromosomowa teoria dziedziczenia

Ważne w tym temacie!

- główne założenia chromosomowej teorii dziedziczenia
- dziedziczenie genów sprzężonych
- znaczenie *crossing-over*

Po sformułowaniu podstawowych praw dziedziczenia cech kolejnym krokiem w rozwoju genetyki było ustalenie:

- lokalizacji genów w komórce,
- sposobu przekazywania genów z pokolenia na pokolenie.

Przełom w tej kwestii nastąpił wraz z rozwojem technik mikroskopowych. Dzięki nim odkryto chromosomy oraz udowodniono, że to właśnie na nich znajdują się geny. Następne badania pomogły ustalić zależności między lokalizacją genów na chromosomach a sposobem ich dziedziczenia. Jednym z badaczy, którzy w największym stopniu przyczynili się do tych odkryć, był **Thomas Morgan** – twórca chromosomowej teorii dziedziczenia. W 1933 r. został on uhonorowany Nagrodą Nobla za określenie roli chromosomów w przekazywaniu cech dziedzicznych.

Założenia chromosomowej teorii dziedziczenia

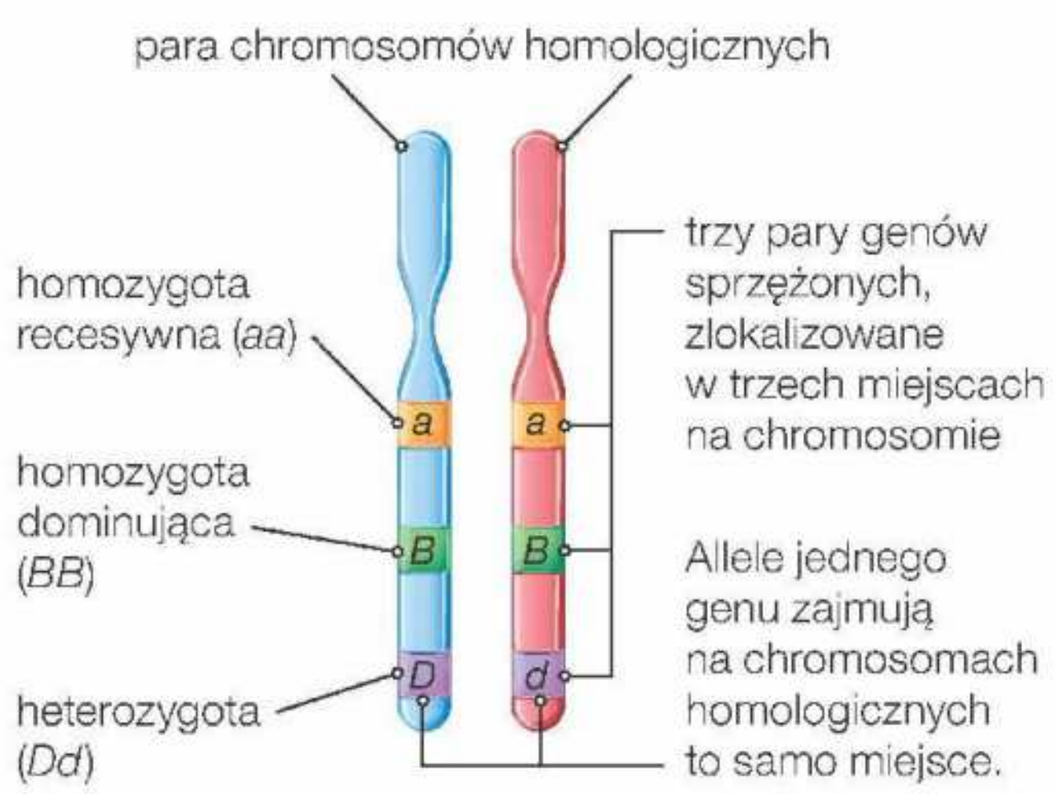
Chromosomowa teoria dziedziczenia sformułowana przez Morgana opiera się na następujących założeniach:

- geny znajdują się na chromosomach;
- wszystkie geny są ułożone liniowo, czyli jeden za drugim;
- każdy gen zajmuje ściśle określone miejsce na chromosomie, tzw. ***locus*** (łac. *locus, loci* – 'miejsce, miejsca'). Na chromosomach homologicznych (tworzących parę) allele jednego genu zajmują to samo miejsce;
- geny znajdujące się na jednym chromosomie noszą nazwę genów sprzężonych. Dziedziczą się one zależnie od siebie – zazwyczaj trafiają do jednej gamety. Geny sprzężone mogą zostać rozdzielone podczas mejozy wskutek *crossing-over*;
- częstość występowania *crossing-over* zależy od odległości między genami;
- częstość zachodzenia *crossing-over* między genami w obrębie tej samej pary chromosomów homologicznych jest stała dla danego gatunku.

Chromosomy homologiczne

W czasie zapłodnienia materiał genetyczny osobników rodzicielskich łączy się ze sobą, dlatego w zygocie większość chromosomów ma swoje odpowiedniki. Chromosomy pochodzące od ojca tworzą pary z odpowiadającymi im chromosomami pochodzącymi od matki. W ten sposób powstają pary chromosomów, które nazywa się **chromosomami homologicznymi**. Znajdują się na nich geny warunkujące te same cechy. Chromosomów homologicznych nie tworzą chromosomy płci (w przypadku ssaków są to chromosomy X i Y).

Lokalizacja genów sprzężonych na chromosomach homologicznych



Badania Thomasa Morgana

Thomas Morgan badał dziedziczenie cech u wywilżny karłowatej, zwanej potocznie muszką owocową. Okazała się ona dobrym obiektem badań genetycznych ze względu na:

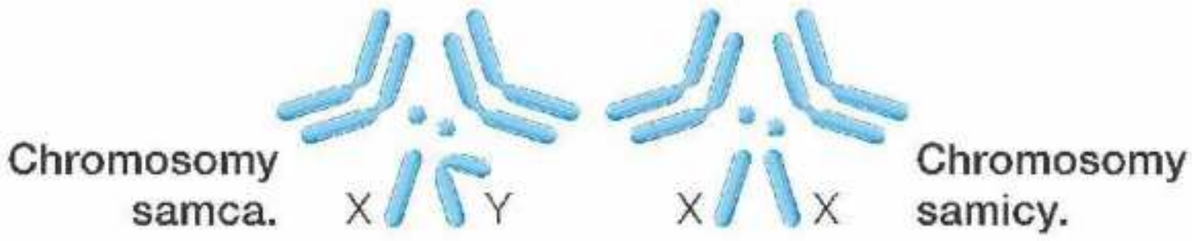
- niewielkie rozmiary ciała (2–3 mm długości),
- występowanie wyraźnych różnic między samicami a samcami (dymorfizm płciowy),
- łatwość hodowli (szklane naczynie z odpowiednio przygotowaną pożywką),
- dużą zmienność dobrze widocznych cech morfologicznych uzależnionych od pojedynczych genów (np. barwa oczu, barwa ciała, kształt skrzydeł),
- znaczną płodność (samica składa 200–300 jaj),
- krótki cykl rozwojowy (pozwala to na wyhodowanie w krótkim czasie wielu pokoleń osobników, przy czym jedno pokolenie żyje ok. dwóch tygodni),
- małą liczbę chromosomów (cztery pary).

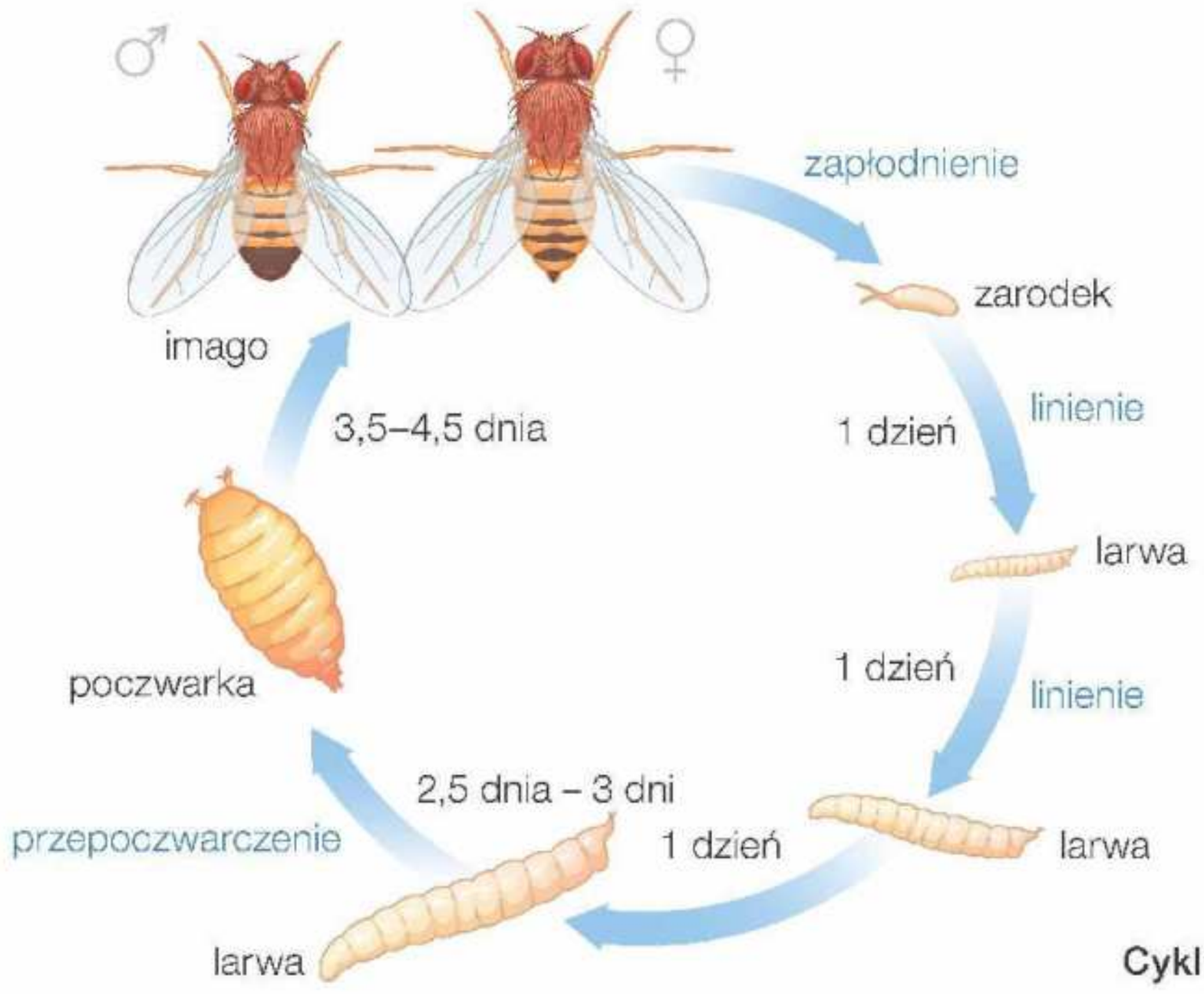
W celu otrzymania czystych linii muszek owocowych, różniących się m.in. kolorem oczu, długością skrzydeł i barwą ciała, zespół Morgana wykonał ogromną liczbę krzyżówek. Osobniki o określonych cechach selekcjonowano na podstawie obserwacji mikroskopowych.

Wnioski z badań Thomasa Morgana i jego współpracowników umożliwiły sformułowanie chromosomowej teorii dziedziczenia.

Obiekt badań Thomasa Morgana

Muszka owocowa ze względu na swoje cechy jest wykorzystywana w badaniach genetycznych jako organizm modelowy. Cykl rozwojowy tego owada jest krótki – w temperaturze 25°C trwa od 8 do 9 dni. Muszka owocowa wykazuje dymorfizm płciowy. Samice różnią się od samców kształtem oraz barwą odwłoka. Dziedziczenie płci u muszki owocowej i u człowieka odbywa się według podobnych zasad. Samica ma chromosomy płci XX, a samiec – chromosomy płci XY.





Cykl rozwojowy muszki owocowej.

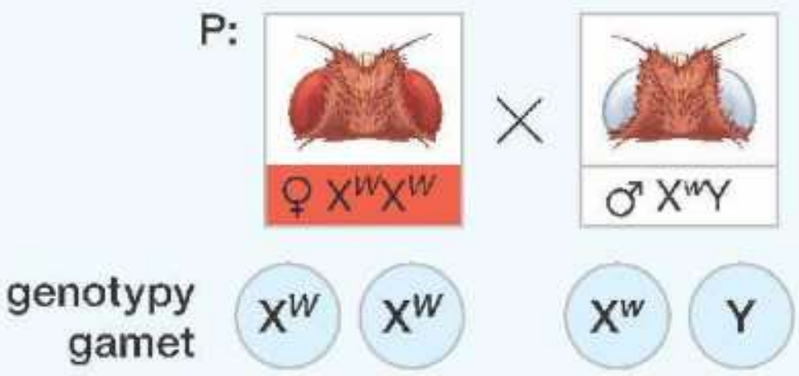


Muszka owocowa (obraz spod SEM).

Geny sprzężone z płcią

W jednym ze swoich pierwszych doświadczeń Thomas Morgan wykazał, że gen warunkujący barwę oczu u muszki owocowej znajduje się na chromosomie X. Tym samym udowodnił doświadczalnie lokalizację genów na chromosomach oraz odkrył geny sprzężone z płcią (chromosom X jest jednym z chromosomów płci). Doświadczenie to było wydarzeniem przełomowym, które zapoczątkowało dalsze badania zakończone sformułowaniem chromosomowej teorii dziedziczenia.

Wariant I – krzyżowanie czerwonookiej samicy z białookim samcem.

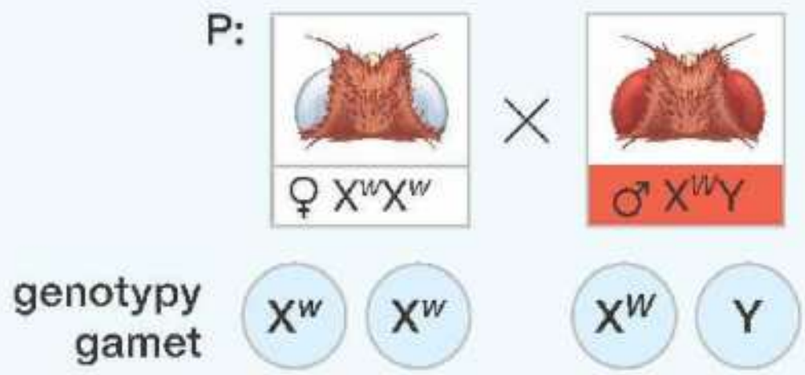


Jednolite fenotypowo

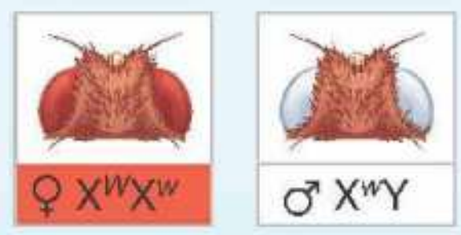


W wyniku pierwszego krzyżowania Morgan uzyskał jednolite fenotypowo potomstwo o oczach czerwonych, z czego połowę stanowiły samice, a połowę – samce.

Wariant II – krzyżowanie białookiej samicy z czerwonookim samcem.



Stosunek fenotypów:



Wynik drugiego krzyżowania różnił się od pierwszego. Wszystkie samice miały oczy czerwone, a wszystkie samce – oczy białe.

Gen kodujący barwę oczu u muszki owocowej znajduje się na chromosomie X. Czerwona barwa oczu jest uwarunkowana obecnością dominującej formy genu (*W*), a biała barwa – obecnością recesywnej formy genu (*w*). W obu przedstawionych krzyżówkach wystąpiły inne stosunki fenotypów – w zależności od płci osobników rodzicielskich obdarzonych określonymi cechami.

Geny sprzężone

Geny sprzężone to geny zlokalizowane na jednym chromosomie. Ich allele trafiają zwykle do tej samej gamety, czyli są dziedziczone niezgodnie z II prawem Mendla. Cechy warunkowane przez geny sprzężone określa się mianem **cech sprzężonych**. Allele genów sprzężonych znajdujące się na jednym chromosomie mogą zostać rozdzielone wskutek *crossing-over* – pojawiają się wówczas nowe kombinacje alleli genów rodzicielskich. Oznacza to, że dla dwóch genów sprzężonych powstają cztery typy gamet. W rezultacie wśród potomstwa występują cztery klasy osobników. Dwie klasy mają układ cech rodziców. Dwie pozostałe klasy, mniej liczne, są **mieszańcami – rekombinantami**, czyli osobnikami, które mają inny niż rodzicielski układ alleli na chromosomach. Na podstawie procentu wszystkich otrzymanych rekombinantów określa się częstość zachodzenia *crossing-over*, a także **odległość mapową** między dwoma genami sprzężonymi.

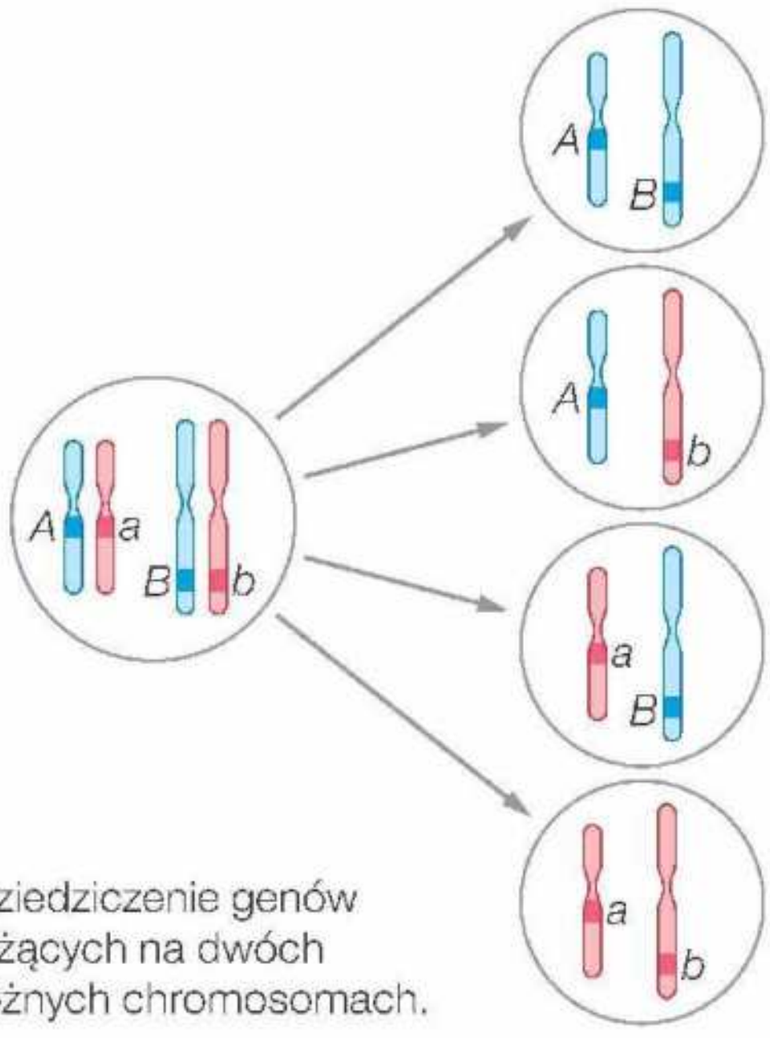
Częstość wytwarzania gamet zrekombinowanych zależy od odległości między genami. Im dalej od siebie leżą geny na chromosomie, tym większe jest prawdopodobieństwo ich rozdzielenia wskutek *crossing-over* zachodzącego podczas I podziału mejotycznego.

Geny niesprzężone i geny sprzężone

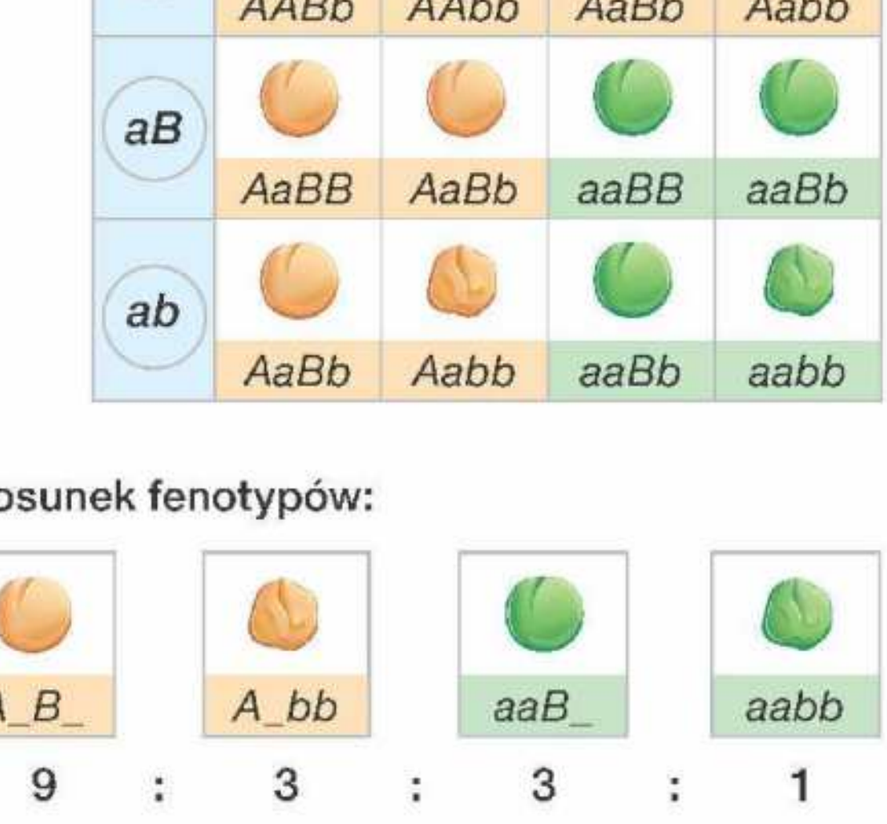
Wyniki krzyżówek organizmów różniących się jednocześnie dwiema cechami zależą od tego, czy geny warunkujące te cechy są zlokalizowane na różnych chromosomach czy na tym samym chromosomie.

Geny niesprzężone

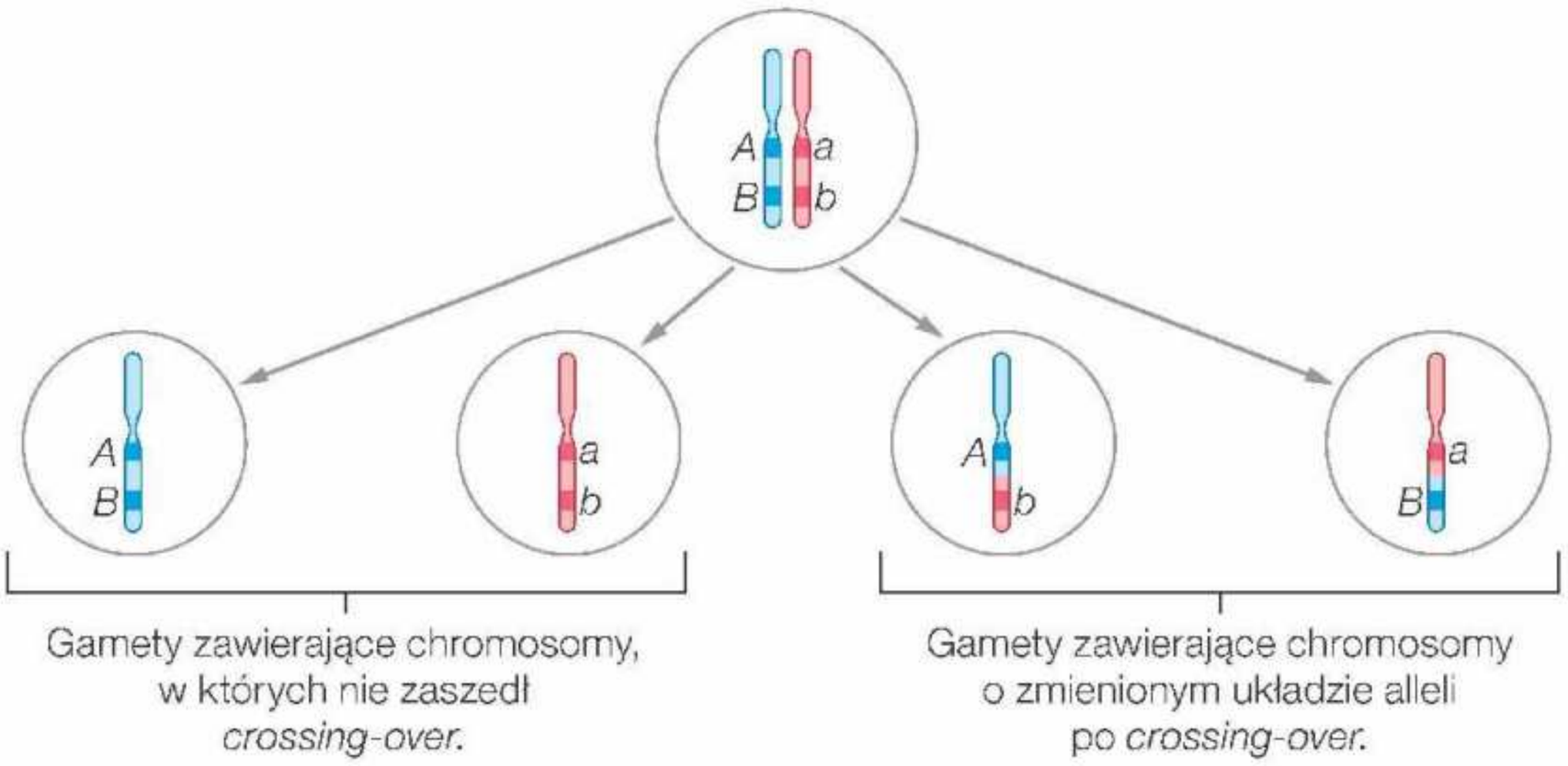
Jeżeli allele dwóch genów znajdują się na różnych chromosomach, czyli nie są ze sobą sprzężone, to przechodzą do gamet niezależnie od siebie – zgodnie z II prawem Mendla. W efekcie podwójne heterozygoty wytwarzają cztery rodzaje gamet. Taki sposób dziedziczenia obserwuje się w doświadczeniu dotyczącym jednoczesnego dziedziczenia barwy oraz ukształtowania powierzchni nasion u grochu zwyczajnego. W drugim pokoleniu mieszańców (F_2) otrzymano cztery różne fenotypowo klasy osobników w stosunku 9:3:3:1.



Dziedziczenie genów leżących na dwóch różnych chromosomach.



Wytwarzanie gamet i ich genotypy w przypadku genów sprzężonych

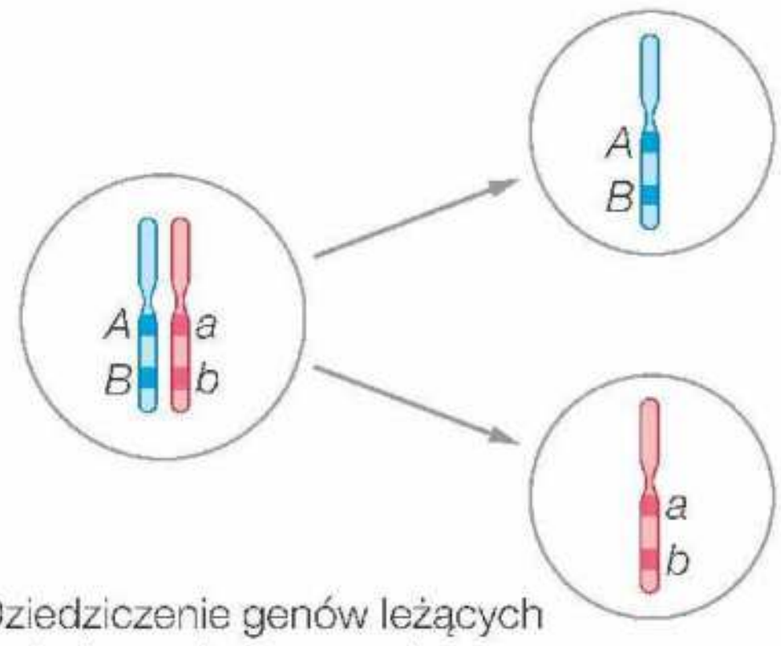


Gamety zawierające chromosomy, w których nie zaszedł *crossing-over*.

Gamety zawierające chromosomy o zmienionym układzie alleli po *crossing-over*.

Geny sprzężone

Jeżeli allele dwóch genów znajdują się na jednym chromosomie (są sprzężone), to przechodzą do gamet razem, czyli niezgodnie z II prawem Mendla. Gdyby geny warunkujące barwę i ukształtowanie powierzchni nasion grochu były ze sobą sprzężone i nie zachodziłby *crossing-over*, to podwójne heterozygoty wytwarzałyby dwa rodzaje gamet. W pokoleniu F_2 pojawiłyby się jedynie dwie klasy osobników w stosunku 3:1 (tak jak podczas dziedziczenia jednej cechy).



Dziedziczenie genów leżących na jednym chromosomie.

Uwaga: Przedstawiony sposób dziedziczenia genów sprzężonych dotyczy sytuacji, w której allele obu genów nie zostają rozdzielone wskutek *crossing-over*. Jeśli wystąpi *crossing-over*, mogą pojawić się gamety rekombinacyjne (*Ab* i *aB*). Ich liczba zależy od częstości rekombinacji (im dalej geny są położone od siebie, tym więcej rekombinantów).

F_1: *AaBb* × *AaBb*

genotypy gamet: *AB*, *ab*

F_2:

♀ AaBb / ♂ AaBb	*AB*	*ab*
AB	*AABB*	*AaBb*
ab	*AaBb*	*aabb*

Stosunek fenotypów:

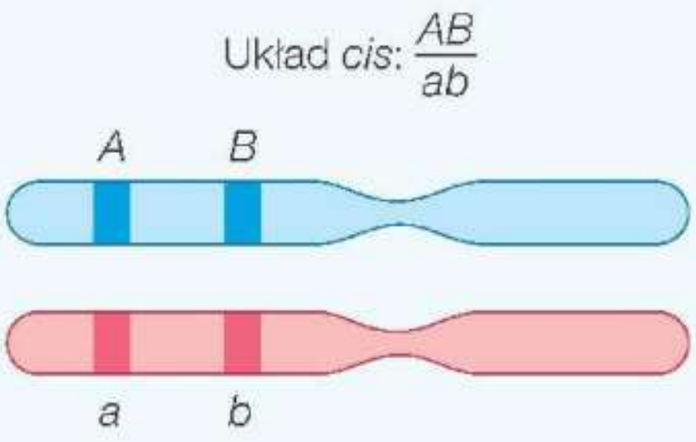
*A_B_* : *aabb*

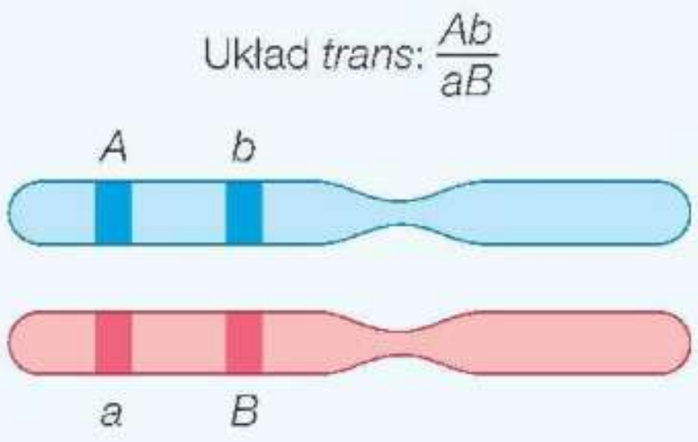
3 : 1

Zapis genotypów w przypadku genów sprzężonych

Sprzężenie genów zapisuje się zwykle za pomocą kreski ułamkowej. Taki zapis genotypu uwzględnia położenie alleli genów na chromosomach homologicznych. Allele znajdujące się nad kreską leżą na jednym chromosomie homologicznym, natomiast allele znajdujące się pod kreską – na drugim chromosomie homologicznym. Zapis ułamkowy jest stosowany ze względu na to, że np. heterozygota o genotypie *AaBb* może mieć dwa różne układy alleli:

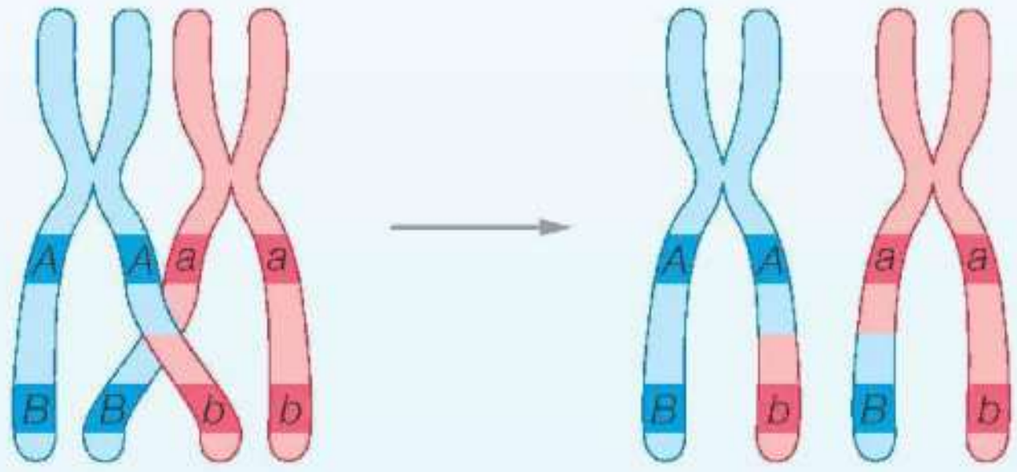
- układ *cis*, gdy jeden z chromosomów homologicznych zawiera allele dominujące *A* i *B*, a drugi – allele recesywne *a* i *b*; zapis genotypu dla układu *cis*: $\frac{AB}{ab}$ lub *AB/ab*,
- układ *trans*, gdy jeden z chromosomów homologicznych zawiera allele *A* i *b*, a drugi – allele *a* i *B*; zapis genotypu dla układu *trans*: $\frac{Ab}{aB}$ lub *Ab/aB*.





Znaczenie *crossing-over*

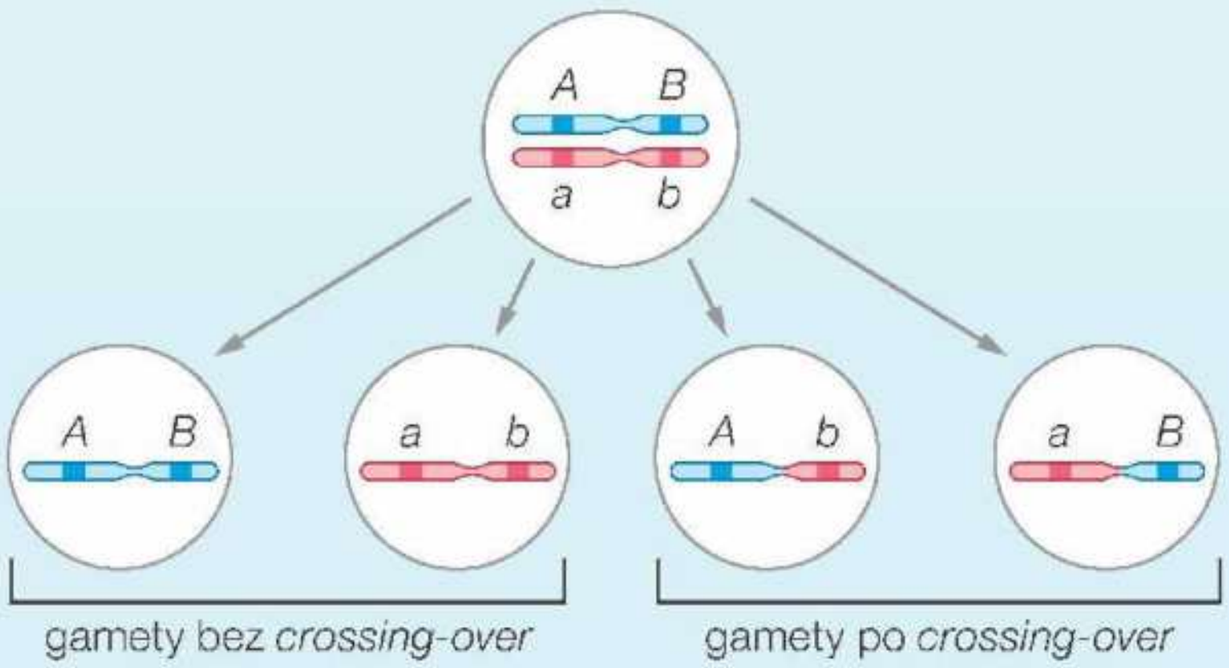
Rozdzielenie genów sprzężonych podczas *crossing-over* zwiększa różnorodność genetyczną gamet. Z kolei większa różnorodność gamet powoduje zwiększenie liczby możliwych kombinacji genotypów w zygotach, a co za tym idzie – zwiększenie różnorodności genetycznej organizmów.



Układ alleli na chromosomach homologicznych przed *crossing-over*. Na jednym chromosomie znajdują się dwa allele dominujące (*A*, *B*), a na drugim – dwa allele recesywne (*a*, *b*).

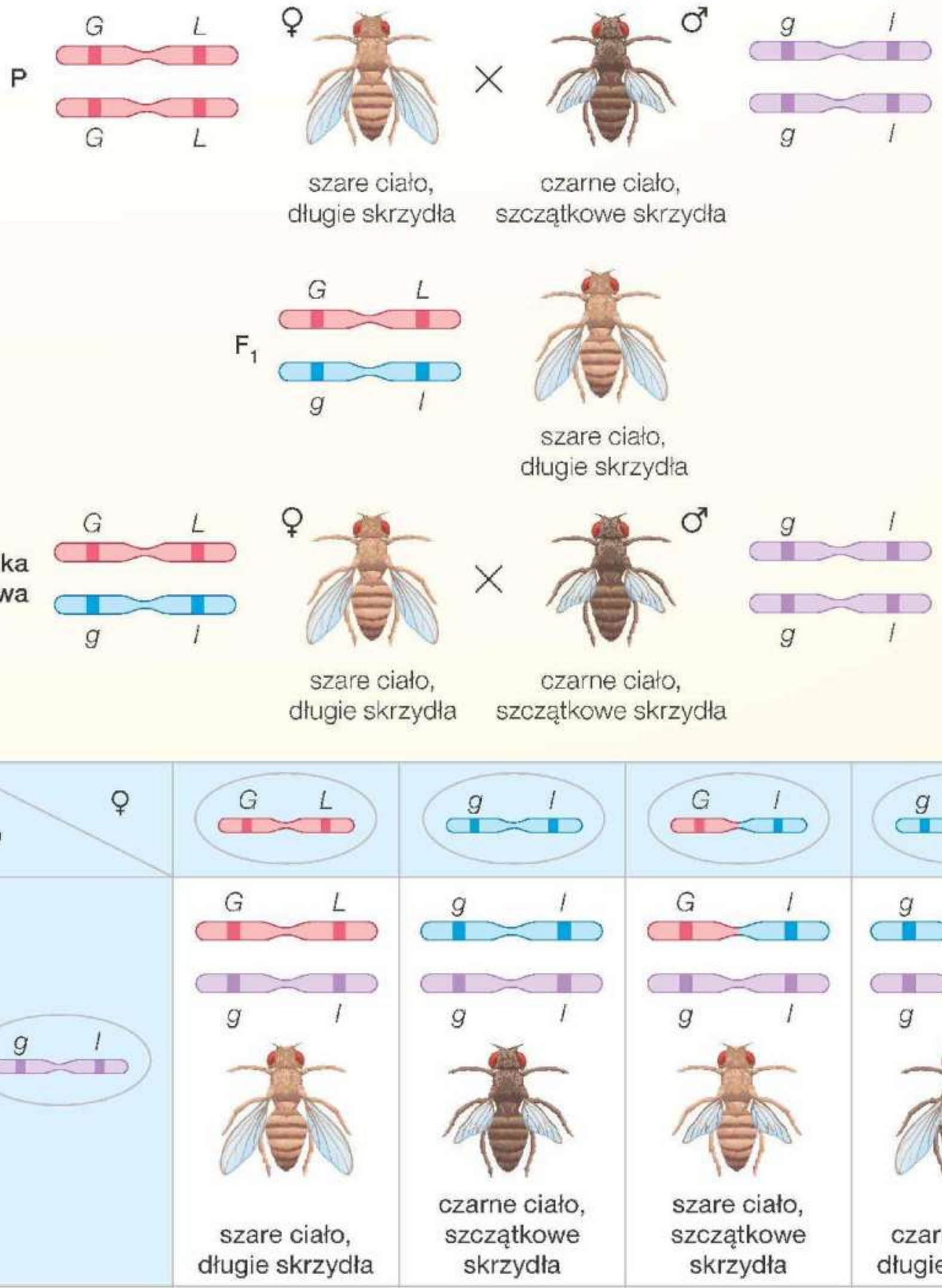
Układ alleli na chromosomach homologicznych po *crossing-over*. Po tym procesie allele genów rozchodzą się do gamet w nowym układzie: *A*, *b* oraz *a*, *B*.

Genotypy heterozygoty i wytwarzanych przez nią gamet dla układu *cis*



Geny sprzężone u muszki owocowej

Thomas Morgan ustalił, że u muszki owocowej gen warunkujący barwę ciała (*G*) oraz gen warunkujący kształt skrzydeł (*L*) są zlokalizowane na jednym chromosomie, stanowią więc parę genów sprzężonych. W pokoleniu P naukowiec krzyżował szare samice o długich skrzydłach (*GL/GL*) z czarnymi samcami o szczątkowych skrzydłach (*gl/gl*). Wszystkie osobniki pokolenia F_1 miały szarą barwę ciała i długie skrzydła (*GL/gl*). Następnie Morgan wykonał krzyżówki testowe, w których krzyżował samice z pokolenia F_1 (*GL/gl*) z samcami recesywnymi pod względem obu genów (*gl/gl*). Stosunek fenotypów otrzymanych w wyniku krzyżówek testowych wynosił 4:4:1:1 – odbiegał zatem od stosunku fenotypów, który jest charakterystyczny dla dwugenowej krzyżówki mendlowskiej (1:1:1:1).

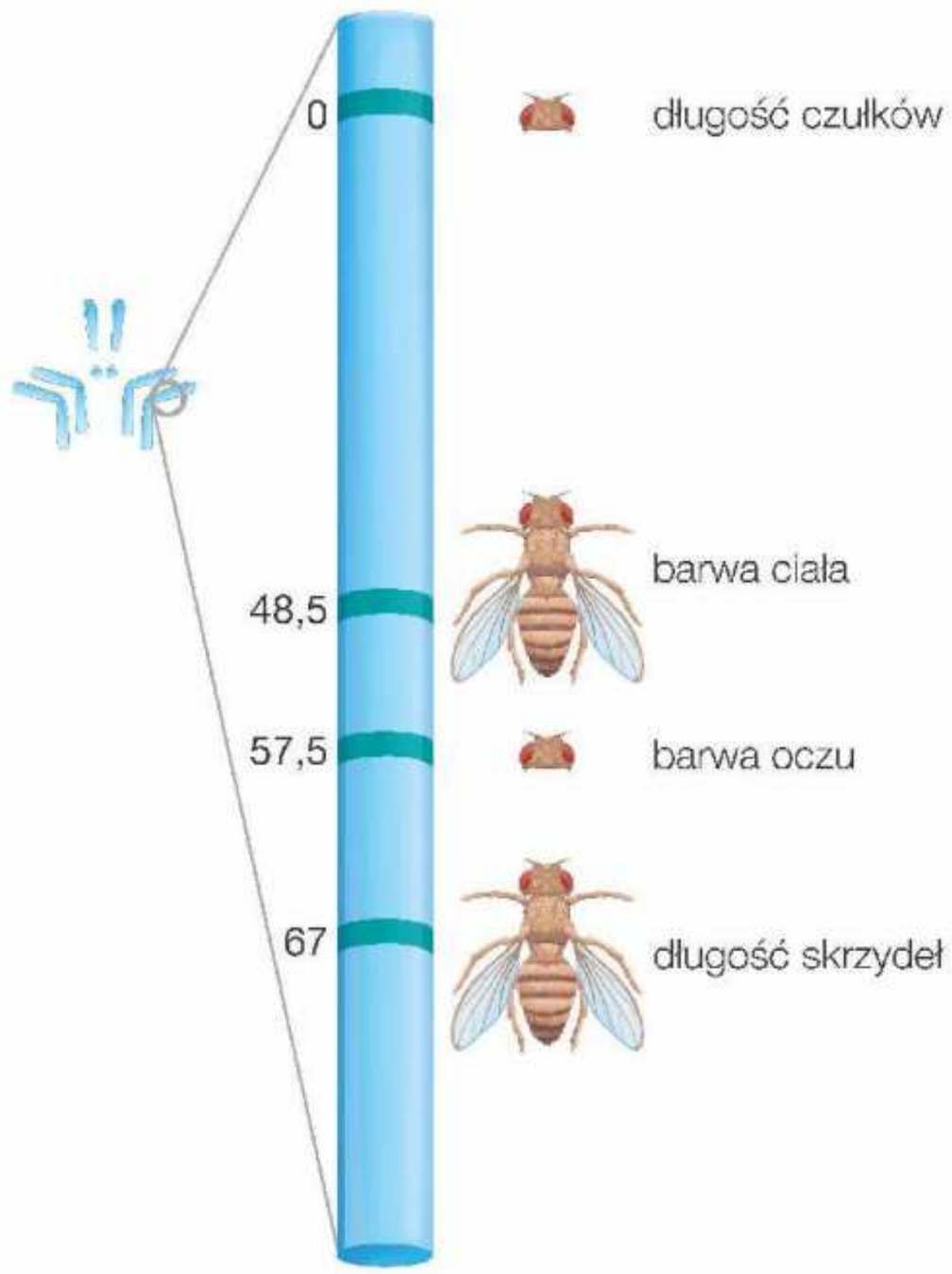


Mapy genowe

Na całej długości chromosomów homologicznych prawdopodobieństwo zajścia *crossing-over* nie jest jednakowe. Z tego powodu dwa geny położone na chromosomie blisko siebie są rzadziej rozdzielane wskutek *crossing-over* niż dwa geny położone daleko od siebie. Ponadto częstość zachodzenia *crossing-over* jest wprost proporcjonalna do odległości między genami. Opierając się na powyższych założeniach, Morgan ustalił, że na podstawie częstości zachodzenia *crossing-over*, mierzonej procentem rekombinantów, można mapować geny, czyli określać ich względne położenie na chromosomach.

Odległość między genami sprzężonymi na jednym chromosomie wyraża się w **jednostkach mapowych (j.m.)**, nazywanych również **centymorganami (cM)**. Jedna jednostka mapowa odpowiada 1% częstości zachodzenia *crossing-over*.

Morgan jest autorem pierwszych genowych map chromosomów muszki owocowej. Podobne mapy opracowano później dla organizmów innych gatunków.



Rozmieszczenie alleli wybranych genów na chromosomie drugim muszki owocowej. Jednostki mapowe (liczby naniesione na rysunku) obliczono z dokładnością do jednego miejsca po przecinku.

Odległość między genami sprzężonymi

Odległość między dwoma genami sprzężonymi określa się na podstawie częstości zachodzenia *crossing-over*. Do tego celu wykorzystuje się dwugenową krzyżówkę testową między podwójną homozygotą recesywną a badanym osobnikiem. Procent uzyskanych rekombinantów oznacza procent zachodzących procesów *crossing-over*. Z kolei 1% częstości zachodzenia *crossing-over* odpowiada jednej jednostce mapowej. Odległość między genami określa się więc, przeliczając liczbę uzyskanych rekombinantów na procenty.

AB/ab* x *ab/ab

♀ \ ♂	*AB*	*ab*	*Ab*	*aB*
ab	*AB/ab*	*ab/ab*	*Ab/ab*	*aB/ab*
	41 osobników	39 osobników	9 osobników	11 osobników

osobniki niezrekombinowane

osobniki zrekombinowane

100 osobników potomnych – 100%

20 osobników zrekombinowanych – X%

X = 20% = 20 j.m. = 20 cM

Samouczek

Określanie odległości mapowej w przypadku dwóch genów sprzężonych

Przykład 1

U pomidora wysokość pędu oraz gładka lub omszona (pokryta drobnymi włoskami) powierzchnia owoców są determinowane genami *A* i *B* sprzężonymi na jednym chromosomie. Skrzyżowano wysokie rośliny o gładkich owocach z karłowatymi roślinami o omszonych owocach. W pokoleniu F_1 otrzymano 100% roślin wysokich wytwarzających gładkie owoce. Następnie wykonano krzyżówkę testową, w wyniku której powstało:

- 95 roślin o wysokich pędach i gładkich owocach,
- 98 roślin o karłowatych pędach i omszonych owocach,
- 12 roślin o wysokich pędach i omszonych owocach,
- 14 roślin o karłowatych pędach i gładkich owocach.

Oblicz odległość mapową między genami *A* i *B*.

Krok 1

Oblicz liczbę wszystkich osobników potomnych otrzymanych w wyniku krzyżówki testowej.

Liczba osobników potomnych = 95 + 98 + 12 + 14 = = 219

Krok 2

Oblicz liczbę wszystkich rekombinantów otrzymanych w wyniku krzyżówki testowej. Są to osobniki o cechach mieszanych, czyli rośliny o wysokich pędach i omszonych owocach oraz rośliny o karłowatych pędach i gładkich owocach.

Liczba rekombinantów = 12 + 14 = 26

Krok 3

Oblicz, jaki procent wszystkich osobników potomnych stanowią rekombinanty.

219 ---------- 100%

26 ---------- X%

X = 11,87 ≈ 12%

Odpowiedź:

Odległość mapowa między genami *A* i *B* wynosi 12 j.m. (12 cM).

Przykład 2

W tabeli przedstawiono dane dotyczące częstości zachodzenia *crossing-over* między trzema genami: *A*, *B* i *C*.

Geny	Częstość zachodzenia *crossing-over* [%]
AC	15
AB	20
BC	5

Ustal na podstawie tabeli, a następnie podpisz na rysunku kolejność ułożenia na chromosomie wszystkich wymienionych genów.

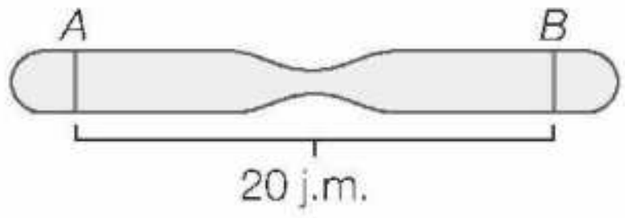
Krok 1

Ustal odległość między genami *A*, *B* i *C*. Pamiętaj o tym, że 1% częstości zachodzenia *crossing-over* odpowiada jednej jednostce mapowej. Oznacza to, że:

- odległość między genami *A* i *C* wynosi 15 j.m.,
- odległość między genami *A* i *B* wynosi 20 j.m.,
- odległość między genami *B* i *C* wynosi 5 j.m.

Krok 2

Zaznacz na rysunku geny najbardziej od siebie oddalone, czyli geny *A* i *B*. Odległość między nimi oznacz jako 20 j.m.

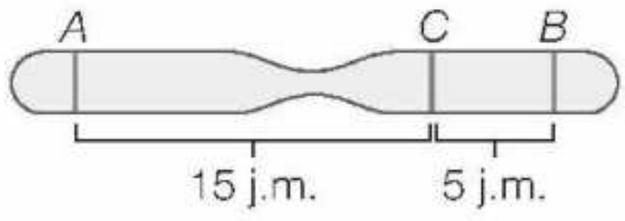


Krok 3

Zaznacz na rysunku położenie genu *C*. Z danych wynika, że jego odległość od genu *A* wynosi 15 j.m., a od genu *B* – 5 j.m. Gen C znajduje się więc między genami *A* i *B*.

Odpowiedź:

Kolejność ułożenia genów na chromosomie: *A*, *C*, *B*.
Sposób ułożenia genów na chromosomie:



Samouczek

Określanie proporcji fenotypów w krzyżówce testowej na podstawie odległości mapowej

Przykład

U grochu cukrowego geny determinujące barwę kwiatów i kształt ziaren pyłku leżą na tym samym chromosomie w odległości 11,2 j.m. Fioletowa barwa kwiatów jest cechą dominującą (*F*), a czerwona barwa – cechą recesywną (*f*). Podłużny kształt ziaren pyłku jest cechą dominującą (*P*), a okrągły – cechą recesywną (*p*). Skrzyżowano rośliny wytwarzające fioletowe kwiaty i podłużne ziarna pyłku z roślinami wytwarzającymi czerwone kwiaty i okrągłe ziarna pyłku. W pokoleniu potomnym otrzymano cztery klasy fenotypowe.

Określ, jakie klasy fenotypowe i w jakich proporcjach otrzymano w pokoleniu potomnym. W tym celu wykonaj odpowiednią krzyżówkę.

Krok 1

Zapisz genotypy pokolenia rodzicielskiego oraz wytwarzane przez to pokolenie rodzaje gamet.

Wskazówka:

Jeśli w pokoleniu potomnym otrzymano cztery klasy fenotypowe, to rośliny wytwarzające fioletowe kwiaty i podłużne ziarna pyłku były heterozygotami pod względem obu genów. W przypadku homozygot dominujących powstałyby tylko dwie klasy fenotypowe.

Genotypy pokolenia rodzicielskiego:

♀ *FP/fp* x ♂ *fp/fp*

Genotypy gamet żeńskich: *FP*, *fp*, *Fp*, *fP*
Genotypy gamet męskich: *fp*

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta. Pod genotypami osobników potomnych wpisz odpowiednie fenotypy, a następnie zaznacz, które z nich są fenotypami zrekombinowanymi.

♂ \ ♀	*FP*	*fp*	*Fp*	*fP*
fp	*FP/fp* fioletowe, podłużne	*fp/fp* czerwone, okrągłe	*Fp/fp* fioletowe, okrągłe	*fP/fp* czerwone, podłużne

fenotypy zrekombinowane

Krok 3

Określ proporcje poszczególnych klas fenotypowych w pokoleniu potomnym.

Odpowiedź:

W pokoleniu potomnym otrzymano następujące klasy fenotypowe:

- rośliny o fioletowych kwiatach i podłużnych ziarnach pyłku,
- rośliny o czerwonych kwiatach i okrągłych ziarnach pyłku,
- rośliny o fioletowych kwiatach i okrągłych ziarnach pyłku,
- rośliny o czerwonych kwiatach i podłużnych ziarnach pyłku,

w proporcjach: 44,4% : 44,4% : 5,6% : 5,6%.

Polecenia kontrolne

1. Wypisz wszystkie możliwe układy alleli w gametach, które wytworzy osobnik o genotypie *AABbCc* w sytuacji, gdy:
   a. geny nie są ze sobą sprzężone,
   b. geny *B* i *C* są sprzężone (układ *cis*).
2. W tabeli podano odległości mapowe między genami zlokalizowanymi na jednym z chromosomów kukurydzy. Na podstawie danych wykonaj w zeszycie schematyczny rysunek przedstawiający rozmieszczenie genów na chromosomie kukurydzy.

Pary genów	*A–B*	*A–C*	*B–C*	*C–D*	*A–D*
Odległość [j.m.]	7	26	19	4	29

2.5. Determinacja płci. Cechy sprzężone z płcią

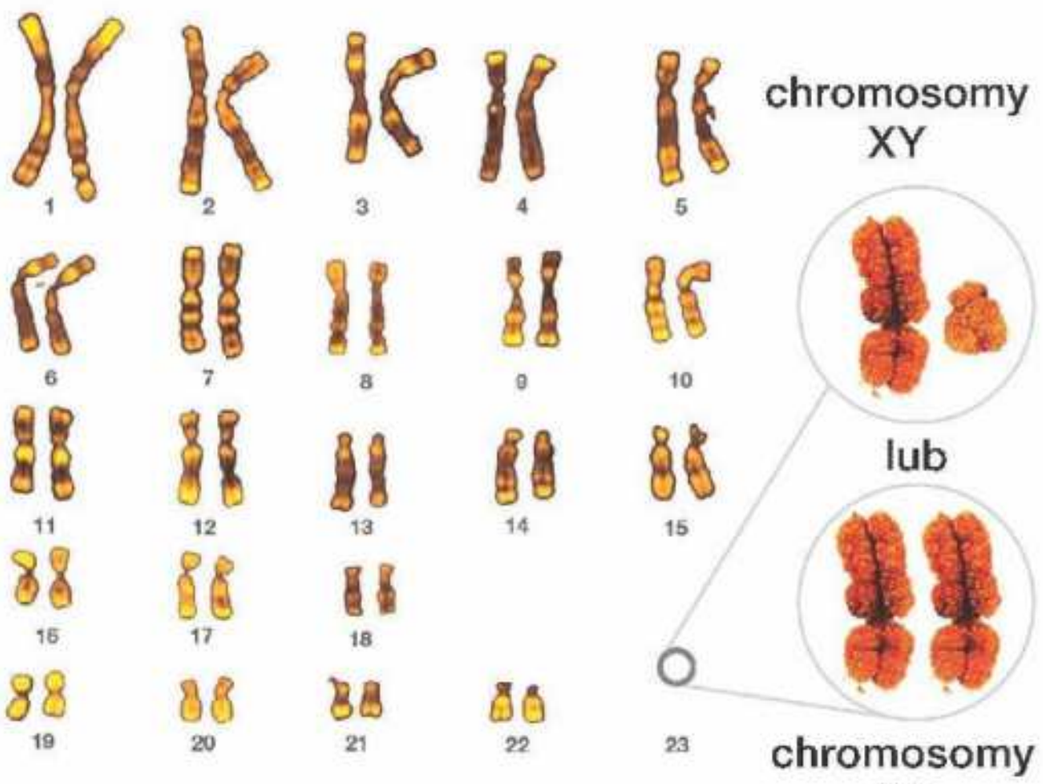
Ważne w tym temacie!

- determinacja i dziedziczenie płci
- dziedziczenie cech sprzężonych z płcią

Płeć wielu organizmów, w tym człowieka, jest determinowana genetycznie. Decydują o niej geny znajdujące się zwykle na chromosomach płci. Geny te warunkują cechy, które dziedziczą się wraz z płcią – są to więc cechy sprzężone z płcią. U niektórych gatunków organizmów płeć może być dodatkowo determinowana wpływem różnych czynników środowiska.

Chromosomy płci człowieka

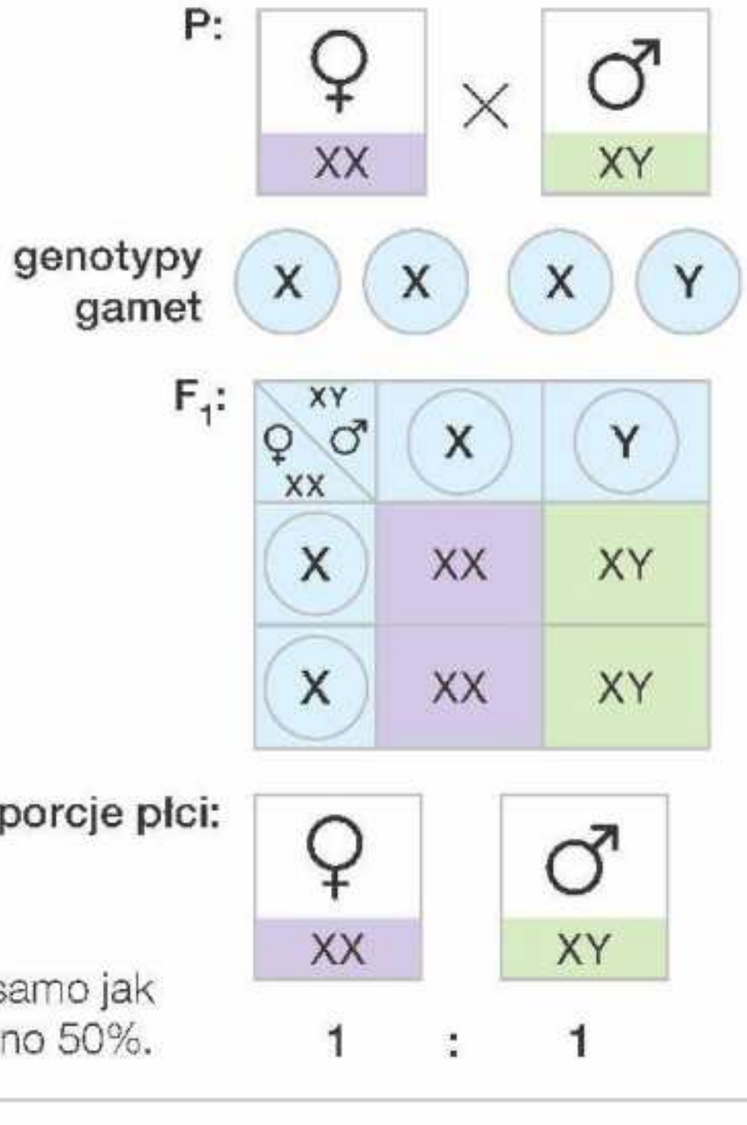
Kompletny zestaw chromosomów człowieka znajdujący się w diploidalnej komórce ciała, czyli **kariotyp**, stanowią 23 pary chromosomów. Ostatnią parę stanowią **chromosomy płci** (heterosomy). U kobiety chromosomami płci są dwa chromosomy X (płeć homogametyczna), natomiast u mężczyzny – chromosom X i chromosom Y (płeć heterogametyczna). Pozostałe 22 pary chromosomów są takie same u obu płci i noszą nazwę **autosomów**. Różnice w kariotypie kobiety i mężczyzny widać na **kariogramie**, czyli fotografii wszystkich chromosomów człowieka ułożonych w pary i ponumerowanych.



Kariogram człowieka (zdjęcie spod mikroskopu optycznego). Kariotyp kobiety (zapisywany jako 46, XX) tworzą 22 pary autosomów oraz 2 chromosomy płci – X. Kariotyp mężczyzny (46, XY) tworzą 22 pary autosomów oraz 2 chromosomy płci – X i Y.

Mechanizm dziedziczenia płci u człowieka

Gamety powstające podczas mejozy zawierają 23 chromosomy, w tym jeden chromosom płci. Chromosomy te zapisuje się jako 23, X lub 23, Y. Wszystkie gamety wytwarzane przez organizm kobiety zawierają chromosom X. Z kolei organizm mężczyzny wytwarza połowę gamet z chromosomem X, a połowę – z chromosomem Y. Płeć zarodka zależy od tego, czy do komórki jajowej wniknął plemnik zawierający chromosom X czy plemnik zawierający chromosom Y z genami determinującymi płeć męską.



Prawdopodobieństwo urodzenia się chłopca jest takie samo jak prawdopodobieństwo urodzenia się dziewczynki. Wynosi ono 50%.



Sposób dziedziczenia płci u człowieka sprawia, że statystycznie rodzi się prawie tyle samo chłopców, ile dziewczynek. Jednak gamety podczas zapłodnienia łączą się losowo. Z tego względu w jednej rodzinie mogą urodzić się tylko dziewczynki, a w innej – tylko chłopcy.

Geny determinujące płeć człowieka

Geny determinujące płeć człowieka znajdują się głównie na chromosomie Y. Najważniejszym genem jest gen *SRY* (ang. *sex-determining region Y chromosome*). Działa on już we wczesnych stadiach embriogenezy i wpływa na wykształcenie pierwszorzędowych cech płciowych. Jeżeli komórki zarodka zawierają chromosom Y z genem *SRY*, to zawiązki gonad przekształcają się w jądra. Jeżeli komórki nie zawierają chromosomu Y z genem *SRY*, to niezróżnicowane jeszcze gonady rozwijają się w jajniki.

Znaczenie genu *SRY* dla rozwoju męskich narządów płciowych potwierdzają skutki utraty fragmentu chromosomu Y zawierającego ten gen. W takiej sytuacji zamiast jąder rozwijają się gonady żeńskie – jajniki. Można zatem wnioskować, że o płci męskiej decyduje **obecność chromosomu Y z genem *SRY***, a o płci żeńskiej decyduje **brak chromosomu Y**.

Chromosom Y oprócz genu *SRY* zawiera też kilkadziesiąt innych genów, m.in. geny umiejscowione na długim ramieniu, które warunkują prawidłowy przebieg spermatogenezy. W przeważającej części chromosom Y jest jednak utworzony z genetycznie nieaktywnej heterochromatyny.

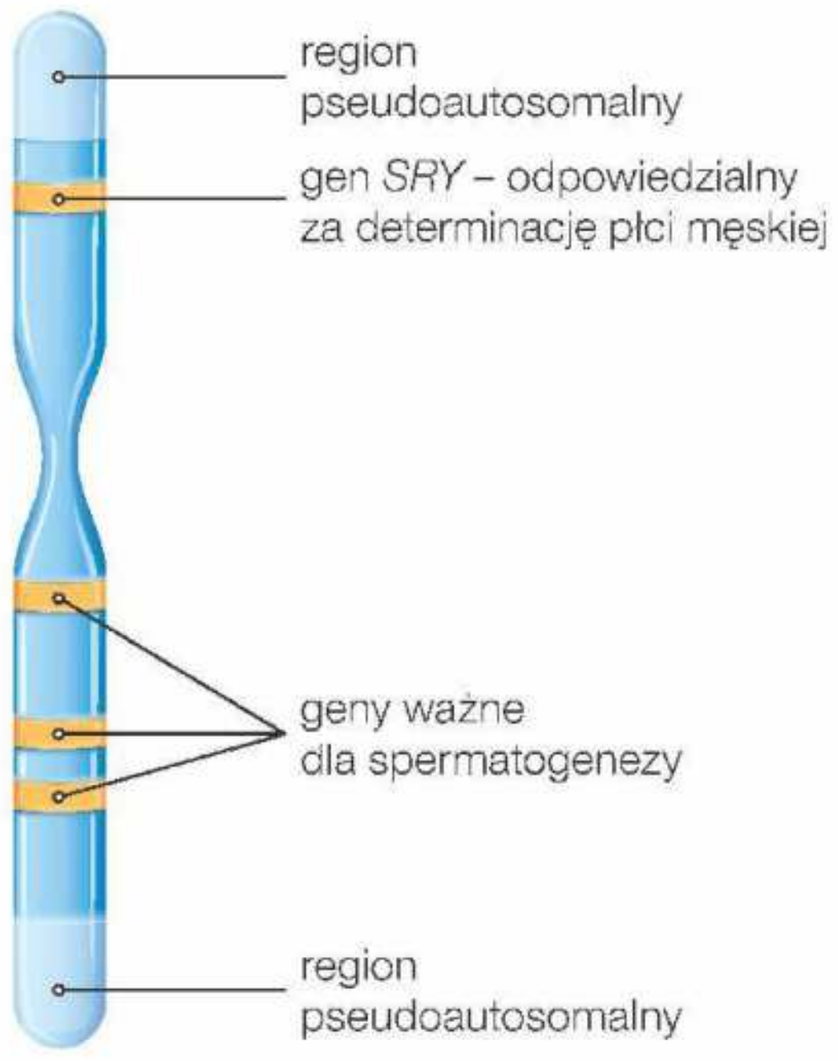
Wpływ hormonów na cechy płciowe u mężczyzn

Na wykształcenie się drugorzędowych oraz trzeciorzędowych cech płciowych wpływają stężenia określonych hormonów. Dwa hormony regulujące dalsze różnicowanie płci w kierunku męskim są wydzielane przez rozwijające się jądra. Są to:

- **MIS** (ang. *Müllerian inhibitor substance*) – hormon hamujący rozwój żeńskich dróg rozrodczych (wydzielany przez komórki Sertoliego),
- **testosteron** – hormon stymulujący powstanie męskich narządów płciowych z wyjątkiem jąder (wydzielany przez komórki Leydiga).

Regiony pseudoautosomalne

Chromosomy płci człowieka (X i Y) – w odróżnieniu od autosomów – nie są parą chromosomów homologicznych. Jednak w obrębie obu ramion chromosomu Y i chromosomu X znajdują się niewielkie fragmenty homologiczne, zwane **regionami pseudoautosomalnymi**. W regionach tych w procesie spermatogenezy zachodzi *crossing-over* między chromosomami X i Y. Dzięki temu w trakcie podziału mejotycznego chromosomy te stanowią parę.



Lokalizacja niektórych genów na chromosomie Y.

Inaktywacja chromosomu X

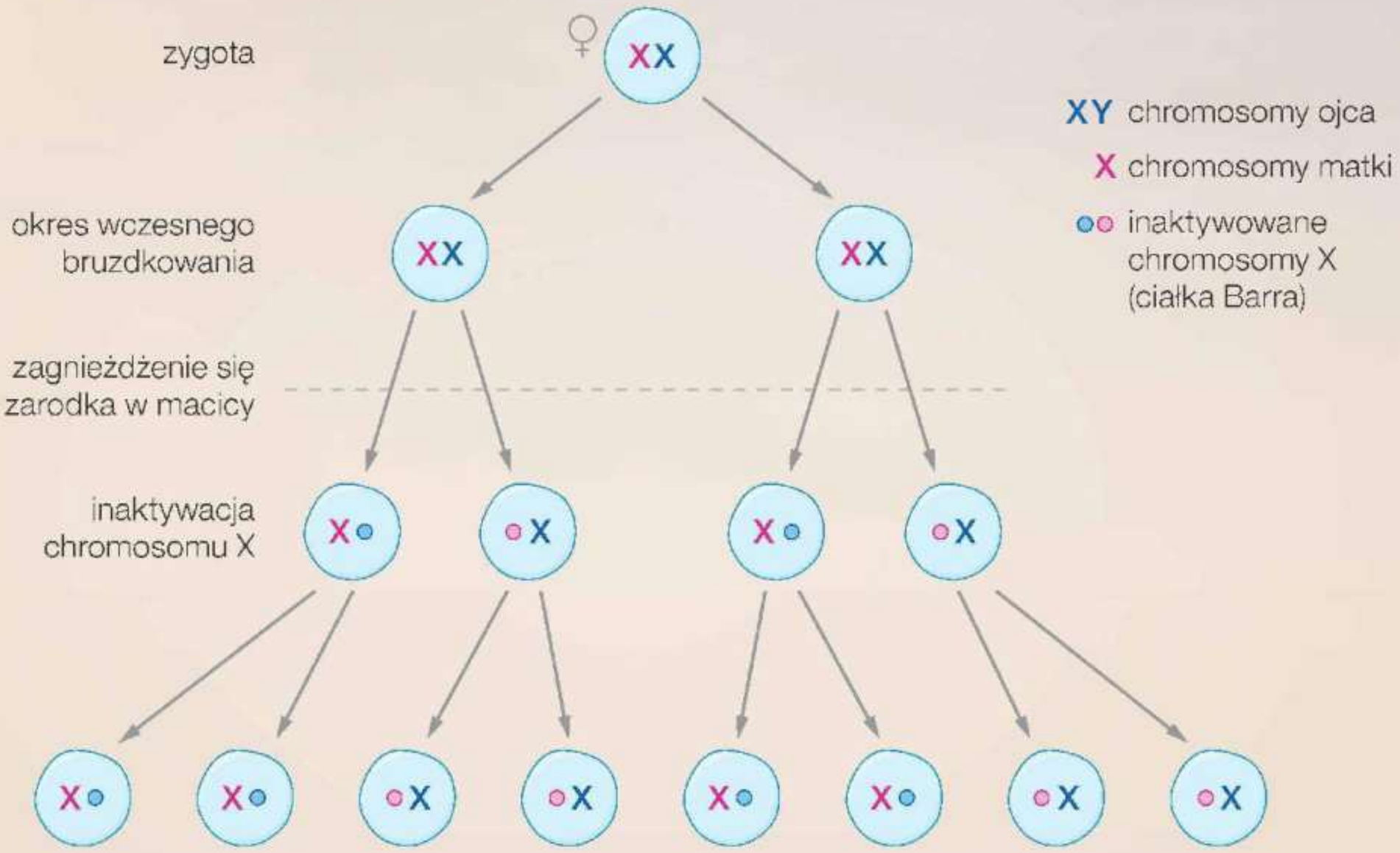
Samice wszystkich ssaków mają dwa chromosomy X, a samce – jeden chromosom X. Aby wyrównać poziom ekspresji genów położonych na tym chromosomie, u samic jest aktywny tylko jeden chromosom X, drugi chromosom X ulega zaś inaktywacji. Nieaktywny chromosom X jest nazywany chromatyną płciową lub ciałkiem Barra, a zawarta w nim informacja genetyczna nie podlega ekspresji.



Szylkretowe umaszczenie samic kotów jest spowodowane tym, że część ich komórek ma aktywny chromosom X z allelem warunkującym rudy kolor sierści, a pozostała część – chromosom X z allelem warunkującym czarny kolor sierści.

Przebieg inaktywacji chromosomu X

Inaktywacja jednego z dwóch chromosomów X w żeńskich zarodkach ssaków zachodzi podczas rozwoju zarodkowego i ma charakter losowy. Oznacza to, że unieczynnieniu podlega chromosom pochodzący albo od matki, albo od ojca.



Wszystkie komórki potomne powstałe w wyniku podziałów mitotycznych danej komórki macierzystej mają nieaktywny ten sam chromosom. W rezultacie część komórek zawiera inaktywowany chromosom X pochodzący od ojca, a część – chromosom X pochodzący od matki. Proporcje między komórkami różnią się u poszczególnych samic (nawet u bliźniąt jednojajowych).

Chromosomowa determinacja płci u zwierząt

Wśród zwierząt mogą występować:

- **osobniki o płci homogametycznej** – charakteryzują się obecnością takich samych chromosomów płci (np. X i X),
- **osobniki o płci heterogametycznej** – charakteryzują się obecnością różnych chromosomów płci (np. X i Y) lub tylko chromosomu X (X0).

W związku z tym wśród zwierząt można wyróżnić różne rodzaje chromosomowej determinacji płci – ich przykłady znajdują się w poniższej tabeli.

Bez względu na typ determinacji stosunek płci u potomstwa wynosi 1:1, czyli statystycznie rodzi się równa liczba samców i samic.

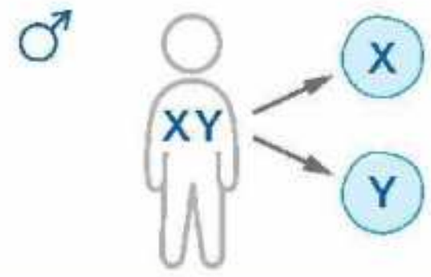
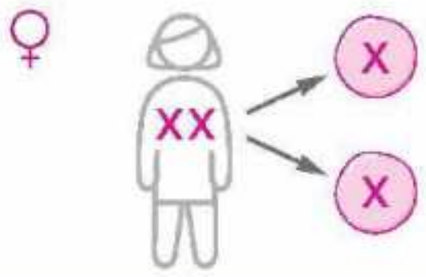
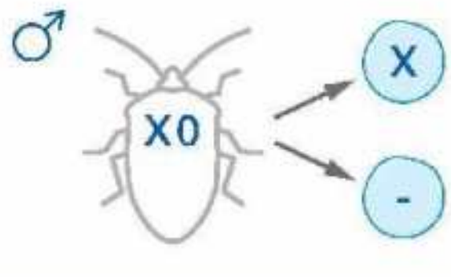
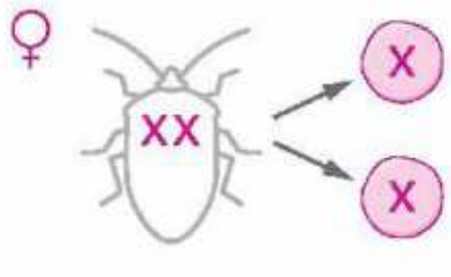
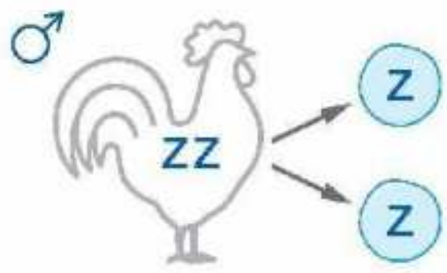
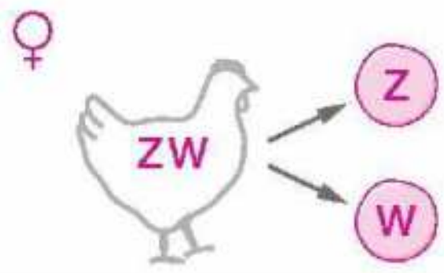
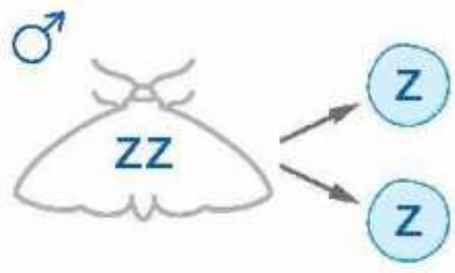
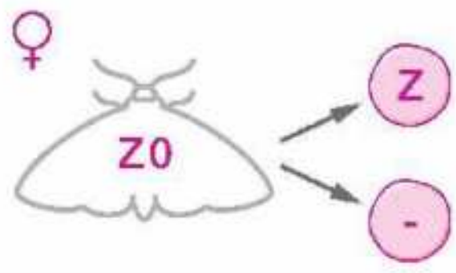
Środowiskowa determinacja płci u zwierząt

U gadów i płazów płeć jest determinowana nie tylko genetycznie, lecz także środowiskowo. Dotychczas wpływ temperatury otoczenia na różnicowanie płci odkryto u wielu gatunków żółwi i jaszczurek oraz u wszystkich znanych gatunków krokodyli. Na przykład zaobserwowano, że z jaj żółwi morskich inkubowanych w temperaturze 30–35°C wylęgają się samice, natomiast z jaj inkubowanych w niższej temperaturze (20–22°C) wylęgają się samce.

Haplodiploidalna determinacja płci

U niektórych zwierząt, m.in. pszczoły miodnej i mszyc, samice rozwijają się z jaj zapłodnionych (2n), a samce – z jaj niezapłodnionych (1n).

Rodzaje chromosomowej determinacji płci

<table>
<tr><th colspan="4">Różnogametyczność (heterogametyczność) męska</th></tr>
<tr><th colspan="2">system dziedziczenia XY</th><th colspan="2">system dziedziczenia X0</th></tr>
<tr><td colspan="2">• Występuje u człowieka i innych ssaków, a także u niektórych gatunków owadów (np. muszki owocowej).</td><td colspan="2">• Występuje u niektórych owadów (np. pluskwiaków).</td></tr>
<tr><td> 
</td><td> 
</td><td> 
</td><td> 
</td></tr>
<tr><td>Samce (XY) wytwarzają dwa rodzaje gamet: z chromosomem X lub z chromosomem Y.</td><td>Samice (XX) wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom X.</td><td>Samce (X0) wytwarzają dwa rodzaje gamet: z chromosomem X lub bez chromosomu płci.</td><td>Samice (XX) wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom X.</td></tr>
<tr><th colspan="4">Różnogametyczność (heterogametyczność) żeńska</th></tr>
<tr><th colspan="2">system dziedziczenia ZW</th><th colspan="2">system dziedziczenia Z0</th></tr>
<tr><td colspan="2">• Występuje m.in. u ptaków, gadów, płazów, niektórych owadów (np. wielu gatunków motyli).</td><td colspan="2">• Występuje u niektórych owadów (np. motyli z rodzaju Fumea).</td></tr>
<tr><td> 
</td><td> 
</td><td> 
</td><td> 
</td></tr>
<tr><td>Samce (ZZ) wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom Z.</td><td>Samice (ZW) wytwarzają dwa rodzaje gamet: z chromosomem Z lub z chromosomem W.</td><td>Samce (ZZ) wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom Z.</td><td>Samice (Z0) wytwarzają dwa rodzaje gamet: z chromosomem Z lub bez chromosomu płci.</td></tr>
</table>

Determinacja płci u roślin

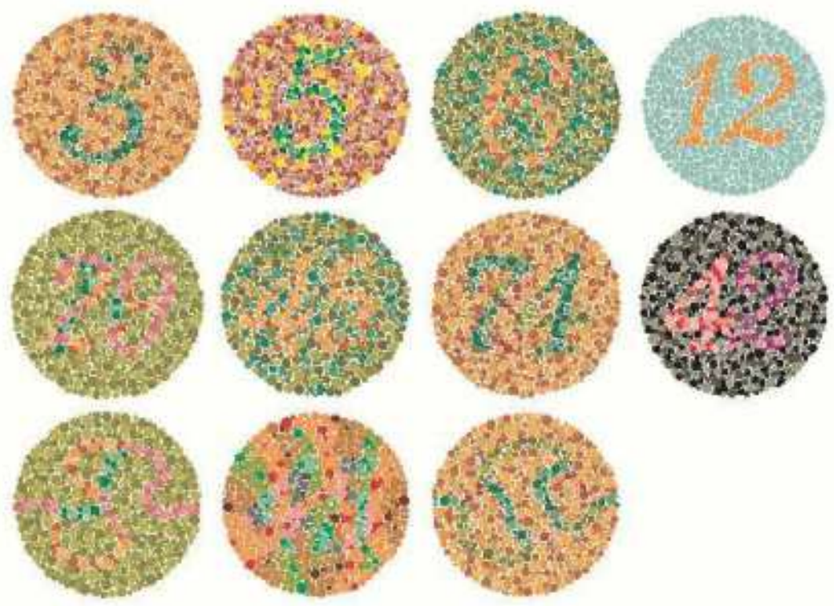
Większość roślin nie ma wyodrębnionych chromosomów płci – ich płeć jest determinowana przez geny zlokalizowane na autosomach. U roślin, które mają chromosomy płci, występuje heterogametyczność męska (XY) lub heterogametyczność żeńska (ZW). Ponadto u niektórych gatunków płeć jest modyfikowana przez czynniki środowiska.

Cechy sprzężone z płcią

Na chromosomach płci, oprócz genów determinujących płeć, znajdują się również geny warunkujące inne cechy, np. czerwoną barwę oczu u muszki owocowej. Cechy te nazwano **cechami sprzężonymi z płcią** i stwierdzono, że kodujące je geny znajdują się na chromosomie X. U człowieka sprzężone z płcią są m.in. geny odpowiedzialne za krzepnięcie krwi czy rozpoznawanie barw. Mutacje w tych genach są przyczyną m.in. hemofilii (→ s. 123) oraz daltonizmu. Zarówno daltonizm, jak i hemofilia są uwarunkowane recesywnymi wersjami genów. U kobiet ujawniają się one jedynie w układzie homozygotycznym. Kobiety będące heterozygotami są nosicielkami alleli warunkujących choroby. Fenotypowo są zdrowe, ale przekazują zmutowany allel potomstwu. U mężczyzn zmutowany allel recesywny znajdujący się na chromosomie X zawsze powoduje objawy choroby, ponieważ nie istnieje możliwość zamaskowania jego wpływu ze względu na brak drugiego chromosomu X. W związku z tym mężczyźni chorują częściej niż kobiety.

Daltonizm

Daltonizm (ślepota barw) polega na zaburzeniu rozpoznawania barw (głównie czerwonej i zielonej). Jego przyczyną są mutacje w genach odpowiedzialnych za syntezę światłoczułych barwników znajdujących się w czopkach. Barwniki te wykazują wrażliwość na światło o odpowiedniej długości fali (→ s. 90).



Tablice Ishihary pozwalają wykryć zaburzenia rozróżniania barw, które mogą wynikać np. z daltonizmu.

Przykłady determinacji płci u roślin

Geny autosomalne



U szparagów płeć jest determinowana genami zlokalizowanymi na autosomach.

Chromosomy płci



U roślin z rodzaju bniec płeć jest determinowana systemem dziedziczenia XY.

Warunki środowiska



U dyniowatych płeć jest modyfikowana m.in. temperaturą, długością dnia oraz wilgotnością gleby i powietrza.

Daltonizm – przykład cechy sprzężonej z płcią

Daltonizm (ślepota barw) polega na niewłaściwym postrzeganiu barw. Zaburzenie to dotyczy najczęściej rozróżniania barw zielonej i czerwonej, rzadziej – niebieskiej i żółtej.

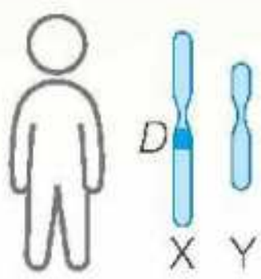


Postrzeganie barw przez osobę z jednym z rodzajów daltonizmu.

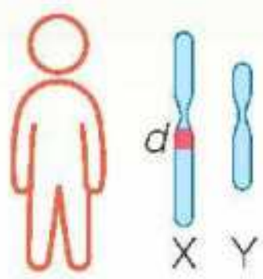
Postrzeganie barw przez osobę bez daltonizmu.

Daltonizm u mężczyzn

Mężczyźni mają jeden chromosom X, dlatego występuje u nich tylko jeden allel genu sprzężonego z płcią. Jeżeli na chromosomie X znajduje się allel dominujący (*D*), to mężczyzna prawidłowo rozróżnia barwy, a jeżeli allel recesywny (*d*) – to jest daltonistą.



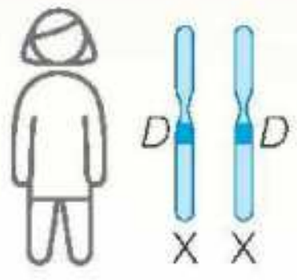
Mężczyzna prawidłowo rozróżniający barwy.



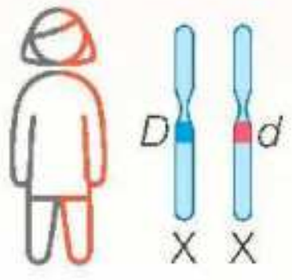
Mężczyzna z daltonizmem.

Daltonizm u kobiet

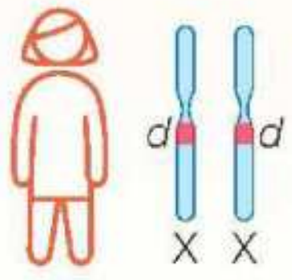
Kobiety mają dwa chromosomy X, dlatego występują u nich dwa allele genu sprzężonego z płcią. Jeśli przynajmniej jeden chromosom X zawiera allel dominujący (*D*), to kobieta prawidłowo rozróżnia barwy. Jeśli oba chromosomy X zawierają allel recesywny (*d*), to kobieta jest daltonistką.



Kobieta prawidłowo rozróżniająca barwy.



Nosicielka daltonizmu (prawidłowo rozróżniająca barwy).



Kobieta z daltonizmem.

Samouczek

Określanie prawdopodobieństwa wystąpienia cechy sprzężonej z płcią

Przykład 1

Mężczyzna prawidłowo rozpoznający barwy związał się z kobietą prawidłowo rozpoznającą barwy. Ojciec kobiety wykazuje zaburzenia w rozpoznawaniu barw.

Określ prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu u dziecka tej pary.

Krok 1

Zapisz genotypy rodziców oraz wytwarzane przez nich gamety.

Genotypy rodziców: mężczyzna prawidłowo rozpoznający barwy (X^DY) x kobieta nosicielka (X^DX^d)

Genotypy gamet męskich: X^D, Y

Genotypy gamet żeńskich: X^D, X^d

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta i zaznacz genotyp dziecka, u którego wystąpi daltonizm.

♀ \ ♂	X^D	Y
X^D	X^DX^D	X^DY
X^d	X^DX^d	X^dY

Krok 3

Określ prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu u dziecka.

Prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu: jedno spośród czterech pól kwadratu = 1/4 = = 0,25 = 25%

Odpowiedź:

Prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu u dziecka tych rodziców wynosi 25%.

Przykład 2

Zapisz krzyżówkę przedstawiającą sytuację, w której rodzice o prawidłowej krzepliwości krwi mają dziecko chore na hemofilię. Określ, czy jest to syn czy córka.

Krok 1

Zapisz genotypy rodziców i wytwarzane przez nich gamety.

Genotypy rodziców: mężczyzna zdrowy (X^HY) x x kobieta nosicielka (X^HX^h)

Genotypy gamet męskich: X^H, Y

Genotypy gamet żeńskich: X^H, X^h

Krok 2

Uzupełnij szachownicę Punnetta i zaznacz genotyp dziecka, u którego wystąpiła hemofilia.

♀ \ ♂	X^H	Y
X^H	X^HX^H	X^HY
X^h	X^HX^h	X^hY

Odpowiedź:

Z krzyżówki wynika, że na hemofilię choruje chłopiec.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, jakie znaczenie ma proces inaktywacji jednego z dwóch chromosomów X w komórkach samic ssaków.
2. Wzór upierzenia drobiu należy do cech sprzężonych z płcią. Potomstwo pasiastych kogutów oraz jednolicie ubarwionych kur ma upierzenie pasiaste. Z kolei wśród osobników pokolenia F_2 znajdują się osobniki pasiaste oraz osobniki jednolicie ubarwione w stosunku 3:1. Oceń, który allel genu (*P* czy *p*) decyduje o upierzeniu pasiastym, a który – o upierzeniu jednolitym. Uzasadnij swoją odpowiedź za pomocą dwóch argumentów. Podaj, jaki rodzaj determinacji płci występuje u kur.
3. Oceń prawdopodobieństwo pojawienia się białookiego samca muszki owocowej w potomstwie homozygotycznej czerwonookiej samicy i samca o białych oczach.

2.6. Dziedziczenie pozajądrowe

Ważne w tym temacie!

- istota dziedziczenia pozajądrowego
- geny mitochondrialne i geny chloroplastowe

Komórki organizmów eukariotycznych oprócz jądra komórkowego mają też inne organelle. W latach 60. XX w. ustalono, że mitochondria oraz chloroplasty zawierają własne genomy w postaci cząsteczek DNA. W rezultacie dalszych badań sformułowano teorię endosymbiozy wyjaśniającą prokariotyczne pochodzenie tych organelli, zaczęto również odkrywać geny zlokalizowane w mitochondrialnym DNA (mtDNA) i chloroplastowym DNA (cpDNA).

Organella półautonomiczne

Mitochondria i chloroplasty są strukturami półautonomicznymi, czyli częściowo niezależnymi od jądra komórkowego. Oznacza to, że część białek niezbędnych do ich funkcjonowania jest kodowana przez geny, które znajdują się w genomie organellowym, część zaś jest kodowana przez geny jądrowe. Zatem synteza białek chloroplastowych i mitochodrialnych zachodzi w dwóch miejscach:

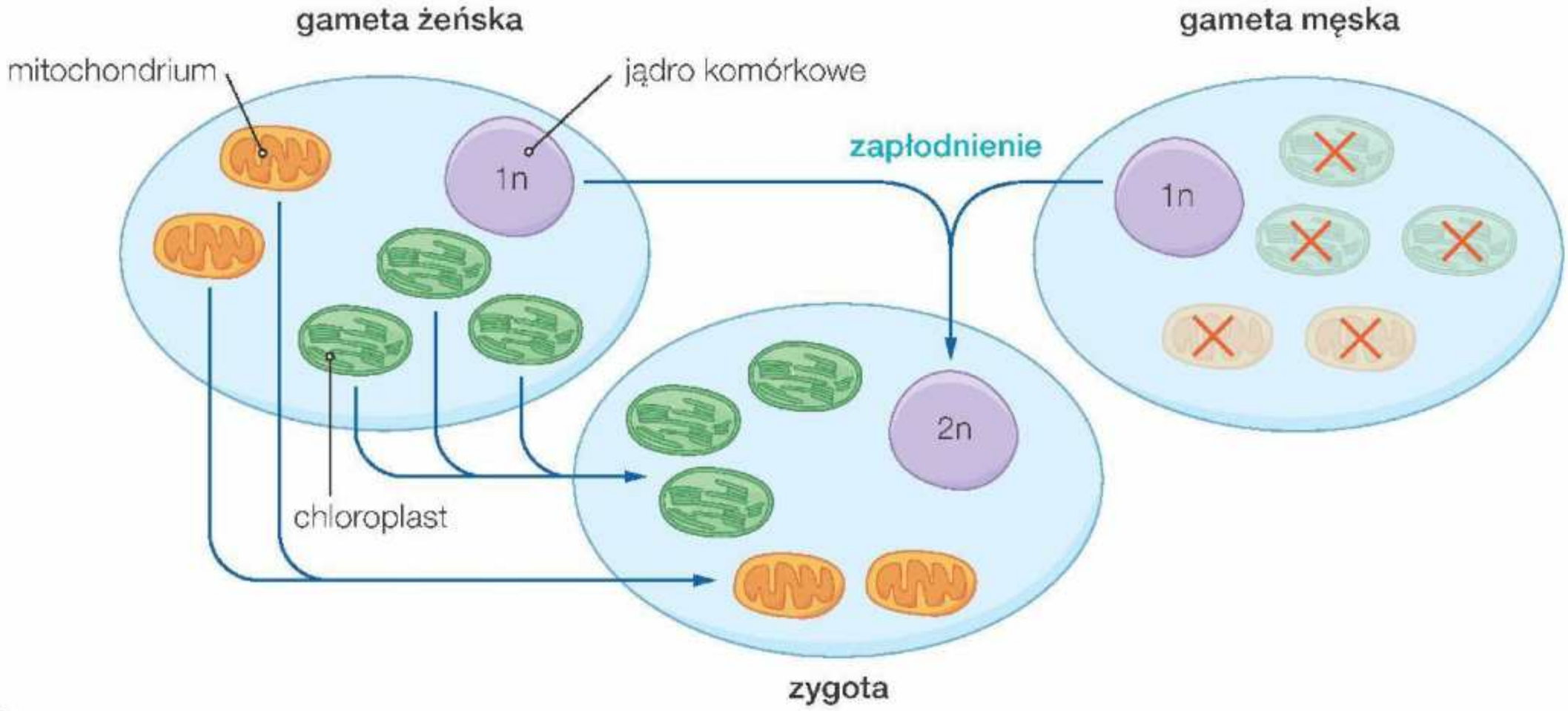
- **białka kodowane przez geny organellowe** są wytwarzane na rybosomach, które znajdują się w matriks mitochondrialnej oraz w stromie chloroplastów,
- **białka kodowane przez geny jądrowe** są wytwarzane na rybosomach cytoplazmatycznych, po czym zostają przetransportowane do odpowiednich organelli.

Półautonomia mitochondriów i chloroplastów przejawia się również w ich podziałach, które są niezależne od podziałów jądra komórkowego.

Dziedziczenie genów mitochondrialnych i chloroplastowych

Dziedziczenie genów, które znajdują się w materiale genetycznym organelli półautonomicznych, nosi nazwę **dziedziczenia pozajądrowego** (cytoplazmatycznego, pozachromosomowego, niemendlowskiego). Jest ono zwykle jednorodzicielskie (matczyne, mateczne), ponieważ mitochondria i chloroplasty są przekazywane do zygoty przez cytoplazmę gamety żeńskiej. Gameta męska – w porównaniu z gametą żeńską – ma niewiele organelli półautonomicznych i nie są one przekazywane potomstwu.

Przekazywanie organelli półautonomicznych w procesie zapłodnienia

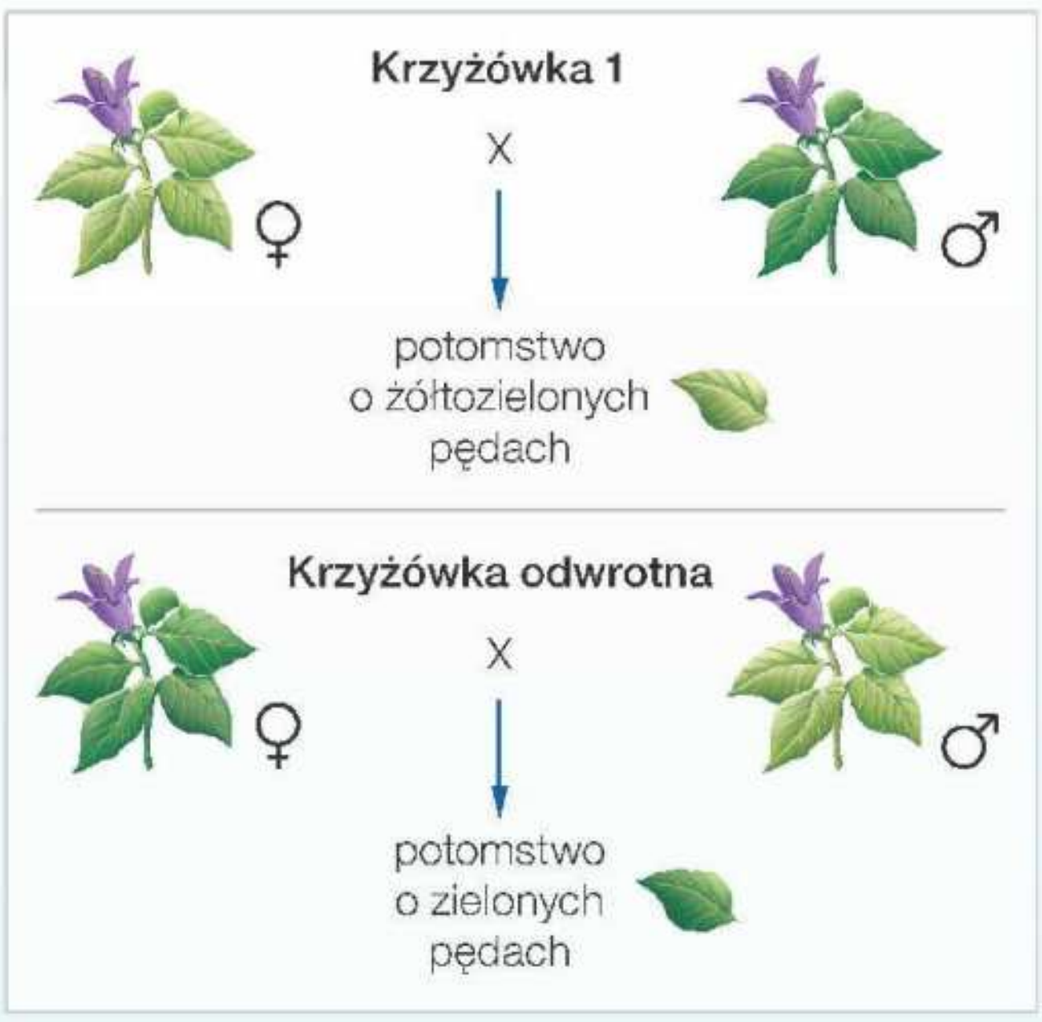


Dziedziczenie chloroplastowe

Przykładem dziedziczenia chloroplastowego jest barwa pędów (łodyg i liści) u dziwaczka peruwiańskiego. Znane są odmiany dziwaczka o pędach zielonych, pędach żółtozielonych oraz pędach pstrych. Odmiana pstrolistna charakteryzuje się pędami w żółte i żółtozielone plamy. Ponadto u odmian pstrolistnych niektóre odgałęzienia pędów mogą być jednolicie zielone lub jednolicie żółtozielone.

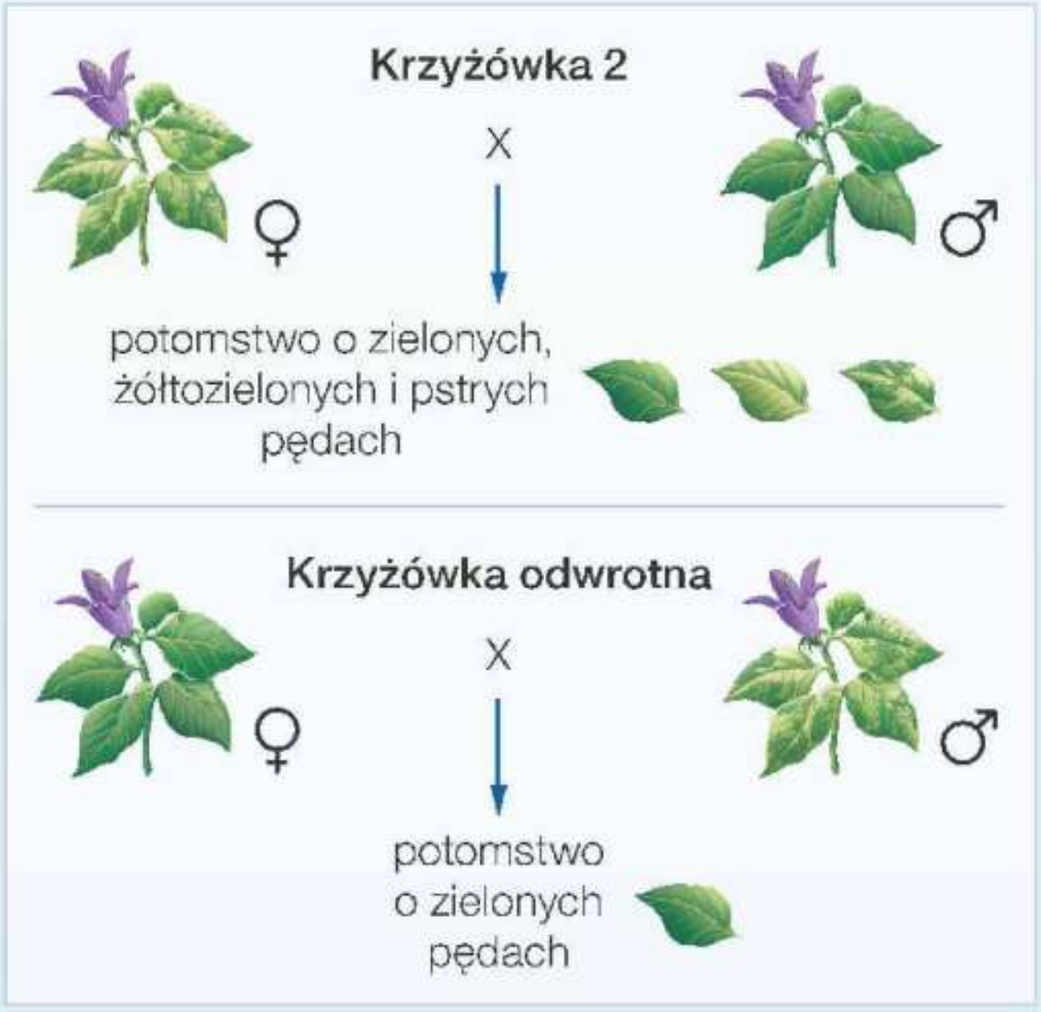
Doświadczenia genetyczne z wykorzystaniem dziwaczka peruwiańskiego

Na początku XX w. niemiecki genetyk Carl Erich Correns [wym. karl eriś korens] przeprowadził serię doświadczeń genetycznych, w których krzyżował różne odmiany dziwaczka peruwiańskiego. Wyniki tych krzyżówek wskazywały na dziedziczenie jednorodzicielskie, niezgodne z prawami Mendla.



W wyniku krzyżowania żeńskiej rośliny o żółtozielonych pędach z męską rośliną o zielonych pędach powstaje wyłącznie potomstwo o żółtozielonych pędach.

W wyniku krzyżowania żeńskiej rośliny o zielonych pędach z męską rośliną o żółtozielonych pędach powstaje wyłącznie potomstwo o zielonych pędach.



W wyniku krzyżowania żeńskiej rośliny o pstrych pędach z męską rośliną o zielonych pędach powstaje potomstwo o zielonych, żółtozielonych oraz pstrych pędach. Występowanie trzech rodzajów pędów u potomstwa świadczy o tym, że należy ono do odmiany pstrolistnej.

W wyniku krzyżowania żeńskiej rośliny o zielonych pędach z męską rośliną o pstrych pędach powstaje wyłącznie potomstwo o zielonych pędach.

Wyniki otrzymane przez Correnса zostały wyjaśnione dopiero w połowie XX w. – po odkryciu chloroplastowego DNA. Okazało się, że geny zawarte w chloroplastach dziedziczą się wyłącznie w linii matczynej, dlatego całe potomstwo ma fenotyp identyczny z rośliną rodzicielską płci żeńskiej.

Dziedziczenie mitochondrialne

U ssaków dziedziczenie mitochondrialne jest dziedziczeniem matczynym, ponieważ mitochondria zostają przekazane do zygoty przez cytoplazmę gamety żeńskiej. Do zygoty przechodzą również mitochondria gamety męskiej, są one jednak niszczone w czasie kilku pierwszych podziałów komórkowych. DNA mitochondrialny zarodka pochodzi więc z komórki jajowej.

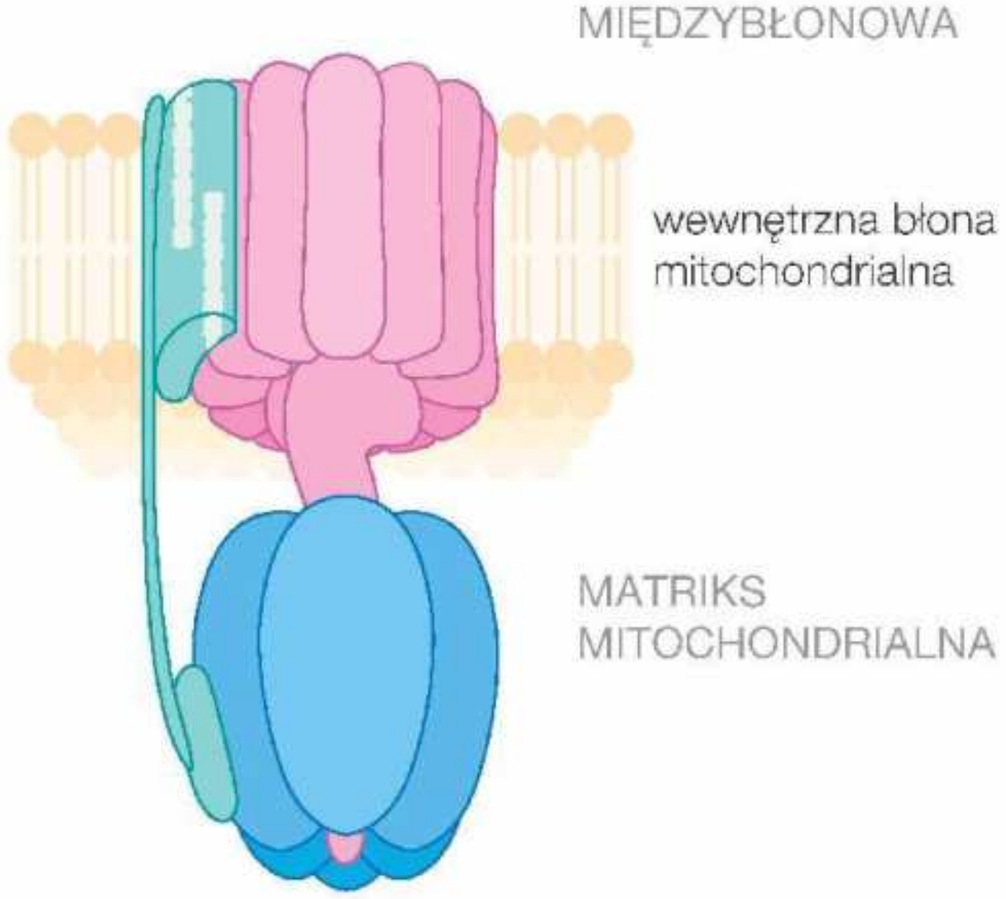
W trakcie wytwarzania gamety męskiej jej mitochondria są naznaczane (piętnowane) ubikwityną, zwaną również białkiem śmierci. Dzięki temu są one rozpoznawane przez gametę żeńską, a następnie niszczone.

Geny zawarte w genomie mitochondrialnym kodują m.in. niektóre białka łańcucha oddechowego oraz część podjednostek syntazy ATP.

Wpływ genów mitochondrialnych na cechy organizmów

Przykłady dziedziczenia mitochondrialnego:

- u niektórych ras bydła geny mitochondrialne wpływają na jakość mleka – zwiększają w nim zawartość procentową tłuszczu;
- u owiec geny mitochondrialne wpływają na masę urodzeniową jagniąt;
- w przypadku wielu gatunków roślin, m.in. kukurydzy czy rzepaku, geny mitochondrialne odpowiadają za cytoplazmatyczną męską sterylność (CMS), czyli niezdolność wytwarzania funkcjonalnego (płodnego) pyłku. Zapobiega to samozapyleniu, które jest zjawiskiem niekorzystnym, ponieważ ogranicza możliwość rekombinacji genów.



Syntaza ATP to enzym, który składa się z wielu podjednostek. Część z nich jest kodowana przez geny jądrowe, a część – przez geny mitochondrialne. Z tego powodu mutacje w mtDNA mogą skutkować zaburzeniami w syntezie ATP, a w konsekwencji – poważnymi chorobami, które u zwierząt (w tym człowieka) dotyczą głównie układów: nerwowego oraz mięśniowego.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, dlaczego mitochondria i chloroplasty są określane mianem organelli półautonomicznych.
2. Wymień trzy cechy mitochondriów i chloroplastów, które przemawiają za ich endosymbiotycznym pochodzeniem.
3. Określ, dlaczego dziedziczenie mitochondrialne i chloroplastowe jest nazywane:
   a. dziedziczeniem pozajądrowym,
   b. dziedziczeniem cytoplazmatycznym,
   c. dziedziczeniem matecznym.
4. Na podstawie wyników doświadczeń Corrensa uzasadnij, że dziedziczenie barwy łodyg i liści u dziwaczka peruwiańskiego jest dziedziczeniem:
   a. niemendlowskim,
   b. jednorodzicielskim.
5. Wyjaśnij, dlaczego niektóre fragmenty pędów dziwaczka peruwiańskiego mogą mieć barwę zieloną, a inne – żółtozieloną lub pstrą.
6. Wykaż, że cytoplazmatyczna męska sterylność jest korzystna dla roślin.
7. Wyjaśnij, dlaczego mutacje w genach mitochodrialnych powodują głównie choroby układów nerwowego oraz mięśniowego.

Podsumowanie

1 Podstawowe pojęcia genetyki klasycznej

Pojęcie	Definicja
Gen	Podstawowa jednostka dziedziczności. U wszystkich organizmów i większości wirusów gen jest fragmentem cząsteczki DNA, który zawiera informacje potrzebne do wytworzenia białka lub RNA.
Allel	Jedna z wersji danego genu. Różne allele powodują odmienne wykształcenie określonej cechy.
Homozygota	Organizm diploidalny, który ma dwa takie same allele danego genu.
Heterozygota	Organizm diploidalny, który ma dwa różne allele danego genu.
Genotyp	Zespół wszystkich genów danego organizmu.
Fenotyp	Zespół wszystkich cech danego organizmu, które można zaobserwować.

2 Prawa Mendla

I prawo Mendla – prawo czystości gamet	W każdej gamecie znajduje się tylko jeden allel danego genu.
II prawo Mendla – prawo niezależnej segregacji cech	Cechy są dziedziczone niezależnie od siebie, ponieważ allele różnych genów są rozdzielane do gamet w sposób losowy.

3 Stosunki dominacji między różnymi allelami jednego genu

- **Dominacja pełna (zupełna)** – jeden allel w pełni dominuje nad drugim. W takiej sytuacji nie można odróżnić fenotypu heterozygoty od fenotypu homozygoty dominującej.
- **Dominacja niepełna (niezupełna)** – żaden z alleli nie dominuje w pełni nad drugim. W takiej sytuacji fenotyp heterozygoty jest pośredni między fenotypem homozygoty dominującej a fenotypem homozygoty recesywnej.
- **Kodominacja (współdominacja)** – allele są równorzędne, co oznacza, że nie można wyróżnić wśród nich allelu dominującego oraz allelu recesywnego.

4 Dziedziczenie jednogenowe – określona cecha organizmu zależy od pojedynczego genu.

Sposób dziedziczenia	Opis
Dziedziczenie uwarunkowane parą alleli	Jeden gen występuje w dwóch wersjach. Każda wersja warunkuje inne wykształcenie danej cechy.
Plejotropia	Jeden gen wpływa na ujawnianie się kilku cech fenotypowych.
Allele wielokrotne	Jeden gen występuje w co najmniej trzech wersjach tworzących szereg alleli wielokrotnych.

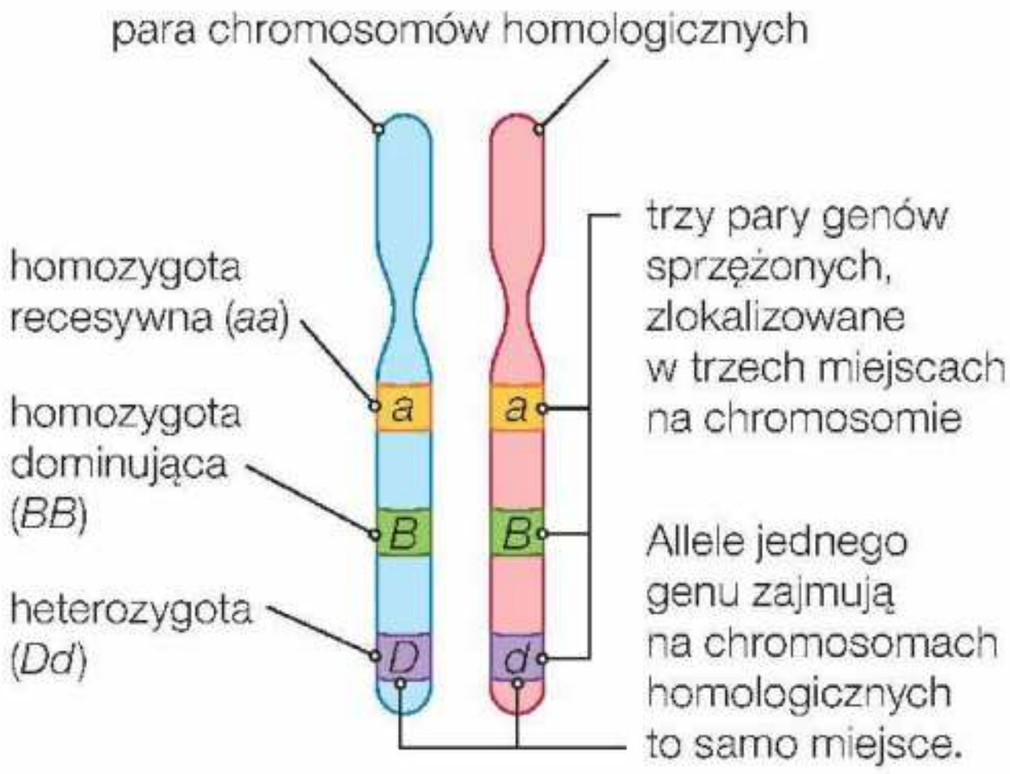
5 Dziedziczenie wielogenowe – określona cecha organizmu zależy od wielu genów.

Sposób dziedziczenia	Opis
Geny dopełniające się (komplementarne)	Wykształcenie jednej cechy wymaga współdziałania dwóch różnych genów.
Epistaza	Podczas wykształcania cechy jeden gen (epistatyczny) maskuje efekt działania innego genu (hipostatycznego).
Geny kumulatywne	W wykształceniu jednej cechy uczestniczy kilka genów, których efekt działania się sumuje.

6 Założenia chromosomowej teorii dziedziczenia:

- geny znajdują się na chromosomach,
- geny są ułożone liniowo,
- geny zajmują określone miejsca na chromosomach; na chromosomach homologicznych allele tego samego genu zajmują to samo miejsce,
- geny zlokalizowane na jednym chromosomie są genami sprzężonymi i dziedziczą się zależnie od siebie (mogą zostać rozdzielone w wyniku *crossing-over*).

Lokalizacja genów sprzężonych na chromosomach homologicznych



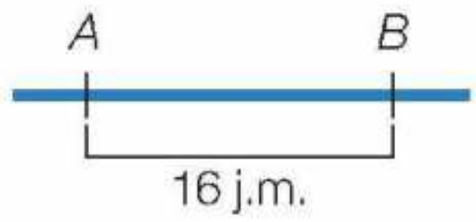
7 Mapowanie genów

Odległość między genami na chromosomie ustala się na podstawie częstości zachodzenia *crossing-over*, mierzonej procentem rekombinantów występujących w pokoleniu potomnym. Procent rekombinantów jest równy odległości między genami wyrażonej w jednostkach mapowych (j.m.) lub centymorganach (cM).

P: *AB/ab* x *ab/ab*

F_1: *AB/ab* *ab/ab* | *Ab/ab* *aB/ab*

genotypy rodzicielskie 84% | rekombinanty 16%



Odległość między genami *A* i *B* wynosi 16 j.m. (16 cM), ponieważ odsetek rekombinantów w pokoleniu F_1 wynosił 16%.

8 Chromosomowa determinacja płci

Chromosomowa determinacja płci	
różnogametyczność męska	**różnogametyczność żeńska**
• system dziedziczenia XY – samce wytwarzają dwa różne rodzaje gamet: z chromosomem X lub z chromosomem Y; samice wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom X • system dziedziczenia X0 – samce wytwarzają dwa różne rodzaje gamet: z chromosomem X lub bez chromosomu płci; samice wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom X	• system dziedziczenia ZW – samice wytwarzają dwa różne rodzaje gamet: z chromosomem Z lub z chromosomem W; samce wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom Z • system dziedziczenia Z0 – samice wytwarzają dwa różne rodzaje gamet: z chromosomem Z lub bez chromosomu płci; samce wytwarzają gamety zawierające zawsze chromosom Z

9 Determinacja płci u człowieka. Cechy sprzężone z płcią

U człowieka płeć jest determinowana chromosomowo systemem dziedziczenia XY. Geny zlokalizowane na chromosomach płci warunkują cechy sprzężone z płcią. Większość cech sprzężonych z płcią to cechy sprzężone z chromosomem X.

10 Dziedziczenie pozajądrowe

Dziedziczenie genów, które znajdują się w materiale genetycznym organelli półautonomicznych – mitochondriów i chloroplastów. Dziedziczenie pozajądrowe jest zwykle jednorodzicielskie (matczyne), ponieważ mitochondria i chloroplasty są przekazywane do zygoty przez cytoplazmę gamety żeńskiej.

Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 U jednej z ras kur allel *W* warunkuje występowanie białej barwy skóry, a allel *w* – występowanie żółtej barwy skóry. Z kolei kolor skorupy jaj tych kur zależy od pary alleli *B* i *b*. Allel dominujący determinuje niebieską barwę skorupy, a allel recesywny – białą.

Pewien hodowca był właścicielem kury tej rasy o nieznanym genotypie. Kura miała białą skórę i znosiła jaja z niebieską skorupą.

Kura o białej skórze i znosząca jaja z niebieską skorupą może pod względem obu cech podwójną homozygotą dominującą, podwójną heterozygotą lub homozygotą dominującą i heterozygotą. Zastanów się, jak można określić, który to genotyp, bez użycia metod molekularnych.

a) Wyjaśnij, w jaki sposób hodowca może ustalić genotyp kury bez korzystania z metod molekularnych.

Pamiętaj, że w zadaniu należy wyjaśnić, w jaki sposób zastosowana metoda umożliwia ustalenie genotypu kury, a nie tylko podać nazwę tej metody.

Rozwiązanie:

W celu ustalenia genotypu kury hodowca może zastosować krzyżówkę testową, która polega na skrzyżowaniu kury o nieznanym genotypie z kogutem, który jest podwójną homozygotą recesywną, (czyli ma żółtą barwę skóry i posiada dwa allele recesywne warunkujące znoszenie jaj o białej skorupie). Jeśli potomstwo będzie jednolite fenotypowo / wszystkie osobniki potomne będą miały białą skórę i będą znosiły jaja z niebieską skorupą, oznacza to, że badana kura była podwójną homozygotą dominującą. Jeśli wśród potomstwa będą także kury o żółtej skórze lub/i znoszące jaja o białej skorupie, to będzie to oznaczało, że badana kura jest heterozygotą pod względem danej cechy lub obu cech.

Osobnik o białej barwie skóry może być homozygotą dominującą lub heterozygotą pod względem allelu W. Zastanów się, jaki genotyp mogą mieć jego rodzice. Pamiętaj, że prawdopodobieństwo wyklucia się potomstwa o białej skórze musi wynosić 100%, zatem przynajmniej jeden rodzic musi być homozygotą dominującą.

b) Podaj wszystkie możliwe genotypy osobników rodzicielskich, po których skrzyżowaniu prawdopodobieństwo wyklucia się potomstwa o białej barwie skóry wynosi 100%. W odpowiedzi uwzględnij jedynie allele odpowiedzialne za barwę skóry.

Zwróć uwagę, że w odpowiedzi należy uwzględnić tylko allele odpowiedzialne za barwę skóry. Nie używaj zatem w odpowiedzi alleli B i b.

Rozwiązanie:

WW x *WW* i *WW* x *Ww*

Pamiętaj, że w każdym kolejnym pokoleniu wszystkie osobniki mają mieć ten sam fenotyp, nie tylko osobniki w pokoleniu F_1.

c) Podaj genotypy osobników rodzicielskich, które należałoby ze sobą skrzyżować, aby w każdym kolejnym pokoleniu potomstwo miało zawsze żółtą barwę skóry i znosiło jaja z niebieską skorupą.

Zastanów się, jaki jest genotyp osobnika o podanym fenotypie, a następnie określ możliwe genotypy osobników rodzicielskich.

Rozwiązanie:

BBww x *BBww*

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 U pewnej rośliny ozdobnej allel *A* w układzie homozygotycznym warunkuje występowanie czerwonej barwy kwiatów, allel *a* – barwy białej. Heterozygoty mają kwiaty różowe. Z kolei typ wzrostu zależy od pary alleli *B* i *b*. Allel dominujący determinuje normalny wzrost, a allel recesywny – wzrost karłowaty.

Pewien ogrodnik posiadał roślinę o nieznanym genotypie należącą do opisanego gatunku. Roślina ta miała białe kwiaty i charakteryzowała się normalnym wzrostem.

a) Wyjaśnij, w jaki sposób ogrodnik może ustalić genotyp rośliny bez korzystania z metod molekularnych.

b) Podaj wszystkie możliwe genotypy roślin rodzicielskich, po których skrzyżowaniu prawdopodobieństwo otrzymania roślin potomnych o różowych kwiatach wynosi 100%. W odpowiedzi uwzględnij jedynie allele odpowiedzialne za barwę kwiatów.

c) Podaj genotypy roślin rodzicielskich, które należałoby ze sobą skrzyżować, aby w każdym kolejnym pokoleniu potomstwo miało zawsze czerwone kwiaty i było karłowate.

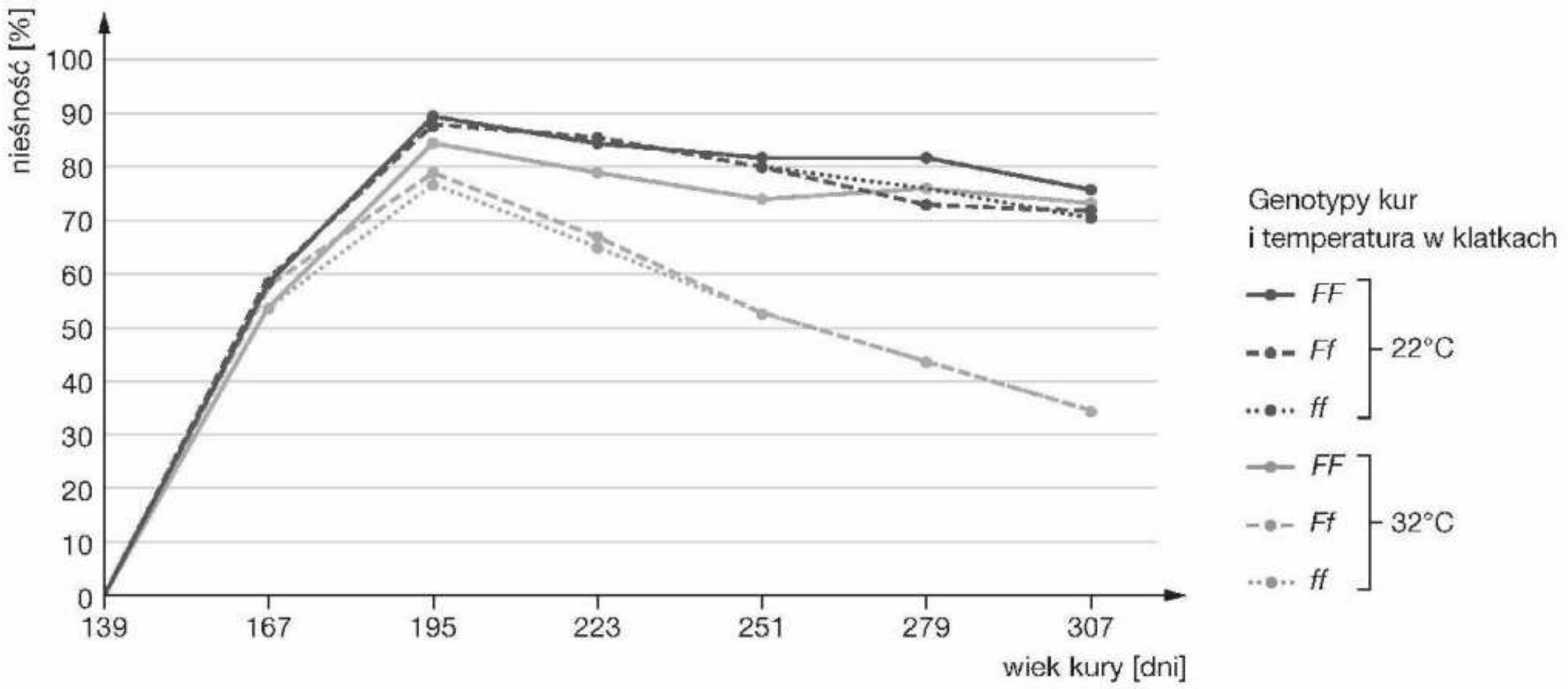
Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Szurpatość kur jest wywołana przez dominujący allel *F*, który wykazuje niepełną dominację nad allelem *f*. Homozygoty dominujące mają charakterystycznie poskręcane pióra, upierzenie homozygot recesywnych jest normalne, a heterozygoty wykazują cechy pośrednie.

Przeprowadzono badania, podczas których heterozygotyczne koguty (*Ff*) skojarzono z heterozygotycznymi kurami (*Ff*). W efekcie uzyskano potomstwo o trzech różnych genotypach: *FF*, *Ff* i *ff*. Młode samice podzielono na sześć grup – dla każdego genotypu przeznaczono po dwie klatki, w których kontrolowano temperaturę. Początkowo we wszystkich klatkach utrzymywano temperaturę 22°C. Po upływie kilku tygodni w trzech klatkach (po jednej z każdego genotypu) temperaturę podniesiono do 32°C.

Wykres przedstawia nieśność kur o różnym genotypie w zależności od wieku kury oraz temperatury otoczenia.



Na podstawie: T. Zerjal, D. Gourichon, B. Rivet, A. Bordas, *The effect of the Frizzle (F) gene on egg production traits under standard and high ambient temperature*, [w:] *9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Leipzig 2010, s. 253.

a) Ustal za pomocą szachownicy Punnetta prawdopodobieństwo wystąpienia poszczególnych genotypów i fenotypów u potomstwa heterozygotycznych rodziców.

b) Sformułuj problem badawczy do opisanego doświadczenia.

c) Na podstawie przedstawionych wyników doświadczenia sformułuj wniosek dotyczący zależności między obecnością allelu *f* a nieśnością kur w temperaturze 32°C.

d) Podaj genotyp kur, u których nieśność w krajach o gorącym klimacie będzie największa.

e) Rozstrzygnij, czy u kur płcią heterogametyczną są samce czy samice. Odpowiedź uzasadnij.

2 U wielu kotów domowych występuje pręgowane umaszczenie, które może przybierać różne wzory. W pręgowaniu tygrysim ciemniejsze pasy sierści układają się pionowo i równolegle do siebie, a w pręgowaniu klasycznym tworzą one spirale lub zamknięte koła. Rodzaj pręgowania jest uzależniony od genotypu danego osobnika: allel dominujący *Mc* odpowiada za pręgowanie tygrysie, a allel recesywny *mc* – za pręgowanie klasyczne. Warunkiem pojawienia się pręgów jest obecność allelu *A*. Dominuje on nad allelem *a*, który w układzie homozygotycznym wpływa na to, że rysunek na sierści jest niewidoczny.

Skrzyżowano podwójnie heterozygotyczną samicę z samcem, który był podwójną homozygotą recesywną.

a) Wykonaj krzyżówkę genetyczną i na jej podstawie określ fenotypy potomstwa opisanej pary kotów. Podaj, w jakim stosunku występują fenotypy potomstwa.

b) Podaj wszystkie możliwe genotypy kotów o sierści pręgowanej tygrysio oraz podkreśl spośród nich dwa, których skrzyżowanie ze sobą może doprowadzić do uzyskania kotów o sierści pręgowanej klasycznie.

c) Podaj, jak nazywa się maskowanie efektów działania jednego genu przez inny gen.

3 U kukurydzy struktura powierzchni ziarna oraz jego barwa są uwarunkowane przez parę sprzężonych ze sobą genów. Allel *S* powoduje, że ziarna są gładkie, natomiast allel *s* warunkuje ziarna pomarszczone. Z kolei ziarna barwne determinuje allel *C*, a ziarna bezbarwne – allel *c*.

Skrzyżowano dwie podwójnie homozygotyczne rośliny rodzicielskie i uzyskano jednorodne fenotypowo potomstwo o gładkich i barwnych ziarnach. Rośliny z pokolenia F_1 poddano krzyżowaniu testowemu i uzyskano 144 osobniki o ziarnach pomarszczonych i barwnych, 3 osobniki o ziarnach pomarszczonych i bezbarwnych, 156 osobników o ziarnach gładkich i bezbarwnych, 5 osobników o ziarnach gładkich i barwnych.

a) Podaj genotypy roślin rodzicielskich (pokolenie P).

b) Oblicz odległość między opisanymi genami.

c) Wyjaśnij, na czym polega sprzężenie genów.

d) Opisz, w jaki sposób może dojść do rozdzielenia się genów sprzężonych.

4 Hemofilia A to choroba sprzężona z płcią, która jest dziedziczona w sposób recesywny. Wywołuje ją mutacja powodująca niedobór VIII czynnika krzepnięcia krwi. Objawy hemofilii są widoczne od wczesnego dzieciństwa. Należą do nich długotrwałe i obfite krwawienia, nawet po drobnych urazach.

Zdrowej kobiecie i zdrowemu mężczyźnie urodził się syn chory na hemofilię.

a) Podaj genotypy rodziców chorego chłopca.

b) Podaj wszystkie możliwe genotypy rodziców, którym może urodzić się chora na hemofilię córka.

c) Wyjaśnij, dlaczego mężczyźni częściej niż kobiety chorują na choroby dziedziczone recesywnie sprzężone z płcią.

d) Określ, które elementy morfotyczne krwi biorą udział w procesie krzepnięcia krwi.

3. Zmienność organizmów

Fot. Model chromosomu.



3.1. Rodzaje zmienności

Ważne w tym temacie!

- rodzaje zmienności
- genetyczne podłoże zmienności
- ciągła i nieciągła zmienność cech

Zmienność organizmów to występowanie różnic między osobnikami należącymi do jednego gatunku. Zmienność może przejawiać się w cechach zarówno morfologicznych, jak i fizjologicznych, co wpływa na zdolność organizmów do przystosowania się do zmieniających się warunków środowiskowych. Różnice fenotypowe między osobnikami jednego gatunku wynikają przede wszystkim ze zróżnicowania ich informacji genetycznej. Osobniki o najkorzystniejszej kombinacji cech mają większą szansę na przeżycie.

Zmienność genetyczna

Zróżnicowanie genotypów u osobników jednego gatunku nosi nazwę **zmienności genetycznej**. Informacja zapisana w genach organizmów rodzicielskich jest przekazywana potomstwu, jednak każdy osobnik potomny (z wyjątkiem bliźniąt jednojajowych) ma niepowtarzalny genotyp.

Wyróżnia się dwa rodzaje zmienności genetycznej:

- zmienność genetyczną rekombinacyjną,
- zmienność genetyczną mutacyjną.



Przykładami zmienności u ludzi są m.in. wzrost, barwa oczu i kolor skóry.



Przykładem zmienności u roślin są różne kolory kwiatów grochu zwyczajnego.

Podział zmienności genetycznej

Rodzaje zmienności genetycznej

zmienność genetyczna rekombinacyjna	zmienność genetyczna mutacyjna
• Zróżnicowanie genotypów u osobników jednego gatunku spowodowane rekombinacją materiału genetycznego. Źródłem zmienności genetycznej rekombinacyjnej są m.in. *crossing-over*, niezależna segregacja chromosomów i losowe łączenie się gamet podczas zapłodnienia.	• Zróżnicowanie genotypów u osobników jednego gatunku spowodowane występowaniem mutacji genowych (→ s. 112) oraz mutacji chromosomowych (→ s. 115).

Zmienność genetyczna rekombinacyjna

Rekombinacja to proces prowadzący do powstawania nowych układów alleli. Źródłem zmienności rekombinacyjnej są procesy związane z rozmnażaniem płciowym, m.in.:

- *crossing-over*,
- niezależna segregacja chromosomów,
- losowe łączenie się gamet podczas zapłodnienia.

Zmienność genetyczna mutacyjna

Źródłem tego typu zmienności są **mutacje**, czyli nagłe, skokowe zmiany w materiale genetycznym (→ s. 110). Duże znaczenie mają zwłaszcza mutacje w pojedynczych genach, ponieważ stanowią one główne źródło nowych alleli istniejących genów, a także odpowiadają za wytwarzanie nowych genów.

Skutki mutacji

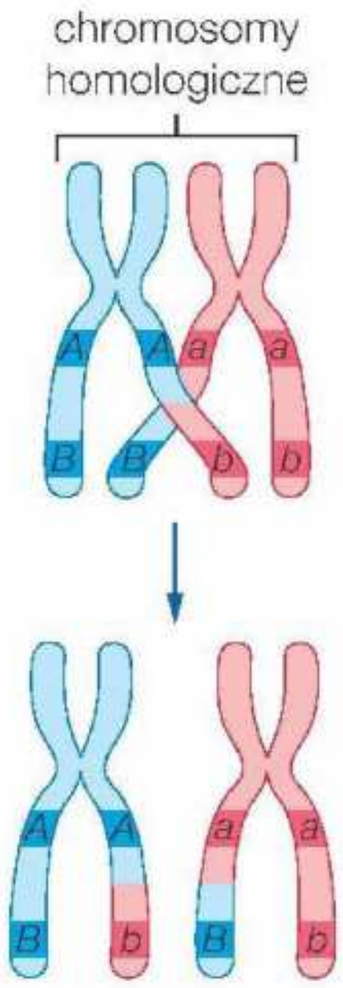
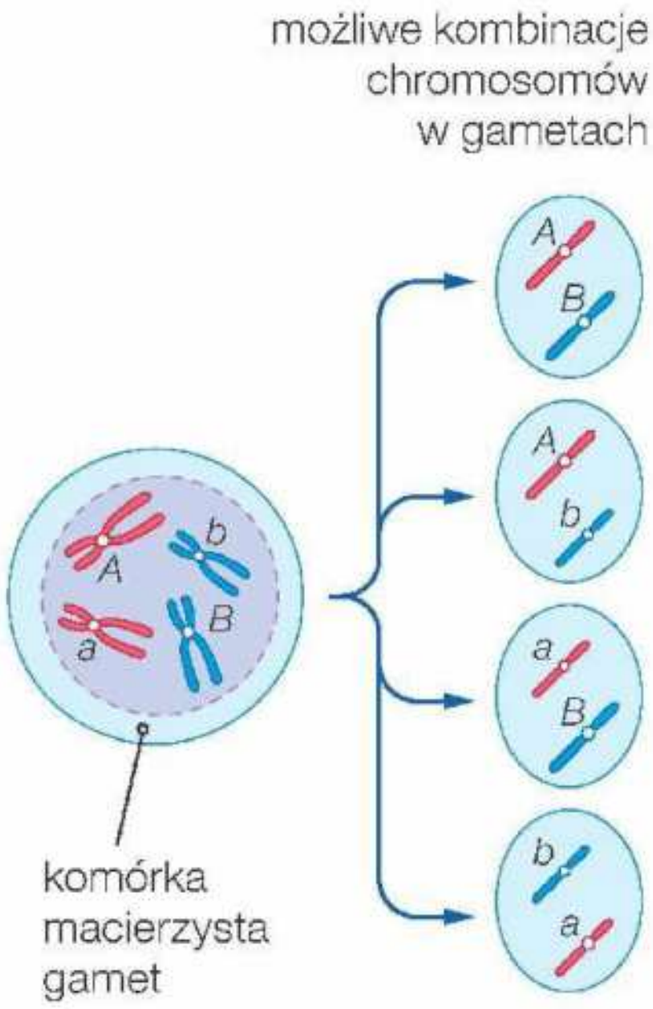
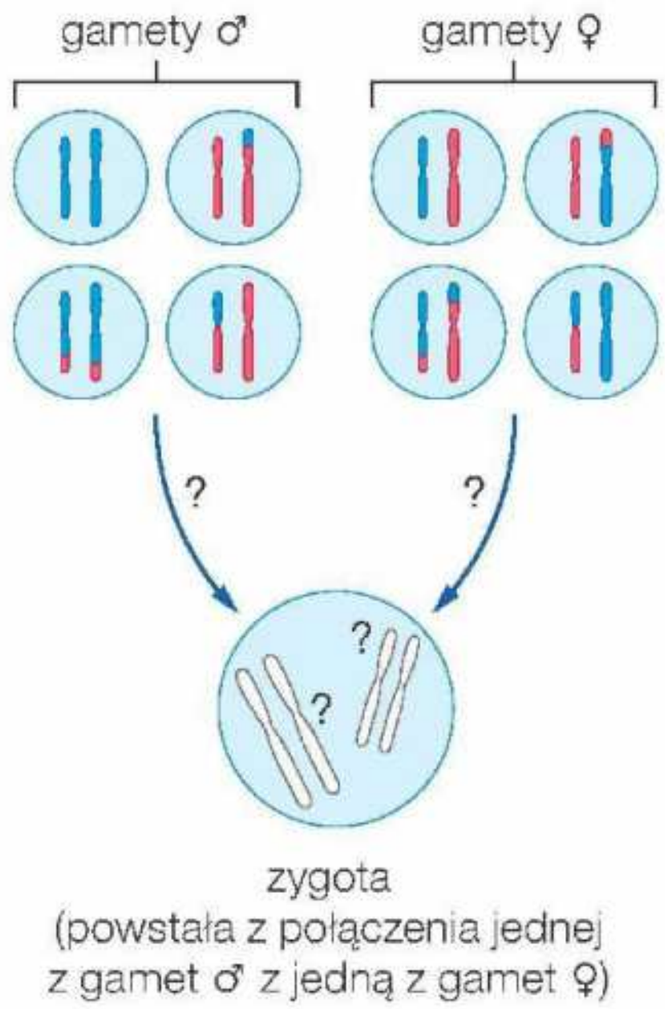
Większość mutacji jest **szkodliwa** dla organizmów, ponieważ prowadzi do chorób genetycznych i wad rozwojowych, często o charakterze letalnym.

Niektóre mutacje są **neutralne** (obojętne), co oznacza, że nie wywierają one wpływu na funkcjonowanie organizmów – w taki sposób powstają np. serie alleli wielokrotnych.

Najistotniejsze ewolucyjnie są te mutacje, które nie zaburzają funkcjonowania organizmu oraz mogą okazać się **korzystne**, tzn. w danych warunkach środowiska zapewniają osobnikowi przewagę nad innymi osobnikami.

Czasem zmutowane allele dziedziczą się z pokolenia na pokolenie, dlatego mogą nie tylko utrzymywać się w populacji, lecz także stopniowo się rozprzestrzeniać.

Źródła zmienności rekombinacyjnej

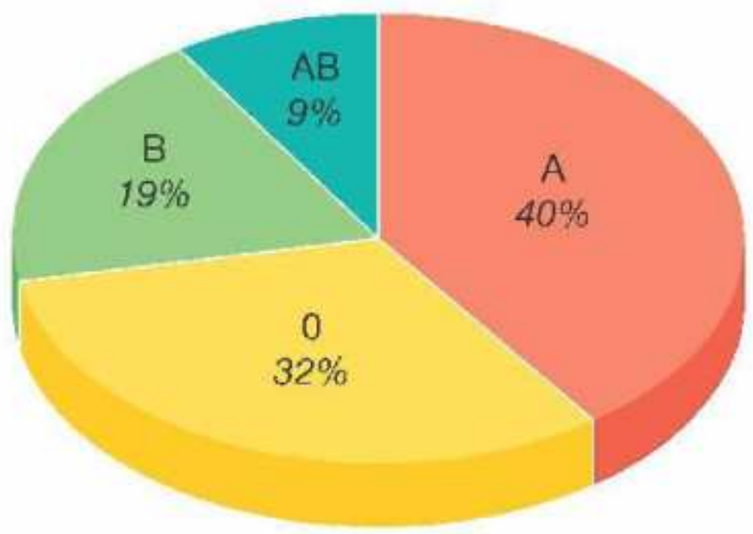
Źródła zmienności rekombinacyjnej		
crossing-over	niezależna segregacja chromosomów	losowe łączenie się gamet podczas zapłodnienia
		
• Zachodzi podczas mejozy, w profazie I. • Polega na wymianie odcinków chromatyd między chromosomami homologicznymi. • Prowadzi do powstawania nowych układów alleli.	• Zachodzi podczas wytwarzania gamet (zwierzęta) lub mejospor (rośliny, grzyby). • W trakcie mejozy do komórek potomnych trafiają losowo pojedyncze chromosomy (1n, 1c) z każdej pary chromosomów homologicznych (2n, 4c).	• W wyniku zapłodnienia jądro komórkowe zygoty ma diploidalną liczbę chromosomów. • Gamety łączą się w sposób losowy, dlatego zygoty mogą zawierać różne kombinacje chromosomów (oraz alleli) ojcowskich i matczynych.

Zmienność ciągła i zmienność nieciągła

Ze względu na charakter dziedziczonej cechy oraz sposób jej dziedziczenia zmienność genetyczną dzieli się na zmienność nieciągłą i zmienność ciągłą.

Zmienność nieciągła

Zmienność nieciągła (skokowa) dotyczy **cech jakościowych** i przejawia się występowaniem osobników o wyraźnie różnych fenotypach. Cechy jakościowe są zwykle warunkowane przez pojedyncze geny. Przykładem zmienności nieciągłej jest występowanie grup krwi u człowieka. Między grupami krwi Rh+ i Rh– nie ma żadnych form pośrednich; to samo dotyczy grup krwi A, B, AB oraz 0.



Przykładem zmienności nieciągłej są grupy krwi układu AB0. W Polsce najwięcej osób ma grupę krwi A, a najmniej – grupę krwi AB.

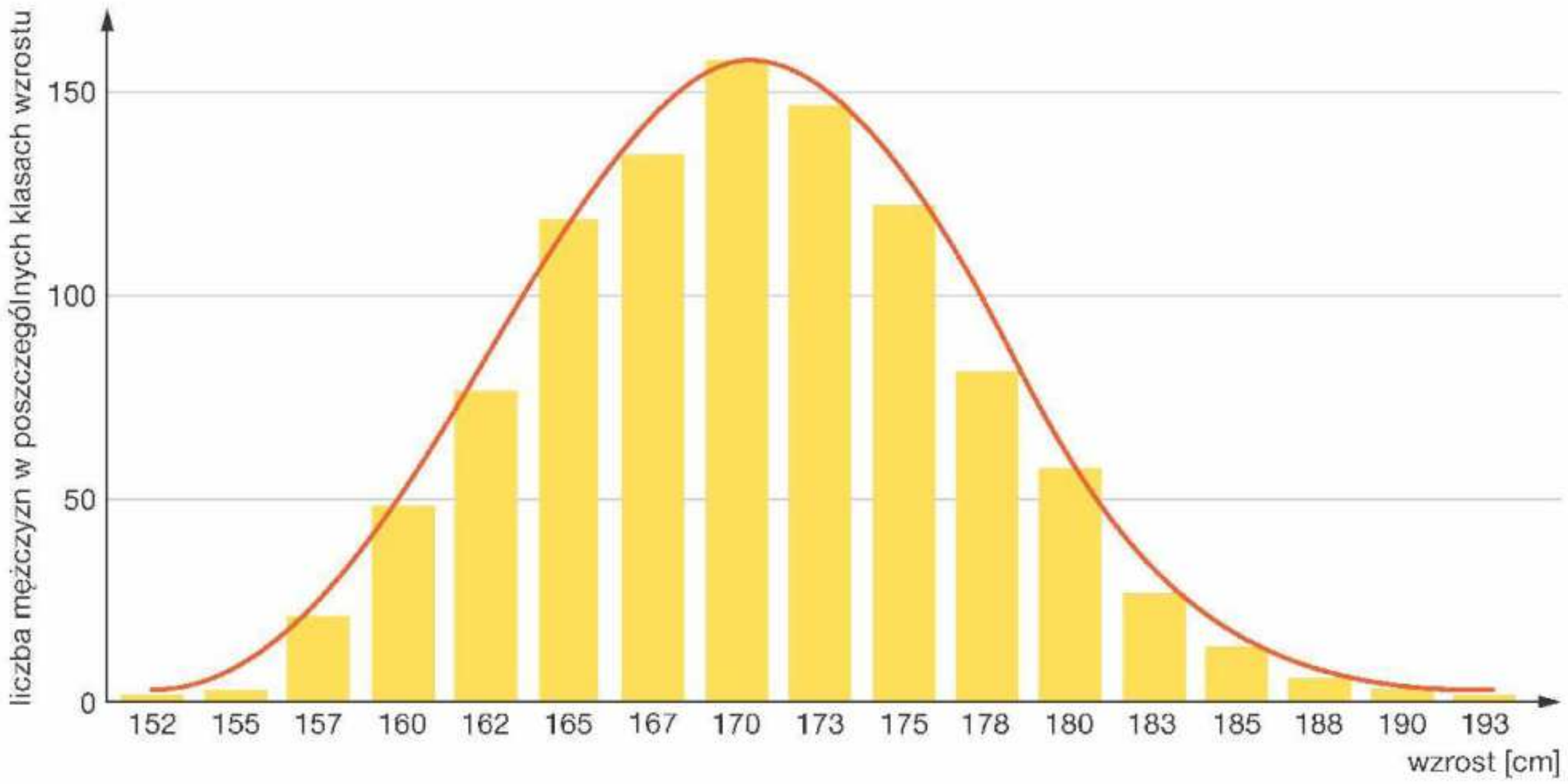
Zmienność ciągła

Zmienność ciągła dotyczy większości **cech ilościowych**. Cechy ilościowe zależą zwykle od genów kumulatywnych (→ s. 72), ponadto łatwo mogą ulegać modyfikacji na skutek wpływu środowiska. Analizując wybraną cechę o charakterze ilościowym, trudno podzielić osobniki na wyraźnie odrębne klasy, ponieważ wartość cechy wykazuje łagodne stopniowanie. Przykładami cech ilościowych są:

- wzrost,
- masa ciała,
- pigmentacja włosów i skóry,
- wydajność produkcji mleka,
- procentowa zawartość tłuszczu w mleku.

Pewne cechy ilościowe, np. liczba prosiąt w miocie, nie są warunkowane genami kumulatywnymi i charakteryzują się zmiennością nieciągłą.

Wartości wybranej cechy ilościowej osobników (np. wysokości ciała) analizowanej populacji można przedstawić za pomocą wykresu słupkowego. Po połączeniu szczytowych punktów kolejnych słupków otrzymuje się krzywą o charakterystycznym kształcie dzwonu, nazywaną **krzywą rozkładu normalnego** lub **krzywą Gaussa**.



Zmienność ciągłą można zaobserwować na przykładzie pomiaru wzrostu mężczyzn. Z wykresu wynika, że najwięcej mężczyzn osiąga średni wzrost, a najmniej jest mężczyzn bardzo niskich i bardzo wysokich.

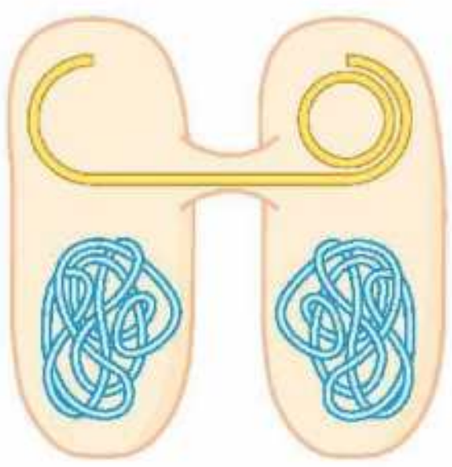
Zmienność genetyczna u organizmów prokariotycznych

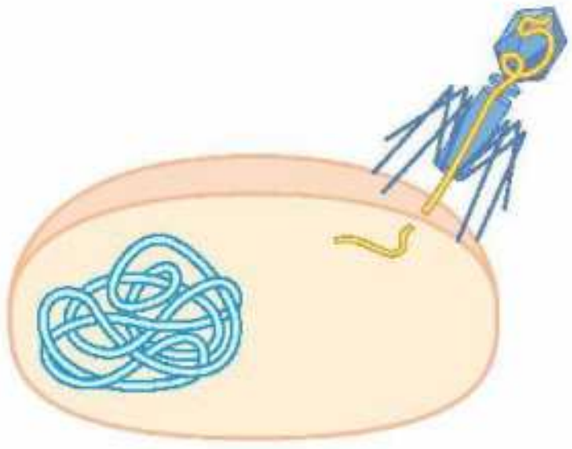
Podczas rozmnażania się organizmów informacja genetyczna jest przekazywana na drodze **pionowego transferu genów**, czyli z pokolenia na pokolenie. U prokariontów pionowy transfer genów zachodzi podczas podziałów komórek macierzystych na komórki potomne. Oprócz tego geny mogą być przekazywane między osobnikami na drodze **poziomego transferu genów** w procesach koniugacji, transdukcji i transformacji. W ich wyniku zwiększa się zmienność genetyczna organizmów prokariotycznych.

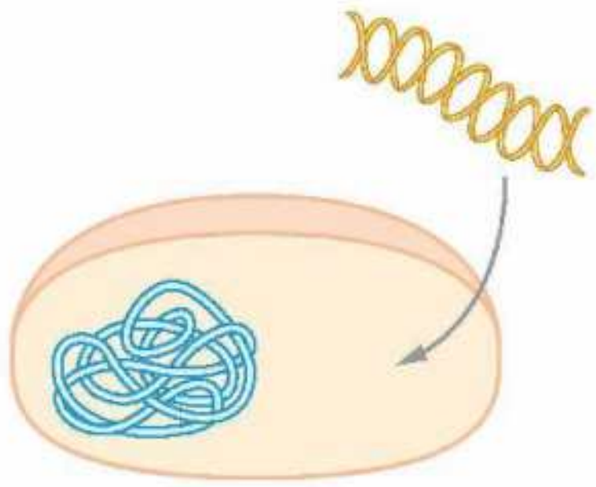
Poziomy transfer genów występuje również u organizmów eukariotycznych, choć jest u nich dużo rzadszy. Większość znanych przypadków poziomego transferu genów dotyczy przeniesienia genów pochodzących od bakterii. Mechanizmy poziomego transferu genów są stosowane w biotechnologii molekularnej w celu otrzymywania organizmów zmodyfikowanych genetycznie (→ s. 156).

Źródła zmienności genetycznej u organizmów prokariotycznych

koniugacja	transdukcja	transformacja
Polega na przekazaniu fragmentu DNA (fragmentu chromosomu lub plazmidu) z jednej komórki (dawcy) do drugiej komórki (biorcy). Dzięki temu biorca otrzymuje nową informację genetyczną.	Polega na przekazaniu fragmentu DNA z jednej komórki prokariotycznej do drugiej za pośrednictwem bakteriofaga, który zawiera fragment DNA ostatnio zainfekowanej komórki.	Polega na pobraniu przez komórkę fragmentu DNA ze środowiska zewnętrznego. Może to być zarówno plazmid, jak i fragment chromosomu bakteryjnego.

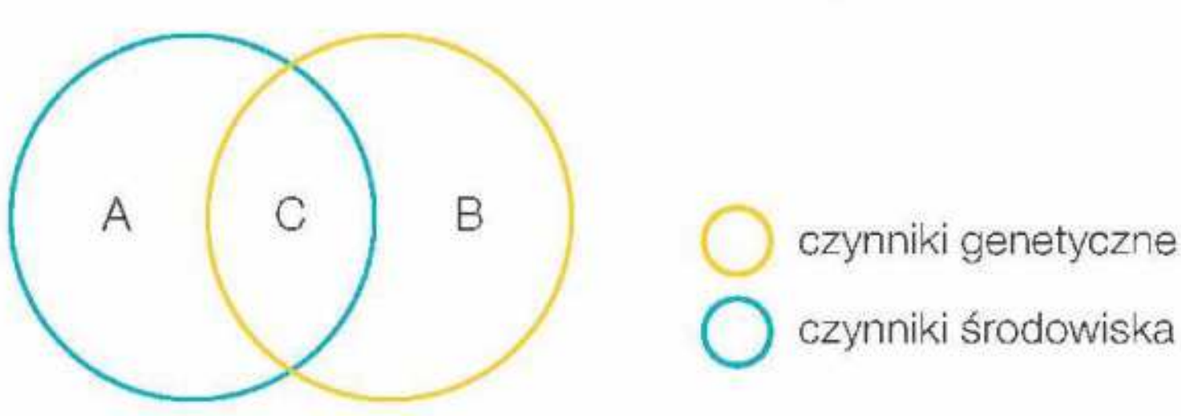






Polecenia kontrolne

1. Opisz dwa procesy, które są źródłem zmienności rekombinacyjnej.
2. Na schemacie przedstawiono udział różnych czynników w powstawaniu chorób i zaburzeń u ludzi. Przyporządkuj każdej grupie czynników nazwę odpowiedniej choroby lub zaburzenia, wybierając spośród następujących: hemofilia, rzęsistkowica, choroba wieńcowa, czerwonka amebowa, daltonizm.



3. Zbierz informacje na temat wzrostu wszystkich uczniów w klasie, a następnie:
   a. przedstaw dane w postaci wykresu,
   b. zapisz dwa wnioski wynikające z interpretacji otrzymanej krzywej,
   c. podaj kilka przykładów cech reprezentujących ten sam rodzaj zmienności.
4. Określ, czy koniugację bakterii można zaliczyć do sposobów rozmnażania się bakterii. Odpowiedź uzasadnij.

3.2. Analiza statystyczna w badaniu zmienności organizmów

Ważne w tym temacie!

- zastosowanie prostej analizy statystycznej (minimum, maksimum, zakres wartości, średnia, mediana, dominanta, odchylenie standardowe) do opisu i interpretacji wyników badań

W celu zbadania zmienności organizmów i określenia czynników, które na nią wpływają, przeprowadza się doświadczenia oraz obserwacje. Otrzymane wyniki badań przedstawia się za pomocą tabel lub wykresów, a do ich interpretacji wykorzystuje się analizę statystyczną.

Samouczek

Parametry statystyczne wykorzystywane podczas interpretacji wyników badań

Dzięki analizie statystycznej można zinterpretować wyniki badań biologicznych oraz wyciągnąć właściwe wnioski, umożliwiające weryfikację hipotezy badawczej. Parametry statystyczne, które wykorzystuje się w prostej analizie wyników badań biologicznych, to: minimum, maksimum, zakres zmienności, dominanta, średnia, mediana oraz odchylenie standardowe.

1 Jak wyznaczyć minimum, maksimum, zakres zmienności i dominantę?

Minimum to najniższa wartość uzyskana w badanej próbie, a **maksimum** to najwyższa wartość. Zakres wartości między minimum a maksimum określa się mianem **zakresu zmienności**. Z kolei **dominanta** to wartość, która jest najczęstsza w badanej próbie.

Wyznaczenie minimum, maksimum, zakresu zmienności i dominanty w tabeli

Długość orzeszków [mm]	Liczba orzeszków
1,4	15
1,5	73
1,6	379
1,7	637
1,8	612
1,9	355
2	111
2,1	17
2,2	1

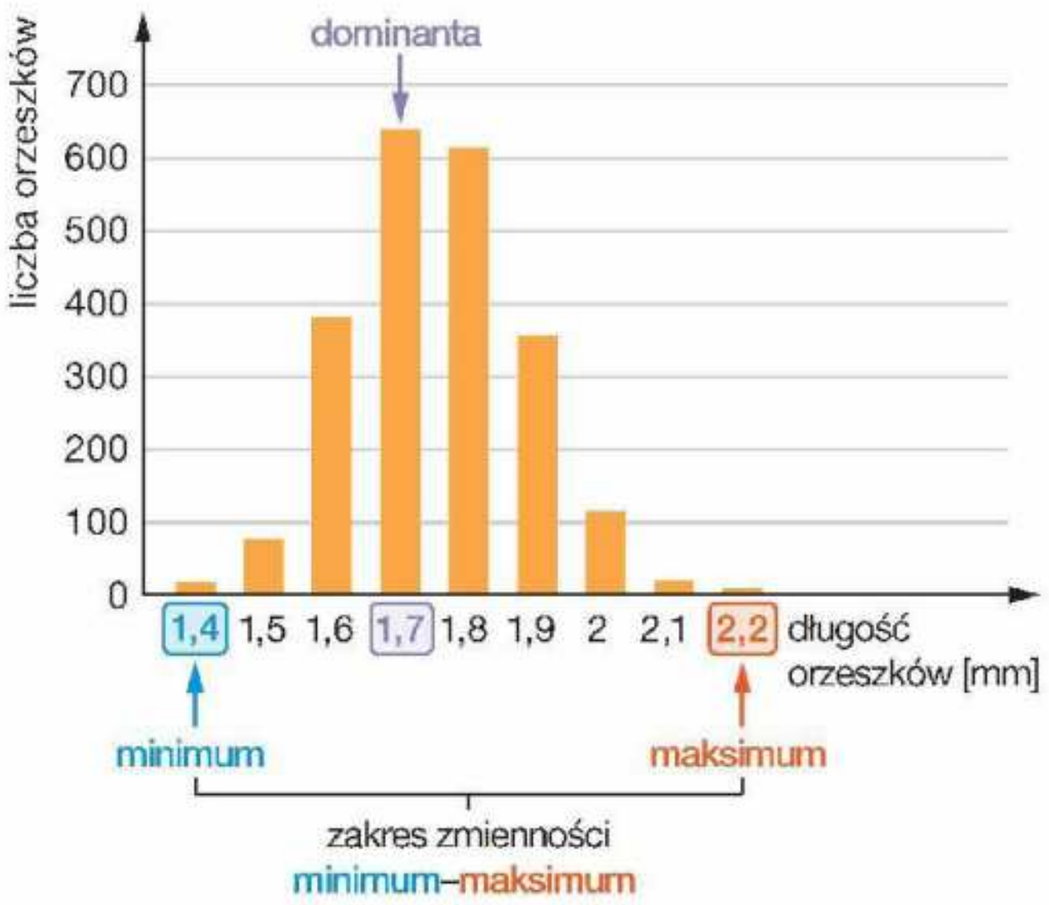
minimum – najniższy wynik

dominanta – najczęstszy wynik

maksimum – najwyższy wynik

zakres zmienności minimum–maksimum

Wyznaczenie minimum, maksimum, zakresu zmienności i dominanty na wykresie



2 Jak obliczyć średnią arytmetyczną i medianę?

W poniższej tabeli zebrano wyniki pomiarów wysokości ciała siedmiu dorosłych osób.

	Osoba 1	Osoba 2	Osoba 3	Osoba 4	Osoba 5	Osoba 6	Osoba 7
Wysokość ciała [cm]	160	162	202	163	167	160	161

Obliczanie średniej arytmetycznej

Aby obliczyć **średnią arytmetyczną**, zsumuj wartości wszystkich pomiarów, a następnie podziel otrzymaną sumę przez liczbę pomiarów.

$$\bar{x} = \frac{\textit{suma wartości wszystkich pomiarów}}{\textit{liczba pomiarów}}$$

$$\bar{x} = \frac{160 + 162 + 202 + 163 + 167 + 160 + 161}{7} = 167{,}86 \text{ cm}$$

Obliczanie mediany

Aby obliczyć **medianę**, uszereguj wartości pomiarów od najniższej do najwyższej:
160 cm, 160 cm, 161 cm, 162 cm, 163 cm, 167 cm, 202 cm.

Liczba pomiarów jest **nieparzysta**, czyli medianę stanowi wartość środkowa (**162 cm**).

Jeśli liczba pomiarów jest **parzysta**, to medianę oblicza się przez wyznaczenie średniej arytmetycznej z dwóch środkowych pomiarów.

Średnia arytmetyczna a mediana

W powyższym przykładzie wartość **średniej arytmetycznej** i wartość **mediany** różnią się od siebie. Wartość średniej arytmetycznej zależy od wartości każdego pomiaru w próbie, a wyniki skrajnie odbiegające od średniej (np. 202 cm) znacząco wpływają na wartość średniej (zwłaszcza gdy liczba pomiarów jest niewielka). Wartości skrajne nie mają natomiast wpływu na wartość mediany.

3 Jak obliczyć średnią ważoną?

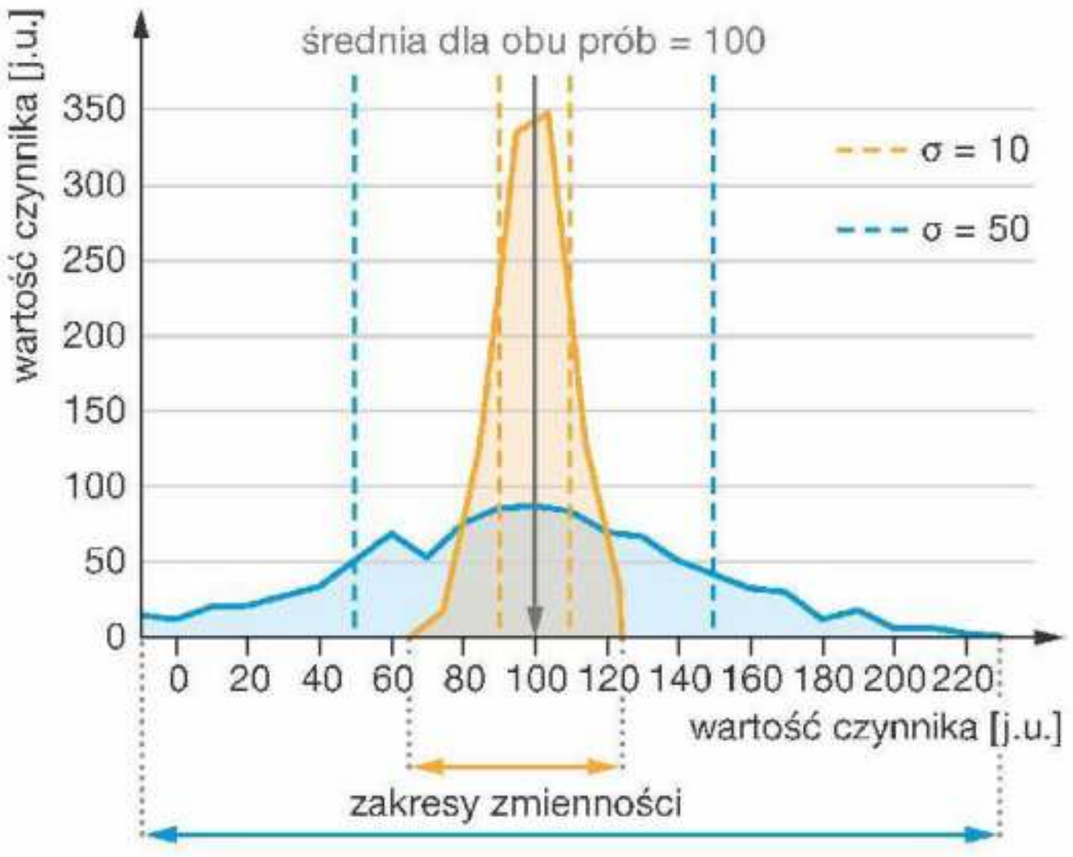
Aby obliczyć średnią ważoną, pomnóż wartości pomiarów przez ich wagi, a następnie zsumuj otrzymane liczby. Uzyskany wynik podziel przez sumę wag.

$$\textit{średnia ważona} = \frac{\textit{suma wartości pomiarów pomnożonych przez ich wagi}}{\textit{suma wag}}$$

4 Czym jest odchylenie standardowe?

Wartość **odchylenia standardowego** (sigma, σ) przedstawia, w jakim stopniu wyniki przeprowadzonych pomiarów odbiegają od wartości średniej arytmetycznej obliczonej na ich podstawie. Na przykład jeśli wartość odchylenia standardowego wynosi 10, to przyjmuje się, że ok. 2/3 wyników powinno znajdować się w przedziale między wynikami większymi o 10 od średniej arytmetycznej a wynikami mniejszymi o 10 od średniej arytmetycznej.

Jeśli próba liczy wiele pomiarów, to na podstawie tabeli trudno ocenić, czy wartości poszczególnych wyników są zbliżone do wartości średniej arytmetycznej. W takiej sytuacji wyniki badań warto przedstawić za pomocą wykresu. Poniższy wykres przedstawia dane z dwóch badań.



Wyniki obu badań (oznaczone na wykresie kolorami pomarańczowym i niebieskim) mają taką samą średnią arytmetyczną (100 j.u.):

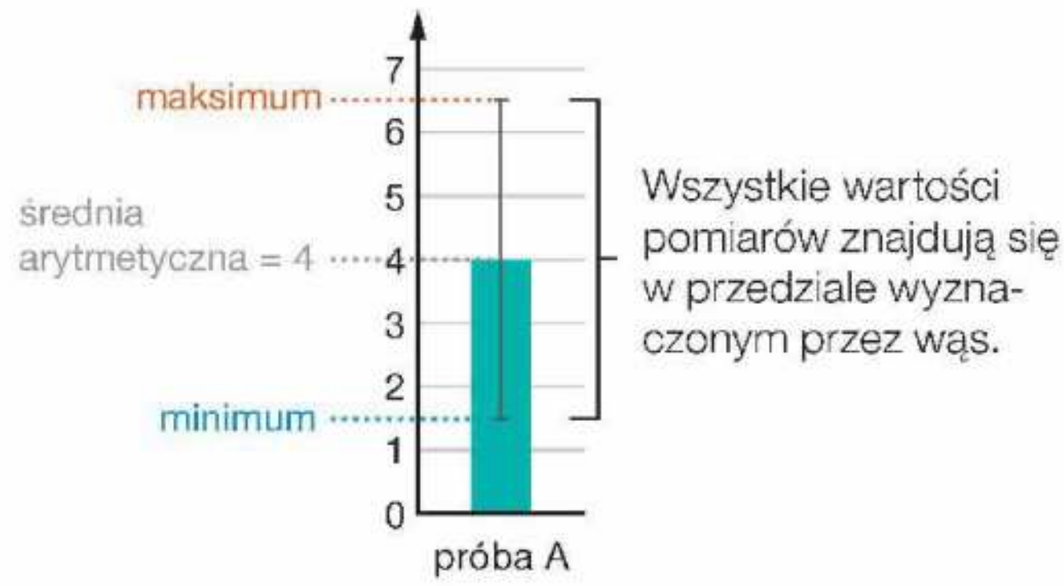
- **w próbie pomarańczowej** (o odchyleniu standardowym $\sigma = 10$) wartości pomiarów są zbliżone do wartości średniej – zakres zmienności (minimum–maksimum) jest wąski,
- **w próbie niebieskiej** (o odchyleniu standardowym $\sigma = 50$) wyniki pomiarów znacznie odbiegają od wartości średniej – zakres zmienności (minimum–maksimum) jest szerszy niż w próbie pomarańczowej.

5 Dlaczego na wykresach znajdują się słupki błędu (tzw. wąsy)?

Na wykresach często zaznacza się słupki błędu (tzw. wąsy). Są to pionowe linie zakończone poprzecznymi kreskami, odzwierciedlające zróżnicowanie wartości pomiarów w próbie. Wąsy mogą przedstawiać m.in. zakres zmienności lub odchylenie standardowe. Informację o tym, co oznaczają słupki błędu, znajdziesz w podpisie do schematu lub we wstępie do zadania.

Wąsy przedstawiające zakres zmienności

Dla analizowanej próby średnia arytmetyczna wynosi 4, minimum – 1,5, a maksimum – 6,5. Wąs obejmuje zakres zmienności, dlatego jest on zaznaczony między minimum a maksimum.



Wąsy przedstawiające odchylenie standardowe

Dla analizowanej próby średnia arytmetyczna wynosi 4, a odchylenie standardowe – 2,5. Wąs obejmuje przedział powyżej wartości średniej (+ 2,5) i poniżej wartości średniej (– 2,5).

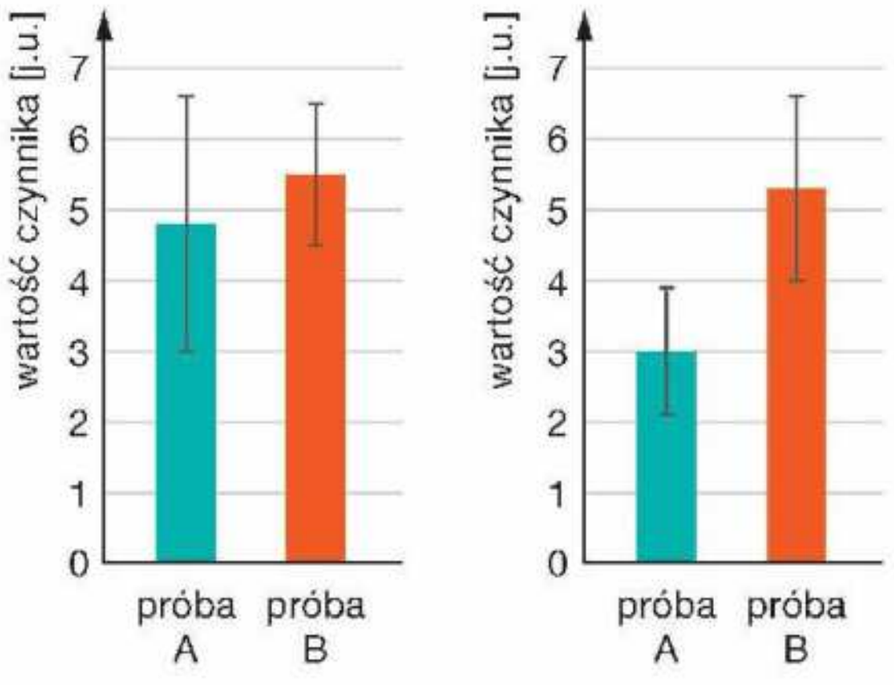


6 Jak interpretować odchylenie standardowe?

Analiza wartości liczbowej odchylenia standardowego

- **Wysoka wartość odchylenia standardowego** oznacza, że wartości pomiarów w próbie są oddalone od wartości średniej.
- **Niska wartość odchylenia standardowego** świadczy o tym, że wartości pomiarów w próbie są zbliżone do wartości średniej.

Analiza wykresu z wąsami wyznaczającymi odchylenie standardowe



Jeśli przedział wartości wskazany przez wąs w jednej próbie zazębia się (lub w pełni pokrywa) z przedziałem wskazanym przez wąs w drugiej próbie, to można stwierdzić, że **nie występują znaczące różnice** między wartościami uzyskanymi w obu próbach.

Jeśli wąsy w obu próbach nie pokrywają się, to można przypuszczać, że **występują znaczące różnice** między wartościami uzyskanymi w obu próbach.

Samouczek

Wykorzystanie analizy statystycznej do interpretacji wyników badań

Podczas badań terenowych zmierzono skrzydła 13 dorosłych kosów. Wyniki pomiarów zebrano w tabeli.

Długość skrzydła [mm]	120	127	134	131	126	133	136	120	134	121	128	129	132
Płeć	♀	♀	♂	♂	♀	♂	♂	♀	♂	♀	♀	♀	♂

Oblicz minimum, maksimum, zakres zmienności, średnią arytmetyczną, medianę oraz dominantę osobno dla samic i samców kosa. Następnie narysuj wykres przedstawiający zależność między średnią długością skrzydła a płcią, na którym uwzględnisz odchylenia standardowe (3,95 mm u samic i 1,75 mm u samców). Określ, czy schwytane samce i samice różnią się długością skrzydeł.

Krok 1

Oblicz parametry statystyczne dla samic.
Uszereguj wartości rosnąco: 120 mm, 120 mm, 121 mm, 126 mm, 127 mm, 128 mm, 129 mm.
Minimum (najmniejsza wartość w próbie): 120 mm.
Maksimum (największa wartość w próbie): 129 mm.
Zakres zmienności: między 120 mm a 129 mm.
Średnia arytmetyczna:

$$\overline{x} = \frac{120 + 120 + 121 + 126 + 127 + 128 + 129}{7} = 124{,}4 \text{ mm}$$

Mediana (wartość środkowa – liczba pomiarów w próbie jest nieparzysta): 126 mm.
Dominanta (najczęstsza wartość): 120 mm.

Krok 2

Oblicz parametry statystyczne dla samców.
Uszereguj wartości rosnąco: 131 mm, 132 mm, 133 mm, 134 mm, 134 mm, 136 mm.
Minimum (najmniejsza wartość w próbie): 131 mm.
Maksimum (największa wartość w próbie): 136 mm.
Zakres zmienności: między 131 mm a 136 mm.
Średnia arytmetyczna:

$$\overline{x} = \frac{131 + 132 + 133 + 134 + 134 + 136}{6} = 133{,}3 \text{ mm}$$

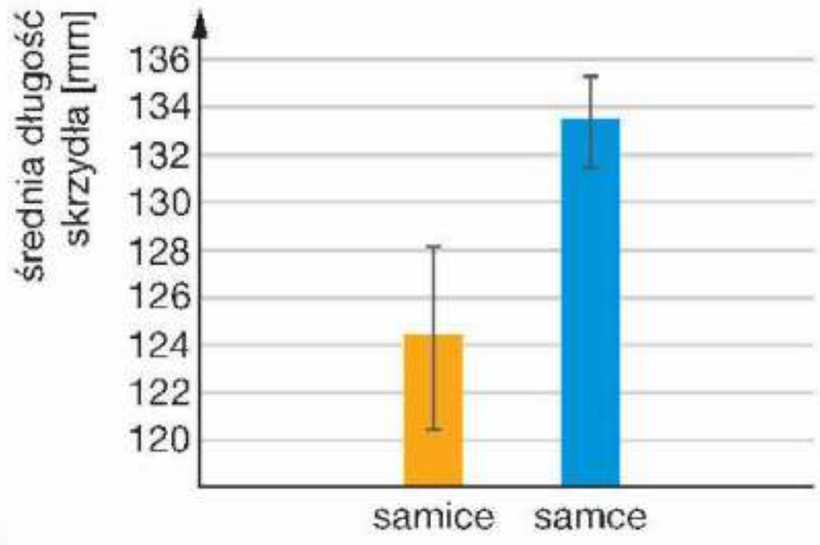
Mediana (średnia z dwóch wartości środkowych – liczba pomiarów w próbie jest parzysta):

(133 + 134) : 2 = 133,5 mm

Dominanta (najczęstsza wartość): 134 mm.

Krok 3

Narysuj wykres słupkowy przedstawiający zależność między średnią długością skrzydła a płcią. Dorysuj wąsy odchylenia standardowego – od szczytu każdego ze słupków poprowadź dwie linie o długości odpowiadającej wartości odchylenia standardowego dla danej płci. Przeanalizuj skonstruowany wykres i sformułuj odpowiedź.



Wskazówka:
Wąsy, które wyznaczają odchylenie standardowe w obu próbach, nie pokrywają się – można zatem przypuszczać, że wśród kosów występują różnice między długością skrzydeł u samic a długością skrzydeł u samców.

Odpowiedź:
Samce i samice schwytanych kosów różnią się długością skrzydeł.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij różnicę między zakresem zmienności a odchyleniem standardowym.
2. Podaj nazwę parametru statystycznego, który określa najczęstszą wartość w próbie.

3.3. Mutacje

Ważne w tym temacie!

- czynniki mutagenne, rodzaje mutacji i ich skutki
- mutacje jako przyczyny transformacji nowotworowej komórek

Mianem **mutacji** określa się trwałe zmiany w materiale genetycznym, które powstają nagle, samoistnie lub na skutek działania różnych czynników. Mają one charakter przypadkowy i bezkierunkowy, dlatego większość z nich jest niekorzystna dla organizmów.

Mutacje dzieli się ze względu na:

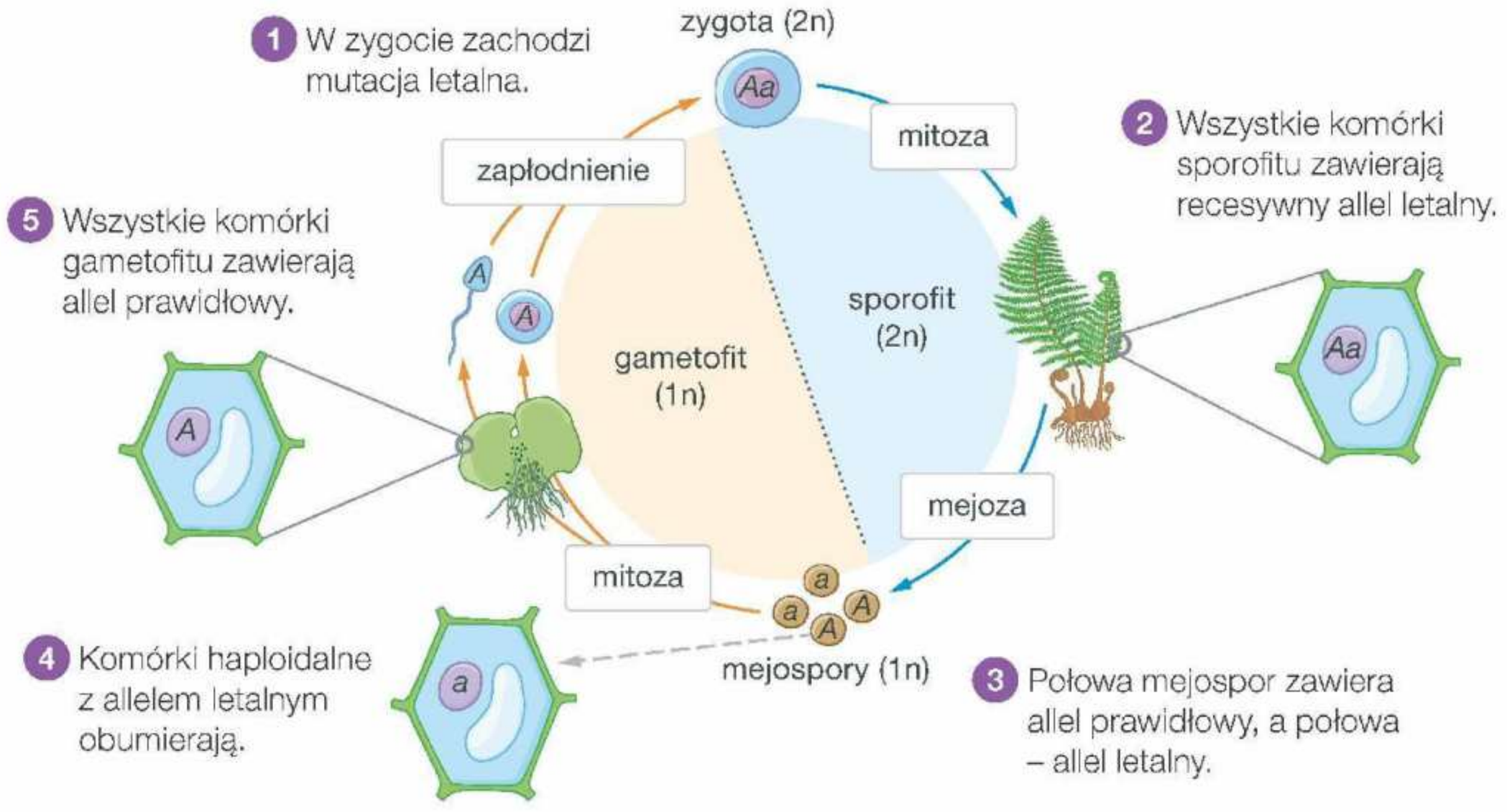
- rodzaj komórek, w których dochodzi do zmiany,
- przyczynę zmian,
- poziom organizacji materiału genetycznego, w którym zachodzą zmiany.

Mutacje somatyczne i generatywne

Mutacje somatyczne zachodzą w DNA komórek somatycznych. U organizmów wielokomórkowych, które nie mają zdolności rozmnażania bezpłciowego i wytwarzają odrębną linię komórek płciowych, mutacje takie nie są dziedziczne, a ich efekty dotyczą jedynie osobnika, u którego wystąpiły. Większość mutacji somatycznych (również letalnych) jest nieszkodliwa dla organizmu, ponieważ dotyczy pojedynczych komórek. Wyjątkiem są zmiany w DNA, które prowadzą do rozwoju nowotworów (→ s. 118).

Mutacje letalne u roślin

W cyklu rozwojowym roślin zachodzi przemiana pokoleń – diploidalnego sporofitu oraz haploidalnego gametofitu. Heterozygotyczne komórki sporofitu zawierające recesywne allele letalne są całkowicie żywotne, ponieważ mają prawidłowe allele dominujące. Jednak w haploidalnym pokoleniu gametofitu większość recesywnych alleli letalnych jest eliminowana z populacji przez dobór naturalny.



W przypadku organizmów wielokomórkowych wykazujących zdolność rozmnażania bezpłciowego (np. roślin czy niektórych bezkręgowców) mutacje somatyczne mogą być dziedziczne – ich efekty dotyczą zarówno osobnika rodzicielskiego, jak i osobników potomnych.

Mutacje generatywne to zmiany zachodzące w DNA komórek płciowych (rozrodczych). Mutacje te są dziedziczne – mogą zostać przekazane osobnikom następnego pokolenia, u których wystąpią we wszystkich komórkach organizmu. Wiele mutacji generatywnych to mutacje szkodliwe.

Mutacje spontaniczne i indukowane

Mutacje spontaniczne to zmiany w materiale genetycznym spowodowane nieprawidłowościami pojawiającymi się podczas replikacji DNA. Chociaż proces replikacji jest bardzo precyzyjny, w jego trakcie zdarzają się pomyłki, np. w postaci błędnie wstawionego nukleotydu. Większość pomyłek jest usuwana dzięki zdolnościom naprawczym polimeraz DNA (→s. 21).

Mutacje indukowane to zmiany w materiale genetycznym, które powstają w wyniku oddziaływania na komórkę określonego czynnika fizycznego, chemicznego lub biologicznego, nazywanego **czynnikiem mutagennym** lub **mutagenem**. Pod wpływem czynników mutagennych następują m.in.:

- modyfikacje lub uszkodzenia zasad azotowych, co prowadzi do powstawania błędów podczas replikacji,
- pęknięcia nici DNA, co może prowadzić do zmian w strukturze chromosomów,
- nieprawidłowości w przebiegu podziałów komórkowych, np. podczas rozchodzenia się chromosomów do komórek potomnych.

Rodzaje czynników mutagennych

Grupa czynników mutagennych	Przykład czynnika mutagennego	Źródło czynnika mutagennego
Czynniki fizyczne	promieniowanie jonizujące (np. promieniowanie rentgenowskie, promieniowanie gamma)	odpady radioaktywne, awarie reaktorów jądrowych, aparat rentgenowski
	promieniowanie ultrafioletowe (UVA, UVB, UVC)	światło słoneczne
Czynniki chemiczne	kwas azotowy(III) – HNO_2	środki konserwujące w produktach spożywczych, np. azotan(III) sodu
	benzopiren	dym tytoniowy, spaliny samochodowe
	aflatoksyna	grzyby powodujące pleśnienie produktów spożywczych (np. orzeszków ziemnych)
	reaktywne formy tlenu (np. nadtlenek wodoru)	procesy metaboliczne (np. łańcuch oddechowy) oraz stres oksydacyjny (stan zaburzenia homeostazy w organizmie, związany z nagromadzeniem w komórkach nadmiaru wolnych rodników tlenowych wskutek m.in. infekcji, zatrucia toksynami, napromieniowania)
	kolchicyna	alkaloid występujący w zimowicie jesiennym, roślinie stosowanej w leczeniu m.in. artretyzmu i niektórych nowotworów
Czynniki biologiczne	wirus zapalenia wątroby typu B (HBV), wirus brodawczaka ludzkiego (HPV)	zakażenie czynnikiem chorobotwórczym, np. przez krew

Mutacje genowe

Mutacje genowe (mutacje punktowe) polegają na zmianie kolejności lub liczby nukleotydów w genie. Rozpatrując mutacje na poziomie DNA, wyróżnia się:

- substytucje, które dodatkowo można podzielić na tranzycje i transwersje,
- delecje,
- insercje.

Mutacje genowe mogą nie mieć wpływu na powstające białko lub mogą prowadzić do powstawania białka o nieprawidłowej strukturze, które nie spełnia swojej funkcji w organizmie. Dlatego rozpatrując mutacje na poziomie zmian w składzie aminokwasowym białka kodowanego przez dany gen, wyróżnia się:

- mutacje synonimiczne,
- mutacje zmiany sensu,
- mutacje nonsensowne,
- mutacje zmiany ramki odczytu.

W wyniku mutacji genowych powstają nowe allele genów, a ich efekty fenotypowe są bardzo zróżnicowane. Mogą to być poważne zmiany dotyczące całych narządów lub mało istotne zmiany niewpływające na funkcjonowanie organizmu. Efekty te zależą od charakteru mutacji, a także od roli produktu zmutowanego genu w organizmie.

Rodzaje mutacji genowych ze względu na efekt w DNA

Ze względu na efekt powodowany w DNA wśród mutacji genowych wyróżnia się substytucje, delecje i insercje.

Substytucje

Substytucje polegają na zastąpieniu jednej pary zasad azotowych inną parą zasad azotowych. W zależności od tego, jakie zasady są zamieniane, substytucje dzielą się na **tranzycje** i **transwersje**.



Tranzycje polegają na zamianie zasady purynowej na inną zasadę purynową (A ⇔ G) lub zamianie zasady pirymidynowej na inną zasadę pirymidynową (C ⇔ T).



Transwersje polegają na zamianie zasady purynowej na zasadę pirymidynową lub odwrotnie (np. A ⇔ T lub G ⇔ C).

Delecje



Delecje polegają na utracie jednej pary nukleotydów lub większej liczby par nukleotydów.

Insercje

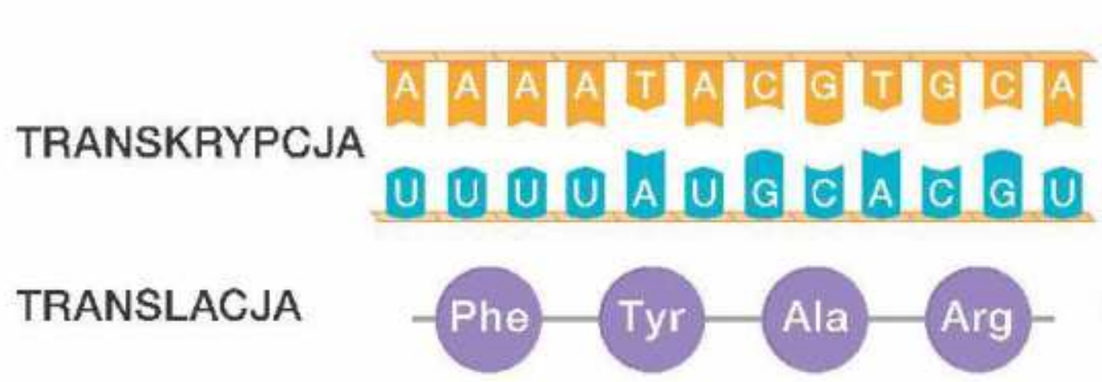


Insercje polegają na wstawieniu jednej dodatkowej pary nukleotydów lub większej liczby par nukleotydów.

Rodzaje mutacji genowych ze względu na efekt w białku

Ze względu na efekt w białku wyróżnia się mutacje: synonimiczną, zmiany sensu, nonsensowną oraz zmiany ramki odczytu.

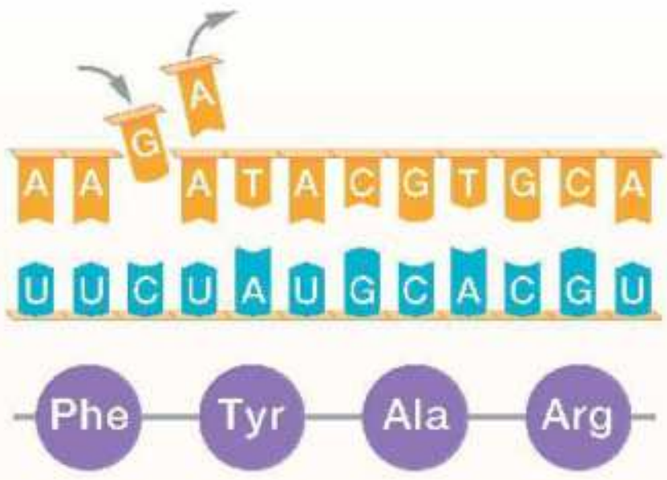
Prawidłowa sekwencja DNA, mRNA i aminokwasów w białku



Prawidłowa sekwencja nici matrycowej DNA.

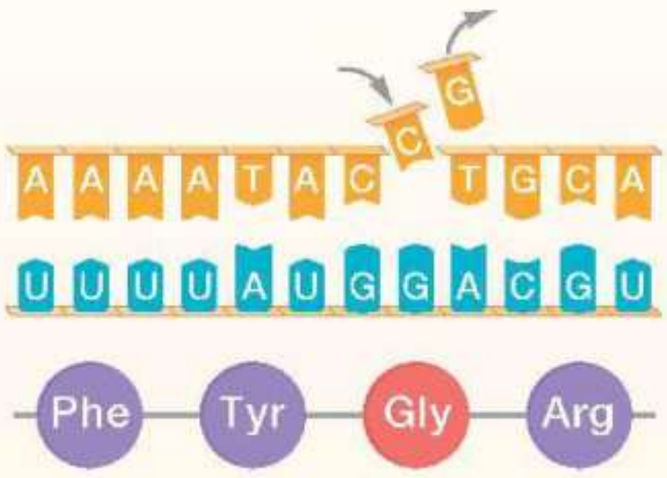
Cząsteczka mRNA powstała w wyniku transkrypcji.

Łańcuch aminokwasów powstały w wyniku translacji.



■ Mutacja synonimiczna (milcząca)

Wymiana nukleotydu nie powoduje żadnych zmian, ponieważ nowa sekwencja nukleotydów oznacza dalej ten sam aminokwas.



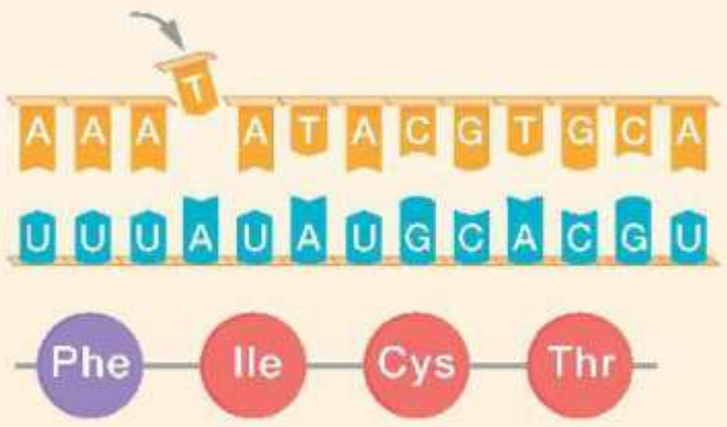
■ Mutacja zmiany sensu

Na skutek wymiany nukleotydu w kodonie kodon ten oznacza zupełnie inny aminokwas. Taka zmiana może niekorzystnie wpływać na strukturę i funkcję białka.



■ Mutacja nonsensowna

Po zamianie jednego nukleotydu na inny kodon oznacza trójkę nonsensowną (kodon STOP). Synteza białka zostaje przerwana, a wyprodukowane białko może być nieaktywne.



■ Mutacja zmiana ramki odczytu

Wstawienie lub utrata innej liczby nukleotydów niż trzy (albo wielokrotność trzech) powoduje zmianę w odczytywaniu kodonów (począwszy od miejsca mutacji). Prowadzi to do wstawienia nieodpowiednich aminokwasów.

Podział mutacji chromosomowych

Mutacje chromosomowe		
strukturalne	liczbowe	
	aneuploidie	poliploidie (euploidie)
• duplikacje • inwersje • delecje • translokacje	• monosomie • trisomie	• autopoliploidy • allopoliploidy

Mutacje chromosomowe

Mutacje chromosomowe (aberracje chromosomowe) to wszelkie zmiany w strukturze lub liczbie chromosomów.

Mutacje chromosomowe strukturalne

Mutacje chromosomowe strukturalne powstają w wyniku pęknięcia chromatydy lub chromosomu w jednym lub w dwóch miejscach oraz łączenia się powstałych odcinków w układzie innym niż układ wyjściowy.

W obrębie mutacji chromosomowych strukturalnych wyróżnia się duplikacje, delecje, inwersje i translokacje (→ s. 115).

Mutacje chromosomowe liczbowe

Ten rodzaj mutacji dotyczy zmian w liczbie chromosomów. Przyczyną mutacji chromosomowych liczbowych są zaburzenia rozdziału chromosomów w trakcie mitozy lub mejozy. Mutacje liczbowe dzieli się na:

- **aneuploidie** – mutacje dotyczące zmiany liczby chromosomów w obrębie jednej pary. Wyróżnia się wśród nich m.in. **trisomie** (2n + 1) oraz **monosomie** (2n – 1). Przyczyną powstawania takich mutacji jest **nondysjunkcja**, czyli nierozdzielenie się chromosomów homologicznych lub chromatyd siostrzanych w czasie mejozy. Powstają wówczas gamety o zmienionej liczbie chromosomów, np. **1n + 1** lub **1n – 1**. Gdy połączą się one z gametami o prawidłowej liczbie chromosomów (**1n**), powstają zygoty **2n + 1** lub **2n – 1**;
- **poliploidie (euploidie)** – mutacje polegające na **poliploidyzacji**, czyli zwielokrotnieniu całych genomów. Genotyp organizmów poliploidalnych określa się jako 3n, 4n, 5n... Przyczyną tych mutacji jest brak rozdziału chromosomów oraz proces **endomitozy**, polegający na wielokrotnej replikacji DNA bez jednoczesnego podziału komórki. Poliploidyzacja u większości zwierząt prowadzi do śmierci, natomiast u roślin może powodować wiele korzystnych zmian.

Wśród organizmów poliploidalnych wyróżnia się autopoliploidy i allopoliploidy. **Autopoliploidy** mają zwielokrotniony własny genom. Z kolei **allopoliploidy** powstają najczęściej wskutek podwojenia liczby chromosomów u mieszańców międzygatunkowych.



Pszenżyto (6n) jest przykładem allopoliploida, w którego komórkach znajdują się genomy pochodzące od dwóch różnych gatunków: żyta zwyczajnego (2n) oraz jednego z gatunków pszenicy (4n).

Liczba chromosomów u różnych typów aneuploidów (przykładowy prawidłowy kariotyp stanowią 4 pary chromosomów: 2n = 8)

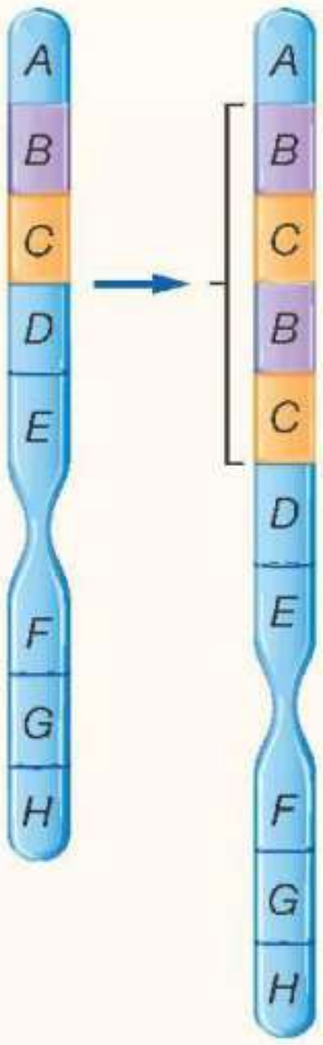
Typ organizmu aneuploidalnego	Charakterystyka efektu mutacji	Kariotyp	Liczba chromosomów po mutacji
Trisomik	jeden dodatkowy chromosom	2n + 1	9
Monosomik	brak jednego chromosomu	2n – 1	7

Mutacje chromosomowe strukturalne

Mutacje chromosomowe strukturalne powstają na skutek pękania chromosomów, a następnie błędnego łączenia się ich fragmentów.

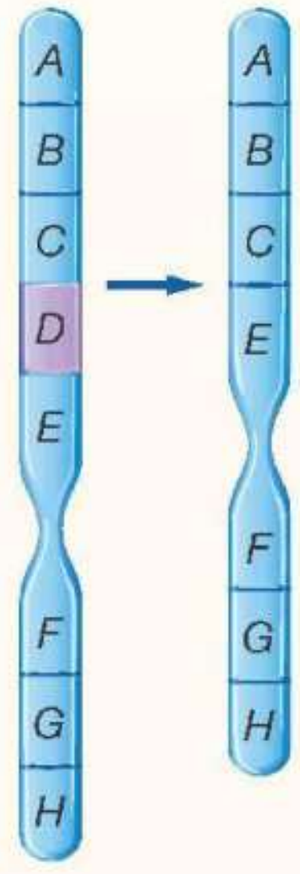
Duplikacje

Polegają na podwojeniu fragmentu chromosomu, co wiąże się z podwojeniem liczby genów.



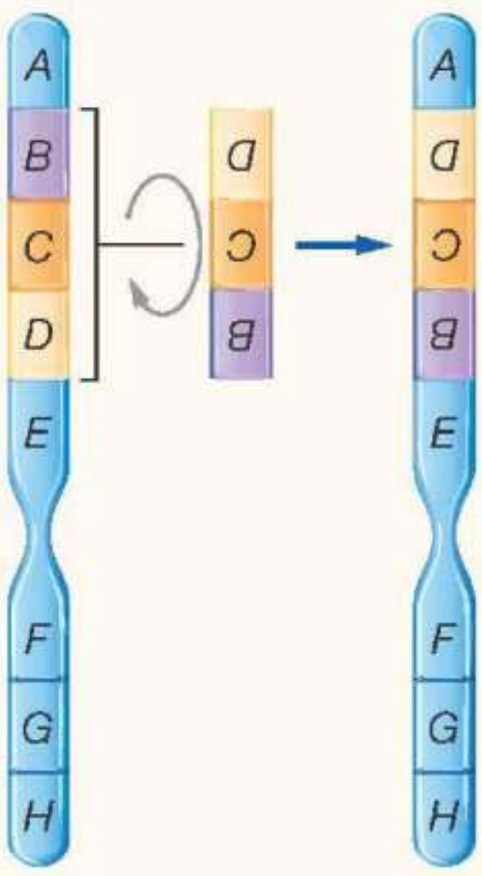
Delecje

Polegają na utracie fragmentu chromosomu, co wiąże się z utratą genów.



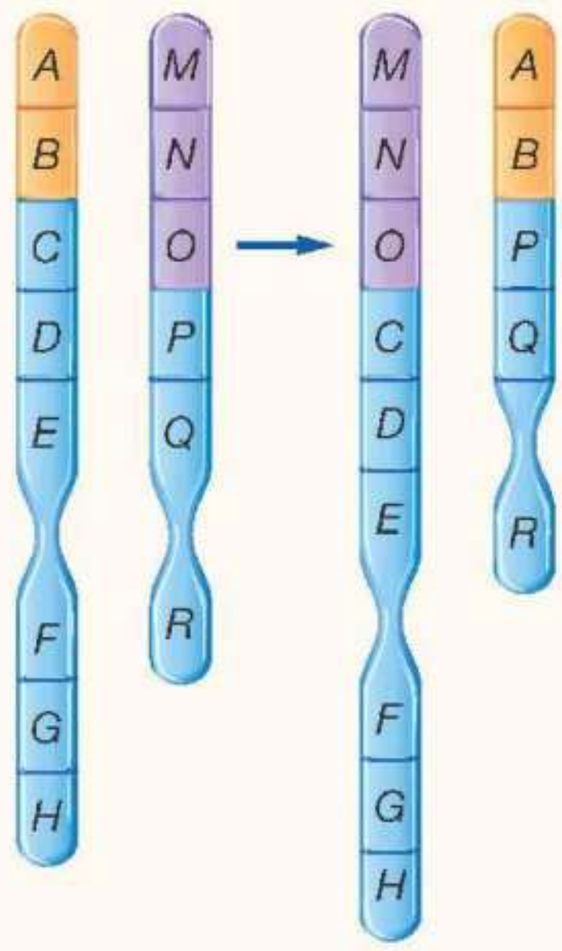
Inwersje

Polegają na odwróceniu fragmentu chromosomu. Występują wtedy, gdy chromosom pęka w dwóch miejscach, a oderwany odcinek, po odwróceniu o 180°, zostaje ponownie przyłączony.



Translokacje

Polegają na przeniesieniu fragmentu chromosomu na inny chromosom niehomologiczny lub na wymianie fragmentów między chromosomami niehomologicznymi.

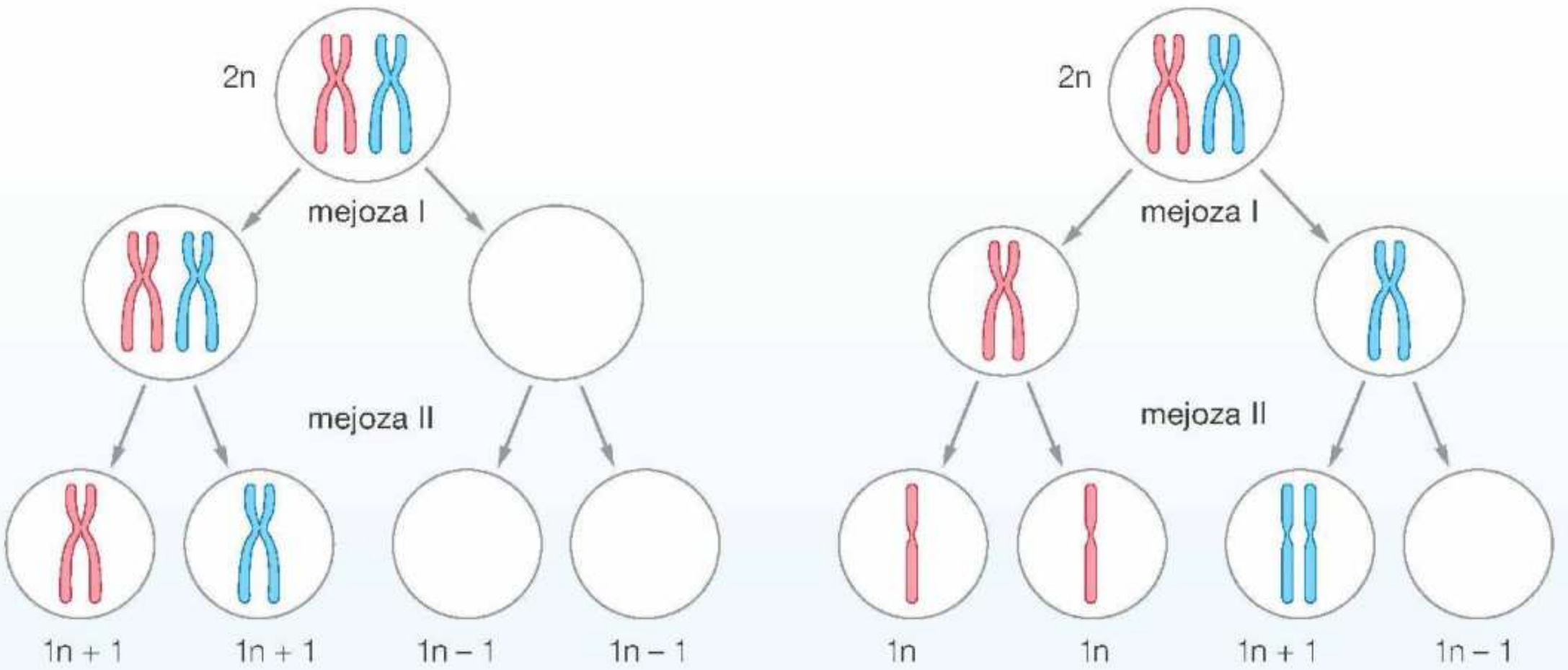


Mutacje chromosomowe liczbowe

Mutacje chromosomowe liczbowe powstają zwykle na skutek nondysjunkcji (nierozdzielenia się) chromosomów w trakcie podziałów mejotycznych.

Aneuploidie

Są to mutacje dotyczące zmiany liczby chromosomów w obrębie jednej pary.

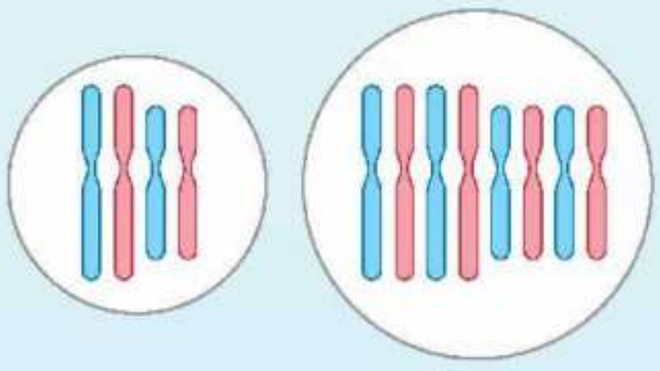


- Jeśli w procesie zapłodnienia gameta zawierająca jeden dodatkowy chromosom (1n + 1) połączy się z gametą prawidłową (1n), to zygota będzie miała 47 chromosomów. Taka mutacja nosi nazwę **trisomii**.
- Jeśli w procesie zapłodnienia gameta zawierająca o jeden chromosom mniej (1n – 1) połączy się z gametą prawidłową (1n), to zygota będzie miała 45 chromosomów. Taka mutacja nosi nazwę **monosomii**.

Poliploidie (euploidie)

Są to mutacje polegające na poliploidyzacji, czyli zwielokrotnieniu całych genomów.

Poliploidalność polega na zwielokrotnieniu całych genomów (np. 3n, 4n, 5n...). Poliploidy są częste u roślin (zarówno dziko rosnących, jak i uprawnych), natomiast rzadko występują u zwierząt.



Komórka diploidalna (2n). Komórka tetraploidalna (4n).



Poliploidalne odmiany roślin są cenione m.in. w sadownictwie, ponieważ wytwarzają znacznie większe owoce niż odmiany diploidalne.

Podział mutacji ze względu na ich skutki

Niektóre mutacje nie pociągają za sobą żadnych skutków fenotypowych – z tego powodu noszą one nazwę **mutacji neutralnych** (obojętnych). Brak widocznych efektów wynika z faktu, że część mutacji neutralnych stanowią mutacje synonimiczne (związane z degeneracją kodu genetycznego) bądź mutacje, które dotyczą niekodującej lub pozagenowej części genomu.

Wiele mutacji powoduje **niekorzystne zmiany fenotypowe**. Należą do nich:

- **mutacje letalne**, które stanowią bezpośrednią przyczynę śmierci osobników,
- **mutacje subletalne**, które wywołują określone zmiany chorobowe, powodujące przedwczesną śmierć lub zmniejszenie zdolności rozrodczych.

Stosunkowo rzadko występują **mutacje korzystne**. Odpowiadają one za powstanie nowych cech osobnika, zwiększających jego zdolności przystosowawcze, a tym samym – szanse przeżycia w zmiennych warunkach środowiska. Możliwość przekazywania potomstwu korzystnych genów – a więc i korzystnych cech – pozwala na ewoluowanie organizmów.

Skutki mutacji należy odnosić do określonych warunków środowiska, ponieważ niektóre mutacje neutralne lub subletalne mogą okazać się korzystne – np. w innym klimacie lub odmiennym siedlisku.

Skutki mutacji

Ze względu na efekt fizjologiczny skutkiem mutacji może być m.in.:

- utrata przez białko zdolności pełnienia funkcji fizjologicznych, co prowadzi do powstawania chorób genetycznych;
- nabycie funkcji, czyli uzyskanie przez białko nietypowej aktywności. Prowadzi to np. do nadmiernej ekspresji genów biorących udział w regulacji cyklu komórkowego, co powoduje niekontrolowane podziały, a tym samym – rozwój nowotworu.

Transformacja nowotworowa

Transformacja nowotworowa to przemiana prawidłowych komórek w komórki nowotworowe, które tworzą nieprawidłową tkankę, zwaną **nowotworem**. Nowotwór może powstawać z każdej tkanki, której komórki zachowały zdolność podziałową. Z tego powodu nowotwory nie powstają np. z dojrzałych neuronów czy włókien mięśniowych.

Do podstawowych cech komórek nowotworowych należą:

- niski poziom dojrzałości i zróżnicowania,
- liczne zaburzenia morfologiczne i fizjologiczne,
- zdolność unikania apoptozy,
- zdolność tworzenia przerzutów,
- zdolność do niekontrolowanych podziałów.

Choroby nowotworowe klasyfikuje się jako choroby genetyczne, ponieważ przyczyną transformacji nowotworowej jest nagromadzenie się mutacji w komórkach organizmu. Najistotniejsze są mutacje w genach odpowiedzialnych za regulację cyklu komórkowego. Wyróżnia się dwie główne grupy tych genów: protoonkogeny oraz geny supresorowe (→ s. 118).

Podział mutacji ze względu na ich skutki

Rodzaje mutacji ze względu na ich skutki

mutacje neutralne	mutacje niekorzystne	mutacje korzystne
• Nie mają skutków dla funkcjonowania organizmu. • Prowadzą do polimorfizmu genowego, np. powstawania alleli wielokrotnych.	• Mają niekorzystne skutki dla funkcjonowania organizmu. • Należą do nich m.in. mutacje letalne, które stanowią bezpośrednią przyczynę śmierci osobników.	• Odpowiadają za powstanie nowych cech zwiększających zdolności przystosowawcze osobnika, a tym samym możliwość jego przeżycia w zmieniającym się środowisku. • Mają duże znaczenie ewolucyjne.

Protoonkogeny

Protoonkogeny to geny, które biorą udział w procesach wzrostu, różnicowania się i podziału komórek. Na skutek mutacji protoonkogeny ulegają przekształceniu w **onkogeny**, których produkty prowadzą do transformacji nowotworowej komórek. Przykładem protoonkogenu jest gen *RAS*. Mutacja zwiększająca jego aktywność występuje m.in. w białaczce, raku płuc, raku jelita grubego czy raku trzustki.

Geny supresorowe

Geny supresorowe kodują białka, które zatrzymują podziały komórek obarczonych mutacjami. W ten sposób zabezpieczają genom przed powielaniem i utrzymywaniem błędów genetycznych w jego obrębie. Mutacje zachodzące w genach supresorowych powodują, że komórki dzielą się intensywnie mimo licznych uszkodzeń genomu. Przykładem genu supresorowego jest gen *TP53*, który uczestniczy w procesach naprawy DNA oraz prowadzi do apoptozy uszkodzonych komórek. Mutacje genu *TP53* występują w ponad połowie ludzkich nowotworów.

Choroby nowotworowe

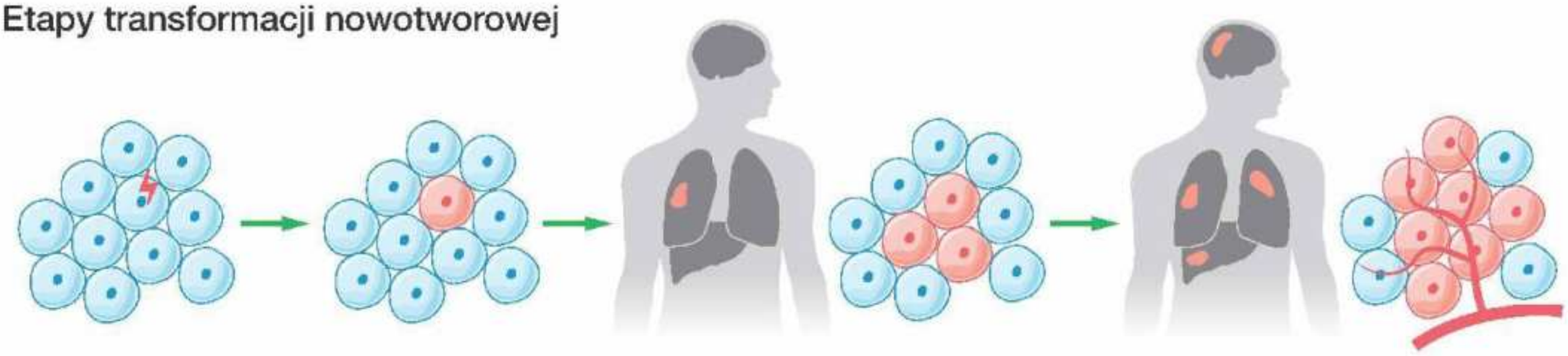
Większość chorób nowotworowych (ok. 90%) występuje w **postaci sporadycznej**. Oznacza to, że mutacje warunkujące rozwój nowotworu znajdują się wyłącznie w komórkach zmienionej nowotworowo tkanki. Pozostałe choroby nowotworowe (ok. 10%) występują w **postaci dziedzicznej** i są dziedziczone zgodnie z prawami Mendla.

W nowotworach dziedzicznych pierwsza mutacja zachodzi w komórce linii płciowej któregoś z rodziców. Następnie – w wyniku zapłodnienia – przechodzi ona do zygoty, po czym zostaje przekazana wszystkim komórkom organizmu potomnego.

Do dziedzicznych chorób nowotworowych należą np.:

- dziedziczny rak piersi i jajnika, który jest spowodowany m.in. mutacjami genów supresorowych *BRCA1* i *BRCA2*,
- siatkówczak (retinoblastoma), czyli nowotwór wewnątrzgałkowy rozwijający się u dzieci, spowodowany przede wszystkim mutacjami w genie supresorowym *RB1*.

Etapy transformacji nowotworowej



1. Uszkodzenie DNA na skutek mutacji prowadzi do zmiany informacji genetycznej.
2. Mutacje kumulują się w kolejnych podziałach, co prowadzi do utraty kontroli nad cyklem komórkowym i powstania komórki nowotworowej.
3. Komórki ze zmienioną informacją genetyczną namnażają się. W efekcie powstaje guz.
4. Guz rozrasta się i może tworzyć przerzuty do innych tkanek.

Polecenia kontrolne

1. Napisz, w jaki sposób zostanie zmieniona cząsteczka białka zbudowana ze 110 aminokwasów, jeśli w kodującym ją genie wystąpią następujące zmiany:
   a. utrata fragmentu genu obejmującego pary nukleotydów 10–15,
   b. utrata fragmentu genu obejmującego pary nukleotydów 25–28,
   c. wstawienie fragmentu genu zbudowanego z 12 par nukleotydów.
2. Określ, na czym polega różnica między aneuploidią a euploidią.
3. Opisz etapy powstawania nowotworu.

3.4. Choroby jednogenowe

Ważne w tym temacie!

- zasady konstruowania i analizy rodowodów
- podłoże genetyczne chorób jednogenowych człowieka (fenyloketonurii, mukowiscydozy, choroby Huntingtona, daltonizmu i hemofilii)

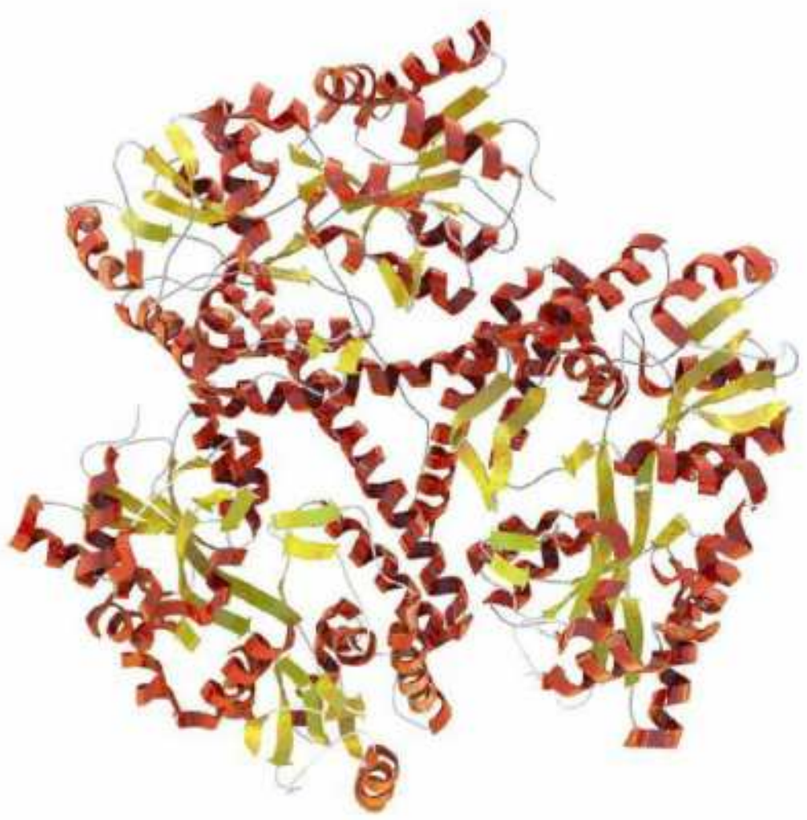
Najwięcej znanych chorób genetycznych występujących u człowieka należy do chorób jednogenowych (punktowych), spowodowanych mutacjami w pojedynczym genie. W zależności od choroby mutacje te występują m.in. w genach kodujących białka enzymatyczne, transportujące, strukturalne bądź regulatorowe.

Rodzaje chorób jednogenowych

Większość chorób jednogenowych jest związana z wystąpieniem mutacji w DNA jądrowym. Ze względu na lokalizację wadliwego genu choroby jednogenowe dzieli się na:

- **choroby autosomalne** (niesprzężone z płcią) – związane z mutacjami genów na autosomach,
- **choroby sprzężone z płcią** – związane z mutacjami genów znajdujących się na chromosomach płci, najczęściej na chromosomie X.

W zależności od sposobu dziedziczenia allelu powodującego chorobę wśród obu tych rodzajów chorób wyróżnia się:



Przykładem skutku mutacji genowej jest wytwarzanie zmutowanego białka huntingtyny, które powoduje postępujące niszczenie komórek nerwowych. Prowadzi to do choroby Huntingtona, zaliczanej do chorób jednogenowych autosomalnych dominujących (→ s. 122).

- **choroby recesywne** – nieprawidłowy allel dziedziczy się recesywnie,
- **choroby dominujące** – nieprawidłowy allel dziedziczy się dominująco.

Podział chorób i zaburzeń jednogenowych człowieka

Choroby i zaburzenia jednogenowe człowieka

autosomalne

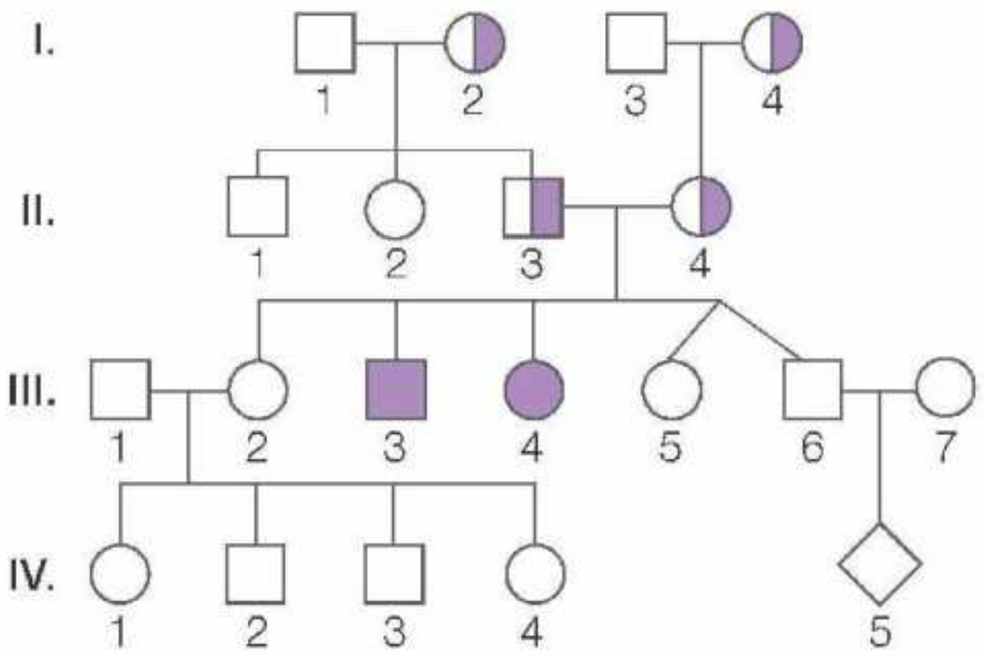
recesywne	dominujące
A – prawidłowy allel a – zmutowany allel • Ujawniają się u homozygot recesywnych (muszą być dwa zmutowane allele). • Przykłady: – fenyloketonuria, – mukowiscydoza.	A – zmutowany allel a – prawidłowy allel • Ujawniają się u homozygot dominujących i heterozygot (wystarcza jeden zmutowany allel). • Przykład: – choroba Huntingtona.

sprzężone z chromosomem X

recesywne	dominujące
X^A – prawidłowy allel X^a – zmutowany allel • U mężczyzn ujawniają się wtedy, gdy jest jeden zmutowany allel, a u kobiet – gdy są dwa zmutowane allele. • Przykłady: – hemofilia, – daltonizm.	X^A – zmutowany allel X^a – prawidłowy allel • U mężczyzn ujawniają się wtedy, gdy jest jeden zmutowany allel, a u kobiet – gdy są jeden lub dwa zmutowane allele. • Występują rzadziej od pozostałych chorób.

Zasady konstruowania rodowodów

Diagnostyka chorób jednogenowych obejmuje m.in. analizę rodowodu genetycznego pacjenta, czyli graficznego przedstawienia informacji uzyskanych podczas wywiadu rodzinnego.



Podstawowe symbole stosowane w rodowodach:

- osoba płci żeńskiej
- osoba płci męskiej
- osoba nieznanej płci
- rodzice
- potomstwo (rodzeństwo)
- bliźnięta
- osoby chore
- nosiciele
- nosicielka choroby sprzężonej z płcią

Podstawowe zasady konstruowania rodowodów:

- najstarsze pokolenie umieszcza się na górze rodowodu, a najmłodsze – na dole,
- kolejne pokolenia rodowodu numeruje się cyframi rzymskimi,
- członków tego samego pokolenia zaznacza się w jednej linii,
- kolejne osoby w danym pokoleniu numeruje się cyframi arabskimi.

Choroby dziedziczone autosomalnie recesywnie

Objawy chorób autosomalnych recesywnych występują tylko u homozygot recesywnych, czyli u osób mających dwa wadliwe recesywne allele genu. U heterozygot, u których tylko jedna wersja genu jest wadliwa, efekty szkodliwej mutacji się nie ujawniają. Dzieje się tak, ponieważ druga, prawidłowa wersja genu zapewnia syntezę właściwego białka.

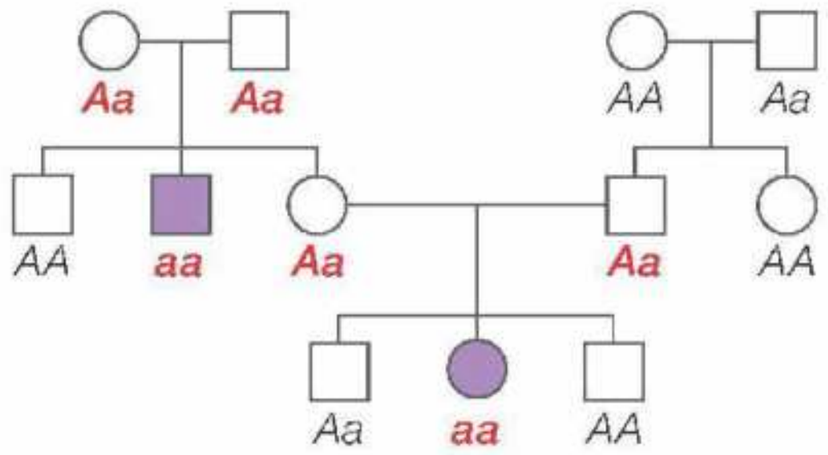
Krzyżówka przedstawiająca sposób dziedziczenia autosomalnego recesywnego

Genotypy rodziców: *Aa* x *Aa*
Genotypy gamet rodziców: *A*, *a*

♀ \ ♂	*A*	*a*
A	*AA* osoba zdrowa	*Aa* osoba zdrowa
a	*Aa* osoba zdrowa	*aa* osoba chora

A – prawidłowy allel
a – zmutowany allel

Rodowód przedstawiający sposób dziedziczenia autosomalnego recesywnego



Dla dziedziczenia autosomalnego recesywnego typowe są elementy rodowodu zaznaczone kolorem czerwonym: zdrowi rodzice (nosiciele recesywnego allelu warunkującego chorobę) mogą mieć chore dziecko. Prawdopodobieństwo jego urodzenia wynosi 25%.

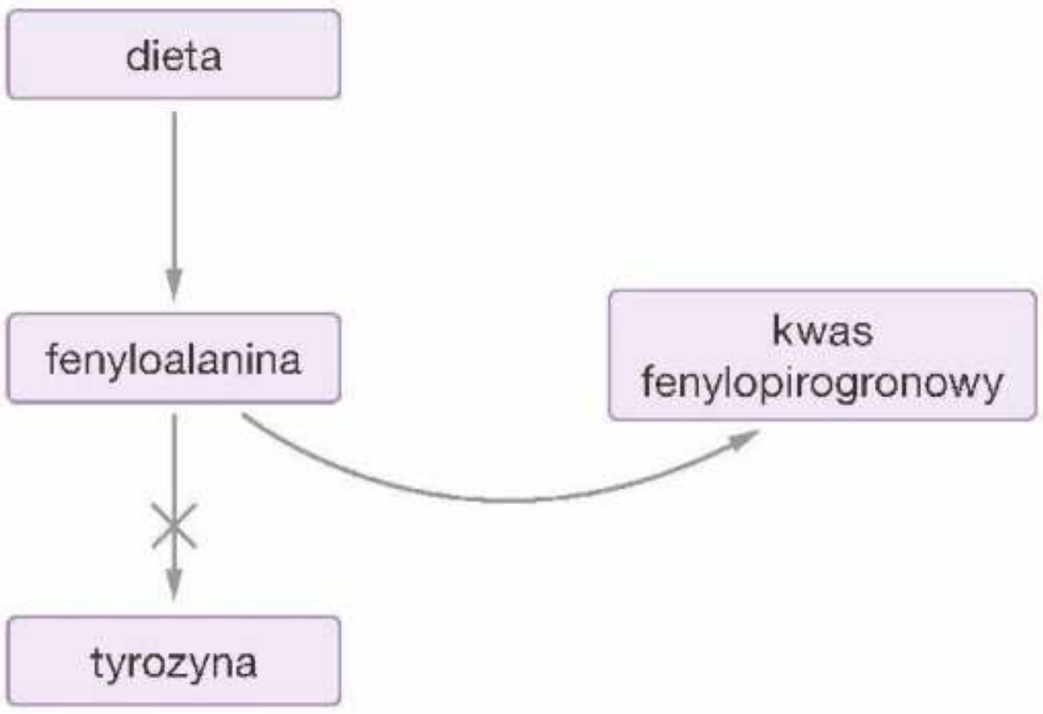
Fenyloketonuria

Fenyloketonuria (PKU) należy do najczęstszych chorób metabolicznych. Średnia częstość jej występowania w populacji europejskiej wynosi 1 na 10 000 urodzeń. Przyczyną

fenyloketonurii jest brak lub niedobór enzymu – hydroksylazy fenyloalaniny (PAH), spowodowany mutacją genu PAH położonego na chromosomie 12. Enzym ten odpowiada za przekształcanie egzogennego aminokwasu – fenyloalaniny – w tyrozynę. Zahamowanie reakcji sprawia, że dochodzi do zablokowania całego ciągu reakcji biochemicznych – jest to tzw. **blok metaboliczny**. Fenyloalanina jest gromadzona we krwi i w innych płynach ustrojowych, a następnie przetwarzana w alternatywne metabolity wydalane wraz z moczem. Podwyższony poziom fenyloalaniny w organizmie powoduje ciężkie uszkodzenia układu nerwowego, a w konsekwencji m.in. upośledzenie rozwoju umysłowego i napady padaczkowe. Objawem fenyloketonurii są też jasna karnacja skóry oraz jasne włosy i tęczówki oczu. Jest to spowodowane niedoborem tyrozyny, która stanowi substrat w szlaku syntezy melanin.

Najskuteczniejszą formą zapobiegania rozwojowi fenyloketonurii jest stosowanie przez całe życie diety ubogiej w białko, a tym samym – ubogiej w fenyloalaninę. Z tego względu ważne jest wczesne wykrycie choroby. W Polsce testy umożliwiające diagnostykę fenyloketonurii przeprowadza się u wszystkich noworodków.

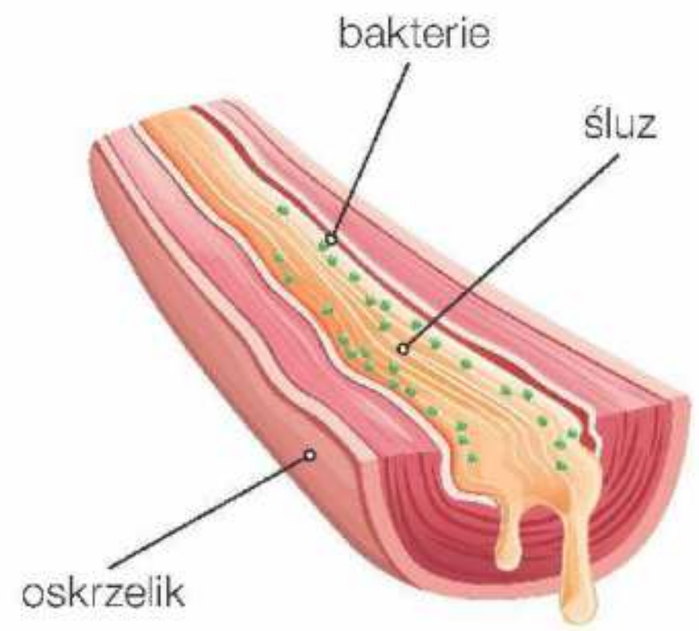
W leczeniu fenyloketonurii wykorzystuje się nowoczesne terapie farmakologiczne. Leki wspomagają działanie defektywnego enzymu PAH, co umożliwia rozkład fenyloalaniny przyjmowanej wraz z pokarmem.



W wyniku fenyloketonurii fenyloalanina nie jest przekształcana w tyrozynę, lecz gromadzi się jako kwas fenylopirogronowy.

Mukowiscydoza

Mukowiscydoza (CF) jest najczęstszą chorobą genetyczną występującą u osób pochodzenia europejskiego. Średnia częstość jej występowania wynosi 1 na 2000–4000 urodzeń. Przyczyną mukowiscydozy są mutacje genu *CFTR*, położonego na chromosomie 7. Gen ten koduje białko transportujące CFTR, które tworzy kanały chlorkowe w błonach komórek wyścielających m.in. drogi oddechowe i przewody trzustki. Brak białka CFTR lub jego nieprawidłowa budowa powodują zaburzenia w transporcie jonów chlorkowych, co skutkuje produkcją gęstego i lepkiego śluzu. Śluz zalega w układzie oddechowym, stając się pożywką dla drobnoustrojów chorobotwórczych wywołujących częste infekcje. Objawem upośledzenia funkcji układu pokarmowego jest tzw. zespół złego wchłaniania. Śluz powoduje zlepianie się przewodów trzustki, co prowadzi do niedoboru enzymów trzustkowych w jelicie cienkim oraz związanego z nim niedostatecznego trawienia i wchłaniania pokarmów. W przypadku mukowiscydozy stosuje się terapię objawową, która znacznie przedłuża życie chorym. Polega ona m.in. na regularnym usuwaniu śluzu z dróg oddechowych, leczeniu infekcji, a także podawaniu preparatów zawierających enzymy trzustkowe. Od niedawna stosuje się też leki usprawniające działanie białka odpowiedzialnego za transport jonów, co stanowi przełom w terapii mukowiscydozy.



W mukowiscydozie gruba warstwa lepkiego śluzu blokuje oskrzeliki, przez co stają się one niedrożne. W śluzie znajdują się liczne bakterie powodujące infekcje.

Choroby dziedziczone autosomalnie dominująco

Choroby dziedziczone autosomalnie dominująco występują znacznie rzadziej niż choroby dziedziczone recesywnie, ale zazwyczaj ujawniają się one w każdym pokoleniu. Ich objawy dotyczą zarówno homozygot dominujących, jak i heterozygot. W przypadku wielu chorób dziedziczonych autosomalnie dominująco posiadanie dwóch wadliwych alleli danego genu wywołuje dużo cięższe objawy niż posiadanie tylko jednego wadliwego allelu. Bardzo często układ homozygotyczny zmutowanego allelu wywołuje efekt letalny (powoduje śmierć chorej osoby).

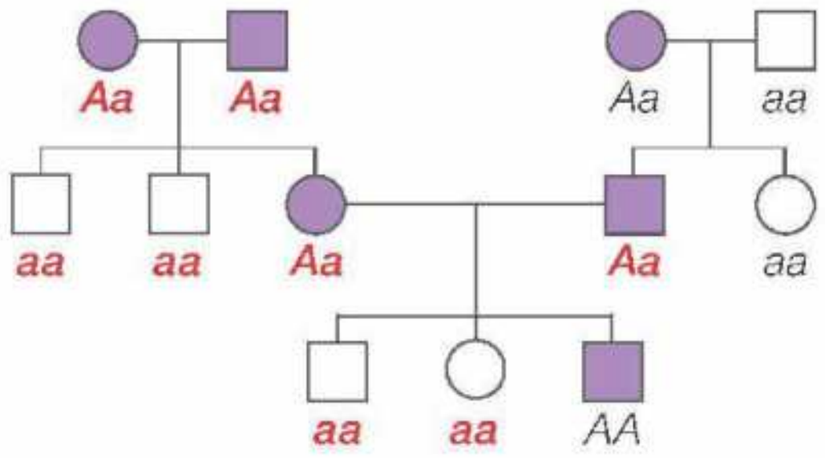
Krzyżówka przedstawiająca sposób dziedziczenia autosomalnego dominującego

Genotypy rodziców: *Aa* x *Aa*
Genotypy gamet rodziców: *A*, *a*

♀ \ ♂	*A*	*a*
A	*AA* osoba chora	*Aa* osoba chora
a	*Aa* osoba chora	*aa* osoba zdrowa

A – zmutowany allel
a – prawidłowy allel

Rodowód przedstawiający sposób dziedziczenia autosomalnego dominującego



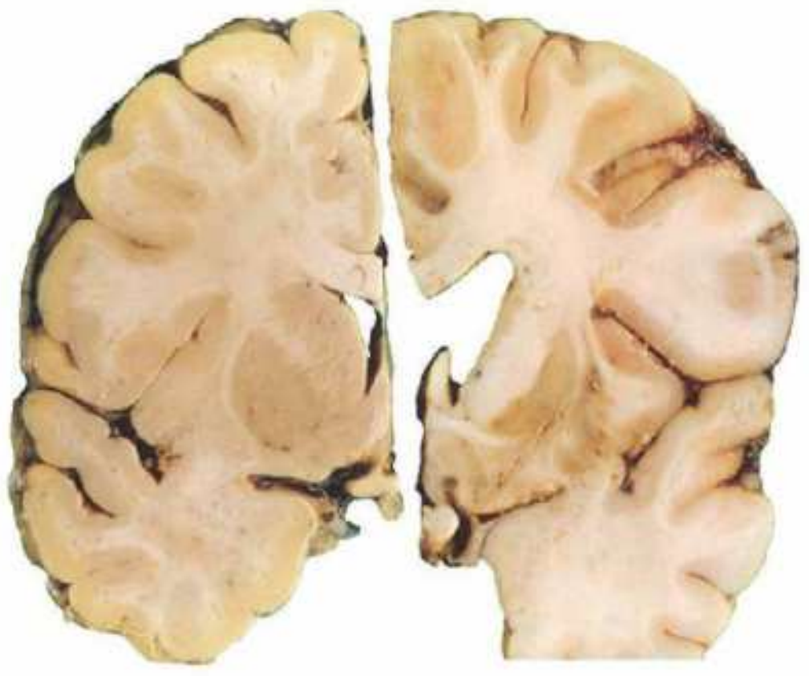
Dla dziedziczenia autosomalnego dominującego typowe są elementy rodowodu zaznaczone kolorem czerwonym: chorzy rodzice (heterozygoty) mogą mieć zdrowe dziecko (homozygotę recesywną). Prawdopodobieństwo urodzenia zdrowego dziecka wynosi 25%.

Choroba Huntingtona

Choroba Huntingtona (HD) to postępująca, nieuleczalna choroba ośrodkowego układu nerwowego. Jej przyczyną jest mutacja w genie IT-15, zlokalizowanym na chromosomie 4. Gen ten koduje białko zwane huntingtyną, które uczestniczy w rozwoju komórek nerwowych. Mutacja genu IT-15 jest tzw. mutacją dynamiczną, która polega na zwielokrotnieniu liczby powtórzeń sekwencji nukleotydowej (CAG)n, kodującej aminokwas glutaminę (Gln). U osób zdrowych ciąg powtórzeń sekwencji CAG wynosi z reguły 10–29, natomiast u osób z chorobą Huntingtona – ponad 39. W wyniku ekspresji zmutowanego genu powstaje nieprawidłowa postać huntingtyny, tworząca nierozpuszczalne złogi w obrębie tkanki nerwowej. Prowadzi to do obumierania neuronów i rozwoju choroby. Jej objawami są m.in. zaburzenia psychiczne, postępujące otępienie umysłowe, a także zaburzenia ruchowe, np. niekontrolowane ruchy pląsawicze. Klasyczna postać choroby ujawnia się w średnim wieku.

Nasilenie objawów choroby Huntingtona zależy od liczby powtórzeń sekwencji CAG w zmutowanym genie, a co za tym idzie – od liczby glutamin w łańcuchu polipeptydowym huntingtyny.

Ze względu na to, że choroba Huntingtona jest uwarunkowana mutacją dynamiczną, w kolejnych pokoleniach może występować ona w coraz młodszym wieku i mieć coraz cięższy przebieg.



Mózg osoby z chorobą Huntingtona. Mózg osoby zdrowej.

Choroby dziedziczone recesywnie sprzężone z chromosomem X

Choroby dziedziczone recesywnie sprzężone z chromosomem X występują znacznie częściej u mężczyzn niż u kobiet. Kobieta (XX) choruje tylko wtedy, gdy ma dwa nieprawidłowe allele genu (odziedziczone po matce i po ojcu). Z kolei mężczyzna (XY) choruje wtedy, gdy ma jeden nieprawidłowy allel (odziedziczony po matce).

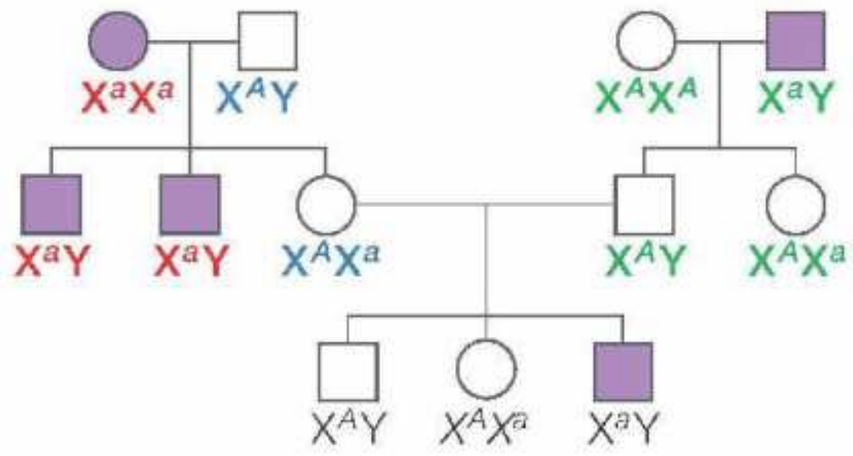
Krzyżówka przedstawiająca dziedziczenie recesywne sprzężone z chromosomem X

Genotypy rodziców: ♀ X^AX^a x ♂ X^AY
Genotypy gamet matki: X^A, X^a
Genotypy gamet ojca: X^A, Y

♀ \ ♂	X^A	Y
X^A	X^AX^A ♀ zdrowa	X^AY ♂ zdrowy
X^a	X^AX^a ♀ zdrowa	X^aY ♂ chory

A – prawidłowy allel
a – zmutowany allel

Rodowód przedstawiający dziedziczenie recesywne sprzężone z chromosomem X



Dla dziedziczenia recesywnego sprzężonego z chromosomem X typowe są elementy rodowodu zaznaczone kolorami czerwonym, niebieskim i zielonym:

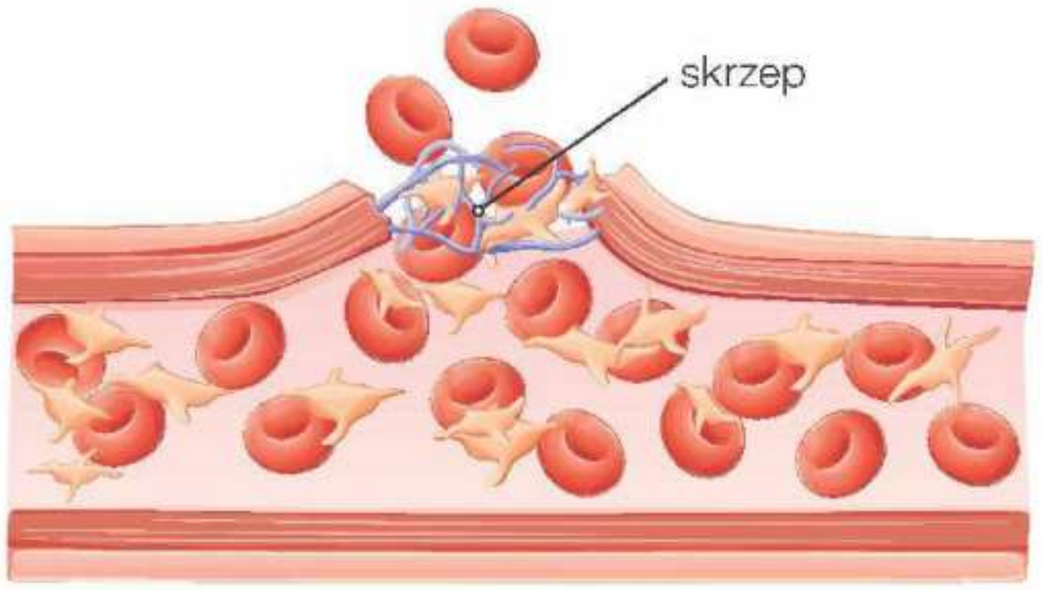
- chora matka (X^aX^a) ma wszystkich synów chorych, ponieważ dziedziczą po niej chromosom X ze zmutowanym allelem;
- zdrowy ojciec (X^AY) ma wszystkie córki zdrowe, ponieważ dziedziczą po nim chromosom X z prawidłowym allelem;
- chory ojciec (X^aY) ma zdrowych synów, ale wszystkie jego córki będą nosicielkami zmutowanego genu. Wszystkie dzieci tej pary będą zdrowe, ponieważ odziedziczą po matce (X^AX^A) chromosom X z prawidłowym allelem.

Przykładami chorób i zaburzeń dziedziczonych recesywnie sprzężonych z chromosomem X są daltonizm (→ s. 90) i hemofilia.

Hemofilia

Hemofilia jest skutkiem niedoboru jednego z czynników krzepnięcia krwi. Jej objawy są widoczne od wczesnego dzieciństwa. Należą do nich długotrwałe i obfite krwawienia, nawet po drobnych urazach. Szczególnie niebezpieczne są trudne do natychmiastowego rozpoznania, uporczywe i rozległe krwawienia wewnętrzne, powstałe np. w wyniku przypadkowego, niewielkiego i na pozór niegroźnego uderzenia.

Obecnie leczenie hemofilii polega na dożylnych iniekcjach preparatów uzupełniających brakujący czynnik krzepnięcia.



U osób z hemofilią skrzep tworzy się dłużej niż u zdrowych osób. Dlatego też u chorych wydłuża się czas krwawienia.



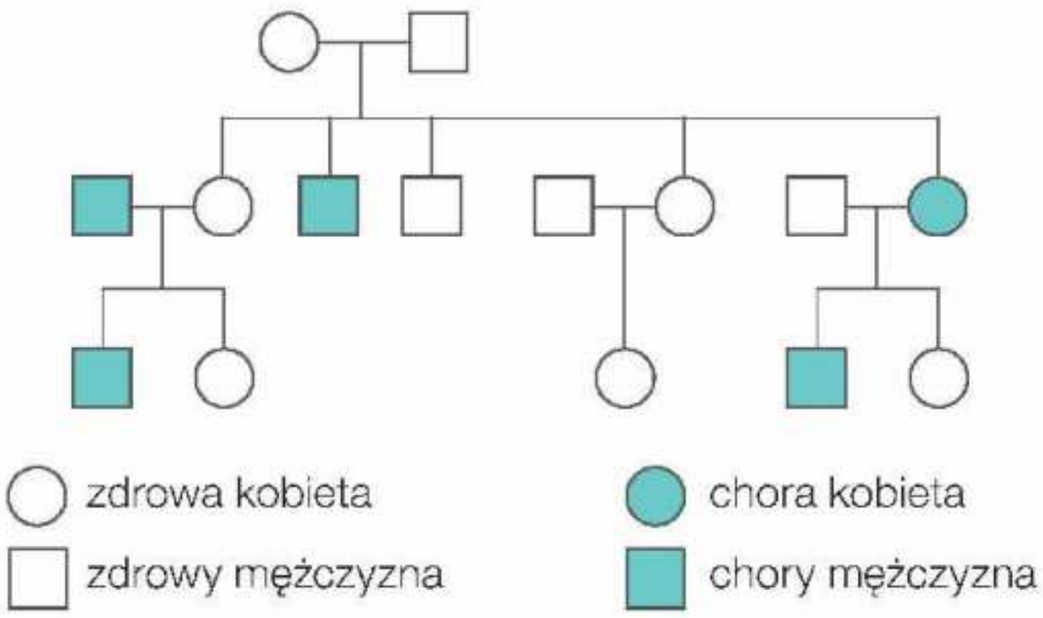
Najlepiej udokumentowanym przykładem dziedziczenia hemofilii jest występowanie tej choroby w brytyjskiej rodzinie królewskiej. Pierwotna mutacja pojawiła się prawdopodobnie u królowej Wiktorii, a następnie została przekazana większości europejskich rodzin królewskich.

Samouczek

Ustalanie typu dziedziczenia na podstawie analizy rodowodów

Przykład 1

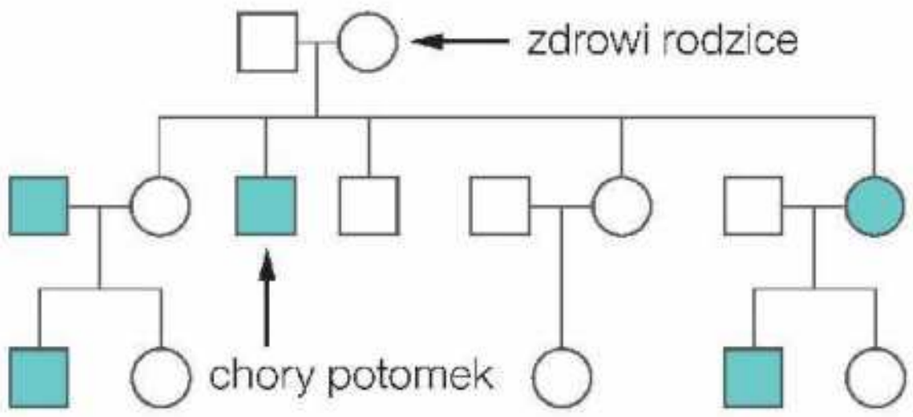
Schemat przedstawia dziedziczenie pewnej choroby.



Ustal na podstawie schematu, czy choroba jest dziedziczona w sposób recesywny czy w sposób dominujący. Ustal też, czy gen, w którym zaszła mutacja, leży na chromosomie X czy na autosomie. Uzasadnij swoją odpowiedź.

Krok 1

Ustal, czy dana choroba jest dziedziczona w sposób dominujący czy w sposób recesywny. W tym celu sprawdź, czy każdy chory potomek ma chorych rodziców. Gdyby choroba była dominująca, każde chore dziecko miałoby chorą matkę lub chorego ojca.



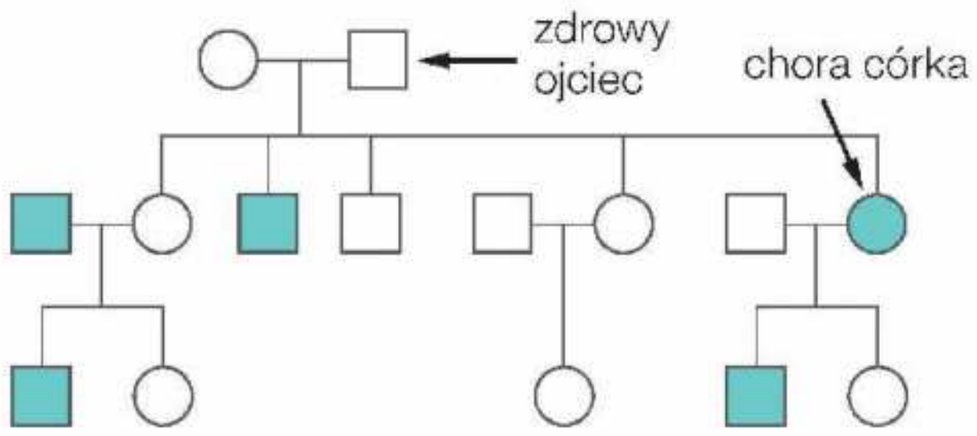
Oboje rodzice są zdrowi, ale mają chore potomstwo. Rodowód dotyczy zatem choroby dziedziczonej w sposób recesywny.

Krok 2

Określ, czy choroba jest sprzężona z chromosomem X czy zmutowany allel znajduje się na autosomie. Aby to ustalić, sprawdź, czy każda chora kobieta ma chorego ojca.

Wskazówka:

Mężczyźni mają tylko jeden chromosom X, który przekazują córkom. Jeżeli choroba jest recesywna i sprzężona z chromosomem X, to chora córka musi odziedziczyć dwa chromosomy zawierające zmutowane allele: jeden po ojcu, a jeden po matce, przy czym ojciec również powinien wykazywać objawy choroby.



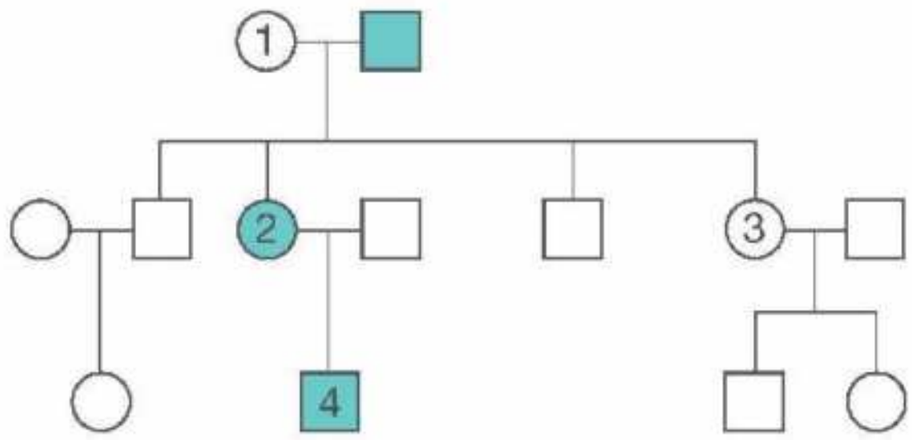
Zdrowy ojciec ma chorą córkę, co oznacza, że wadliwy allel znajduje się na autosomie.

Odpowiedź:

Choroba jest dziedziczona w sposób recesywny, gdyż zdrowi rodzice mają chore potomstwo. Wadliwy allel znajduje się na autosomie, ponieważ zdrowy ojciec ma chorą córkę.

Przykład 2

Schemat przedstawia dziedziczenie hemofilii w pewnej rodzinie.



Na podstawie analizy schematu i własnej wiedzy wykonaj poniższe polecenia.

a) Zapisz genotypy członków rodziny oznaczonych cyframi 1–4.

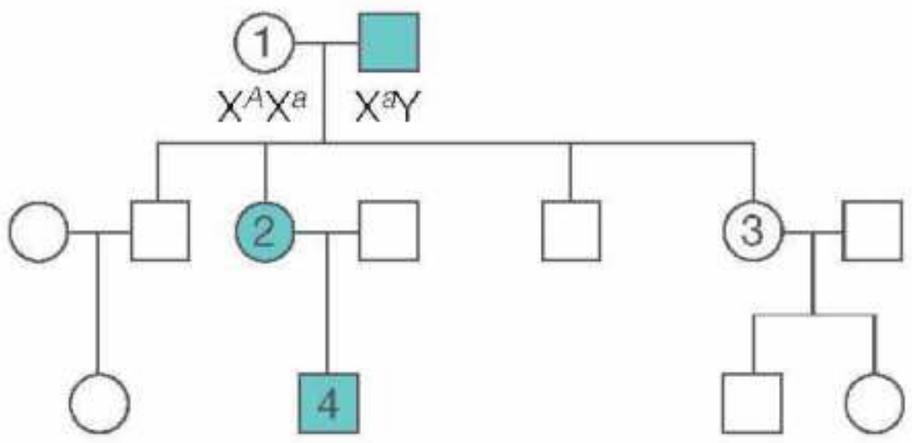
b) Uzasadnij twierdzenie, że choroba ta dziedziczy się jako cecha recesywna.

Podpunkt a)
Krok 1

Ustal genotypy osób w pierwszym pokoleniu.

Wskazówka:

Hemofilia jest chorobą recesywną sprzężoną z chromosomem X. Oznacza to, że wszystkie kobiety wykazujące objawy choroby mają dwa allele recesywne. Z kolei u chorych mężczyzn występuje tylko jeden wadliwy allel, gdyż mają oni tylko jeden chromosom X.



Mężczyzna wykazuje objawy choroby, więc musi mieć allel recesywny. Jego genotyp zapisuje się następująco: X^aY.

Kobieta (osoba oznaczona numerem 1) nie wykazuje objawów choroby, jednak musi być nosicielką recesywnego zmutowanego allelu (heterozygotą), ponieważ jedna z córek tej pary jest chora. Genotyp osoby oznaczonej numerem 1 to: X^AX^a.

Krok 2

Ustal genotypy osób z drugiego pokolenia, oznaczonych na schemacie numerami 2 i 3.

Kobieta oznaczona numerem 2 jest chora, ma zatem dwa allele recesywne, które odziedziczyła po swoich rodzicach. Jej genotyp to: X^aX^a.

Kobieta oznaczona numerem 3 nie wykazuje objawów choroby, ma więc jeden allel dominujący. Jednak chory ojciec przekazał jej zmutowany allel, dlatego jest ona heterozygotą o genotypie: X^AX^a.

Krok 2

Ustal genotyp osoby w najmłodszym pokoleniu, którą oznaczono numerem 4.

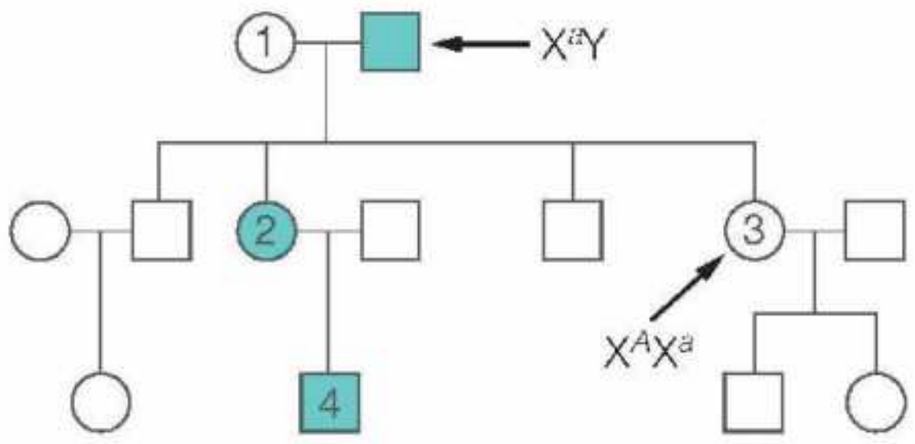
Mężczyzna oznaczony numerem 4 jest chory. Ma on tylko jedną wadliwą kopię genu, którą odziedziczył po matce. Jego genotyp to: X^aY.

Odpowiedź:

Genotyp osoby oznaczonej numerem 1: X^AX^a,
genotyp osoby oznaczonej numerem 2: X^aX^a,
genotyp osoby oznaczonej numerem 3: X^AX^a,
genotyp osoby oznaczonej numerem 4: X^aY.

Podpunkt b)
Krok 1

Sprawdź, czy drzewo rodowe przedstawia osoby heterozygotyczne, u których nie ujawniła się choroba.



Osoba oznaczona numerem 3 jest heterozygotą i nie wykazuje objawów choroby.

Odpowiedź:

Hemofilia dziedziczy się jako cecha recesywna, gdyż jej objawy nie ujawniają się u osób heterozygotycznych.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, dlaczego fenyloketonuria jest zaliczana do chorób bloku metabolicznego.
2. Podaj, jakie jest prawdopodobieństwo, że syn zdrowej kobiety i mężczyzny cierpiącego na chorobę Huntingtona również będzie chory.
3. W leczeniu fenyloketonurii stosuje się dietę eliminacyjną. Na podstawie wiarygodnych źródeł wymień przykłady trzech produktów, których nie mogą spożywać osoby z fenyloketonurią.
4. Wyjaśnij, dlaczego podczas konstruowania rodowodów nie wykorzystuje się następującego znaku graficznego: [•].

3.5. Zespoły aberracji chromosomowych

Ważne w tym temacie!

- podłoże genetyczne zespołu Downa, zespołu Turnera i zespołu Klinefeltera

Liczba chromosomów jest stała i charakterystyczna dla danego gatunku. Utrzymuje się ona w kolejnych pokoleniach dzięki precyzyjnym mechanizmom podziałów komórkowych. Zdarza się jednak, że proces podziału przebiega nieprawidłowo wskutek działania czynników mutagennych. Powoduje to zmiany kariotypu o charakterze **aberracji chromosomowych**, które mogą zostać przekazane potomstwu i stać się przyczyną wrodzonych wad rozwojowych. Kliniczne skutki aberracji chromosomowych określa się mianem **zespołów aberracji chromosomowych**.

Zespoły aberracji chromosomowych liczbowych

Zmiany w liczbie chromosomów prowadzą zwykle do poważnych wrodzonych wad rozwojowych. Wiele z nich jest przyczyną poronień. Aberracje liczbowe są związane zarówno z autosomami, jak i z chromosomami płci. Najczęściej spotykanymi zaburzeniami tego typu są trisomie. Ponadto występują monosomie chromosomów płci. Nie spotyka się natomiast przypadków monosomii autosomów, ponieważ takie aberracje mają skutki letalne.

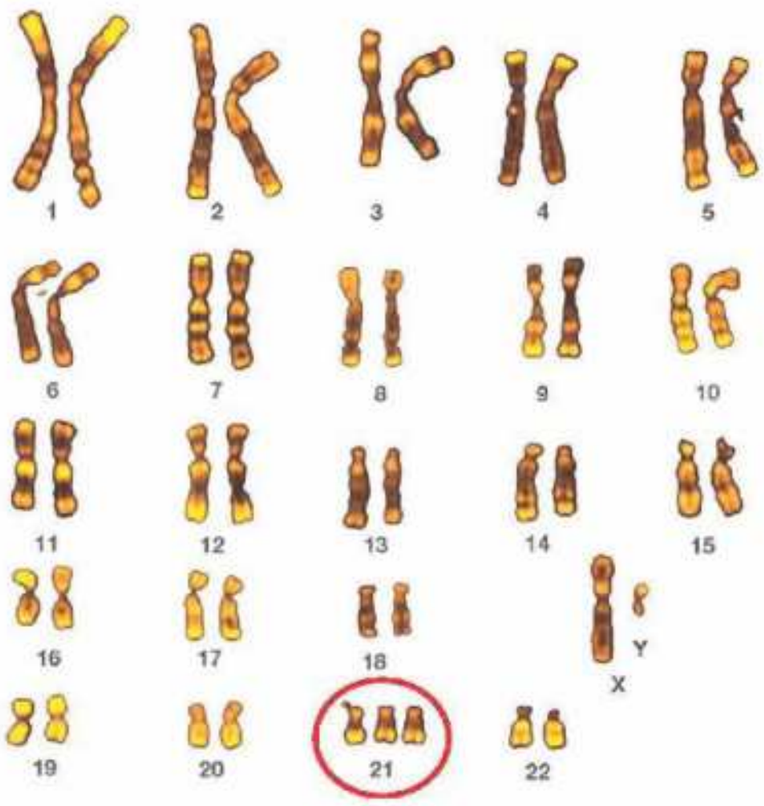
Zespół Downa (trisomia 21)

Zespół Downa jest uwarunkowany trisomią chromosomu 21. Oznacza to, że w kariotypie komórki somatycznej zamiast dwóch chromosomów 21 znajdują się trzy takie chromosomy. Kariotyp osoby z trisomią 21 zapisuje się jako 47, XX + 21 u kobiety bądź 47, XY + 21 u mężczyzny.

Częstość występowania zespołu Downa wynosi 1 na 700 urodzeń. Do charakterystycznych zaburzeń somatycznych występujących w tym zespole należą m.in.:

- skośnie ustawione szpary powiekowe,
- obniżone napięcie mięśniowe,
- opuszczone kąciki ust i otwarte usta,
- zapadnięty grzbiet nosa,
- krótka szyja,
- krótkie i szerokie dłonie,
- nisko osadzone i zniekształcone małżowiny uszne.

Poza tym występują także nieprawidłowości w budowie i funkcjonowaniu serca, wady układu szkieletowego, osłabiona odporność, wady wzroku i słuchu oraz przedwczesne starzenie się organizmu. Mężczyźni z zespołem Downa są zwykle bezpłodni, natomiast kobiety mają obniżoną płodność. Poza tym wśród osób z zespołem Downa obserwuje się różny stopień niepełnosprawności intelektualnej i wynikających z niej trudności w uczeniu się oraz dojrzewaniu do aktywności społecznej. Trudności te można minimalizować dzięki odpowiedniemu wsparciu medycznemu, edukacyjnemu i społecznemu. Współcześnie dzięki rozwojowi medycyny długość życia osób z zespołem Downa jest często zbliżona do przeciętnej długości życia.



Kariogram osoby z zespołem Downa. Kariotyp zawiera trzy chromosomy 21.

Zespół Turnera (monosomia X)

Zespół Turnera jest związany z monosomią chromosomu X. Dotyka kobiet, których komórki zawierają 44 autosomy i jeden chromosom płci X. Kariotyp kobiety z monosomią chromosomu X zapisuje się jako 45, X. W większości przypadków w organizmie kobiety z zespołem Turnera nie ma chromatyny płciowej (ciałka Barra).

Zespół Turnera występuje z częstością 1 na 5000 urodzonych dziewczynek. Od wczesnego dzieciństwa charakteryzują się one niskim wzrostem. Jeżeli nie są leczone, to osiągają ostatecznie ok. 145 cm wzrostu. Zwykle cechują się krępą budową ciała, zaokrągleniem bioder i brakiem talii. Typowy dla zespołu Turnera jest niedorozwój wewnętrznych i zewnętrznych narządów płciowych, będący przyczyną niepłodności. U części kobiet występują wrodzone wady serca, nerek i innych narządów. Ponadto jednym z charakterystycznych objawów jest nadmiar skóry na szyi, a u noworodków także obrzęk kończyn dolnych, spowodowany niedrożnością naczyń limfatycznych.

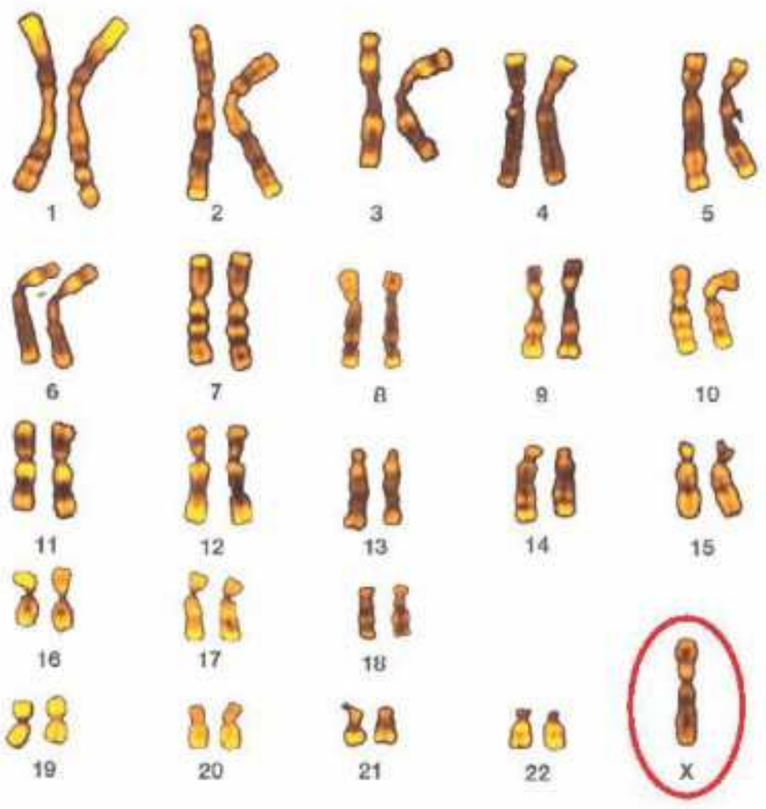
Wczesne rozpoznanie zespołu Turnera jest kluczowe dla wdrożenia skutecznego leczenia. Dzięki odpowiedniej terapii hormonalnej (podawaniu hormonów płciowych i hormonu wzrostu) można doprowadzić do wykształcenia wtórnych cech płciowych oraz zwiększenia wzrostu.

Zespół Klinefeltera

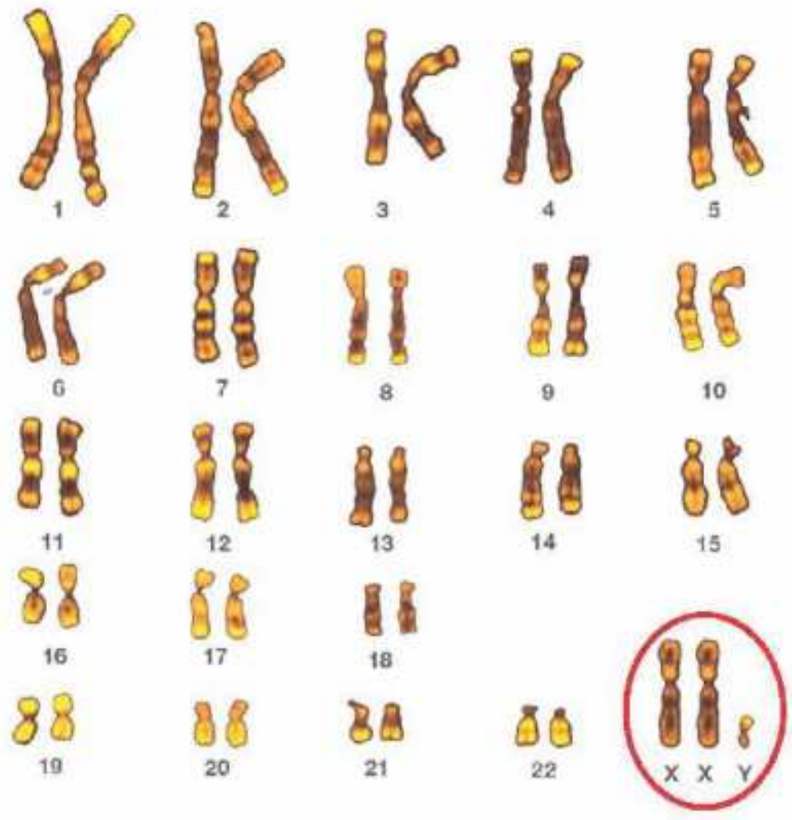
Zespół Klinefeltera dotyczy mężczyzn. Zwykle jest spowodowany obecnością jednego dodatkowego chromosomu X, przez co w komórkach występuje 47 chromosomów. Kariotyp takich osób zapisuje się jako 47, XXY. W nielicznych przypadkach w komórkach mogą się znajdować dwa lub nawet trzy dodatkowe chromosomy X.

Zespół Klinefeltera występuje z częstością 1 na 1000 urodzonych chłopców. Zazwyczaj bywa rozpoznawany dopiero u dorosłych mężczyzn w trakcie badań przeprowadzanych z powodu niepłodności.

U chłopców z zespołem Klinefeltera mogą występować zaburzenia poznawcze, m.in. słaby rozwój mowy, trudności z czytaniem oraz pisaniem. Dorośli mężczyźni mają z kolei niższe stężenie testosteronu we krwi, a w konsekwencji – słabo zaznaczone męskie cechy płciowe (delikatny zarost na twarzy, sylwetka typu kobiecego, skąpe owłosienie pachowe i łonowe, słabo rozwinięta moszna, małe jądra, zmiany degeneracyjne kanalików nasiennych). Występuje u nich również ginekomastia (nadmierny rozwój sutków). U niektórych mężczyzn z zespołem Klinefeltera obserwuje się inne nieprawidłowości, m.in. osteoporozę i rozedmę płuc. Stosowana odpowiednio wcześnie terapia testosteronem stymuluje rozwój wtórnych cech płciowych, nie przywraca jednak płodności.



Kariogram kobiety z zespołem Turnera. Kariotyp tej kobiety zawiera tylko jeden chromosom X.



Kariogram mężczyzny z zespołem Klinefeltera. Kariotyp zawiera trzy chromosomy płci: dwa chromosomy X i jeden chromosom Y.

Poradnictwo genetyczne

Poradnictwo genetyczne to forma kompleksowej, profesjonalnej pomocy kierowanej do osób z zaburzeniami genetycznymi oraz ich rodzin. Jest ono również przeznaczone dla par planujących potomstwo, w których rodzinie występowały zaburzenia genetyczne, a także par, w których kobiety ukończyły 35. rok życia.

W poradni genetycznej można otrzymać specjalistyczne informacje dotyczące zdiagnozowanych chorób genetycznych i zespołów aberracji chromosomowych, m.in.:

- sposobu ich dziedziczenia,
- prawdopodobieństwa urodzenia dziecka obarczonego mutacją,
- możliwości leczenia,
- sposobów profesjonalnej opieki,
- możliwości otrzymania innego rodzaju pomocy, np. finansowej.

Poradnictwem genetycznym zajmują się specjaliści z dziedziny genetyki klinicznej, która łączy biologiczną wiedzę o dziedziczeniu cech z wiedzą medyczną umożliwiającą wstępne rozpoznawanie zaburzeń, ich diagnostykę (za pomocą m.in. USG i testów genetycznych) oraz ewentualne leczenie. W niektórych przypadkach wady rozwojowe można leczyć wewnątrzmacicznie, czyli jeszcze przed urodzeniem dziecka. W taki sposób leczy się m.in. rozszczepienie kręgosłupa u płodu.

Wpływ wieku rodziców na ryzyko urodzenia się dziecka z zaburzeniami genetycznymi

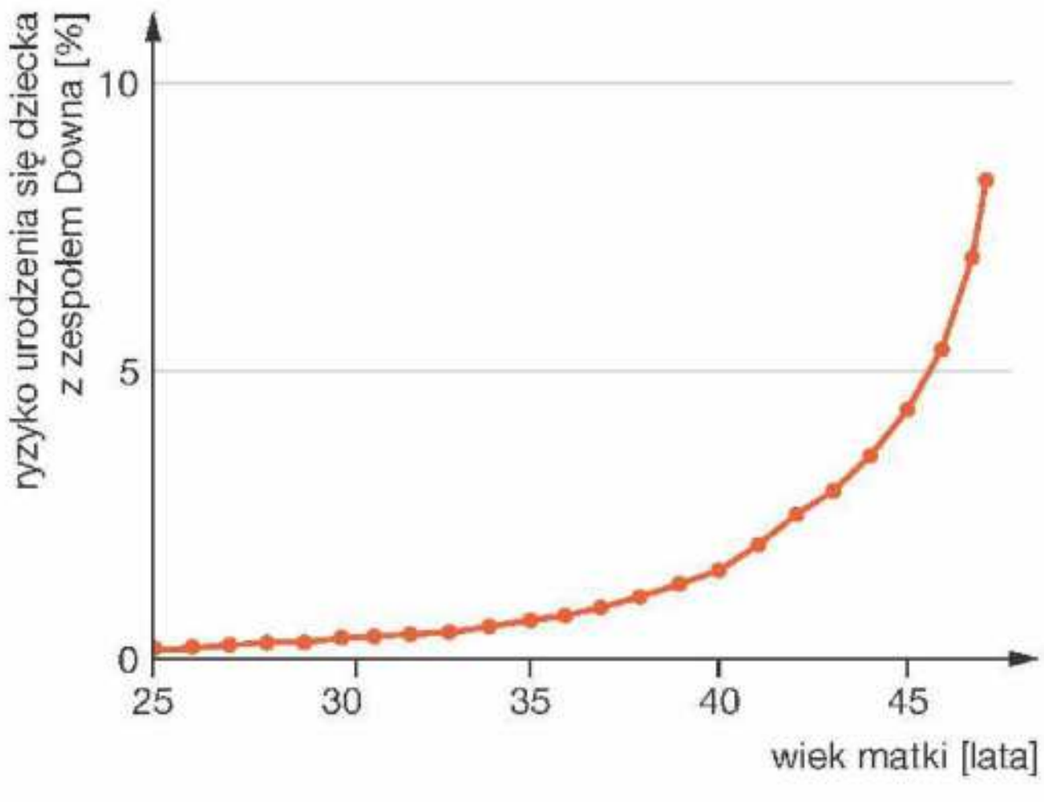
Prawdopodobieństwo urodzenia się dziecka z zespołem aberracji chromosomowych zależy m.in. od wieku rodziców, głównie matki. Prawdopodobieństwo to znacząco wzrasta u kobiet powyżej 35. roku życia.

W przypadku zespołu Downa nondysjunkcja prowadząca do trisomii 21 chromosomu zachodzi zwykle podczas oogenezy (90% przypadków), a znacznie rzadziej podczas spermatogenezy (10% przypadków). Do możliwych przyczyn nondysjunkcji zachodzącej podczas oogenezy należą:

- degradacja struktur uczestniczących w podziałach mejotycznych podczas stanu spoczynku oocytu,
- zmiana funkcjonowania jajników z powodu zaburzeń hormonalnych.

Zależność między wiekiem ojca a prawdopodobieństwem urodzenia się dziecka z zespołem Downa jest przedmiotem badań. Przypuszczalnie prawdopodobieństwo to znacząco wzrasta po przekroczeniu przez ojca 40. roku życia.

Zależność między wiekiem matki a ryzykiem urodzenia się dziecka z zespołem Downa



Polecenia kontrolne

1. Wymień przykłady chorób genetycznych człowieka wynikających ze zmian liczby chromosomów o charakterze:
   a. trisomii,
   b. monosomii.
2. Podaj nazwy niżej wymienionych zespołów aberracji chromosomowych:
   a. 47, XXY,
   b. 47, XX + 21,
   c. 45, X.
3. Opisz przykłady dwóch sytuacji, w których para powinna udać się do poradni genetycznej.

Podsumowanie

1 **Zmienność organizmów** – występowanie różnic między osobnikami tego samego gatunku.

2 **Zmienność genetyczna** – zróżnicowanie genotypów u osobników jednego gatunku. Wyróżnia się:
- zmienność genetyczną rekombinacyjną,
- zmienność genetyczną mutacyjną.

3 **Podział zmienności genetycznej ze względu na charakter dziedziczonej cechy**

Zmienność genetyczna

nieciągła	ciągła
• dotyczy cech jakościowych • zwykle cechy są warunkowane przez pojedyncze geny • można wyróżnić klasy osobników o wyraźnie różnych fenotypach • np. barwa kwiatów, grupy krwi człowieka: A, B, AB, 0	• dotyczy większości cech ilościowych • zwykle cechy są warunkowane przez wiele genów (geny kumulatywne) • wartość cechy jest stopniowana i trudno wyróżnić odrębne klasy • np. wzrost, masa ciała, mleczność krów

4 **Mutacje**

Mutacja – nagła, trwała zmiana w materiale genetycznym.

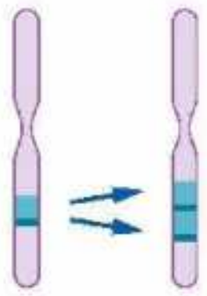
Kryteria podziału	Rodzaje mutacji	Opis
Rodzaj komórek, w których dochodzi do zmiany	somatyczne	Zmiany zachodzące w DNA komórek somatycznych. U organizmów wielokomórkowych, które nie mają zdolności rozmnażania bezpłciowego i wytwarzają odrębną linię komórek płciowych, efekty danej mutacji somatycznej dotyczą jedynie osobnika, u którego ona wystąpiła, nie są więc dziedziczne.
	generatywne	Zmiany zachodzące w DNA komórek rozrodczych. Mutacje takie mogą zostać przekazane osobnikom następnego pokolenia, są więc dziedziczne.
Przyczyna mutacji	spontaniczne	Zmiany w materiale genetycznym spowodowane błędami pojawiającymi się podczas replikacji DNA.
	indukowane	Zmiany w materiale genetycznym powstające w wyniku oddziaływania na komórkę określonego czynnika fizycznego, chemicznego lub biologicznego, nazywanego czynnikiem mutagennym lub mutagenem.
Poziom organizacji materiału genetycznego, w którym doszło do zmiany	genowe (punktowe)	Polegają na zmianie kolejności lub liczby nukleotydów w genie. W zależności od rodzaju zmian wyróżnia się: substytucje (tranzycje, transwersje), delecje oraz insercje.
	chromosomowe	Zmiany w strukturze lub liczbie chromosomów. Do zmian strukturalnych zalicza się inwersje, translokacje, duplikacje i delecje. Zmiany liczbowe to aneuploidie i poliploidie (autopoliploidie i allopoliploidie).

5 **Rodzaje mutacji genowych ze względu na efekt w DNA:**
- **substytucje** – zastąpienie jednej pary zasad azotowych inną parą zasad azotowych,
- **delecje** – utrata jednej pary nukleotydów lub większej liczby par nukleotydów,
- **insercje** – wstawienie jednej dodatkowej pary nukleotydów lub większej liczby par nukleotydów.

6 Rodzaje mutacji chromosomowych strukturalnych

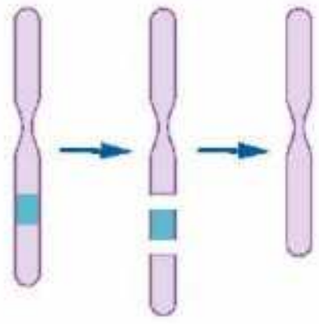
Duplikacje

- Polegają na podwojeniu fragmentu chromosomu, co wiąże się z podwojeniem liczby genów.



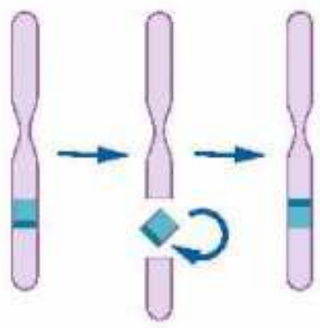
Delecje

- Polegają na utracie fragmentu chromosomu, co wiąże się z utratą genów.



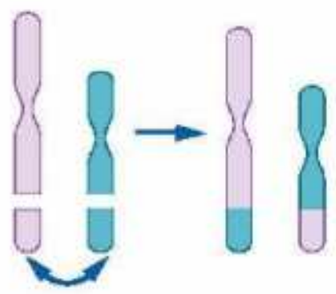
Inwersje

- Polegają na odwróceniu fragmentu chromosomu – chromosom pęka w dwóch miejscach, a oderwany odcinek, po odwróceniu o 180°, zostaje ponownie przyłączony.



Translokacje

- Polegają na przeniesieniu fragmentu chromosomu na inny chromosom niehomologiczny lub na wymianie fragmentów między chromosomami niehomologicznymi.



7 Rodzaje mutacji chromosomowych liczbowych:

- **aneuploidie** – mutacje dotyczące zmiany liczby chromosomów w obrębie jednej pary,
- **euploidie** – mutacje polegające na poliploidyzacji, czyli zwielokrotnieniu całych genomów.

8 Wybrane choroby i zaburzenia jednogenowe człowieka

Sposób dziedziczenia		Opis	Przykład
Autosomalny	recesywny	Ujawniają się u homozygot recesywnych (są potrzebne dwa wadliwe allele).	fenyloketonuria, mukowiscydoza
	dominujący	Ujawniają się u homozygot dominujących i heterozygot (wystarcza jeden wadliwy allel).	choroba Huntingtona
Sprzężony z chromosomem X	recesywny	U mężczyzn ujawniają się wtedy, gdy jest jeden wadliwy allel, a u kobiet – gdy są dwa wadliwe allele.	hemofilia, daltonizm

9 Zespoły aberracji chromosomowych

Nazwa zespołu	Przyczyna	Opis
Zespół Downa	Trisomia 21 – obecność dodatkowego chromosomu 21. Kariotyp: 47, XY + 21; 47, XX + 21.	Główne objawy: skośnie ustawione szpary powiekowe, obniżone napięcie mięśniowe, krótka szyja, krótkie i szerokie dłonie, wady serca i układu szkieletowego, osłabiona odporność, wady wzroku i słuchu.
Zespół Turnera	Monosomia X – brak jednego z chromosomów X. Kariotyp: 45, X	Główne objawy: krępa budowa ciała, niedorozwój narządów płciowych, będący przyczyną niepłodności.
Zespół Klinefeltera	Obecność dodatkowego chromosomu X. Kariotyp: 47, XXY.	Główne objawy: słabo zaznaczone męskie cechy płciowe (np. delikatny zarost na twarzy, sylwetka typu kobiecego, zmiany degeneracyjne kanalików nasiennych).

Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Stokłosa miękka to pospolita trawa, która w Polsce występuje m.in. w zasiewach zbóż lub na ugorach. Gatunek ten wykazuje dużą zmienność genetyczną oraz plastyczność fenotypową, czyli zdolność tworzenia przez jeden genotyp kilku alternatywnych fenotypów.

Przeprowadzono badania polegające na scharakteryzowaniu wybranych cech morfologicznych stokłosy miękkiej oraz określeniu zmienności tych cech w zależności od stanowiska zajmowanego przez tę roślinę. W tym celu z pięciu zróżnicowanych stanowisk zebrano losowo po 30 okazów stokłosy miękkiej. Następnie zbadano ich zmienność pod względem m.in. długości źdźbła oraz liczby odgałęzień w kwiatostanie. Dla każdej cechy obliczono podstawowe parametry statystyczne: średnią arytmetyczną ($\overline{x}$), wartość minimalną (min), wartość maksymalną (max) oraz odchylenie standardowe (σ). Wyniki badań przedstawiono w tabeli.

Cecha morfologiczna stokłosy miękkiej	Parametr statystyczny	Stanowisko				
		uprawa jęczmienia ozimego	uprawa pszenicy jarej	wieloletnia uprawa kostrzewy czerwonej	jednoroczny ugór	miedza między uprawą żyta ozimego a pastwiskiem
Długość źdźbła	$\overline{x}$	106,55	73,19	65,98	32,46	51,24
	min	28,90	18,50	20,60	10,70	14,30
	max	150,20	117,30	106,10	55,80	87,90
	σ	21,66	20,57	15,55	10,21	16,09
Liczba odgałęzień w kwiatostanie	$\overline{x}$	18,49	14,16	16,00	13,21	12,81
	min	3,00	3,00	4,00	2,00	3,00
	max	39,00	32,00	36,00	26,00	29,00
	σ	6,87	5,50	6,09	5,39	5,43

Na podstawie: A. Bomanowska, A. Rzetelska, A. Rewicz, *Zmienność morfologiczna* Bromus hordeaceus subsp. hordeaceus *(Poaceae) na siedliskach rolniczych*, „Fragmenta Floristica et Geobotanica Polonica" 2013, XX (2), s. 185–198.

a) Określ, na którym z pięciu stanowisk długość źdźbła wszystkich badanych osobników była najbardziej zbliżona do wartości średniej. Odpowiedź uzasadnij.

O tym, w jakim stopniu wyniki przeprowadzonych pomiarów odbiegają od wartości średniej arytmetycznej, informuje odchylenie standardowe. Im niższa jest jego wartość, tym bardziej wyniki pomiarów są zbliżone do wartości średniej. Przeanalizuj dokładnie tabelę i sprawdź, na którym stanowisku wartość odchylenia standardowego dla długości źdźbła była najniższa.

Rozwiązanie:

Długość źdźbła była najbardziej zbliżona do wartości średniej na jednorocznym ugorze, ponieważ to na tym stanowisku wartość odchylenia standardowego była najniższa.

b) Podaj nazwę stanowiska, na którym odnotowano osobnika o najmniejszej liczbie odgałęzień w kwiatostanie.

O najniższej wartości uzyskanej w próbie informuje wartość minimum. Przeanalizuj dokładnie tabelę i sprawdź, na którym stanowisku wartość minimum dla liczby odgałęzień w kwiatostanie była najniższa.

Rozwiązanie:
uprawa jęczmienia ozimego

c) Określ, na którym stanowisku zakres zmienności liczby odgałęzień w kwiatostanie był największy.

Zakres zmienności to zakres wartości między minimum a maksimum. Przeanalizuj dokładnie tabelę i sprawdź, na którym stanowisku był on największy.

Rozwiązanie:
Największy zakres zmienności liczby odgałęzień w kwiatostanie został odnotowany na stanowisku uprawy jęczmienia ozimego.

d) Wymień dwie możliwe przyczyny zmienności genetycznej rekombinacyjnej stokłosy miękkiej.

Źródłem zmienności rekombinacyjnej są procesy związane z rozmnażaniem płciowym. Zastanów się, na których etapach i procesach rozmnażania płciowego dochodzi do powstawania nowych układów alleli.

Przykładowe rozwiązania:
– *crossing-over*,
– niezależna segregacja chromosomów,
– losowe łączenie się gamet podczas zapłodnienia

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Płoć jest jedną z najbardziej pospolitych i najczęstszych ryb w zbiornikach wodnych i ciekach Europy. Przeprowadzono badania, których celem było porównanie cech morfologicznych samców i samic płoci bytujących w dolnym odcinku Wisły, na wysokości Torunia, z cechami płoci występujących w Brdzie, na wysokości Bydgoszczy. W poniższej tabeli przedstawiono wyniki pomiarów długości płetwy piersiowej oraz pomiarów długości płetwy brzusznej u płoci występujących w obu rzekach. Dla każdej z cech podano zakres zmierzonych wartości, średnią arytmetyczną z pomiarów oraz odchylenie standardowe. Litera „n" oznacza liczbę zbadanych osobników.

Badana grupa	Cecha	n	Zakres	Średnia	Odchylenie standardowe
Samice płoci z Wisły	długość płetwy piersiowej [mm]	19	12,0–50,4	28,9	11,617
	długość płetwy brzusznej [mm]	19	14,2–40,6	29,7	6,994
Samce płoci z Wisły	długość płetwy piersiowej [mm]	31	15,0–49,9	28,7	8,748
	długość płetwy brzusznej [mm]	31	16,1–48,1	30,4	8,217
Samice płoci z Brdy	długość płetwy piersiowej [mm]	16	20,07–37,12	26,92	5,01
	długość płetwy brzusznej [mm]	16	17,12–30,98	24,01	4,02
Samce płoci z Brdy	długość płetwy piersiowej [mm]	14	21,18–35,56	27,27	4,86
	długość płetwy brzusznej [mm]	14	18,19–30,51	23,81	3,71

Źródło: B. Chachaj, K. Krecz, M. Makowska, R. Graczyk, *Porównanie morfometrii płoci (*Rutilus rutilus L.*) z rzeki Brdy w Bydgoszczy i rzeki Wisły w okolicach Torunia*, „Wybrane zagadnienia produkcji zwierzęcej" 2025, t. 6, s. 32–35.

a) Określ, u której płci i w której rzece długość płetwy piersiowej była najbardziej oddalona od wartości średniej. Odpowiedź uzasadnij.

b) Podaj, w której z badanych grup płoci odnotowano osobnika o najdłuższej płetwie brzusznej. W odpowiedzi uwzględnij płeć tego osobnika oraz nazwę rzeki.

c) Określ, w której grupie płoci zakres zmienności długości płetwy piersiowej był najmniejszy. W odpowiedzi uwzględnij płeć osobników oraz nazwę rzeki.

d) Wymień nazwy procesów powstawania gamet, podczas których u samców i u samic zachodzi zmienność genetyczna rekombinacyjna.

Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Poniżej przedstawiono prawidłową sekwencję nici matrycowej DNA:

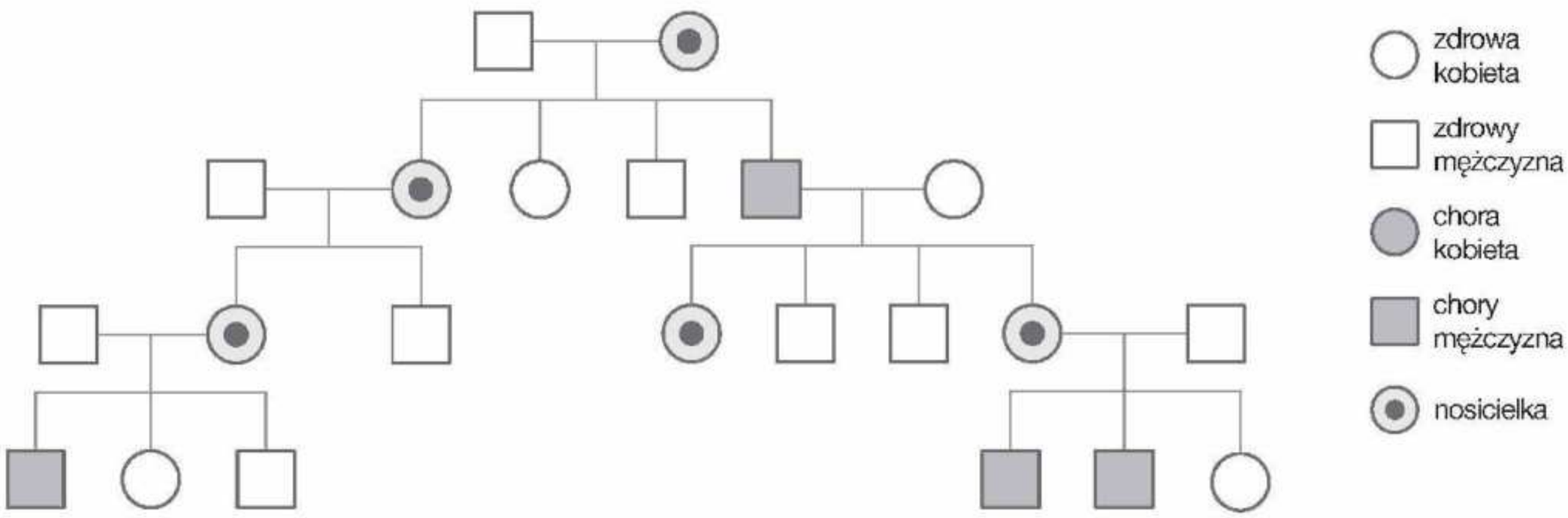
5' TCGGGATTCGTC 3'

W nici tej doszło do mutacji, w wyniku której adenina została zastąpiona przez cytozynę.

a) **Podaj nazwę mutacji genowej, do której doszło w przedstawionej nici DNA, biorąc pod uwagę rodzaj zmian w sekwencji nukleotydów.**

b) **Określ, czy mutacja, do której doszło w przedstawionej nici DNA, jest mutacją synonimiczną, mutacją typu zmiany sensu czy mutacją typu nonsens. Odpowiedź uzasadnij, uwzględniając różnice w łańcuchach aminokwasów powstałych na matrycy prawidłowej nici DNA i na matrycy zmutowanej nici DNA.**

2 Poniższy schemat przedstawia rodowód rodziny, w której wystąpiła choroba genetyczna.



a) **Określ, czy choroba genetyczna występująca w tej rodzinie to choroba autosomalna czy choroba sprzężona z płcią. Odpowiedź uzasadnij, uwzględniając informacje przedstawione na schemacie.**

b) **Na podstawie analizy schematu określ, czy występująca w tej rodzinie choroba genetyczna jest warunkowana przez allel dominujący czy allel recesywny. Odpowiedź uzasadnij.**

3 Jedną z aberracji chromosomowych liczbowych jest monosomia chromosomu X. Objawia się ona jako zespół Turnera i w przeciwieństwie do monosomii autosomów nie jest mutacją letalną. Komórki kobiet, u których występuje ta aberracja, zawierają 44 autosomy i 1 chromosom płci X (kariotyp: 45, X). Kobiety chore na zespół Turnera charakteryzują się m.in. niskim wzrostem, niedorozwojem narządów płciowych oraz licznymi wrodzonymi wadami narządów wewnętrznych.

a) **Oceń prawdziwość stwierdzenia: „Kobiety z zespołem Turnera nie mogą być nosicielkami chorób sprzężonych z płcią". Odpowiedź uzasadnij.**

b) **Wyjaśnij, dlaczego monosomia chromosomu X nie jest letalna.**

c) **Podaj nazwę zespołu występującego u osób o kariotypie 47, XXY. Określ, u której z płci występuje ten zespół.**

4. Biotechnologia molekularna

Fot. Analiza wyników elektroforezy.

4.1. Biotechnologia

Ważne w tym temacie!

- biotechnologia tradycyjna i biotechnologia molekularna
- zastosowanie biotechnologii tradycyjnej w przemyśle farmaceutycznym, rolnictwie, biodegradacji, oczyszczaniu ścieków i przemyśle spożywczym

Biotechnologia jest dziedziną nauki, która zajmuje się możliwością wykorzystania organizmów (oraz wirusów) do celów użytkowych. Biotechnologię dzieli się na tradycyjną i molekularną.

Biotechnologia tradycyjna (klasyczna) wykorzystuje naturalnie występujące w przyrodzie organizmy lub produkowane przez nie substancje. Dobór organizmów odbywa się przez selekcję sztuczną, z zastosowaniem naturalnych mechanizmów krzyżowania. Podejście to ma jednak pewne ograniczenia. Jednym z nich jest tzw. bariera niekrzyżowalności, czyli ogół mechanizmów, które zapobiegają krzyżowaniu się osobników różnych gatunków i wydawaniu przez nie płodnego potomstwa. Bariera ta zapewnia zachowanie odrębności gatunków, uniemożliwia jednak uzyskanie u niektórych gatunków wybranych cech użytkowych.

Biotechnologia molekularna (nowoczesna) jest dyscypliną naukową integrującą wiedzę z zakresu genetyki, biochemii, mikrobiologii oraz nauk technicznych. Umożliwia ona modyfikowanie genomów w taki sposób, aby uzyskać organizmy o pożądanych cechach.

W badaniach z zakresu biotechnologii molekularnej wykorzystuje się techniki **inżynierii genetycznej**, które pozwalają na izolowanie z organizmów określonych genów, manipulowanie tymi genami, a następnie wprowadzanie ich do genomów innych organizmów. Dzięki temu możliwe są m.in.:

- diagnozowanie i leczenie chorób o podłożu genetycznym,
- produkowanie nowoczesnych szczepionek,
- otrzymywanie klonów lub organizmów zmodyfikowanych genetycznie.

Zakres działań biotechnologii

Biotechnologię dzieli się również ze względu na dziedziny życia, których dotyczy. Poszczególne gałęzie biotechnologii oznacza się odpowiednimi kolorami.



Biotechnologia tradycyjna w przemyśle farmaceutycznym

Metodami biotechnologii tradycyjnej wytwarza się m.in. antybiotyki, takie jak penicylina, oraz surowice odpornościowe podawane np. po ukąszeniu przez jadowite zwierzęta.

Penicylina

Penicylina jest antybiotykiem pochodzenia naturalnego, wytwarzanym przez grzyby z rodzaju pędzlak (*Penicillium*). Została ona odkryta w 1928 r. i jest jednym z najdłużej stosowanych antybiotyków.

Pędzlaki to grzyby, które często wchodzą w skład pleśni tworzącej się na owocach.





W fabrykach farmaceutycznych grzyby z rodzaju *Penicillium* hoduje się w bioreaktorach – urządzeniach, które utrzymują optymalne warunki do ich rozwoju.

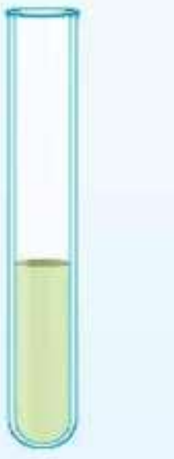
Surowica odpornościowa

Surowica odpornościowa to preparat wytworzony z osocza, zwierający przeciwciała skierowane przeciwko konkretnemu patogenowi lub toksynie. Podaje się ją np. osobom ukąszonym przez żmiję. Dzięki temu można szybko zneutralizować obecną w organizmie toksynę.

Etapy produkcji surowicy odpornościowej

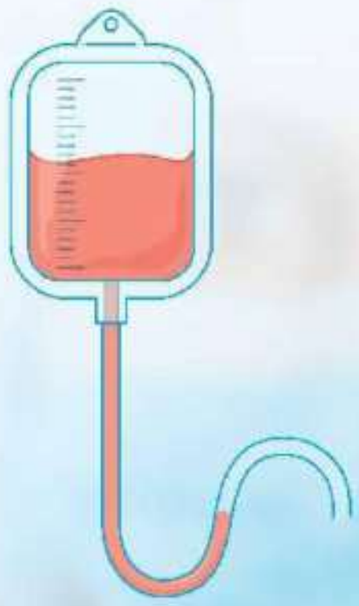
1. Na początku pobiera się toksynę, np. jad żmii.
2. Toksynę wprowadza się do organizmu, np. konia, co pobudza jego układ odpornościowy do produkcji odpowiednich przeciwciał.
3. Po określonym czasie pobiera się krew konia.
4. Z krwi oddziela się bogatą w przeciwciała surowicę, z której produkuje się gotowy do podania preparat.













Biotechnologia tradycyjna w rolnictwie i ochronie środowiska

Ciężkie maszyny i środki chemiczne stosowane w rolnictwie, a także ogromna ilość odpadów i ścieków produkowanych przez człowieka powodują degradację gleby oraz zanieczyszczenie środowiska. Można temu zapobiec, stosując metody wypracowane przez biotechnologię tradycyjną.

Szczepionki glebowe

Szczepionki glebowe zawierają szczepy mikroorganizmów, których rozwój powoduje zwiększenie w glebie zawartości związków niezbędnych do wzrostu i rozwoju roślin.



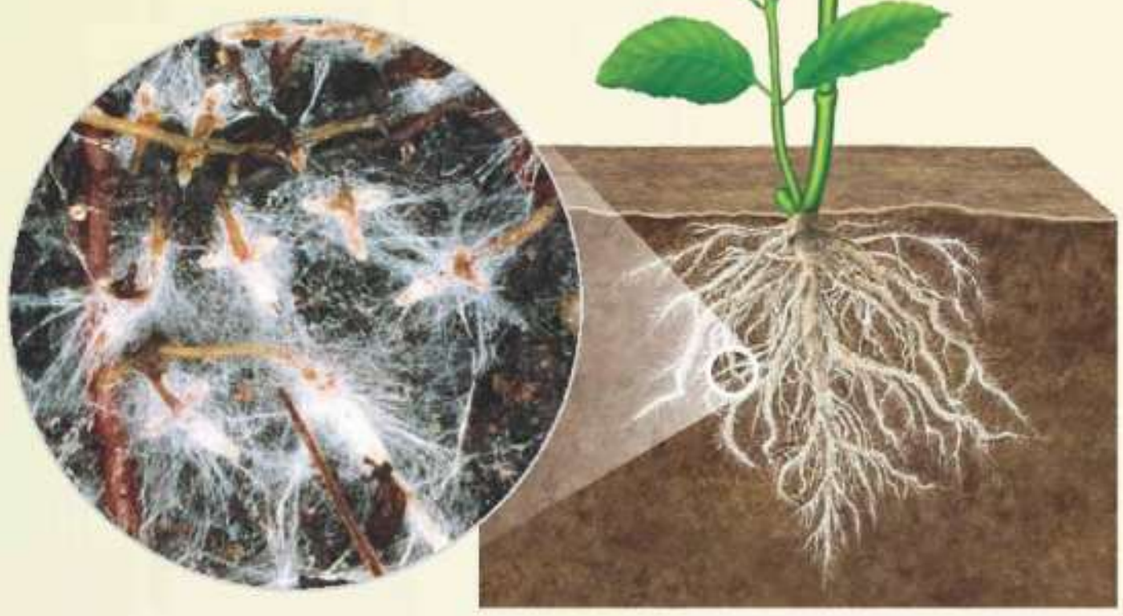
W szczepionkach glebowych mogą znajdować się np. bakterie, które dostarczają roślinie azot niezbędny jej do wzrostu.

Wykorzystanie naturalnych interakcji między organizmami

Dzięki wykorzystaniu naturalnych interakcji między organizmami można ograniczyć stosowanie nawozów sztucznych i chemicznych środków ochrony roślin.

Mikoryza

Mikoryza to obustronnie korzystna relacja między grzybami a roślinami. W relacji tej grzyby otrzymują od roślin cukry, a rośliny od grzybów – wodę z solami mineralnymi. Rośliny, które wchodzą w związek z grzybami, lepiej rosną i dają obfitsze plony. Aby uzyskać ten efekt w uprawach, można stosować szczepionki zawierające grzyby mikoryzowe.



Pasożytnictwo i drapieżnictwo

Biologiczna walka z organizmami uważanymi przez człowieka za szkodniki może odbywać się dzięki wykorzystaniu ich naturalnych wrogów – pasożytów lub drapieżników.



Larwy kruszynka odżywiają się jajami szkodników owadzich.



Biedronki i ich larwy żywią się m.in. mszycami i przędziorkami, które są powszechnymi szkodnikami roślin.

Gospodarka odpadami i oczyszczanie ścieków

Ludzie wytwarzają ogromne ilości odpadów, np. każdy Polak produkuje ich średnio ponad 300 kg rocznie. Odpady pochodzą też z zakładów przemysłowych, firm i gospodarstw rolnych. Biotechnologia tradycyjna wypracowała wiele sposobów na racjonalne gospodarowanie odpadami.

Kompost

Odpady organiczne można wykorzystać do produkcji naturalnego nawozu. W tym celu należy założyć tzw. pryzmę kompostową, czyli zbudować kopiec z ułożonych na przemian warstw odpadów organicznych i gleby. Procesy rozkładu przeprowadzane przez mikroorganizmy glebowe zmienią odpady w żyzny nawóz.



Nawozem wytworzonym w pryzmie kompostowej można obłożyć np. warzywa hodowane w ogrodzie.

Biogaz

Odpady organiczne i ścieki mogą służyć do wytwarzania biogazu. To gaz palny, który można zastosować m.in. jako paliwo do ogrzewania budynków. Produkcja biogazu odbywa się w biogazowniach. Odpady organiczne są tam gromadzone w komorach, w których zachodzi fermentacja metanowa.



Biogazownia rolnicza umożliwia wytworzenie biogazu z organicznych odpadów rolnych, np. gnojowicy czy odpadów z pól uprawnych.

Biologiczne oczyszczanie ścieków

Biologiczne oczyszczanie ścieków polega na rozkładzie nieczystości organicznych przez mikroorganizmy. Przeprowadza się je zwykle w warunkach tlenowych, w specjalnie napowietrzanych komorach. Niekiedy, aby oczyszczanie było skuteczniejsze, stwarza się warunki zarówno tlenowe, jak i beztlenowe.



Oczyszczanie biologiczne przeprowadza się w specjalnych zbiornikach i komorach fermentacyjnych.

Polimery biodegradowalne

Polimery biodegradowalne to związki szybko rozkładane przez mikroorganizmy naturalnie występujące w przyrodzie.



Z naturalnych biodegradowalnych polimerów, np. skrobi, wykonuje się wiele opakowań jednorazowego użytku. W przyrodzie są one rozkładane w ciągu kilkudziesięciu dni.

Biotechnologia tradycyjna w przemyśle spożywczym

Metody biotechnologii tradycyjnej umożliwiają otrzymywanie wielu produktów spożywczych, np. pieczywa, serów, kiszonych warzyw czy alkoholi. Procesy wykorzystywane w tym celu to fermentacja alkoholowa oraz fermentacja mleczanowa, które są przeprowadzane przez mikroorganizmy.



W przemyśle spożywczym wykorzystuje się szlachetne szczepy drożdży należących do gatunku *Saccharomyces cerevisiae*.

Fermentacja alkoholowa

Fermentacja alkoholowa polega na rozkładzie cukrów na alkohol etylowy i dwutlenek węgla. Ten rodzaj fermentacji stosuje się m.in. do produkcji piwa, wina i innych napojów alkoholowych oraz do produkcji pieczywa.



Ciasto drożdżowe „rośnie" dzięki dwutlenkowi węgla uwalnianemu podczas fermentacji alkoholowej.



Piwo produkuje się w ogromnych fermentatorach nazywanych kadziami.

Fermentacja mleczanowa

Fermentacja mleczanowa polega na rozkładzie cukrów na kwas mlekowy. Kwas mlekowy zakwasza produkty, dzięki czemu otrzymuje się kiszone warzywa, np. ogórki lub kapustę. Powoduje też ścinanie się białka mleka, co umożliwia produkcję serów i jogurtów. Ma on również właściwości konserwujące – poddane jego działaniu produkty spożywcze są dłużej przydatne do spożycia.



Do produkcji nabiału wykorzystuje się głównie bakterie z rodzajów *Lactobacillus* lub *Lactococcus*.





Fermentacja mleczanowa umożliwia produkcję m.in. serów, jogurtów i kiszonych warzyw.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym różni się biotechnologia tradycyjna od biotechnologii molekularnej.
2. Podaj jeden przykład wykorzystania metod biotechnologii tradycyjnej w przemyśle farmaceutycznym.
3. Podaj po dwa przykłady zastosowania fermentacji mleczanowej i fermentacji alkoholowej w przemyśle spożywczym.
4. Na podstawie wiarygodnych źródeł omów rolę fermentacji w innym rodzaju przemysłu niż przemysł spożywczy.

4.2. Podstawowe narzędzia i techniki inżynierii genetycznej

Ważne w tym temacie!

- narzędzia wykorzystywane w inżynierii genetycznej
- techniki stosowane w inżynierii genetycznej
- zastosowania wybranych technik inżynierii genetycznej w medycynie sądowej, kryminalistyce i diagnostyce chorób

Inżynieria genetyczna to dziedzina nauki, która zajmuje się opracowywaniem technik umożliwiających wprowadzanie zmian w genomach organizmów i wirusów. Techniki te pozwalają na uzyskiwanie organizmów o określonych cechach znacznie szybciej niż za pomocą selekcji sztucznej.

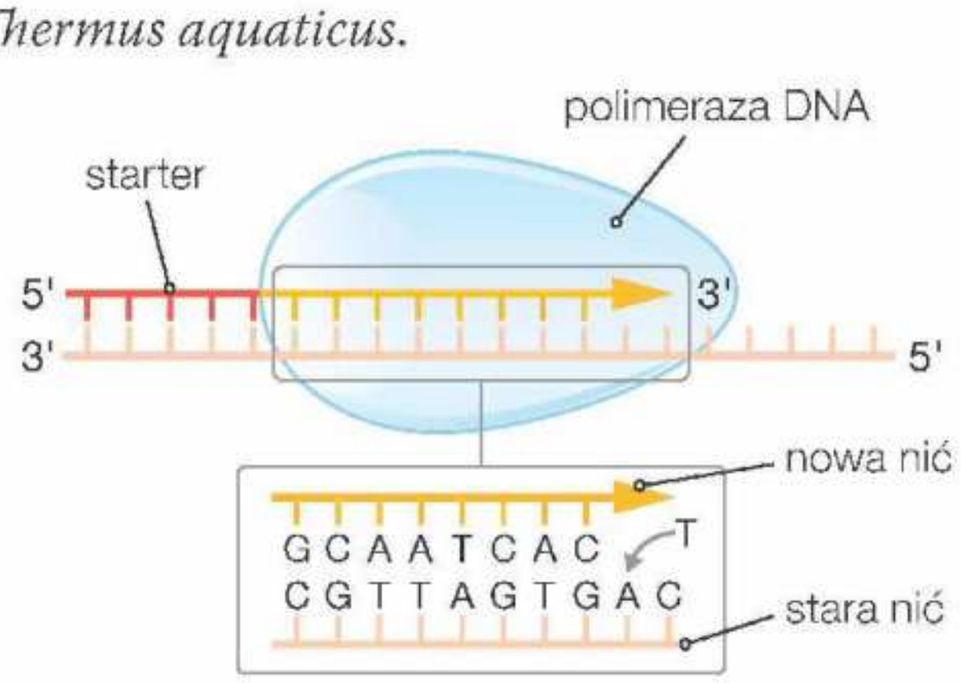
Enzymy – narzędzia stosowane w inżynierii genetycznej

W inżynierii genetycznej komórki o określonych cechach uzyskuje się przez wprowadzenie zmian w ich DNA. Jest to możliwe dzięki wykorzystaniu niektórych enzymów, takich jak polimerazy DNA, enzymy restrykcyjne oraz ligazy.

Polimerazy DNA

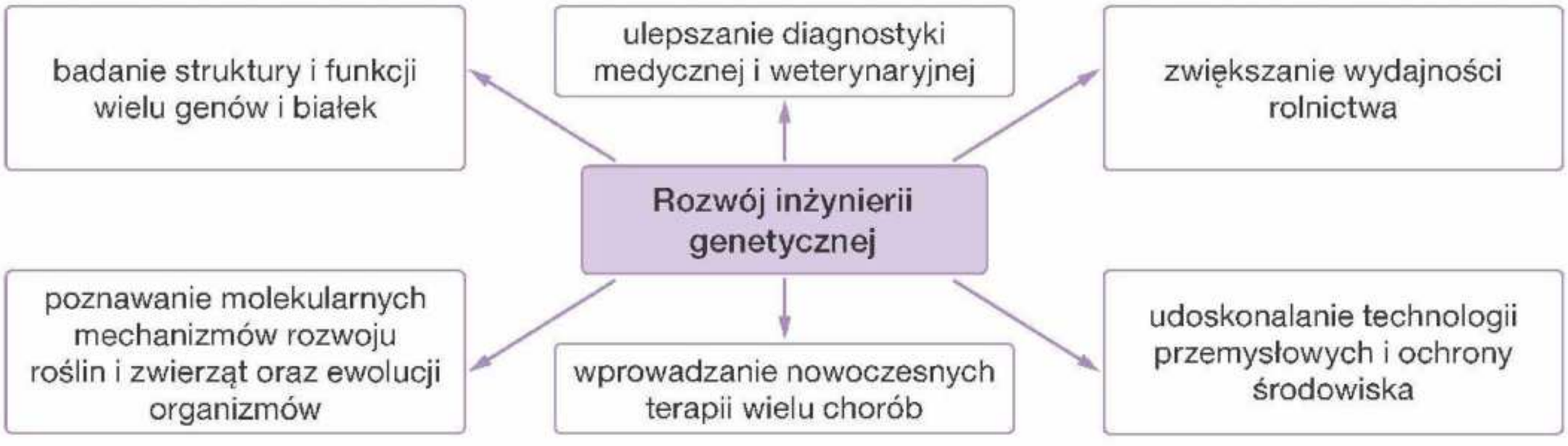
Polimerazy DNA są używane do powielania fragmentów DNA, np. wybranych genów. Działanie polimeraz DNA polega na syntezie nowej nici DNA komplementarnej do matrycy. Synteza rozpoczyna się od **startera**, czyli krótkiego fragmentu kwasu nukleinowego (→ s. 16). Matrycą jest zazwyczaj nić DNA. Wyjątek stanowią odwrotne transkryptazy, które jako matrycę do syntezy nici DNA wykorzystują RNA (→ s. 30).

Polimerazy DNA różnią się szybkością i dokładnością działania, a także zakresem temperatury, w którym mogą być stosowane. Niektóre polimerazy DNA są stabilne w szerokim zakresie temperatury, dzięki czemu nie tracą aktywności nawet w wysokiej temperaturze (ok. 95°C). Taką termostabilną polimerazą jest np. polimeraza Taq, wyizolowana z archeowca *Thermus aquaticus*.



Polimerazy DNA dobudowują nową nić DNA, która jest komplementarna do matrycy, zaczynając od startera.

Wpływ rozwoju inżynierii genetycznej na różne dziedziny życia



Enzymy restrykcyjne

Enzymy restrykcyjne (nukleazy restrykcyjne) służą do rozcinania DNA. Każdy enzym restrykcyjny rozpoznaje i przecina określoną sekwencję DNA, składającą się zwykle z 4–8 pz.

Enzymy restrykcyjne naturalnie występują w komórkach bakterii i archeowców, gdzie służą do niszczenia genomów wirusów podczas infekcji wirusowej. Określony enzym restrykcyjny rozcina daną cząsteczkę DNA zawsze w tych samych miejscach i daje stałą liczbę fragmentów. Na przykład enzym *Eco*RI trawi genom bakteriofaga λ na sześć fragmentów, a enzym *Hind*III – na osiem fragmentów.

Miejsca rozpoznawane przez poszczególne enzymy restrykcyjne różnią się częstością występowania w cząsteczkach DNA. Na przykład sekwencje czteronukleotydowe są znacznie częstsze niż sekwencje ośmionukleotydowe. To dlatego długość i liczba fragmentów DNA otrzymanych w wyniku zastosowania odmiennych enzymów restrykcyjnych są różne.

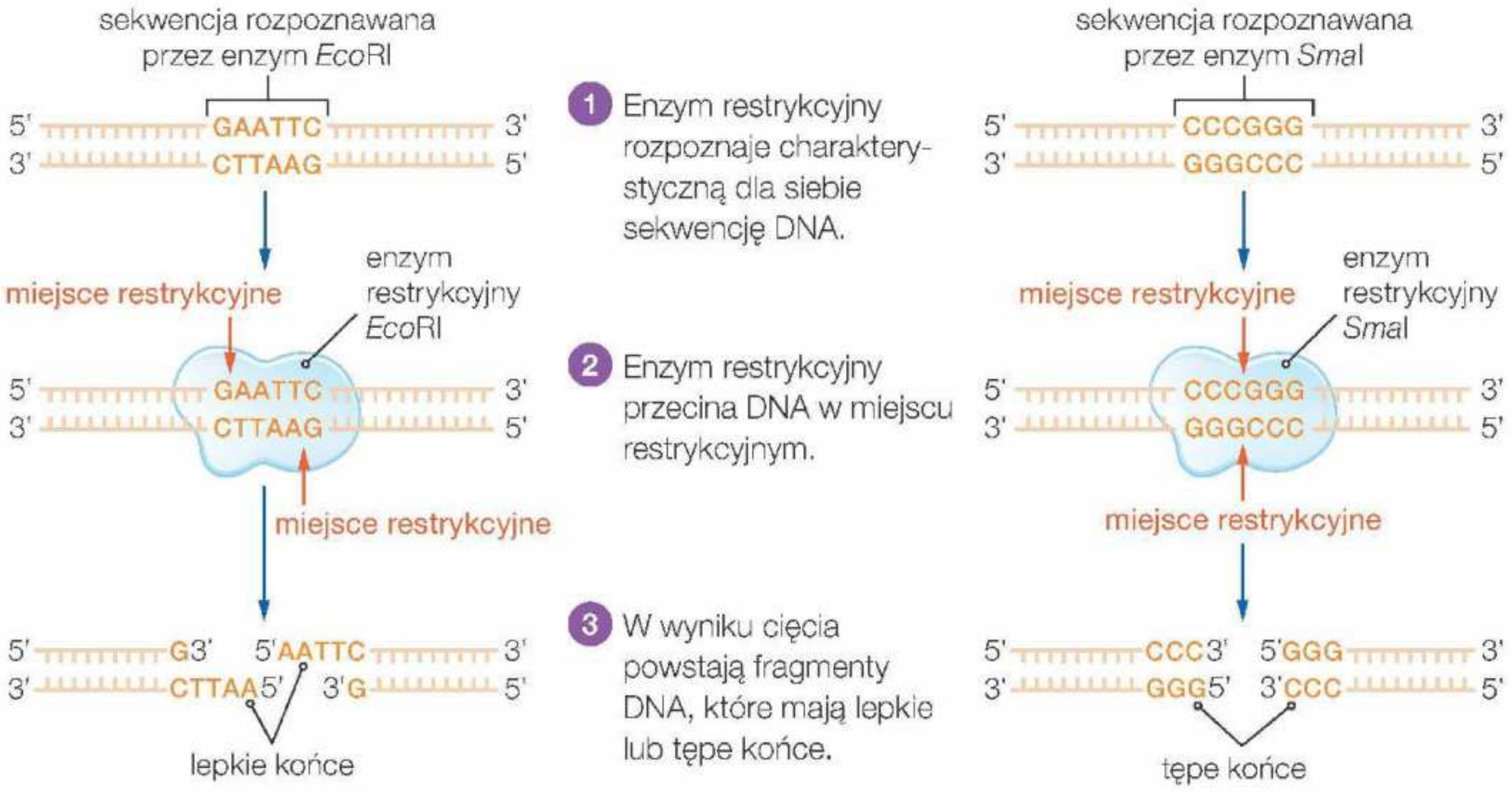
Działanie enzymów restrykcyjnych

Każdy enzym restrykcyjny rozpoznaje charakterystyczną dla siebie sekwencję DNA. Następnie enzym przecina DNA – czyli hydrolizuje wiązanie fosfodiestrowe – w określonym miejscu, zwanym **miejscem restrykcyjnym**. W wyniku cięcia powstają fragmenty DNA, które mogą mieć zakończenia jednoniciowe (tzw. **lepkie końce**) lub zakończenia dwuniciowe (tzw. **tępe końce**).

Sekwencje palindromowe

Sekwencje rozpoznawane przez enzymy restrykcyjne są najczęściej palindromowe. Oznacza to, że są one identyczne podczas odczytu w tym samym kierunku (np. 5′ → 3′) na obu niciach.

kierunek czytania →
5′-GAATTC-3′
3′-CTTAAG-5′
← kierunek czytania



Samouczek

Sprawdzenie, jakie produkty powstaną na skutek cięcia DNA przez enzym restrykcyjny

Przykład

Odcinek DNA o długości 48 pz składa się z nukleotydów o następującej sekwencji:

5′–AAATTAGCTCGGCCTTAGAATTCAATGTAGTAGCTATGACCTTCGGAT–3′

3′–TTTAATCGAGCCGGAATCTTAAGTTACATCATCGATACTGGAAGCCTA–5′

Określ długość produktów powstałych na skutek przecięcia podanego wyżej odcinka DNA przez:

a) enzym restrykcyjny 1, który rozpoznaje sekwencję 5′-GAATTC-3′ i rozcina ją między G a A (5′-G|AATTC-3′ – miejsce cięcia oznaczono pionową kreską),

b) enzym restrykcyjny 2, który rozpoznaje sekwencję 5′-AGCT-3′ i rozcina ją między G a C (5′-AG|CT-3′ – miejsce cięcia oznaczono pionową kreską).

Krok 1

Zaznacz miejsca rozpoznawane przez oba enzymy restrykcyjne.

Enzym 1: 5′-GAATTC-3′

Enzym 2: 5′-AGCT-3′

5′–AAATTAGCTCGGCCTTAGAATTCAATGTAGTAGCTATGACCTTCGGAT–3′

3′–TTTAATCGAGCCGGAATCTTAAGTTACATCATCGATACTGGAAGCCTA–5′

Krok 2

Zaznacz (np. pionową kreską lub strzałką) miejsce cięcia każdego z enzymów restrykcyjnych.

5′–AAATTAG|CTCGGCCTTAG|AATTCAATGTAGTAG|CTATGACCTTCGGAT–3′

3′–TTTAATC|GAGCCGGAATCTTAA|GTTACATCATC|GATACTGGAAGCCTA–5′

Krok 3

Określ długość produktów powstałych po cięciu DNA przez enzymy restrykcyjne.

Podpunkt a

Podczas podawania długości fragmentu DNA w parach zasad (pz) liczy się wyłącznie sparowane nukleotydy.

5′–AAATTAGCTCGGCCTTAG–3′ 5′–AATTCAATGTAGTAGCTATGACCTTCGGAT–3′

3′–TTTAATCGAGCCGGAATCTTAA–5′ 3′′–GTTACATCATCGATACTGGAAGCCTA–5′

Enzym 1 tnie cząsteczkę DNA w taki sposób, że pozostawia odcinki jednoniciowe, które nie są podliczane (lepkie końce). Z tego powodu suma par zasad przeciętych odcinków jest mniejsza niż liczba par zasad nieprzeciętej cząsteczki DNA.

Odpowiedź: W wyniku zastosowania enzymu 1 powstaną 2 cząsteczki DNA o długości ok. 18 pz i 26 pz.

Podpunkt b

Enzym 2 tnie cząsteczkę DNA w taki sposób, że pozostawia tępe końce. Dlatego suma par zasad przeciętych odcinków jest taka sama jak liczba par zasad nieprzeciętej cząsteczki DNA.

5′–AAATTAG–3′ 5′–CTCGGCCTTAGAATTCAATGTAGTAG–3′ 5′–CTATGACCTTCGGAT–3′

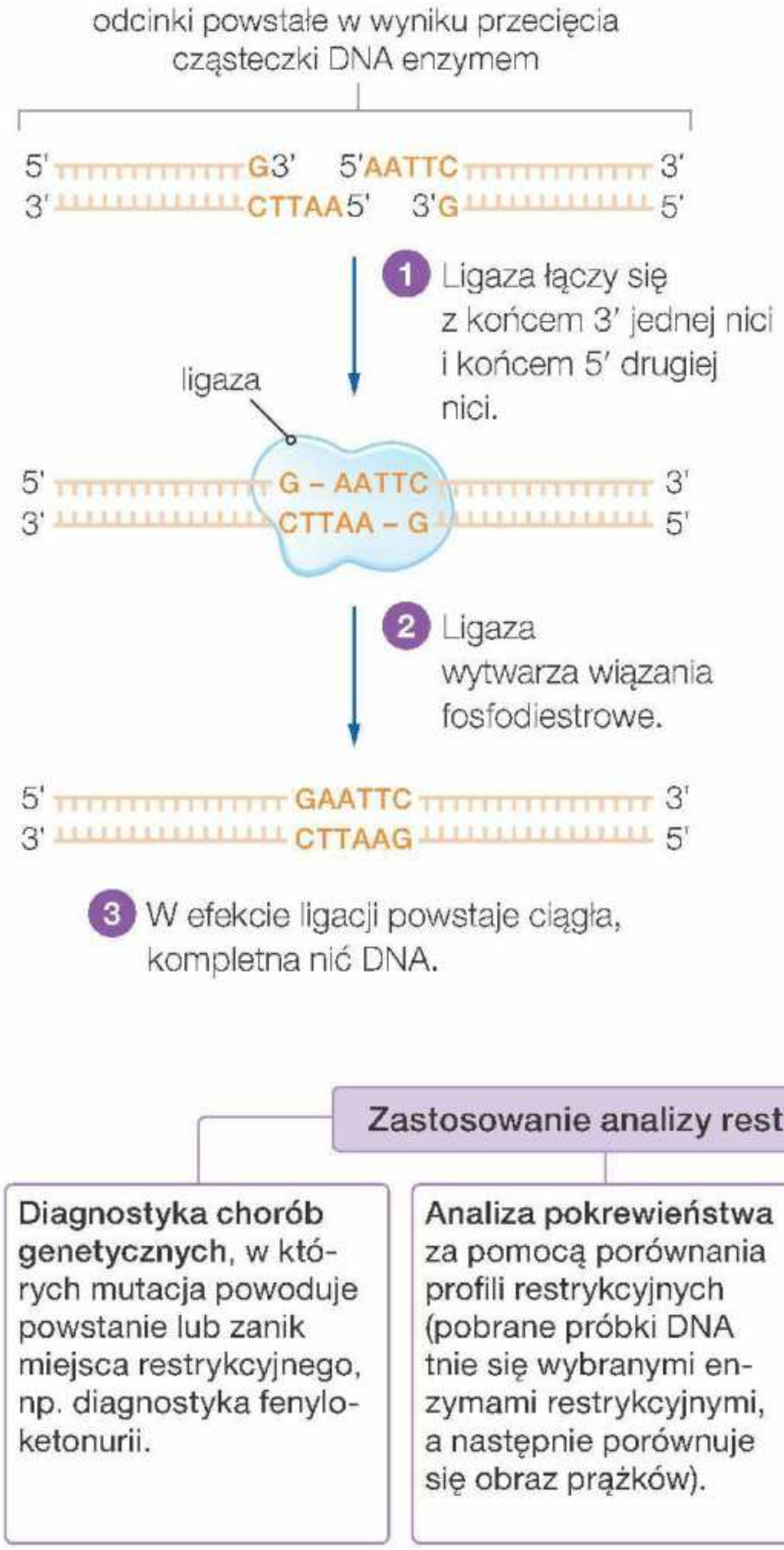
3′–TTTAATC–5′ 3′–GAGCCGGAATCTTAAGTTACATCATC–5′ 3′–GATACTGGAAGCCTA–5′

Odpowiedź: W wyniku zastosowania enzymu 2 powstaną 3 cząsteczki DNA o długości 7, 15 i 26 pz.

Ligazy

Ligazy to enzymy, które łączą fragmenty DNA, np. przecięte enzymami restrykcyjnymi. Wytwarzają one wiązania fosfodiestrowe między nukleotydami. Reakcja ligacji może zajść tylko wtedy, gdy końce, które mają zostać połączone, znajdą się wystarczająco blisko siebie. Z tego powodu przebiega ona najwydajniej w przypadku cząsteczek z komplementarnymi lepkimi końcami, które samorzutnie tworzą wiązania wodorowe. Jeżeli cząsteczki mają tępe końce, to ligacja zachodzi mniej wydajnie.

Działanie ligaz



Techniki inżynierii genetycznej

Do podstawowych technik stosowanych w inżynierii genetycznej należą:

- analiza restrykcyjna i elektroforeza DNA,
- hybrydyzacja DNA,
- łańcuchowa reakcja polimerazy,
- sekwencjonowanie DNA,
- klonowanie DNA.

Analiza restrykcyjna i elektroforeza DNA

Analiza restrykcyjna polega na trawieniu (cięciu) DNA wybranymi enzymami restrykcyjnymi, a następnie porównywaniu liczby i długości powstałych fragmentów. Technika ta pozwala m.in. na cięcie genomów organizmów w określonych miejscach oraz na odróżnianie od siebie cząsteczek DNA.

Elektroforeza DNA to technika rozdzielania fragmentów DNA o różnej długości. Odbywa się to w porowatym żelu i pod wpływem działania pola elektrycznego. DNA przemieszcza się w żelu w kierunku elektrody dodatniej, ponieważ ma ładunek ujemny, nadany mu przez reszty fosforanowe(V). Szybkość poruszania się cząsteczek DNA zależy głównie od ich masy, zatem również od ich długości. Im krótsze są cząsteczki DNA, tym szybciej przemieszczają się w żelu.

DNA jest bezbarwny. Dlatego aby zobaczyć wynik elektroforezy, należy dodać do żelu substancję, która łączy się z DNA i jest barwna. Przykładem takiej substancji jest bromek etydyny, który pod wpływem światła UV wykazuje różową fluorescencję.

Zastosowanie analizy restrykcyjnej i elektroforezy DNA

- **Diagnostyka chorób genetycznych**, w których mutacja powoduje powstanie lub zanik miejsca restrykcyjnego, np. diagnostyka fenyloketonurii.
- **Analiza pokrewieństwa** za pomocą porównania profili restrykcyjnych (pobrane próbki DNA tnie się wybranymi enzymami restrykcyjnymi, a następnie porównuje się obraz prążków).
- **Konstruowanie map restrykcyjnych**, czyli schematów wskazujących, gdzie w cząsteczce DNA znajdują się miejsca restrykcyjne.
- **Sprawdzenie, czy efekty zastosowania innej techniki są poprawne**, np. sprawdzenie, czy w wyniku zaplanowanego łączenia dwóch cząsteczek DNA powstały lub zaniknęły miejsca restrykcyjne.

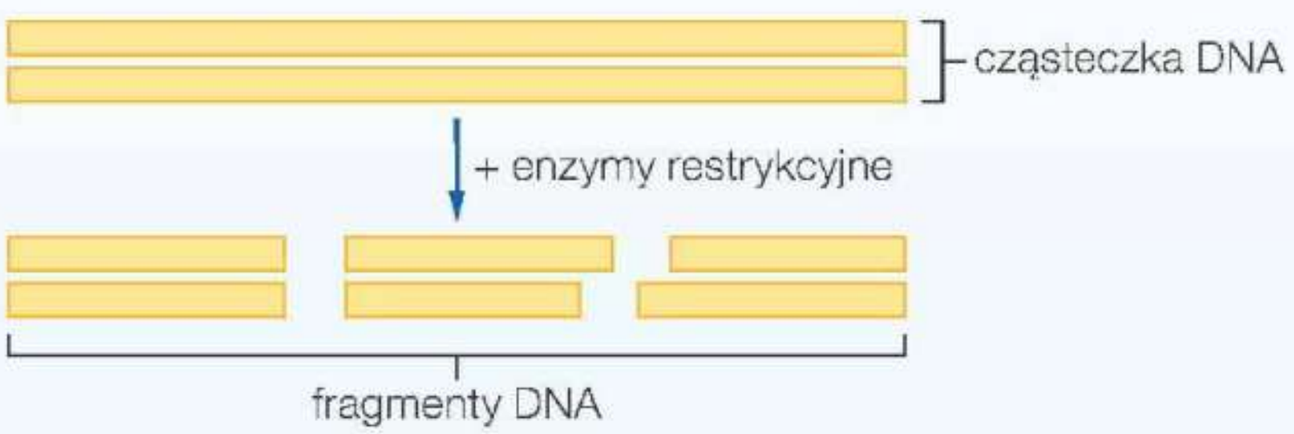
Przebieg analizy restrykcyjnej i elektroforezy DNA

Analiza restrykcyjna i elektroforeza DNA umożliwiają identyfikację fragmentów DNA w próbie oraz określenie ich długości.

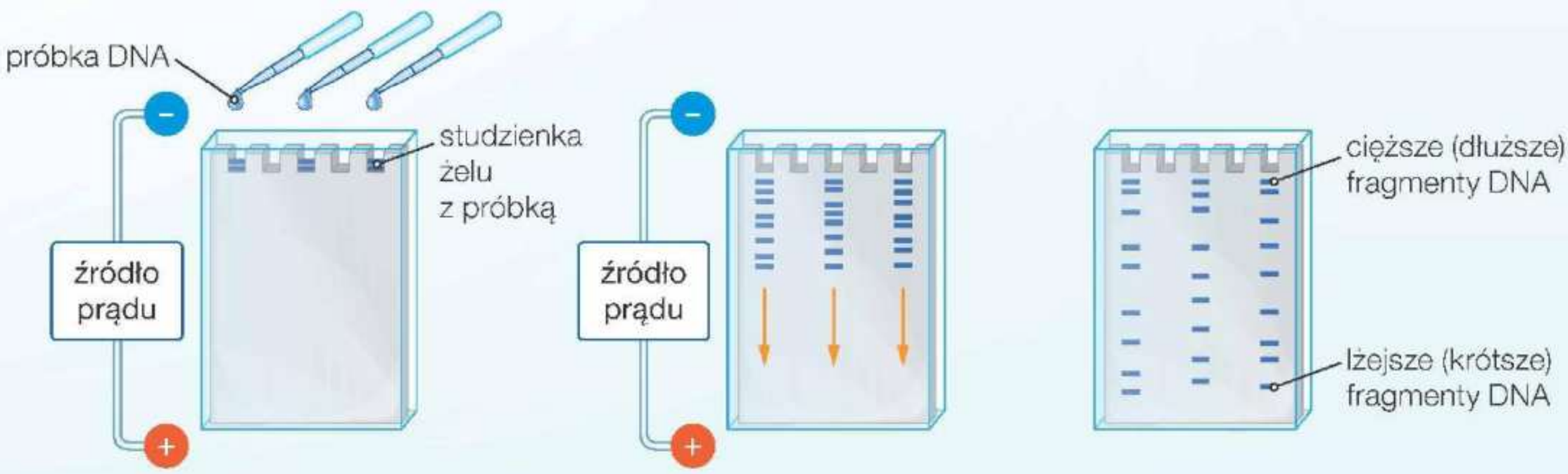
Etapy analizy restrykcyjnej i elektroforezy DNA

1 Trawienie DNA enzymami restrykcyjnymi

Próbki wyizolowanego DNA poddaje się działaniu określonych enzymów restrykcyjnych. W ten sposób w próbkach uzyskuje się fragmenty DNA o różnych długościach.



2 Elektroforeza DNA



1. Próbki DNA umieszcza się w studzienkach żelu zanurzonego w roztworze zawierającym jony. Do jednej ze studzienek dodaje się mieszaninę cząsteczek DNA o znanych wielkościach.
2. Pod wpływem pola elektrycznego ujemnie naładowane cząsteczki DNA przemieszczają się w kierunku elektrody dodatniej.
3. Cząsteczki DNA poruszają się w żelu z różną prędkością, przez co tworzą prążki. Lżejsze (krótsze) fragmenty przemieszczają się szybciej, a cięższe (dłuższe) – wolniej.

3 Wizualizacja i analiza wyników

Po zakończeniu elektroforezy żel jest barwiony substancją, która wiąże się z DNA (np. bromkiem etydyny). Dzięki temu można ocenić położenie fragmentów DNA w żelu.

Jedna z próbek zawiera mieszaninę fragmentów DNA o znanych długościach. Służy ona za wzorzec, z którym porównuje się położenie prążków z innych prób. W ten sposób można określić wielkość fragmentów DNA w badanych próbach.



Bromek etydyny pod wpływem światła UV wykazuje różową fluorescencję.

Samouczek

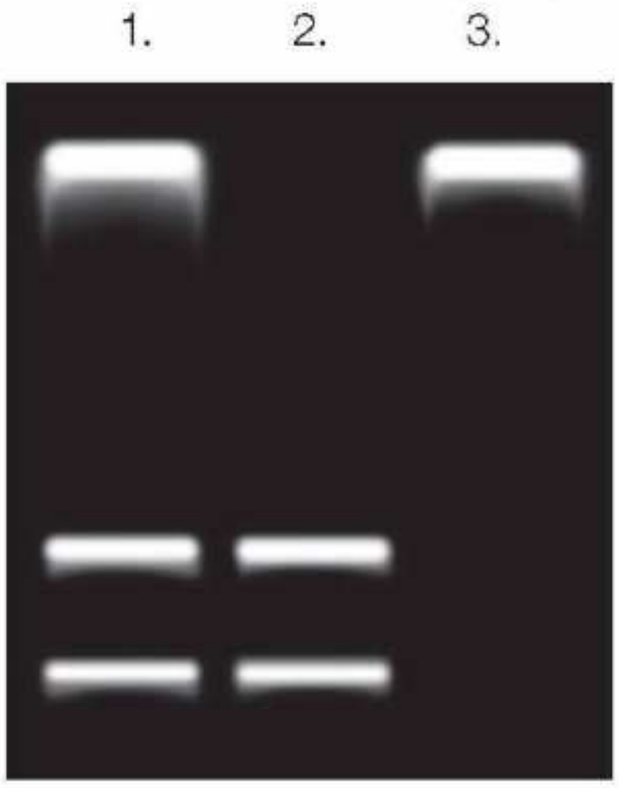
Analiza wyniku elektroforezy DNA

Przykład

Przyczyną fenyloketonurii jest brak lub niedobór enzymu hydroksylazy fenyloalaniny (PAH), spowodowany mutacją genu *PAH* położonego na chromosomie 12 (→ s. 120). Jedna z najczęściej występujących mutacji w obrębie genu *PAH* polega na zmianie sekwencji 5′-CCGG-3′ obecnej w genie prawidłowym na inną sekwencję. Sekwencja 5′-CCGG-3′ jest rozpoznawana przez enzym *Hpa*II, więc jej zmiana powoduje zanik miejsca restrykcyjnego dla tego enzymu.

Aby zdiagnozować fenyloketonurię, powiela się fragment genu, który w prawidłowym allelu zawiera sekwencję 5′-CCGG-3′, a następnie trawi się go enzymem *Hpa*II. Powstałe fragmenty rozdziela się za pomocą elektroforezy.

Na poniższej ilustracji przedstawiono wynik badania, które miało określić, czy u trzech noworodków występuje mutacja w genie *PAH* (próby 1–3).



Na podstawie przedstawionych wyników badań określ, czy któryś z badanych noworodków będzie miał objawy fenyloketonurii.

Krok 1

Przypomnij sobie, jak jest dziedziczona fenyloketonuria.

Wskazówka:

Fenyloketonuria jest dziedziczona autosomalnie recesywnie. Oznacza to, że objawy choroby będzie wykazywała wyłącznie homozygota recesywna.

Krok 2

Określ, jaki obraz prążków będzie widoczny w przypadku homozygoty dominującej, heterozygoty i homozygoty recesywnej.

Wskazówka:

Mutacja będąca przyczyną fenyloketonurii powoduje zanik miejsca restrykcyjnego dla enzymu *Hpa*II. Oznacza to, że:

- w przypadku allelu zmutowanego cząsteczka DNA nie zostanie przecięta enzymem restrykcyjnym – widoczny będzie jeden prążek, który będzie się wolno przemieszczać w żelu,
- w przypadku niezmutowanego allelu powstaną dwa lżejsze fragmenty DNA – widoczne będą dwa prążki, które będą migrować w żelu szybciej niż cała, nieprzecięta cząsteczka DNA.



Krok 3

Przeanalizuj wyniki badania.

- Próba 1 – widać trzy prążki. Oznacza to, że jeden allel nie został przecięty enzymem restrykcyjnym, a drugi został przecięty. Noworodek z próby 1 jest więc heterozygotą.
- Próba 2 – widać dwa prążki. Oznacza to, że oba allele zostały przecięte. Noworodek z próby 2 jest więc homozygotą dominującą.
- Próba 3 – widać jeden prążek. Oznacza to, że żaden allel nie został przecięty. Noworodek z próby 3 jest więc homozygotą recesywną.

Odpowiedź:

Noworodek z próby 3 będzie mieć objawy fenyloketonurii.

Hybrydyzacja DNA z użyciem sondy molekularnej

Sonda molekularna to krótki odcinek kwasu nukleinowego umożliwiający odszukanie określonej sekwencji nukleotydów (zwykle fragmentu genu) w materiale genetycznym. Odcinek ten łączy się z poszukiwaną sekwencją nukleotydów na zasadzie komplementarności. W ten sposób sonda molekularna wskazuje położenie poszukiwanej sekwencji (np. w chromosomie) dzięki temu, że sonda jest oznakowana związkiem fluorescencyjnym lub izotopem promieniotwórczym. Połączenie komplementarnych nici kwasów nukleinowych nosi nazwę **hybrydyzacji DNA**.

Hybrydyzację DNA stosuje się m.in. do:

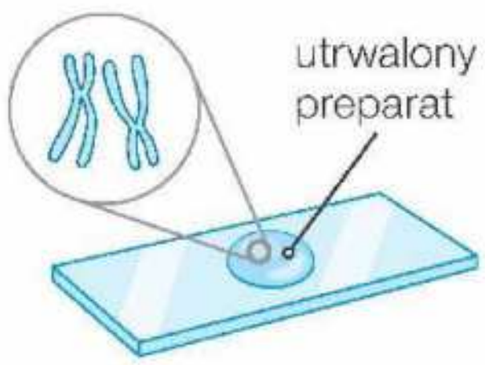
- diagnostyki chorób genetycznych i zakażeń – hybrydyzacja DNA umożliwia wykrywanie mutacji chromosomowych oraz genomów wirusów lub bakterii w próbce,
- określania lokalizacji sekwencji na chromosomach – hybrydyzacja DNA pozwala ustalić, gdzie dokładnie znajduje się dany gen lub fragment DNA w genomie.

Fluorescencyjna hybrydyzacja DNA

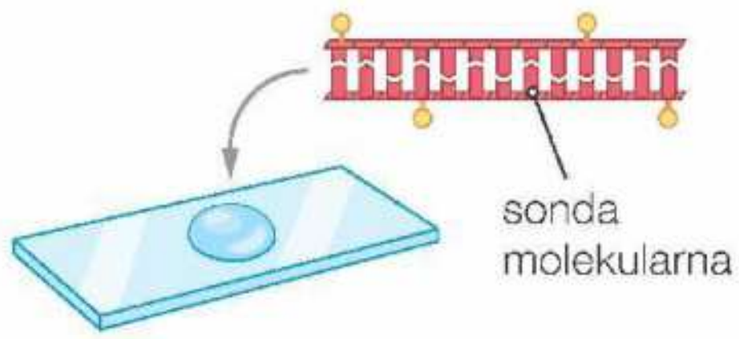
Fluorescencyjna hybrydyzacja DNA jest techniką cytogenetyczną służącą do wykrywania w chromosomach określonej sekwencji DNA za pomocą fluorescencyjnych sond DNA.

Etapy fluorescencyjnej hybrydyzacji DNA

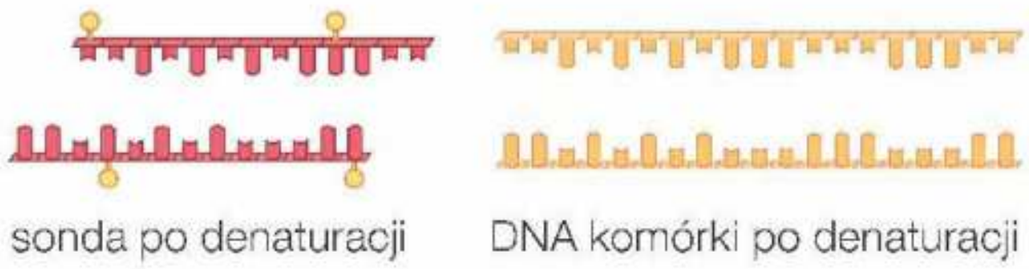
1 Przygotowanie próbki
Komórki umieszcza się na szkiełku mikroskopowym i utrwala, co pozwala zachować strukturę chromosomów.



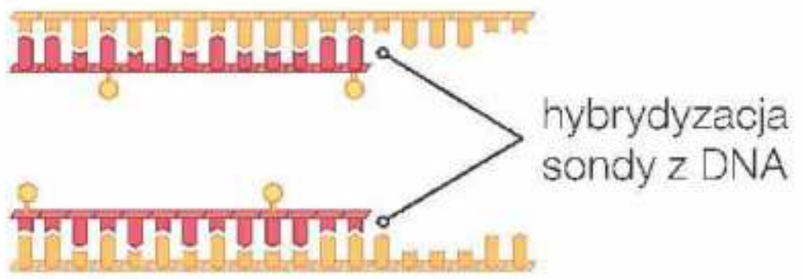
2 Dodanie sond DNA
Do próbki dodaje się sondy znakowane barwnikiem fluorescencyjnym, które są komplementarne do poszukiwanych fragmentów DNA.



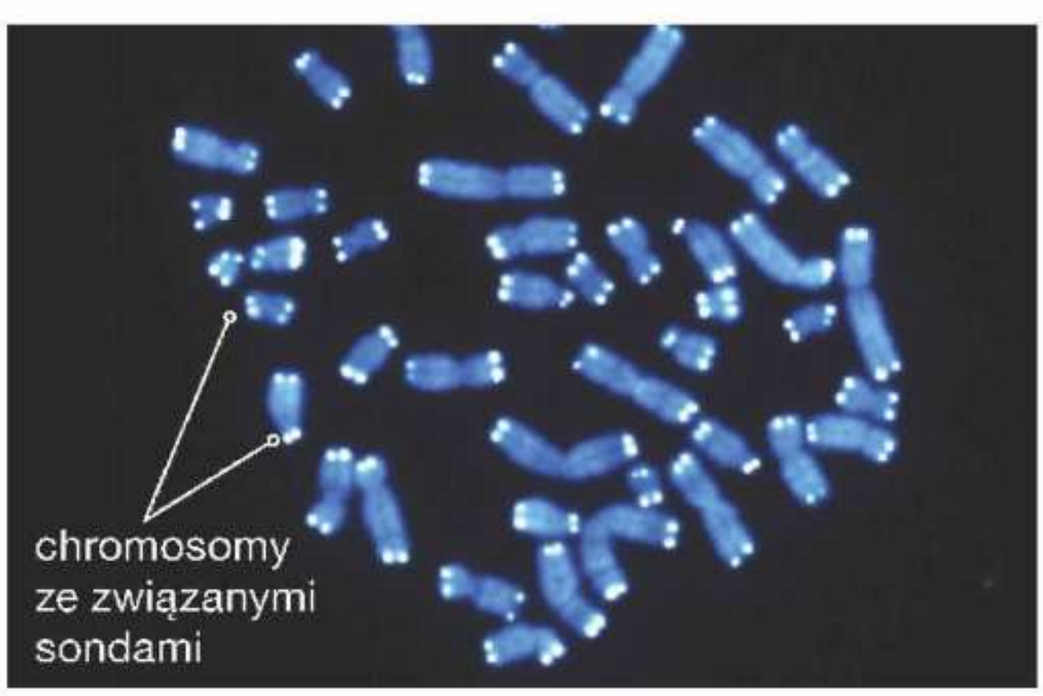
3 Denaturacja DNA
Próbkę się podgrzewa, aby rozdzielić dwuniciowe cząsteczki DNA na pojedyncze nici.



4 Hybrydyzacja
Próbkę umieszcza się w warunkach, które umożliwiają połączenie się sond z odpowiadającymi im sekwencjami DNA. Po wykonaniu hybrydyzacji próbkę się płucze, aby usunąć z niej sondy, które nie związały się specyficznie z DNA.



5 Analiza mikroskopowa
Próbkę obserwuje się pod mikroskopem fluorescencyjnym – świecące punkty wskazują miejsca związania sond z cząsteczkami DNA.



Reakcja łańcuchowa polimerazy

Reakcja łańcuchowa polimerazy (PCR, ang. *polymerase chain reaction*) to technika, która polega na powielaniu (amplifikacji) fragmentu DNA bez udziału komórek (w probówce) za pomocą polimerazy DNA. Dzięki tej technice uzyskuje się miliony kopii wybranego odcinka DNA w czasie kilku godzin. Jako matrycy używa się wyizolowanego z komórki odcinka DNA (np. wyciętego enzymami restrykcyjnymi) lub całego DNA stanowiącego genom. Może być go bardzo mało, czasami wystarczy pojedyncza cząsteczka DNA. Metodę PCR wykorzystuje się m.in. w:

- kryminalistyce i medycynie sądowej – do powielania śladowych ilości DNA, np. pobranych z miejsca zbrodni,
- diagnostyce chorób dziedzicznych – do wykrywania mutacji genowych,
- diagnostyce chorób zakaźnych – do wykrywania materiału genetycznego drobnoustrojów chorobotwórczych (w przypadku wirusów RNA, np. HIV i SARS-CoV-2, najpierw przeprowadza się odwrotną transkrypcję).

Przebieg PCR

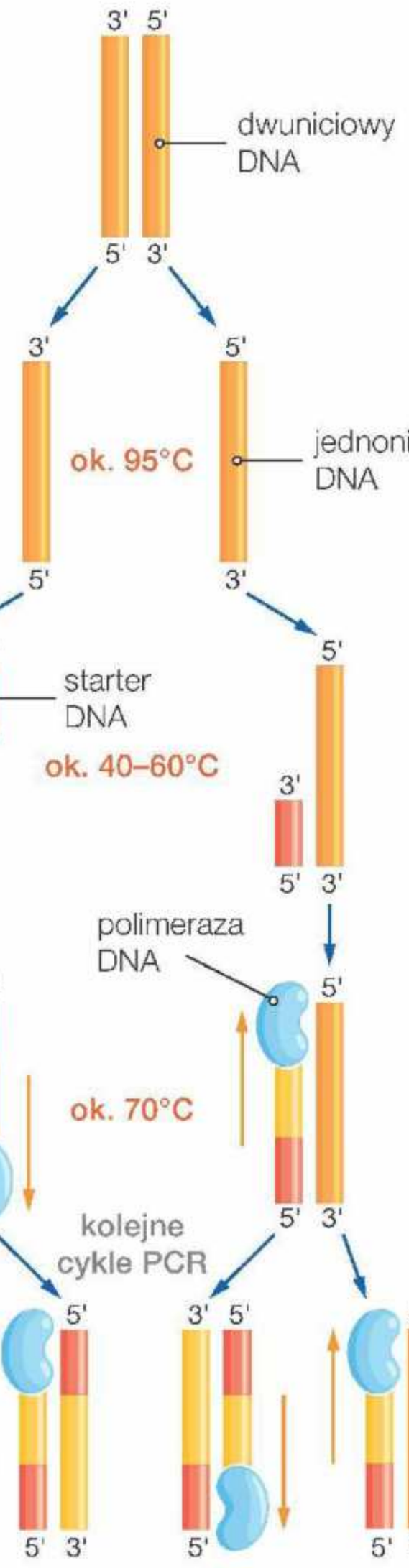
Podczas PCR powielanie DNA zachodzi w cyklach (zwykle 20–30). Każdy cykl obejmuje: denaturację DNA, przyłączenie starterów i syntezę komplementarnych nici DNA. Procesy te przebiegają w jednej probówce, w której znajdują się: powielany dwuniciowy DNA, termostabilna polimeraza DNA, wolne deoksyrybonukleotydy oraz startery. Starterami są oligonukletydy DNA komplementarne do końców powielanego odcinka DNA.

Etapy PCR

1. **Denaturacja DNA** przebiega w temperaturze ok. 95°C. Polega ona na rozdzieleniu się dwuniciowego DNA na pojedyncze nici.

2. **Przyłączenie starterów** zachodzi samorzutnie na skutek obniżenia temperatury mieszaniny reakcyjnej do 40–60°C. Startery łączą się z komplementarnymi fragmentami DNA matrycowego.

3. **Synteza komplementarnych nici DNA** przebiega w temperaturze ok. 70°C, która jest optymalna dla polimerazy DNA. Polimeraza tworzy nową nić, rozpoczynając od startera.



Obliczanie liczby produktów PCR

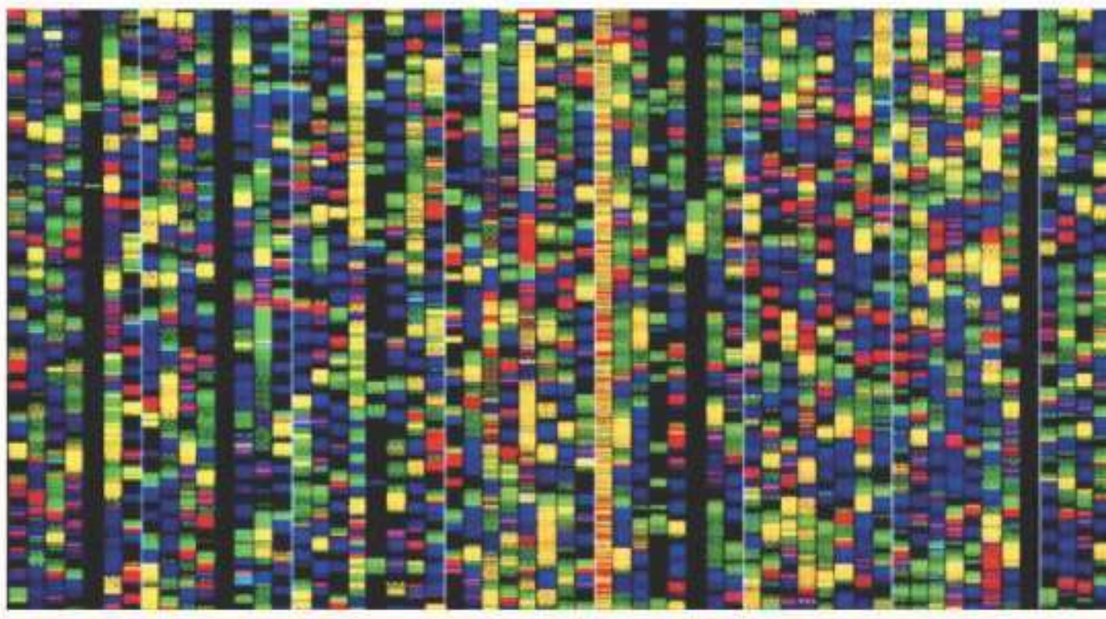
Podczas kolejnych cykli PCR liczba produktów wzrasta zgodnie ze wzorem:

2^n produktów, gdzie n oznacza liczbę cykli.

Na przykład po 4 cyklach otrzymuje się 16 cząsteczek DNA ($2^4 = 16$).

Sekwencjonowanie DNA

Sekwencjonowanie DNA polega na ustaleniu kolejności nukleotydów w cząsteczce DNA lub jej fragmencie. Obecnie sekwencjonowanie DNA jest procesem w pełni zautomatyzowanym, pozwalającym na odczytywanie kolejności nawet miliona nukleotydów w pojedynczej reakcji. Sekwencjonowania DNA używa się do ustalania sekwencji wybranych fragmentów DNA, pojedynczych genów lub kompletnych genomów organizmów.

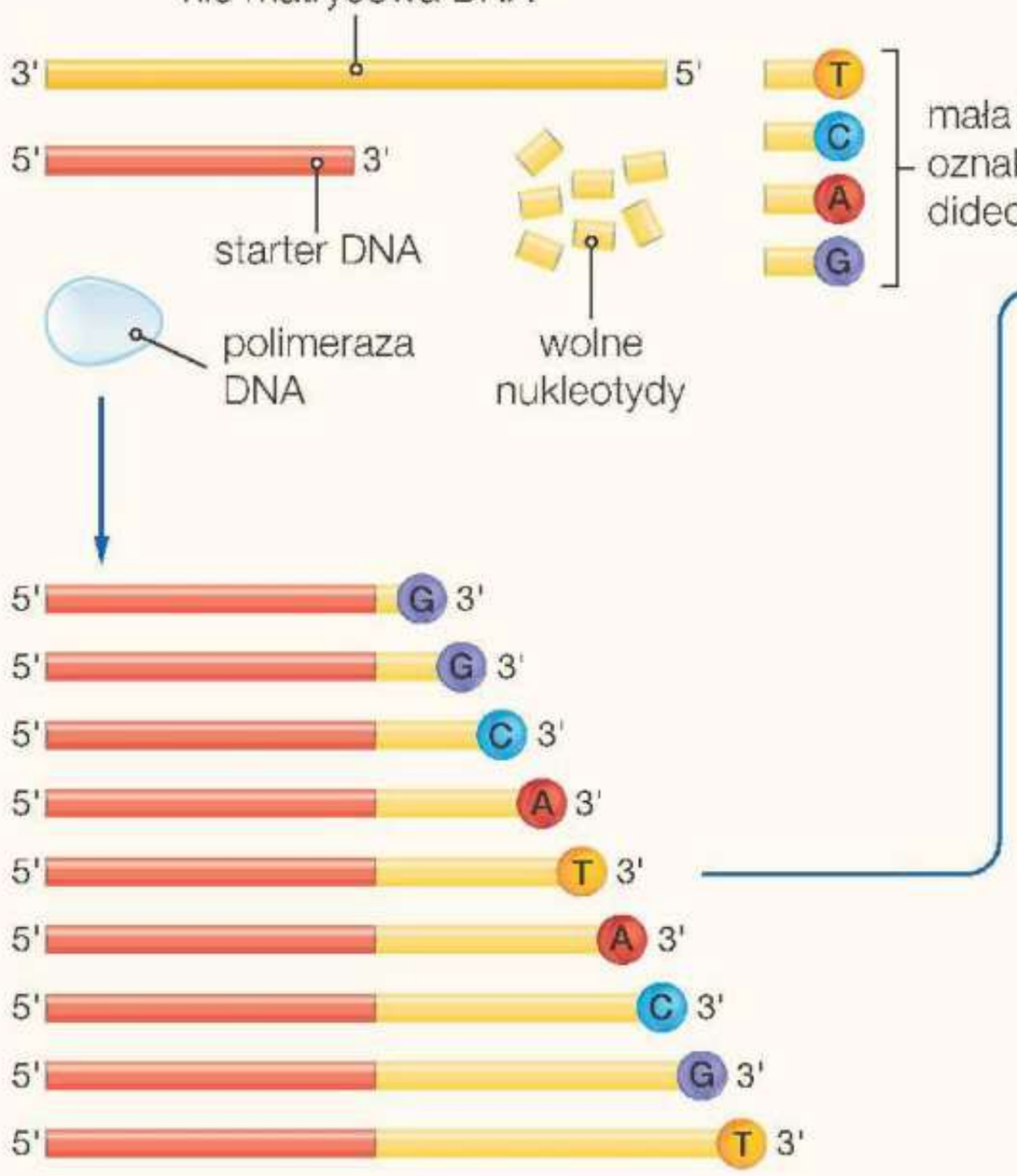


Sekwencję genomu człowieka poznano w 2000 r. Ustalono wówczas m.in., że genom ten ma wielkość ok. 3 mld pz.

Przebieg sekwencjonowania DNA metodą terminacji łańcucha

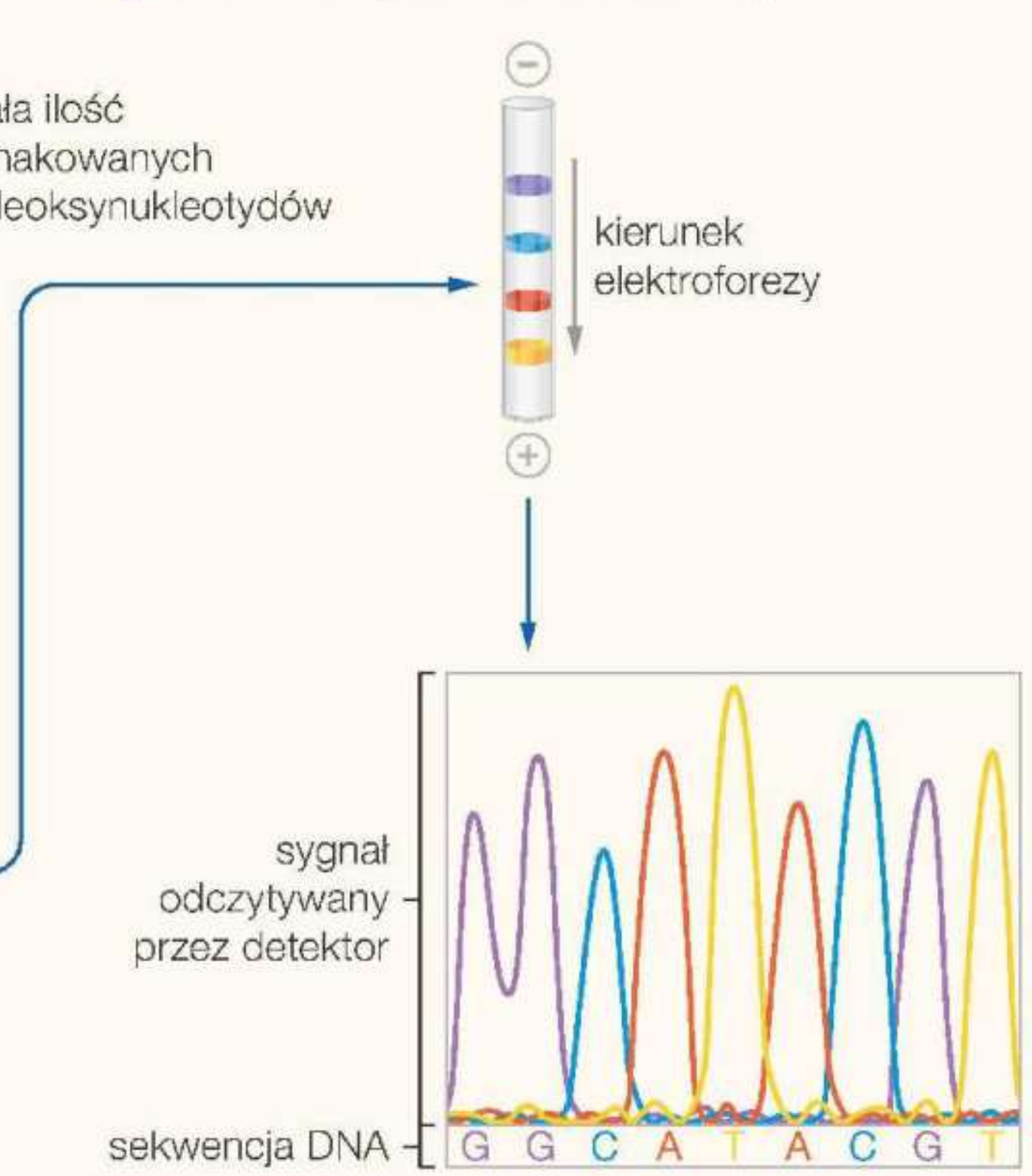
Jedna z metod sekwencjonowania DNA, zwana metodą terminacji łańcucha, łączy technikę PCR z elektroforezą DNA. W metodzie tej stosuje się dideoksynukleotydy, czyli specjalnie oznakowane nukleotydy, które nie mają grupy hydroksylowej (–OH) w pozycji 3′ deoksyrybozy, potrzebnej do wytworzenia wiązania fosfodiestrowego. Dzięki temu po przyłączeniu dideoksynukleotydu następuje zatrzymanie syntezy nowej nici DNA.

1 Polimeraza DNA syntezuje nową nić DNA, która jest komplementarna do nici matrycowej, zaczynając od startera. Synteza nici DNA się kończy, gdy zostaje włączony dideoksynukleotyd.



2 Powstaje wiele cząsteczek jednoniciowego DNA o różnej długości, zakończonych dideoksynukleotydami.

3 Cząsteczki DNA są rozdzielane według wielkości podczas elektroforezy.



4 Cząsteczki DNA przesuwają się przed detektorem. Odczytuje on, który dideoksynukleotyd znajduje się na końcu każdej z nich. Dane te są przetwarzane na sekwencję badanego fragmentu DNA.

Klonowanie DNA

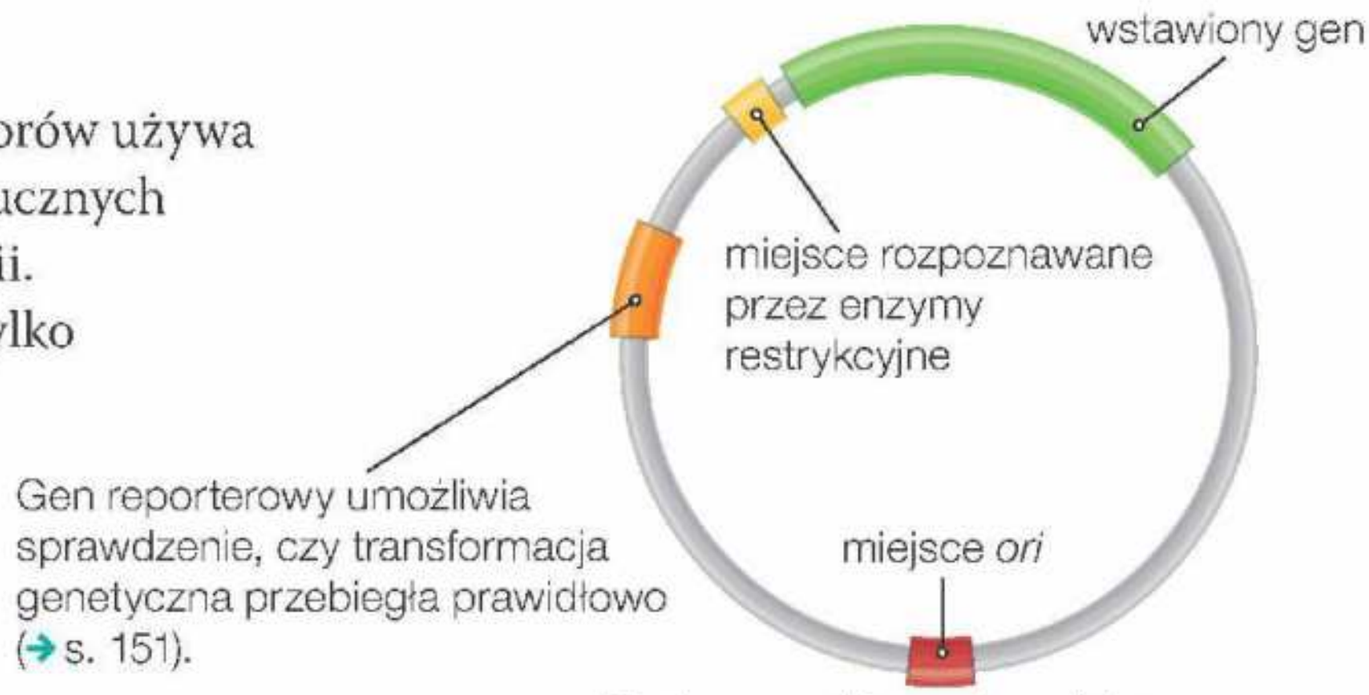
Klonowanie DNA jest techniką inżynierii genetycznej, która umożliwia tworzenie identycznych kopii wybranego fragmentu DNA (np. genu) przez wprowadzenie go do komórek, w których może być replikowany.

Klonowanie DNA przebiega w dwóch etapach:

- etap pierwszy polega na wstawieniu cząsteczki DNA lub jej fragmentu do przenośnika, czyli **wektora** (np. plazmidu). Wstawienie DNA do wektora zachodzi z udziałem enzymów restrykcyjnych oraz ligazy. Enzymy restrykcyjne przecinają DNA w określonych miejscach, a ligaza łączy fragmenty DNA. W ten sposób powstaje **zrekombinowany DNA**;
- etap drugi polega na wprowadzeniu wektora ze wstawionym DNA do wybranej komórki (np. bakteryjnej) w procesie zwanym **transformacją genetyczną** (→ s. 151). Wewnątrz komórki zrekombinowany DNA ulega replikacji, co prowadzi do powielenia wstawionego fragmentu DNA.

Wektory

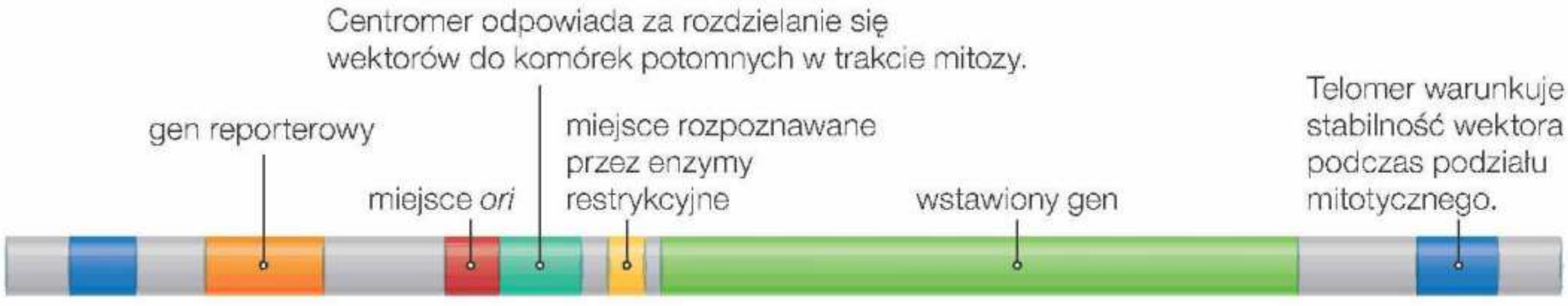
W inżynierii genetycznej jako wektorów używa się m.in. plazmidów, kosmidów, sztucznych chromosomów, wirusów lub bakterii. Wektory mogą być stosowane nie tylko do klonowania DNA, lecz także do wstawiania obcych genów do genomów różnych organizmów.



Budowa wektora plazmidowego.

Wektory używane w inżynierii genetycznej

plazmidy	kosmidy	sztuczne chromosomy	wirusy lub bakterie
• Koliste cząsteczki DNA naturalnie występujące u bakterii. • Umożliwiają klonowanie fragmentów DNA o długości do ok. 10 tys. pz. • Ulegają replikacji w komórkach bakterii.	• Sztuczne wektory powstałe przez połączenie plazmidu z sekwencją pochodzącą z bakteriofaga λ. • Umożliwiają klonowanie fragmentów DNA o długości do ok. 45 tys. pz. • Ulegają replikacji w komórkach bakterii podobnie jak plazmidy.	• Liniowe lub koliste cząsteczki DNA zaprojektowane tak, aby funkcjonowały jak naturalne chromosomy. • Umożliwiają klonowanie fragmentów DNA o długości nawet do kilku milionów pz. • Ulegają replikacji w komórkach eukariotycznych lub bakteryjnych.	• Przenoszą obce geny do komórek docelowych za pomocą infekcji. • Część z nich umożliwia integrację materiału genetycznego z genomem gospodarza. • Stosowane w terapii genowej oraz w modyfikacjach genetycznych roślin i zwierząt.



Budowa sztucznego chromosomu zaprojektowanego dla komórek eukariotycznych.

Podczas klonowania DNA zawsze się sprawdza, czy oba etapy tego procesu przebiegły prawidłowo:

- do sprawdzenia pierwszego etapu zwykle stosuje się **analizę restrykcyjną** lub **sekwencjonowanie** produktu ligacji,
- do sprawdzenia drugiego etapu wykorzystuje się **geny reporterowe** – są to geny, które celowo wprowadza się do wektora, aby umożliwić weryfikację przebiegu klonowania.

Genem reporterowym jest zwykle gen oporności na wybrany antybiotyk. Na podłożu z tym antybiotykiem rosną tylko bakterie, które pobrały wektor. Pozostałe bakterie giną.

Klonowanie DNA wykorzystuje się m.in. do tworzenia bibliotek genomowych (→s. 152) i bibliotek cDNA (→s. 153), do tworzenia organizmów modyfikowanych genetycznie (np. bakterii produkujących ludzkie hormony czy enzymy wykorzystywane w leczeniu chorób) oraz w badaniach naukowych (np. do określania funkcji wybranych genów).

Transformacja genetyczna

Transformacja genetyczna to proces wprowadzenia obcego DNA do komórki. Jednym z jej przykładów jest pobieranie zrekombinowanego plazmidu przez bakterie w drugim etapie klonowania DNA. Inne metody transformacji pozwalają na wbudowanie obcego DNA bezpośrednio do chromosomu. Wyróżnia się pośrednie i bezpośrednie metody transformacji genetycznej:

- **metody pośrednie** opierają się na użyciu wektorów, którymi są zmodyfikowane wirusy lub bakterie naturalnie wbudowujące swoje geny w genom gospodarza podczas zakażenia;
- **metody bezpośrednie** polegają na wykorzystaniu np. środków chemicznych zwiększających przepuszczalność błony komórkowej. Do metod tych należą także bezpośrednie ingerencje w komórki gospodarza w celu dostarczenia DNA, np. z wykorzystaniem impulsu elektrycznego.

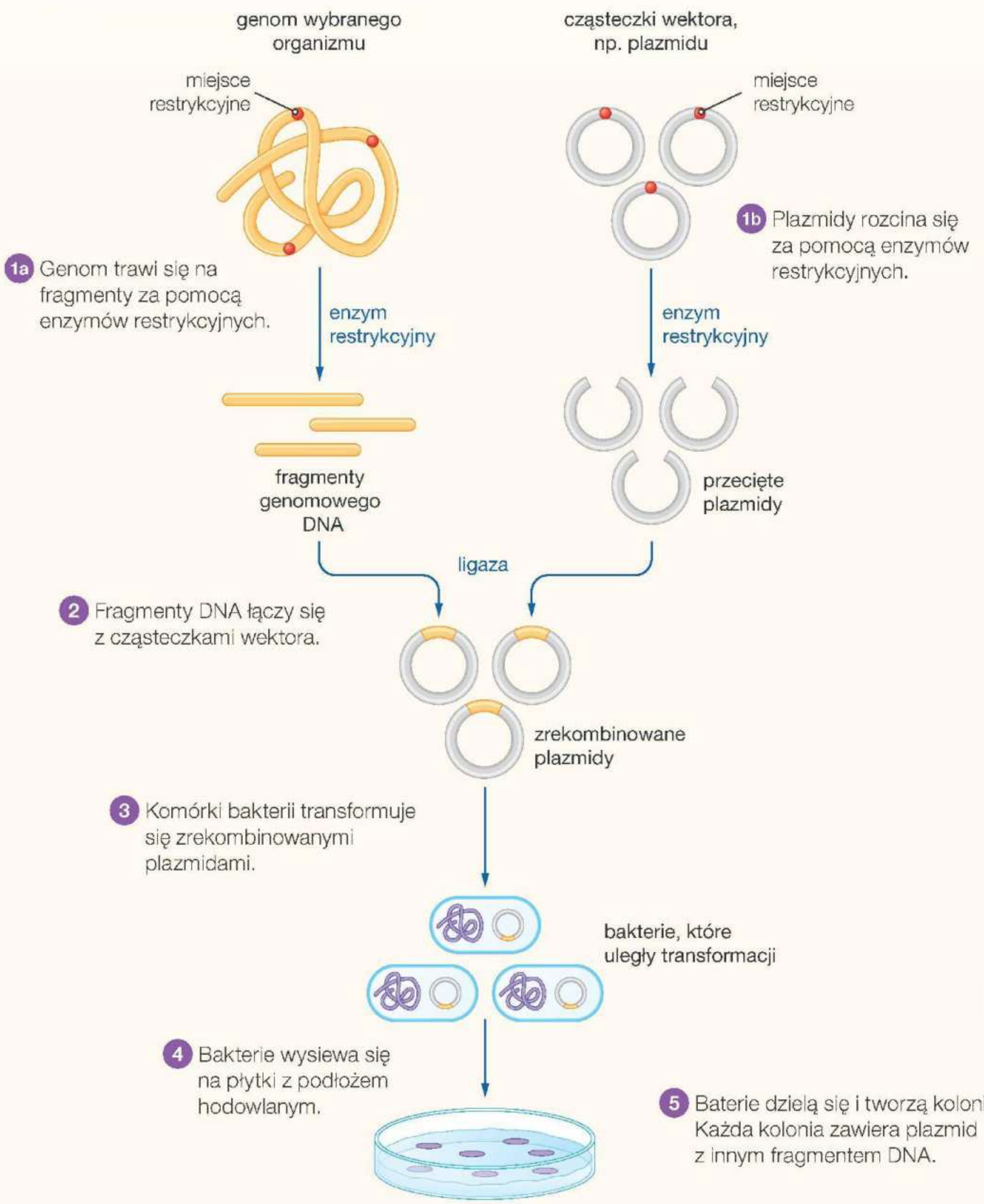
Wybrane metody transformacji genetycznej

Metoda	Zastosowanie	Opis
Metody pośrednie (z użyciem wektorów)		
Z użyciem bakterii z rodzaju *Agrobacterium* lub *Rhizobium*	do transformacji komórek roślinnych	Wykorzystuje się w niej zdolność bakterii do zakażania wielu gatunków roślin i wbudowywania w ich genomy DNA plazmidowego tych bakterii.
Z użyciem bakteriofagów	do transformacji bakterii	Wykorzystuje się w niej zdolność bakteriofagów do wbudowywania swojego DNA w genom bakterii podczas cyklu infekcyjnego (lizogenicznego).
Z użyciem wirusów roślinnych lub zwierzęcych	do transformacji komórek roślinnych lub zwierzęcych	Wykorzystuje się w niej zdolność wirusów do wbudowywania swojego DNA w genom komórki gospodarza podczas cyklu infekcyjnego.
Metody bezpośrednie (bez użycia wektorów)		
Z użyciem chlorku wapnia	do transformacji bakterii	Polega na użyciu chlorku wapnia, który zwiększa przepuszczalność błony komórkowej, dzięki czemu DNA z otoczenia jest pobierany do wnętrza komórki.
Elektroporacja	do transformacji bakterii, drożdży, protoplastów roślinnych i komórek zwierzęcych	Wykorzystuje się w niej impuls elektryczny, powodujący wytworzenie porów w błonie komórkowej, przez które DNA jest pobierany z otoczenia.
Mikrowstrzeliwanie	do transformacji komórek grzybowych, roślinnych i zwierzęcych	Polega na wstrzeliwaniu do komórki docelowej mikroskopijnych kulek z wolframu lub złota, zawierających na powierzchni obcy DNA.
Mikroiniekcja	do transformacji komórek zwierzęcych	Polega na wprowadzaniu obcego DNA do komórki docelowej za pomocą igły mikromanipulatora.

Klonowanie DNA – biblioteki genomowe

Dzięki klonowaniu DNA można m.in. tworzyć **biblioteki genomowe**, które służą do długotrwałego przechowywania genomów organizmów w komórkach bakterii. Biblioteki genomowe zawierają zarówno geny (włącznie z intronami i sekwencjami regulatorowymi), jak i pozagenowy DNA. Jedna biblioteka to zbiór komórek bakterii, które zawierają różne fragmenty kompletnego genomu danego organizmu.

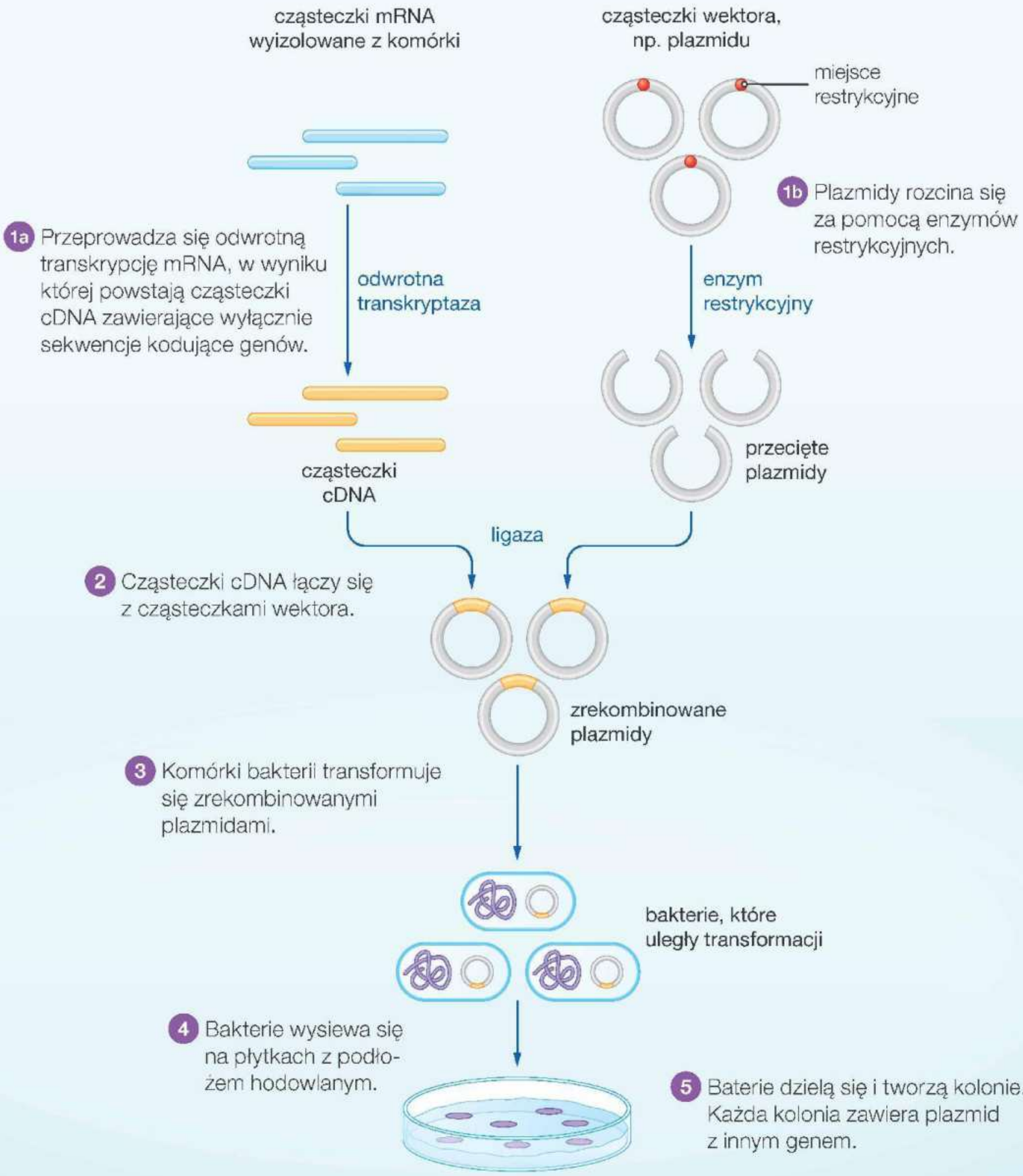
Etapy tworzenia biblioteki genomowej



Klonowanie DNA – biblioteki cDNA

Biblioteki cDNA to zbiory sekwencji kodujących wybranego genomu. Są one przechowywane w komórkach bakterii. Podczas ich tworzenia wykorzystuje się fakt, że w trakcie ekspresji genów informacja genetyczna zostaje przepisana na mRNA. Z komórek izoluje się więc dojrzałe cząsteczki mRNA i przeprowadza odwrotną transkrypcję. Powstaje w ten sposób pula komplementarnych cząsteczek **cDNA** niezawierających intronów i części regulatorowych. Zaletą bibliotek cDNA jest to, że każda cząsteczka cDNA zawiera informację genetyczną odpowiadającą jednemu genowi. Biblioteki cDNA nie zawierają jednak sekwencji regulatorowych.

Etapy tworzenia biblioteki cDNA



Porównanie bibliotek genomowych i bibliotek cDNA

Porównywana cecha	Biblioteka genomowa	Biblioteka cDNA
Materiał wyjściowy	• Kompletny genom organizmu.	• mRNA wyizolowany z komórek lub tkanek.
Sposób tworzenia biblioteki	• Genom jest trawiony enzymami restrykcyjnymi, a fragmenty DNA są wstawiane do wektorów i klonowane w komórkach bakteryjnych.	• mRNA ulega odwrotnej transkrypcji do cDNA, które następnie wstawia się do wektorów i klonuje w komórkach bakteryjnych.
Przechowywana zawartość	• Zawiera wszystkie sekwencje DNA – zarówno eksony, jak i introny oraz sekwencje regulatorowe.	• Zawiera tylko sekwencje kodujące (eksony) genów aktywnych w danym typie komórek.
Zastosowanie	• Analiza całego genomu. • Określanie lokalizacji genów w genomie. • Badanie struktur genów i regionów regulatorowych.	• Identyfikacja ekspresji genów w określonych tkankach. • Produkcja białek w organizmach modyfikowanych genetycznie.
Zalety metody	• Zawiera pełne informacje o genomie, w tym sekwencje regulatorowe i niekodujące.	• Zawiera cDNA, które nie ma intronów, co ułatwia ekspresję genów w organizmach prokariotycznych.
Ograniczenia metody	• Obecność intronów i dużych fragmentów niekodujących utrudnia analizę i ekspresję genów w bakteriach (bakterie nie przeprowadzają obróbki potranskrypcyjnej).	• Zawiera wyłącznie te geny, które były aktywne w komórkach w czasie pobierania mRNA. • Nie zawiera sekwencji regulatorowych genów (nie jest możliwe badanie mechanizmów regulacji ekspresji genów).

Polecenia kontrolne

1. Określ, ile fragmentów DNA powstanie, jeśli przetnie się plazmid zawierający dwa miejsca restrykcyjne dla *Eco*RI i dwa miejsca restrykcyjne dla *Sma*I mieszaniną obu tych enzymów.
2. Zaproponuj sposób, w jaki można zidentyfikować wybrany gen w mieszaninie wielu fragmentów powstałych po pocięciu genomowego DNA przez enzymy restrykcyjne.
3. Określ wielkość produktów, które powstaną, gdy poniższy odcinek dwuniciowego DNA zostanie przecięty enzymem restrykcyjnym rozpoznającym sekwencję 5′-CCNGG-3′ (gdzie N oznacza dowolny nukleotyd) i przecinającym tę sekwencję między C a N.
   5′-AATCCCGGTAGTATATGCATATTATGATGCCTGGGACCAGGGAATTCACCGGGAT-3′
   3′-TTAGGGCCATCATATACGATAAATACTACGGACCCTGGTCCCTTAAGTGGCCCTA-5′
4. Wyjaśnij, dlaczego plazmidy są dobrymi wektorami.
5. Przedstaw rolę startera w reakcji PCR.
6. Oblicz, ile cykli PCR należy przeprowadzić, aby z jednej cząsteczki DNA uzyskać co najmniej niż milion kopii wybranego genu.
7. Określ, jaki byłby efekt PCR, gdyby nie można było zwiększyć temperatury powyżej 70°C. Który enzym należałoby dodać, aby powielanie DNA mimo to przebiegło prawidłowo?
8. Rozstrzygnij, która biblioteka – biblioteka genomowa czy biblioteka cDNA – byłaby bardziej przydatna jako źródło informacji genetycznej do syntezy ludzkiego interferonu w komórkach bakterii. Odpowiedź uzasadnij.

4.3. Organizmy zmodyfikowane genetycznie

Ważne w tym temacie!

- definicje organizmu zmodyfikowanego genetycznie i organizmu transgenicznego
- sposoby otrzymywania organizmów transgenicznych
- potencjalne korzyści i zagrożenia wynikające z zastosowania organizmów modyfikowanych genetycznie w rolnictwie, przemyśle, medycynie i badaniach naukowych
- przykłady produktów otrzymanych z wykorzystaniem organizmów modyfikowanych genetycznie

Organizm, którego cechy dziedziczne zostały zmienione wskutek ingerencji w jego materiał genetyczny, nazywa się **organizmem zmodyfikowanym genetycznie** (GMO, ang. *genetically modified organism*). Pojęcie to odnosi się do organizmów zarówno prokariotycznych, jak i eukariotycznych. Organizm zmodyfikowany genetycznie otrzymuje się przez:

- zmianę aktywności wybranego genu. Na przykład hamowanie aktywności genów odpowiedzialnych za dojrzewanie truskawek powoduje, że owoce te dłużej zachowują świeżość;
- wstawienie dodatkowej kopii genu, który występuje w jego genomie. Zwiększa to ilość białka kodowanego przez ten gen, co w efekcie nasila określoną cechę;
- wprowadzenie do jego genomu genu pochodzącego od innego gatunku. Dzięki temu uzyskuje się organizm o nowych właściwościach, nazywany **organizmem transgenicznym**.

Mikroorganizmy zmodyfikowane genetycznie

Mikroorganizmy zmodyfikowane genetycznie (głównie bakterie i drożdże) pozwalają na tańszą i wydajniejszą produkcję wielu substancji. Mikroorganizmy te wykorzystuje się głównie w:

- **farmacji i medycynie**, gdzie służą do produkcji białkowych substancji leczniczych, m.in. niektórych hormonów (np. insuliny, hormonu wzrostu, erytropoetyny), cytokin (np. interferonu) czy czynników krzepnięcia. Źródłem genów jest w tym przypadku człowiek;

Gdzie wykorzystuje się GMO?

Organizmy zmodyfikowane genetycznie wykorzystuje się m.in. w przemyśle farmaceutycznym, rolnictwie i ogrodnictwie.



Insulina jest produkowana m.in. przez transgeniczny szczep *Escherichia coli*.



Soja zmodyfikowana genetycznie zawiera w swoim DNA gen bakterii, który powoduje odporność na środki chwastobójcze.



Fioletowe goździki zawierają w swoim DNA m.in. gen pochodzący od petunii, który jest odpowiedzialny za syntezę niebieskiego barwnika.

- **przemyśle spożywczym**, gdzie służą do produkcji m.in. enzymów i dodatków do żywności. Źródłem genów są tu zwykle inne bakterie lub grzyby, niekiedy używa się też genów ssaków. Białka uzyskiwane w ten sposób są bardziej stabilne i mniej zanieczyszczone niż białka pozyskiwane tradycyjnymi metodami;
- **ochronie środowiska**, gdzie zmodyfikowane bakterie glebowe wykorzystuje się do usuwania z gleby zanieczyszczeń (np. metali ciężkich);
- **przemyśle chemicznym**, gdzie zmodyfikowane bakterie stosuje się do produkcji paliw oraz materiałów biodegradowalnych, m.in. bioplastiku.

Mikroorganizmy transgeniczne uzyskuje się dwoma sposobami. Pierwszy sposób polega na **wstawieniu obcego genu w plazmid**, a następnie wstawieniu plazmidu do mikroorganizmu. Drugi sposób polega na **wbudowaniu obcego genu w chromosom**. Zwykle używa się do tego celu wektorów, np. w przypadku bakterii wykorzystuje się zmodyfikowane bakteriofagi, które potrafią naturalnie wbudowywać swój DNA do chromosomu podczas cyklu infekcyjnego.

Rośliny zmodyfikowane genetycznie

Odmiany roślin zmodyfikowanych genetycznie wykorzystuje się przede wszystkim w **rolnictwie**, ponieważ umożliwiają one wydajniejszą produkcję. Zastosowanie tych odmian obniża też koszt produkowanej żywności, pozwala na mniejsze zużycie środków ochrony roślin i nawozów sztucznych oraz ogranicza emisję CO_2 do atmosfery (ze względu na płytką orkę gleby). Najczęściej stosowane modyfikacje genetyczne prowadzą do uzyskania roślin odpornych na patogeny, owady, chemiczne środki chwastobójcze oraz niekorzystne warunki środowiska (np. niedostatek wody) lub roślin mających szczególne cechy (np. kwiaty o niespotykanych kolorach).



Transgeniczny tytoń jest wykorzystywany m.in. do badań nad interleukinami, dzięki którym będzie można leczyć np. choroby autoimmunizacyjne.

Odmiany roślin zmodyfikowanych genetycznie wykorzystuje się także w **medycynie** (do produkcji biofarmaceutyków) oraz w **ochronie środowiska** (m.in. do usuwania zanieczyszczeń z gleby i ze zbiorników wodnych).

Wybrane modyfikacje genetyczne mikroorganizmów

Mikroorganizm transgeniczny	Organizm lub wirus, od którego pobiera się gen	Uzyskany efekt
Deinococcus radiodurans	*Escherichia coli*	Mikroorganizm przekształca toksyczną rtęć(II) w mniej toksyczny związek pochodny.
Escherichia coli	człowiek	Mikroorganizm syntetyzuje insulinę człowieka.
Escherichia coli	człowiek	Mikroorganizm syntetyzuje interferon człowieka (stosowany w leczeniu chorób wirusowych i nowotworowych).
Escherichia coli	bydło domowe	Mikroorganizm produkuje podpuszczkę bydlęcą (stosowaną podczas wyrobu serów).
Pichia pastoris	mysz domowa	Mikroorganizm produkuje żelatynę.
Saccharomyces cerevisiae	człowiek	Mikroorganizm syntetyzuje hormon wzrostu człowieka.
Saccharomyces cerevisiae	wirus zapalenia wątroby typu B (HBV)	Mikroorganizm syntetyzuje białko HBV (stosowane jako szczepionka przeciwko WZW B → s. 171).

Główne metody tworzenia roślin transgenicznych

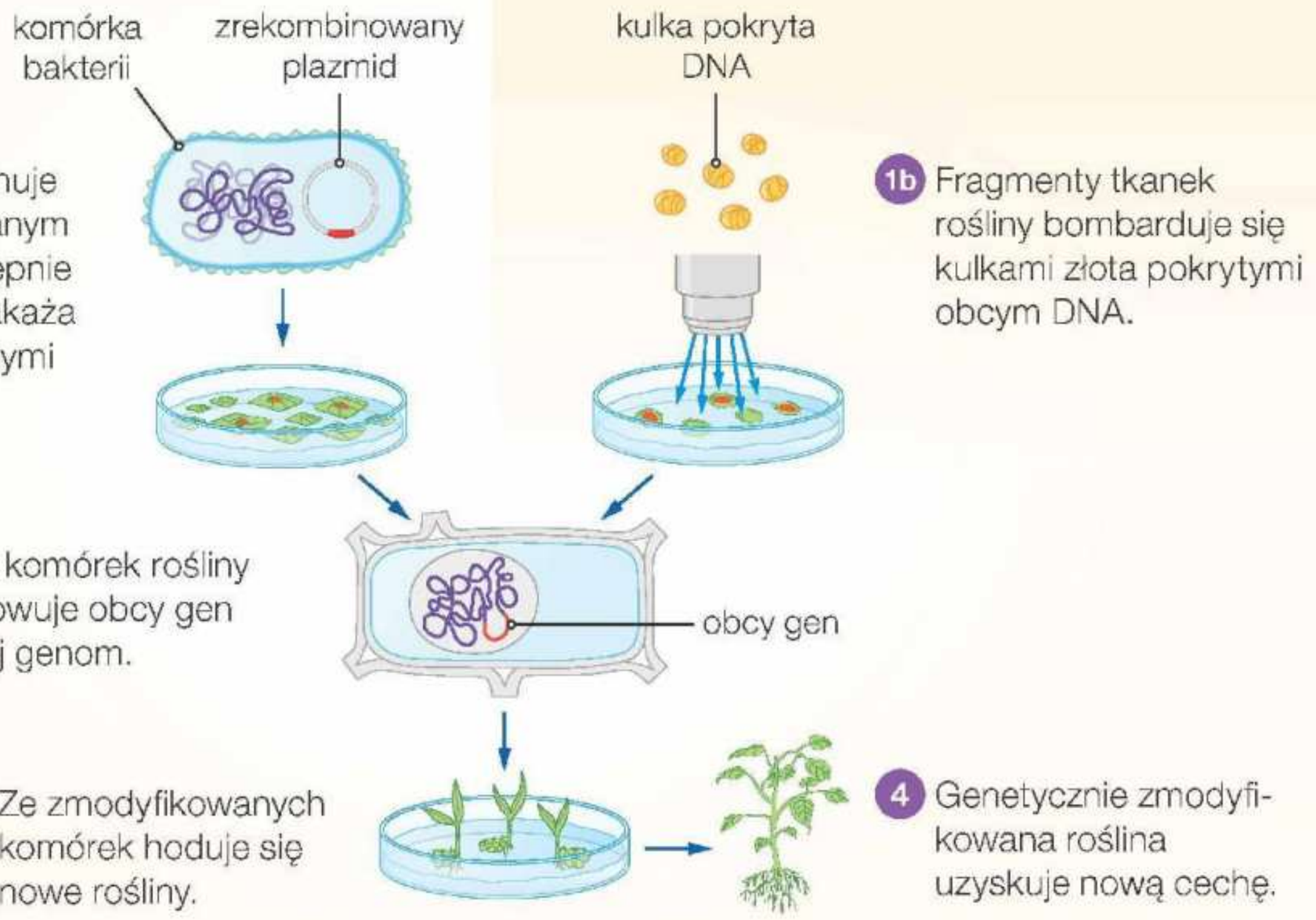
Do tworzenia roślin transgenicznych (głównie roślin uprawnych) stosuje się zwykle agroinfekcję lub mikrowstrzeliwanie. Metody te różnią się sposobem wstawiania obcego genu do genomu rośliny, jednak dalsze etapy przebiegają w nich tak samo i polegają na wbudowaniu obcego genu w DNA jądrowy rośliny.

Agroinfekcja

Polega na wprowadzeniu obcego genu do komórek rośliny za pośrednictwem zmodyfikowanych plazmidów bakterii z rodzaju *Agrobacterium*. Bakterie te w trakcie infekcji wbudowują DNA zawarty w plazmidzie w genom jądrowy rośliny.

Mikrowstrzeliwanie

Polega na bombardowaniu – za pomocą urządzenia zwanego strzelbą molekularną – fragmentów tkanek roślinnych mikroskopijnymi kulkami złota pokrytymi obcym DNA. W efekcie tego działania niewielka liczba cząsteczek DNA dostaje się do jądra komórkowego i wbudowuje się w genom rośliny.



1a Bakterie transformuje się zrekombinowanym plazmidem. Następnie komórki rośliny zakaża się zmodyfikowanymi bakteriami.

1b Fragmenty tkanek rośliny bombarduje się kulkami złota pokrytymi obcym DNA.

2 Część komórek rośliny wbudowuje obcy gen w swój genom.

3 Ze zmodyfikowanych komórek hoduje się nowe rośliny.

4 Genetycznie zmodyfikowana roślina uzyskuje nową cechę.

Wybrane modyfikacje genetyczne roślin

Zmodyfikowana roślina	Organizm, od którego pobiera się gen	Uzyskany efekt
Bawełna, kukurydza, ryż, soja, tytoń	*Bacillus thuringiensis*	Roślina wytwarza białko toksyczne dla owadów łuskoskrzydłych (motyli).
Ziemniak	*Solanum bulbocastanum*	Roślina jest odporna na zarazę ziemniaka.
Jęczmień, kukurydza, owies, pszenica, ryż, rzepak, żyto	*Streptomyces hygroscopicus*	Roślina jest odporna na środek chwastobójczy – glufosynat.
Ryż	żonkil i bakteria *Erwinia uredovora*	Roślina zawiera dużo prowitaminy A.
Rzodkiewnik	bawełna drzewiasta	Roślina rozkłada związki fenolowe zanieczyszczające glebę.

Zwierzęta zmodyfikowane genetycznie

Zwierzęta zmodyfikowane genetycznie wykorzystuje się przede wszystkim w:

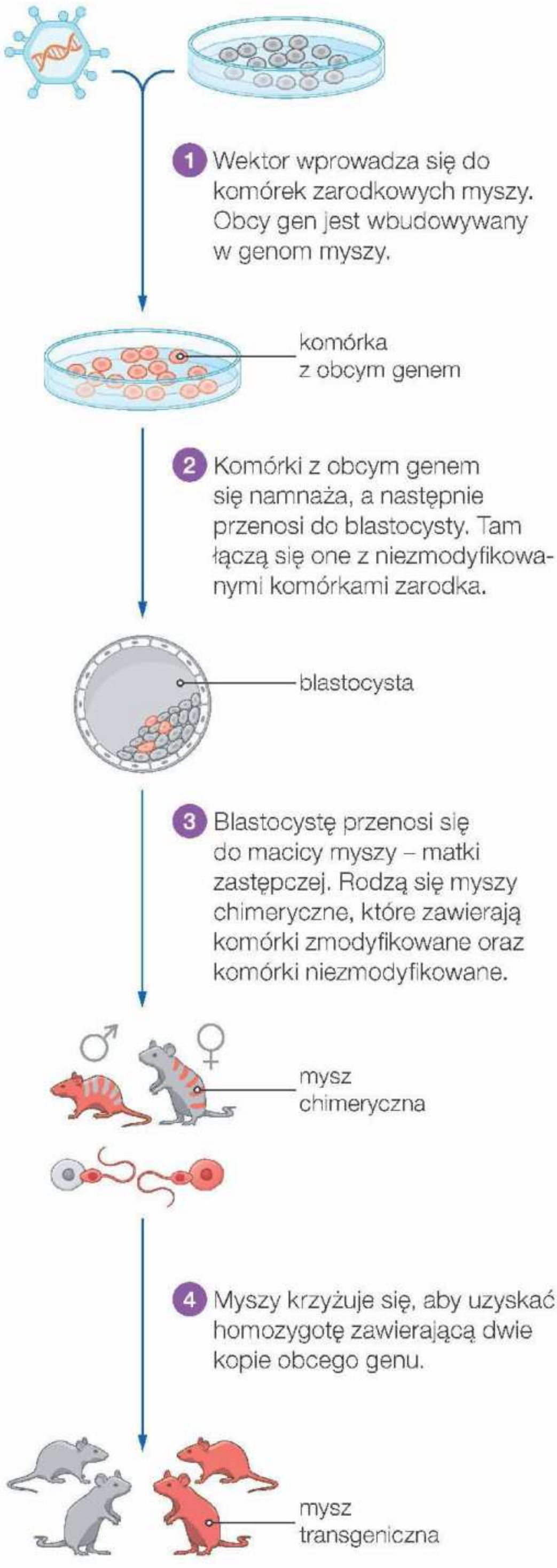
- **rolnictwie**, gdzie służą one do wydajniejszej produkcji rolniczej (np. mleka, mięsa, wełny) ze względu na uzyskane cechy, takie jak odporność na choroby (np. bydlęce zapalenie mózgu) czy szybszy przyrost masy;
- **badaniach naukowych**, gdzie na przykładzie zwierząt, np. myszy domowej, bada się m.in. przebieg chorób człowieka i opracowuje metody ich leczenia;
- **medycynie i farmacji**, gdzie zwierzęta transgeniczne stosuje się głównie w produkcji leków (używanych w terapii chorób człowieka). Zastosowanie zwierząt transgenicznych znacznie upraszcza proces wytwarzania tych produktów oraz zmniejsza jego koszt.

Zwierzęta zmodyfikowane genetycznie tworzy się przez wprowadzenie zmian w genomach ich komórek zarodkowych. Polega to na wprowadzaniu obcego genu do **zygoty** za pomocą zmodyfikowanych wirusów zwierzęcych lub bezpośrednio za pomocą mikroiniekcji. Inną metodą jest modyfikowanie komórek będących na wczesnym etapie rozwoju – w stadium **blastocysty**. Do modyfikacji stosuje się wektory z sekwencją DNA homologiczną do sekwencji znajdującej się w genomie zwierzęcia. Dzięki temu obcy gen może być wstawiony do ściśle określonego miejsca genomu.



Zmodyfikowane genetycznie myszy, u których zmodyfikowano geny odpowiedzialne za wzrost i strukturę włosów, służą do badań nad przywróceniem wymarłych gatunków, np. mamutów.

Przebieg modyfikacji genetycznej myszy domowej



Produkty GMO

Produktami GMO nazywa się wszystkie produkty zawierające organizmy zmodyfikowane genetycznie lub ich fragmenty. Mogą to być np. nasiona kukurydzy, bulwy ziemniaka, olej wyprodukowany z nasion soi zmodyfikowanej genetycznie lub dodatki do żywności. Produkty GMO muszą być **oznakowane**, jeżeli zawartość organizmów zmodyfikowanych genetycznie w którymkolwiek ze składników produktu przekracza 0,9% jego masy.

W Polsce obowiązuje prawodawstwo Unii Europejskiej dotyczące produktów GMO oraz upraw i hodowli GMO. Odmiany roślin zmodyfikowanych genetycznie – zanim wytworzone z nich produkty zostaną dopuszczone do obrotu – są standardowo badane nawet przez kilkanaście lat. Badania te dotyczą m.in.:

- ilości obcego białka produkowanego przez roślinę w kolejnych pokoleniach w laboratorium i w uprawach polowych,
- wpływu różnych ilości obcego białka na wybrane gatunki organizmów, np. owady, bakterie glebowe, rośliny rosnące w pobliżu,
- rozprzestrzeniania się obcego genu w środowisku (zasięg pylenia, obecność obcego genu w organizmach bytujących w pobliżu upraw),
- możliwości kontroli rozprzestrzeniania się GMO i obcego genu w warunkach polowych,
- wpływu roślin zmodyfikowanych genetycznie na zwierzęta zapylające, m.in. badanie *in vivo* (łac. 'na żywo') zmian składu gatunkowego organizmów na terenie uprawy transgenicznej,
- wpływu roślin zmodyfikowanych genetycznie na żywiące się nimi zwierzęta oraz mięsożerców będących dalszymi ogniwami łańcuchów pokarmowych – m.in. zmiany ilości komórek krwi, zmiany poziomu przeciwciał i wybranych hormonów, alergie,
- wpływu środków ochrony roślin używanych podczas uprawy odmiany GMO na środowisko (zmiany liczebności populacji wybranych gatunków organizmów, zmiany składu gatunkowego całego ekosystemu),
- odporności odmian GMO na patogeny.



Produkty bez GMO (bez składnika pochodzenia zwierzęcego) oraz **produkty wyprodukowane bez użycia GMO** (zawierające składniki pochodzenia zwierzęcego) są w Polsce jednolicie oznaczane.

Wybrane rośliny zmodyfikowane genetycznie i wytwarzane z nich produkty GMO

Roślina zmodyfikowana genetycznie	Składnik żywności	Przykłady produktów spożywczych
Rzepak	olej rzepakowy	olej, margaryna, majonez, pieczywo, ciastka, słone przekąski (np. chipsy, paluszki)
Kukurydza	syrop glukozowo-fruktozowy	słodycze, płatki śniadaniowe
	fruktoza	słodycze
	maltodekstryna	sosy, ciastka, słone przekąski, płatki śniadaniowe, masło orzechowe
	skrobia	słodycze, płatki śniadaniowe, sosy, jogurty
Bawełna	olej z nasion bawełny	olej, margaryna, majonez, słone przekąski, sosy
Soja	olej sojowy	majonez
	białko sojowe	pieczywo, ciastka, słone przekąski
	lecytyna sojowa	pieczywo, słodycze, margaryna, sosy

Korzyści i zagrożenia wynikające ze stosowania GMO

Ingerencja w genomy prowadzi do wytworzenia organizmów o cechach, których nie można uzyskać w naturalny sposób. Daje to wiele nowych możliwości, ale może też stwarzać pewne zagrożenia.

GMO – korzyści

Walka z niedożywieniem na świecie

Dzięki modyfikacji DNA roślin uprawnych można tworzyć odmiany, które zawierają bardzo duże ilości składników pokarmowych, np. białek lub witamin. W ten sposób można ograniczyć występowanie chorób wynikających z niedożywienia.

Złoty ryż ma w swoim genomie geny żonkila i bakterii, dzięki którym jego nasiona zawierają dużo prowitaminy A. Spożywanie tego ryżu może przeciwdziałać m.in. ślepocie.

Postęp w badaniach naukowych

Genetycznie zmodyfikowane zwierzęta wykorzystuje się jako organizmy modelowe, dzięki którym można badać przebieg wielu chorób człowieka, np. nowotworów i cukrzycy.



Zmodyfikowane genetycznie myszy stanowią m.in. modele do badań nad nowotworami gruczołów mlecznych, trzustki i prostaty.

Użyteczne gospodarczo odmiany i rasy

Dzięki inżynierii genetycznej uzyskuje się odmiany roślin uprawnych odporne na szkodniki, chemiczne środki chwastobójcze, mróz oraz choroby. Zmodyfikowane genetycznie zwierzęta osiągają np. większe rozmiary, a uzyskiwane z nich produkty mają większą wartość odżywczą.



Transgeniczne łososie AquAdvantage rosną dwukrotnie szybciej niż osobniki naturalne. Ryby na zdjęciu są siostrami, ale tylko u większej z nich zachodzi ekspresja dodatkowych genów.

Produkcja żywności

W przemyśle spożywczym genetycznie zmodyfikowane mikroorganizmy stosuje się głównie do produkcji witamin, aromatów czy enzymów. Przykładem jest podpuszczka – enzym trawienny wykorzystywany do produkcji serów.



Podpuszczka pierwotnie była pozyskiwana z cielęcych żołądków. Obecnie produkują ją zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy.

Ochrona środowiska

GMO mogą służyć do oczyszczania środowiska, np. gleb z zanieczyszczeń metalami ciężkimi lub wód z zanieczyszczeń ropą naftową. Stosuje się je także do wytwarzania niektórych biodegradowalnych polimerów, z których produkuje się opakowania przyjazne środowisku.



Zmodyfikowane bakterie i rośliny wykorzystuje się do produkcji niektórych tworzyw biodegradowalnych.

Ochrona zdrowia

Z transgenicznych roślin można produkować jadalne szczepionki, np. przeciwko żółtaczce typu B czy malarii. GMO służą też m.in. do wytwarzania ludzkiej insuliny, przeciwciał czy hormonu wzrostu. Naukowcy prowadzą badania nad zastosowaniem narządów pozyskiwanych od zmodyfikowanych genetycznie świń. Narządy te miałyby być wykorzystywane do przeszczepów u ludzi.



Ziemniaki zawierające gen toksyny B cholery mogą służyć do produkcji szczepionki przeciwko tej chorobie.

■ GMO – zagrożenia

Wpływ na zdrowie

- Istnieją obawy, że żywność zawierająca GMO może m.in. powodować alergie, choroby układu pokarmowego czy nowotwory. Dotychczas nie zostało to jednak udowodnione naukowo.
- Innym możliwym zagrożeniem jest zanieczyszczenie żywności zawierającej GMO chemicznymi środkami, np. chwastobójczymi. Zmodyfikowane rośliny są odporne na te środki, dlatego rolnicy nie muszą ograniczać ich stosowania.

Wpływ na bioróżnorodność

- Dokładna kontrola upraw GMO jest trudna, dlatego może zdarzyć się sytuacja, w której zmodyfikowane genetycznie rośliny rozsieją się w środowisku i wyprą rodzime gatunki.
- W wyniku krzyżowania się zmodyfikowanych genetycznie roślin ze spokrewnionymi roślinami mogą powstać chwasty o większej odporności na środki chemiczne.

Wpływ na rolnictwo

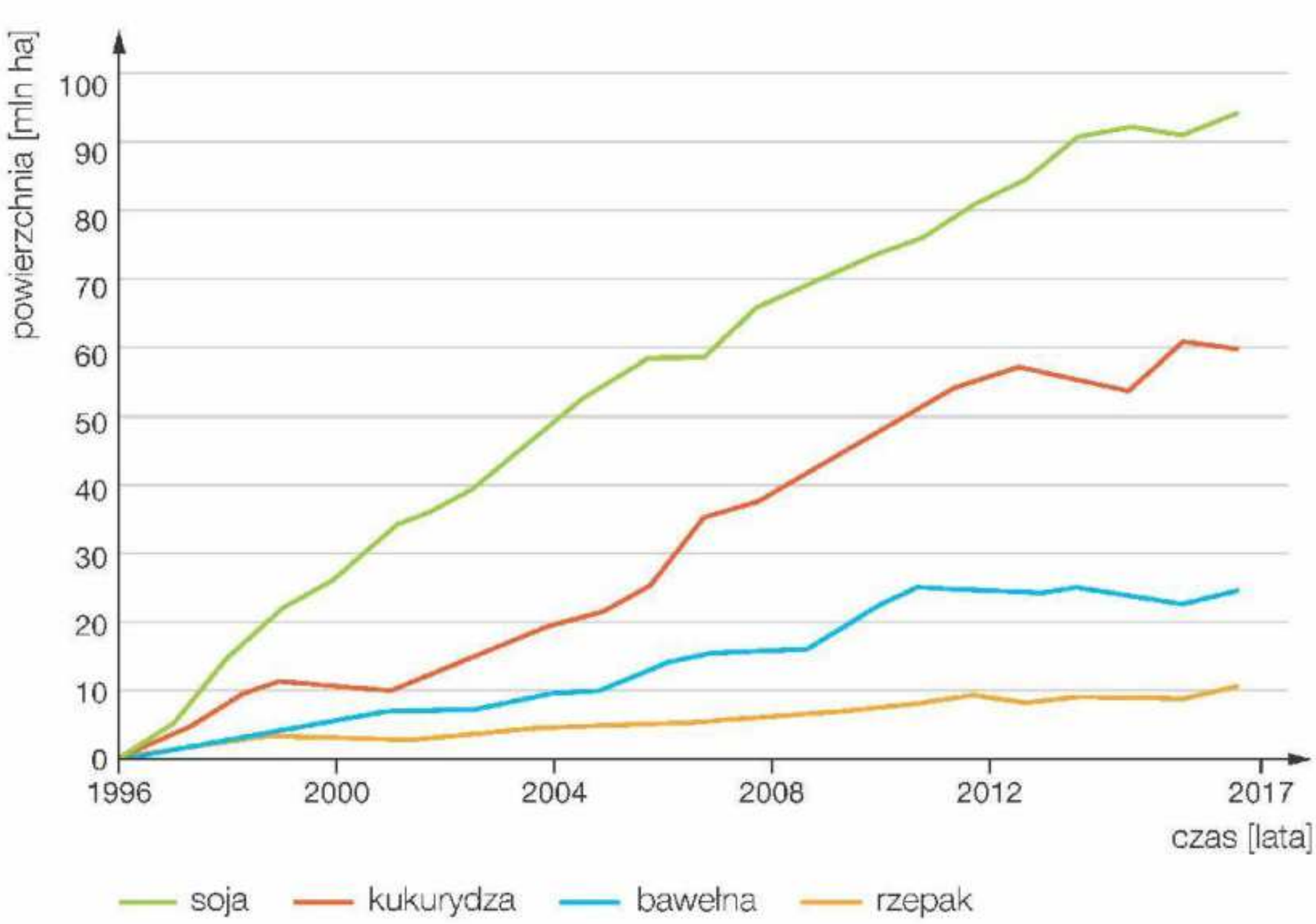
- Jednym z głównych zagrożeń jest możliwość uzależnienia gospodarstw rolnych od koncernów biotechnologicznych dostarczających nasiona zmodyfikowanych roślin.
- Uprawy ekologiczne znajdujące się w pobliżu upraw GMO mogą zostać zanieczyszczone tymi roślinami, co może prowadzić gospodarstwa ekologiczne do bankructwa oraz do wyparcia rodzimych odmian roślin.



Osoby protestujące przeciwko GMO wyrażają swój sprzeciw w różny sposób, np. na muralach. Zdjęcie przedstawia mural z Bytomia.

Uprawy roślin zmodyfikowanych genetycznie na świecie

Powierzchnia upraw roślin zmodyfikowanych genetycznie zajmuje na świecie ponad 200 mln ha. Uprawy te znajdują się przede wszystkim w Ameryce Północnej, Ameryce Południowej, Australii oraz niektórych krajach Azji (np. w Chinach i Indiach) oraz Afryki (np. w Sudanie, Nigerii, Kenii, RPA). W krajach europejskich – na łącznym obszarze ponad 100 tys. ha – rolnicy uprawiają jedynie kukurydzę Bt (odporną na owadziego szkodnika – omacnicę prosowiankę).



Globalna powierzchnia upraw najważniejszych gospodarczo roślin zmodyfikowanych genetycznie w latach 1996–2017.

Polecenia kontrolne

1. Oceń prawdziwość stwierdzenia: „Każdy organizm transgeniczny jest organizmem zmodyfikowanym genetycznie, ale nie każdy organizm zmodyfikowany genetycznie jest organizmem transgenicznym". Odpowiedź uzasadnij.
2. Wyjaśnij, dlaczego do wytwarzania białek człowieka nie zawsze można użyć bakterii transgenicznych.
3. Zaproponuj metodę otrzymania transgenicznego organizmu, który wytwarzałby erytropoetynę człowieka (stosowaną w leczeniu anemii). W tym celu wybierz gatunek organizmu, który chcesz zmodyfikować, oraz ustal, co jest konieczne, aby zapewnić trwałą obecność wybranej cechy w organizmie. Uzasadnij swój wybór.
4. Do genomu pstrąga wstawiono gen kodujący hormon wzrostu łososia. Uzyskano w ten sposób transgeniczne ryby dwa razy większe od ryb nietransgenicznych. Wymień korzyści i zagrożenia, jakie mogą wiązać się z uzyskaniem takiej odmiany transgenicznych pstrągów. Zaproponuj, w jaki sposób można zapobiec tym zagrożeniom.
5. Podaj, w jaki sposób można wykorzystać organizmy zmodyfikowane genetycznie w ochronie środowiska.

4.4. Klonowanie organizmów i komórek

Ważne w tym temacie!

- klonowanie organizmów metodą transferu jąder komórkowych i metodą rozdziału komórek zarodka na wczesnych etapach jego rozwoju
- zastosowania klonowania
- problemy społeczne i etyczne związane z rozwojem inżynierii genetycznej

Klony organizmów to grupa organizmów, które mają identyczny materiał genetyczny. Klony organizmów i komórek mogą powstawać **naturalnie** (w wyniku rozmnażania bezpłciowego) lub być tworzone sztucznie w **procesie klonowania**.

Naturalne klony

Naturalne klony to organizmy identyczne genetycznie, które powstały w wyniku naturalnych procesów biologicznych. Do naturalnych klonów należą:

- organizmy jednokomórkowe (bakterie, niektóre protisty i grzyby), które powstały w wyniku **podziału komórki**,
- rośliny, które powstały wskutek **rozmnażania wegetatywnego** (np. przez rozłogi, bulwy, kłącza czy sadzonki),
- zwierzęta, które powstały w wyniku:
  - **pączkowania** (np. stułbie),
  - **poliembrionii**, czyli rozdzielenia się komórek zarodka we wczesnym stadium rozwoju (np. bliźnięta jednojajowe u człowieka).

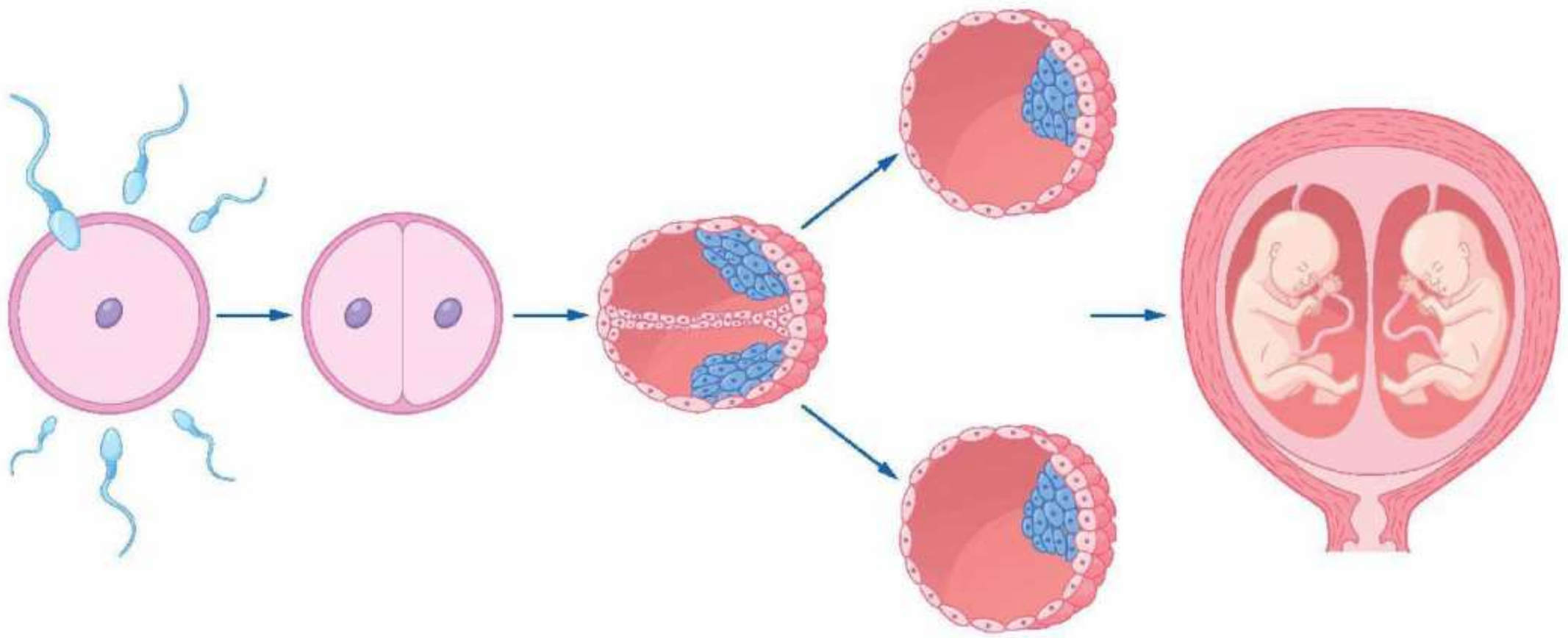
Sztuczne klony

Do sztucznych klonów należą organizmy identyczne genetycznie, które powstały z użyciem metod inżynierii genetycznej lub biotechnologii.

Klonowanie mikroorganizmów i komórek

Klonowanie mikroorganizmów i komórek polega na ich modyfikacji genetycznej, a następnie na ich namnożeniu na specjalnym podłożu umożliwiającym wzrost i rozmnażanie (komórki potomne, pochodzące od jednej komórki macierzystej, są klonami).

Powstawanie bliźniąt jednojajowych – naturalne klonowanie



1 Zapłodnienie. 2 Wczesne podziały komórek zarodka. 3 Rozdzielenie się zarodka na dwie części. 4 Rozwój dwóch identycznych genetycznie płodów.

Klonowanie mikroorganizmów oraz komórek stosuje się m.in. do:

- otrzymywania określonej substancji, np. leku czy dodatku do żywności. Często w takich przypadkach łączy się klonowanie z inżynierią genetyczną;
- testowania toksyczności wybranych substancji, np. składnika leku lub kosmetyku.

Klonowanie roślin

Najczęściej stosowaną metodą klonowania roślin jest **mikrorozmnażanie**. Polega ono na uzyskiwaniu wielu identycznych roślin potomnych z fragmentów rośliny macierzystej. Fragmenty rośliny umieszcza się na specjalnym podłożu, które stymuluje podziały mitotyczne komórek tkanek stałych. W wyniku tych podziałów powstaje tkanka kalusowa (rodzaj tkanki merystematycznej). W dalszym etapie hodowli komórki dzielą się i różnicują w uporządkowany sposób, co prowadzi do powstania nowej rośliny. Mikrorozmnażanie stosuje się na dużą skalę w **ogrodnictwie** oraz **sadownictwie** w przypadku roślin trudnych do rozmnożenia tradycyjnymi metodami wegetatywnymi lub takich, których nasiona są bardzo drogie i kiełkują powoli.

Klonowanie zwierząt

Uzyskiwanie klonów zwierząt jest trudne, ponieważ zróżnicowane komórki zwierzęce słabo rozwijają się w tkanki nowego organizmu. Dlatego początkowo zwierzęta klonowano za



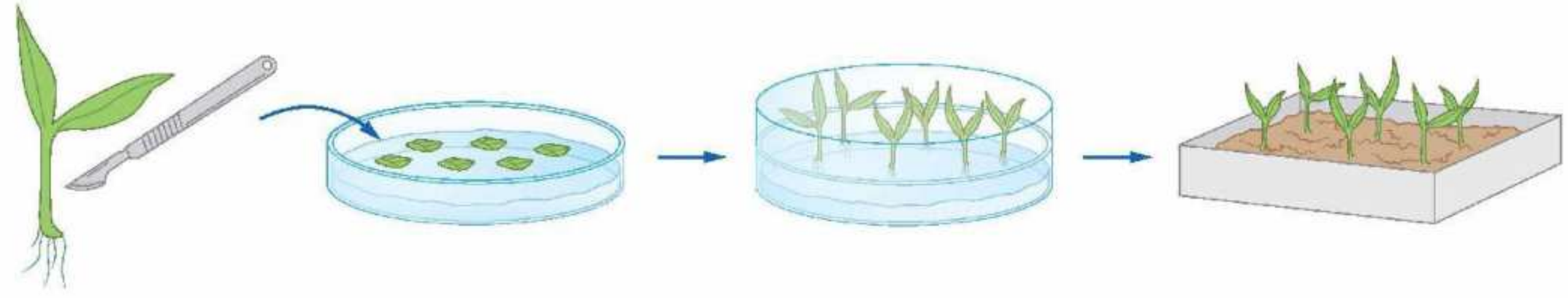
Mikrorozmnażanie przeprowadza się w sterylnych warunkach, w zamkniętych naczyniach, aby zabezpieczyć rośliny przed zakażeniem drobnoustrojami.

pomocą **rozdzielania komórek zarodków** na wczesnym etapie rozwoju. Umożliwiało to otrzymanie wielu klonów z jednego zarodka, ale nie pozwalało na klonowanie osobników dorosłych. Dopiero opracowanie metody polegającej na **przenoszeniu (transferze) jądra komórki zróżnicowanej do komórki jajowej** pozbawionej własnego jądra umożliwiło klonowanie dorosłych zwierząt (→ s. 165).

Klonowanie zwierząt stosuje się m.in. do powielania zwierząt:

- o cennych cechach pod względem hodowlanym (np. wysoce mlecznych krów),
- zmodyfikowanych genetycznie (np. owiec, których mleko zawiera substancje lecznicze),
- laboratoryjnych, które służą jako modele doświadczalne w badaniach naukowych,
- zagrożonych wyginięciem.

Etapy klonowania roślin



1. Z rośliny macierzystej pobiera się fragmenty tkanek.
2. Fragmenty tkanek umieszcza się na podłożu stymulującym rozwój tkanki twórczej.
3. Z tkanki twórczej wyrastają sadzonki.
4. Sadzonki umieszcza się w glebie, gdzie wyrastają z nich dojrzałe rośliny – klony rośliny macierzystej.

Doświadczenie

Pierwsze zwierzę sklonowane ze zróżnicowanej komórki

Pierwsze klonowanie z użyciem transferu jądra komórkowego zostało przezprowadzone przez Roberta Briggsa i Thomasa Kinga. Polegało ono na przeniesieniu jądra komórki blastuli żaby lamparciej do pozbawionej jądra komórkowego komórki jajowej. Natomias pierwszy udany eksperyment klonowania z wykorzystaniem **zróżnicowanych komórek** zwierząt został przeprowadzony w 1958 r. przez Johna Gurdona [wym. dżona gerdna] i jego współpracowników. Naukowcy użyli w nim komórek żaby szponiastej (*Xenopus laevis*).

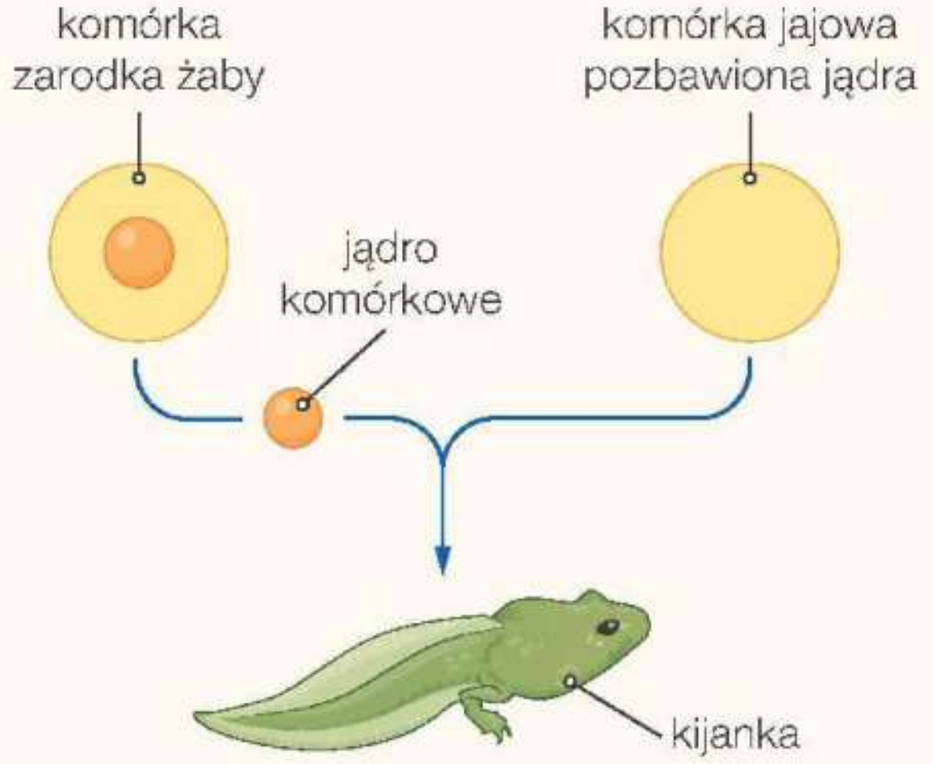
1 **Problem badawczy:** Czy jądra zróżnicowanych komórek żaby szponiastej zachowują informację genetyczną potrzebną do rozwoju całego organizmu czy tracą część informacji w trakcie różnicowania?

2 **Hipoteza badawcza:** Jądra zróżnicowanych komórek żaby szponiastej zawierają informację genetyczną umożliwiającą rozwój całego organizmu.

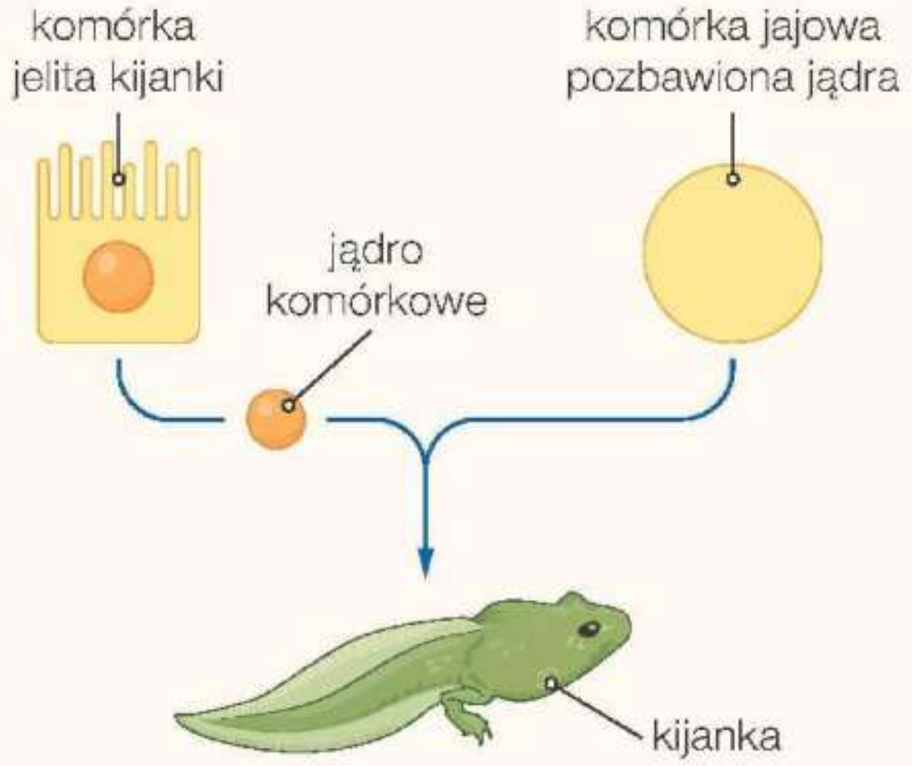
3 **Przebieg doświadczenia:**

Naukowcy pobrali od żaby szponiastej komórki jajowe i zniszczyli w nich jądra komórkowe za pomocą promieniowania UV. Do części komórek przeszczepili jądra komórkowe pochodzące z komórek zarodka żaby, a do części – jądra zróżnicowanych komórek jelita kijanek. Następnie obserwowali rozwój otrzymanych komórek.

Próba kontrolna
Komórka jajowa żaby z jądrem pochodzącym z niezróżnicowanej komórki zarodka żaby.



Próba badawcza
Komórka jajowa żaby z jądrem pochodzącym ze zróżnicowanej komórki jelita kijanki żaby.



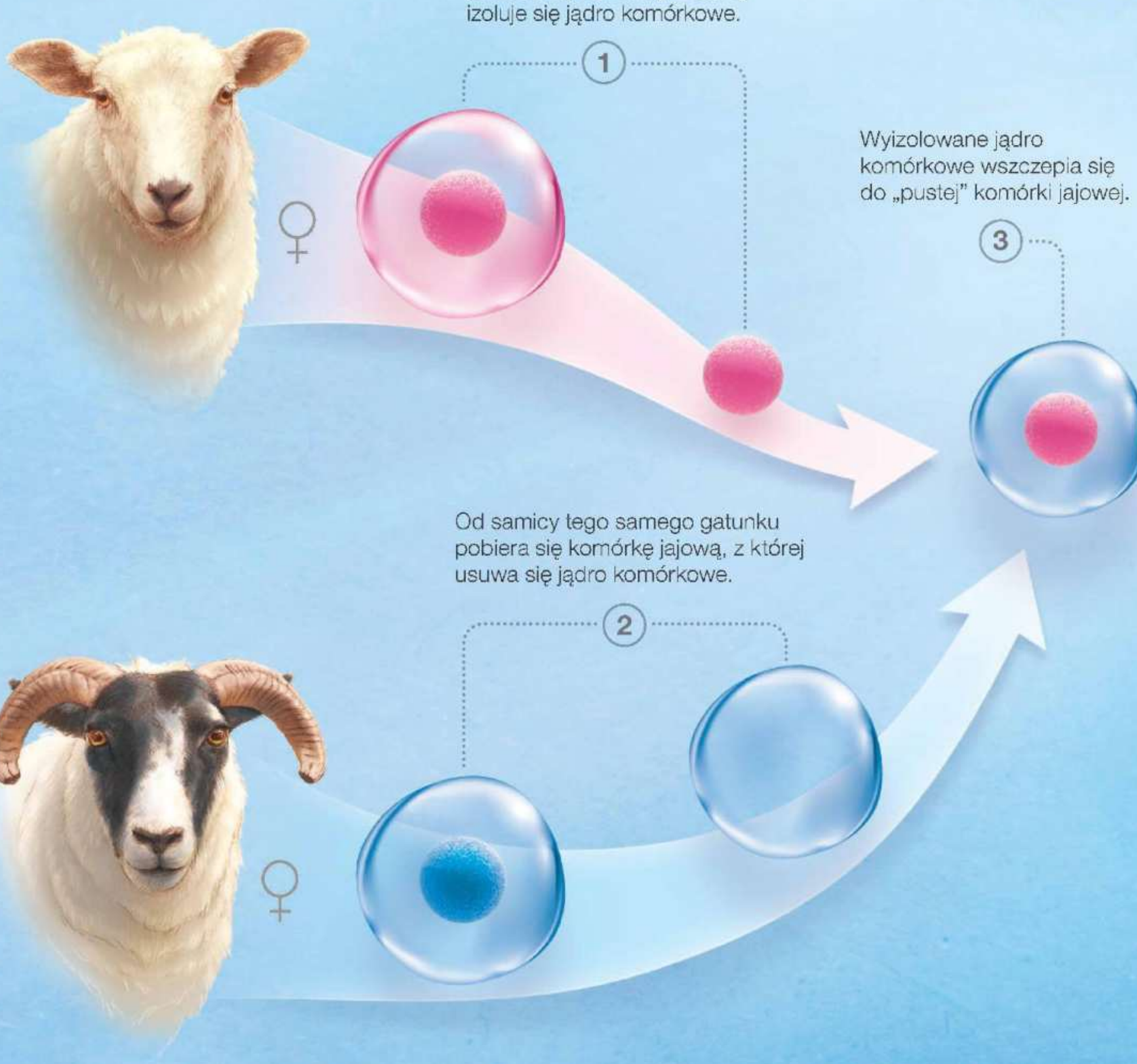
4 **Wynik doświadczenia:** 36% komórek, w których jądra komórkowe pochodziły z blastuli, rozwinęło się w kijanki. Komórki, w których jądra komórkowe pochodziły ze zróżnicowanych komórek jelita, dzieliły się i różnicowały w tkanki, ale jedynie ok. 1,5% z nich rozwinęło się w kijanki.

5 **Wniosek:** Różnicowanie komórek nie powoduje utraty informacji genetycznej zawartej w jądrze komórkowym. Jądro komórki wyspecjalizowanej nadal może kierować rozwojem całego organizmu, jednak zdolność ta obniża się wraz ze wzrostem zróżnicowania komórki będącej dawcą jądra. Dzieje się tak prawdopodobnie na skutek zmian zachodzących w jądrze komórkowym.

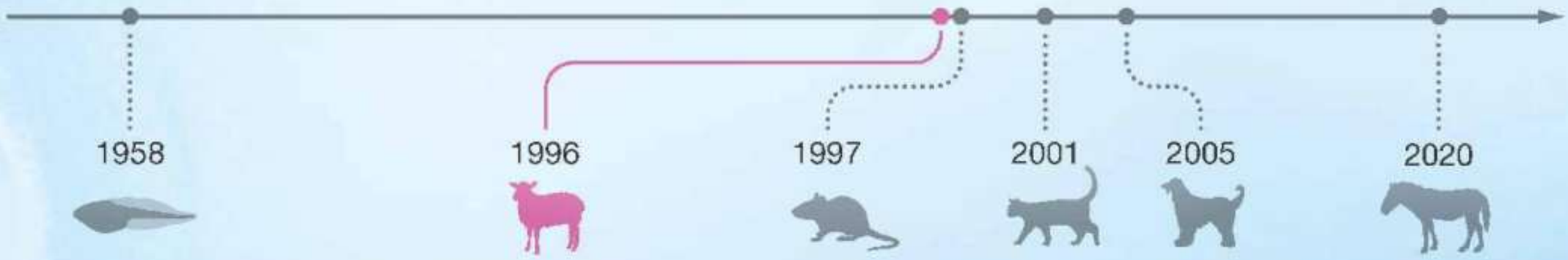
Klonowanie zwierząt

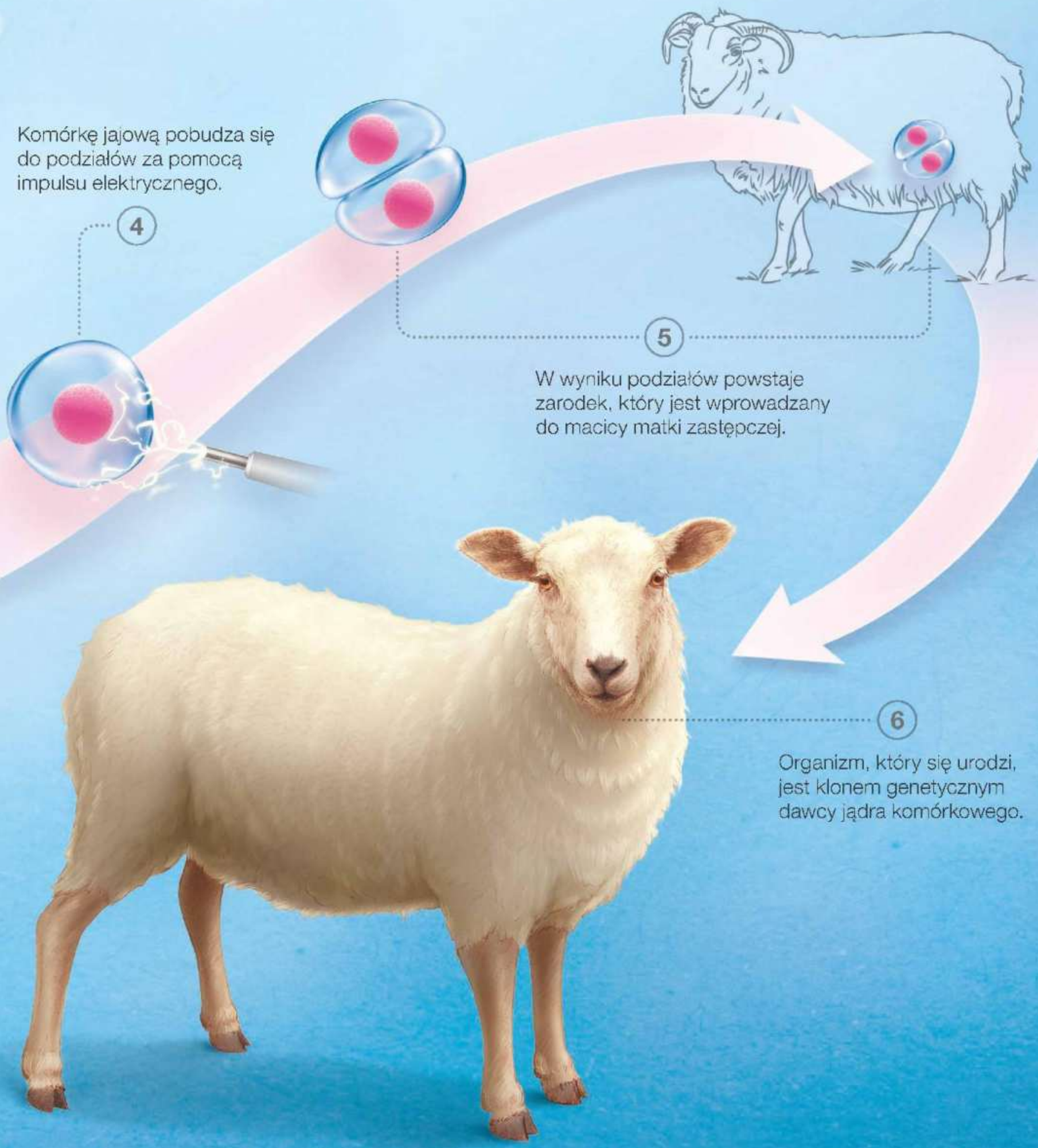
Pierwsze klony zwierząt uzyskiwano przez rozdzielanie komórek zarodka. W ten sposób z jednego zarodka można było uzyskać wiele osobników identycznych pod względem genetycznym, ale nie można było klonować dorosłych zwierząt. Dopiero w drugiej połowie XX w. opracowano metodę transplantacji jąder komórkowych, dzięki której w 1996 r. po raz pierwszy sklonowano dorosłego ssaka – owcę. Narodzonemu klonowi nadano imię Dolly. Metoda transplantacji jąder komórkowych jest używana do klonowania ssaków także współcześnie.

Klonowanie zwierząt metodą transplantacji jąder komórkowych na przykładzie owcy Dolly



Przykłady zwierząt sklonowanych metodą transplantacji jąder komórkowych







W Australii bada się zastosowanie klonowania do odtworzenia wymarłego wilkowora tasmańskiego. Naukowcy chcą wykorzystać w tym celu DNA zachowane w okazach muzealnych.



Klonowanie zwierząt domowych dla jednych jest kontrowersyjne, u innych budzi nadzieję. W niektórych krajach, np. w Chinach i Stanach Zjednoczonych, wykonuje się je komercyjnie.

Problemy i obawy związane z klonowaniem zwierząt

Do tej pory sklonowano wiele zwierząt, jednak niezależnie od zastosowanej metody klonowania wydajność tego procesu była niska. Podczas klonowania zwierząt często występują poważne problemy, takie jak:

- nieudane zapłodnienia,
- nieudane zagnieżdżenia zarodka,
- zaburzenia przebiegu ciąży,
- zaburzenia funkcji łożyska,
- wady płodów.

Dlatego tylko 1–6% zarodków świni przeżywa transplantację do macicy, a jedynie 5–10% z nich przeżywa do czasu narodzin. Ponadto wiele sklonowanych zwierząt rodzi się nie w pełni zdrowych – np. część sklonowanych cieląt cierpi m.in. na niedorozwój układu oddechowego, cukrzycę, niewydolność wątroby czy otyłość. Z kolei u klonów myszy zaobserwowano inną ekspresję genów w tkance wątroby niż u myszy niebędących klonami (dotyczyło to 4% spośród 10 tys. badanych genów).

Z uwagi na dużą śmiertelność zarodków i płodów oraz wady i choroby urodzonych klonów wiele osób ma obawy etyczne dotyczące klonowania zwierząt. Niektórzy przeciwnicy klonowania zwierząt obawiają się też konsekwencji zdrowotnych spożywania mięsa czy mleka klonów.

Klonowanie człowieka

Biorąc pod uwagę cel prób klonowania człowieka, wyróżnia się klonowanie reprodukcyjne i klonowanie terapeutyczne.

Klonowanie reprodukcyjne człowieka, czyli klonowanie w celu uzyskania nowego organizmu ludzkiego, identycznego genetycznie z innym człowiekiem, jest prawnie i społecznie zakazane w większości krajów na świecie. Zakaz ten wynika głównie z:

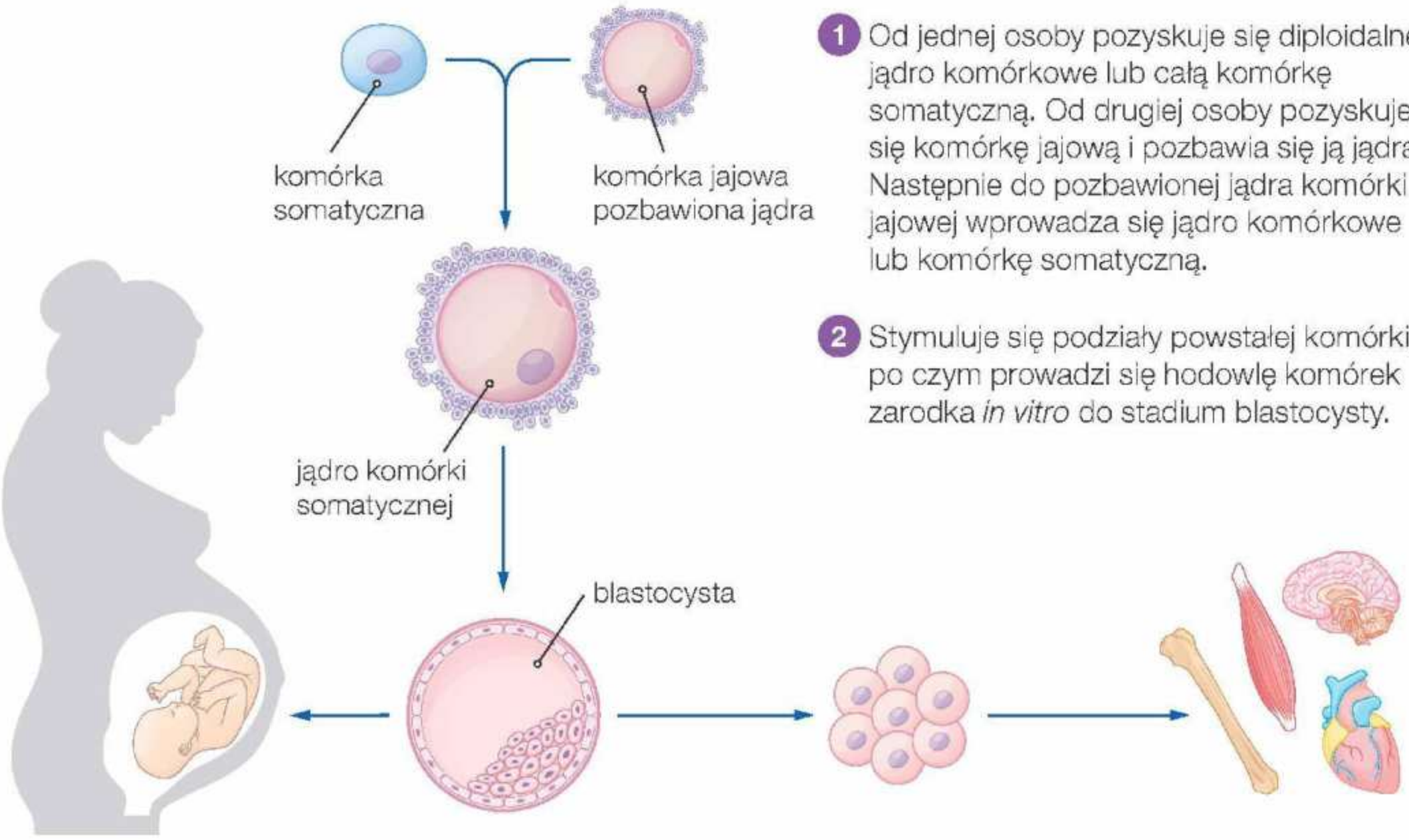
- ochrony godności ludzkiej (tworzenie klonów ludzi wiąże się z ryzykiem komercjalizacji i uprzedmiotowienia ludzkiego życia),
- ryzyka medycznego (z uwagi na duży odsetek wad rozwojowych u klonów zwierzęcych),
- problemów etycznych i społecznych (tworzenie klonów zagrażałoby m.in. prawu do własnej tożsamości, autonomii jednostki oraz prawu do równego traktowania),
- możliwych nadużyć (np. tworzenie klonów do celów militarnych).

W niektórych krajach dopuszcza się wyłącznie klonowanie terapeutyczne, czyli klonowanie niezróżnicowanych komórek zarodka (zarodkowych komórek macierzystych) w celach leczniczych. Trwają badania nad przeszczepianiem tych komórek (np. w miejsce uszkodzonych tkanek) lub wytwarzaniem z nich tkanek i narządów wykorzystywanych w leczeniu niektórych chorób (m.in. chorób układu nerwowego).

Dowiedz się więcej

Klonowanie terapeutyczne i klonowanie reprodukcyjne

Przebieg klonowania terapeutycznego i klonowania reprodukcyjnego jest identyczny do czasu uzyskania zarodka w stadium blastocysty. Późniejsze etapy obu procesów przebiegają inaczej.



1. Od jednej osoby pozyskuje się diploidalne jądro komórkowe lub całą komórkę somatyczną. Od drugiej osoby pozyskuje się komórkę jajową i pozbawia się ją jądra. Następnie do pozbawionej jądra komórki jajowej wprowadza się jądro komórkowe lub komórkę somatyczną.
2. Stymuluje się podziały powstałej komórki, po czym prowadzi się hodowlę komórek zarodka *in vitro* do stadium blastocysty.

Klonowanie reprodukcyjne.

3a Blastocystę wprowadza się do macicy matki zastępczej. Rodzi się dziecko będące klonem dawcy jądra komórkowego.

Klonowanie terapeutyczne.

3b Wewnętrzne komórki blastocysty hoduje się, a następnie stymuluje do różnicowania się w komórki tkanek, które można wykorzystać w leczeniu chorego.

Polecenia kontrolne

1. Podaj trzy przykłady klonów występujących naturalnie w przyrodzie.
2. Określ, czy po sklonowaniu marchwi metodą mikrorozmnażania wszystkie osobniki będą miały identyczny fenotyp. Uzasadnij swoją odpowiedź.
3. Porównaj rozmnażanie płciowe z klonowaniem zwierząt. Weź pod uwagę komórki uczestniczące w powstaniu zygoty, miejsce, w którym przebiega rozwój zarodka do stadium blastocysty, a także podobieństwo organizmów potomnych do organizmów rodzicielskich.
4. Podaj po dwa argumenty przemawiające za klonowaniem i przeciw klonowaniu wymarłych gatunków zwierząt.
5. Wyjaśnij, dlaczego klonowanie reprodukcyjne człowieka jest zakazane w większości krajów na świecie.

4.5. Zastosowania biologii molekularnej

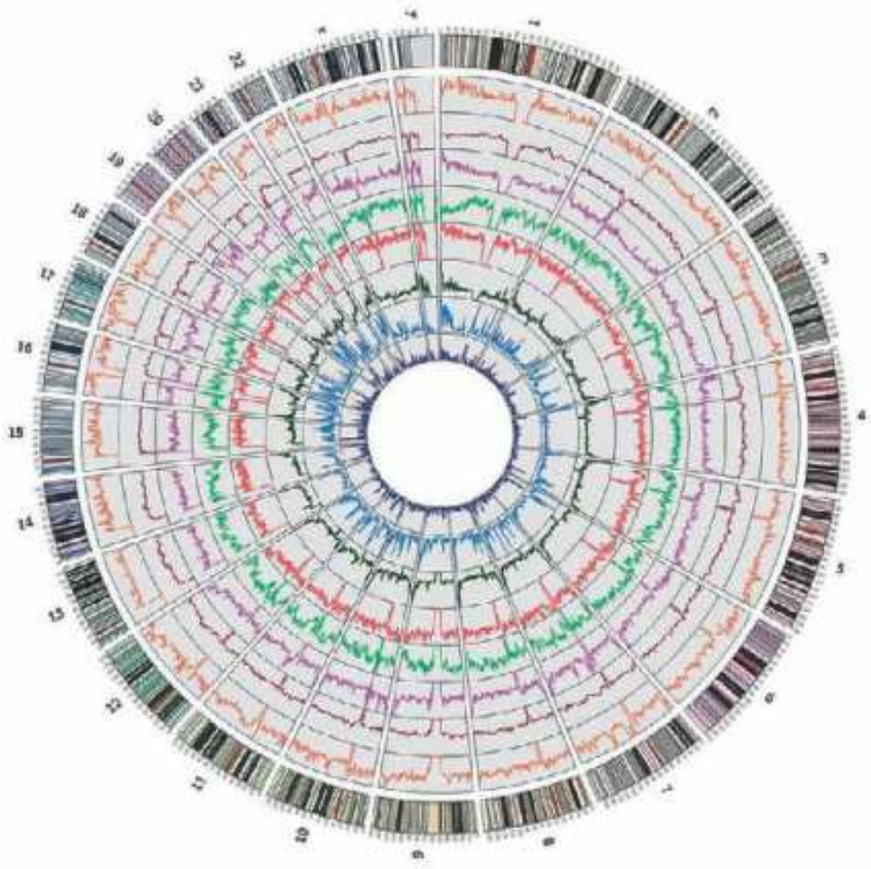
Ważne w tym temacie!

- zastosowania wybranych technik inżynierii genetycznej w diagnostyce chorób, medycynie sądowej i kryminalistyce
- sposoby otrzymywania i pozyskiwania komórek macierzystych oraz ich zastosowanie w medycynie
- zasada działania terapii genowej
- problemy społeczne i etyczne związane z rozwojem inżynierii genetycznej
- szanse i zagrożenia wynikające z zastosowań biotechnologii molekularnej

Osiągnięcia biotechnologii molekularnej wykorzystuje się głównie w **medycynie**, gdzie mają one zastosowanie zarówno w profilaktyce, jak i w diagnostyce oraz leczeniu chorób. Każdego roku rejestruje się kilkadziesiąt nowych leków i sposobów leczenia opracowanych z zastosowaniem technik inżynierii genetycznej, stale też pracuje się nad kolejnymi. Ponadto wiele osiągnięć biotechnologii molekularnej jest wykorzystywanych w **rolnictwie, farmacji, przemyśle spożywczym, medycynie sądowej** i **kryminalistyce** (m.in. do identyfikacji osób).

Mapa genetyczna człowieka

Możliwości wykorzystania biotechnologii molekularnej w medycynie znacznie się zwiększyły dzięki poznaniu sekwencji genomu człowieka (2000 r.). Odkryto wówczas, że człowiek ma ok. 20 tys. genów kodujących białka, a większość ludzkiego DNA (ok. 98,5%) nie koduje białek. Poza tym opracowano mapę genetyczną człowieka przedstawiającą lokalizację genów w chromosomach. Poznanie genomu człowieka umożliwiło rozpoczęcie badań dotyczących m.in. poznania funkcji poszczególnych genów oraz kodowanych przez nie białek.



Mapa genetyczna człowieka.

Korzyści i zagrożenia wynikające z zsekwencjonowania genomu człowieka

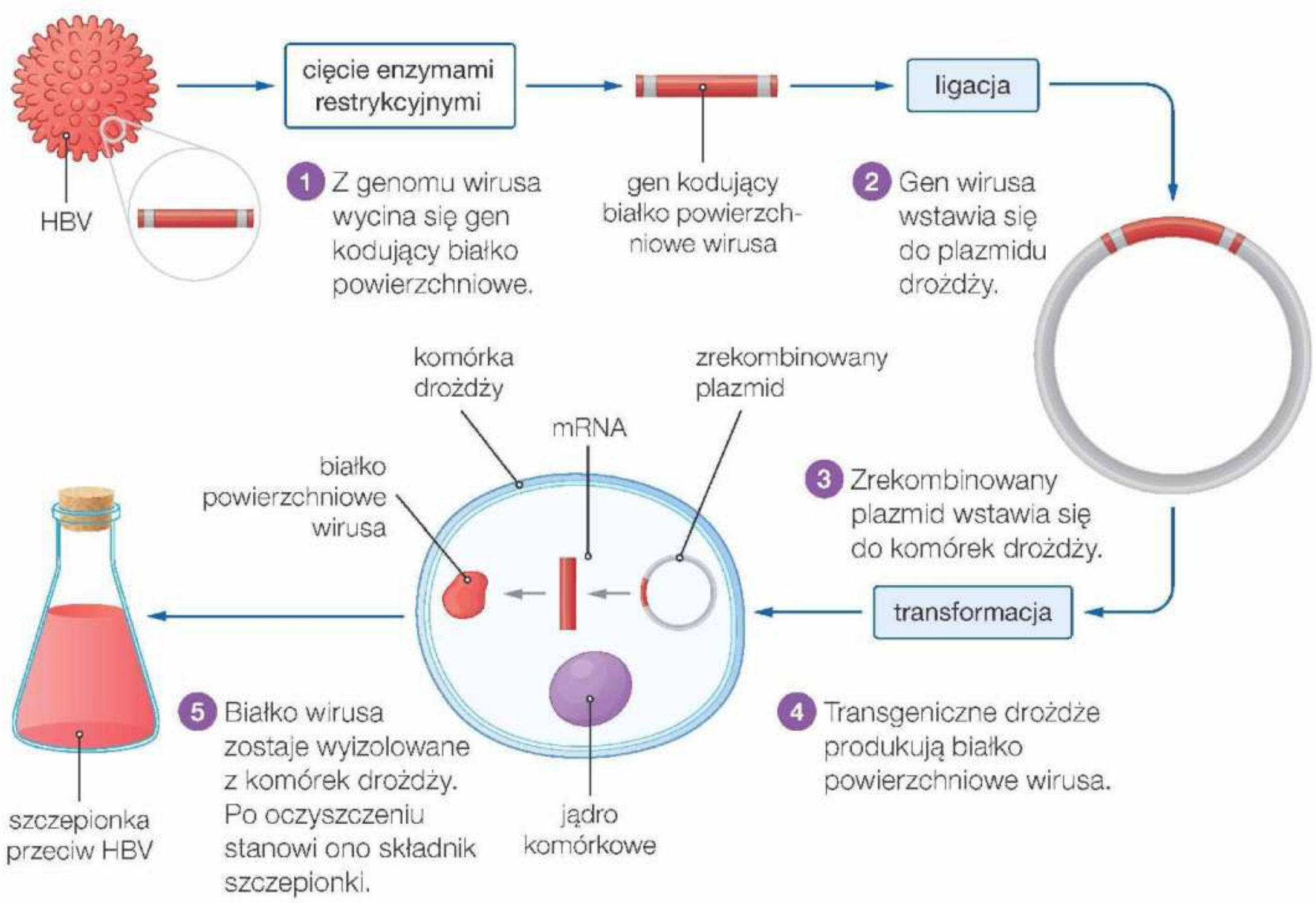
Korzyści	Zagrożenia
• Rozwój diagnostyki, zrozumienie przyczyn chorób człowieka na poziomie molekularnym. • Rozwój nowych metod terapii chorób, np. terapii genowej. • Rozwój bioinformatyki – dziedziny informatyki, która zajmuje się analizą DNA, stosowaną m.in. do porównywania alleli genów.	• Dyskryminacja genetyczna, czyli dyskryminacja osób, które są nosicielami allelu powodującego chorobę lub zwiększającego ryzyko zachorowania, przez firmy ubezpieczeniowe i pracodawców. • Patentowanie sekwencji genów przez firmy przeprowadzające sekwencjonowanie – zyskają one w ten sposób monopol na wytwarzanie określonych leków i prowadzenie badań naukowych.

Profilaktyka chorób – nowoczesne szczepionki

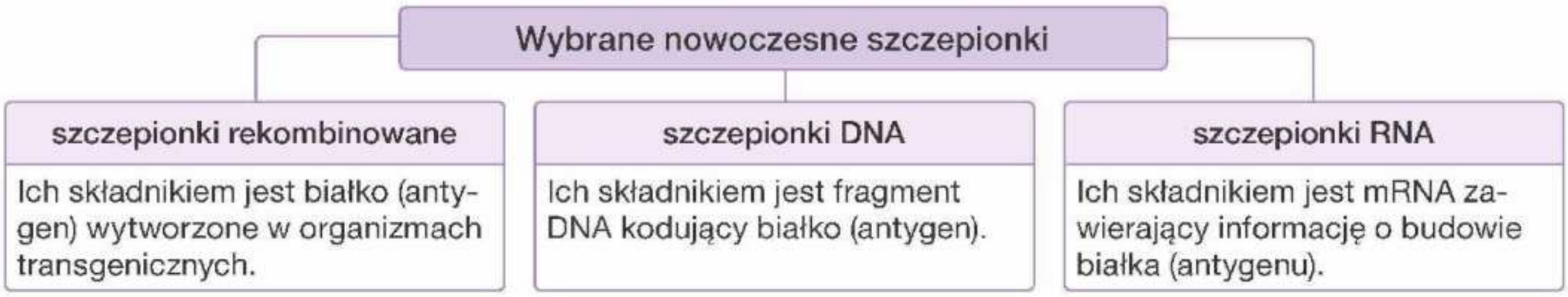
Do osiągnięć biotechnologii stosowanych w profilaktyce chorób należą m.in. **nowoczesne szczepionki**. W odróżnieniu od tradycyjnych szczepionek nie zawierają one całych patogenów, lecz tylko ich białka lub kwasy nukleinowe. Nie istnieje więc ryzyko, że bakterie lub wirusy zawarte w szczepionce uaktywnią się w organizmie osoby zaszczepionej i wywołają chorobę.

Do nowoczesnych szczepionek należą m.in.:

- **szczepionki rekombinowane** – zawierają one wyizolowane i oczyszczone białko patogenu zdolne do wywołania reakcji odpornościowej. Szczepionki te są wytwarzane dzięki zastosowaniu organizmów transgenicznych – ich DNA zawiera geny pochodzące z genomu patogenu. Dzięki temu organizmy te mogą wytwarzać białko patogenu, które po oczyszczeniu jest stosowane jako składnik szczepionki;
- **szczepionki DNA** – zawierają fragment DNA patogenu kodujący określony antygen. Są one konstruowane w taki sposób, aby w komórkach człowieka następowało wytwarzanie białka patogenu. Białko to jest rozpoznawane przez układ odpornościowy, dzięki czemu rozwija się odporność na dany patogen. Pierwsza szczepionka DNA (przeciwko wirusowi SARS-CoV-2) została dopuszczona do użytku w 2021 r. w Indiach;
- **szczepionki RNA** – w tego typu szczepionkach stosuje się mRNA zawierający informację o określonym białku patogenu. Dzięki temu w komórkach osoby zaszczepionej dochodzi do syntezy tego białka. Jest ono następnie modyfikowane w odpowiednich strukturach komórkowych, prezentowane na powierzchni komórek i rozpoznawane przez elementy układu odpornościowego. Pierwsze szczepionki RNA (przeciwko wirusowi SARS-CoV-2) zostały dopuszczone do użytku w 2020 r. w wielu krajach świata (w tym w Polsce).



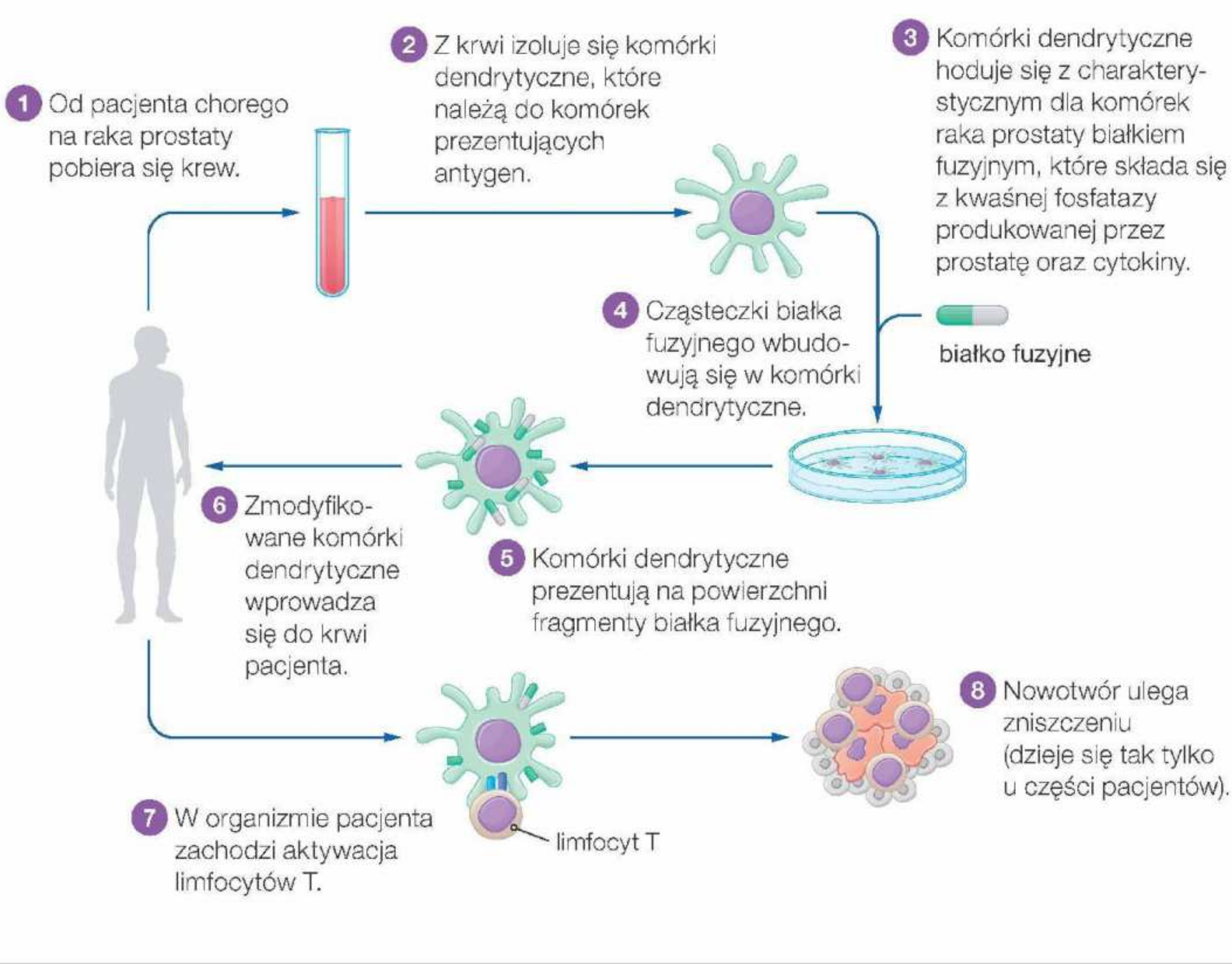
Wytwarzanie szczepionki rekombinowanej przeciw wirusowi zapalenia wątroby typu B (HBV). Składnikiem tej szczepionki jest białko powierzchniowe wirusa wyprodukowane w komórkach transgenicznych drożdży.



Szczepionki przeciwnowotworowe

Szczepionki przeciwnowotworowe stosuje się **w leczeniu chorób nowotworowych**. Preparaty te mogą mieć charakter uniwersalny, co oznacza, że leczą konkretny typ nowotworu u większości pacjentów. Istnieją również szczepionki spersonalizowane, wytwarzane indywidualnie dla każdego pacjenta. Przykładem przeciwnowotworowej szczepionki spersonalizowanej jest szczepionka przeciw rakowi prostaty. Jej składnikiem są odpowiednio zmodyfikowane komórki dendrytyczne, które stymulują reakcję odpornościową organizmu.

Uproszczony przebieg terapii raka prostaty



Diagnostyka molekularna

Diagnostyka molekularna to ogół nowoczesnych metod diagnostycznych, które umożliwiają wykrywanie zmian w materiale genetycznym osoby badanej lub wykrywanie obecności kwasów nukleinowych patogenów w pobranym od pacjenta materiale biologicznym. Do metod diagnostyki molekularnej zalicza się również metody immunologiczne, które polegają na wykrywaniu białek patogenu lub przeciwciał wytwarzanych przez organizm w odpowiedzi na zakażenie.

Diagnostykę molekularną wykorzystuje się do obserwowania przebiegu terapii oraz w badaniach predyspozycji genetycznych do rozwoju chorób. Wykrycie mutacji w genie nie musi oznaczać zachorowania, jednak może być podstawą do wprowadzenia odpowiedniej profilaktyki zapobiegającej wystąpieniu choroby. Na przykład obecność mutacji w genach *BRCA1* i *BRCA2* znacząco zwiększa prawdopodobieństwo zachorowania na raka piersi. Z tego powodu kobiety obarczone tymi mutacjami mogą np. wykonać profilaktyczną mastektomię (usunięcie piersi).

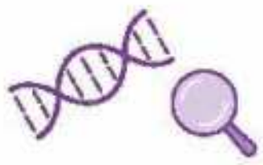
Techniki stosowane w diagnostyce molekularnej

W diagnostyce molekularnej stosuje się testy oparte na technikach biotechnologii molekularnej, do których należą:

- **PCR** – w tej metodzie wykorzystuje się startery komplementarne np. wyłącznie do zmutowanego allelu odpowiedzialnego za chorobę. Produkt reakcji powstaje tylko wtedy, gdy w badanym DNA występuje określona mutacja. Jeśli produkt PCR nie zostanie wytworzony, to znaczy, że osoba, od której pobrano DNA, jest zdrowa;
- **hybrydyzacja DNA** – polega na zastosowaniu sondy molekularnej komplementarnej do poszukiwanej sekwencji DNA, np. DNA bakterii. Sonda umożliwia lokalizację badanej sekwencji DNA, np. zmutowanego allelu, w chromosomie. Hybrydyzacja DNA pozwala także na jednoczesne przeprowadzenie badań pod kątem wielu różnych chorób. W tym celu stosuje się mikromacierze DNA – płytki zawierające tysiące sond molekularnych, z których każda jest komplementarna do innego fragmentu DNA (→ s. 175);

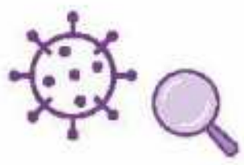
Zastosowanie diagnostyki molekularnej

wykrywanie chorób genetycznych



- Polega na identyfikacji allelu odpowiedzialnego za wystąpienie choroby.
- Umożliwia wykrywanie chorób jednogenowych (np. mukowiscydozy) oraz aberracji chromosomowych, zwłaszcza związanych ze zmianami struktury chromosomów.

wykrywanie chorób zakaźnych



- Polega na wykrywaniu w materiale pobranym od pacjenta DNA lub RNA patogenu, jego białek albo przeciwciał skierowanych przeciwko patogenom.
- Umożliwia identyfikację zakażeń wirusowych i bakteryjnych.

wykrywanie chorób nowotworowych



- Polega na analizie DNA w celu wykrycia zmian charakterystycznych dla nowotworów, np. mutacji w protoonkogenach (→ s. 118), lub na oznaczaniu markerów nowotworowych – specyficznych białek wytwarzanych przez komórki nowotworowe.
- Umożliwia wykrywanie różnych rodzajów nowotworów, np. raka płuc, oraz ocenę predyspozycji genetycznych do rozwoju niektórych nowotworów (np. wykrywanie genów *BRCA1* i *BRCA2*).

- **sekwencjonowanie DNA** – jest zwykle stosowane wtedy, gdy nie ma innych testów diagnostycznych, opartych np. na PCR lub hybrydyzacji DNA. Metoda ta umożliwia wykrywanie mutacji w genach odpowiedzialnych za choroby jednogenowe, wykrywanie mutacji pojedynczych nukleotydów w protoonkogenach oraz identyfikację DNA patogenu;
- **metody immunologiczne** – opierają się głównie na reakcjach antygenów z przeciwciałami. Dzięki temu w materiale biologicznym (np. osoczu) można wykryć antygeny wirusów i organizmów chorobotwórczych lub przeciwciała skierowane przeciwko tym antygenom. W metodach immunologicznych stosuje się często przeciwciała monoklonalne, czyli sztucznie otrzymywane przeciwciała z jednego klonu limfocytu B, które mają identyczną swoistość. Oznacza to, że łączą się one z tym samym antygenem z taką samą siłą.

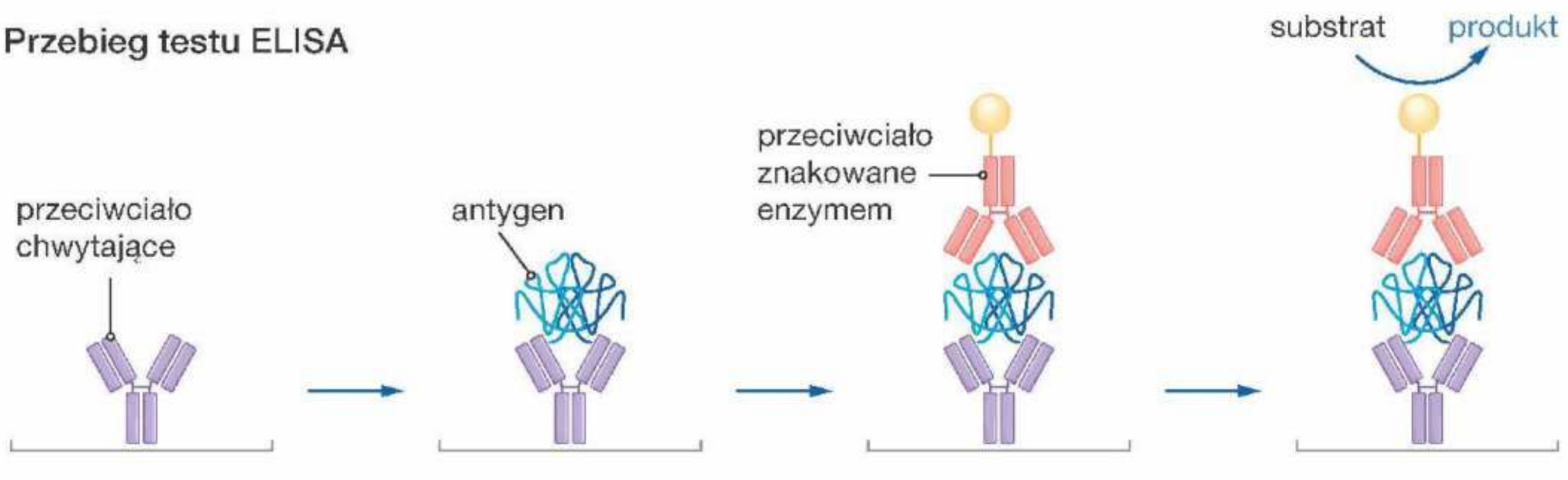
Test ELISA

Do najczęściej stosowanych metod immunologicznych należy test immunoenzymatyczny ELISA (ang. *enzyme-linked immunosorbent assay*). Służy on do wykrywania określonych białek w badanym materiale biologicznym za pomocą przeciwciał znakowanych enzymem. Test ELISA stosuje się do diagnostyki chorób wirusowych (np. kleszczowego zapalenia mózgu), bakteryjnych (np. krzusca), grzybiczych (np. drożdżycy), pasożytniczych (np. tasiemczycy) oraz nowotworowych.



W testach ELISA najczęściej używa się płytek ze studzienkami, w których zachodzą poszczególne etapy tworzenia kompleksów antygen–przeciwciało oraz reakcja barwna umożliwiająca odczytanie wyniku.

Przebieg testu ELISA

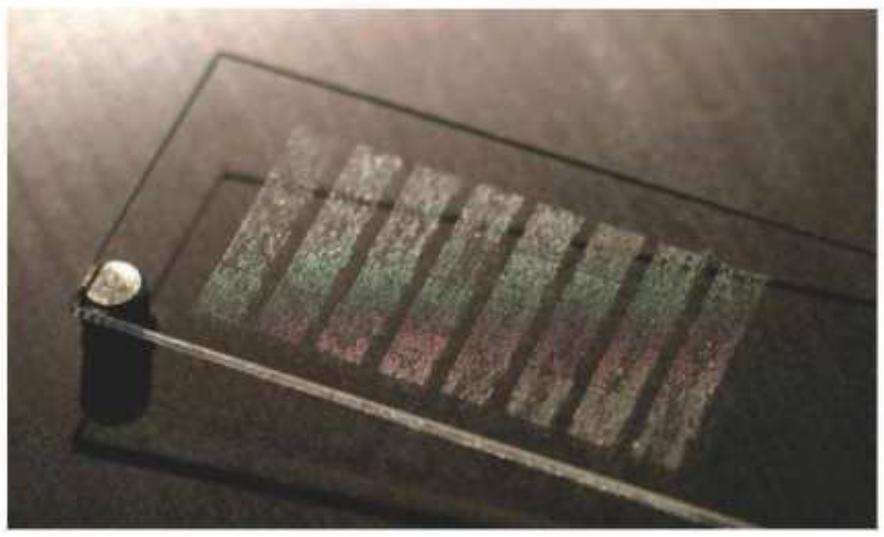


1. Płytka testowa zawiera studzienki z zaadsorbowanym przeciwciałem, które jest specyficzne względem określonego antygenu, np. białka wirusa.
2. Do studzienek wprowadza się materiał biologiczny, np. osocze pacjenta. Jeśli zawiera on antygen, to tworzy się kompleks antygen–przeciwciało.
3. Następnie wprowadza się przeciwciała znakowane enzymem, które są specyficzne względem antygenu. Niezwiązane przeciwciała wypłukuje się z płytki.
4. Dodaje się substrat. Jeśli zaszły wszystkie etapy reakcji antygenu z przeciwciałami, to enzym przekształca substrat w barwny produkt.

Dowiedz się więcej

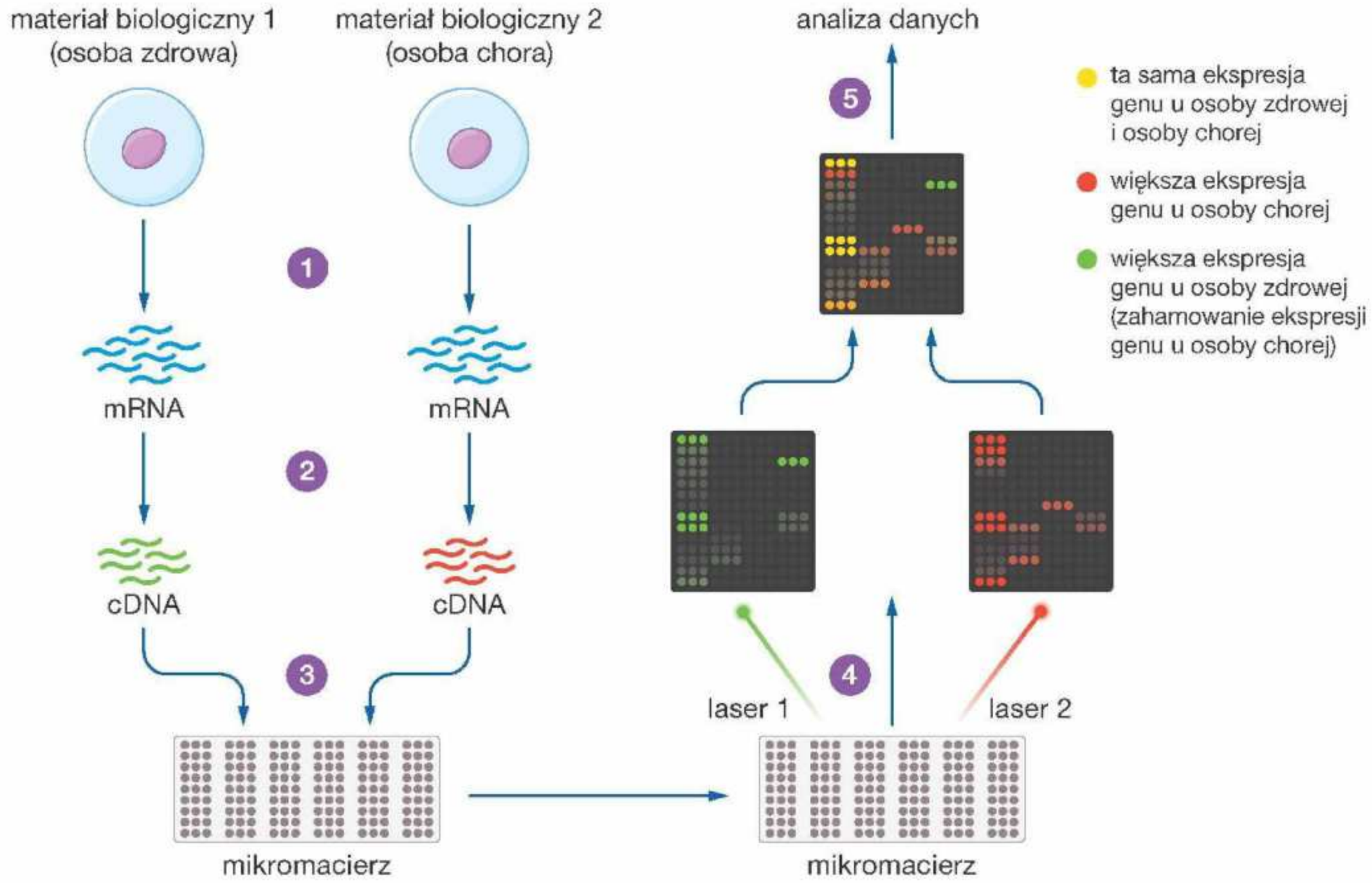
Diagnostyka chorób za pomocą mikromacierzy

Za pomocą mikromacierzy można diagnozować m.in. choroby zakaźne oraz nowotworowe. W celu rozróżnienia poszczególnych rodzajów nowotworów przygotowuje się sondy molekularne komplementarne np. do mRNA, który powstał w wyniku transkrypcji genów aktywnych tylko w komórkach nowotworowych. Wynik badania jest odczytywany i analizowany komputerowo.



Wynik badania z użyciem mikromacierzy DNA.

Przebieg badania z użyciem mikromacierzy DNA



1. Izolacja mRNA – z materiału biologicznego osoby chorej i osoby zdrowej (próba kontrolna) izoluje się mRNA.
2. Synteza DNA – przeprowadza się odwrotną transkrypcję. Jednocześnie powstały cDNA znakuje się barwnikami fluorescencyjnymi (innymi dla osoby chorej i innymi dla osoby zdrowej).
3. Hybrydyzacja z sondą molekularną – cząsteczki cDNA nanosi się na mikromacierz. Tam łączą się one z sondami molekularnymi o komplementarnych sekwencjach DNA.
4. Skanowanie – mikromacierz skanuje się laserami czerwonym i zielonym. Im więcej cząsteczek cDNA znajduje się w danym punkcie mikromacierzy, tym większa jest intensywność sygnału wysyłanego przez sondy molekularne.
5. Analiza wyników – na podstawie sekwencji sond molekularnych w danym miejscu ustala się poziom ekspresji określonych genów w pobranym materiale biologicznym.

Leczenie chorób

Osiągnięcia biotechnologii molekularnej umożliwiły:

- produkcję nowego typu substancji leczniczych – biofarmaceutyków,
- hodowanie tkanek do przeszczepów,
- opracowanie metod terapii genowej wielu chorób, które do tej pory były nieuleczalne.

Biofarmacetyki

Biofarmaceutyki to leki białkowe (lub peptydowe), które wytwarza się z wykorzystaniem organizmów zmodyfikowanych genetycznie. Leki są stosowane do leczenia chorób człowieka. Białka te określa się mianem **białek rekombinowanych**, ponieważ wytwarza się je metodami inżynierii genetycznej w wyniku ekspresji genu wprowadzonego do komórek gospodarza, np. bakterii. Nie wszystkie białka rekombinowane można jednak uzyskać w komórkach prokariotycznych. Dotyczy to zwłaszcza białek złożonych, które oprócz łańcucha polipeptydowego wymagają modyfikacji potranslacyjnych, takich jak glikozylacja, fosforylacja czy tworzenie mostków dwusiarczkowych. Procesy te zachodzą w strukturach typowych dla komórek eukariotycznych, m.in. w aparacie Golgiego i retikulum endoplazmatycznym. Z tego powodu do produkcji złożonych biofarmaceutyków (np. erytropoetyny, która jest glikoproteiną) wykorzystuje się zwykle komórki ssaków.

Przykładem biofarmaceutyku jest insulina ludzka produkowana przez bakterie lub drożdże. Wcześniej hormon ten pozyskiwano z trzustek świń i bydła. Insulina ludzka i bydlęca różnią się jednak nieznacznie budową. Stosowanie insuliny bydlęcej skutkowało wytworzeniem w organizmie chorego przeciwciał, co zmniejszało skuteczność leczenia. Zastosowanie insuliny ludzkiej eliminuje ten problem.

Innym przykładem biofarmaceutyku jest hormon wzrostu. W przeszłości był on pozyskiwany z przysadek osób zmarłych, co wiązało się z ryzykiem zakażeń. Dzięki produkcji tego hormonu w komórkach bakterii terapia nim stała się bezpieczna.

Jedną z ważnych grup biofarmaceutyków stanowią **przeciwciała monoklonalne** (→ s. 177).

Przykłady biofarmaceutyków

Grupa biofarmaceutyków	Przykład biofarmaceutyku	Zastosowanie	Organizm lub komórki wytwarzające lek
Hormony rekombinowane	insulina ludzka	leczenie cukrzycy	*Escherichia coli*
	hormon wzrostu	leczenie karłowatości przysadkowej	*Escherichia coli*
	erytropoetyna	leczenie niedokrwistości	komórki ssaków
Czynniki krzepnięcia	czynnik VIII, czynnik IX	leczenie hemofilii	komórki ssaków
Cytokiny i interferony	interferony	leczenie m.in. WZW typu B i C, stwardnienia rozsianego	*Escherichia coli*, komórki drożdży, komórki ssaków
	interleukina-2	leczenie niektórych nowotworów	*Escherichia coli*
Enzymy terapeutyczne	dornaza alfa (rekombinowana deoksyrybonukleaza I)	leczenie mukowiscydozy	komórki ssaków
Szczepionki rekombinowane	szczepionka przeciw wirusowi zapalenia wątroby typu B (HBV)	profilaktyka WZW typu B	komórki drożdży
	szczepionka przeciw wirusowi brodawczaka ludzkiego (HPV)	profilaktyka raka szyjki macicy	komórki owadów

Przeciwciała monoklonalne – ważne biofarmaceutyki

Przeciwciała monoklonalne to białka zdolne do swoistego wiązania się z określonymi cząsteczkami, np. receptorami na powierzchni komórek. Przeciwciała monoklonalne wykorzystuje się w leczeniu chorób autoimmunizacyjnych oraz nowotworów.

Leczenie chorób autoimmunizacyjnych

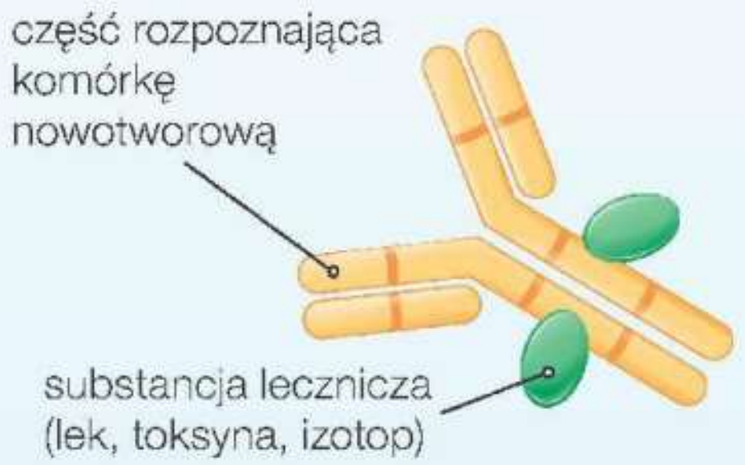
W leczeniu chorób autoimmunizacyjnych wykorzystuje się przeciwciała monoklonalne, które łączą się z komórkami lub cząsteczkami układu odpornościowego i w ten sposób hamują nadmierną aktywność tego układu.

Sposoby działania przeciwciał monoklonalnych w terapii chorób autoimmunizacyjnych

wiązanie się z cytokinami lub ich receptorami	niszczenie limfocytów B	blokada integryn
Przeciwciała monoklonalne blokują przekazywanie sygnału zapalnego między komórkami układu odpornościowego. Dzięki temu zmniejszają stan zapalny i uszkodzenie tkanek.	Przeciwciała monoklonalne wiążą się z antygenami na powierzchni limfocytów B, co prowadzi do zniszczenia i osłabienia reakcji autoimmunologicznej.	Przeciwciała monoklonalne łączą się z integrynami – cząsteczkami odpowiedzialnymi za migrację leukocytów z krwi do tkanek. Dzięki temu zmniejszają się stan zapalny i uszkodzenie tkanek.

Leczenie nowotworów

Leczenie nowotworów przeciwciałami monoklonalnymi jest możliwe dzięki łączeniu się przeciwciał z antygenami obecnymi na powierzchni komórek nowotworowych, co skutkuje selektywnym niszczeniem tych komórek.



Budowa przeciwciał monoklonalnych sprzężonych (połączonych) z substancją leczniczą.

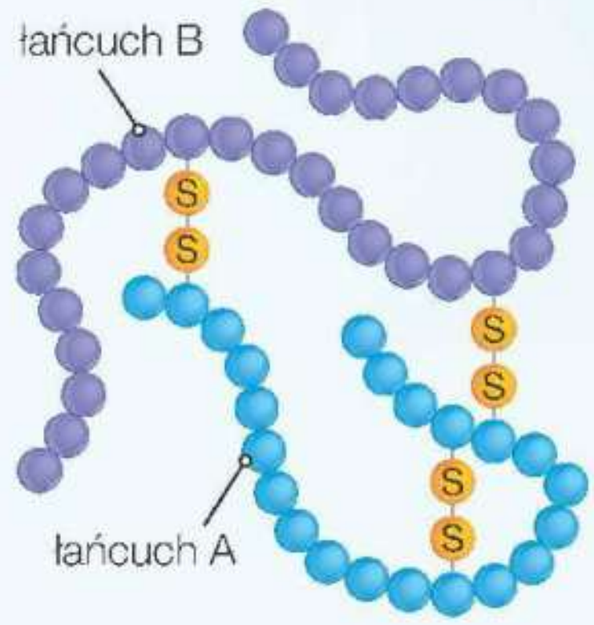
Rodzaje przeciwciał monoklonalnych stosowanych w terapii nowotworów

Rodzaj przeciwciał monoklonalnych	Mechanizm działania
Przeciwciała niesprzężone (nagie)	Wiążą się z antygenami komórek nowotworowych i w ten sposób blokują ich receptory lub aktywują układ odpornościowy pacjenta do ich zniszczenia.
Przeciwciała połączone z lekami	Przenoszą toksyczny związek chemiczny bezpośrednio do komórki nowotworowej.
Przeciwciała połączone z izotopami	Umożliwiają selektywne napromienienie komórek nowotworowych.
Przeciwciała połączone z toksynami	Są połączone z toksynami (bakteryjnymi lub roślinnymi). Toksyny, po przyłączeniu się przeciwciała do komórki nowotworowej, wnikają do wnętrza tej komórki i powodują jej śmierć.
Przeciwciała o podwójnej specyficzności	Rozpoznają dwa różne typy komórek, np. limfocyty T i komórki nowotworowe. Dzięki temu łączą ze sobą te komórki, co prowadzi do zniszczenia komórek nowotworowych.

Produkcja rekombinowanej insuliny

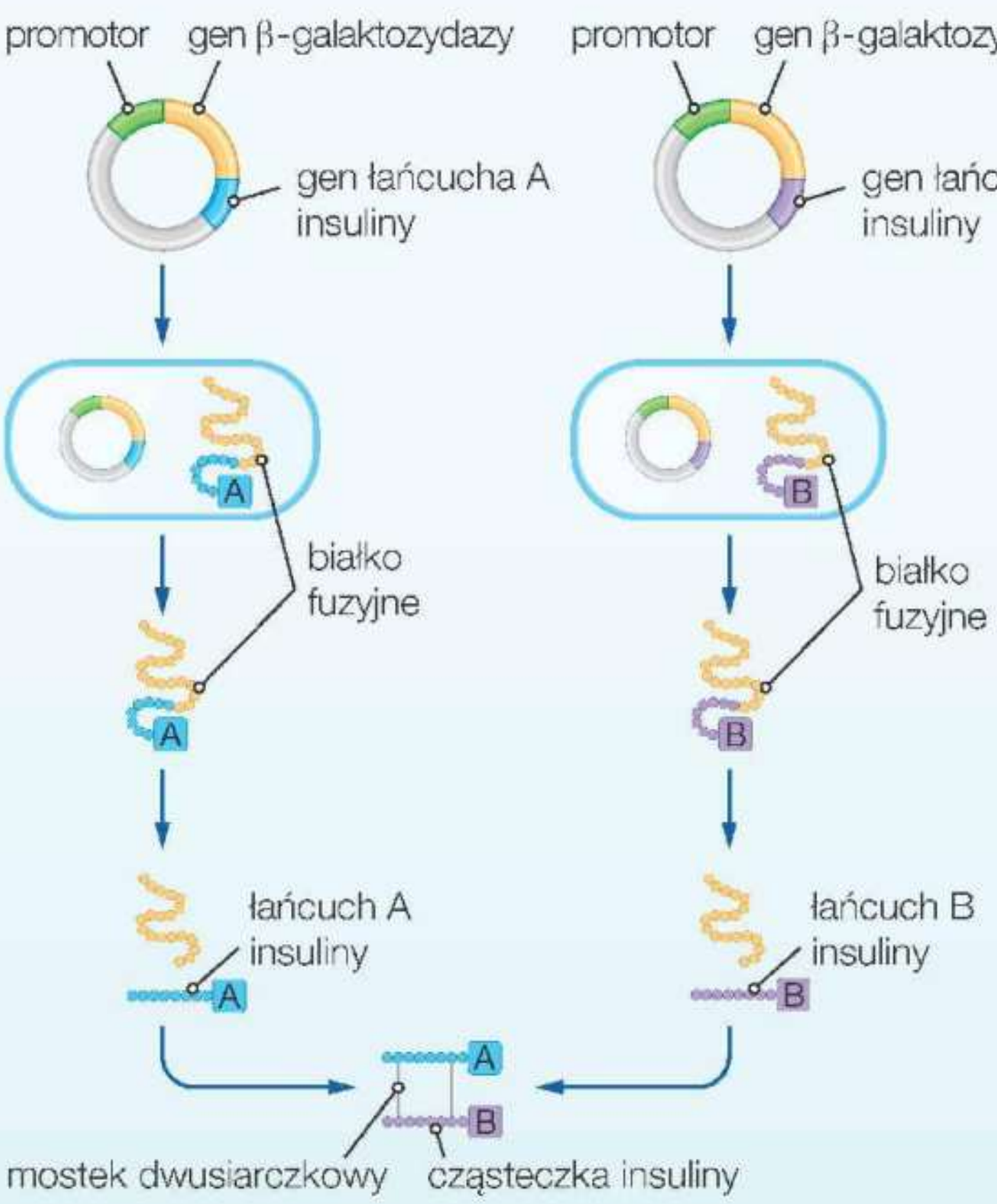
Insulina jest białkiem zbudowanym z 51 aminokwasów. Jej cząsteczka składa się z dwóch łańcuchów peptydowych (A i B) połączonych mostkami dwusiarczkowymi. Obecnie ludzką insulinę produkuje się m.in. w zmodyfikowanych genetycznie komórkach *Escherichia coli*. W tym celu stosuje się dwie podstawowe metody:

- oddzielną syntezę łańcuchów A i B w dwóch typach komórek,
- łączną syntezę łańcuchów A i B w jednym typie komórki.



Cząsteczka ludzkiej insuliny.

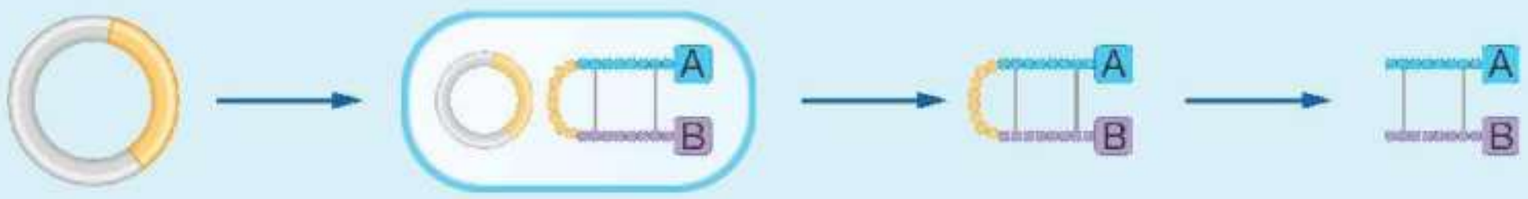
Metoda 1



1. Do plazmidów wstawia się sekwencje kodujące łańcuchy A i B insuliny. Sekwencje te zostają wprowadzone w obręb genu kodującego bakteryjny enzym β-galaktozydazę. Tak zmodyfikowanymi plazmidami transformuje się komórki *E. coli*.
2. W komórkach zmodyfikowane geny ulegają ekspresji. W rezultacie powstają białka fuzyjne, zawierające połączone łańcuchy β-galaktozydazy oraz insuliny.
3. Białka fuzyjne izoluje się z komórek i przecina za pomocą enzymów, tak by otrzymać czyste chemicznie łańcuchy A i B insuliny.
4. Oba rodzaje łańcuchów w odpowiednim środowisku reakcji tworzą aktywną formę insuliny o strukturze czwartorzędowej.

Metoda 2

Komórki *E. coli* trasformuje się plazmidem zawierającym gen kodujący zmodyfikowaną proinsulinę (prekursor insuliny). Gen ten składa się z łańcuchów A i B insuliny połączonych peptydem łącznikowym. W wyniku ekspresji genu w komórkach bakterii powstaje zmodyfikowana proinsulina. Izoluje się ją z komórek, a następnie poddaje enzymatycznemu cięciu i oczyszczeniu.



Zrekombinowany plazmid. | Zmodyfikowana genetycznie bakteria. | Zmodyfikowana proinsulina. | Cząsteczka insuliny.

Komórki macierzyste

Komórki macierzyste to niewyspecjalizowane komórki, które zachowują zdolność do podziałów przez całe życie organizmu. W procesie różnicowania powstają z nich wszystkie rodzaje dojrzałych komórek.

W medycynie głównym zastosowaniem komórek macierzystych jest leczenie niektórych chorób, a także laboratoryjna hodowla niektórych tkanek człowieka.

Ze względu na pochodzenie wyróżnia się:

- zarodkowe komórki macierzyste, które mogą różnicować się we wszystkie typy komórek. Jednak wykorzystywanie komórek zarodkowych człowieka jest zabronione, ponieważ wiąże się z uszkodzeniem zarodka;
- komórki macierzyste pobrane od osób dorosłych, np. ze szpiku kostnego czy skóry. Możliwości ich specjalizacji są ograniczone do jednego lub kilku typów komórek.

Rodzaje komórek macierzystych ze względu na zdolność różnicowania się

Komórki macierzyste można podzielić ze względu na ich zdolność do różnicowania się w różne typy komórek na komórki macierzyste: totipotencjalne, pluripotencjalne, multipotencjalne i unipotencjalne.

Komórki macierzyste totipotencjalne

Mogą różnicować się do każdego typu komórek (czyli mogą z nich powstawać wszystkie komórki zarodka i błon płodowych). Komórkami totipotencjalnymi są zygota oraz komórki powstałe w wyniku jej pierwszych podziałów.



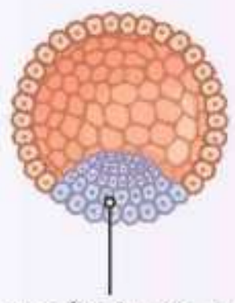
blastomery



płód z błonami płodowymi

Komórki macierzyste pluripotencjalne

Mogą różnicować się w kilka typów komórek charakterystycznych dla danego listka zarodkowego, tkanki lub narządu, z którego pochodzą. Występują w tkankach płodu oraz u dorosłych osobników. Przykładem są komórki węzła zarodkowego blastocysty.



komórki węzła zarodkowego



komórki endodermalne



komórki mezodermalne



komórki ektodermalne

Komórki macierzyste multipotencjalne

Mogą dać początek komórkom charakterystycznym dla danego listka zarodkowego lub narządu, z którego zostały pobrane. Występują w tkankach płodu oraz u dorosłych osobników. Należą do nich m.in. komórki macierzyste szpiku kostnego, które dają początek różnym komórkom krwi.



komórka szpiku kostnego



komórki krwi

Komórki macierzyste unipotencjalne (progenitorowe)

Mogą różnicować się tylko w jeden typ komórek. Przykładem są komórki satelitarne mięśni, które różnicują się we włókna mięśniowe.



komórka satelitarna mięśni



włókna mięśniowe

Źródłem komórek macierzystych są:

- krew pępowinowa,
- tkanki i narządy dorosłego organizmu, m.in. szpik kostny czerwony, naskórek, serce, trzustka, krew,
- indukowane pluripotencjalne komórki macierzyste (iPS, iPSC), czyli komórki organizmu (np. fibroblasty skóry) przywrócone do stanu niewyspecjalizowanego.

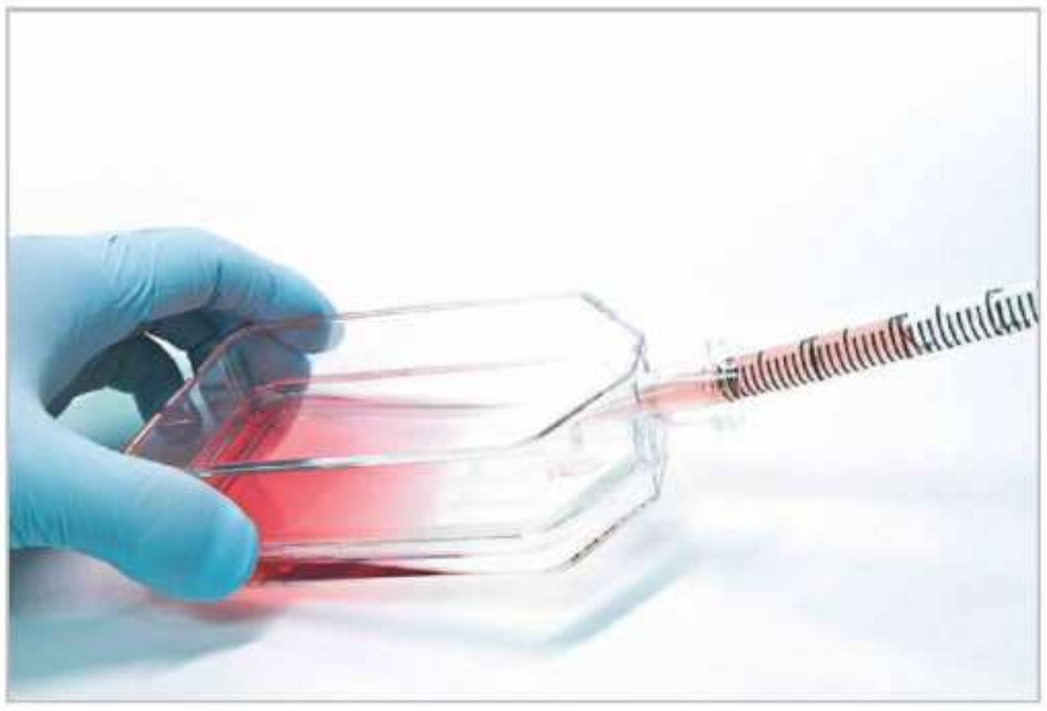
Od rodzaju komórek macierzystych zależą możliwości ich wykorzystania w terapii chorób. Obecnie stosuje się głównie:

- komórki krwiotwórcze szpiku kostnego, krwi obwodowej i krwi pępowinowej, które umożliwiają leczenie nowotworów krwi (m.in. białaczek), ciężkich złożonych niedoborów odporności i anemii,
- komórki macierzyste nabłonka rogówki, które uczestniczą w regeneracji nabłonka rogówki,
- komórki macierzyste naskórka, które umożliwiają leczenie ciężkich oparzeń.

Naukowcy przypuszczają, że w przyszłości za pomocą komórek macierzystych będzie można leczyć także cukrzycę typu I, chorobę Parkinsona, stwardnienie rozsiane i niektóre choroby mięśni.

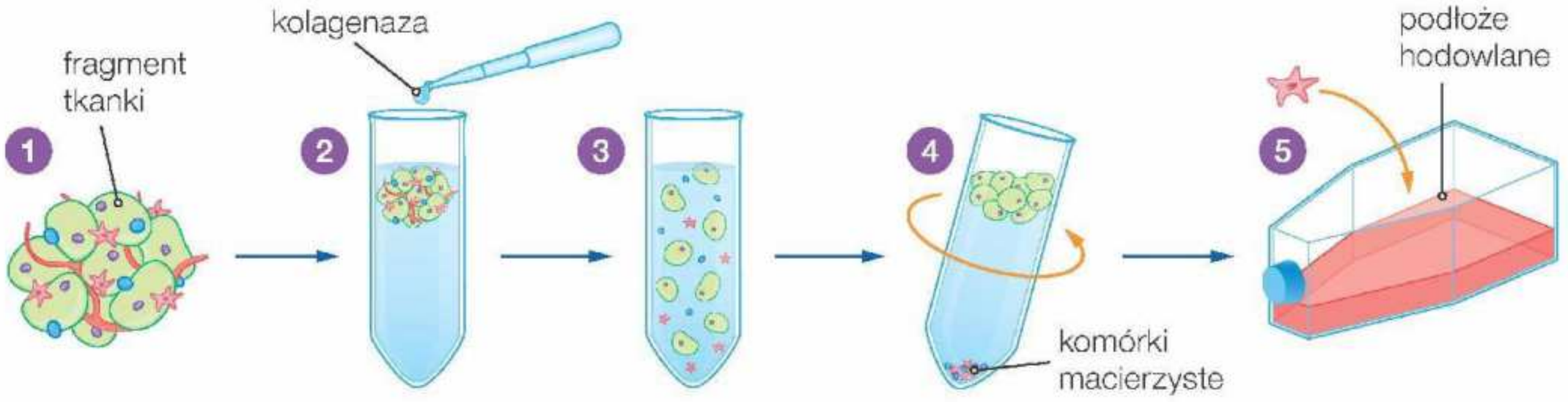
Prawdopodobnie komórki macierzyste znajdą również zastosowanie w tworzeniu bionicznych narządów, drukowanych w technologii 3D. Duże nadzieje w tym zakresie wiąże się z polskim projektem stworzenia bionicznej trzustki z komórek macierzystych pobranych od pacjenta. Badania te prowadzi m.in. zespół naukowców z Instytutu Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego PAN.

Trwają również prace nad otrzymywaniem uniwersalnych komórek macierzystych i tkanek, które po wszczepieniu do organizmu nie będą wywoływać odpowiedzi immunologicznej u żadnego z pacjentów. Gałąź medycyny zajmująca się wykorzystaniem komórek macierzystych do wytwarzania zróżnicowanych komórek i tkanek nosi nazwę **medycyny regeneracyjnej**.



Komórki macierzyste można hodować w specjalnych pojemnikach, w których znajduje się podłoże hodowlane, zawierające m.in. substancje odżywcze.

Pozyskiwanie komórek macierzystych z tkanki



1. Od pacjenta pobiera się fragment tkanki.
2. Tkankę poddaje się działaniu np. kolagenazy – enzymu usuwającego połączenia między komórkami.
3. W efekcie działania enzymu uzyskuje się mieszaninę komórek.
4. Mieszaninę się wiruje, dzięki czemu różne rodzaje komórek tworzą oddzielne warstwy.
5. Z próbki wyodrębnia się komórki macierzyste, a następnie hoduje się je na specjalnym podłożu.

Doświadczenie – jak to odkryto?

Przekształcanie zróżnicowanych komórek w komórki macierzyste

W 2008 r. pracujący w Japonii naukowiec Shinya Yamanaka [wym. szinja jamanaka] udowodnił, że dzięki zmianie aktywności genów można przekształcić zróżnicowane komórki skóry (fibroblasty skóry) w komórki macierzyste. Otrzymane w ten sposób komórki naukowiec nazwał indukowanymi pluripotencjalnymi komórkami macierzystymi (iPS, iPSC). Za swoje odkrycie Shinya Yamanaka został w 2012 r. uhonorowany Nagrodą Nobla.

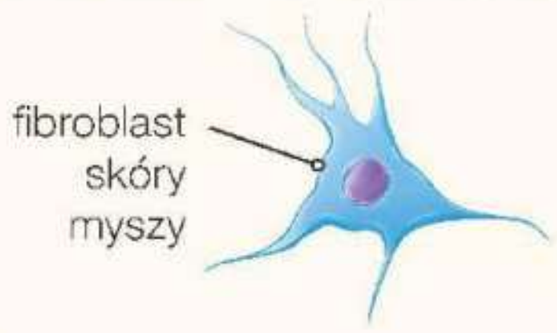
1 **Problem badawczy:** Czy można zmienić zróżnicowaną komórkę organizmu w komórkę macierzystą?

2 **Hipoteza badawcza:** Aby zmienić zróżnicowaną komórkę organizmu w komórkę macierzystą, należy pobudzić w niej aktywność genów, które ulegają ekspresji w komórkach zarodka, a nie ulegają ekspresji w komórkach zróżnicowanych.

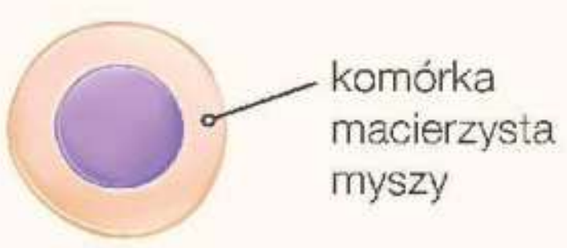
3 **Przebieg doświadczenia:**

Do genomu komórki skóry myszy wprowadzano za pomocą wektora wirusowego różne geny, które ulegają ekspresji w komórkach zarodka, a nie ulegają ekspresji w komórkach zróżnicowanych. Założono, że geny te warunkują podtrzymywanie komórek w stanie niedojrzałości. W celu sprawdzenia, czy po wprowadzeniu wybranych genów następuje odróżnicowanie komórek do stadium komórek macierzystych, obserwowano komórki pod mikroskopem. Badano również ekspresję wybranych genów, które są aktywne w komórkach macierzystych.

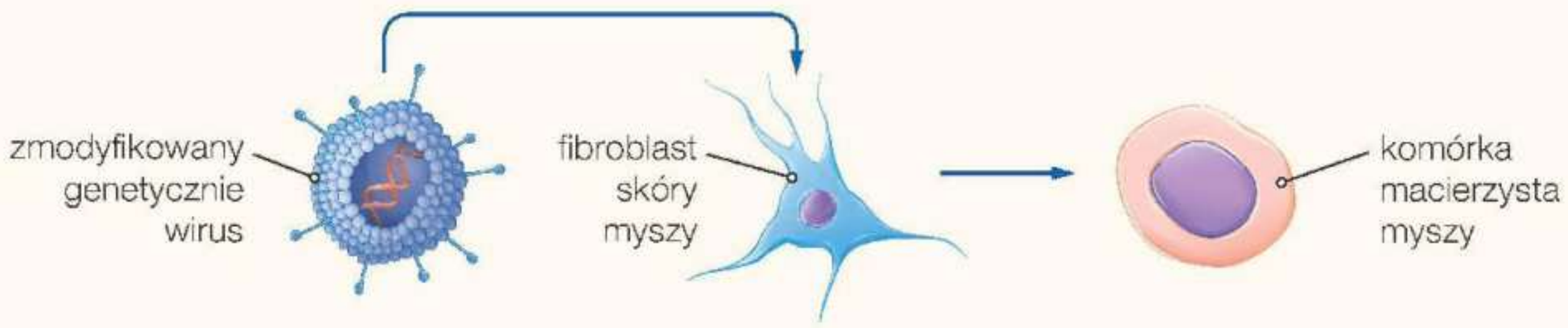
Próba kontrolna negatywna
Zróżnicowana komórka skóry myszy.



Próba kontrolna pozytywna
Komórka macierzysta myszy.



Próba badawcza
Zróżnicowana komórka skóry myszy, do której wstawiono zestaw genów ulegających ekspresji w komórkach macierzystych.



1 Do genomu wirusa wstawiono geny odpowiedzialne za cechy komórek macierzystych.

2 Za pomocą wirusa wprowadzono wybrane geny do komórek skóry myszy.

3 Nastąpiło odróżnicowanie komórek skóry myszy do stadium komórek macierzystych.

4 **Wynik doświadczenia:** Ekspresja wprowadzonych genów spowodowała przyspieszenie tempa rozmnażania komórek oraz przywrócenie im zdolności różnicowania się.

5 **Wniosek:** Pobudzenie aktywności genów odpowiedzialnych za cechy komórek macierzystych powoduje zmianę zróżnicowanej komórki skóry myszy w komórkę macierzystą.

Terapia genowa

Terapia genowa to metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych (DNA lub RNA) do komórek ciała pacjenta, aby uzyskać określony efekt terapeutyczny. Obecnie metodę tę stosuje się m.in. w przypadku niektórych chorób genetycznych jednogenowych, takich jak rdzeniowy zanik mięśni (→ s. 183) czy hemofilia.

Cele terapii genowej

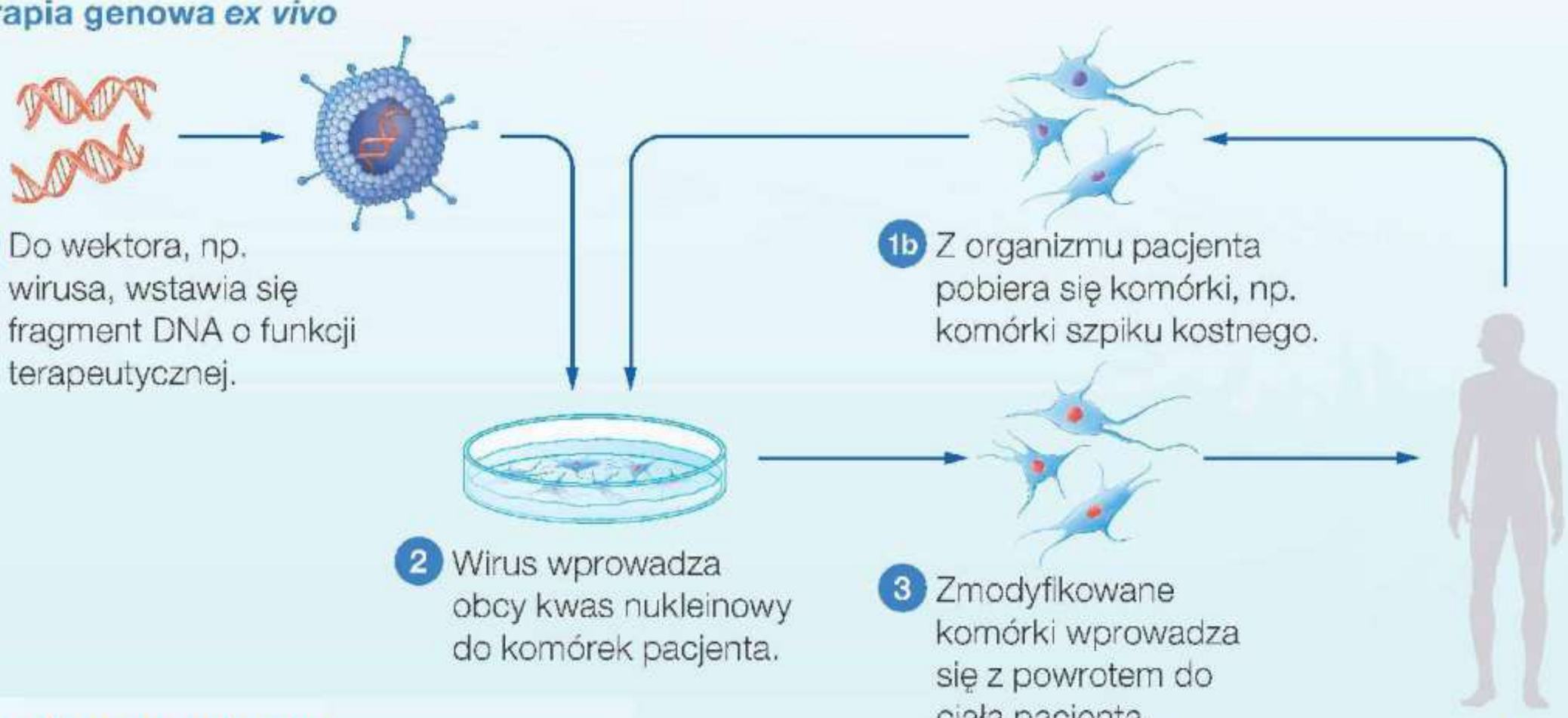
dostarczenie komórkom prawidłowej wersji genu	zastąpienie zmutowanej wersji genu prawidłową wersją	wyciszenie aktywności wadliwej wersji genu	punktowa modyfikacja genomu
Za pomocą wektora (najczęściej wirusowego) do komórek pacjenta wprowadza się dodatkową, prawidłową kopię genu.	Z DNA pacjenta wycina się wadliwy gen, a w to samo miejsce wstawia się prawidłową kopię tego genu.	Do komórek pacjenta wprowadza się krótkie cząsteczki RNA, które wiążą się z mRNA i blokują jego translację lub powodują jego degradację.	W komórkach pacjenta nukleazy przecinają DNA w ściśle określonym miejscu, co umożliwia wprowadzenie, usunięcie lub naprawę fragmentu sekwencji.

Rodzaje terapii genowej

W zależności od sposobu wprowadzenia materiału genetycznego do organizmu pacjenta wyróżnia się:

- **terapię genową *ex vivo*** (poza ciałem pacjenta), polegającą na pobraniu komórek pacjenta, modyfikacji ich materiału genetycznego, a następnie ponownym wprowadzeniu ich do organizmu,
- **terapię genową *in vivo*** (wewnątrz ciała pacjenta), polegającą na bezpośrednim wprowadzeniu materiału genetycznego do organizmu pacjenta – najczęściej za pomocą wektora wirusowego.

Terapia genowa *ex vivo*



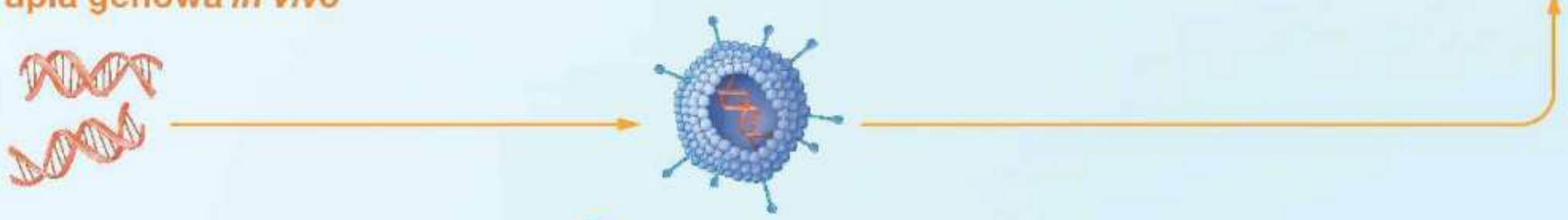
1a Do wektora, np. wirusa, wstawia się fragment DNA o funkcji terapeutycznej.

1b Z organizmu pacjenta pobiera się komórki, np. komórki szpiku kostnego.

2 Wirus wprowadza obcy kwas nukleinowy do komórek pacjenta.

3 Zmodyfikowane komórki wprowadza się z powrotem do ciała pacjenta.

Terapia genowa *in vivo*

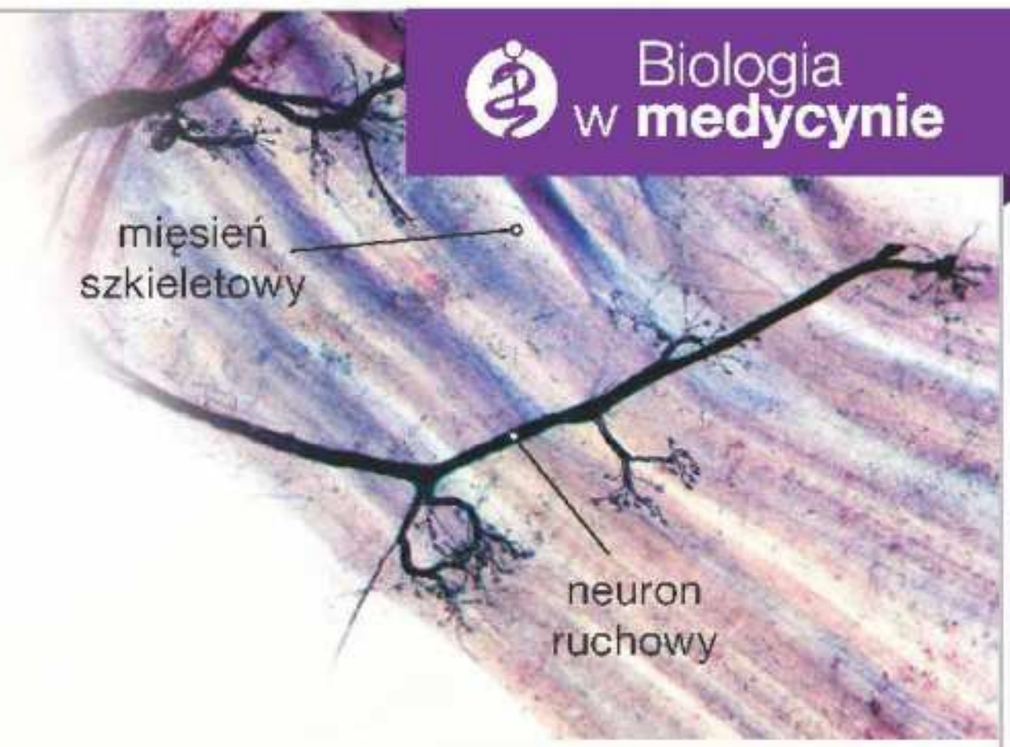


1 Do wektora, np. wirusa, wstawia się fragment DNA o funkcji terapeutycznej.

2 Wirus z właściwym fragmentem kwasu nukleinowego jest wprowadzany do ciała pacjenta, gdzie infekuje jego komórki.

Biologia w **medycynie**

Leczenie rdzeniowego zaniku mięśni terapią genową



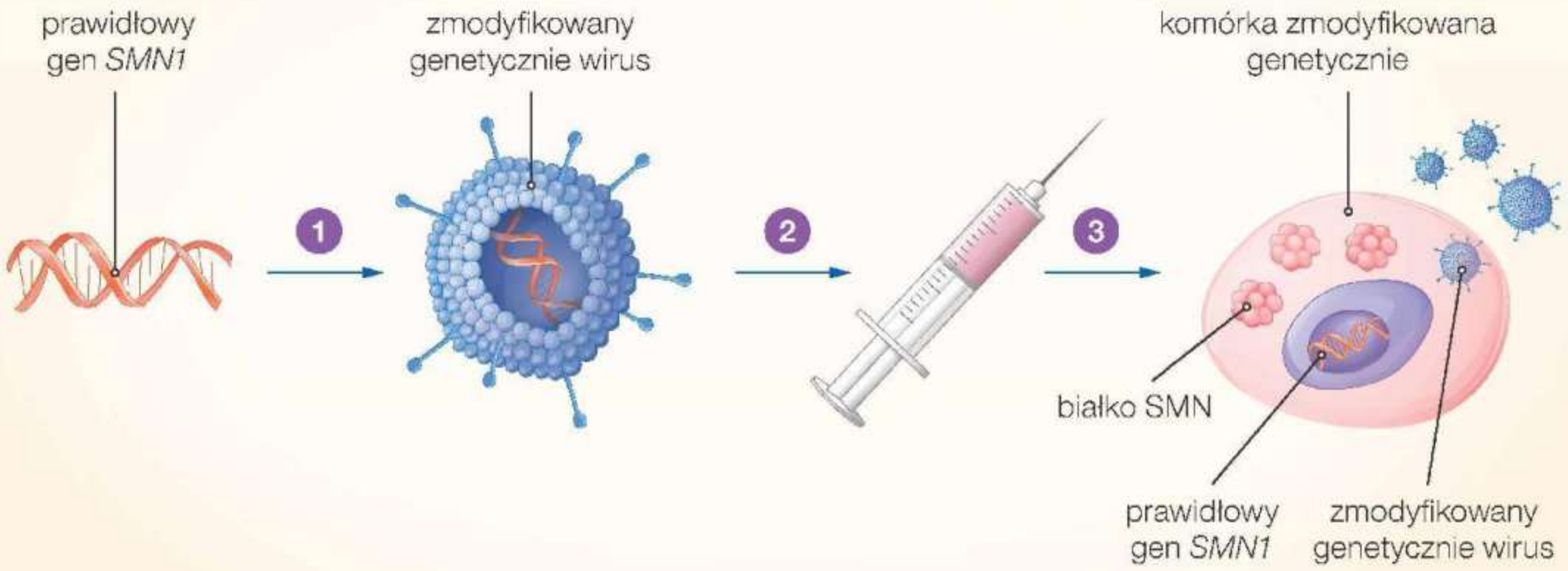
Rdzeniowy zanik mięśni (SMA) to choroba genetyczna, której przyczyną jest mutacja w genie *SMN1*. Mutacja uniemożliwia produkcję białka SMN, które jest niezbędne do właściwego funkcjonowania neuronów rdzeniowych, odpowiedzialnych za ruch mięśni szkieletowych. Niedobór ten prowadzi do obumierania neuronów, a w konsekwencji – do braku pobudzania mięśni ze strony układu nerwowego. W ten sposób dochodzi do stopniowego zaniku mięśni szkieletowych, co może prowadzić do śmierci.

Rdzeniowy zanik mięśni jest dziedziczony autosomalnie recesywnie – choroba występuje, gdy dziecko odziedziczy wadliwy gen od obojga rodziców.

dwa zmutowane allele genu *SMN1* → niedobór białka SMN → obumieranie neuronów → obumieranie mięśni szkieletowych

Terapia genowa rdzeniowego zaniku mięśni

Terapia genowa rdzeniowego zaniku mięśni polega na wprowadzeniu do komórek prawidłowo funkcjonującej wersji uszkodzonego genu *SMN1* za pośrednictwem zmodyfikowanego genetycznie wirusa. Dzięki temu komórki pacjenta produkują białko SMN, a neurony funkcjonują normalnie. Wcześnie zastosowana terapia genowa w połączeniu z fizjoterapią pozwala chorym na powrót do zdrowia.



1. Do genomu wirusa wstawia się prawidłową wersję genu *SMN1*.
2. Zmodyfikowanego genetycznie wirusa wprowadza się do organizmu pacjenta.
3. Za pośrednictwem wirusa prawidłowa wersja genu *SMN1* jest wprowadzana do jądra komórkowego. Dzięki temu w komórce może zachodzić produkcja białka SMN.

Biotechnologia molekularna w medycynie sądowej

Osiągnięcia biotechnologii molekularnej wykorzystuje się w medycynie sądowej, m.in. do identyfikacji osób. W tym celu tworzy się **profil genetyczny**, czyli zestaw określonych *loci* DNA, których długość jest unikalna dla każdej osoby. Najczęściej analizuje się fragmenty **DNA niekodującego** (DNA pozagenowego), zwłaszcza **sekwencje mikrosatelitarne**, zwane krótkimi powtórzeniami tandemowymi (STR, ang. *short tandem repeats*). Są to odcinki DNA o długości 1–6 nukleotydów, powtarzające się w genomie wielokrotnie (zwykle 5–50 razy). Liczba tych powtórzeń różni się u poszczególnych osób, dzięki czemu analiza od kilkunastu do kilkudziesięciu *loci* STR pozwala uzyskać profil jednoznacznie identyfikujący daną osobę.

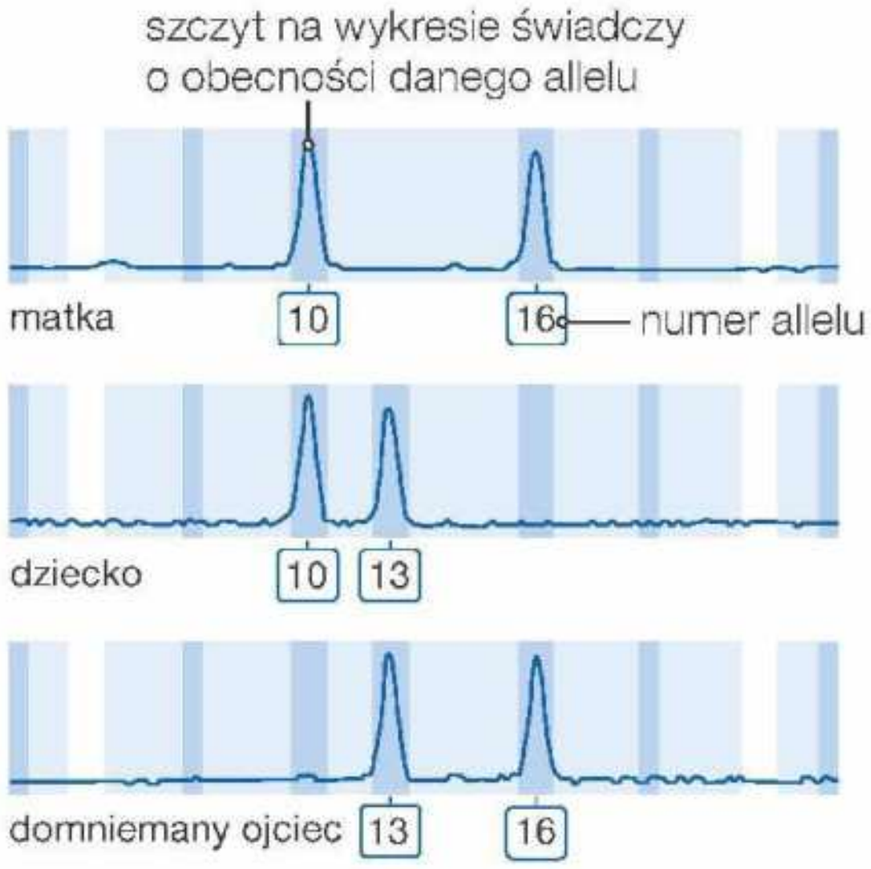
W celu stworzenia profilu genetycznego przeprowadza się PCR z zastosowaniem starterów komplementarnych do początku i końca wybranych sekwencji mikrosatelitarnych. Następnie za pomocą elektroforezy DNA rozdziela się powstałe produkty PCR, a otrzymany wynik się analizuje. W wyniku analizy otrzymuje się unikalny wzór prążków, pozwalający na odróżnienie DNA danej osoby od DNA innych osób. Wiarygodność badań DNA jest wysoka – w przypadku porównywania 13 sekwencji STR prawdopodobieństwo, że dwie osoby będą miały identyczny profil DNA, wynosi mniej niż 1 na 10 mld.

Profile genetyczne wykorzystuje się głównie:

- **w kryminalistyce** – do porównywania próbek biologicznych z miejsca przestępstwa z próbkami podejrzanych. Współcześnie wiele krajów tworzy bazy profili genetycznych otrzymanych za pomocą badania tych samych sekwencji mikrosatelitarnych. Dzięki temu poszukiwanie sprawców przestępstw jest skuteczniejsze;
- **do identyfikacji ofiar katastrof i osób zaginionych** – przez porównanie ich DNA z materiałem pobranym od krewnych lub z miejsca zamieszkania;
- **do ustalania pokrewieństwa** – ponieważ DNA osób spokrewnionych zawiera podobne sekwencje STR i podobne liczby ich powtórzeń.

Ustalanie ojcostwa

Przykładem badania pokrewieństwa osób jest ustalanie lub wykluczanie ojcostwa. Badanie to polega na porównaniu profilu genetycznego dziecka z profilem genetycznym uzyskanym od matki i domniemanego ojca. Jeżeli dziecko jest potomkiem badanej kobiety i badanego mężczyzny, to w jego profilu znajdują się sekwencje DNA obecne w profilu genetycznym obojga rodziców. Jeżeli natomiast w profilu genetycznym dziecka nie występują fragmenty obecne u badanego mężczyzny, to znaczy, że nie jest on ojcem dziecka.



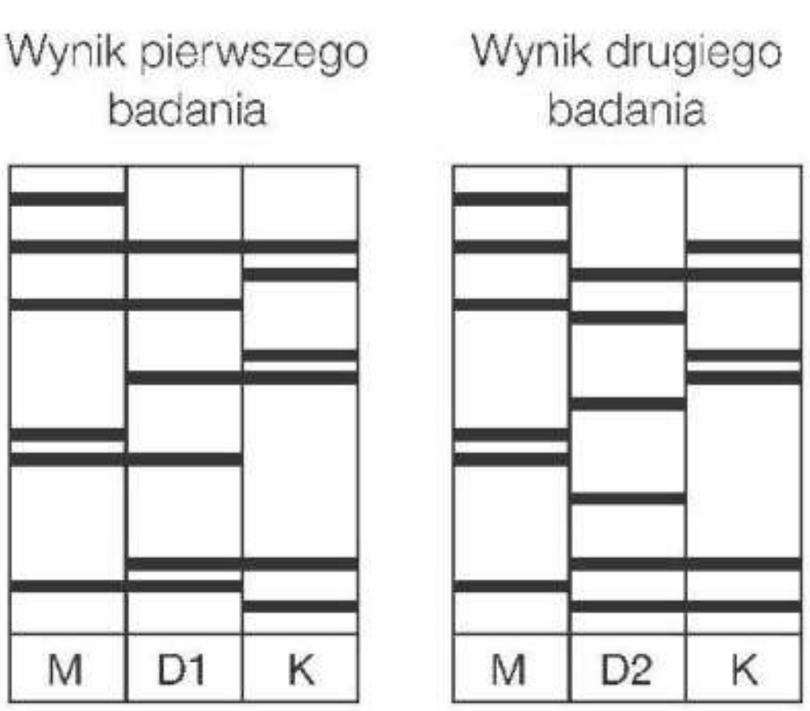
Fragment przykładowego wyniku badania na ojcostwo – przedstawia on część porównywanych sekwencji. Badanie obejmuje analizę co najmniej 15 różnych sekwencji STR. Wersje tych sekwencji nazywa się allelami (podobnie jak allele genów) i oznacza numerami, by ułatwić ich porównywanie. Na podstawie tego badania można ustalić ojcostwo z prawdopodobieństwem większym niż 99,9999%.

Samouczek

Analiza wyniku badania na ojcostwo

Przykład

Poniżej przedstawiono wyniki dwóch badań na ojcostwo. W badaniach tych analizowano materiał pobrany od jednego mężczyzny (M), jednej kobiety (K) oraz dwójki dzieci (D1 i D2).



Określ, czy na podstawie przedstawionych wyników można potwierdzić ojcostwo badanego mężczyzny. Odpowiedź uzasadnij.

Krok 1

Określ, co oznaczają widoczne na wynikach badań czarne prążki.

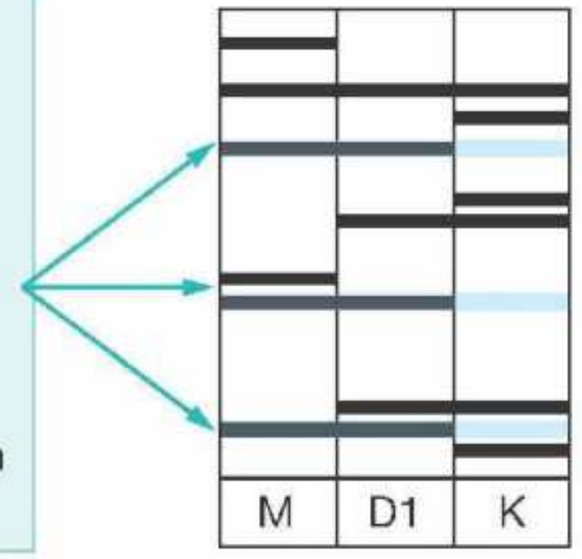
Wskazówka:

- W badaniu na ojcostwo analizuje się tzw. sekwencje STR, czyli krótkie powtórzenia tandemowe. Sekwencje te różnią się liczbą powtórzeń u różnych osób.
- Aby zbadać sekwencje STR danej osoby, stosuje się technikę PCR, która umożliwia powielenie wybranych sekwencji STR dzięki użyciu specjalnych starterów. Następnie produkty PCR rozdziela się za pomocą elektroforezy. Każdy prążek na żelu elektroforetycznym odpowiada jednej sekwencji STR, przy czym im więcej zawiera ona powtórzeń, tym dłuższy jest fragment DNA i tym wolniejsza jest jego migracja w żelu.
- Dziecko dziedziczy połowę materiału genetycznego od matki, a połowę od ojca. Oznacza to, że w profilu STR dziecka znajdują się sekwencje (allele) odziedziczone zarówno od matki, jak i od ojca.
- **Allele, które są w profilu genetycznym dziecka i których nie ma w profilu genetycznym matki, powinny występować u biologicznego ojca.**

Krok 2

Przeanalizuj wynik pierwszego badania. Sprawdź, czy wszystkie allele sekwencji STR, które są w profilu genetycznym dziecka (D1) i których nie ma w profilu genetycznym matki, są obecne w profilu genetycznym mężczyzny.

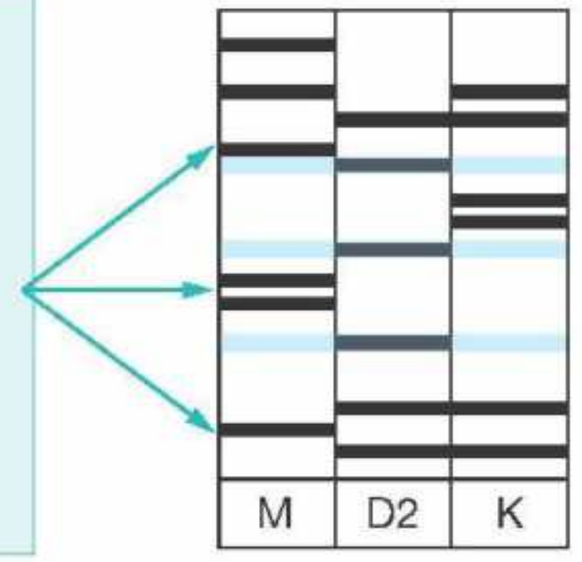
Wszystkie prążki, które są w profilu genetycznym dziecka i których nie ma w profilu genetycznym matki, znajdują się w profilu genetycznym badanego mężczyzny. **Oznacza to, że jest on ojcem tego dziecka.**



Krok 3

Przeanalizuj wynik drugiego badania.

Prążki, które są w profilu genetycznym dziecka i których nie ma w profilu genetycznym matki, nie znajdują się w profilu genetycznym badanego mężczyzny. **Nie jest on więc ojcem tego dziecka.**



Odpowiedź:

Na podstawie wyników badań można z dużym prawdopodobieństwem potwierdzić, że badany mężczyzna jest ojcem pierwszego dziecka (D1). Jest tak, ponieważ wszystkie allele sekwencji STR, które są w profilu genetycznym pierwszego dziecka i których nie ma w profilu genetycznym matki, znajdują się w profilu genetycznym badanego mężczyzny. Z kolei w profilu genetycznym drugiego dziecka (D2) są allele sekwencji STR, które nie występują ani w profilu genetycznym matki, ani w profilu genetycznym badanego mężczyzny, co wyklucza jego ojcostwo.

Biotechnologia molekularna – szanse i zagrożenia

Biotechnologia molekularna ma zarówno zwolenników, jak i przeciwników. Zwolennicy dostrzegają liczne korzyści związane z jej rozwojem, natomiast przeciwnicy obawiają się potencjalnych zagrożeń wynikających z genetycznych manipulacji organizmami.

Szanse

Rozwój medycyny

Dzięki osiągnięciom biotechnologii produkuje się wiele leków, hormonów i szczepionek. Trwają też prace nad wytwarzaniem tkanek i narządów do przeszczepów oraz zastosowaniem terapii genowych w leczeniu wielu chorób. Nowoczesna diagnostyka opiera się m.in. na sekwencjonowaniu DNA, hybrydyzacji DNA i metodzie PCR.



Laboratoryjna hodowla komórek macierzystych człowieka.

Rozwój nowoczesnego rolnictwa

Biotechnologia molekularna umożliwia tworzenie nowych odmian roślin uprawnych i ras zwierząt hodowlanych o cechach niemożliwych do uzyskania w sposób naturalny. Dzięki biotechnologii zwiększa się światowa produkcja żywności, co może ograniczyć problem niedożywienia, występujący głównie w krajach rozwijających się.



Ryż zmodyfikowany genetycznie.

Ochrona środowiska

Zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy i rośliny są wykorzystywane m.in. do oczyszczania gleby z zanieczyszczeń metalami ciężkimi oraz do wytwarzania materiałów biodegradowalnych.



Zmodyfikowany genetycznie rzodkiewnik pospolity, który kumuluje związki arsenu.

Rozwój przemysłu

Osiągnięcia biotechnologii molekularnej wykorzystuje się głównie w przemyśle farmaceutycznym i przemyśle spożywczym, a także w produkcji biopaliw. Zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy są zdolne do wytwarzania m.in. niektórych antybiotyków, słodzików, aromatów i detergentów.



Kolonie zmodyfikowanych genetycznie bakterii, zdolnych do wytwarzania paliwa (bioetanolu) z celulozy.

Możliwy negatywny wpływ na ekosystemy

Istnieje ryzyko, że organizmy wyprodukowane metodami inżynierii genetycznej mogą spowodować nieodwracalne zmiany w ekosystemach, m.in. wyprą naturalnie występujące gatunki czy doprowadzą do pojawienia się superchwastów (chwastów, które w wyniku przypadkowych mutacji uodporniły się na określone substancje aktywne, np. herbicydy).



Obawy zdrowotne i etyczne

Niewykluczone, że nowe metody leczenia człowieka, np. terapia genowa, będą powodować nieznane jeszcze skutki uboczne. Ponadto poznanie sekwencji DNA, a więc wszelkich uwarunkowań genetycznych danej osoby, rodzi obawy dotyczące dyskryminacji na tle genetycznym. Dodatkowo możliwość ingerencji w DNA komórek niesie ryzyko „tworzenia" dzieci o wybranych cechach, co jest uznawane za nieetyczne (→ s. 168).



Zagrożenia biologiczne

Łatwość wytwarzania mikroorganizmów oraz wirusów o zmienionym materiale genetycznym rodzi niebezpieczeństwo wyprodukowania broni biologicznej o nieznanych cechach, którą trudno będzie zneutralizować.



Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym różnią się szczepionki rekombinowane od szczepionek DNA.
2. Podaj i opisz dwa główne rodzaje terapii genowej.
3. Podczas ustalania profilu genetycznego z próbki krwi pobranej z miejsca przestępstwa otrzymano nietypowy wynik. W przypadku niektórych sekwencji STR wykryto bowiem cztery różne allele (prawidłowy wynik to jeden allel lub dwa allele). Wyjaśnij, co najprawdopodobniej doprowadziło do uzyskania takiego wyniku. Uzasadnij swoją odpowiedź.
4. Omów możliwe konsekwencje udostępniania, np. pracodawcom i firmom ubezpieczeniowym, informacji dotyczących ryzyka wystąpienia określonych chorób u danej osoby.

Podsumowanie

1 Definicja i podział biotechnologii

Biotechnologia – dyscyplina naukowa zajmująca się wykorzystywaniem organizmów (oraz wirusów) lub ich składników do celów praktycznych.

Biotechnologia

biotechnologia tradycyjna (klasyczna)	biotechnologia molekularna (nowoczesna)
Wykorzystuje naturalnie występujące w przyrodzie organizmy (oraz wirusy) lub produkowane przez nie substancje.	Wykorzystuje organizmy (oraz wirusy) o zmodyfikowanym materiale genetycznym.

2 Wykorzystanie metod biotechnologii tradycyjnej

Dziedziny	Przykłady zastosowań
Przemysł farmaceutyczny	Produkcja antybiotyków, m.in. penicyliny i surowic odpornościowych, np. przeciwko jadom żmij.
Rolnictwo	Produkcja szczepionek glebowych oraz szczepionek i sadzonek mikoryzowych. Wykorzystanie naturalnych pasożytów do zwalczania szkodników lub drapieżników polujących na szkodniki.
Ochrona środowiska	Kompostowanie odpadów organicznych, produkcja biogazu i stosowanie naturalnych polimerów biodegradowalnych.
Przemysł spożywczy	Produkcja m.in.: pieczywa, napojów alkoholowych, serów, jogurtów i kiszonych warzyw.

3 **Inżynieria genetyczna** – dziedzina nauki, która zajmuje się opracowywaniem technik i metod umożliwiających wprowadzanie zmian w genomach organizmów i wirusów.

4 Zastosowanie technik inżynierii genetycznej:

- badanie struktury i funkcji wielu genów,
- badanie struktury i funkcji wielu białek,
- poznawanie molekularnych mechanizmów rozwoju roślin i zwierząt,
- poznawanie molekularnych mechanizmów ewolucji organizmów,
- ulepszanie diagnostyki medycznej i weterynaryjnej,
- wprowadzanie nowoczesnych terapii wielu chorób,
- zwiększanie wydajności rolnictwa,
- doskonalenie technologii przemysłowych,
- doskonalenie technologii ochrony środowiska.

5 **Enzymy** – podstawowe narzędzia inżynierii genetycznej.

Rodzaje enzymów	Zastosowanie enzymów
Enzymy restrykcyjne	Służą do rozcinania DNA, np. chromosomów i plazmidów.
Ligazy	Łączą fragmenty DNA, np. przecięte enzymami restrykcyjnymi.
Polimerazy DNA	Służą do powielania fragmentów DNA.

6 Podstawowe techniki inżynierii genetycznej:

- analiza restrykcyjna i elektroforeza DNA – trawienie DNA wybranymi enzymami restrykcyjnymi, a następnie porównywanie liczby i długości powstałych fragmentów za pomocą elektroforezy (rozdziału fragmentów DNA pod wpływem działania pola elektrycznego),
- hybrydyzacja DNA – łączenie komplementarnych nici kwasów nukleinowych, np. chromosomu lub jego fragmentu z sondą molekularną,
- łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR) – kopiowanie cząsteczek DNA lub ich fragmentów *in vitro*,
- sekwencjonowanie DNA – ustalanie kolejności poszczególnych nukleotydów w cząsteczkach DNA,
- klonowanie DNA – powielanie cząsteczek DNA lub ich fragmentów w komórkach.

7 Etapy klonowania DNA

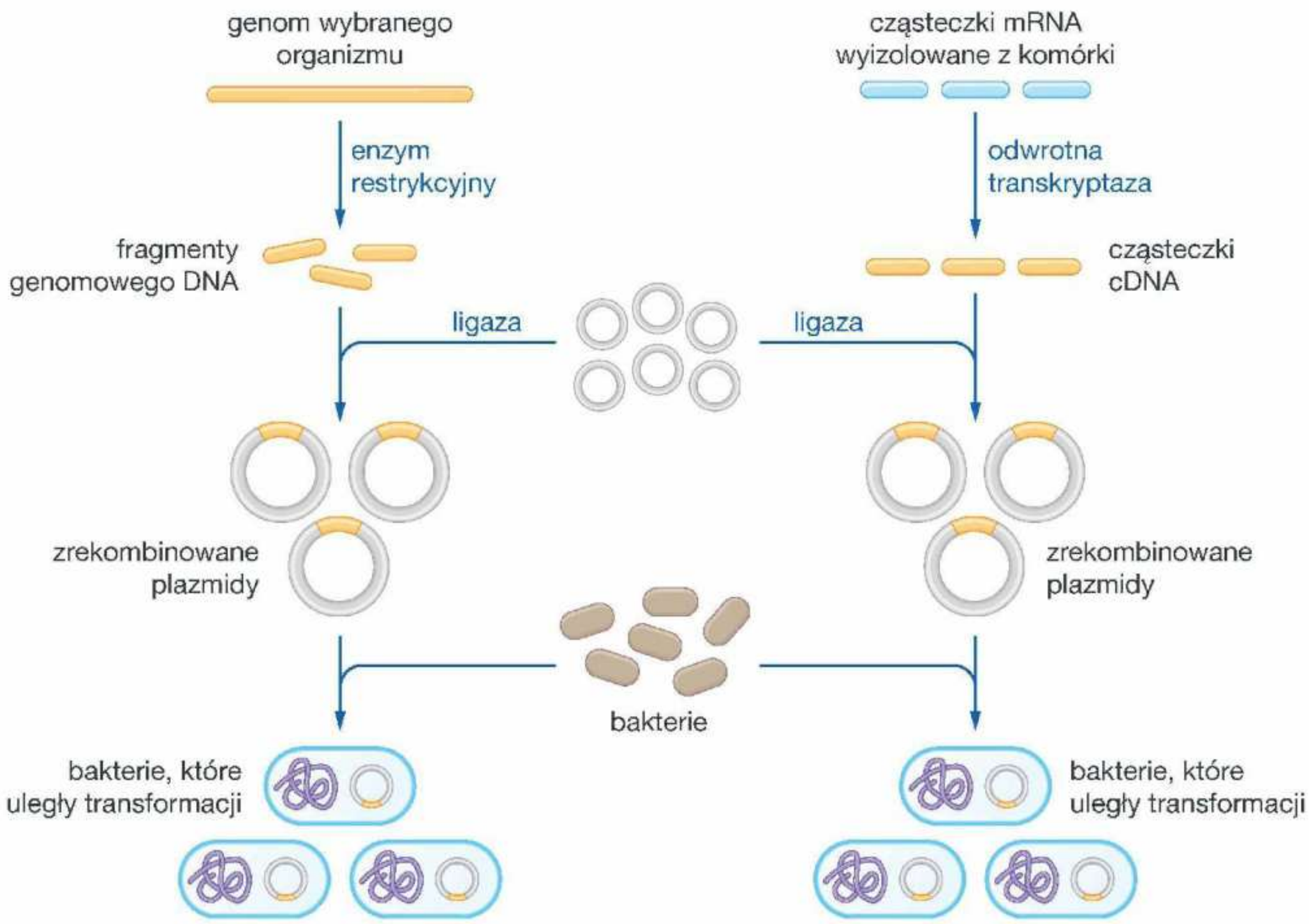
1. Wstawienie cząsteczki DNA lub jej fragmentu do przenośnika – wektora. W ten sposób powstaje zrekombinowany DNA.
2. Wprowadzenie wektora ze wstawionym DNA do wybranej komórki w procesie zwanym transformacją genetyczną. Wewnątrz komórki wektor ulega replikacji, co prowadzi do powielania wstawionego fragmentu DNA.

8 Porównanie bibliotek genomowych z bibliotekami cDNA

Biblioteki genomowe służą do długotrwałego przechowywania kompletnych genomów organizmów w komórkach bakterii.

Biblioteki cDNA to zbiory sekwencji kodujących wybranego genomu. Są one przechowywane w komórkach bakterii.

9 Tworzenie bibliotek genomowych i bibliotek cDNA



10 Transformacja genetyczna – proces wprowadzenia obcego DNA do komórki.

Metody transformacji genetycznej	
metody pośrednie	**metody bezpośrednie**
Opierają się na użyciu wektorów, którymi są zmodyfikowane wirusy lub bakterie, naturalnie wbudowujące swoje geny w genom gospodarza podczas zakażenia.	Polegają na wykorzystaniu np. środków chemicznych zwiększających przepuszczalność błony komórkowej. Do metod tych należą także bezpośrednie ingerencje w komórki gospodarza w celu dostarczenia DNA, np. z wykorzystaniem impulsu elektrycznego.

11 GMO – organizm, którego materiał genetyczny został zmieniony za pomocą technik inżynierii genetycznej.

12 Klonowanie organizmów – proces, który prowadzi do uzyskania organizmów identycznych genetycznie.

13 Etapy klonowania metodą transplantacji jąder komórkowych



14 Komórki macierzyste – komórki, które mogą się dzielić i różnicować w inne typy komórek. Wykorzystuje się je m.in. do przeszczepów skóry i leczenia chorób, np. białaczek.

15 Terapia genowa – metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych do komórek ciała pacjenta w celu uzyskania określonego efektu terapeutycznego. Terapię genową stosuje się m.in. w przypadku niektórych chorób genetycznych jednogenowych.

16 Potencjalne korzyści i zagrożenia związane ze stosowaniem metod biotechnologii molekularnej

Korzyści	Zagrożenia
• rozwój rolnictwa, np. przez tworzenie korzystnych dla człowieka nowych ras zwierząt i odmian roślin • walka z niedożywieniem, np. przez tworzenie żywności wzbogaconej w witaminy • rozwój medycyny, np. przez opracowywanie nowych metod diagnozowania i leczenia chorób (terapia genowa, wykorzystanie komórek macierzystych) • produkcja żywności, np. serów, aromatów oczyszczanie środowiska	• możliwy negatywny wpływ na naturalne ekosystemy, np. wskutek rozprzestrzeniania się roślin GMO i stosowania dużej ilości chemicznych środków ochrony roślin • możliwy negatywny wpływ żywności GMO na zdrowie człowieka • możliwe dyskryminacja na tle genetycznym i nieetyczne wykorzystywanie technik biotechnologii molekularnej • możliwe wykorzystywanie technik biotechnologii molekularnej do wytwarzania broni biologicznej

Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Jednym ze sposobów wykorzystania biotechnologii w przemyśle farmaceutycznym jest produkcja surowic odpornościowych. Przykładem takiej surowicy jest preparat podawany osobom ukąszonym przez żmiję. Aby go wyprodukować, należy wprowadzić pobrany od żmii jad do organizmu innego zwierzęcia, np. konia. Układ odpornościowy konia w odpowiedzi na toksynę zacznie wytwarzać odpowiednie przeciwciała. Po określonym czasie od konia pobiera się krew, z której oddziela się surowicę bogatą w przeciwciała. Następnie przygotowuje się gotowy do podania preparat.

a) Określ, czy produkcja preparatu podawanego osobom ukąszonym przez żmiję wykorzystuje metody biotechnologii tradycyjnej czy metody biotechnologii molekularnej. Odpowiedź uzasadnij.

Zwróć uwagę na opis produkcji preparatu podawanego po ukąszeniu żmii. Czy w produkcji tej wykorzystuje się organizmy naturalnie występujące w przyrodzie czy na którymś etapie produkcji dochodzi do modyfikacji genetycznej organizmów?

Rozwiązanie:

Produkcja preparatu podawanego osobom ukąszonym przez żmiję to przykład metody stosowanej przez biotechnologię tradycyjną – wykorzystuje się w niej naturalnie występujace w przyrodzie organizmy i produkowane przez nie substancje.

a) Wybierz typ odporności, którą uzyskuje się w wyniku podania surowicy odpornościowej. Odpowiedź uzasadnij.

A. Odporność czynna naturalna.
B. Odporność czynna sztuczna.
C. Odporność bierna naturalna.
D. Odporność bierna sztuczna.

Odporność czynna polega na tym, że organizm sam wytwarza przeciwciała na skutek kontaktu z antygenem, a odporność bierna – na tym, że organizm otrzymuje przeciwciała wytworzone przez inny organizm. Odporność naturalną nabywa się po przebyciu choroby lub dzięki otrzymaniu przeciwciał od matki. Z kolei odporność sztuczna jest efektem podania odpowiedniego preparatu. Zastanów się, który typ odporności odpowiada opisowi produkcji surowicy odpornościowej.

Rozwiązanie:

Poprawna jest odpowiedź D, ponieważ odporność została uzyskana w wyniku podania surowicy odpornościowej zawierającej gotowe przeciwciała.

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 W 1982 r. zatwierdzono stosowanie u ludzi insuliny, która została stworzona dzięki metodom biotechnologicznym. Hormon ten jest produkowany przez bakterie E. coli, którym wstrzykuje się plazmid kodujący gen ludzkiej insuliny. Insulina syntetyzowana przez bakterie jest identyczna z insuliną produkowaną przez ludzką trzustkę.

a) Określ, czy produkcja insuliny ludzkiej wykorzystuje metody biotechnologii tradycyjnej czy metody biotechnologii molekularnej. Odpowiedź uzasadnij.

b) Wybierz poprawny opis działania insuliny ludzkiej. Odpowiedź uzasadnij.

A. Insulina ludzka łączy się z receptorami na powierzchni komórek docelowych. W komórkach docelowych stymuluje ona procesy kataboliczne.

B. Insulina ludzka łączy się z receptorami na powierzchni komórek docelowych. W komórkach docelowych stymuluje ona procesy anaboliczne.

C. Insulina ludzka łączy się z receptorami we wnętrzu komórek docelowych. W komórkach docelowych stymuluje ona procesy kataboliczne.

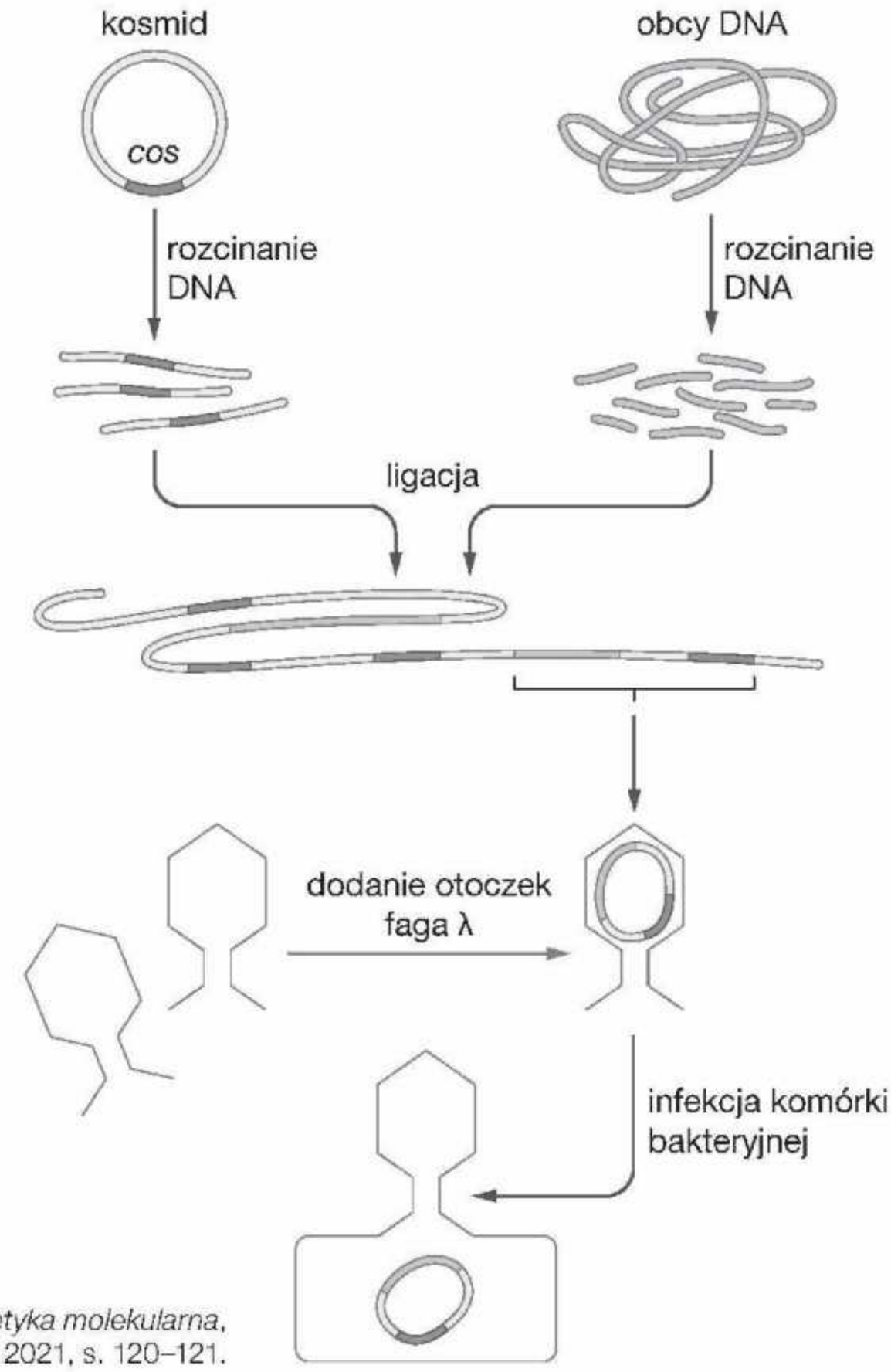
D. Insulina ludzka łączy się z receptorami we wnętrzu komórek docelowych. W komórkach docelowych stymuluje ona procesy anaboliczne.

Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Kosmidy to plazmidy zawierające sekwencję *cos* pochodzącą z bakteriofaga λ. Dzięki metodom inżynierii genetycznej do kosmidów można wprowadzić obcy DNA, zawierający np. gen określonego białka. Obecność sekwencji *cos* umożliwia zapakowanie zmodyfikowanych kosmidów w otoczki białkowe bakteriofaga. Następnie zmodyfikowane bakteriofagi infekują komórki bakterii *E. coli*. Zainfekowane komórki bakteryjne powielają wprowadzony kosmid w taki sam sposób, w jaki replikuje się DNA plazmidów.

Schemat przedstawia klonowanie dużych fragmentów DNA za pomocą kosmidów.



Na podstawie: *Genetyka molekularna*, red. P. Węgleński, Warszawa 2021, s. 120–121.

a) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące klonowania DNA za pomocą kosmidów są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

1.	Klonowanie DNA z udziałem kosmidów to przykład bezpośredniej metody transformacji genetycznej.	P	F
2.	W efekcie klonowania DNA z udziałem kosmidów powstają bakterie, które są organizmami zmodyfikowanymi genetycznie.	P	F

b) Wyjaśnij, w jaki sposób z kosmidu i obcego DNA powstają cząsteczki, w których obcy DNA jest przemieszany z odcinkami DNA zawierającymi sekwencję *cos*. W odpowiedzi uwzględnij nazwy enzymów biorących udział w tym procesie.

c) Wymień przykłady dwóch wektorów, innych niż kosmidy, stosowanych w biotechnologii.

d) Rozstrzygnij, czy DNA komórek prokariotycznych ma taką samą strukturę jak DNA komórek eukariotycznych. Odpowiedź uzasadnij.

2 W Europie od dłuższego czasu obserwuje się zjawisko zamierania dębów szypułkowych. Dotyczy ono także drzew pomnikowych w Polsce, które liczą kilkaset lat. Z tego powodu kluczowe stało się zachowanie zasobów genowych tych drzew, m.in. z powodu kształtowanej przez stulecia odporności na zmieniające się czynniki środowiska. Standardowe rozmnażanie wegetatywne bardzo starych dębów jest niemożliwe, dlatego przeprowadzono badania, w których 21 dębów pomnikowych z terenu Polski, w wieku 300–800 lat, przetestowano pod kątem możliwości klonowania z wykorzystaniem metody mikrorozmnażania. Zastosowana metoda pozwoliła rozmnożyć, tzn. uzyskać kompletną sadzonkę z pędem i korzeniem, 8 z 21 testowanych dębów pomnikowych. Wśród skutecznie rozmnożonych dębów znalazły się osobniki zarówno najmłodsze, jak i najstarsze. Do sklonowanych dębów należały m.in. dąb Rus z Rogalina, liczący ok. 800 lat, oraz Dąb Wybickiego z Będomina, mający ok. 400 lat.

Na podstawie: S. Kotlarski, M. Michalak, P. Chmielarz, *Klonowanie najstarszych dębów pomnikowych rosnących w Polsce z wykorzystaniem metody* in vitro, „Rocznik Polskiego Towarzystwa Dendrologicznego" 2019, 67, s. 53–60.

a) Oceń, czy poniższe hipotezy badawcze zostały potwierdzone wynikami przedstawionych badań. Wybierz T (tak), jeśli hipoteza została potwierdzona, albo N (nie) – jeśli nie została potwierdzona.

1.	Wszystkie wiekowe dęby pomnikowe można sklonować z wykorzystaniem metody mikrorozmnażania.	T	N
2.	Uzyskanie kompletnej sadzonki dębu pomnikowego (z pędem i korzeniem) w hodowli *in vitro* zależy głównie od wieku drzewa macierzystego.	T	N
3.	Zjawisko zamierania dębów szypułkowych jest spowodowane chorobą wirusową.	T	N

b) Wyjaśnij, na czym polega klonowanie roślin przez mikrorozmnażanie.

c) Zaznacz poprawne dokończenie zdania.

Naturalne klony organizmów nie powstają

A. w wyniku pączkowania.

B. z nasion wytworzonych w wyniku samozapłodnienia.

C. z cebul wytworzonych przez roślinę macierzystą.

D. w wyniku poliembrionii.

3 W inżynierii genetycznej wykorzystuje się enzymy restrykcyjne, które naturalnie występują w komórkach bakterii. Enzymy te chronią bakterie przed wirusami, gdyż niszczą ich materiał genetyczny. Jednym z enzymów restrykcyjnych jest *Hha*I, który rozpoznaje sekwencję 5′-GTTAAC-3′ i rozcina ją między T a A. Działaniu tego enzymu poddano odcinek DNA o długości 36 pz, składający się z nukleotydów o następującej sekwencji:

5′-GACGTTAAGGTTAACTCGACTTGGAGTTAACTAGCT-3′

3′-CTGCAATTCCAATTGAGCTGAACCTCAATTGATCGA-5′

a) Określ liczbę fragmentów, które powstaną, gdy podany odcinek DNA zostanie przecięty przez enzym *Hha*I.

b) Określ, czy w wyniku działania enzymu *Hha*I powstaną lepkie końce czy tępe końce. Odpowiedź uzasadnij.

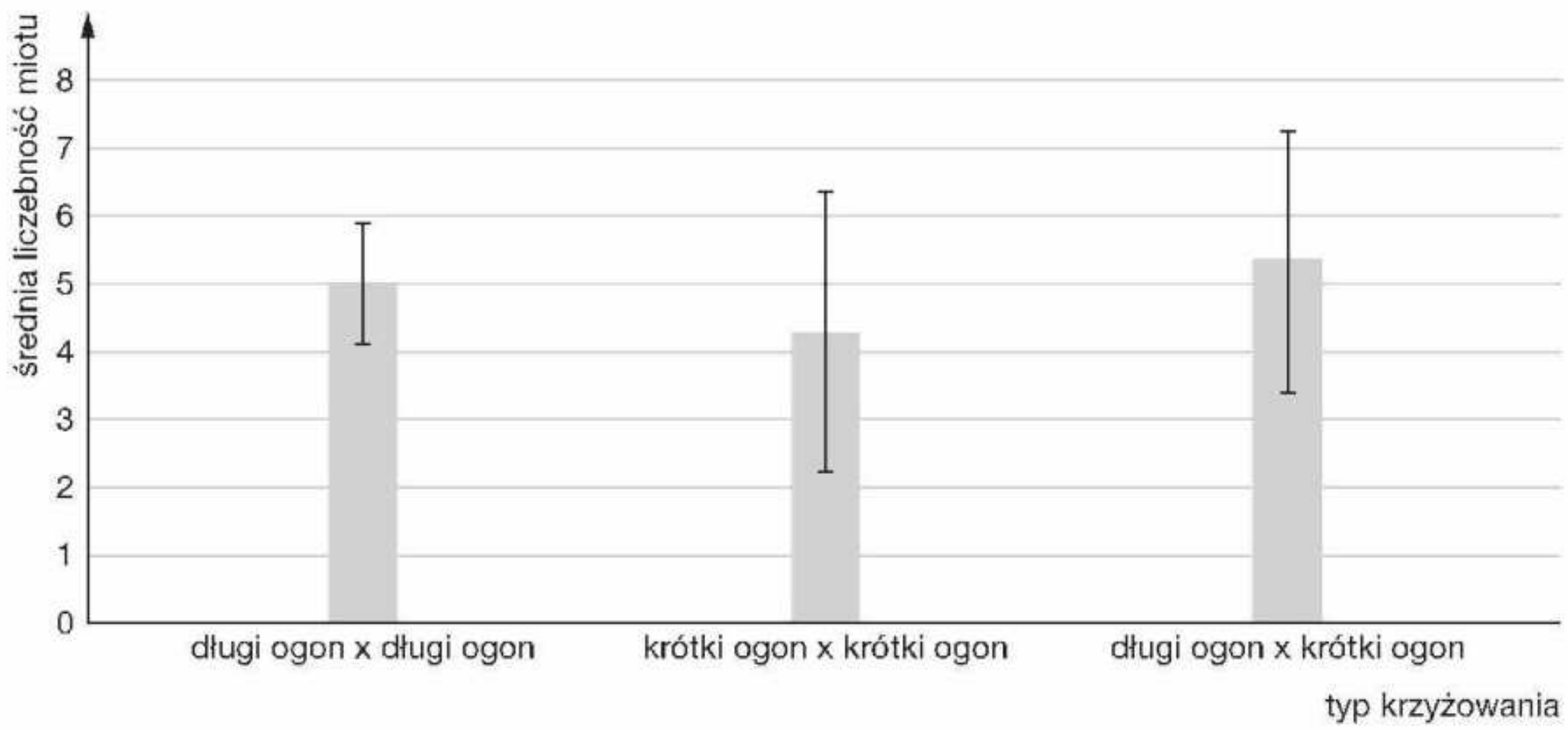
c) Uzupełnij poniższe zdania tak, aby stanowiły poprawny opis łączenia fragmentów DNA przeciętych enzymami restrykcyjnymi. W każdym nawiasie podkreśl właściwe określenie.

Enzymy używane w inżynierii genetycznej do łączenia fragmentów DNA przeciętych enzymami restrykcyjnymi to (*ligazy / polimerazy*). Powodują one wytwarzanie wiązań (*wodorowych / fosfodiestrowych*) między (*nukleotydami / komplementarnymi parami zasad*). Reakcja łączenia fragmentów DNA ma charakter (*anaboliczny / kataboliczny*).

4 Polski owczarek nizinny to rasa psa, której przedstawiciele mają ogon naturalnie długi, ogon naturalnie krótki lub w ogóle nie mają ogona. Naturalnie krótki ogon bądź jego brak jest cechą dominującą, za którą odpowiada mutacja w genie *T*. Allel dominujący genu *T* w układzie homozygotycznym wywołuje efekt letalny.

W genie *T* występuje jedno miejsce restrykcyjne dla enzymu *Bst*EII. Wspomniana mutacja powoduje powstanie dodatkowego miejsca restrykcyjnego w genie *T* dla tego enzymu.

Przeprowadzono badania mające na celu analizę wyników krzyżowania nosicieli mutacji w genie *T*. Wyniki tej analizy przedstawiono na poniższym wykresie. Zaznaczone słupki błędów wskazują odchylenie standardowe.



Na podstawie: J. Gruszczyńska, A. Haska, B. Grzegrzółka, *Identyfikacja mutacji C295G genu* T *u psów rasy polski owczarek nizinny*, „Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego" 2013, 9 (4), s. 9–16.

a) Określ, które metody biotechnologii molekularnej można wykorzystać, aby stwierdzić, że pobrana próbka materiału genetycznego pochodzi bądź nie pochodzi od nosiciela mutacji w genie T. W odpowiedzi uwzględnij wyniki oczekiwane w przypadku DNA osobnika będącego nosicielem mutacji w genie *T* oraz osobnika, który nie jest nosicielem tej mutacji.

b) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące przedstawionych wyników badań są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

1.	Odchylenia standardowe od wyników średniej liczebności miotu zazębiają się we wszystkich próbach, w związku z czym można stwierdzić, że nie występują znaczące różnice między poszczególnymi rodzajami krzyżowania.	P	F
2.	Najniższą średnią liczebność miotu odnotowano w wyniku krzyżowania dwóch homozygot recesywnych pod względem długości ogona.	P	F
3.	W przypadku krzyżowania dwóch heterozygot pod względem długości ogona liczebność miotu we wszystkich próbach była najbardziej zbliżona do wartości średniej.	P	F

c) Wykonaj krzyżówkę genetyczną i na jej podstawie określ fenotypy potomstwa pary heterozygotycznych pod względem długości ogona polskich owczarków nizinnych. Podaj, w jakim stosunku występują fenotypy potomstwa.

5. Ewolucja organizmów

Fot. Skamieniałości trylobitów.

5.1. Dowody ewolucji

Ważne w tym temacie!

- bezpośrednie i pośrednie dowody ewolucji
- porównanie konwergencji z dywergencją
- określanie pokrewieństwa gatunków na podstawie drzewa filogenetycznego

Ewolucja biologiczna to proces stopniowych i nieodwracalnych przekształceń organizmów. Zachodzi on od początków życia na Ziemi i prowadzi do powstawania nowych gatunków, lepiej przystosowanych do środowiska.

Ewolucja biologiczna dotyczy wyłącznie organizmów, ponieważ tylko one spełniają konieczne do jej zachodzenia warunki. Są to:

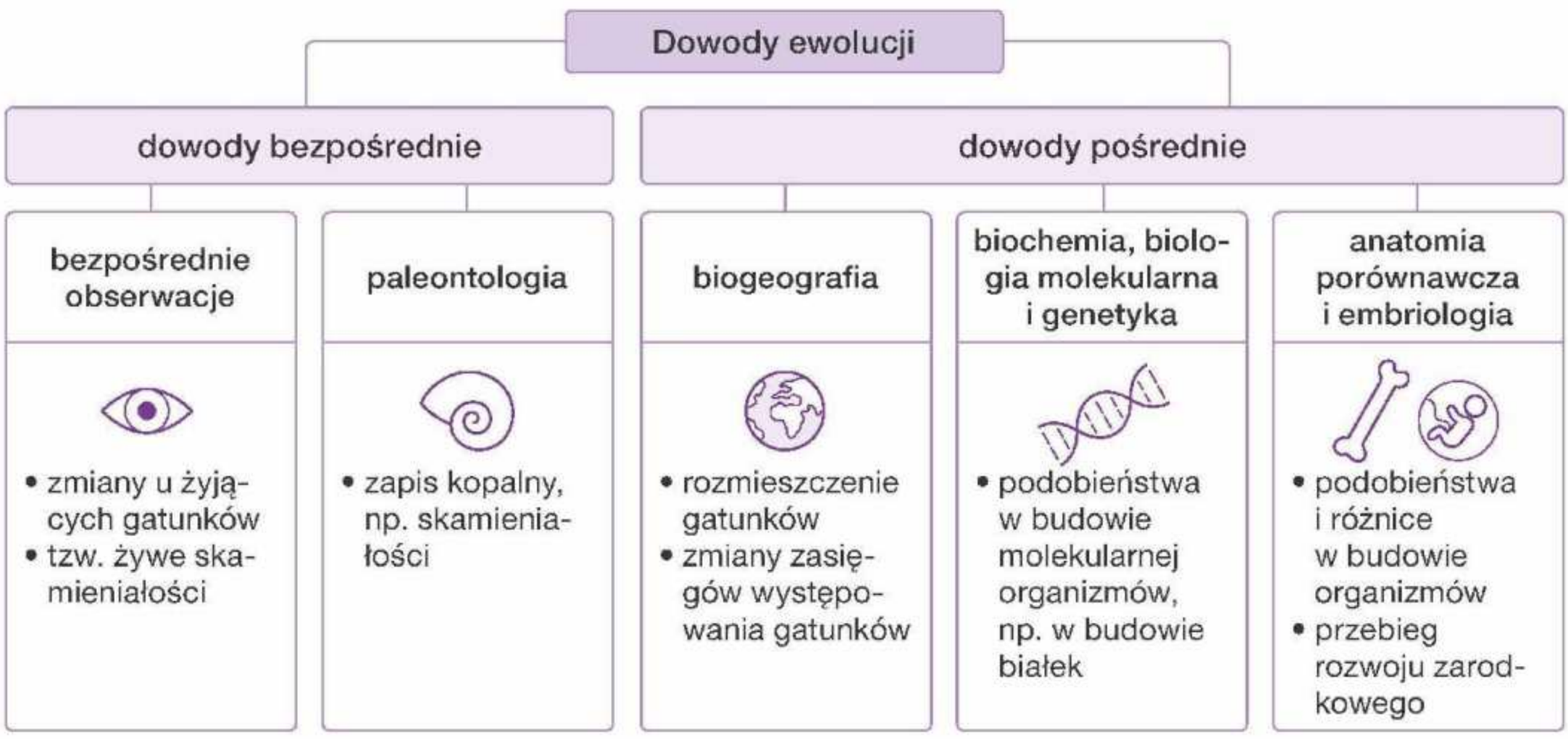
- rozmnażanie się, czyli wytwarzanie organizmów potomnych,
- dziedziczenie przez potomstwo cech organizmów rodzicielskich (lub jednego organizmu rodzicielskiego), ale nigdy ze stuprocentową dokładnością,
- selekcja potomstwa wynikająca m.in. z ograniczonych zasobów środowiska oraz konkurencji wewnątrzgatunkowej i międzygatunkowej.

Ewolucja biologiczna nie dotyczy cech pojedynczego organizmu rozwijających się w ciągu jego życia, lecz obejmuje zmiany obserwowane w kolejnych pokoleniach populacji osobników lub całego gatunku. Badaniem mechanizmów ewolucji zajmuje się **ewolucjonizm**.

Ewolucja jako teoria naukowa

Twórcą teorii ewolucji jest Charles [wym. czarls] Darwin, dziewiętnastowieczny angielski przyrodnik. W 1859 r. opublikował on pracę zatytułowaną *O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego, czyli o utrzymaniu się doskonalszych ras w walce o byt*, w której przedstawił dowody na zachodzenie ewolucji.

Teoria ewolucji jest **teorią naukową**. Oznacza to, że nie jest ona przypuszczeniem, opinią czy spekulacją, lecz dobrze udokumentowanym systemem pojęć i twierdzeń, wyjaśniającym powstawanie zmian w budowie oraz funkcjonowaniu organizmów. Potwierdzają ją liczne badania naukowe i jest powszechnie przyjęta w środowisku naukowym. Współcześnie dowody ewolucji dzieli się na **dowody bezpośrednie** i **dowody pośrednie**.



Bezpośrednie dowody ewolucji

Do dowodów bezpośrednio świadczących o ewolucji należą:

- **obserwacje** zmian zachodzących u współcześnie żyjących organizmów, pozwalające na badanie mechanizmów ewolucji,
- **dane paleontologiczne**, które wskazują na kolejność pojawiania się poszczególnych form organizmów na Ziemi i pozwalają śledzić drogi ewolucji,
- **relikty filogenetyczne**, dzięki którym można uzyskać wiedzę o trybie życia dawnych organizmów.

Bezpośrednie obserwacje

Zmiany ewolucyjne zachodzą najczęściej bardzo wolno, dlatego trudno je zaobserwować. Można je jednak prześledzić m.in. w przypadku bakterii oraz niektórych owadów. Mają one bowiem krótki cykl życiowy, co pozwala ustalić, jakie zmiany zaszły w kolejnych pokoleniach. Właśnie dlatego organizmy te są wykorzystywane w badaniach dotyczących mechanizmów ewolucyjnych. Przykładami są m.in. badania dotyczące nabywania odporności na środki owadobójcze przez owady oraz nabywania antybiotykooporności przez bakterie.

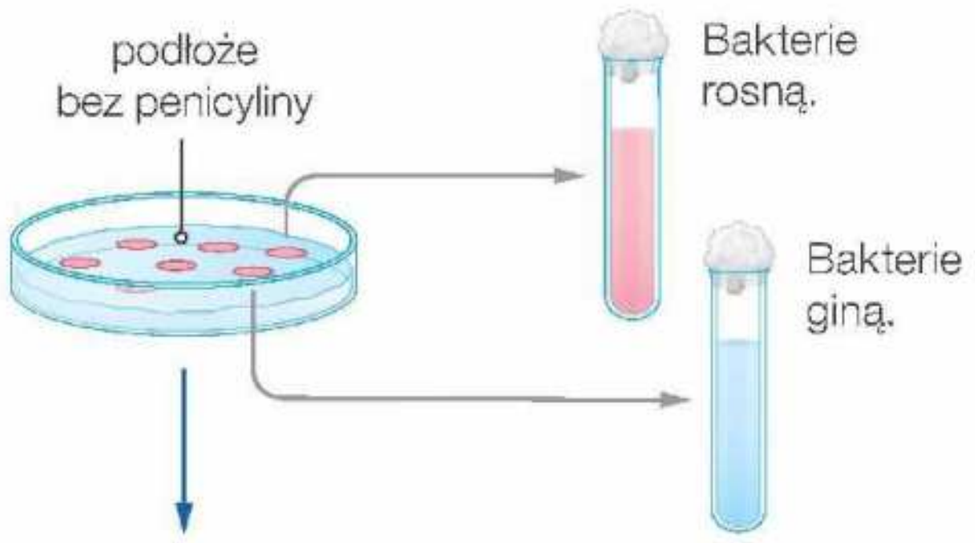
Dowiedz się więcej

Antybiotykooporność u bakterii

Przykładem badań, które pomogły wyjaśnić mechanizmy ewolucyjne, jest eksperyment przeprowadzony w 1952 r. przez naukowców z USA – Joshuę i Esther Lederbergów [wym. dżoszuę i ester lederbergów]. Wykazali oni, że mutacje odpowiedzialne za antybiotykooporność pojawiają się spontanicznie, a nie wskutek działania antybiotyku. Warto jednak pamiętać, że nadmierne stosowanie antybiotyków zwiększa częstość występowania antybiotykooporności w populacjach bakterii.

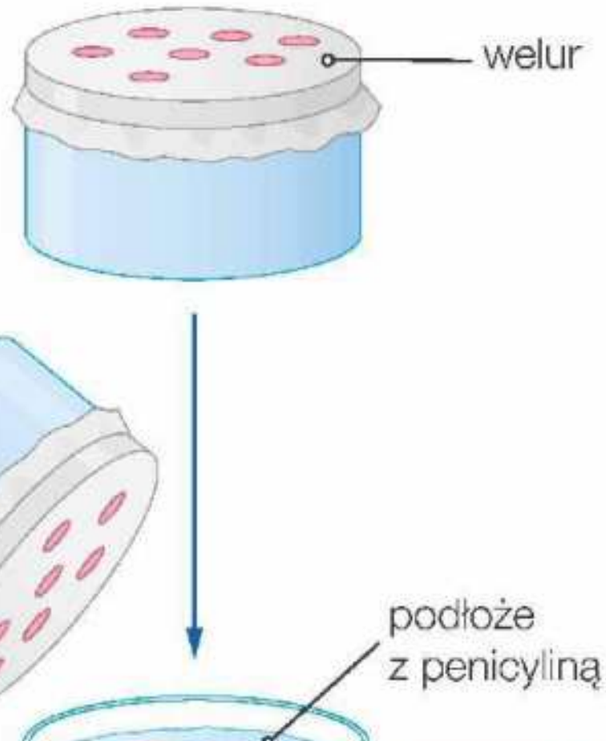
Przebieg doświadczenia

1 Naukowcy hodowali kolonie bakterii *E. coli* na podłożu bez antybiotyku (penicyliny).

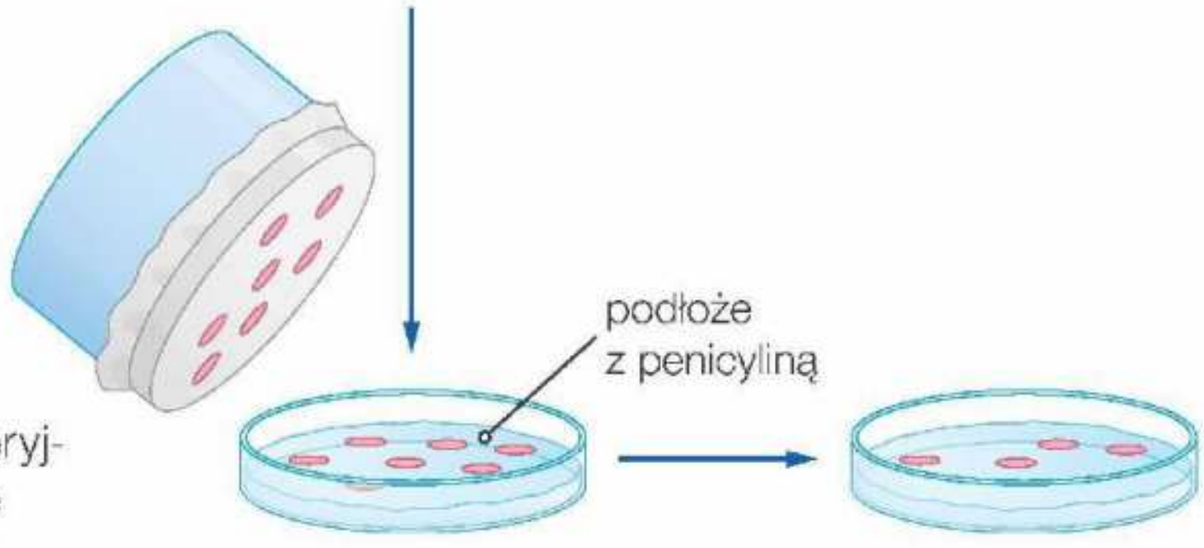


2 Po przetestowaniu wszystkich kolonii wyjściowych okazało się, że niektóre kolonie wykazują oporność na penicylinę.

3 Odcisk kolonii bakteryjnych przenosi się na stempel pokryty welurem.



4 Odcisk kolonii bakteryjnych przenosi się ze stempla na podłoże hodowlane zawierające penicylinę.



5 Przeżywają tylko te kolonie, które wykazywały oporność na penicylinę na szalce wyjściowej.

Dane paleontologiczne

Paleontologia to nauka o organizmach żyjących w minionych epokach geologicznych. Do jej zadań należy odkrywanie, badanie oraz interpretowanie **skamieniałości** (skamielin), czyli śladów obecności tych organizmów na Ziemi.

Dane z zakresu paleontologii mają duże znaczenie w próbie odtworzenia dawnego życia na naszej planecie i wyjaśnienia, w jaki sposób przebiegały procesy ewolucyjne. Materiał kopalny bywa jednak zniekształcony. Na przykład miękkie części organizmów zwykle ulegają rozkładowi. Z tych względów obraz dawnego życia na Ziemi odtworzony na podstawie skamieniałości jest niepełny.

Szczególnym typem skamieniałości są skamieliny tzw. **form przejściowych** (pośrednich), czyli organizmów łączących cechy dwóch grup systematycznych (→ s. 199).

Przykłady skamieniałości

Rodzaj skamieniałości	Opis	Przykład
Skamieniałości właściwe (szczątki kopalne) 	• Są to części organizmów, które zachowały się do czasów współczesnych (m.in. kości, zęby, muszle, pancerze, twarde tkanki roślin – np. drewno). • Na podstawie skamieniałości właściwych paleontolodzy odtwarzają przypuszczalny wygląd organizmu, a następnie porównują go ze współcześnie żyjącymi gatunkami i wyciągają wnioski dotyczące jego trybu życia czy sposobu, w jaki się poruszał.	szkielet sejmurii
Odciski i odlewy 	• Odciski powstawały w sytuacji, gdy organizm został uwięziony w skale, która znajdowała się pod wpływem wysokiego ciśnienia i wysokiej temperatury. W efekcie tkanki organizmu uległy rozkładowi, ale w skale pozostał jego odcisk. • Odlewy powstawały na skutek wypełnienia wolnych przestrzeni na zewnątrz lub wewnątrz organizmu osadami materiału skalnego – osady te następnie twardniały w wyniku mineralizacji.	odlew muszli amonita
Skamieniałości śladowe 	• Są to zachowane w skałach osadowych ślady działalności organizmów. Należą do nich np.: – miejsca zamieszkania (kanaliki, norki, gniazda), – tropy, – odchody zwierząt.	gniazdo dinozaura
Skamieniałości kompletne 	• Są to zachowane mumie całych organizmów. Najczęściej w całości zachowują się niewielkie organizmy, które zostały np. zatopione w bursztynie. Bardzo rzadko i jedynie w specjalnych warunkach środowiska zachowują się duże organizmy. Do znalezisk tego typu należą m.in. osobniki mamuta odkryte w wiecznej zmarzlinie na Syberii.	owad w bursztynie

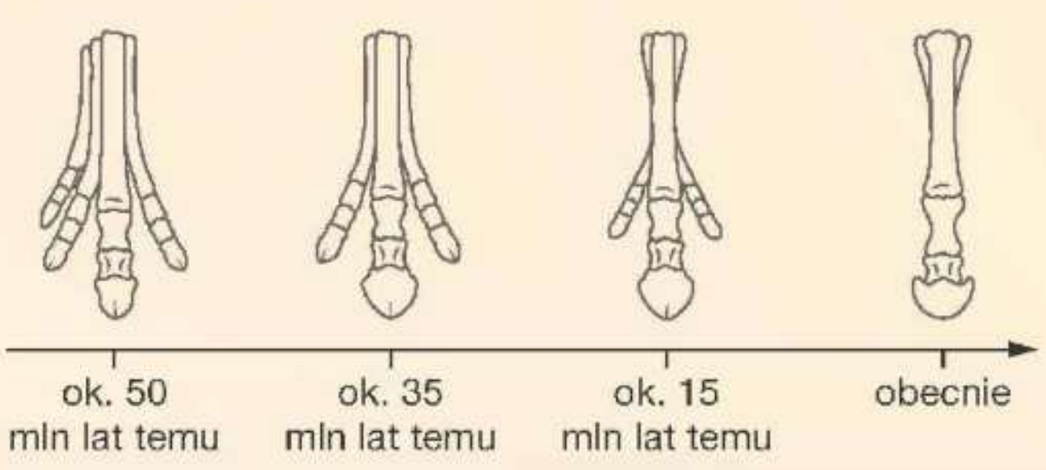
Skamieniałości

Analiza zapisu kopalnego pozwala na rekonstrukcję wyglądu osobnika danego gatunku oraz na prześledzenie zmian zachodzących w obrębie linii ewolucyjnych. Na przykład na podstawie odnalezionych skamieniałości ustalono, że w linii ewolucyjnej konia domowego nastąpiła m.in. redukcja liczby palców.

Ewolucja konia domowego

Żyjący ok. 50 mln lat temu przodek konia *Hyracotherium* miał wielkość psa. Jego kończyny przednie były czteropalczaste, a tylne – trójpalczaste.

Zmiany budowy kończyny przedniej koniowatych



Szkielet *Hyracotherium* – przodka konia.

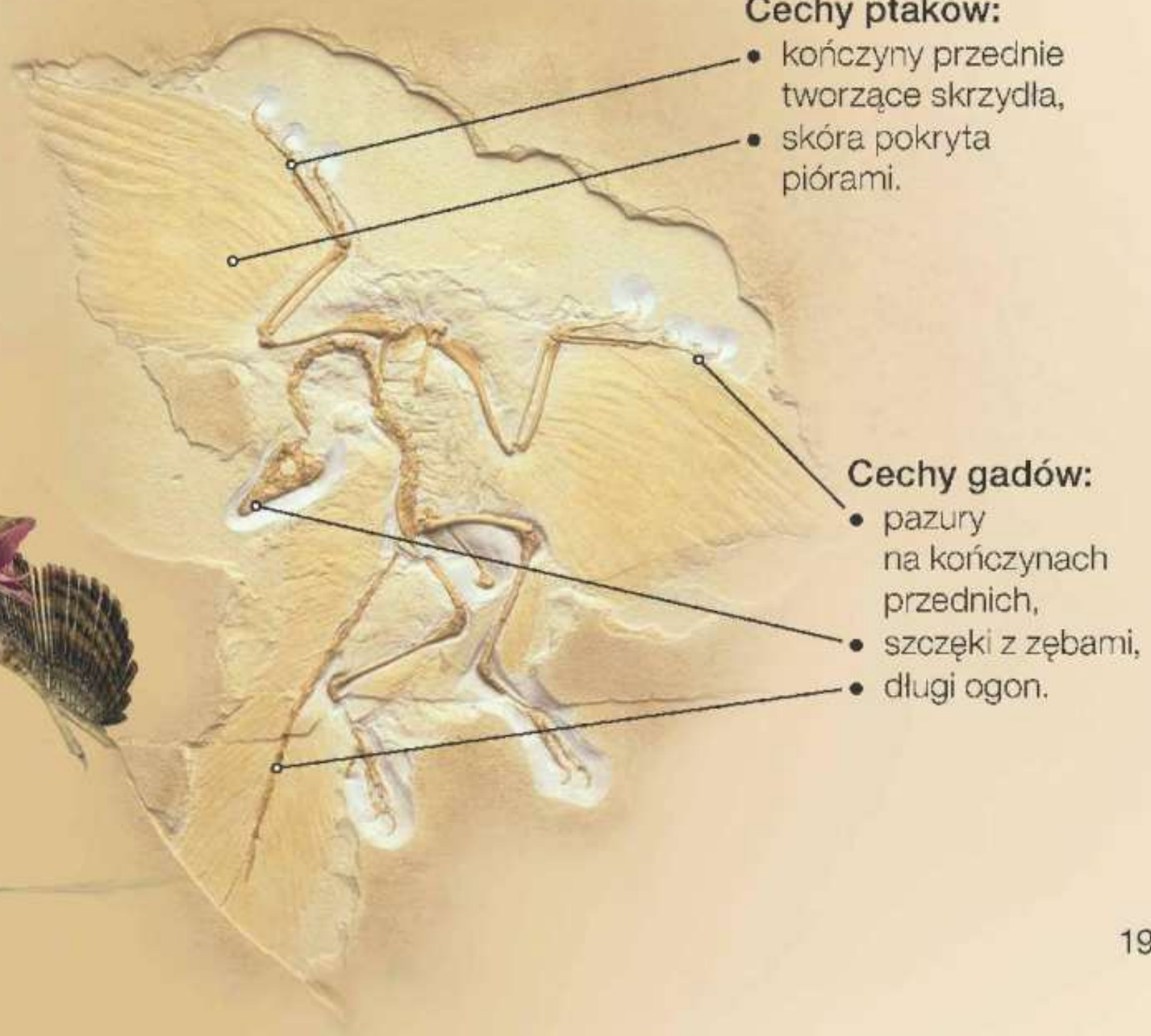




Rekonstrukcja wyglądu *Hyracotherium* opracowana na podstawie szkieletu.

Formy przejściowe

Formy przejściowe (pośrednie) to skamieniałości organizmów, które wykazywały cechy charakterystyczne dla dwóch grup systematycznych. Są one dowodem na to, że jedne grupy organizmów wywodzą się od innych, powstałych wcześniej. Przykładem jest archeopteryks, który był ptakiem mającym wiele cech gadów.



Cechy ptaków:
- kończyny przednie tworzące skrzydła,
- skóra pokryta piórami.

Cechy gadów:
- pazury na kończynach przednich,
- szczęki z zębami,
- długi ogon.



Jak powstają skamieniałości?

Skamieniałości powstają w wyniku fosylizacji. Podstawowym warunkiem umożliwiającym zajście tego procesu jest szybkie przykrycie organizmu osadem. W ten sposób dostęp tlenu zostaje odcięty, co uniemożliwia rozkład tkanek. Następnie zachodzą przemiany pierwotnych związków chemicznych budujących twarde części organizmu. W najprostszym przypadku zmianie nie ulega sam związek chemiczny (np. węglan wapnia), lecz jego struktura krystaliczna. Bardziej skomplikowane procesy kamienienia polegają na zastąpieniu pierwotnych związków chemicznych innymi substancjami – najczęściej krzemionką i pirytem (siarczkiem żelaza).



Skamieniałości tworzyły się także wskutek twardnienia żywicy, która spływała z drzew i zastygała – w ten sposób otaczała całe organizmy lub ich fragmenty. Przykładem takich skamieniałości są stawonogi zatopione w bursztynie.



Niektóre skamieniałości, zwłaszcza roślinne, powstały w wyniku uwęglenia, czyli karbonizacji. Proces ten polega na wzbogaceniu szczątków w węgiel.



1 Martwy organizm opada na dno. Miękkie części jego ciała są rozkładane przez mikroorganizmy.



2 Szczątki są przykrywane osadami. W warunkach beztlenowych twarde części organizmu ulegają skamienieniu.



3 Skamieniały szkielet ulega sprasowaniu pod naciskiem przykrywających go warstw osadu.



4 Skamieniałość zostaje odsłonięta w wyniku wypiętrzania się skał i długotrwałej erozji.

Relikty filogenetyczne

Do bezpośrednich dowodów ewolucji należą również relikty filogenetyczne (żywe skamieniałości). Są to gatunki, które przetrwały w niezmienionej formie wiele milionów lat – aż do czasów współczesnych. Najczęściej odznaczają się one małą liczebnością i zajmują niewielkie terytorium, będące pozostałością znacznie większego niegdyś obszaru. Współcześnie żywe skamieniałości są zazwyczaj reprezentowane przez niewielką liczbę osobników należących do pojedynczych rodzajów lub gatunków. Analiza ich budowy, fizjologii oraz zachowania jest ważnym źródłem wiedzy o organizmach żyjących w przeszłości na Ziemi.

Miłorząb dwuklapowy jest żywą skamieniałością z czasów ery mezozoicznej. To wysokie drzewo obecnie rośnie w stanie dzikim tylko w dwóch prowincjach w Chinach.



Skrzypłocz to żywa skamieniałość z okresu jury. Współcześnie żyjące gatunki skrzypłocza są bardzo podobne do zachowanych skamieniałości.



Latimeria to jedyny żyjący rodzaj ryb trzonopłetwych, których przedstawiciele występowali w okresie kredy. Pierwszy okaz latimerii został wyłowiony w 1938 r. przy ujściu południowoafrykańskiej rzeki Chalumna.



Dowiedz się więcej

Metody datowania stosowane w paleontologii

Do najważniejszych metod datowania stosowanych w paleontologii należą metody radioizotopowe oraz metoda biostratygraficzna.

- **Metody radioizotopowe** pozwalają na ocenę bezwzględnego wieku skał. Wykorzystuje się w nich izotopy pierwiastków promieniotwórczych zawartych w skałach, a badania są związane z procesem rozpadu promieniotwórczego.
- **Metoda biostratygraficzna** pozwala na ocenę względnego wieku skał, czyli ustalenie, która warstwa skalna jest starsza, a która – młodsza. Metoda ta polega na analizie występowania tzw. skamieniałości przewodnich. Są to organizmy kopalne występujące masowo w przeszłości w stosunkowo krótkim czasie na dużym obszarze geograficznym.



Trylobity to kopalne stawonogi będące skamieniałościami przewodnimi kambru. Występują w skałach osadowych pochodzących wyłącznie z tego okresu.

Pośrednie dowody ewolucji

Pośrednie dowody ewolucji polegają na analizie podobieństw oraz różnic w budowie i sposobie funkcjonowania organizmów. Do tego celu wykorzystuje się dane z zakresu anatomii porównawczej, embriologii, biochemii, biogeografii, fizjologii oraz genetyki.

Jedność budowy i funkcjonowania

Organizmy są zbudowane z **komórek**, ponadto w obrębie poszczególnych grup systematycznych występuje **podobny plan budowy ciała**. Wszystkie organizmy wykazują także takie same podstawowe **czynności życiowe**. Wskazuje to na jedność ich budowy i funkcjonowania.

Podobieństwo budowy organizmów można analizować w odniesieniu zarówno do całego ciała, jak i do poszczególnych narządów oraz tkanek. Na przykład nawet u bardzo różnorodnej grupy owadów są widoczne cechy wspólne, takie jak:

- zróżnicowanie ciała na głowę, tułów i odwłok,
- obecność trzech par odnóży tułowiowych,
- występowanie czułków.

Na tej podstawie wnioskuje się, że owady są ze sobą spokrewnione.

Narządy szczątkowe i atawizmy

Narządy szczątkowe to narządy, które u współcześnie żyjących organizmów uległy silnemu uwstecznieniu, natomiast u ich przodków były dobrze rozwinięte i spełniały ważne funkcje. Narządami szczątkowymi są m.in. szczątkowe kości miednicy u wieloryba, a u człowieka np. wyrostek robaczkowy, mięśnie poruszające małżowiną uszną, kość ogonowa i tzw. zęby mądrości.

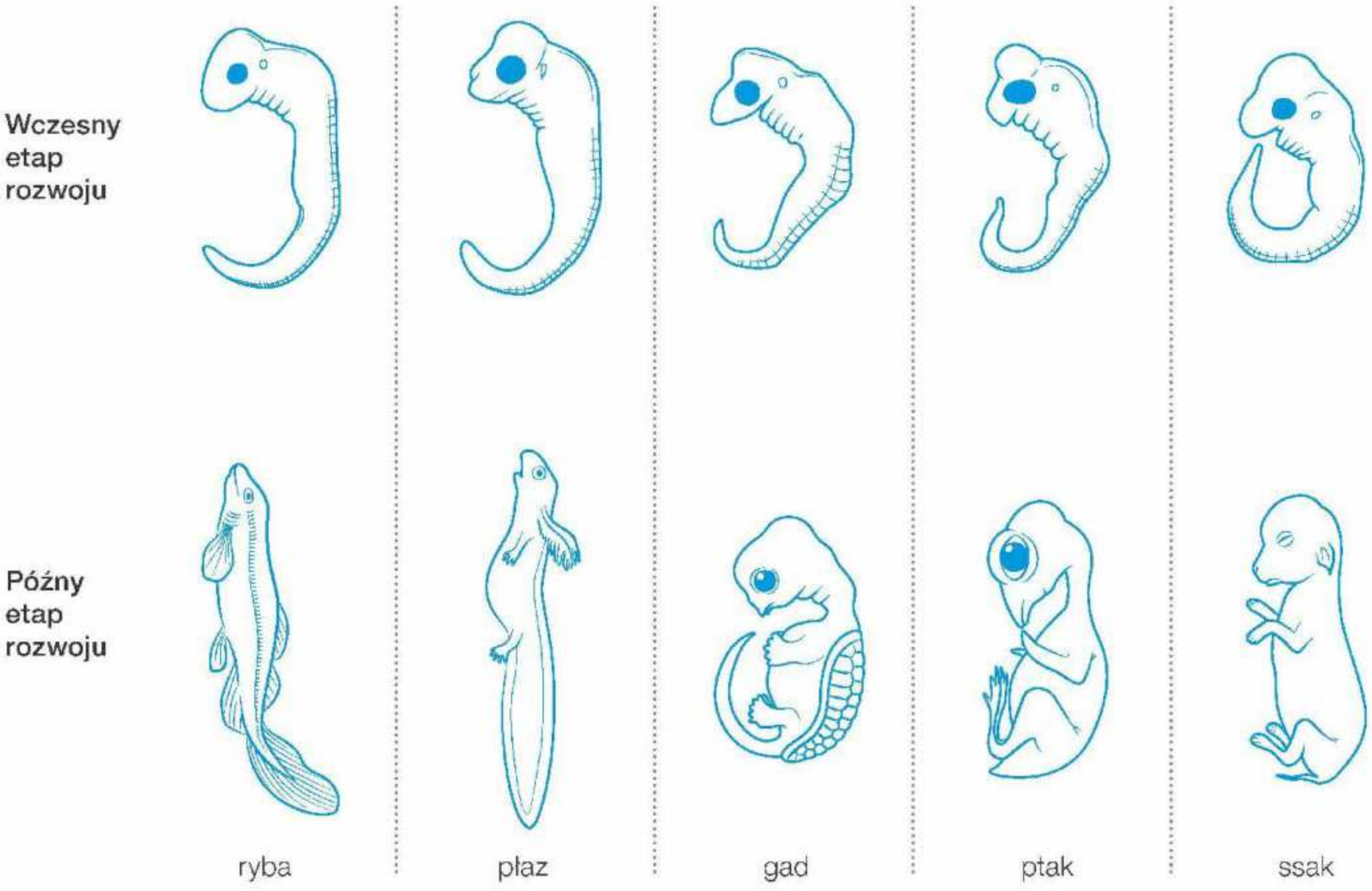
Z kolei **atawizmy** to pojawiające się u współcześnie żyjących osobników cechy występujące wyłącznie u ich odległych przodków. Do atawizmów należą m.in. dodatkowe palce u ssaków o zredukowanej ich liczbie (np. u koni), silne owłosienie ciała u człowieka.



Kanianka jest rośliną pasożytniczą pozbawioną chlorofilu. Jej liście to narządy szczątkowe.

Dowody ewolucji z zakresu embriologii

O wspólnym pochodzeniu organizmów świadczy również **podobieństwo ich rozwoju embrionalnego**. Na przykład u kręgowców na wczesnym etapie rozwoju trudno rozróżnić zarodki poszczególnych gromad. Na tej podstawie dziewiętnastowieczny badacz Ernst Haeckel [wym. hekel] sformułował tzw. prawo biogenetyczne. Głosiło ono, że ontogeneza (rozwój osobniczy) jest skróconym powtórzeniem filogenezy (rozwoju rodowego). Współcześnie prawo to uznaje się za nieprawdziwe. W rozwoju zarodkowym poszczególnych gromad kręgowców można jednak zaobserwować pojawianie się cech wspólnych dla wszystkich strunowców (np. struny grzbietowej czy zawiązków łuków skrzelowych), które nie występują u osobników dorosłych.



Narządy homologiczne i analogiczne

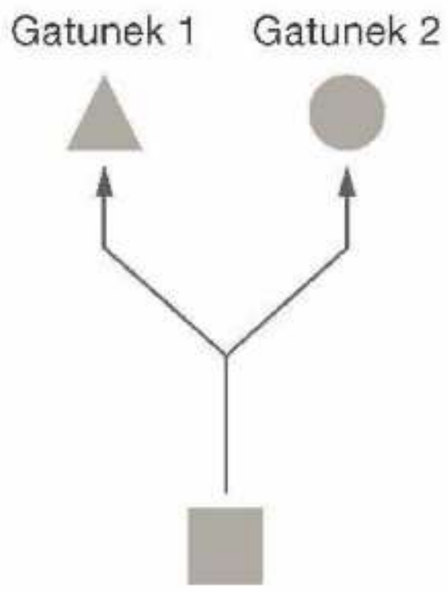
Podobieństwo budowy wynikające ze wspólnego pochodzenia nosi nazwę **homologii**. Homologia może dotyczyć całego organizmu lub jego poszczególnych elementów. Narządy o wspólnym pochodzeniu to **narządy homologiczne**. Różnice w ich wyglądzie powstają w wyniku **dywergencji**, czyli ewolucji rozbieżnej (→s. 204–205).

Podobieństwo, które nie wynika z pokrewieństwa, a jedynie z prowadzonego trybu życia lub funkcjonowania w zbliżonym środowisku, nosi nazwę **analogii**. Narządy, które nie mają wspólnego pochodzenia, lecz są zewnętrznie podobne na skutek pełnienia takich samych funkcji, określa się mianem **narządów analogicznych**. Powstają one w wyniku **konwergencji**, czyli ewolucji zbieżnej (→s. 206–207).

DYWERGENCJA – EWOLUCJA ROZBIEŻNA

Dywergencja prowadzi do zróżnicowania organizmów o wspólnym pochodzeniu. Zróżnicowanie powstaje wskutek adaptacji do życia w różnych środowiskach lub pełnienia odmiennych funkcji. Organizmy mają jednak pewne cechy wspólne, które określa się mianem homologii. Jej przykładem są narządy homologiczne.

Ogólny schemat ewolucji rozbieżnej



Gatunki pochodzą od wspólnego przodka. Różnią się one wyglądem, ale mają wspólny plan budowy anatomicznej.

MODYFIKACJE LIŚCI ROŚLIN OKRYTONASIENNYCH



Ogólny plan budowy liścia roślin okrytonasiennych



Liście pułapkowe dzbanecznika

Funkcja: chwytają i trawią drobne zwierzęta bezkręgowe.

Liście przykwiatowe poinsecji

Funkcja: przywabiają zwierzęta zapylające do niepozornych kwiatów.





Ciernie kaktusów

Funkcja: chronią przed roślinożercami i ograniczają transpirację.

MODYFIKACJE KOŃCZYN PRZEDNICH PRZEDSTAWICIELI SSAKÓW



Ogólny plan budowy kończyny ssaków



Kończyna przednia delfina

Funkcja: jest przystosowana do pływania, służy mi.in. do sterowania i utrzymywania równowagi w wodzie.



Kończyna przednia nietoperza

Funkcja: umożliwia lot. Kości stanowią rusztowanie, na którym jest rozpięta skórna błona.



Kończyna przednia orangutana

Funkcja: jest przystosowana do funkcji chwytnej, m.in. umożliwia poruszanie się w koronach drzew oraz manipulowanie przedmiotami. Cechą charakterystyczną tej kończyny jest przeciwstawny kciuk.



Kończyna przednia konia

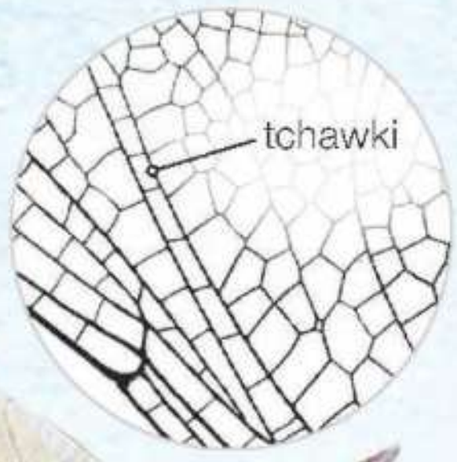
Funkcja: jest przystosowana do biegu. Palce są zredukowane i przekształcone w kopyto.

SKRZYDŁA PTAKÓW I OWADÓW

Pełnią tę samą funkcję – umożliwiają lot. Powstały one jednak całkowicie niezależnie od siebie i mają różną budowę. Skrzydła ptaków to przekształcone kończyny przednie, natomiast skrzydła owadów to zmodyfikowane fałdy powłoki ciała.



Rusztowaniem skrzydeł ptaków są kości.





Rusztowaniem skrzydeł owadów są tchawki.

WILCZOMLECZE I KAKTUSY

Podobny wygląd sukulentów: wilczomleczy i kaktusów jest wynikiem przystosowania do środowiska pustynnego. Ich liście są zredukowane i przekształcone w ciernie, a łodygi magazynują wodę.



Pomimo podobieństwa kaktusy i wilczomlecze nie są ze sobą blisko spokrewnione.

KONWERGENCJA – EWOLUCJA ZBIEŻNA

Konwergencja prowadzi do podobieństwa organizmów o różnym pochodzeniu. Podobieństwo wynika z adaptacji do życia w określonych warunkach środowiska lub pełnienia tych samych funkcji. Na skutek konwergencji powstają analogie (np. taki sam kształt ciała) oraz **narządy analogiczne**, które – mimo podobieństwa – mają odmienną budowę anatomiczną.



DELFINY I REKINY

Delfiny (ssaki) i rekiny (ryby) mają podobny opływowy kształt ciała, który zmniejsza tarcie w środowisku wodnym. Występują u nich również narządy analogiczne – płetwy umożliwiające pływanie i zmianę kierunku ruchu w wodzie.

Rusztowaniem płetwy są kości.

kości

Rusztowaniem płetwy są chrzęstne promienie.

chrzęstne promienie

WĄSY CZEPNE GROCHU I WINOROŚLI

Wąsy czepne u roślin mogą powstać w wyniku przekształceń łodygi (np. u winorośli) lub liści (np. u grochu zwyczajnego). Pełnią one jednak tą samą funkcję – służą do owijania się wokół podpory, a tym samym umożliwiają wzrost rośliny ku górze, dzięki czemu zyskuje ona lepszy dostęp do światła.

Wąsy czepne grochu są przekształceniem liścia.

Wąsy czepne winorośli są przekształceniem łodygi.

OCZY KRĘGOWCÓW I OŚMIORNIC

Sprawne narządy wzroku są przystosowaniem do aktywnego trybu życia, w tym m.in. skutecznego polowania. Chociaż oczy kręgowców i oczy ośmiornic (należących do głowonogów) wyewoluowały niezależnie, mają one wiele wspólnych struktur, np. źrenicę i siatkówkę. Różnica dotyczy m.in. położenia aksonów komórek siatkówki.

U kręgowców aksony znajdują się nad warstwą fotoreceptorów siatkówki – skręcają pod nie i tworzą nerw wzrokowy.

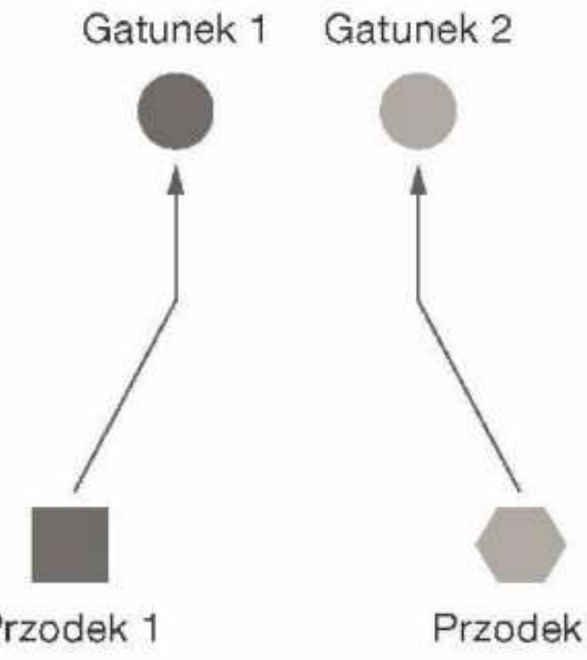






U ośmiornic aksony znajdują się pod warstwą fotoreceptorów siatkówki i zbiegają się wprost w nerw wzrokowy.

Ogólny schemat ewolucji zbieżnej



Gatunki pochodzą od różnych przodków. Są one podobne pod względem wyglądu, ale mają odmienną budowę anatomiczną.

Podobieństwo biochemiczne organizmów

Dowodami na istnienie powiązań ewolucyjnych między organizmami są podobieństwa struktur i funkcji różnych związków występujących w komórce. Należą do nich m.in.:

- taka sama struktura wielkocząsteczkowych związków organicznych (przede wszystkim białek i kwasów nukleinowych) wchodzących w skład wszystkich organizmów,
- wykorzystywanie ATP jako podstawowego akumulatora i nośnika energii w komórkach wszystkich organizmów,
- wytwarzanie niektórych enzymów trawiennych, np. amylazy,
- podobieństwo budowy niektórych istotnych dla funkcjonowania organizmu białek, np. cytochromu c,
- podobieństwo niektórych hormonów zwierzęcych i ludzkich, np. insuliny świńskiej i insuliny ludzkiej,
- podobieństwo budowy antygenów grupowych krwi u człowieka i małp człekokształtnych.

Dowody ewolucji z zakresu biogeografii

Biogeografia zajmuje się rozmieszczeniem organizmów na Ziemi. W badaniach z zakresu tej dziedziny ważne są: znajomość procesów geologicznych i ich wpływu na stan środowiska naturalnego oraz analiza zmian, którym w ciągu lat podlegały organizmy. Na przykład występowanie zupełnie innych gatunków roślin i zwierząt na obszarach Afryki oraz Ameryki Południowej, mimo panujących tam podobnych warunków środowiska, tłumaczy się istnieniem nieprzekraczalnej dla nich bariery geograficznej w postaci Oceanu Atlantyckiego.

Próby odtworzenia filogenezy

Na podstawie dowodów ewolucji naukowcy starają się odtworzyć **filogenezę**, czyli rozwój rodowy organizmów. W tym celu próbują opracować **systematykę filogenetyczną**, która jest oparta na pochodzeniu i pokrewieństwie ewolucyjnym organizmów. Przedstawia się ją graficznie w postaci **drzewa rodowego** (drzewa filogenetycznego). Nauka, która zajmuje się badaniem filogenezy, to **filogenetyka**.

Próby odtworzenia filogenezy są prowadzone na podstawie badań z zakresu biochemii i genetyki, które pozwalają z dużą dokładnością określić podobieństwa oraz różnice między poszczególnymi gatunkami. Badania te obejmują m.in.: określanie i porównywanie sekwencji nukleotydów z odpowiadających sobie genów u organizmów należących do różnych gatunków. Uzyskane wyniki pozwalają na sprawdzenie, czy klasyfikacja organizmów, dokonana uprzednio na podstawie analizy morfologicznej, jest poprawna.

Endemity – pośredni dowód ewolucji

Endemity to taksony występujące na ograniczonym obszarze. Obecność wielu endemitów na wyspach można wytłumaczyć działaniem ewolucji. Wyspy są odizolowane geograficznie od innych lądów, dlatego występujące na nich gatunki ewoluowały niezależnie od siebie.



Koala to gatunek endemiczny występujący wyłącznie w Australii. Charakterystyczne fauna i flora Australii wykształciły się w wyniku izolacji geograficznej (→ s. 232).

Samouczek

Jak przedstawić pokrewieństwo ewolucyjne organizmów?

Na podstawie dowodów ewolucji ustala się przebieg filogenezy, czyli rozwoju rodowego organizmów. Rozwój ten można przedstawić graficznie w postaci kladogramu (drzewa filogenetycznego, drzewa rodowego).

Klad jest grupą organizmów mających wspólnego przodka, która obejmuje wszystkie wywodzące się od niego grupy potomne. Powstanie nowych grup od wspólnego przodka oznacza się za pomocą tzw. gałęzi. Każde miejsce rozdzielenia się gałęzi, nazywane węzłem, oznacza bezpośredniego wspólnego przodka następnej grupy.

Podczas tworzenia kladów rozpatruje się jedynie te cechy, które pojawiły się po raz pierwszy przy wyodrębnieniu się danej grupy systematycznej – a więc mają je wszyscy potomkowie wspólnego przodka. Ponadto w trakcie konstruowania kladogramu ważne jest ustalenie grupy zewnętrznej – taksonu, który jest blisko spokrewniony z analizowanymi taksonami, ale jego linia rozwojowa oddzieliła się wcześniej.

Przykład

Narysuj kladogram minoga, okonia, żaby, jaszczurki i lwa.

Krok 1

Wybierz grupę zewnętrzną, która będzie punktem odniesienia dla analizowanej grupy zwierząt.

Wszystkie podane organizmy to kręgowce. Takson blisko z nimi spokrewniony, który również należy do strunowców, ale jest od nich starszy, to bezczaszkowce. Najbardziej znanym przedstawicielem bezczaszkowców jest lancetnik.

Krok 2

Określ, które cechy będziesz rozpatrywać. Pamiętaj, że możesz wziąć pod uwagę jedynie te cechy, które pojawiają się w danej grupie po raz pierwszy.

Wybrane cechy: kręgi, szczęki ze stawami, cztery kończyny kroczne, błony płodowe, włosy.

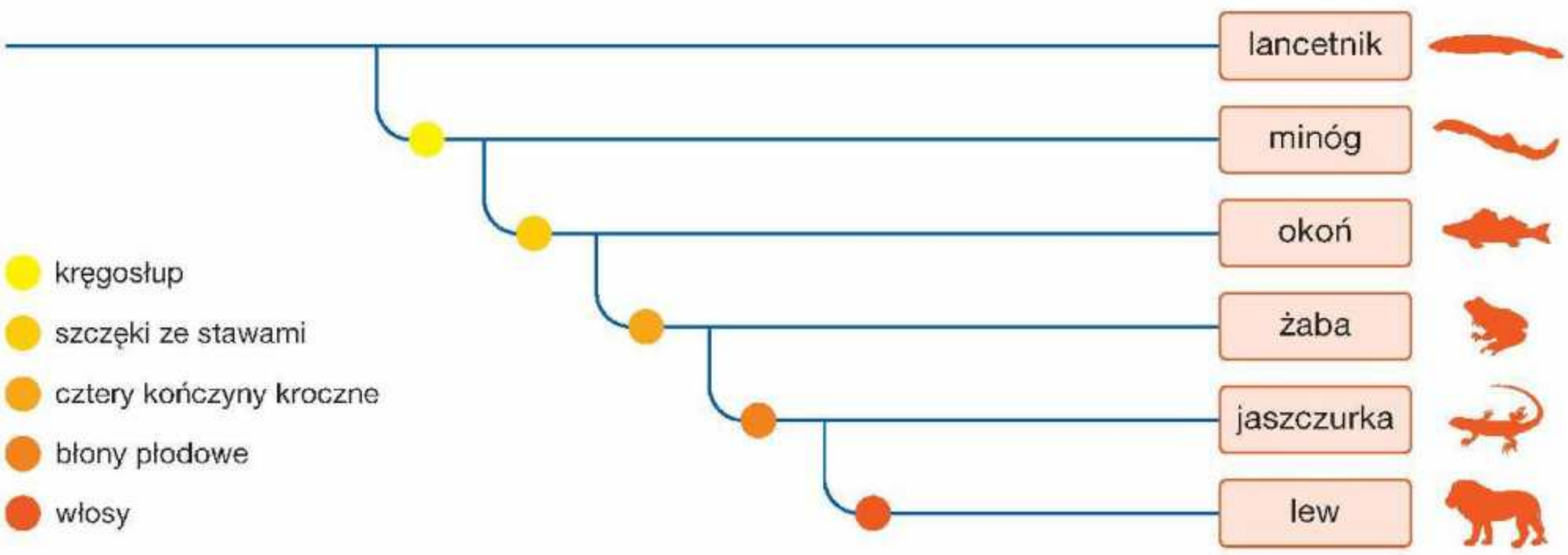
Krok 3

Skonstruuj tabelę (tzw. matrycę), w której porównasz organizmy pod względem obecności wybranych cech. Obecność danej cechy oznacz jako 1, a jej brak – jako 0.

Takson	Cecha				
	kręgosłup	szczęki ze stawami	cztery kończyny kroczne	błony płodowe	włosy
Lancetnik	0	0	0	0	0
Minóg	1	0	0	0	0
Okoń	1	1	0	0	0
Żaba	1	1	1	0	0
Jaszczurka	1	1	1	1	0
Lew	1	1	1	1	1

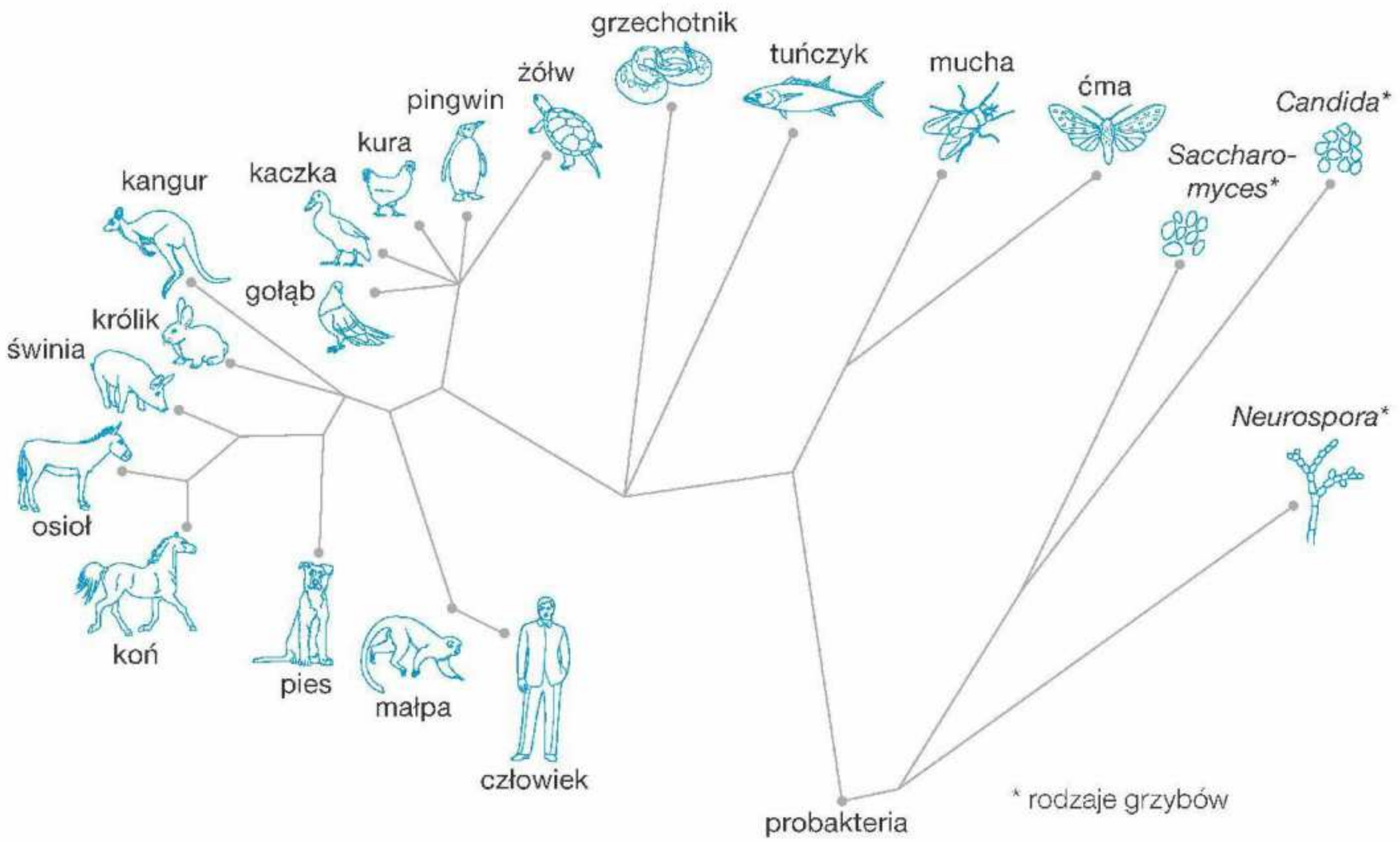
Krok 4

Po przeanalizowaniu matrycy narysuj kladogram. Podstawą kladogramu powinien być wspólny przodek wszystkich analizowanych taksonów. Kolejne węzły oznaczają wspólnego przodka dla grup mających daną cechę.



Przykład badań filogenetycznych

Przykładem badań filogenetycznych jest próba skonstruowania drzewa rodowego organizmów na podstawie analizy budowy związków chemicznych wchodzących w ich skład. Białkiem występującym w komórkach wszystkich organizmów jest **cytochrom c**, który uczestniczy w jednym z etapów oddychania komórkowego. U eukariontów jest on umiejscowiony w wewnętrznej błonie mitochondrium, a u prokariontów – w błonie komórkowej. Porównanie składu i kolejności aminokwasów budujących cytochrom c pozwala wnioskować o stopniu pokrewieństwa badanych gatunków, a także o czasie rozejścia się ich linii rozwojowych. Im wcześniej to nastąpiło, tym większe są różnice w budowie tego białka, a organizmy są od siebie bardziej odległe ewolucyjnie.



Drzewo filogenetyczne utworzone na podstawie danych dotyczących podobieństwa budowy cytochromu c.

Polecenia kontrolne

1. Podaj przykłady warunków środowiska, które sprzyjały przetrwaniu do czasów współczesnych skamieniałości w postaci: szczątków kopalnych, odcisków, odlewów, całych organizmów.
2. Wyjaśnij, w jaki sposób analiza budowy cytochromu c może być pomocna w ustalaniu pokrewieństwa między organizmami.
3. Australia jest kontynentem, który pozostaje w izolacji od reszty lądów od ok. 200 mln lat. Wyjaśnij, dlaczego fakt ten wpłynął na wykształcenie się specyficznej fauny tego kontynentu. Korzystając z dostępnych źródeł, podaj przykłady gatunków typowych tylko dla Australii.
4. Poniżej przedstawiono sekwencje aminokwasów fragmentu białka występującego u trzech gatunków. Oceń na ich podstawie, które gatunki są najbliżej ze sobą spokrewnione. Uzasadnij odpowiedź za pomocą jednego argumentu.
   Gatunek I: Gly-Asn-Pro-Thr-Thr-Gly-Ala-Lys-Ile-Phe
   Gatunek II: Gly-Asn-Pro-Thr-Gly-Gly-Ala-Val-Ser-Phe
   Gatunek III: Gly-Asn-Pro-Thr-Thr-Gly-Ala-Lys-Phe-Lys

5.2. Dobór naturalny – główny mechanizm ewolucji

Ważne w tym temacie!

- mechanizm działania, rodzaje i przykłady doboru naturalnego
- znaczenie doboru naturalnego

Na Ziemi występuje duża różnorodność organizmów przystosowanych do odmiennych środowisk i trybów życia. Przystosowania (adaptacje) to cechy, które zwiększają prawdopodobieństwo przeżycia organizmów oraz wydania przez nie potomstwa. Przykładem jest m.in. miękisz wodny u sukulentów (pozwala na przetrwanie w suchym środowisku). Mechanizmem, który prowadzi do wykształcenia się przystosowań, jest dobór naturalny.

Dobór naturalny

Dobór naturalny (selekcja naturalna) polega na tym, że największe szanse na przeżycie i wydanie na świat potomstwa ma osobnik najlepiej przystosowany do określonych warunków środowiska.

Zgodnie z założeniami Darwina dobór naturalny działa, ponieważ:

- między osobnikami należącymi do jednego gatunku występuje zmienność, czyli istnieją między nimi drobne różnice m.in. w morfologii, fizjologii oraz zachowaniu. Część tej zmienności nie podlega dziedziczeniu, a część jest przekazywana potomstwu;
- w przyrodzie powszechnie obserwuje się dużą rozrodczość, tzn. osobniki wielu gatunków mają znacznie więcej potomstwa, niż może utrzymać się przy życiu i osiągnąć wiek reprodukcyjny;
- organizmy konkurują ze sobą o ograniczone zasoby środowiska. Zwycięzcy mają większą liczbę potomstwa, któremu przekazują swoje cechy.

Przypomnij sobie

Porównanie doboru naturalnego z doborem sztucznym

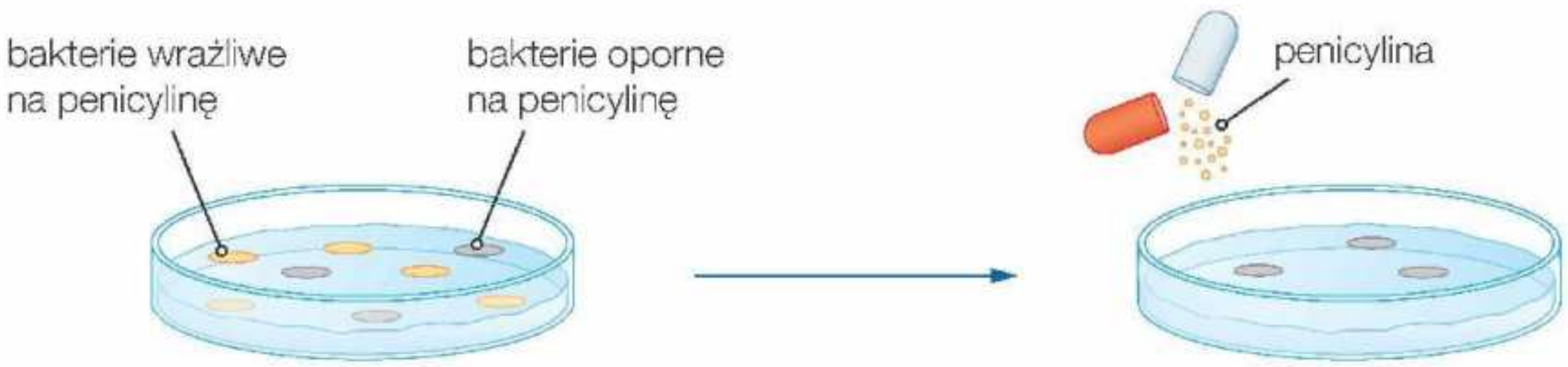
Rodzaj doboru	
dobór naturalny	dobór sztuczny
• O selekcji osobników decyduje środowisko. • Największe szanse rozrodu mają osobniki najlepiej przystosowane do warunków środowiska.	• O selekcji osobników decyduje człowiek. • Do rozrodu wybiera się osobniki o cechach korzystnych dla człowieka.
	
W wyniku doboru naturalnego spośród wielu żółwi przetrwają tylko najsilniejsze osobniki.	W wyniku doboru sztucznego powstają m.in. różne rasy psów.

Darwin, wyjaśniając mechanizm ewolucji, wskazał, że w przyrodzie przeżywają głównie osobniki najlepiej dostosowane do warunków środowiska. Ich cechy przystosowawcze są wynikiem mutacji i są dziedziczne. Przystosowania wpływają na tzw. **dostosowanie organizmu**, które jest miarą jego sukcesu ewolucyjnego. Na dostosowanie składa się zarówno przeżywalność, jak i liczba potomstwa, które organizm pozostawi.

Choć dobór działa na pojedyncze osobniki, to zmiana ewolucyjna nim spowodowana może się ujawnić w populacji organizmów dopiero po upływie pewnego czasu. Organizmy, które są lepiej przystosowane do środowiska, pozostawiają zazwyczaj więcej potomstwa niż te, które są gorzej przystosowane. Dlatego dzięki działaniu doboru naturalnego z pokolenia na pokolenie zmienia się częstość występowania określonych fenotypów w populacji.

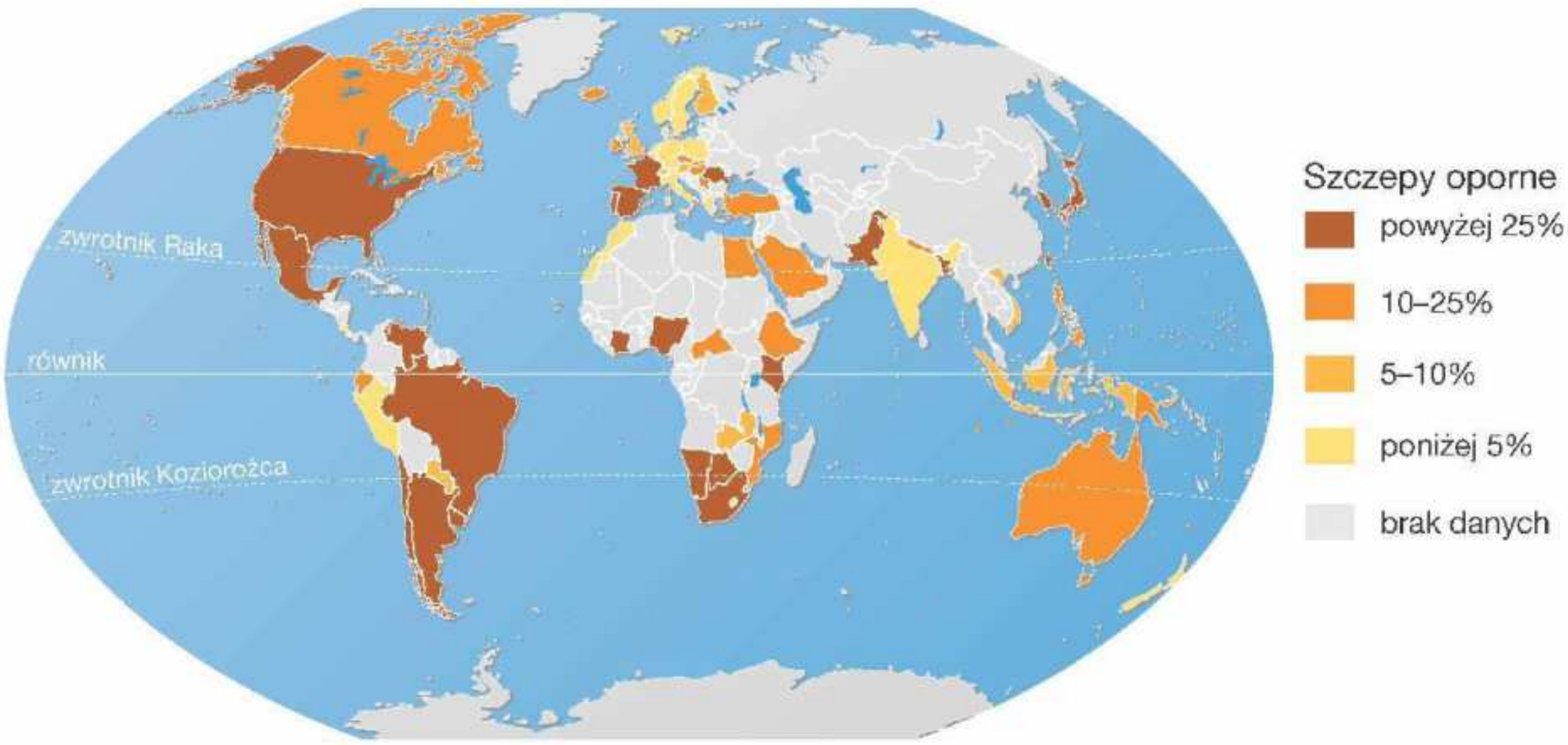
Przystosowanie a dostosowanie

Przykładem przystosowania jest nabywanie cechy antybiotykooporności przez chorobotwórcze bakterie. Przystosowanie to zwiększa dostosowanie bakterii, ponieważ antybiotyki nie niszczą komórek bakteryjnych, które mogą się dzielić i zakażać nowych żywicieli.



1 Mutacje zachodzące w komórkach bakterii, np. dwoinki zapalenia płuc, powodują wykształcenie się antybiotykooporności. Cecha ta stanowi przystosowanie do życia w obecności penicyliny.

2 Bakterie niewrażliwe na antybiotyk odżywiają się produktami rozkładu tkanek i ulegają wielokrotnym podziałom.



3 Antybiotykooporność zwiększa dostosowanie bakterii, które jest mierzone przeżywalnością osobników i liczbą komórek potomnych. W rezultacie bakterie rozprzestrzeniają się w populacji żywiciela.

Znaczenie zmienności wewnątrzgatunkowej

Najważniejszym zjawiskiem związanym z występowaniem doboru naturalnego jest **zmienność wewnątrzgatunkowa**, czyli zróżnicowanie cech osobników należących do jednego gatunku.

Podstawą istnienia ewolucji jest **zmienność genetyczna** (→ s. 102). Jej pierwotnym źródłem są **mutacje genowe**, w wyniku których powstają nowe allele i nowe geny, oraz **mutacje chromosomowe**. Wtórnym źródłem zmienności genetycznej jest **rekombinacja materiału genetycznego**, dzięki której powstają nowe układy już istniejących alleli.

Cechy, którymi zostaje obdarzone potomstwo, mają różną wartość przystosowawczą w danych warunkach środowiska:

- **cechy obojętne** nie wpływają na zdolność osobnika do przeżycia,
- **cechy negatywne** zmniejszają zdolność osobnika do przeżycia,
- **cechy korzystne** ułatwiają osobnikowi przeżycie.

Osobniki wyposażone w korzystną kombinację cech przetrwają, a co najważniejsze – przekażą tę kombinację potomstwu.

Nadmierna rozrodczość

Osobniki zwykle mają więcej potomstwa, niż może przetrwać w środowisku. Do okresu rozrodczego przeżywają jedynie nieliczne osobniki, które przekazują swoje cechy (geny) potomstwu.

Nadmierna rozrodczość jest jednym z warunków działania doboru naturalnego – umożliwia selekcję, dzięki której korzystne cechy są przekazywane kolejnym pokoleniom, a mniej korzystne stopniowo zanikają. Ponadto nadmierna rozrodczość prowadzi do konkurencji o ograniczone zasoby środowiska między osobnikami tego samego gatunku (konkurencja wewnątrzgatunkowa) lub różnych gatunków (konkurencja międzygatunkowa).



Żaba trawna składa do 4 tys. jaj. Jednak większość jej potomstwa ginie przed przystąpieniem do rozrodu.

Konkurencja

Organizmy konkurują ze sobą o ograniczone zasoby środowiska, np. o:

- pokarm,
- dostęp do światła,
- przestrzeń,
- partnerów do rozrodu.

Darwin nazywał tę konkurencję **walką o byt**. Walka o byt zachodzi w obrębie jednego gatunku i pomiędzy gatunkami. Największe szanse na jej wygranie mają osobniki, których cechy zapewniają im przewagę nad innymi. Na przykład szybsze drapieżniki łatwiej zdobędą pożywienie niż ich wolniejsi konkurenci, ofiary o dobrym kamuflażu skuteczniej ukryją się w otoczeniu, a rośliny z kolcami zapewnią sobie ochronę przed roślinożercami. Takie cechy pozwalają osobnikom przetrwać i przekazać swoje geny potomstwu.

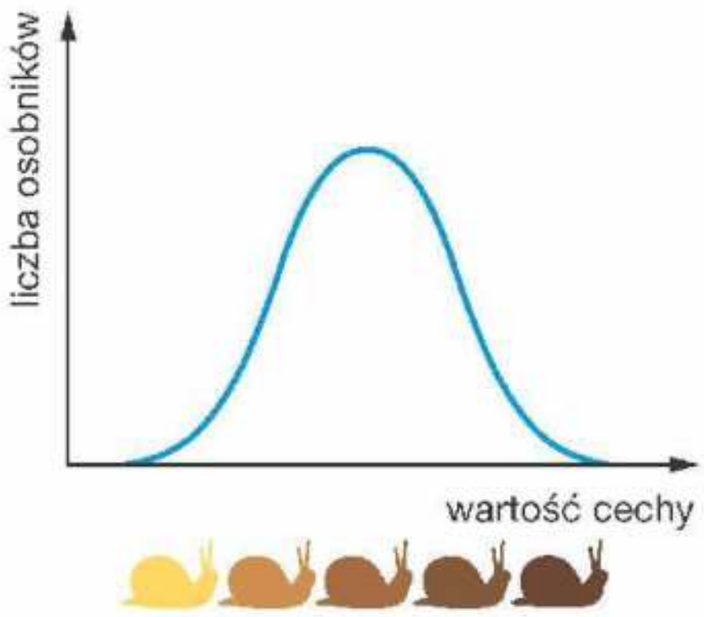


Walczące samce oryksów. Walki godowe to przykład konkurencji wewnątrzgatunkowej.

Rodzaje doboru naturalnego

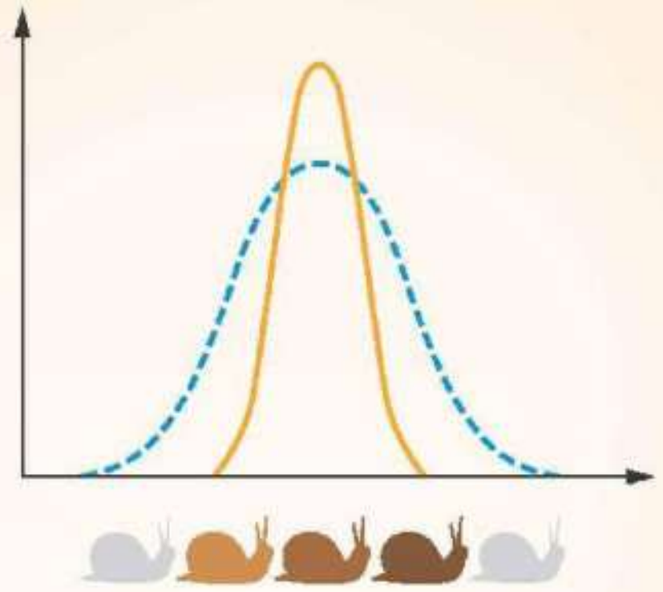
Biorąc pod uwagę stabilność warunków środowiska, wyróżnia się trzy rodzaje doboru naturalnego: dobór stabilizujący, dobór kierunkowy oraz dobór różnicujący.

Aby zobrazować poszczególne rodzaje doboru naturalnego, można posłużyć się przykładem barwy muszli ślimaka. W sytuacji modelowej (gdy nie działa dobór naturalny) cecha ta ma rozkład normalny – najczęściej występuje jej wartość pośrednia.



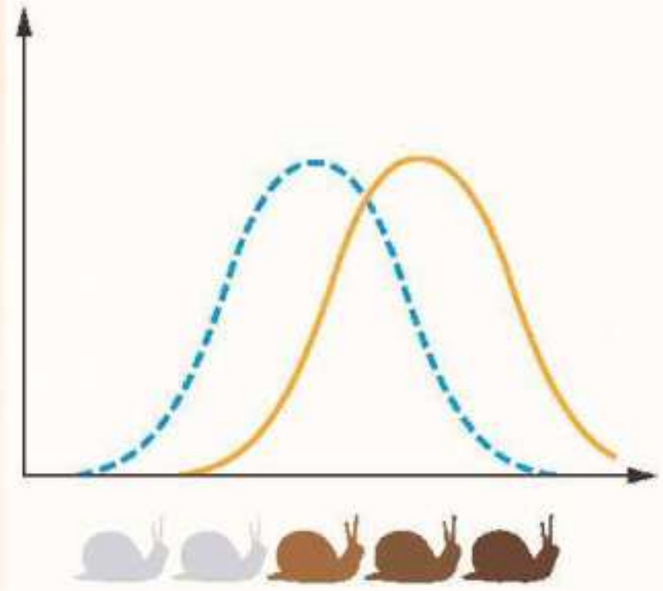
Normalny rozkład cechy

Dobór stabilizujący



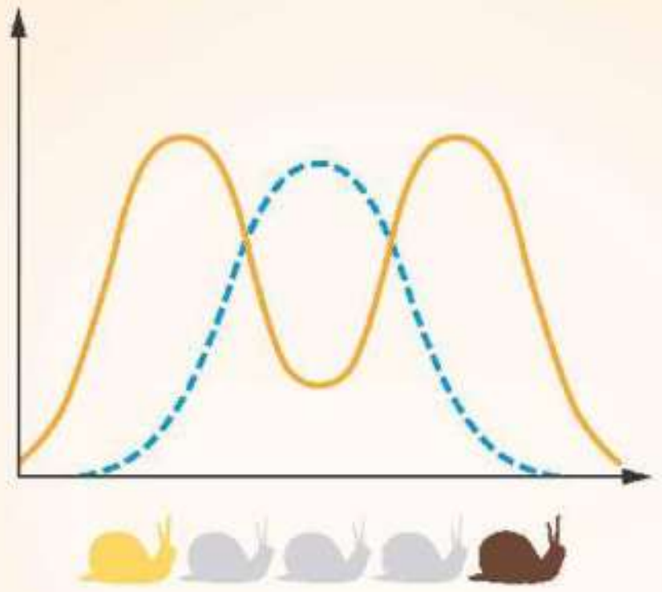
Dobór stabilizujący prowadzi do utrwalenia w populacji cech pośrednich.

Dobór kierunkowy



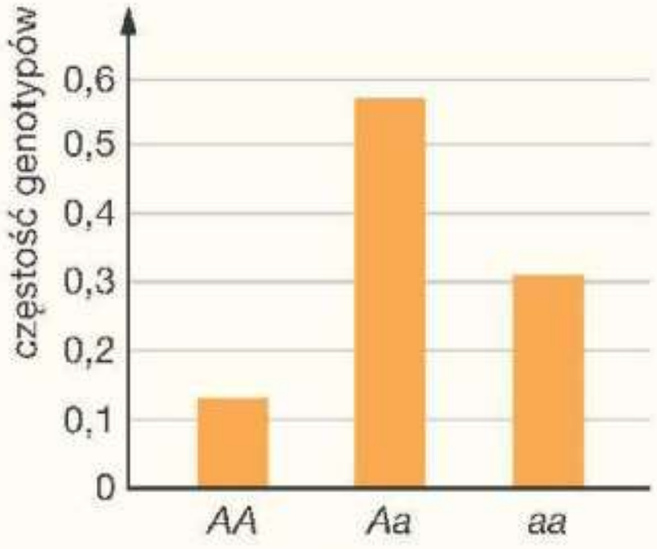
Dobór kierunkowy prowadzi do utrwalenia w populacji jednej skrajnej wartości cechy.

Dobór różnicujący

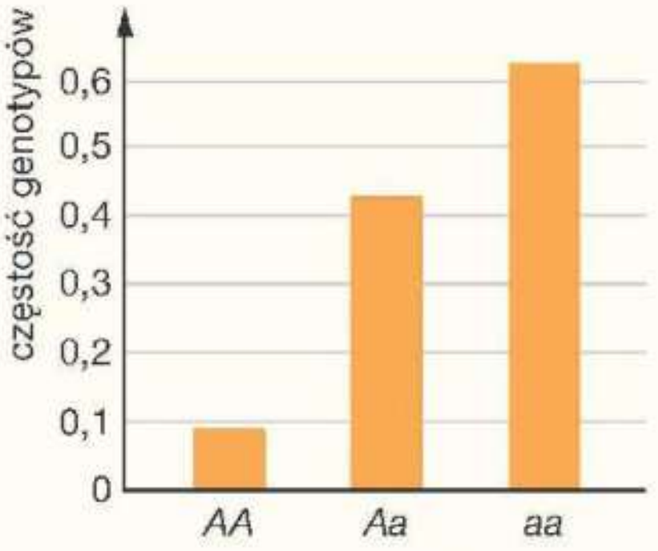


Dobór różnicujący prowadzi do wyeliminowania z populacji osobników o średniej wartości cechy.

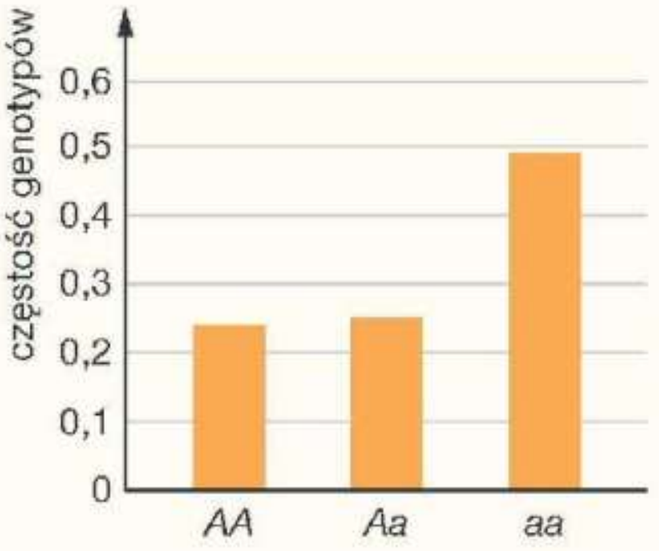
Działanie różnych form doboru naturalnego na poziomie genotypów



Dobór stabilizujący zwiększa częstość występowania heterozygot.



Dobór kierunkowy zwiększa częstość występowania homozygot jednego typu.



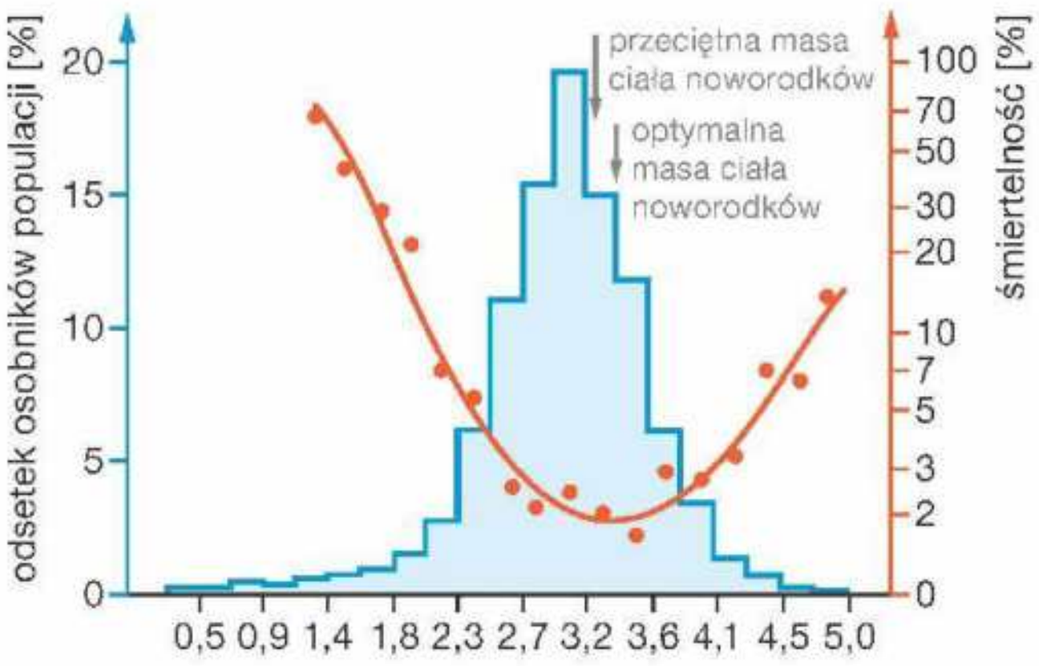
Dobór różnicujący zmniejsza częstość występowania heterozygot.

Obserwacje trzech rodzajów doboru naturalnego

W przyrodzie można zaobserwować przykłady działania wszystkich opisanych rodzajów doboru naturalnego. Najczęściej występującym rodzajem doboru jest dobór stabilizujący.

Dobór stabilizujący

Jeden z najlepiej udokumentowanych przykładów działania doboru stabilizującego dotyczy masy ciała ludzkich noworodków. Obserwuje się większą przeżywalność noworodków o przeciętnej masie ciała wynoszącej ok. 3,5 kg w porównaniu z noworodkami o skrajnie małej lub skrajnie dużej masie ciała. Noworodki ze znaczną niedowagą umierają najczęściej z powodu niedojrzałości niektórych narządów i układów, a noworodki o dużej masie urodzeniowej – z powodu komplikacji okołoporodowych.



Rozkład masy ciała noworodków w populacji.

Dobór kierunkowy

Efektem działania doboru kierunkowego jest zjawisko określane mianem **melanizmu przemysłowego**. Po raz pierwszy zaobserwowano je w rejonie Manchesteru – przemysłowego miasta w Anglii. Zanim w rejonie tym rozwinął się przemysł, w populacji ćmy krępaka nabrzozaka dominowały formy o jasno ubarwionych skrzydłach. Formy ciemno ubarwione (melanistyczne) należały do rzadkości. Prowadzące nocny tryb życia ćmy w ciągu dnia przebywały na korze drzew. Na jasnoszarym tle pni pokrytych porostami jasne ćmy pozostawały niewidoczne dla ptaków owadożernych, a ciemne były zjadane. Wkrótce na skutek rozwoju przemysłu z pni drzew zaczęły znikać wrażliwe na zanieczyszczenia powietrza porosty. Wówczas jasne osobniki krępaka stały się dobrze widoczne na ciemnym tle i częściej padały łupem ptaków niż osobniki ciemne. W ten sposób doszło do zwiększenia liczby ciem o ciemnym zabarwieniu (zyskały one przewagę selekcyjną). Sytuacja ta obecnie znowu ulega zmianie, ponieważ wskutek poprawy stanu czystości powietrza na pniach drzew zaczęły pojawiać się porosty. W związku z tym w populacjach krępaka zwiększa się liczba osobników o jasnym ubarwieniu ciała.



Na ciemnej korze drzew bardziej widoczna jest jasna forma ćmy.

Dobór różnicujący

Ten rodzaj doboru występuje np. u ślimaka morskiego *Acmea digitalis*. Osobniki tego gatunku mogą żyć wśród ciemnych skał lub jasno ubarwionych wąsonogów. Dlatego dobór preferuje osobniki o czarnych lub jasnych muszlach, a eliminuje osobniki o pośrednim kolorze muszli.



Ciemno i jasno ubarwione osobniki *Acmea digitalis* wykazują największą przeżywalność.

Dobór płciowy

Dobór płciowy jest odmianą doboru naturalnego, w której rolę selekcjonera odgrywa osobnik tego samego gatunku, lecz odmiennej płci. Prowadzi to do powstania **dymorfizmu płciowego**, czyli występowania różnic w wyglądzie oraz zachowaniu osobników męskich i osobników żeńskich należących do jednego gatunku. **Cechy dymorficzne** nie zwiększają szansy organizmów na przeżycie, nie mają też bezpośredniego związku z liczbą wydanego potomstwa. Są one natomiast pomocne w wyborze odpowiedniego partnera do rozrodu.

Dobór płciowy najczęściej przejawia się w silnej **konkurencji** samców o samice. Rywalizacja polega m.in. na:

- walkach między samcami, poprzedzonych często prezentowaniem cech o charakterze „oręża", np. rogów, poroży, kłów lub muskulatury ciała,
- wydawaniu odgłosów godowych, które przywabiają samice i stanowią sygnał ostrzegawczy dla innych samców,
- prezentowaniu cech atrakcyjnych dla samic, m.in. sprawności fizycznej, jaskrawego ubarwienia czy bogatej ornamentacji.

Zachowania godowe zwierząt

Zachowania godowe umożliwiają znalezienie odpowiedniego partnera do rozrodu. Wyboru partnera zazwyczaj dokonuje samica, natomiast samce starają się zaprezentować jej swoje walory.



U jeleni okres godowy nosi nazwę rykowiska. Samce przywołują samice donośnym rykiem i rywalizują o ich względy. Do walk służy im poroże.



Samce cykad przywabiają samice dźwiękami wydawanymi za pomocą tymbali – przekształconych elementów pancerza zlokalizowanych na odwłoku. Dźwięk jest wzmacniany przez puste przestrzenie, które wypełniają większą część odwłoka.



Samce płazów bezogonowych również wydają dźwięki godowe. Odgłosy te są wzmacnianie przez rezonatory – cienkościenne uchyłki jamy gębowej, znajdujące się po obu stronach głowy.

Dobór płciowy dotyczy zwykle gatunków, u których nakłady na urodzenie potomstwa są większe ze strony jednej płci niż ze strony drugiej płci. Przykładem są ptaki, u których samice wytwarzają duże jaja, a samce produkują mikroskopijne plemniki. W takich przypadkach jeden samiec jest w stanie zapłodnić wiele samic. Skoro jednak zwykle rodzi się tyle samo osobników każdej płci, samce muszą konkurować o dostęp do partnerek, aby przekazać swoje geny potomstwu. Uważa się, że samice wybierają partnerów o atrakcyjnym wyglądzie, ponieważ może on świadczyć o dobrej kondycji fizycznej samca, która warunkuje np. odporność na choroby – jest więc dobrym wskaźnikiem jakości genów. Dodatkowo samce potomne mogą odziedziczyć po ojcu cechy atrakcyjne dla samic, które umożliwią im pozostawienie licznego potomstwa.

Cechy godowe są często niekorzystne pod względem ekologicznym, np. jaskrawe ubarwienie sprawia, że samce są łatwiej dostrzegane przez drapieżniki. Z tego powodu po zakończeniu okresu godowego samce z reguły pozbywają się cech przyciągających uwagę i przybierają ubarwienie ochronne.



Samce altanników budują altanki, do których zwabiają samice. Altanki są często ozdabiane kwiatami lub kolorowymi owocami.



U pszczół królowa wykonuje lot godowy. Zapładnia ją ten samiec, który lata najszybciej.

Samce cudowronki przyciągają uwagę samic długimi barwnymi piórami, które znajdują się po bokach ciała, a także skomplikowanym tańcem godowym.



Doświadczenie – jak to odkryto?

Dobór naturalny a ubarwienie samców gupików

W latach 70. XX w. kanadyjski biolog ewolucyjny John Endler przeprowadził badania dotyczące wpływu drapieżników i samic na ubarwienie samców dziko żyjących gupików. Gupiki to małe słodkowodne ryby występujące na Trynidadzie – wyspie położonej u północno-wschodnich wybrzeży Ameryki Południowej. Uczony zaobserwował, że dorosłe samce gupików miały bardzo zróżnicowane barwę i wzory, przy czym samice gupików częściej wybierały samce o jaskrawych wzorach. Endler zauważył też, że na dorosłe samce o jaskrawym ubarwieniu polowały duże drapieżniki – pielęgnice. Z kolei na młode osobniki, które nie uzyskały jeszcze dorosłego ubarwienia, polowały mniejsze drapieżniki – strumieniaki. Z tego powodu w zbiornikach ze strumieniakami było więcej dorosłych samców o jaskrawym ubarwieniu niż w zbiornikach z pielęgnicami.



Samiec jaskrawo ubarwiony.



Samiec słabo ubarwiony.

1 **Problem badawczy:** Czy rodzaj drapieżników oraz preferencje samic mają wpływ na wzory barwne samców gupików?

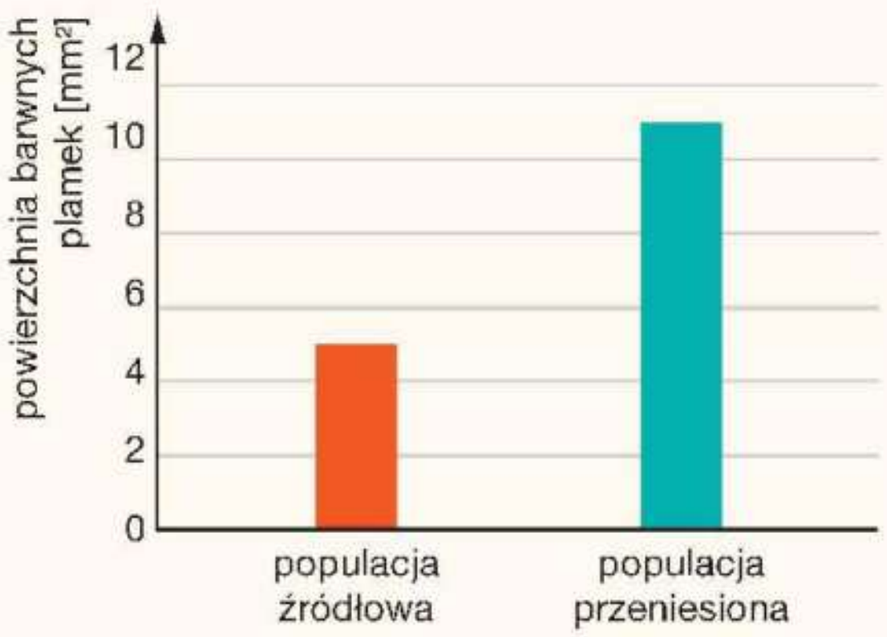
2 **Hipoteza:** Rodzaj drapieżników oraz preferencje samic wpływają na wzory barwne samców gupików.

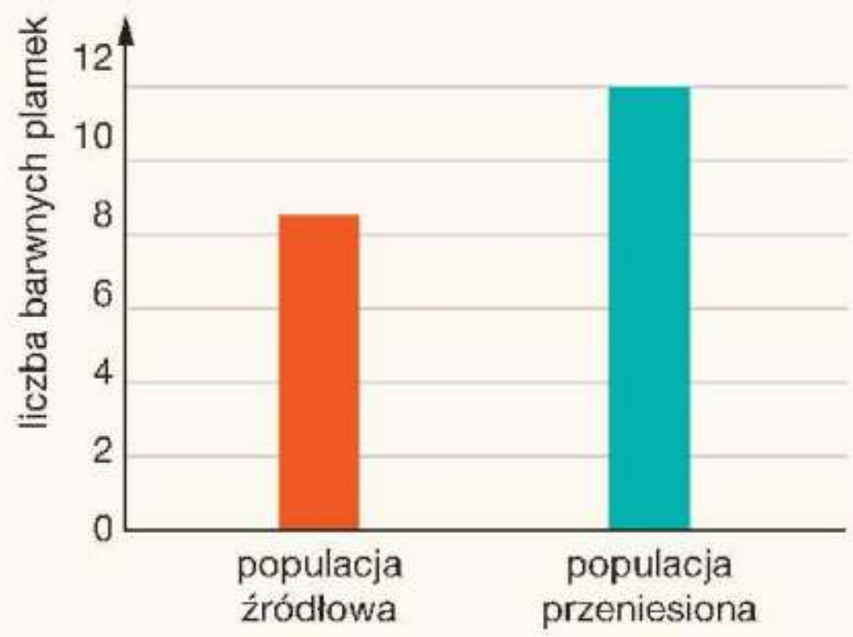
3 **Przebieg doświadczenia:** Endler przeniósł ok. 200 gupików ze zbiorników, w których występowały one z dużym drapieżnikiem – pielęgnicą szczupakowatą – do zbiorników, w których występowały małe drapieżniki – strumieniaki. Po 22 miesiącach (15 pokoleniach) Endler porównał wzory barwne gupików z populacji przeniesionej ze wzorami gupików z populacji źródłowej.

Próba kontrolna
Populacja gupików żyjących w jeziorze z pielęgnicami (populacja źródłowa).

Próba badawcza
Populacja gupików przeniesiona z jeziora z pielęgnicami do jeziora ze strumieniakami.

4 **Wynik doświadczenia:** Po 22 miesiącach średnia liczba i średnia łączna powierzchnia barwnych wzorów u samców gupików z populacji przeniesionej wzrosła w porównaniu z powierzchnią barwnych wzorów występujących u samców z populacji źródłowej.





5 **Wniosek:** Zmiana rodzaju drapieżnika spowodowała zmianę ubarwienia samców. Ponieważ małe drapieżniki (strumieniaki) polowały tylko na młode osobniki i nie występowała presja ze strony dużych drapieżników (pielęgnic), główny wpływ na ubarwienie samców miały preferencje samic. W krótkim czasie doprowadziło to do wzrostu liczby jaskrawo ubarwionych samców w populacji.

Dowiedz się więcej

Dobór krewniaczy

Dobór krewniaczy to rodzaj doboru naturalnego, który wyjaśnia, dlaczego organizmy mogą podejmować działania altruistyczne wobec swoich krewnych. Polega on na tym, że geny osobnika altruistycznego mogą przetrwać w populacji, nawet jeśli sam osobnik nie doczeka się potomstwa, o ile jego działania przyczynią się do zwiększenia sukcesu rozrodczego bliskich krewnych, z którymi dzieli część genów.

Zachowania altruistyczne

Zachowania altruistyczne polegają na tym, że jeden osobnik pomaga innym – nawet kosztem zmniejszenia własnych szans na posiadanie potomstwa lub kosztem życia. Są one tym powszechniejsze, im:

- bliższe jest pokrewieństwo między osobnikami,
- większy jest zysk osobnika, któremu pomaga altruista (np. zwiększona przeżywalność potomstwa),
- mniejsze są koszty ponoszone przez altruistę (np. mniejsze ryzyko śmierci lub zranienia).



W społecznościach pszczół i mrówek większość samic to bezpłodne robotnice. Ich rola to m.in. budowanie i obrona gniazda, dostarczanie żywności oraz opieka nad larwami. Płodną samicą jest wyłącznie królowa, której jedynym zadaniem jest składanie jaj.

W grupach lwów zachodzi silna współpraca między spokrewnionymi samicami. W razie śmierci jednej z samic jej siostry lub kuzynki przejmują opiekę nad potomstwem.

Polecenia kontrolne

1. Porównaj rodzaje doboru naturalnego, uwzględniając sposób i efekty ich działania.
2. Uzasadnij, czy można oczekiwać, że dobór naturalny:
   a. przyczyni się do wzrostu liczebności osobników w obrębie populacji lub gatunku,
   b. przyspieszy tempo powstawania gatunków, przez co zwiększy ich liczbę.
3. Wyjaśnij pojęcie *dymorfizm płciowy*.

5.3. Ewolucja na poziomie gatunku i populacji

Ważne w tym temacie!

- warunki, w których zachodzi dryf genetyczny
- przyczyny zmian częstości występowania alleli w populacji
- założenia prawa Hardy'ego–Weinberga

Ewolucja jest procesem, który kształtuje różnorodność życia na Ziemi. Jej mechanizmy zachodzą na różnych poziomach organizacji biologicznej, m.in. na poziomie gatunku i populacji.

Pula genowa gatunku i populacji

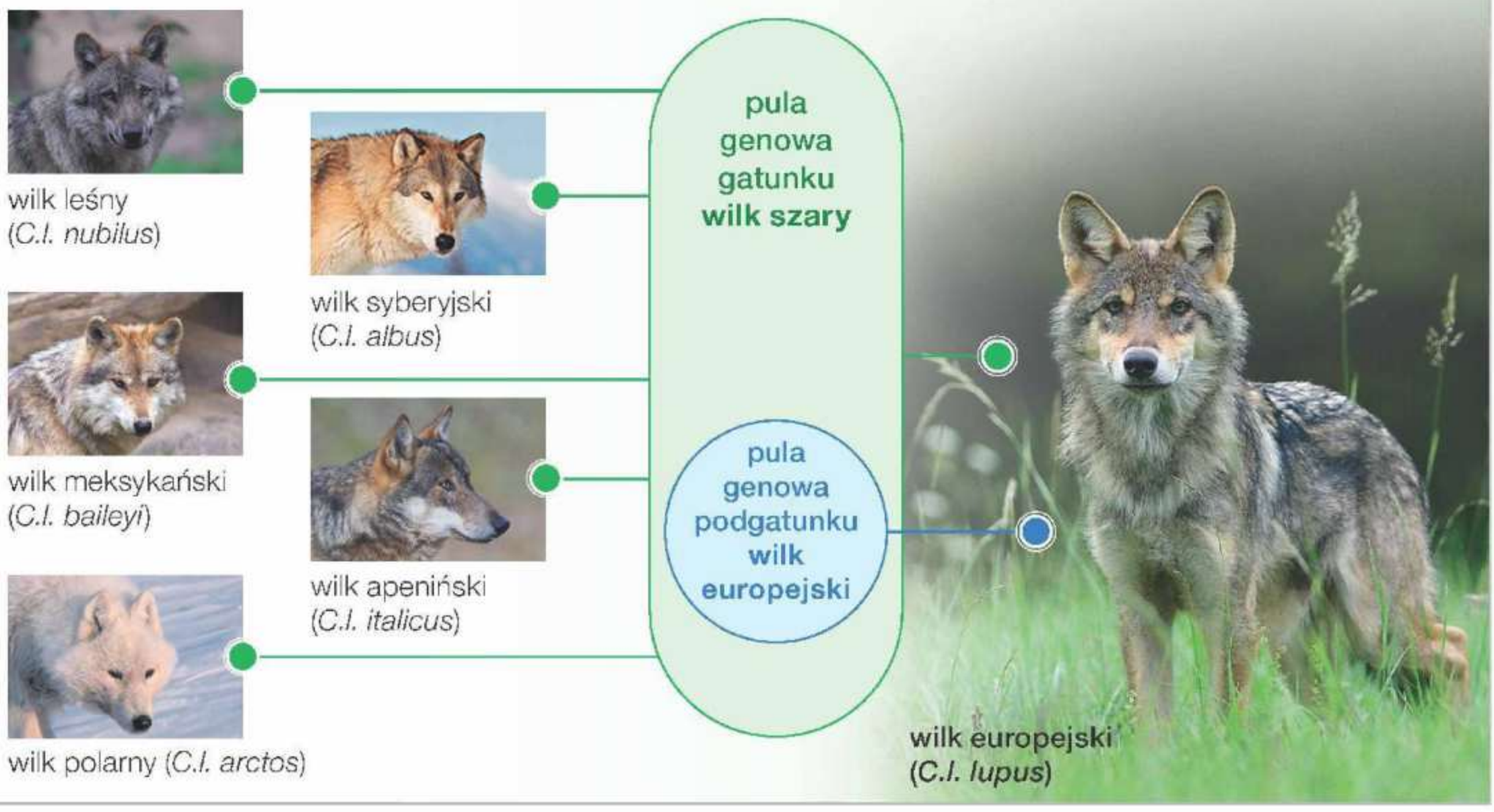
Gatunek to grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa. Ewolucję gatunku obserwuje się zwykle na poziomie **populacji**, czyli grupy osobników danego gatunku żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie (→ s. 271).

Wśród osobników wchodzących w skład populacji występuje **zmienność genetyczna**, wynikająca z obecności wielu różnych alleli. Sumę wszystkich możliwych alleli występujących u osobników danej populacji określa się mianem **puli genowej populacji**. Z kolei **pula genowa gatunku** to suma puli genowych wszystkich tworzących go populacji.

Ponieważ osobniki różnych gatunków nie krzyżują się ze sobą (nie ma między nimi wymiany genów), można powiedzieć, że **gatunek to izolowana pula genowa**.

Pula genowa gatunku na przykładzie wilka szarego

Wilk szary (*Canis lupus*) jest gatunkiem, u którego wyróżnia się wiele podgatunków. Pula genowa każdego podgatunku zawiera warianty genów odpowiadające za cechy, dzięki którym jest on lepiej przystosowany do danego środowiska. Pule genowe podgatunków tworzą razem pulę genową gatunku.



Populacja w stanie równowagi genetycznej

Podstawą genetyki populacyjnej jest prawo Hardy'ego–Weinberga, sformułowane w 1908 r. przez amerykańskiego matematyka **Godfreya Harolda Hardy'ego** [wym. godfreja harolda hardiego] i niemieckiego lekarza **Wilhelma Weinberga** [wym. wajnberga]. Prawo to określa w sposób matematyczny częstość występowania alleli i genotypów w populacji znajdującej się w stanie równowagi genetycznej. Pula genowa takiej populacji nie zmienia się z pokolenia na pokolenie, co oznacza, że populacja nie ewoluuje.

Prawo Hardy'ego–Weinberga głosi, że w populacji będącej w stanie równowagi genetycznej częstość występowania alleli wszystkich genów jest stała w każdym pokoleniu. Z tego powodu stała jest również częstość występowania genotypów, która zależy tylko od częstości występowania alleli.

Populacja znajduje się w stanie równowagi genetycznej tylko wtedy, gdy spełnia określone warunki.

Działanie prawa Hardy'ego–Weinberga

Jeżeli na izolowany teren wprowadzi się grupę osobników homozygotycznych, np. homozygoty *AA* i *aa*, to po pewnym czasie obok homozygot *AA* i *aa* pojawią się także heterozygoty *Aa*. Ponadto jeżeli zostaną spełnione warunki dotyczące modelu populacji w stanie równowagi genetycznej, to między osobnikami o wymienionych genotypach ustali się pewien stan równowagi. Będzie się on wyrażał stałą częstością występowania genotypów *AA*, *Aa* i *aa* we wszystkich kolejnych pokoleniach potomstwa tej populacji.

Zgodnie z prawem Hardy'ego–Weinberga częstość występowania genotypów w kolejnym pokoleniu można obliczyć na podstawie rozwinięcia dwumianu $(p + q)^2$. Rozwinięcie to określa się mianem równania Hardy'ego–Weinberga.

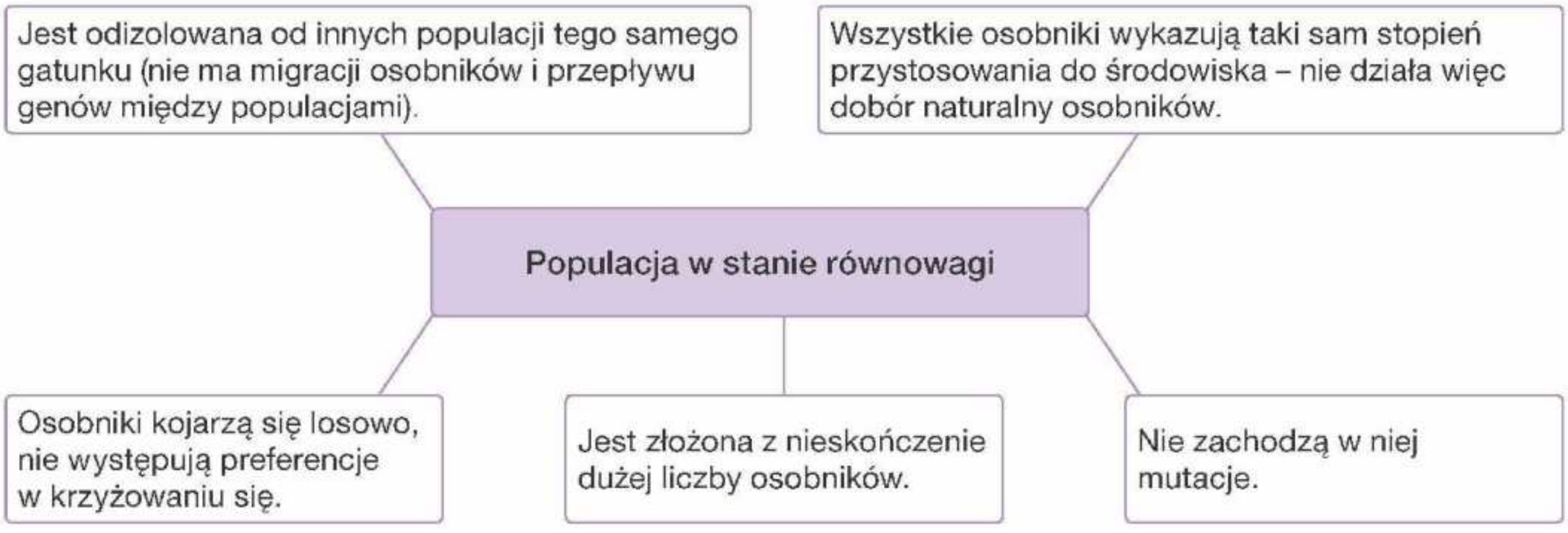
p – częstość występowania allelu *A*
q – częstość występowania allelu *a*
(gdzie p + q = 1)

$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

p^2 → *AA*; $2pq$ → *Aa*; q^2 → *aa*

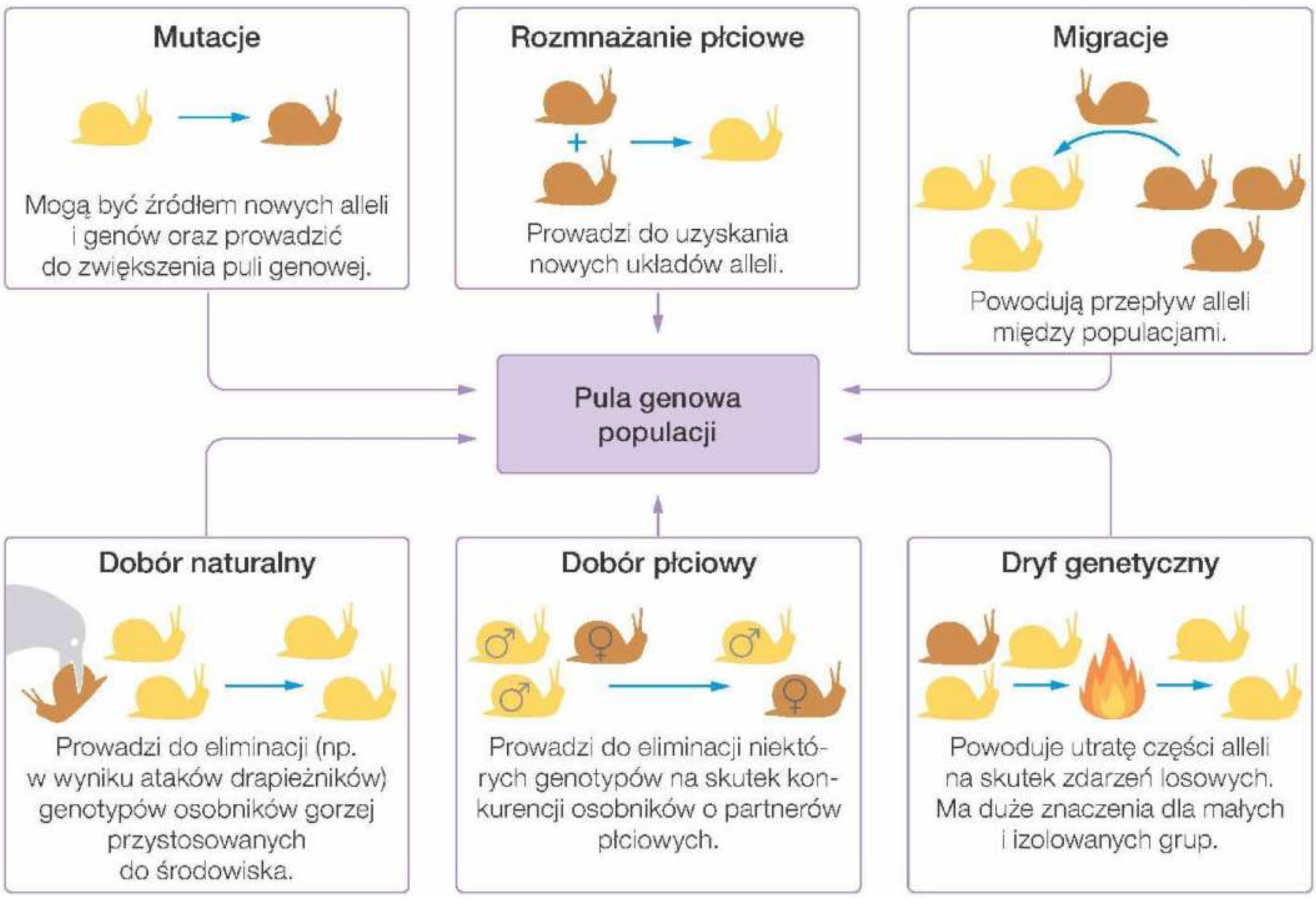
W przyrodzie nie istnieje populacja, która spełniałaby wszystkie warunki wymienione w prawie Hardy'ego–Weinberga. Jednak już samo określenie tych warunków miało ogromne znaczenie dla wnioskowania na temat procesów ewolucji. Po pierwsze uświadamiało ono, że w pulach genowych populacji istniejących w przyrodzie zachodzą nieustanne zmiany. Po drugie wskazywało na przyczyny zachodzenia zmian, czyli na czynniki ewolucji. Do czynników tych należą: mutacje, przepływ genów (migracje), brak kojarzenia losowego, mała liczebność populacji oraz działanie doboru naturalnego.

Warunki równowagi Hardy'ego–Weinberga



Przyczyny zmian częstości występowania alleli w populacji

Ewolucję można zaobserwować dzięki badaniu zmian częstości występowania alleli w puli genowej populacji na przestrzeni wielu pokoleń. Najważniejsze przyczyny tych zmian przedstawia poniższy schemat.



Dryf genetyczny – przypadkowe zmiany ewolucyjne

W dużej populacji eliminacja kilku osobników lub nieprzystąpienie ich do rozrodu z reguły nie ma większego wpływu na pulę genową. W populacji mało licznej i izolowanej od innych śmierć lub nieprzystąpienie do rozrodu nawet jednego osobnika w istotny sposób wpływa na jej pulę genową, może np. wyeliminować jakiś rzadki allel lub przeciwnie – zwiększyć częstość jego występowania. Dotyczy to alleli korzystnych, alleli obojętnych i alleli szkodliwych dla dostosowania osobników. Dodatkowo należy pamiętać, że allele są przekazywane potomstwu losowo. Gdy liczba potomstwa jest mała, rozkład genotypów może być niezgodny z rozkładem wyliczonym teoretycznie na podstawie praw Mendla. Wynika to z faktu, **że dziedziczenie cech podlega rachunkowi prawdopodobieństwa**. Może się więc zdarzyć, że całe potomstwo heterozygoty *Aa* odziedziczy po niej jedynie allel *a*.

Przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej małej, izolowanej populacji określa się mianem **dryfu genetycznego**. W odróżnieniu od doboru naturalnego **dryf genetyczny nie prowadzi do powstawania adaptacji**, nie zwiększa zatem przystosowania osobników danej populacji do środowiska. Zmiany zachodzące w wyniku jego działania są całkowicie losowe – mogą być korzystne lub niekorzystne.

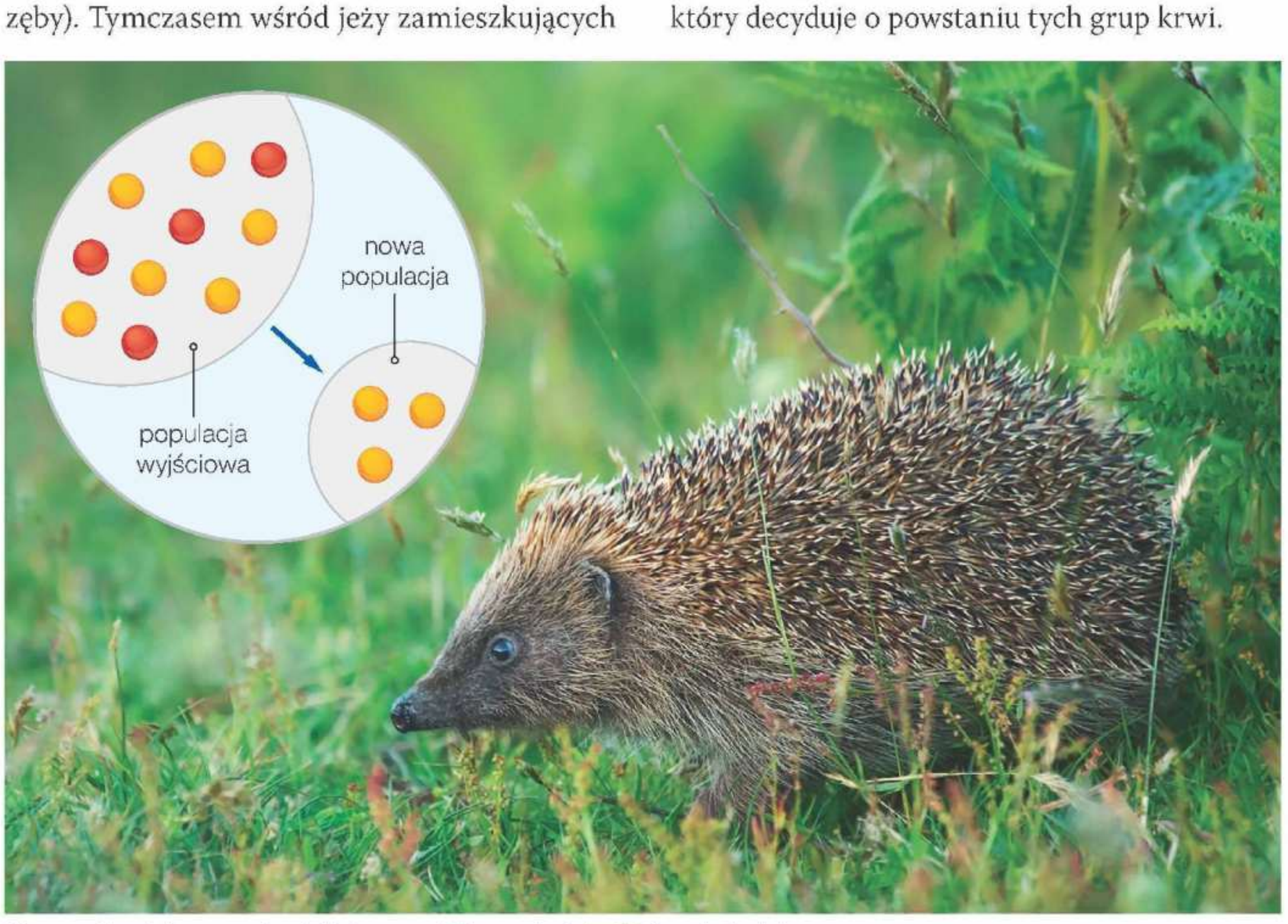
Efekt założyciela

Jedną z postaci dryfu genetycznego jest **efekt założyciela**. Występuje on wówczas, gdy mała grupa osobników jednej populacji przemieści się na nowy, izolowany teren, np. na wyspę. Pula genowa tej populacji zależy od niewielkiej liczby założycieli i alleli ich genów. Zmiany w tej puli, w porównaniu z pulą populacji wyjściowej, zachodzą przypadkowo, dlatego są trudne do przewidzenia, a częstość występowania poszczególnych alleli jest inna niż w populacji wyjściowej. Ponadto niektóre allele mogą w ogóle nie występować w puli genowej, jeżeli nie miał ich żaden z założycieli.

Zmianę częstości występowania alleli można prześledzić na przykładzie jeża europejskiego. W 1890 r. na Nową Zelandię przeniesiono 12 osobników tego gatunku. W miarę upływu czasu populacja jeży sukcesywnie się zwiększała, a przeprowadzone badania wykazały, że prawie połowa jej osobników ma nieprawidłowe uzębienie (brak niektórych zębów lub dodatkowe zęby). Tymczasem wśród jeży zamieszkujących Europę nieprawidłowe uzębienie występowało bardzo rzadko. Można zatem przypuszczać, że wśród 12 osobników – założycieli nowozelandzkiej populacji jeża – znajdował się nosiciel rzadkiego allelu genu determinującego tę cechę. Allel ten, jak stwierdzono, nie wpływał na wartość przystosowawczą osobników, rozprzestrzeniał się więc przypadkowo, tzn. zgodnie z zasadami dryfu genetycznego.

Powyższy przykład pokazuje, że skutkiem efektu założyciela może być częste występowanie pewnej cechy w populacjach małych i izolowanych, podczas gdy w populacji wyjściowej cecha ta będzie występować sporadycznie.

Z kolei brak niektórych alleli w puli genowej populacji można zaobserwować na przykładzie Aborygenów. Aborygeni wywodzą się prawdopodobnie z niewielkiej populacji pochodzącej z południowo-wschodniej Azji, która zasiedliła Australię ok. 50 tys. lat temu. Nie występują u nich grupy krwi B i AB. Oznacza to, że żaden z założycieli tej populacji nie był nosicielem allelu I^B, który decyduje o powstaniu tych grup krwi.



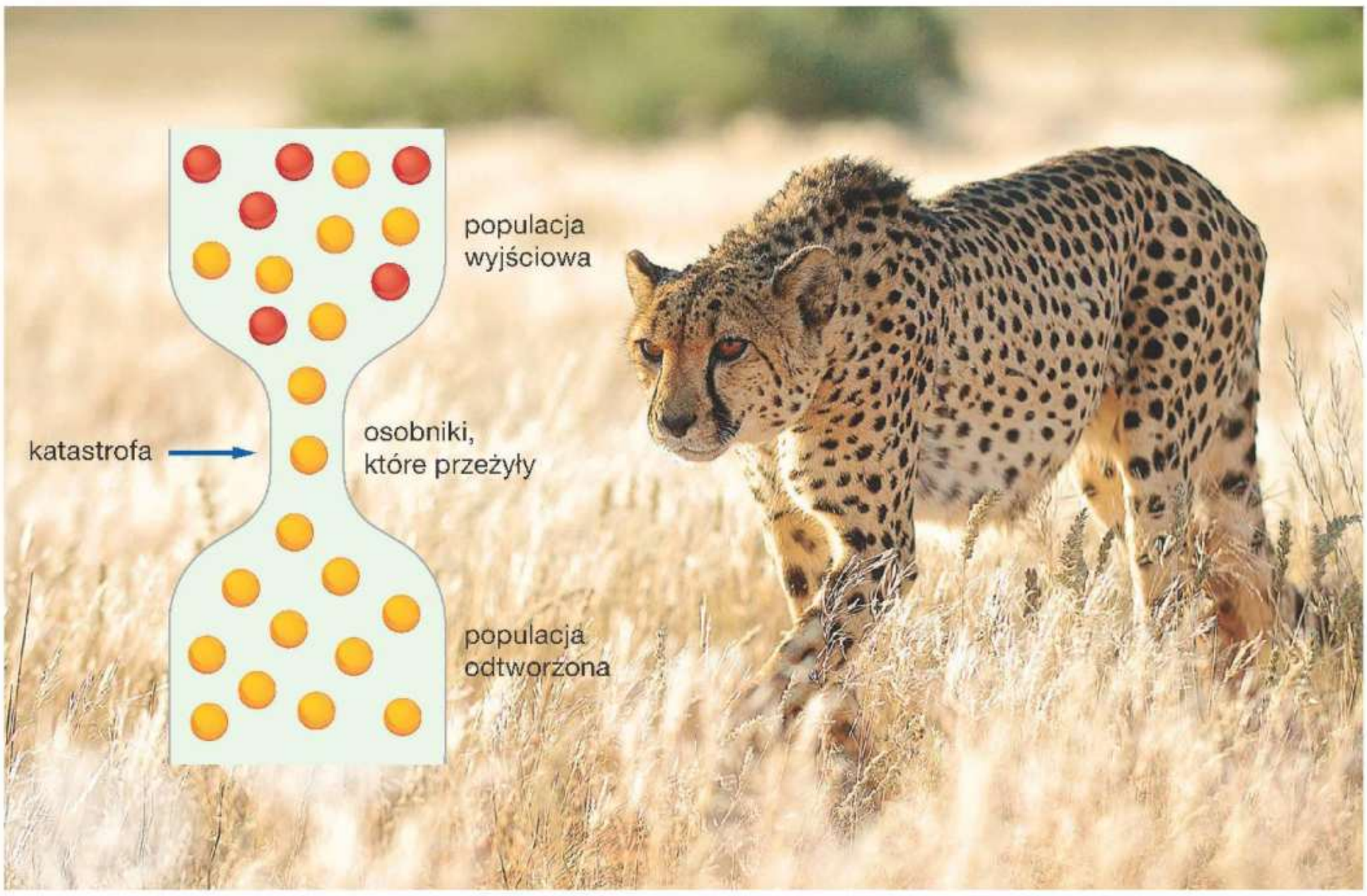
Nowozelandzka populacja jeża powstała na skutek efektu założyciela.

Efekt wąskiego gardła

Dryf genetyczny obserwuje się także u części gatunków żyjących w dużych populacjach, w których w rozmnażaniu bierze udział mała liczba osobników (np. najsilniejsze samce u fok). Ujawnia się on również w sytuacji gwałtownego zmniejszenia liczebności istniejącej populacji, spowodowanego np. powodzią, suszą, pożarem lub chorobą zakaźną. Wówczas w odtwarzaniu populacji bierze udział mała liczba osobników pozostałych przy życiu. W obu tych przypadkach pula genowa populacji jest wyraźnie zawężona (zubożona), dlatego zjawisko to nazywa się **efektem wąskiego gardła** lub **efektem szyjki od butelki** (ang. *bottleneck*). Prowadzi ono do obniżenia różnorodności genetycznej populacji, co stwarza duże ryzyko jej wyginięcia, np. na skutek pojawienia się groźnego patogenu w postaci wirusa czy bakterii.

Przykładem potwierdzającym występowanie efektu wąskiego gardła są żyjące współcześnie populacje gepardów. Pochodzą one od niewielkiej liczby osobników, które przetrwały w surowych warunkach ostatniego zlodowacenia. Na skutek działań człowieka, m.in. intensywnych polowań, liczba gepardów jeszcze się zmniejszyła. Doprowadziło to do zubożenia puli genowej całego gatunku – w konsekwencji wszystkie żyjące obecnie gepardy wykazują znaczne podobieństwo genotypów. W południowoafrykańskiej populacji gepardów jest ono tak duże, że przeszczepiane między osobnikami tkanki i narządy na ogół nie ulegają odrzuceniu. Istnieje obawa, że drastyczne obniżenie różnorodności genetycznej może stać się przyczyną zupełnego wyginięcia gepardów. Obserwacje wskazują, że zwierzęta te są bardzo podatne na choroby oraz charakteryzują się zmniejszoną płodnością. Jest to związane z bliskim pokrewieństwem krzyżujących się osobników.

Efekt wąskiego gardła wystąpił także w przypadku żubra europejskiego. W Puszczy Białowieskiej żubry wyginęły w czasie I wojny światowej, a obecną populację odtworzono z zaledwie kilkunastu osobników sprowadzonych z ogrodów zoologicznych i ośrodków hodowli.



Efekt wąskiego gardła wystąpił m.in. w populacji gepardów.

Samouczek

Obliczanie częstości występowania genotypów i fenotypów w populacji na podstawie częstości występowania jednego z alleli

Przykład

W pewnej populacji roślin występują osobniki o kwiatach czerwonych i osobniki o kwiatach białych. Allel dominujący, oznaczony jako *A*, warunkuje czerwoną barwę kwiatów, natomiast allel recesywny, oznaczony jako *a*, warunkuje białą barwę kwiatów. Częstość występowania allelu dominującego *A* w tej populacji wynosi 0,6.

Zakładając, że populacja znajduje się w stanie równowagi genetycznej, oblicz częstość występowania w niej genotypów i fenotypów.

Krok 1

Na podstawie częstości występowania allelu dominującego (p) oblicz częstość występowania allelu recesywnego (q).

Częstość występowania allelu dominującego:

$A = p = 0,6$

Jeżeli $p + q = 1$, to $q = 1 - p$

Zatem:

$q = 1 - 0,6 = 0,4$

Krok 2

Oblicz częstość występowania genotypów w populacji opisanych roślin. Możesz to zrobić za pomocą krzyżówki genetycznej (a) lub równania Hardy'ego–Weinberga (b).

a) Jeśli chcesz posłużyć się krzyżówką genetyczną, to najpierw oznacz częstość występowania gamet. Częstość występowania gamet zawierających określony allel jest równa częstości występowania tego allelu w populacji.

Częstość występowania gamet:

$A = p = 0,6$

Częstość występowania gamet:

$a = q = 0,4$

Określ częstość występowania genotypów. W tym celu wykonaj krzyżówkę genetyczną (szachownicę Punnetta) dla dwóch osobników heterozygotycznych (*Aa* x *Aa*). Pozwoli Ci ona obliczyć częstość występowania poszczególnych genotypów (*AA*, *Aa*, *aa*) w następnym pokoleniu.

♀ \ ♂	*A* (p)	*a* (q)
A (p)	*AA* $p^2 = 0,36$	*Aa* $pq = 0,24$
a (q)	*Aa* $pq = 0,24$	*aa* $q^2 = 0,16$

Częstość występowania genotypów:

AA = 0,36; *Aa* = 0,24 + 0,24 = 0,48; *aa* = 0,16

b) Jeśli chcesz posłużyć się wzorem $p^2 + 2pq + q^2$, to częstość występowania genotypów obliczysz następująco:

AA = $p^2 = 0,6^2 = 0,36$

Aa = $2pq = 2 \times 0,6 \times 0,4 = 0,48$

Aa = $q^2 = 0,4^2 = 0,16$

Krok 3

Oblicz częstość występowania fenotypu kwiaty czerwone.

Kwiaty czerwone występują u homozygot *AA* i heterozygot, dlatego częstość ich występowania można obliczyć, sumując częstość występowania homozygot *AA* (p^2) i częstość występowania heterozygot *Aa* (2 pq).

Częstość występowania fenotypu kwiaty czerwone (homozygoty *AA* i heterozygoty *Aa*):

$p^2 + 2pq = 0,36 + 0,48 = 0,84$

Krok 4

Oblicz częstość występowania fenotypu kwiaty białe.

Kwiaty białe występują tylko u homozygot *aa*, dlatego częstość ich występowania można określić jako częstość występowania tego genotypu.

Częstość występowania fenotypu kwiaty białe:

$q^2 = 0,4^2 = 0,16$

Odpowiedź:

Częstość występowania genotypów wynosi odpowiednio: *AA* = 0,36; *Aa* = 0,48; *aa* = 0,16. Częstość występowania fenotypu kwiaty czerwone wynosi 0,84, a fenotypu kwiaty białe – 0,16.

Samouczek

Obliczanie częstości występowania alleli w populacji na podstawie częstości występowania jednego z fenotypów

Przykład 1

U człowieka jednym z układów grupowych krwi jest układ MN. Allele, które go determinują (oznaczane jako *M* i *N*), są kodominujące.

Oblicz częstość występowania alleli *M* i *N* w populacji, w której:

- **300 osób ma grupę krwi MM,**
- **500 osób ma grupę krwi MN,**
- **200 osób ma grupę krwi NN.**

Krok 1

Oblicz całkowitą liczbę osób w opisanej populacji.

Liczba osób:

$300 + 500 + 200 = 1000$

Krok 2

Na podstawie częstości występowania osobników z grupą krwi MM oblicz częstość występowania homozygot *MM* (p^2) w populacji.

$p^2 = 300 : 1000 = 0{,}3$

Krok 3

Na podstawie częstości występowania homozygot MM oblicz częstość występowania allelu *M* (p) w populacji.

$p = \sqrt{0{,}3} \approx 0{,}55$

Krok 4

Na podstawie częstości występowania allelu *M* oblicz częstość występowania allelu *N* (q) w populacji.

Jeżeli $p + q = 1$, to $q = 1 - p$

Zatem:

$q = 1 - 0{,}55 = 0{,}45$

Odpowiedź:

Częstość występowania allelu *M* w populacji wynosi 0,55, a allelu *N* – 0,45.

Przykład 2

W populacji europejskiej częstość występowania pewnej choroby dziedziczonej autosomalnie recesywnie wynosi 1 na 10 000 urodzeń.

Oblicz częstość występowania allelu zmutowanego i allelu prawidłowego w populacji.

Krok 1

Na podstawie częstości występowania choroby oblicz częstość występowania homozygot recesywnych (q^2) w populacji.

$q^2 = 1 : 10\,000 = 0{,}0001$

Krok 2

Na podstawie częstości występowania homozygot recesywnych oblicz częstość występowania allelu recesywnego (q) w populacji.

$q = \sqrt{0{,}0001} = 0{,}01$

Krok 3

Na podstawie częstości występowania allelu recesywnego oblicz częstość występowania allelu dominującego (p) w populacji.

Jeżeli $p + q = 1$, to $p = 1 - q$

Zatem:

$p = 1 - 0{,}01 = 0{,}99$

Odpowiedź:

Częstość występowania allelu zmutowanego w populacji wynosi 0,01, a allelu prawidłowego – 0,99.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, na czym polega dryf genetyczny, oraz podaj przykłady jego działania w przyrodzie.
2. Podaj trzy przykłady czynników, które mogą doprowadzić do wystąpienia efektu wąskiego gardła.
3. W jednej z populacji muszki owocowej stwierdzono, że częstość występowania allelu dominującego (*B*), determinującego szare ubarwienie ciała, wynosi 0,7. Wiedząc, że dla omawianego genu istnieją dwa allele (*B* – warunkujący barwę szarą, *b* – warunkujący barwę czarną), oraz zakładając, że populacja znajduje się w stanie równowagi genetycznej, oblicz prawdopodobną częstość występowania genotypów *BB*, *Bb* oraz *bb* w kolejnych pokoleniach muszki owocowej.

5.4. Powstawanie gatunków – specjacja

Ważne w tym temacie!

- mechanizm powstawania gatunków wskutek specjacji allopatrycznej i sympatrycznej
- warunki, w jakich zachodzi radiacja adaptacyjna

Istnieje wiele definicji gatunku. Najpowszechniejsza jest definicja oparta na **biologicznej koncepcji gatunku**. Według niej gatunek to grupa populacji, których osobniki w warunkach naturalnych mogą się ze sobą krzyżować i wydawać płodne potomstwo. Poszczególne gatunki są jednocześnie **izolowane rozrodczo,** co oznacza, że istnieje między nimi biologiczna różnica, która utrudnia lub uniemożliwia im krzyżowanie się, a co za tym idzie – wzajemne przekazywanie genów.

Zakres stosowania biologicznej koncepcji gatunku jest ograniczony do organizmów rozmnażających się płciowo. Organizmy, które nie rozmnażają się płciowo (np. bakterie), nie krzyżują się, zatem w ich przypadku nie dochodzi do izolacji rozrodczej. Na podstawie biologicznej koncepcji gatunku nie można również klasyfikować organizmów wymarłych.

Bariery rozrodcze

Krzyżowanie się osobników należących do różnych gatunków uniemożliwiają lub utrudniają bariery rozrodcze, zwane również **mechanizmami izolacji rozrodczej**. Dzięki nim nie zachodzi przepływ genów, co gwarantuje zachowanie odrębności puli genowej danego gatunku. Wyróżnia się **bariery prezygotyczne** (przedzapłodnieniowe) oraz **bariery postzygotyczne** (pozapłodnieniowe).

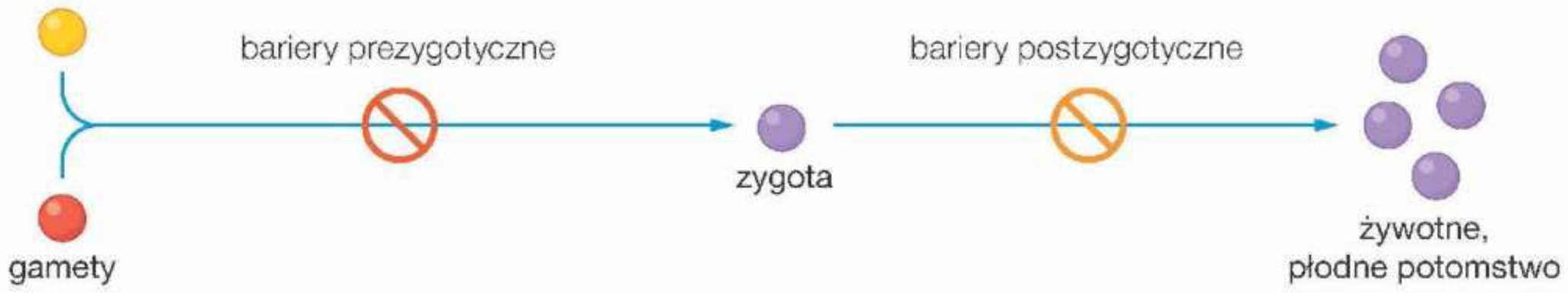
Większość barier prezygotycznych nie dopuszcza do kojarzeń międzygatunkowych (np. kopulacji).

Hybrydyzacja

W przypadku gdy bariery prezygotyczne zawiodą, dochodzi do **hybrydyzacji**, czyli krzyżowania się osobników należących do różnych gatunków. Potomstwo powstałe w wyniku hybrydyzacji nosi nazwę **hybryd** lub **mieszańców**. Hybrydyzacja występuje u wielu grup roślin (zwłaszcza wieloletnich roślin obcopylnych) i zwierząt (głównie tych, u których zachodzi zapłodnienie zewnętrzne). Mieszańce międzygatunkowe często giną na wczesnych etapach embriogenezy lub rozwijają się, ale są bezpłodne. Niekiedy jednak powstają mieszańce żywotne i płodne, które mogą osiągać sukces ewolucyjny i zajmować rozległe obszary.

Uwaga! Mianem hybrydyzacji określa się również krzyżówki między dwoma podgatunkami lub dwiema zróżnicowanymi genetycznie populacjami.

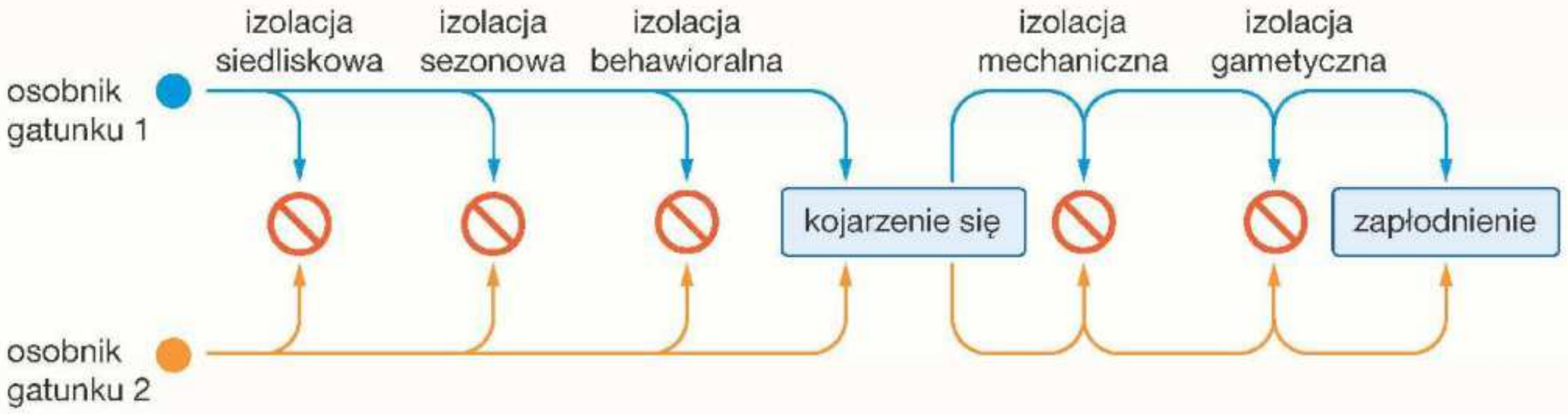
Rodzaje barier rozrodczych



Ze względu na moment działania wyróżnia się dwa rodzaje barier rozrodczych. **Bariery prezygotyczne** uniemożliwiają zapłodnienie i powstanie zygoty. Natomiast bariery **postzygotyczne** działają już po zapłodnieniu (po powstaniu zygoty) i zapobiegają powstaniu żywotnego, płodnego potomstwa.

Bariery prezygotyczne

Bariery prezygotyczne zapobiegają kojarzeniu się osobników należących do różnych gatunków lub zapłodnieniu z udziałem gamet pochodzących od przedstawicieli różnych gatunków.



Izolacja siedliskowa

Występuje w przypadku, gdy dwa gatunki żyjące na tym samym obszarze zajmują odmienne siedliska na okres godów i rozrodu. Na przykład żaba trawna (a) i żaba moczarowa (b) mogą występować w tym samym zbiorniku wodnym. Jednak żaba trawna odbywa gody przy brzegu zbiornika, a żaba moczarowa – w jego środkowej części.





Izolacja sezonowa

Występuje w przypadku, gdy okres godów i rozrodu dwóch gatunków żyjących na tym samym obszarze przypada na różne pory dnia lub roku. Na przykład dwa gatunki sosny – *Pinus radiata* (a) i *Pinus muricata* (b) – żyją na tym samym obszarze geograficznym. Mimo to nie krzyżują się, ponieważ okres ich pylenia przypada w innym czasie.





Izolacja behawioralna (etologiczna)

Jest związana z różnicami w zachowaniu się samic i samców poszczególnych gatunków w okresie godów oraz rozrodu. Polega na wysyłaniu i odbieraniu przez partnerów seksualnych bodźców, które umożliwiają rozpoznanie osobników własnego gatunku. Mogą to być m.in. bodźce wzrokowe, słuchowe lub zapachowe. Na przykład głuptaki niebieskonogie (a) i głuptaki galapagoskie (b) mają odmienne rytuały godowe, które umożliwiają im rozpoznanie przedstawicieli własnego gatunku.





Izolacja gametyczna

Występuje wtedy, gdy gamety różnych gatunków nie mogą połączyć się ze sobą, ponieważ istnieje między nimi chemiczna niezgodność. Na przykład komórki jajowe i plemniki należące do różnych gatunków jeżowców nie łączą się.



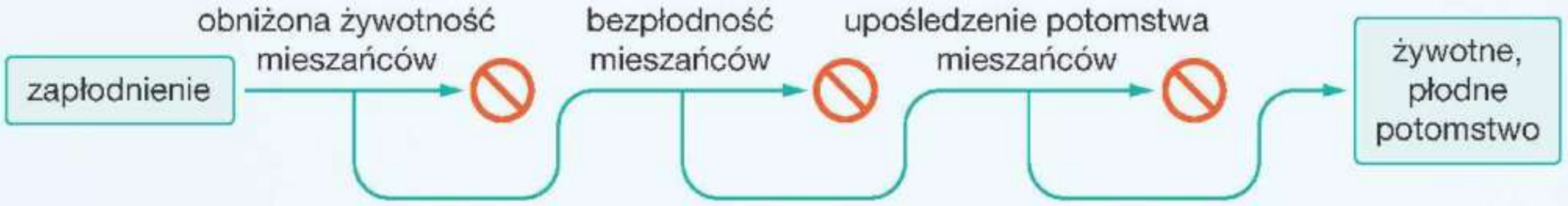
Izolacja mechaniczna

U roślin dotyczy m.in. odmiennej budowy kwiatów przystosowanych do różnych zapylaczy. U zwierząt jest związana głównie z odmienną budową narządów kopulacyjnych samic i samców należących do różnych gatunków zwierząt. Występuje np. u naczelnych z rodzaju *Galago*.



Bariery postzygotyczne

Bariery postzygotyczne działają np. wtedy, gdy dojdzie do zapłodnienia między gametami pochodzącymi od przedstawicieli dwóch różnych gatunków i powstanie zygota (mieszaniec międzygatunkowy).



Obniżona żywotność mieszańców

Polega na tym, że większość mieszańców ginie na wczesnych etapach embriogenezy. Na przykład międzygatunkowe mieszańce salamander z rodzaju *Ensatina* zazwyczaj giną na etapie zarodka. Te z nich, którym uda się zakończyć rozwój, mają najczęściej rozmaite defekty.



Bezpłodność mieszańców

Polega na tym, że potomstwo dwóch różnych gatunków osiąga wiek rozrodczy, jest ono jednak bezpłodne lub zachowuje tylko częściową płodność. Przykładem bezpłodnego mieszańca międzygatunkowego jest muł – otrzymany w hodowli mieszaniec klaczy konia i ogiera osła.



Upośledzenie (załamanie) potomstwa mieszańców

Występuje wtedy, gdy pierwsze pokolenie mieszańców międzygatunkowych zachowuje żywotność i zdolność rozmnażania się, a u drugiego pokolenia występują wady powodujące bezpłodność lub śmierć osobników. Sytuacja taka występuje m.in. u mieszańców powstałych w wyniku krzyżowania się bawełny kosmatej z bawełną peruwiańską.

Dowiedz się więcej

Hybrydyzacja a powstawanie gatunków

Proces hybrydyzacji stosunkowo często występuje u płazów. Jest to związane z zapłodnieniem zewnętrznym oraz niepełną izolacją rozrodczą między blisko spokrewnionymi gatunkami. Ponadto u płazów – znacznie częściej niż u innych kręgowców lądowych – dochodzi do powstawania żywotnych, płodnych mieszańców, które mogą osiągać sukces ewolucyjny i zajmować rozległe obszary. Znane są także przypadki międzygatunkowych mieszańców płazów, które utworzyły nowe gatunki.

W Europie Środkowej występuje grupa żab zielonych, do której należą: żaba śmieszka, żaba jeziorkowa i żaba wodna. Żaba wodna powstała ponad milion lat temu w wyniku hybrydyzacji żaby śmieszki i żaby jeziorkowej. Obecnie trzy gatunki żab zielonych tworzą populacje mieszane, w obrębie których krzyżują się ze sobą bez ograniczeń.



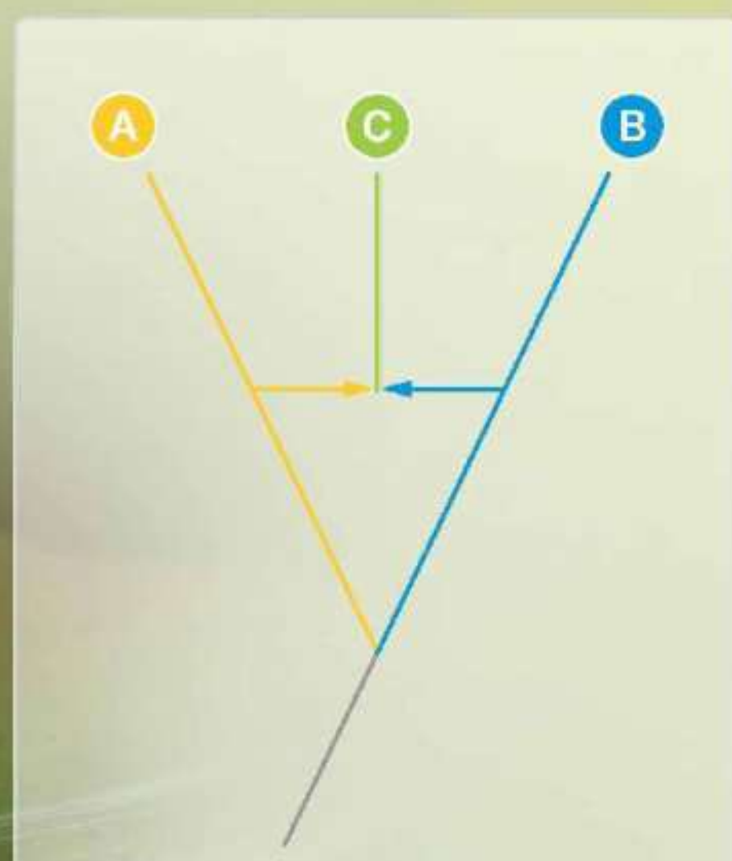
Żaba śmieszka.



Żaba jeziorkowa.



Żaba wodna.



Specjacja w wyniku hybrydyzacji międzygatunkowej.

Rodzaje specjacji

Izolacja rozrodcza, która wykształca się między populacjami należącymi do jednego gatunku, prowadzi do **specjacji**, czyli powstania nowych gatunków. Dzieje się tak, ponieważ w wyniku izolacji rozrodczej nie następuje przepływ genów między nowym gatunkiem a gatunkiem wyjściowym. W ten sposób pula genowa nowego gatunku jest różna od puli genowej gatunku wyjściowego. Najczęściej wykształcenie mechanizmów izolacji rozrodczej poprzedza pojawienie się izolacji geograficznej, czyli bariery geograficznej.

Ze względu na istnienie bariery geograficznej specjację dzieli się na: specjację allopatryczną i sympatryczną. Z kolei biorąc pod uwagę szybkość zachodzenia specjacji, wyróżnia się specjację stopniową i skokową.

Specjacja allopatryczna

Specjacja allopatryczna (łac. *allos* – 'inny'; *patria* – 'ojczyzna') zachodzi między populacjami jednego gatunku rozdzielonymi barierą geograficzną, np. pasmem górskim, zbiornikiem wodnym, lodowcem. W niektórych przypadkach bariery mają charakter mikrogeograficzny, np. pewne części jednego zbiornika wodnego mogą okresowo wysychać, dzięki czemu tworzą się odizolowane obszary uniemożliwiające swobodny przepływ genów między populacjami.

Specjacja allopatryczna to proces stopniowych i powolnych przekształceń, w którym można wskazać kilka etapów:

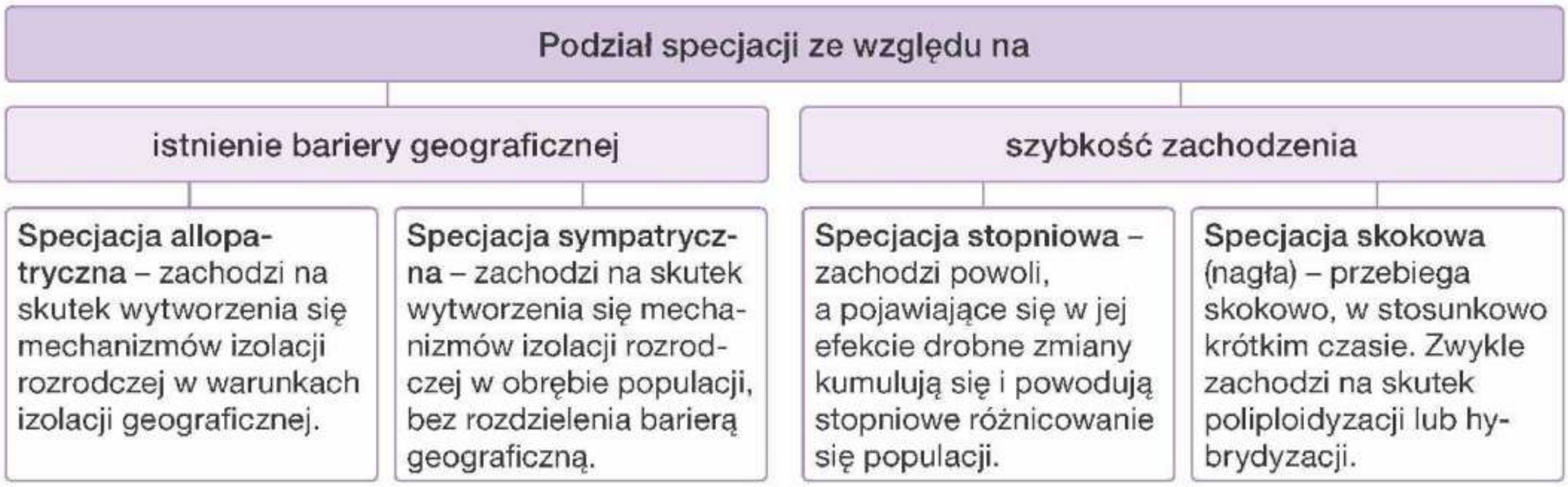
- **izolację geograficzną**, czyli przerwanie przepływu genów między populacją izolowaną a populacją wyjściową gatunku w wyniku powstania bariery geograficznej (np. w efekcie zlodowaceń, dryfu kontynentów, wypiętrzenia się łańcucha górskiego lub częściowego wyschnięcia zbiornika wodnego);
- **zmiany puli genowej populacji** odizolowanej od reszty gatunku. Zmiany te wynikają przede wszystkim z działania doboru naturalnego, który eliminuje osobniki nieprzystosowane do nowych warunków środowiska lokalnego;
- **wykształcenie mechanizmów izolacji rozrodczej** między osobnikami populacji gatunku wyjściowego a osobnikami populacji izolowanej. Zadziałają one w sytuacji przypadkowego spotkania osobników wymienionych populacji.

Proces specjacji allopatrycznej kończy się z chwilą wytworzenia między populacjami bariery rozrodczej, uniemożliwiającej kojarzenie się należących do nich osobników.

Przykłady specjacji allopatrycznej można często powiązać z historią tworzenia się barier geograficznych, np.:

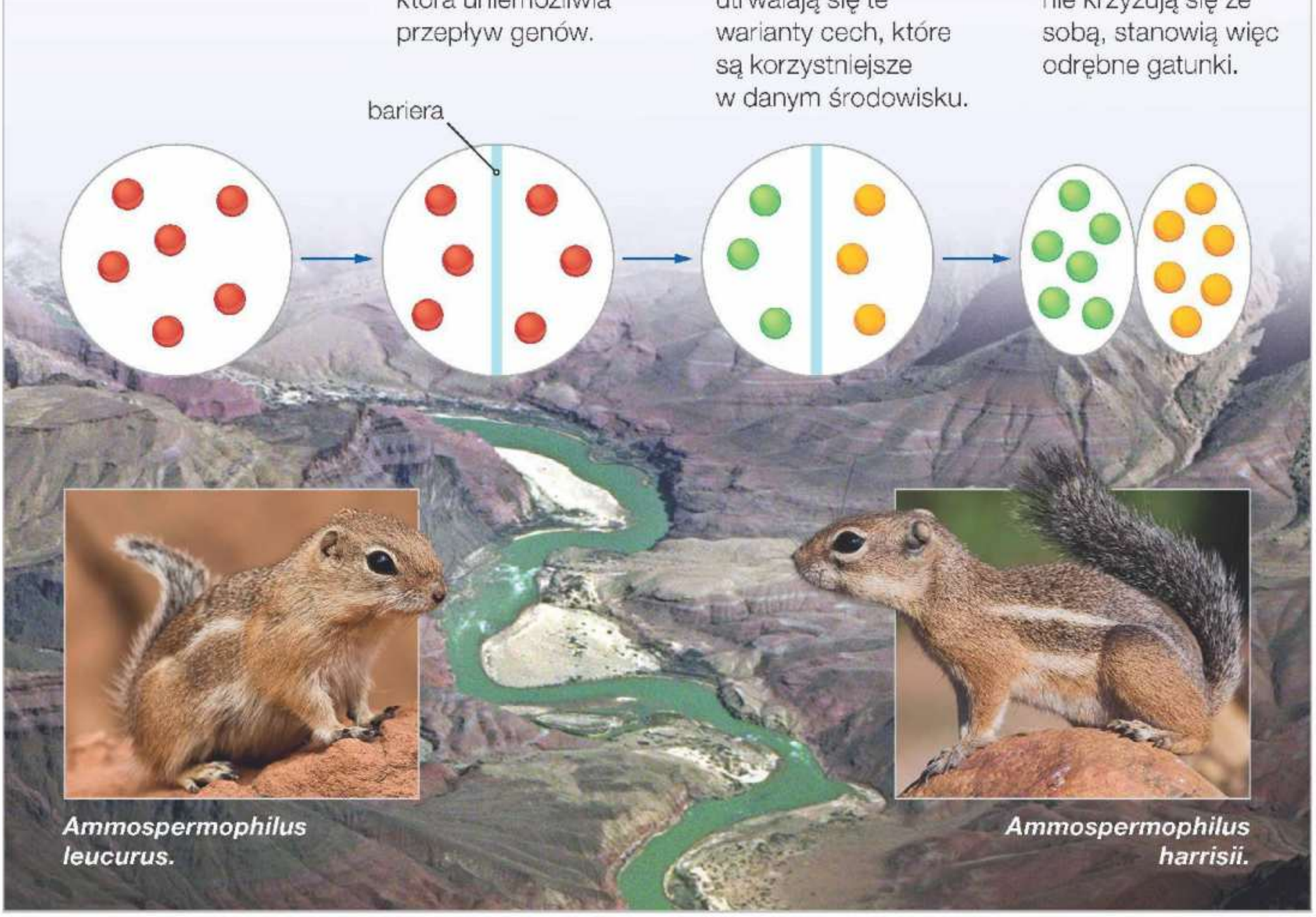
- ok. 3 mln lat temu powstał Przesmyk Panamski, czyli pasmo lądu łączące Amerykę Północną z Ameryką Południową. Przesmyk ten rozdzielił populacje organizmów morskich (m.in. krewetek i ryb) na populacje karaibskie oraz pacyficzne. Z czasem rozdzielone populacje przekształciły się w odrębne gatunki;
- ok. 2,5 mln lat temu w Afryce Środkowej powstała rzeka Kongo, która rozdzieliła populacje przodka dwóch współcześnie żyjących gatunków szympansa: szympansa zwyczajnego i szympansa karłowatego (bonobo).

Rodzaje specjacji – podział ze względu na wybrane kryteria



Specjacja spowodowana barierą geograficzną

Przykładem tego typu specjacji jest powstanie w Ameryce Północnej dwóch gatunków wiewiórek ziemnych z rodzaju *Ammospermophilus*. Barierą fizyczną było w tym przypadku utworzenie się Wielkiego Kanionu, czyli przełomu rzeki Kolorado przez Wyżynę Kolorado.



Specjacja sympatryczna

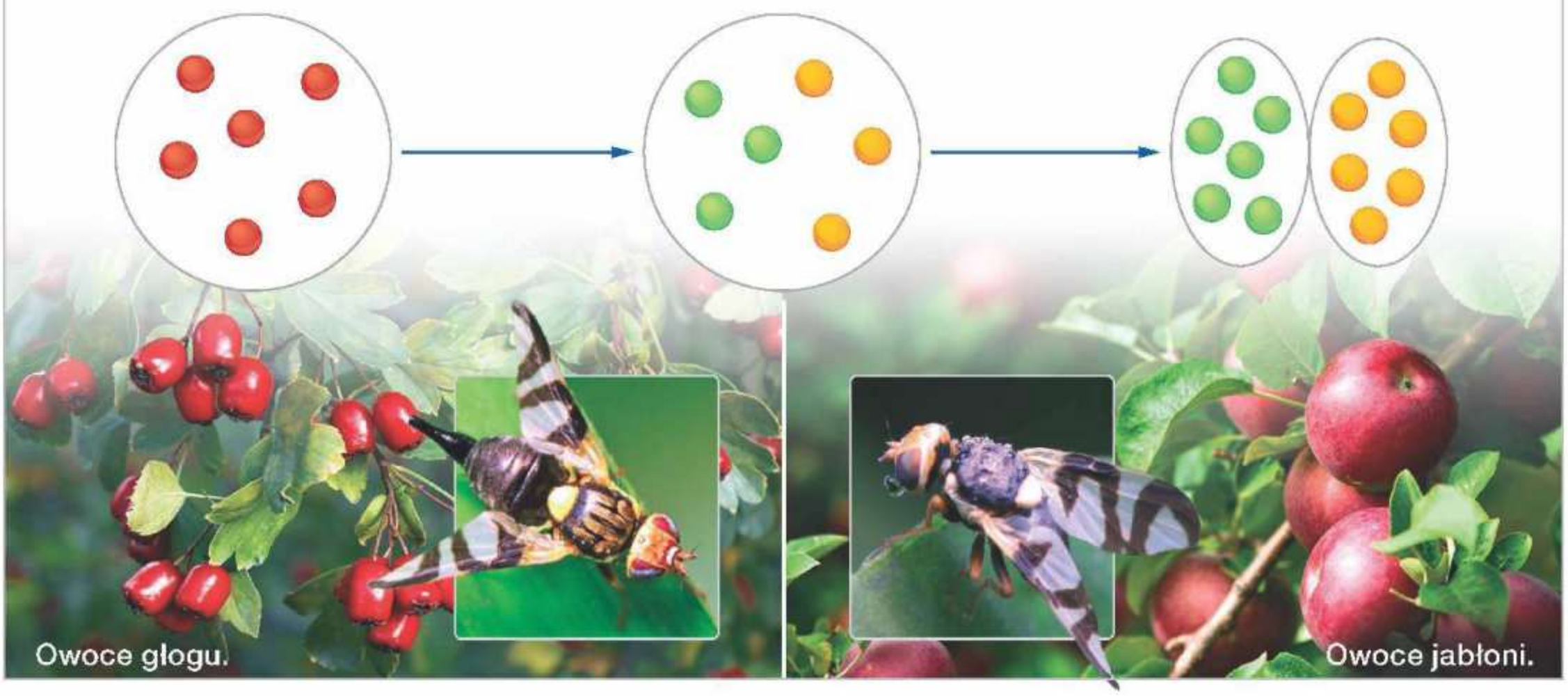
Specjacja sympatryczna (łac. *sym* – 'razem, wspólnie'; *patria* – 'ojczyzna') to sposób powstawania gatunków na tym samym obszarze geograficznym w wyniku izolacji rozrodczej. Specjacja ta zachodzi wówczas, gdy w obrębie populacji dojdzie do zróżnicowania między grupami osobników. Przyczyną zróżnicowania może być m.in. dobór różnicujący, dobór płciowy lub mutacja chromosomowa (poliploidyzacja). Jeżeli zmianom tym będzie towarzyszyć wykształcenie mechanizmów izolacji rozrodczej, które zapobiegną krzyżowaniu się osobników należących do utworzonych subpopulacji, to powstaną nowe gatunki. W przypadku specjacji sympatrycznej nie można wskazać jednego uniwersalnego sposobu powstawania gatunków.

Specjacja sympatryczna jest charakterystyczna głównie dla roślin, choć niekiedy zachodzi również u zwierząt. Możliwe, że w ten sposób powstało kilkaset gatunków kiełży w wodach jeziora Bajkał. Zwierzęta te żyją na różnej głębokości i w różnych częściach zbiornika, ponieważ są przystosowane do lokalnych mikrowarunków środowiska. Przypuszcza się, że wystąpiła u nich izolacja siedliskowa, która sprzyjała różnorodności przystosowań.

Specjacja zachodząca bez bariery geograficznej

Specjacja tego rodzaju może doprowadzić do rozdzielenia się na dwa odrębne gatunki nasionnicy jabłkówki – owada występującego w Ameryce Północnej. Jego larwy odżywiały się zwykle owocami głogu, jednak ok. 200 lat temu część z nich zaczęła odżywiać się owocami jabłoni. Obecnie owady tego gatunku składają jaja na tych owocach, na których żerowały jako larwy – w takich też grupach zwykle się krzyżują.

1. Populacja wyjściowa.
2. Osobniki populacji dzielą się na dwie grupy, różniące się np. preferencjami pokarmowymi.
3. Osobniki należące do różnych grup nie krzyżują się.



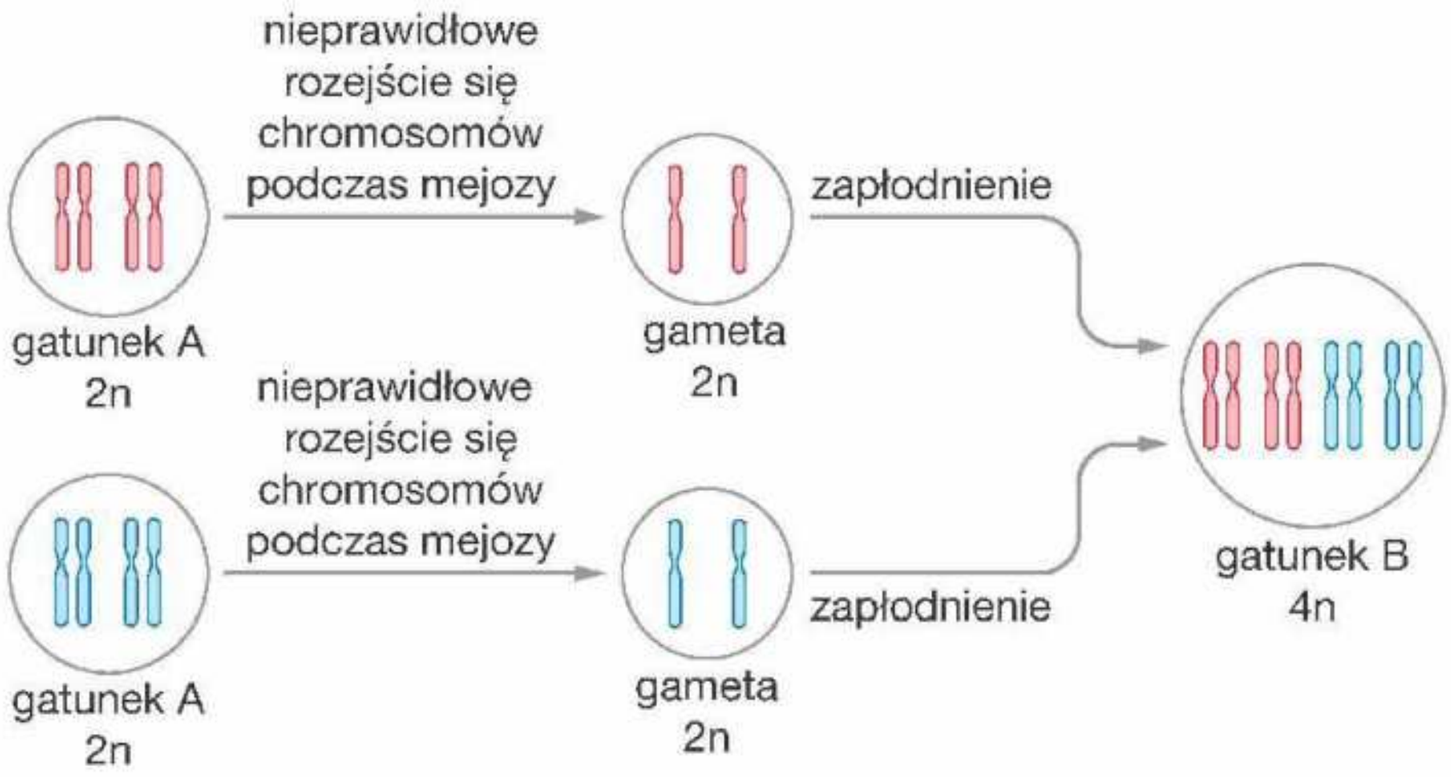
Specjacja stopniowa i specjacja skokowa

Specjacja zachodzi zwykle stopniowo i polega na postępującym różnicowaniu się poszczególnych populacji w obrębie gatunku wyjściowego, aż do powstania nowych gatunków izolowanych rozrodczo. Niekiedy jednak proces ten przebiega skokowo w stosunkowo krótkim czasie. Przykładem jest powstawanie gatunków na drodze **poliploidyzacji**, czyli zwielokrotnienia liczby genomów (zestawów chromosomów) w komórkach. Ten typ specjacji obserwuje się głównie u roślin, u których poliploidalność jest zjawiskiem powszechnym. Szacuje się, że przynajmniej 35% gatunków roślin kwiatowych stanowią poliploidy. Gatunki poliploidalne mają często inne właściwości fizjologiczne i ekologiczne niż diploidalne gatunki wyjściowe, dlatego mogą zajmować odmienne nisze ekologiczne. Poliploidalność nie powoduje jednak pojawiania się nowych cech morfologicznych, np. inaczej zbudowanych liści czy kwiatów. Z tego względu nie wpływa ona na ewolucję nowych rodzajów i wyższych jednostek systematycznych.

Naturalne poliploidy obejmują zarówno **autopoliploidy** (zwielokrotniony genom pochodzący od tego samego gatunku), jak i **allopoliploidy** (zwielokrotniony genom pochodzący od dwóch różnych gatunków). Większość allopoiploidów jest bezpłodna, ponieważ ich chromosomy nie są homologiczne i nie mogą tworzyć biwalentów w trakcie mejozy. Jeśli jednak w wyniku błędu podczas podziału komórkowego dojdzie do podwojenia liczby chromosomów, to utworzą się pary chromosomów homologicznych i mejoza będzie przebiegać prawidłowo. W ten sposób powstaną płodne mieszańce nowego gatunku.

Powstawanie autopoliploidów

Poliploidalność pojawia się zazwyczaj w wyniku nieprawidłowego przebiegu mejozy. Poliploidy o nieparzystej liczbie chromosomów (np. 3n, 5n) są zwykle bezpłodne, natomiast poliploidy o parzystej liczbie chromosomów (np. 4n, 6n) są płodne i stają się nowymi gatunkami izolowanymi rozrodczo.



W najprostszym przypadku osobniki tetraploidalne powstają w wyniku połączenia się dwóch gamet o diploidalnej liczbie chromosomów.

Radiacja adaptacyjna

Radiacja ewolucyjna to rozdzielenie się gatunku wyjściowego na liczne zróżnicowane linie rozwojowe (nowe gatunki) w stosunkowo krótkim czasie. Proces ten prowadzi do **dywergencji** (→ s. 204–205).

Najczęstszym typem radiacji ewolucyjnej jest **radiacja adaptacyjna** (przystosowawcza), podczas której populacje pochodzące od gatunku wyjściowego przystosowują się do odmiennych warunków środowiska lub odmiennych trybów życia. W wyniku wytwarzania nowych przystosowań z czasem dochodzi do specjacji. W związku z tym, że nowo powstałe gatunki zazwyczaj znacznie różnią się cechami morfologicznymi, fizjologicznymi i behawioralnymi, radiacja adaptacyjna może prowadzić do powstawania wyższych jednostek systematycznych, takich jak rodzaj, rodzina czy rząd.

Przykłady radiacji adaptacyjnej

Najbardziej znanym przykładem radiacji adaptacyjnej, która dokonała się na małym obszarze, jest **zróżnicowanie zięb Darwina** żyjących na wyspach Galapagos (→ s. 236–237). Pochodzą one od wspólnego przodka, który przedostał się na archipelag ze stałego lądu. Ponadto w wyniku radiacji adaptacyjnej powstało ponad 800 gatunków rodzaju *Drosophila* na Hawajach. Wywodzą się one prawdopodobnie z 17 gatunków *Drosophila*, występujących również w innych rejonach świata. Radiacja adaptacyjna zaszła także u ryb pielęgnicowatych żyjących w Wielkich Jeziorach Afrykańskich. Obecnie Jezioro Wiktorii zamieszkuje ok. 200 gatunków pielęgnic, jezioro Tanganika – ok. 140 gatunków, a jezioro Niasa (Malawi) – co najmniej 500 gatunków. Osobniki gatunku wyjściowego, który był przodkiem współczesnych pielęgnic, zasiedlały niegdyś jedno duże jezioro, które podzieliło się na kilka mniejszych zbiorników wodnych. W poszczególnych zbiornikach – a nawet w ich częściach – panowały odmienne warunki. Każda z rozdzielonych populacji pielęgnic wykształciła inne przystosowania, co doprowadziło do powstania nowych gatunków.

Przykładem radiacji adaptacyjnej, która dokonała się na dużym obszarze, jest **zróżnicowanie się ssaków łożyskowych**. Proces ten nastąpił w trzeciorzędzie, czyli ok. 65 mln lat temu. Przypuszcza się, że mógł on zajść m.in. w wyniku wymarcia dinozaurów, w którego konsekwencji zwolniło się wiele nisz ekologicznych.

RADIACJA ADAPTACYJNA
ZIĘB DARWINA

Przykładem radiacji adaptacyjnej, która dokonała się na małym obszarze, jest zróżnicowanie zięb Darwina zasiedlających wyspy Galapagos. Zięby Darwina to grupa ok. 20 gatunków blisko spokrewnionych niewielkich ptaków. Różnią się one przede wszystkim kształtem dziobów przystosowanych do odmiennych rodzajów pokarmu i technik jego zdobywania.



Przodkiem zięb Darwina był ptak odżywiający się nasionami. Jego najbliższym południowo-amerykańskim krewnym jest **ziarnojadek szary**.


Darwinka mała


Darwinka ostrodzioba


Darwinka czarna


Darwinka wielkodzioba


Darwinka kaktusowa


Darwinka grubodzioba


Kłowacz ciemnogłowy


Kłowacz kaktusowy


Kłowacz papugodzioby


Kłowacz mały


Zięba kokosowa


Owadziarka zielona


Kłowacz namorzynowy


Zięba wegetariańska

żywią się różnymi roślinami

żywią się głównie owadami

żywią się kaktusami

BADANIA GENETYCZNE ZIĘB DARWINA

W ostatnich latach ustalono, że za wielkość i kształt dzioba odpowiadają dwa geny. Jednym z nich jest gen *BMP4* (ang. *bone morphogenetic protein 4*), który determinuje szerokość i głębokość dzioba, a drugim – gen *CaM* (ang. *calmodulin*), który warunkuje długość dzioba. Ostateczna budowa dzioba zależy od stopnia ekspresji każdego z tych genów w trakcie rozwoju zarodkowego danego gatunku ptaka.

gen włączony ■ gen wyłączony □

◀ Owadziarka zielona

Żywi się przede wszystkim owadami i małymi nasionami. Ma cienki i krótki dziób przystosowany do mieszanej diety.

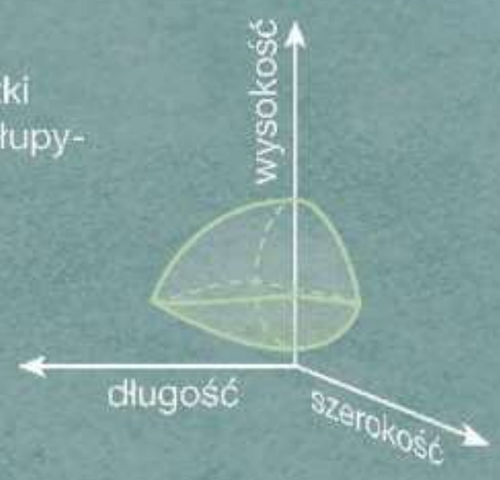
gen ***BMP4*** □
gen ***CAM*** □



Darwinka wielkodzioba ▶

Żywi się dużymi nasionami. Ma krótki i gruby dziób przystosowany do rozłupywania twardych owoców i nasion.

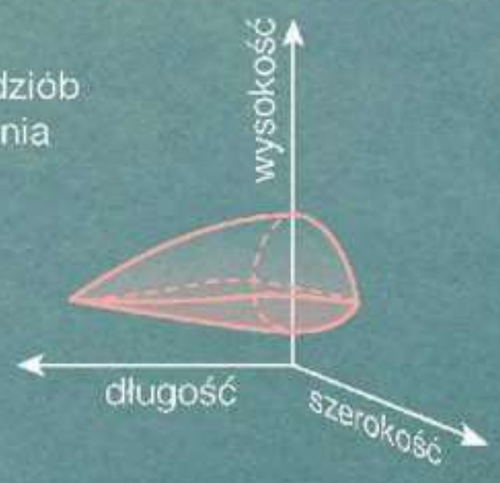
gen ***BMP4*** ■
gen ***CAM*** □



◀ Darwinka grubodzioba

Ma długi i stosunkowo cienki dziób przystosowany do wydłubywania nasion opuncji.

gen ***BMP4*** □
gen ***CAM*** ■



Dowiedz się więcej

Znaczenie doboru płciowego w powstawaniu gatunków

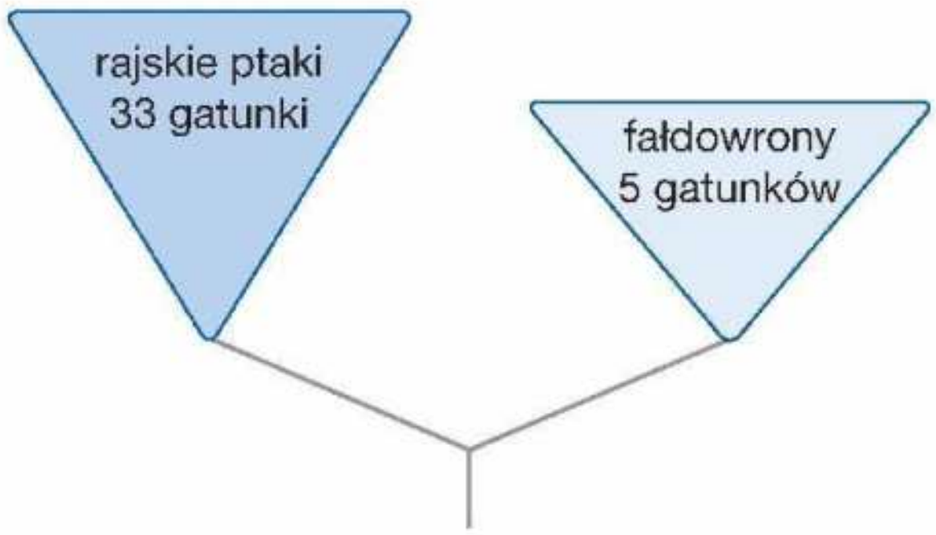
Darwin zaobserwował, że największe różnice między blisko spokrewnionymi gatunkami zwierząt dotyczą drugorzędowych cech płciowych samców (np. ornamentacji, barw czy odgłosów godowych). Różnice te można wytłumaczyć udziałem doboru płciowego w procesie powstawania gatunków. Preferencje seksualne samic mogą ewoluować w różnych kierunkach. Pod wpływem wyborów dokonywanych przez samice kształtują się również cechy płciowe samców. Zarówno zmiany preferencji seksualnych, jak i zmiany cech płciowych stają się główną przyczyną powstawania barier rozrodczych, a więc także specjacji.

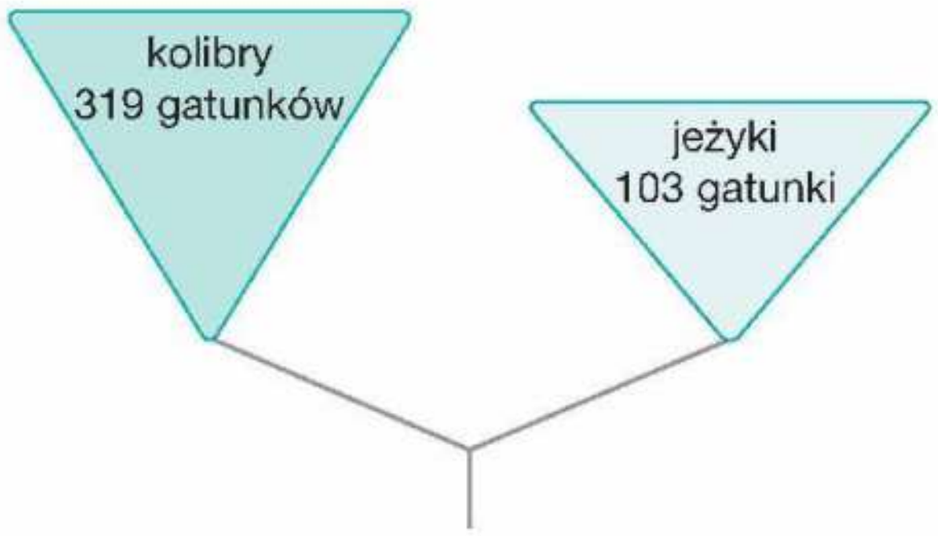












Klady ptaków monogamicznych (np. fałdowronów i jerzyków) charakteryzują się mniejszą różnorodnością gatunkową niż klady ptaków poligamicznych (np. rajskich ptaków i kolibrów). Z tego powodu uważa się, że dobór płciowy jest silniejszy u ptaków poligamicznych.

Polecenia kontrolne

1. Omów biologiczną koncepcję gatunku.
2. Wyjaśnij, dlaczego biologicznej koncepcji gatunku nie można stosować w odniesieniu do gatunków rozmnażających się bezpłciowo. Korzystając z dostępnych źródeł, podaj przykład takiego gatunku.
3. Omów klasyfikację mechanizmów izolacji rozrodczej, a następnie podaj po jednym przykładzie ich działania w przyrodzie.
4. Określ znaczenie mechanizmów izolacji rozrodczej.
5. Wyjaśnij pojęcie *specjacja*, a następnie podaj kryteria podziału specjacji na specjację sympatryczną i specjację allopatryczną.
6. Wymień i krótko scharakteryzuj etapy specjacji allopatrycznej.
7. Wyjaśnij, w jaki sposób mogło dojść do powstania licznych blisko ze sobą spokrewnionych gatunków, np. kiełży w obrębie jednego zbiornika wodnego.

5.5. Prawidłowości ewolucji. Koewolucja

Ważne w tym temacie!

- prawidłowości ewolucji
- znaczenie koewolucji

Ewolucję można rozpatrywać na różnych poziomach: alleli, osobników, populacji (mikroewolucja) oraz wyższych jednostek taksonomicznych, np. gromad, typów i królestw (makroewolucja). Analiza przebiegu ewolucji pozwala także dostrzec pewne powtarzające się reguły, czyli **prawidłowości ewolucji**. Ich istnienie świadczy o tym, że ewolucja nie jest procesem całkowicie przypadkowych przekształceń. Do podstawowych prawidłowości ewolucji należą: nierównomierne tempo, kierunkowość i nieodwracalność.

Mikroewolucja i makroewolucja

Mikroewolucją nazywa się zmiany częstości występowania alleli w pulach genowych populacji. W odpowiednich warunkach duże nagromadzenie zmian prowadzi do powstawania nowych gatunków. Przykładem mikroewolucji są zmiany zachodzące w populacjach w wyniku działania **doboru naturalnego** (np. melanizm przemysłowy występujący u krępaka nabrzozaka) oraz w wyniku **dryfu genetycznego** (np. efekt wąskiego gardła w populacji gepardów).

Makroewolucja to procesy ewolucyjne zachodzące na poziomie wyższym niż gatunek, które w długiej perspektywie czasu prowadzą do utworzenia wyższych jednostek systematycznych – rodzajów, rodzin, rzędów, gromad, królestw i domen. Najczęściej uważa się, że makroewolucja zachodzi w wyniku nagromadzenia się zmian mikroewolucyjnych.

Procesy makroewolucyjne obejmują m.in:

- powstawanie nowych planów budowy,
- wykształcenie nowych funkcji organów i narządów.

Zmiany te są związane z przystosowaniem do nowych środowisk (np. opanowaniem środowiska lądowego) lub trybów życia (np. umiejętność latania).



Preriokur dwuczuby występujący na terenie stanu Illinois (USA) charakteryzuje się bardzo małą zmiennością genetyczną. Jest to związane z efektem wąskiego gardła, który powstał w wyniku przekształcenia dotychczasowego siedliska populacji w pola uprawne.



Wodnogama australijska wykluwająca się z jaja. Przykładem makroewolucji jest wytworzenie się u gadów błon płodowych, które umożliwiły opanowanie środowiska lądowego. W efekcie powstała nowa gałąź ewolucyjna – owodniowce – obejmująca gady, ptaki i ssaki.

Tempo ewolucji

Tempo ewolucji, czyli szybkość zachodzenia zmian ewolucyjnych, jest nierównomierne. Ponadto zmiany zachodzące w wyniku procesów mikroewolucyjnych często mogą być obserwowane w populacji w ciągu kilku lub kilkunastu pokoleń, natomiast zmiany makroewolucyjne, znane jedynie z zapisu kopalnego, dotyczą bardzo długiego okresu – tysięcy, a nawet milionów lat.

Czynniki wpływające na tempo ewolucji:

- **struktura genetyczna populacji** – jest ona związana przede wszystkim z tempem mutacji zachodzących w materiale genetycznym osobników. Częste występowanie mutacji powoduje przyspieszenie tempa przemian ewolucyjnych;
- **warunki środowiska** – gwałtowne zmiany warunków środowiska przyspieszają tempo ewolucji. Z kolei stabilne warunki środowiska wpływają na wykształcanie coraz doskonalszych przystosowań i osiągnięcie stanu równowagi między populacją a środowiskiem, co spowalnia tempo ewolucji;
- **wielkość populacji** – w przypadku zmniejszenia liczebności populacji większe znaczenie odgrywa dryf genetyczny. W stosunkowo krótkim czasie powoduje on utratę części alleli w populacji na skutek zdarzeń losowych, co znacznie przyspiesza tempo przemian ewolucyjnych.

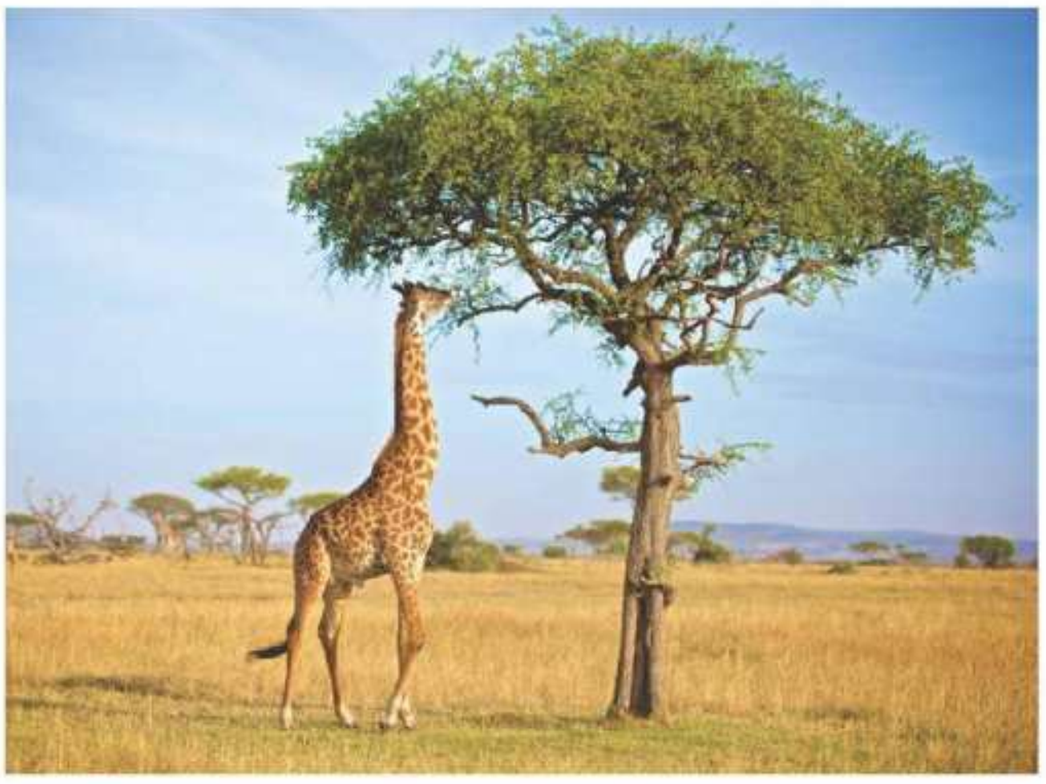
Tempo ewolucji określa się za pomocą metod naukowych, np.:

- badania skamieniałości,
- analizy DNA,
- ustalania wieku skał dzięki zastosowaniu metod radioizotopowych.

Bierze się przy tym pod uwagę liczbę jednostek taksonomicznych pojawiających się w określonym przedziale czasu, czas istnienia każdej z jednostek taksonomicznych oraz różnice w budowie organizmów należących do jednostek taksonomicznych jednej linii filogenetycznej.

Kierunkowość ewolucji

To, w jakim kierunku zmierza ewolucja, wynika m.in. z działania doboru naturalnego. Dobór naturalny eliminuje bowiem wiele cech niekorzystnych dla organizmów, a utrwala te cechy, które najlepiej przystosowują organizmy do warunków środowiska. Wraz ze zmianą warunków naturalnych kierunek działania doboru – a więc także kierunek zmian ewolucyjnych – również może się zmienić. Przykładem kierunkowości ewolucji jest wydłużanie się szyi u żyrafy. Prawdopodobnie na przodków żyrafy działał stały dobór kierunkowy – dłuższa szyja umożliwiała dosięgnięcie liści w wyższych warstwach koron drzew rosnących na sawannie. Z czasem w puli genowej populacji żyrafy zaczęły przeważać allele odpowiadające za długą szyję.



Żyrafa sawannowa ma długą szyję. Jest to przystosowanie, które umożliwia jej sięganie do liści w koronach drzew akacji.



Okapi jest bliskim krewnym żyrafy. Ma on jednak krótką szyję, ponieważ żyje w wilgotnym lesie równikowym, gdzie pożywienie jest dostępne na małej wysokości.

Nieodwracalność ewolucji

Ewolucja jest procesem nieodwracalnym. Oznacza to, że nawet jeśli populacja danego gatunku powtórnie znajdzie się w środowisku, w którym żyli jej przodkowie, to nigdy nie wróci do stanu typowego dla swoich przodków. Dzieje się tak, ponieważ przebieg ewolucji jest wynikiem licznych zmian zachodzących w określonej kolejności, związanej m.in. z przekształceniami środowiska oraz procesami losowymi. Prawdopodobieństwo wystąpienia zmian w dokładnie odwrotnej kolejności jest znikome i przypuszczalnie nigdy nie zaszło w historii rozwoju organizmów.

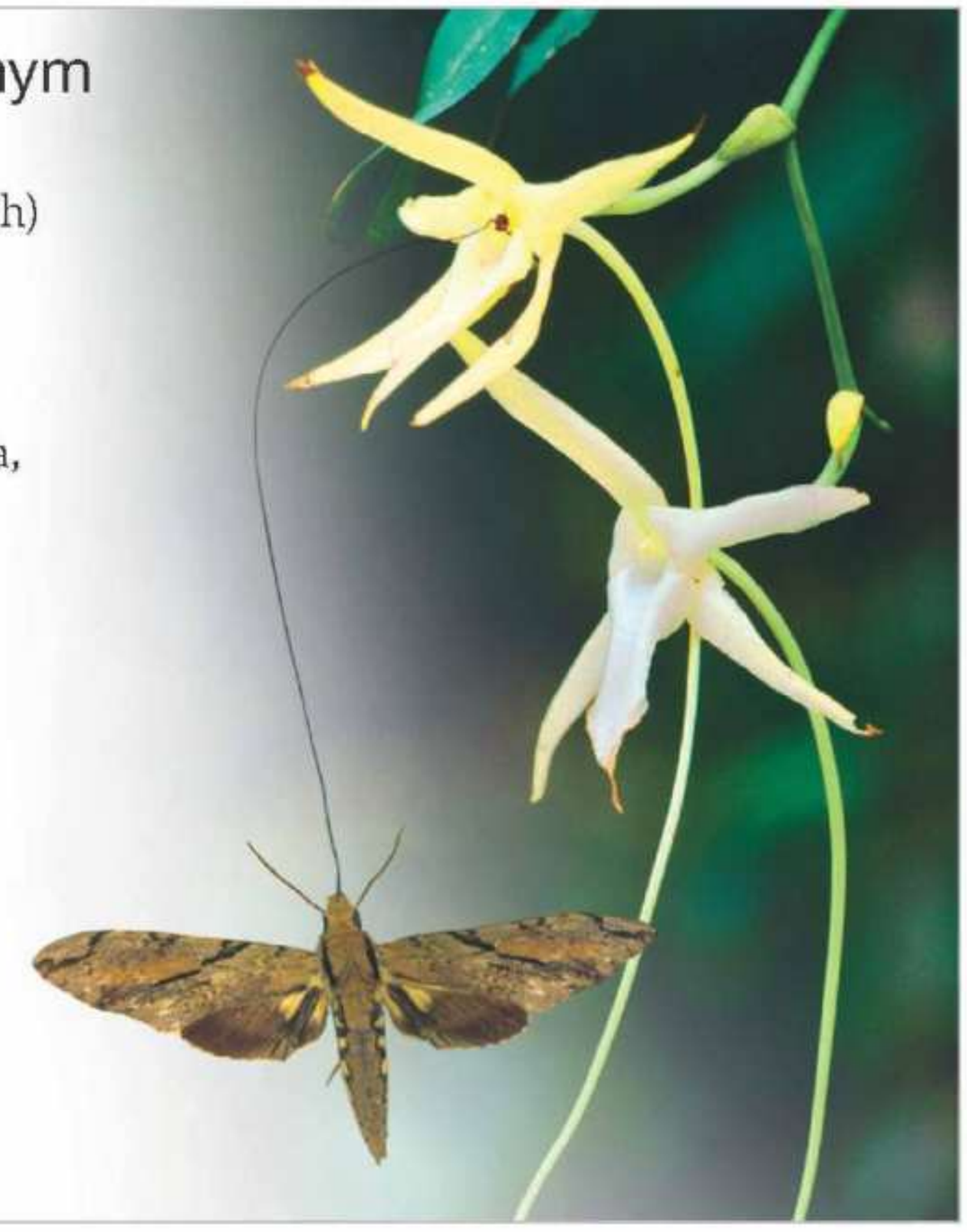
U niektórych organizmów, np. pasożytów wewnętrznych, doszło do znacznego uproszczenia budowy oraz redukcji niektórych struktur (np. narządów zmysłów). Zmiany te wynikały ze specjalizacji związanej z przystosowaniem do środowiska, a nie z cofnięcia się do etapu przodka. Zwiększały one sukces rozrodczy osobników, dlatego zostały utrwalone w wyniku doboru naturalnego. Nie można ich zatem traktować jako argumentów przemawiających za odwracalnością ewolucji.

Koewolucja – rozwijanie interakcji międzygatunkowych

Koewolucja oznacza wzajemną ewolucję populacji dwóch lub większej liczby gatunków, powiązanych silnymi zależnościami ekologicznymi, takimi jak konkurencja, drapieżnictwo, roślinożerność, pasożytnictwo czy mutualizm. Na przykład w przypadku drapieżnictwa presja wywierana przez drapieżnika na populację ofiary prowadzi do działania doboru naturalnego. W jego wyniku w populacji ofiar są eliminowane najsłabsze jednostki, a w kolejnych pokoleniach wzrasta liczba osobników, które trudniej upolować (np. szybszych, większych, lepiej się maskujących). Z powodu zmian w populacji ofiary muszą nastąpić zmiany w populacji drapieżników. Tylko osobniki najsilniejsze, najszybsze, o najlepiej rozwiniętych zmysłach będą miały szansę na zdobycie odpowiedniej ilości pokarmu, a więc na przeżycie oraz pozostawienie potomstwa. W konsekwencji zarówno populacja ofiar, jak i populacja drapieżników są coraz sprawniejsze. Sytuację tę określa się mianem **ewolucyjnego wyścigu zbrojeń**.

Koewolucja w układzie mutualistycznym

W wyniku koewolucji może dojść do zacieśnienia zależności mutualistycznych (obopólnie korzystnych) między gatunkami. Przykładem są wzajemne przystosowania kwiatów i owadów zapylających. W skrajnych przypadkach dany gatunek rośliny może być zapylany tylko przez jeden gatunek owada, a wyginięcie jednego gatunku oznacza wymarcie drugiego gatunku.



Storczyki z gatunku *Angraecum sesquipedale* mają długą ostrogę zawierającą nektar. Są one zapylane przez ćmy z gatunku *Xanthopan morgani*, charakteryzujące się wyjątkowo długą ssawką.

Mimikra i mimetyzm

Interesującym efektem koewolucji są zjawiska mimikry oraz mimetyzmu, które powstały w wyniku interakcji między drapieżnikiem a ofiarą.

Mimikra

Polega na upodabnianiu się gatunków bezbronnych do gatunków niesmacznych lub niebezpiecznych (trujących i jadowitych).



Gnilun.



Bzyg pospolity.

Prężec jasnonogi.

Osa niemiecka jest unikana przez drapieżniki ze względu na niebezpieczny jad. Upodobniły się do niej m.in. trzy gatunki bezbronnych owadów z rodziny bzygowatych.





Motyl *Limenitis arthemis* jest smaczny i nietrujący. Mimo to nie jest zjadany przez drapieżniki, ponieważ upodobnił się do *Battus philenor*.



Motyl *Battus philenor* jest unikany przez drapieżniki. W stadium larwy gromadzi on w ciele toksyczne związki roślinne, dlatego jest niesmaczny i trujący.

Mimetyzm

Polega na upodabnianiu się organizmów do otoczenia.



Actias dubernardi, zwany potocznie ćmą księżycową, ma skrzydła przypominające liście. Znajdują się na nich plamy imitujące oczy – mają one odstraszać potencjalne drapieżniki.



Modliszka storczykowa zarówno barwą, jak i kształtem naśladuje fragmenty kwiatów storczyka. Dwie pary odnóży krocznych przypominają płatki kwiatów, przy czym przednia para pełni funkcję chwytną.



Owady z rodzaju *Umbonia* upodabniają się do kolców roślin. Dzięki temu stają się niewidoczne dla drapieżników.



Patyczaki upodabniają się kształtem i barwą do łodyg roślin.

Polecenia kontrolne

1. Wymień czynniki, które mogą wpływać na tempo ewolucji, oraz określ sposób działania każdego z nich.
2. Podaj przykład świadczący o nierównomierności tempa ewolucji.
3. Wyjaśnij, dlaczego ewolucja jest nieodwracalna.
4. Wyjaśnij znaczenie pojęcia *koewolucja*.
5. Korzystając z wiarygodnych źródeł, podaj przykłady koewolucji zachodzącej w układzie pasożyt–ofiara.

5.6. Antropogeneza

Ważne w tym temacie!

- formy kopalne człowiekowatych
- pokrewieństwo człowieka z innymi zwierzętami
- podobieństwa między człowiekiem a innymi naczelnymi
- cechy odróżniające człowieka od małp człekokształtnych
- ewolucja człowieka

Człowiek rozumny (*Homo sapiens*) należy do królestwa zwierząt. Zajmuje on jednak w przyrodzie pozycję wyjątkową ze względu na unikatowe cechy. **Antropogeneza**, czyli szczegółowy przebieg procesów ewolucyjnych, które doprowadziły do powstania gatunku *Homo sapiens*, jest przedmiotem badań nauki zwanej antropologią fizyczną.

Powiązania człowieka ze światem zwierząt

Miejsce człowieka w systemie klasyfikacji organizmów wyznaczył w XVIII w. Karol Linneusz. Usytuował on człowieka w rzędzie naczelnych, opierając się głównie na wspólnych cechach morfologicznych. Przynależność systematyczną człowieka w obecnie obowiązującym systemie klasyfikacji filogenetycznej ustalono dzięki wykorzystaniu m.in. wyników badań z paleontologii, biologii molekularnej i genetyki. Na ich podstawie stwierdzono, że człowiek ma wiele cech wspólnych z przedstawicielami małp człekokształtnych, zwłaszcza z szympansami, gorylami oraz orangutanami. Świadczą o tym m.in.:

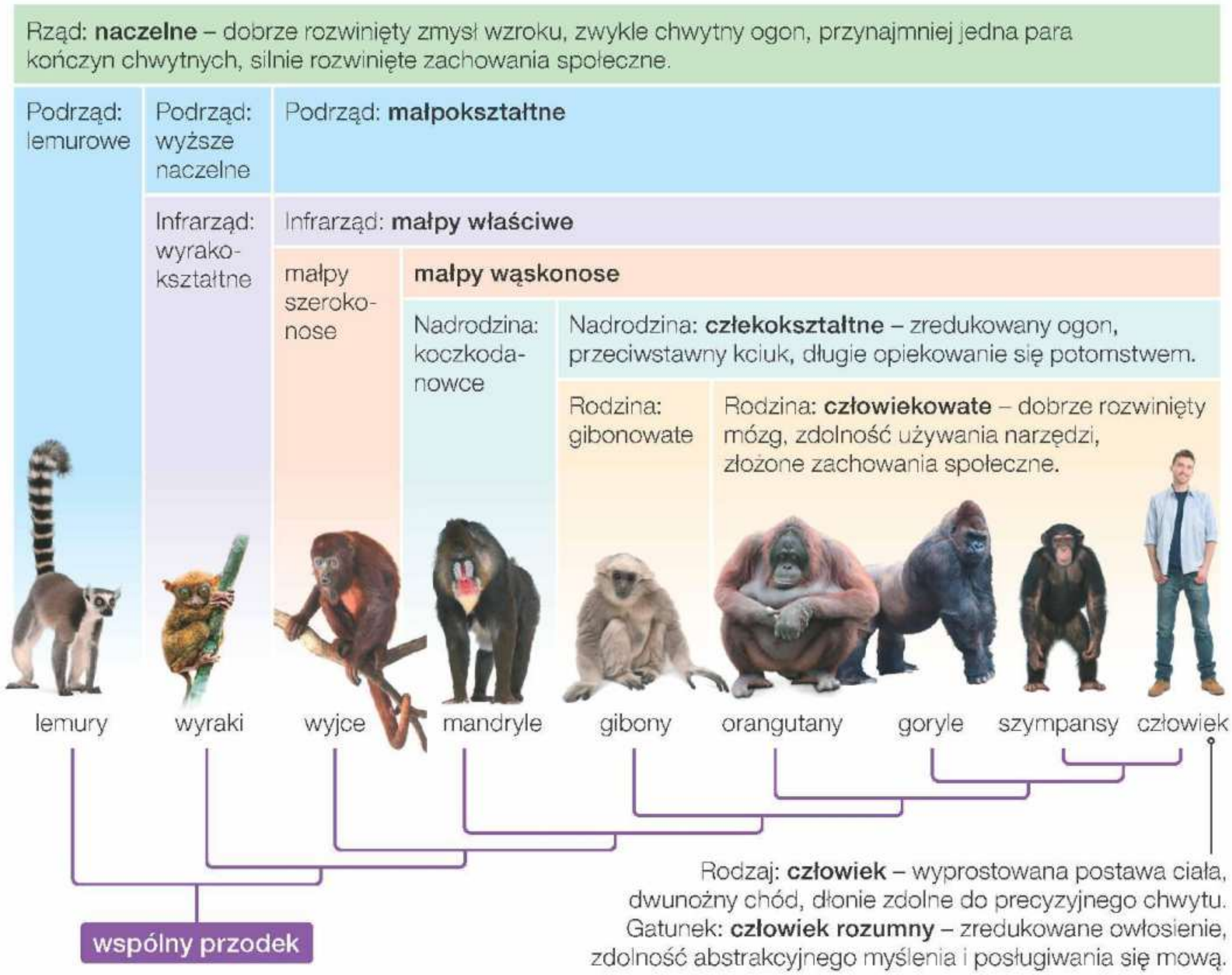
- **podobieństwo budowy anatomicznej** – człekokształtne nie mają ogona, a szczątkowe kręgi ogonowe są u nich zrośnięte w jedną kość ogonową. Ponadto w kręgosłupie człekokształtnych znajduje się pięć masywnych kręgów lędźwiowych, przystosowanych do poruszania się w pozycji pionowej. Zwierzęta te cechują się również zbliżoną budową i podobnym rozmieszczeniem narządów wewnętrznych;
- **podobieństwo immunologiczne** – u wszystkich małp człekokształtnych antygeny głównego układu grupowego krwi (AB0) wykazują wiele cech wspólnych;
- **podobieństwo genetyczne** – człekokształtne mają prawie identyczne geny. W związku z tym ich białka są bardzo podobnie zbudowane (np. hemoglobina u ludzi i szympansów różni się zaledwie dwoma aminokwasami);
- **podobieństwo w zachowaniu** – wszystkie człekokształtne szybko się uczą, potrafią wyrażać emocje, mają też samoświadomość. Używają narzędzi (np. z kamieni), a także potrafią je samodzielnie wytwarzać.



Szympansy karłowate są bardzo blisko spokrewnione genetycznie z człowiekiem. Podobna budowa mięśni mimicznych sprawia, że mimika tych zwierząt jest zrozumiała dla ludzi.

Człowiek w systemie klasyfikacji

Człowiek należy do rzędu naczelnych. Ma on wiele cech wspólnych z przedstawicielami małp człekokształtnych, zwłaszcza z szympansami, gorylami oraz orangutanami, z którymi tworzy rodzinę człowiekowatych.



Cechy specyficznie ludzkie

Człowiek różni się od innych naczelnych wieloma specyficznymi cechami. Należą do nich: pionowa postawa ciała, zredukowane owłosienie oraz wysoki stopień rozwoju i zróżnicowania mózgowia.

Pionowa postawa ciała

Zdaniem naukowców pionowa postawa ciała pojawiła się w ewolucji człowieka znacznie wcześniej niż pozostałe cechy specyficznie ludzkie. Umożliwiła ona poruszanie się za pomocą kończyn dolnych, dzięki czemu kończyny górne zaczęły pełnić inne, bardziej skomplikowane funkcje. Z uwolnieniem kończyn górnych od funkcji lokomotorycznej wiązał się m.in. silny rozwój zdolności manualnych. Innymi korzyściami wynikającymi z pionowej postawy ciała były wyższe umiejscowienie oczu sprzyjające obserwacji otoczenia, a także zwiększenie możliwości termoregulacji.

Pionizacja ciała miała jednak swoje wady. Ze względu na trudności w utrzymaniu równowagi poruszanie stało się wolniejsze, a mała elastyczność miednicy zwiększyła ryzyko komplikacji okołoporodowych. Z kolei wydłużenie tułowia naraziło mózg na uszkodzenia spowodowane wstrząsami.

Z wykształceniem pionowej postawy ciała wiązały się liczne zmiany w budowie szkieletu. Cechy szkieletu charakterystyczne dla człowieka to:

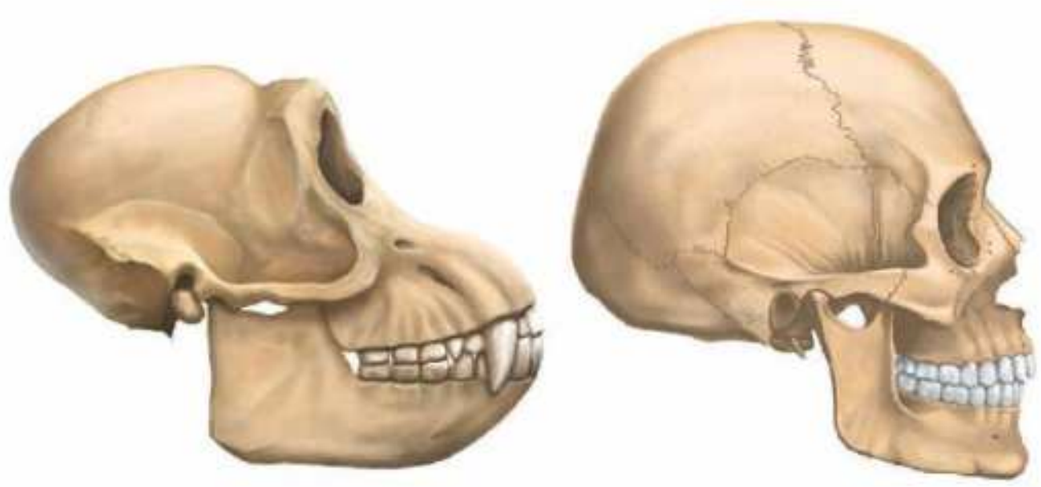
- przesunięty pod czaszkę otwór potyliczny, umożliwiający podparcie głowy właściwe dla postawy pionowej,
- esowaty kształt kręgosłupa,
- skrócone kości kończyn górnych, które przestały pełnić funkcję lokomotoryczną,
- wydłużone kości kończyn dolnych,
- grzbieto-brzusznie spłaszczona klatka piersiowa,
- krótsza, bardziej krągła i prawie nieruchoma miednica (jedynie spojenie łonowe jest połączone chrząstkozrostem), na którą został przeniesiony ciężar górnej części ciała,
- podłużne i poprzeczne wysklepienie stopy amortyzujące wstrząsy, a tym samym – chroniące mózg,
- paluch stopy równoległy do pozostałych palców, przez co stopa utraciła zdolności chwytne.

Zredukowane owłosienie

Większą część ludzkiego ciała pokrywają krótkie, rzadkie włosy. Obfite owłosienie zachowało się zaledwie w kilku miejscach: na głowie, w okolicach pach i łona. Przypuszcza się, że taki typ owłosienia ma istotne znaczenie adaptacyjne. W **mechanizmie termoregulacji** skąpe owłosienie ułatwia pozbywanie się nadmiaru ciepła przez skórę, a silne owłosienie głowy zabezpiecza mózg przed przegrzaniem. Pozostałość owłosienia na skórze pach przypuszczalnie **zapobiega otarciom** wilgotnej od potu skóry podczas wykonywania intensywnych ruchów ramion. Występowanie włosów w okolicach narządów płciowych stanowi natomiast **rodzaj sygnału seksualnego**, wskazującego na dojrzałość płciową osobnika. Ponadto owłosienie łonowe utrwala naturalne zapachy seksualne oraz podkreśla dymorfizm płciowy.

Wysoki stopień rozwoju mózgowia

Człowiek ma dużą objętość mózgowia oraz silnie pofałdowaną korę mózgu, co znacznie zwiększa

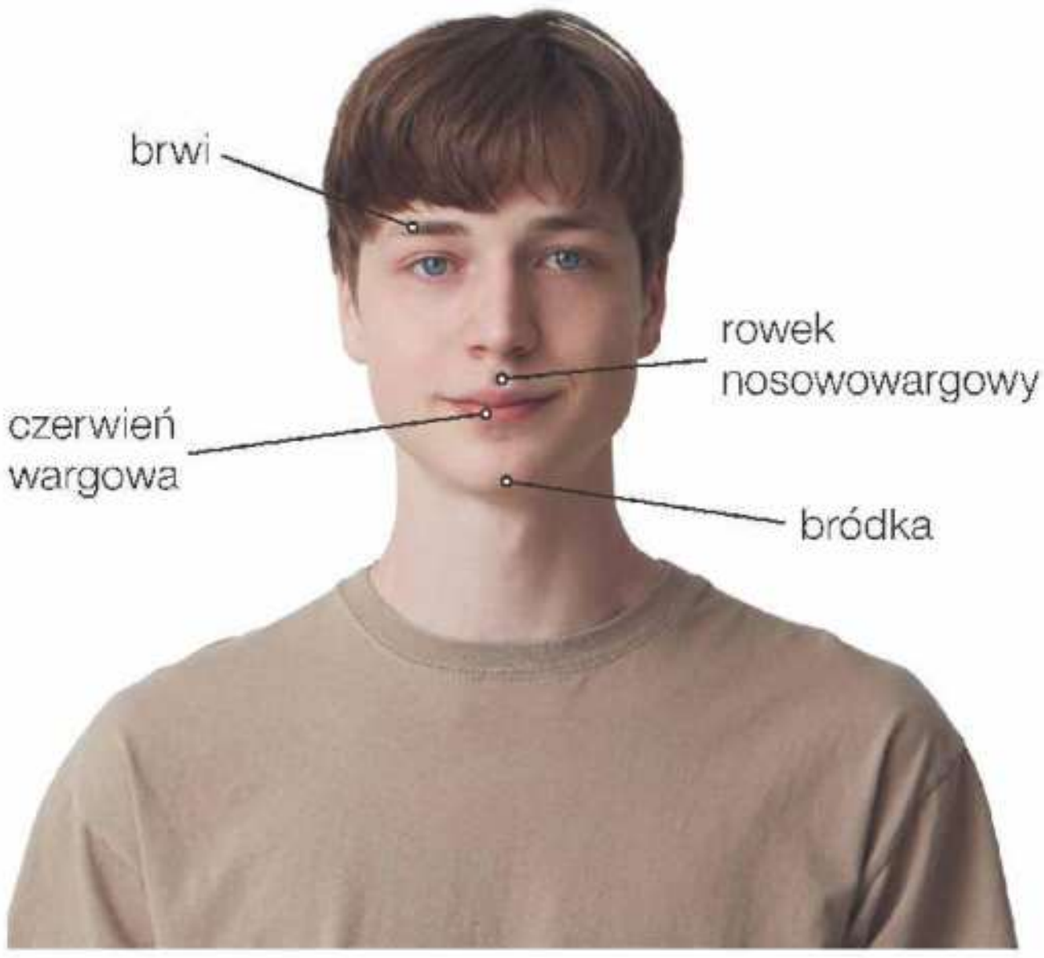


Większa masa i objętość mózgu człowieka pociągnęły za sobą zmiany w budowie jego czaszki, m.in. powiększenie mózgoczaszki i redukcję twarzoczaszki.

jej powierzchnię. Dzięki temu dysponuje on dużymi możliwościami zapamiętywania i uczenia się. Potrafi również porozumiewać się za pomocą mowy artykułowanej oraz wykształcać silne więzi społeczne. Poza tym wykazuje wyjątkowe zdolności manualne – umie wytwarzać specjalistyczne narzędzia i posługiwać się nimi.

Drobne cechy morfologiczne

Wśród cech typowo ludzkich wymienia się także drobne cechy morfologiczne. Należą do nich m.in.: bródka, czerwień wargowa, rowek nosowowargowy, kształt piersi kobiecych, występowanie brwi oraz silnie rozwinięte mięśnie mimiczne.



Wybrane cechy charakterystyczne w wyglądzie twarzy *Homo sapiens*.

Porównanie człowieka z innymi człekokształtnymi

Na podstawie m.in. cech morfologicznych z zakresu anatomii porównawczej i genetyki naukowcy zaklasyfikowali człowieka do nadrodziny człekokształtnych. Należą do niej również gibony, orangutany, szympansy oraz goryle.

Podobieństwa między człowiekiem a innymi człekokształtnymi

- Brak ogona. Szczątkowe kręgi ogonowe zrośnięte w kość guziczną.
- Długie kończyny z obrotowymi stawami umożliwiającymi wykonywanie ruchów w każdym kierunku.
- Chwytne dłonie, przeciwstawny kciuk, paznokcie.
- Obuoczne widzenie i rozróżnianie barw.
- Korzystanie z narzędzi.
- Samoświadomość, szybkie uczenie się, umiejętność komunikowania się i wyrażania emocji dzięki bogatej mimice.



Szympansy wyrażają emocje w podobny sposób jak ludzie.

Różnice między człowiekiem a innymi człekokształtnymi

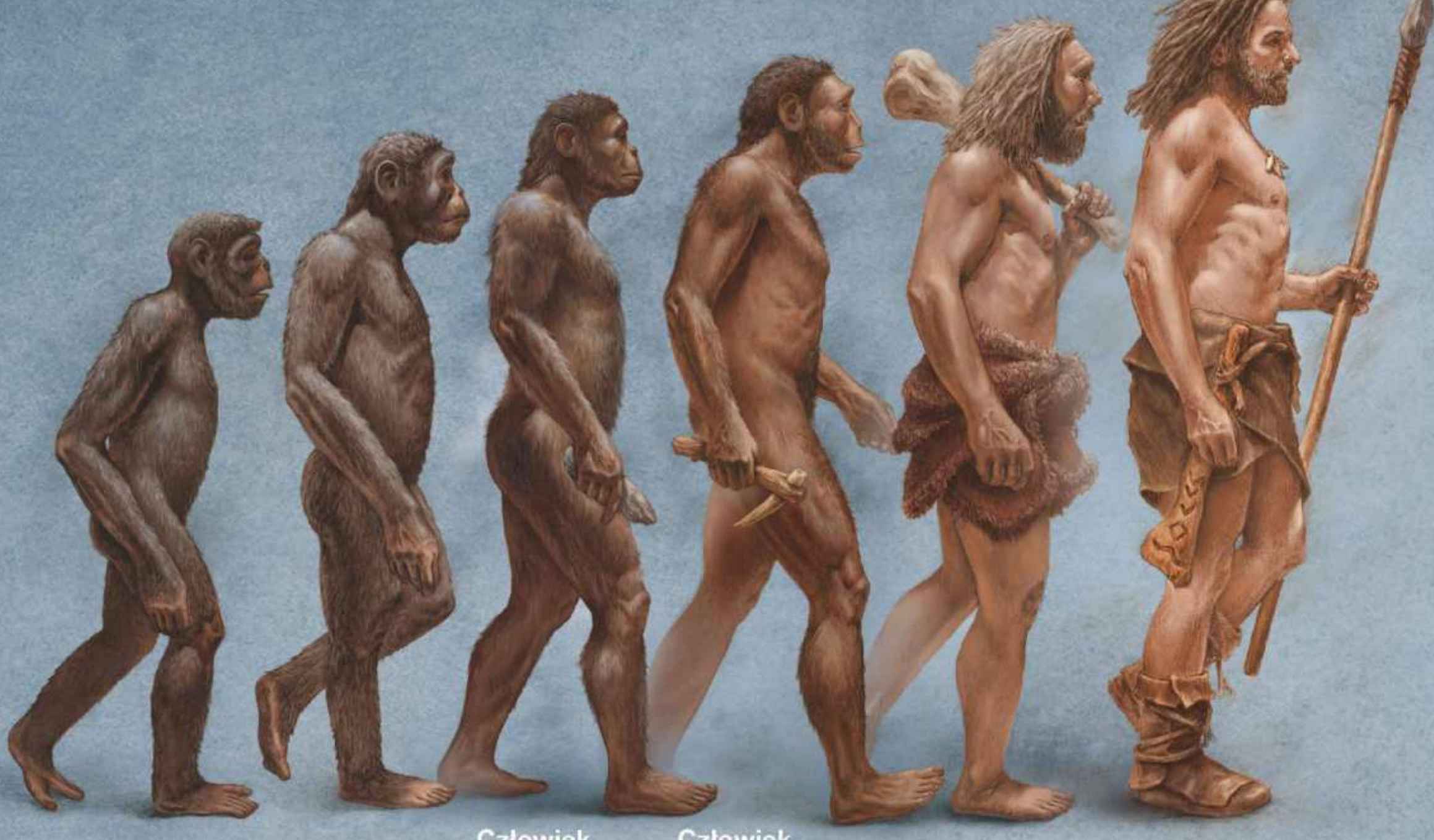
Tylko człowiek ma zdolność mowy i bardzo duże możliwości intelektualne. W porównaniu z innymi człekokształtnymi ma większe zdolności manualne, potrafi też tworzyć dobra kultury (np. muzykę, obrazy, literaturę) oraz posługuje się rozbudowanym systemem wartości. Różnice między człowiekiem a innymi przedstawicielami człekokształtnych można wskazać także w budowie ciała.



Porównanie budowy człowieka z budową szympansa.

Ewolucja człowieka

Odtworzenie ewolucji człowieka jest trudne, ponieważ nie zachodziła ona liniowo – w tym samym czasie często występowało wiele gatunków człowiekowatych, na które działał dobór naturalny. Jednak naukowcy wciąż dokonują nowych odkryć, dzięki którym udało im się ustalić główne kierunki zmian ewolucyjnych.



Ardipitek	Australopitek	Człowiek zręczny	Człowiek wyprostowany	Neandertalczyk	Człowiek rozumny
~350 cm³	~500 cm³	~600 cm³	~1000 cm³	~1500 cm³	~1350 cm³
1,2 m	1–1,5 m	1–1,5 m	1,3–1,7 m	1,5–1,7 m	1,5–1,8 m
1	2	3	4	5	6

pojemność mózgoczaszki

wzrost

rozwój kultury 0,3–obecnie

rozwój mowy 0,4–0,03

rozpalanie ognia 2–0,1

tworzenie narzędzi 2,5–1,5

przewaga dwunożności 4,2–1,3

częściowa dwunożność 5,8–4,4

6 [mln lat temu] 5 4 3 2 1 obecnie

1 Ardipitek

Miał długie kończyny górne i chwytne paluchy u stóp. Wspinał się na drzewa oraz poruszał się na dwóch nogach. Był wszystkożerny.



mała mózgoczaszka



masywne wały nadoczodołowe



żuchwa bez bródki



6 Człowiek rozumny

Jego ciało jest smukłe, a nogi dłuższe i silniejsze niż ręce. Jest zdolny do abstrakcyjnego myślenia, tworzy bogatą kulturę.



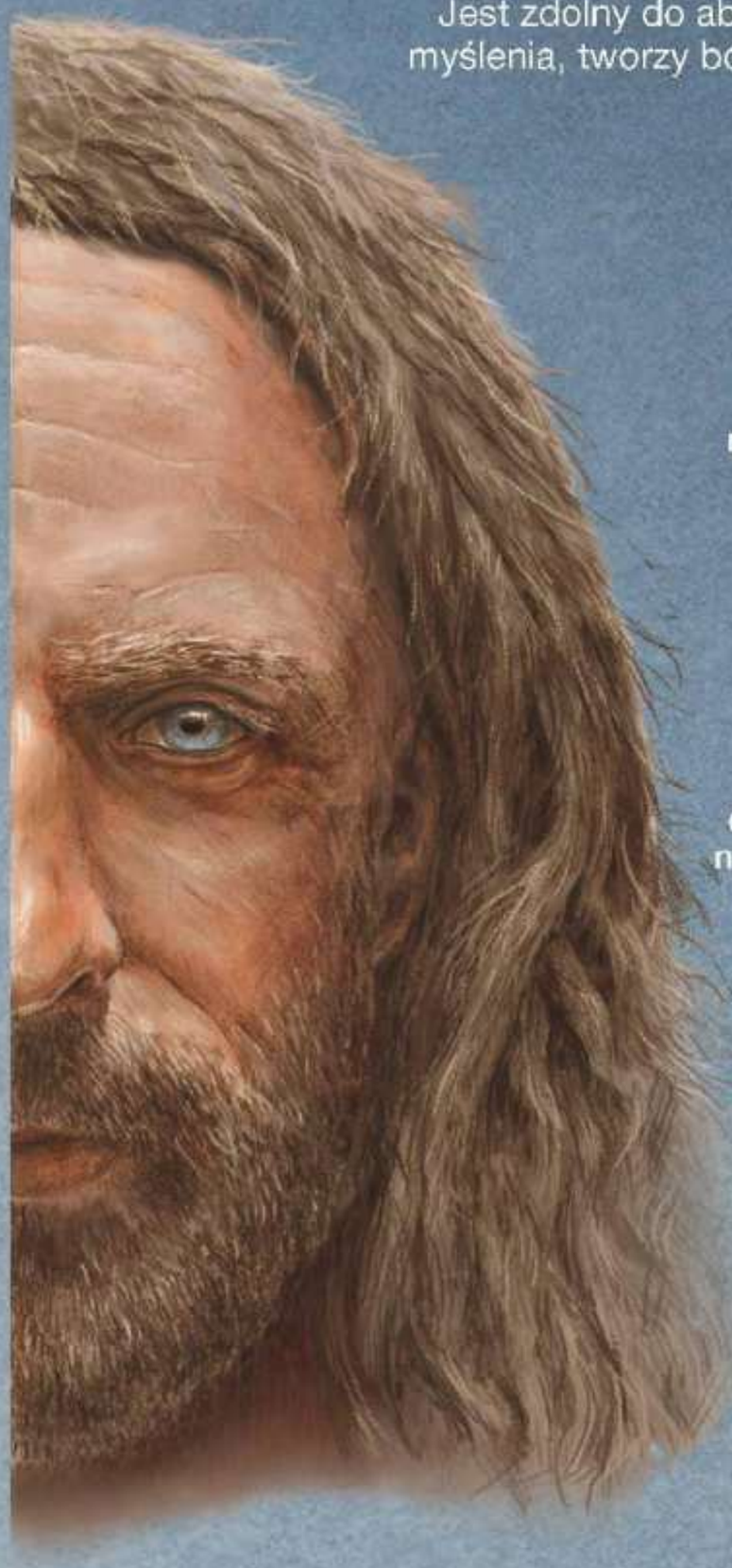
duża mózgoczaszka



delikatne wały nadoczodołowe



żuchwa z bródką



2 Australopitek → **3 Człowiek zręczny** → **4 Człowiek wyprostowany** → **5 Neandertalczyk**



Miał twarz o małpich rysach, niskie czoło i wydatne wały nadoczodołowe. Był dwunożny, potrafił jednak wspinać się na drzewa dzięki długim kończynom górnym. Żył na granicy lasu i sawanny. Prawdopodobnie żywił się padliną i twardym pokarmem roślinnym.



Miał wysuniętą do przodu twarzoczaszkę, niskie czoło i wydatne wały nadoczodołowe. Jego ciało było smuklejsze niż ciało australopiteka. Poruszał się na dwóch nogach. Tworzył proste kamienne narzędzia i obozowiska.



Miał twarz mocno wysuniętą do przodu, pochylone czoło i wydatne wały nadoczodołowe. Jego ciało miało podobne proporcje do ciała człowieka współczesnego (kończyny dolne dłuższe od kończyn górnych). Rozniecał ogniska, wytwarzał narzędzia i aktywnie polował.



Miał szeroką twarz, niskie czoło i wydatne wały nadoczodołowe. Przystosował się do życia w warunkach zlodowaceń: miał krępe ciało i krótsze kończyny niż człowiek rozumny. Używał odzieży, tworzył różne narzędzia, zajmował się łowiectwem, rybołówstwem i zbieractwem.

Biologia w **medycynie**

Zioła lecznicze używane przez człowiekowate

Z analizy szczątków człowieka pochodzących sprzed ok. 50 tys. lat wynika, że już wówczas ludzie stosowali zioła do leczenia różnych dolegliwości. Współcześnie prowadzone badania wskazują, że również inne człowiekowate – szympansy i goryle – wykorzystują niektóre rośliny w celach leczniczych.



Krwawnik pospolity od wielu lat jest stosowany w ziołolecznictwie jako środek przeciwzapalny i przeciwkrwotoczny. Uważa się, że ludzie wykorzystywali go już 50 tys. lat temu.



Vernonia amygdalina ma działanie przeciwgorączkowe i przeciwpasożytnicze. Zaobserwowano, że szympansy wysysają łodygi tej rośliny, gdy cierpią na dolegliwości ze strony przewodu pokarmowego.



Lippia plicata wykazuje działanie przeciwpasożytnicze. Jej liście spożywane są przez szympansy i goryle zarażone np. zarodźcem małpim, wywołującym malarię.



Aspilia africana działa bakteriobójczo. Szympansy przed spożyciem zwijają liście tej rośliny, dzięki czemu zawarte w nich substancje aktywne wolniej uwalniają się w jelitach. W ten sposób lek działa dłużej.

Polecenia kontrolne

1. Wymień cechy wspólne człowieka i małp człekokształtnych.
2. Przedstaw korzyści wynikające z pionowej postawy ciała.
3. Porównaj człowieka zręcznego, człowieka wyprostowanego i człowieka rozumnego, biorąc pod uwagę czas, kiedy występowały te gatunki, charakterystyczne cechy ich budowy, tryb życia oraz specyficzne umiejętności.

Podsumowanie

1 Ewolucja biologiczna – proces stopniowych i nieodwracalnych przekształceń organizmów. Zachodzi on od początków życia na Ziemi i prowadzi do powstawania nowych gatunków. Skutkiem ewolucji biologicznej jest różnorodność biologiczna.

2 Teoria doboru naturalnego

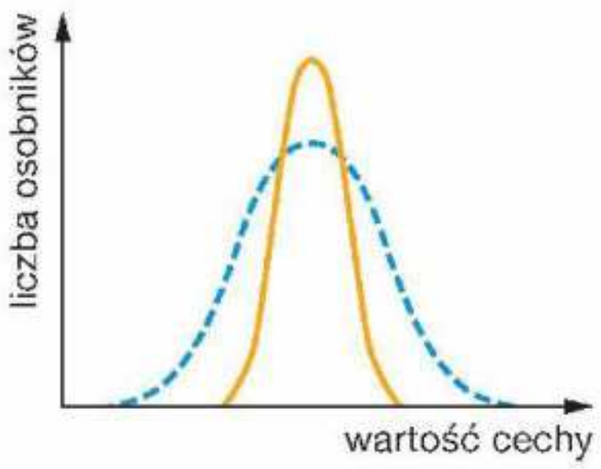
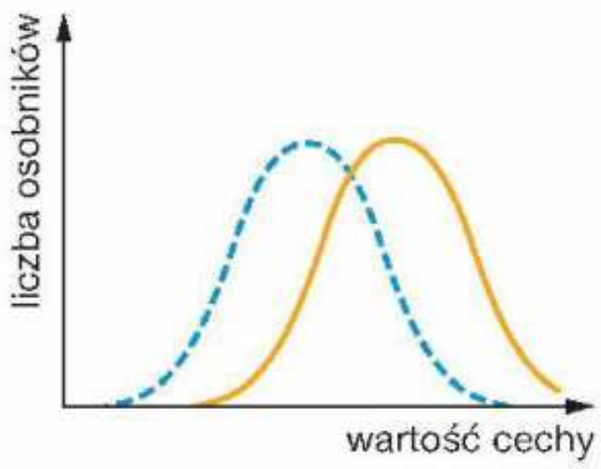
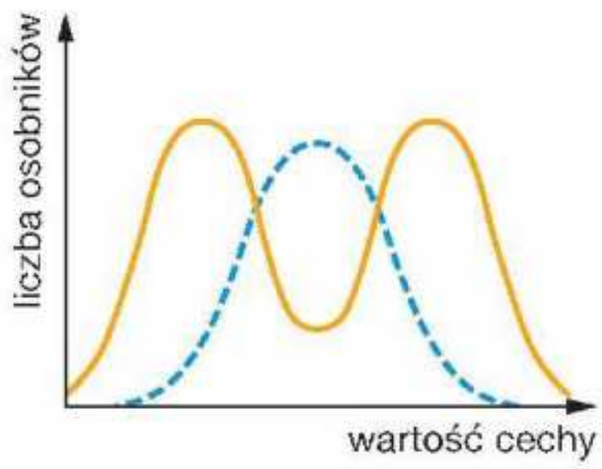
Teorię doboru naturalnego, zwaną również teorią ewolucji, sformułował Karol Darwin. Zgodnie z nią ewolucja jest możliwa dzięki zmienności organizmów. Głównym mechanizmem przemian ewolucyjnych jest dobór naturalny oparty na konkurencji między organizmami, określanej mianem walki o byt.

3 Dowody ewolucji

Rodzaj dowodu	Charakterystyka	Przykłady
Dowody bezpośrednie		
Bezpośrednie obserwacje	Wnioski z bezpośrednich obserwacji zmian zachodzących u współcześnie żyjących organizmów.	oporność bakterii na antybiotyki, odporność owadów na środki owadobójcze
Dowody z zakresu paleontologii	Skamieniałości – zachowane szczątki kopalne oraz ślady działalności organizmów.	skamieniałości właściwe, odciski, odlewy, skamieniałości śladowe, skamieniałości kompletne
Relikty filogenetyczne	Gatunki, które przetrwały wiele milionów lat do czasów współczesnych w prawie niezmienionej formie.	miłorząb dwuklapowy, skrzypłocz, latimeria
Dowody pośrednie		
Anatomia porównawcza	Jedność budowy i funkcjonowania organizmów.	wspólny plan budowy i takie same czynności życiowe organizmów
	Narządy homologiczne (o wspólnym pochodzeniu i różnej budowie), które powstały w wyniku dywergencji (ewolucji rozbieżnej).	kończyny przednie foki i kończyny przednie nietoperza
	Narządy analogiczne (o różnym pochodzeniu i podobnej budowie), które powstały w wyniku konwergencji (ewolucji zbieżnej).	skrzydła owadów i skrzydła ptaków
	Narządy szczątkowe i atawizmy.	szczątkowe kości miednicy i kończyn tylnych wieloryba (narządy szczątkowe), silne owłosienie ciała u człowieka (atawizm)
Embriologia	Podobieństwo wczesnych faz rozwojowych u spokrewnionych organizmów.	podobieństwo rozwoju embrionalnego kręgowców
Biogeografia	Zmiany zasięgów występowania organizmów w różnych epokach geologicznych.	obecność endemitów
Biochemia, biologia molekularna i genetyka	Podobieństwo biochemiczne organizmów.	taka sama struktura wielkocząsteczkowych związków organicznych wchodzących w skład wszystkich organizmów

4 **Dobór naturalny (selekcja naturalna)** – mechanizm ewolucji polegający na tym, że osobniki najlepiej przystosowane do środowiska mają największe szanse na przeżycie i wydanie potomstwa.

5 **Rodzaje doboru naturalnego**

Rodzaje doboru naturalnego ze względu na warunki środowiska		
dobór stabilizujący	**dobór kierunkowy**	**dobór różnicujący**
Prowadzi do utrwalenia w populacji cech pośrednich.	Prowadzi do utrwalenia w populacji jednej skrajnej wartości cechy.	Prowadzi do wyeliminowania z populacji osobników o średniej wartości cechy.
		

Dobór płciowy – odmiana doboru naturalnego, w której rolę selekcjonera odgrywa osobnik tego samego gatunku, lecz odmiennej płci. Prowadzi do powstania dymorfizmu płciowego.

Dobór krewniaczy – rodzaj doboru naturalnego, w którego efekcie geny charakterystyczne dla osobnika altruistycznego mogą pozostać w populacji nawet wtedy, gdy osobnik ten zginie bezpotomnie, o ile przyczyni się to do zwiększenia sukcesu rozrodczego swoich krewnych.

6 **Gatunek** – grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa.

7 **Pula genowa populacji** – suma wszystkich możliwych alleli genów osobników danej populacji. Suma puli genowych wszystkich populacji danego gatunku tworzy pulę genową gatunku.

8 **Populacja w stanie równowagi genetycznej**

Prawo Hardy'ego–Weinberga określa w sposób matematyczny częstość występowania alleli i genotypów w populacji znajdującej się w stanie równowagi genetycznej.

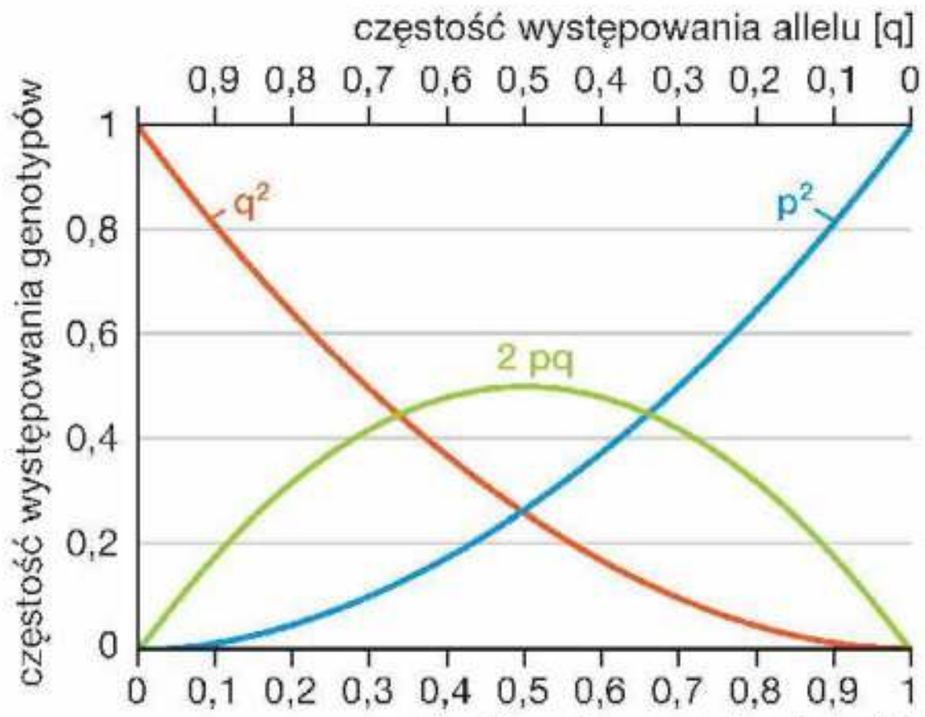
$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

p^2 – *AA*, $2pq$ – *Aa*, q^2 – *aa*

gdzie:

p – częstość występowania allelu *A*

q – częstość występowania allelu *a*

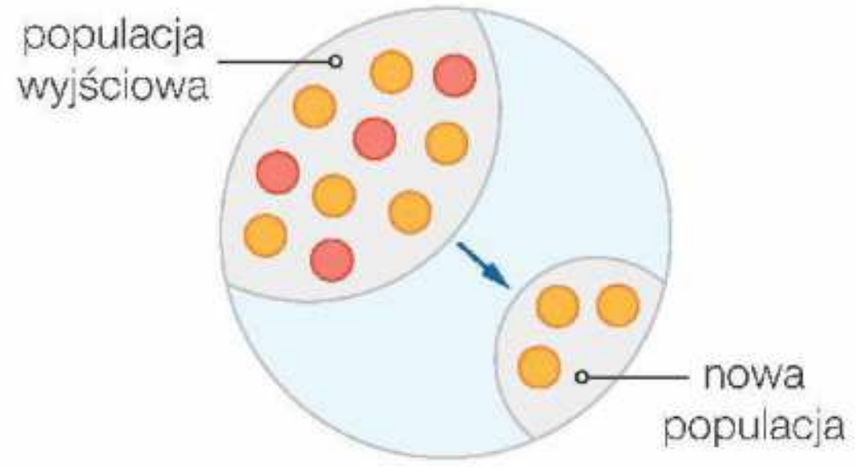


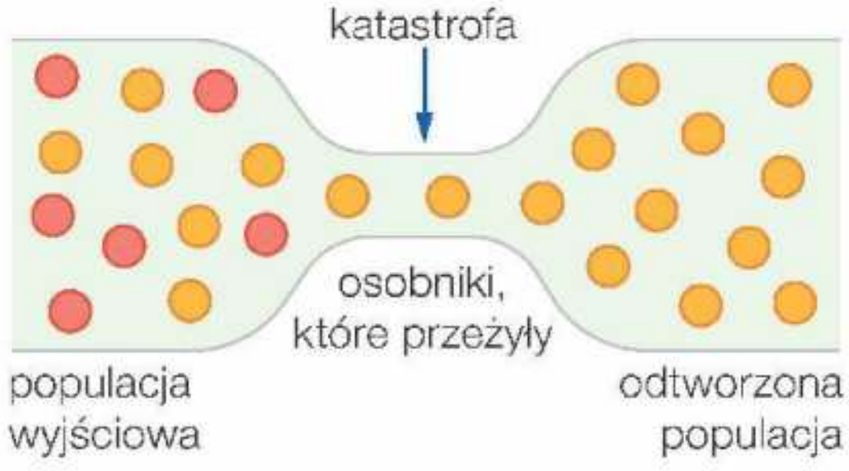
Oczekiwana częstość występowania genotypów na podstawie prawa Hardy'ego–Weinberga.

Warunki, które muszą zostać spełnione, by populacja znalazła się w stanie równowagi genetycznej				
Izolacja (nie ma migracji i przepływu genów).	Nie działa dobór naturalny.	Kojarzenie osobników zachodzi losowo.	Nie zachodzą mutacje.	Liczba osobników w populacji jest bardzo duża.

9 Dryf genetyczny – przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej populacji.

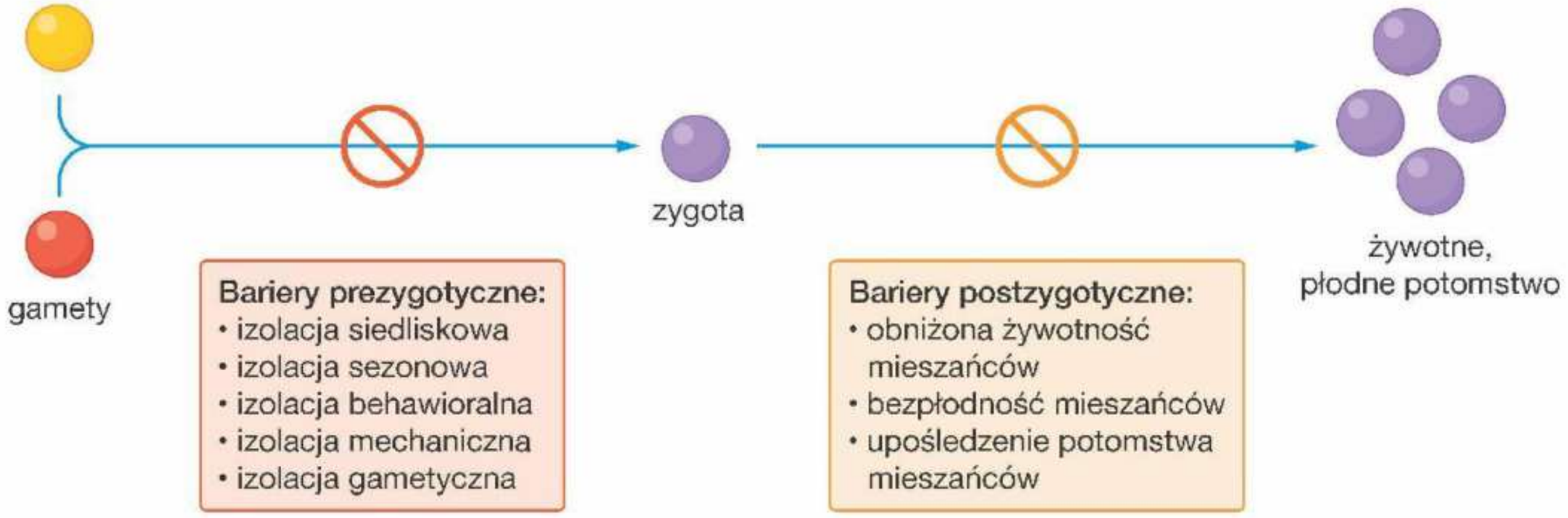
Przykłady działania dryfu genetycznego	
efekt założyciela	**efekt wąskiego gardła**
Występuje wtedy, gdy mała grupa osobników jednej populacji zasiedla nowy teren i zostaje odizolowana od populacji wyjściowej. Pula genowa nowej populacji zawiera tylko allele genów założycieli.	Występuje w populacji dotkniętej katastrofą. Katastrofę przeżywają nieliczne osobniki i to one odtwarzają populację, dlatego jej pula genowa jest zubożona.





10 Mechanizmy izolacji rozrodczej – mechanizmy (bariery), które uniemożliwiają lub utrudniają krzyżowanie się osobników należących do różnych gatunków.

Rodzaje barier rozrodczych



11 Specjacja – powstawanie nowych gatunków.

Rodzaje specjacji ze względu na obecności bariery geograficznej lub jej brak	
specjacja allopatryczna	**specjacja sympatryczna**
Zachodzi na skutek wytworzenia się mechanizmów izolacji rozrodczej w warunkach izolacji geograficznej.	Zachodzi na skutek wytworzenia się mechanizmów izolacji rozrodczej w obrębie populacji, bez rozdzielenia barierą geograficzną.

Rodzaje specjacji ze względu na szybkość zachodzenia	
specjacja stopniowa	**specjacja skokowa**
Zachodzi powoli, a pojawiające się w jej efekcie drobne zmiany kumulują się i powodują stopniowe różnicowanie się populacji – aż do powstania izolowanych rozrodczo nowych gatunków.	Przebiega skokowo w stosunkowo krótkim czasie. Zwykle zachodzi na skutek poliploidyzacji lub hybrydyzacji.

12 **Radiacja adaptacyjna** – proces ewolucyjny, w którym z jednej grupy organizmów powstaje wiele nowych gatunków, przystosowanych do odmiennych warunków środowiska lub odmiennych trybów życia.

13 **Antropogeneza** – procesy ewolucyjne prowadzące do powstania gatunku człowieka rozumnego.

Cechy człowieka	
wspólne z innymi człekokształtnymi	**specyficzne dla człowieka rozumnego**
• brak ogona, kość guziczna • długie kończyny z obrotowymi stawami • chwytne dłonie, przeciwstawny kciuk, paznokcie • obuoczne widzenie i rozróżnianie barw • długi okres dzieciństwa • samoświadomość, szybkie uczenie się, umiejętność komunikowania się, bogata mimika	• pionowa postawa ciała i dwunożność • zredukowane owłosienie • wysoki stopień rozwoju mózgowia i zdolności intelektualnych • posługiwanie się mową • większe zdolności manualne, umiejętność tworzenia dóbr kultury i posługiwania się złożonymi narzędziami



Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Panda wielka należy do rodziny niedźwiedziowatych. W jej przednich kończynach, oprócz pięciu palców, znajduje się dodatkowa kość heterotopowa, która jest częścią nadgarstka. Kość ta działa podobnie do przeciwstawnego kciuka człowieka i stanowi przystosowanie do chwytania pędów bambusa. Pierwsze dowody na występowanie tej kości w rodzinie niedźwiedziowatych znaleziono w szczątkach kopalnych *Indarctos arctoides* – ssaka żyjącego w miocenie.

a) Określ, czy kciuk człowieka i kość heterotopowa występująca w łapie pandy wielkiej to struktury homologiczne czy struktury analogiczne. Odpowiedź uzasadnij.

Podobieństwo struktur homologicznych wynika ze wspólnego pochodzenia. Podobieństwo struktur analogicznych nie jest skutkiem pokrewieństwa – wynika z podobnego trybu życia lub z funkcjonowania w zbliżonym środowisku. Zastanów się, jaka jest przyczyna podobieństwa funkcjonalnego kciuka człowieka i kości heterotopowej pandy.

Rozwiązanie:

Są to struktury analogiczne, ponieważ nie mają wspólnego pochodzenia, lecz są podobne na skutek pełnienia takich samych funkcji.

b) Uzupełnij poniższe zdania tak, aby powstał poprawny opis szczątków kopalnych *Indarctos arctoides*. Wybierz właściwe określenia spośród podanych.

Bezpośrednich dowodów ewolucji dostarczają bezpośrednie obserwacje lub dane paleontologiczne. Z kolei pośrednie dowody ewolucji polegają na analizie podobieństw oraz różnic w budowie i sposobie funkcjonowania organizmów. Zastanów się, jakiego typu dowodem są kopalne szczątki *Indarctos arctoides*.

Kopalne szczątki *Indarctos arctoides* w postaci skamieniałych kości to (*bezpośredni* / *pośredni*) dowód ewolucji. Szczątki te są przykładem skamieniałości (*właściwych* / *śladowych*), które powstały w wyniku fosylizacji zachodzącej w warunkach (*tlenowych* / *beztlenowych*).

Skamieniałości właściwe to zachowane szczątki organizmów, natomiast skamieniałości śladowe to zachowane w skałach ślady działalności organizmów. Zastanów, się do którego typu skamieniałości należą szczątki kopalne *Indarctos arctoides*.

Przypomnij sobie, jak powstają skamieniałości. Zastanów się, jakie warunki panują pod osadami, które przykrywają szczątki organizmów.

Rozwiązanie:

Kopalne szczątki *Indarctos arctoides* w postaci skamieniałych kości to (*bezpośredni* / *pośredni*) dowód ewolucji. Są one przykładem skamieniałości (*właściwych* / *śladowych*), które powstały w wyniku fosylizacji w warunkach (*tlenowych* / *beztlenowych*).

c) Podaj nazwę nauki, która zajmuje się badaniem szczątków kopalnych organizmów.

Przypomnij sobie wiadomości dotyczące skamieniałości oraz sposobu ich badania.

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Miłorząb dwuklapowy i cykasy to blisko spokrewnione ze sobą rośliny nagonasienne. Obie grupy roślin przetrwały wiele milionów lat w niezmienionej formie. Liście współczesnego gatunku miłorzębu i liście kopalnych przedstawicieli miłorzębowatych z ery mezozoicznej charakteryzują się wachlarzowatym kształtem. Z kolei liście współczesnych i wymarłych cykasów są pierzasto złożone i przypominają kształtem liście palmowe. Zarówno liście miłorzębu, jak i liście cykasów pełnią funkcję asymilacyjną.

a) Określ, czy wygląd liści miłorzębu dwuklapowego oraz wygląd liści cykasów jest efektem konwergencji czy dywergencji. Odpowiedź uzasadnij.

b) Uzupełnij poniższe zdania tak, aby powstał poprawny opis miłorzębu dwuklapowego. Wybierz właściwe określenia spośród podanych.

Miłorząb dwuklapowy należy do (*form pośrednich* / *żywych skamieniałości*), które są (*bezpośrednim* / *pośrednim*) dowodem ewolucji. Szczątki kopalne mezozoicznych przedstawicieli miłorzębowatych są przykładem skamieniałości (*właściwych* / *śladowych*).

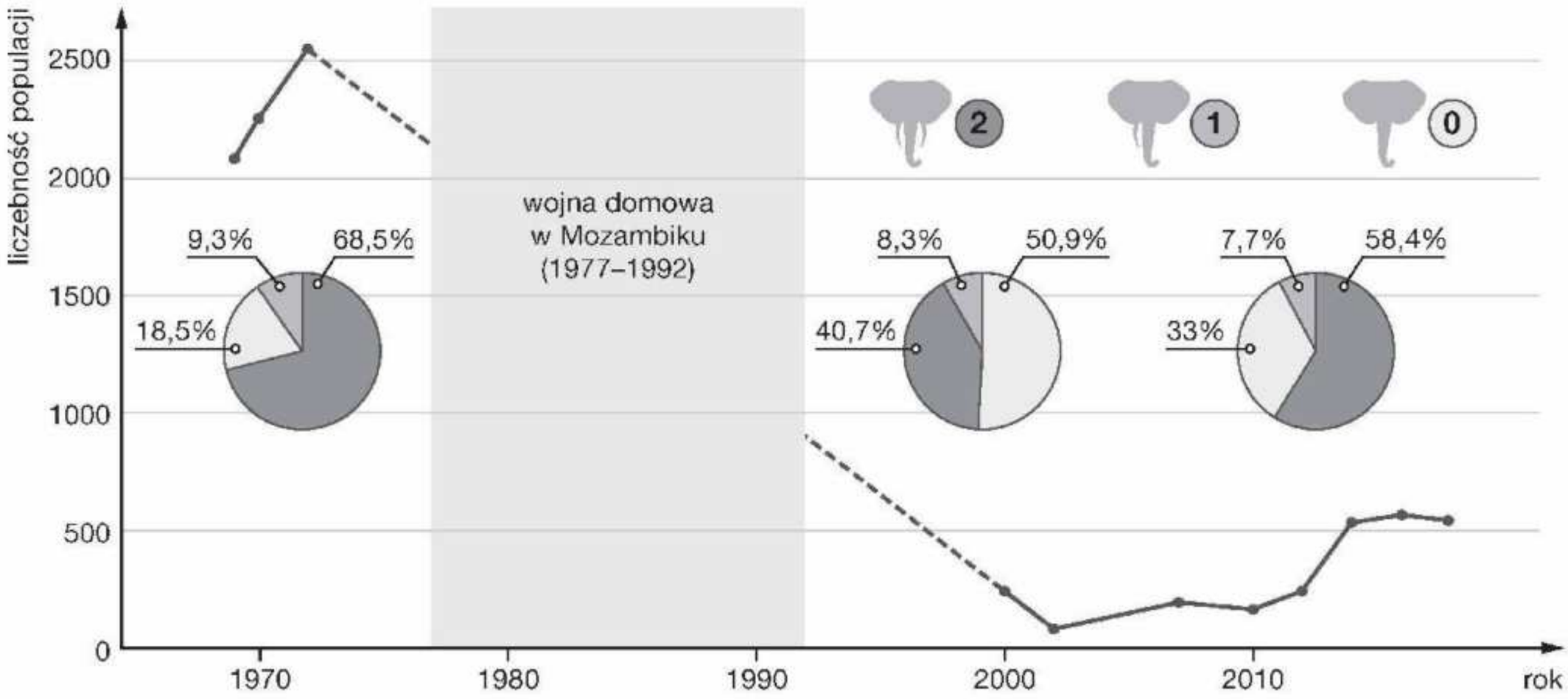
c) Podaj nazwę nauki, która zajmuje się badaniem rozwoju rodowego organizmów.

Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Podczas wojny domowej w Mozambiku (w latach 1977–1992) słonie afrykańskie często padały ofiarą kłusowników. Zwierzęta te zabijano w celu pozyskania ich ciosów, czyli przekształconych górnych siekaczy, z których otrzymuje się tzw. kość słoniową.

Poniżej przedstawiono wyniki badań nad zmianami liczebności populacji słonia afrykańskiego w Parku Narodowym Gorongosa oraz zmianami liczby ciosów u samic tego gatunku. Wykres liniowy przedstawia zmiany liczebności populacji słoni w kolejnych latach. Przerywaną linią zaznaczono okres wojny domowej, dla którego brak dokładnych danych. Wykresy kołowe przedstawiają procentowy udział samic mających dwa ciosy (kolor ciemnoszary), mających jeden cios (kolor szary) oraz niemających ciosów (kolor jasnoszary) w trzech pokoleniach słoni: w pokoleniu żyjącym przed wojną, w pokoleniu żyjącym bezpośrednio po wojnie oraz w pierwszym pokoleniu urodzonym po wojnie.



Na podstawie: S.C. Campbell-Staton, B.J. Arnold, D. Gonçalves, P. Granli, J. Poole, R.A. Long, R.M. Pringle, *Ivory poaching and the rapid evolution of tusklessness in African elephants*, „Science" 2021, vol. 374, s. 483–487.

a) Zaznacz poprawnie sformułowany problem badawczy obserwacji, których wyniki przedstawiono na wykresach kołowych.

A. Czy wojna domowa w Mozambiku miała wpływ na ewolucję ciosów samic słonia afrykańskiego w Parku Narodowym Gorongosa?

B. Wpływ wojny domowej w Mozambiku na liczebność słoni afrykańskich w Parku Narodowym Gorongosa.

C. Badanie liczby ciosów u samic słonia afrykańskiego w Parku Narodowym Gorongosa.

D. Wpływ zmian liczebności słonia afrykańskiego na liczbę ciosów u samic tego gatunku w Parku Narodowym Gorongosa.

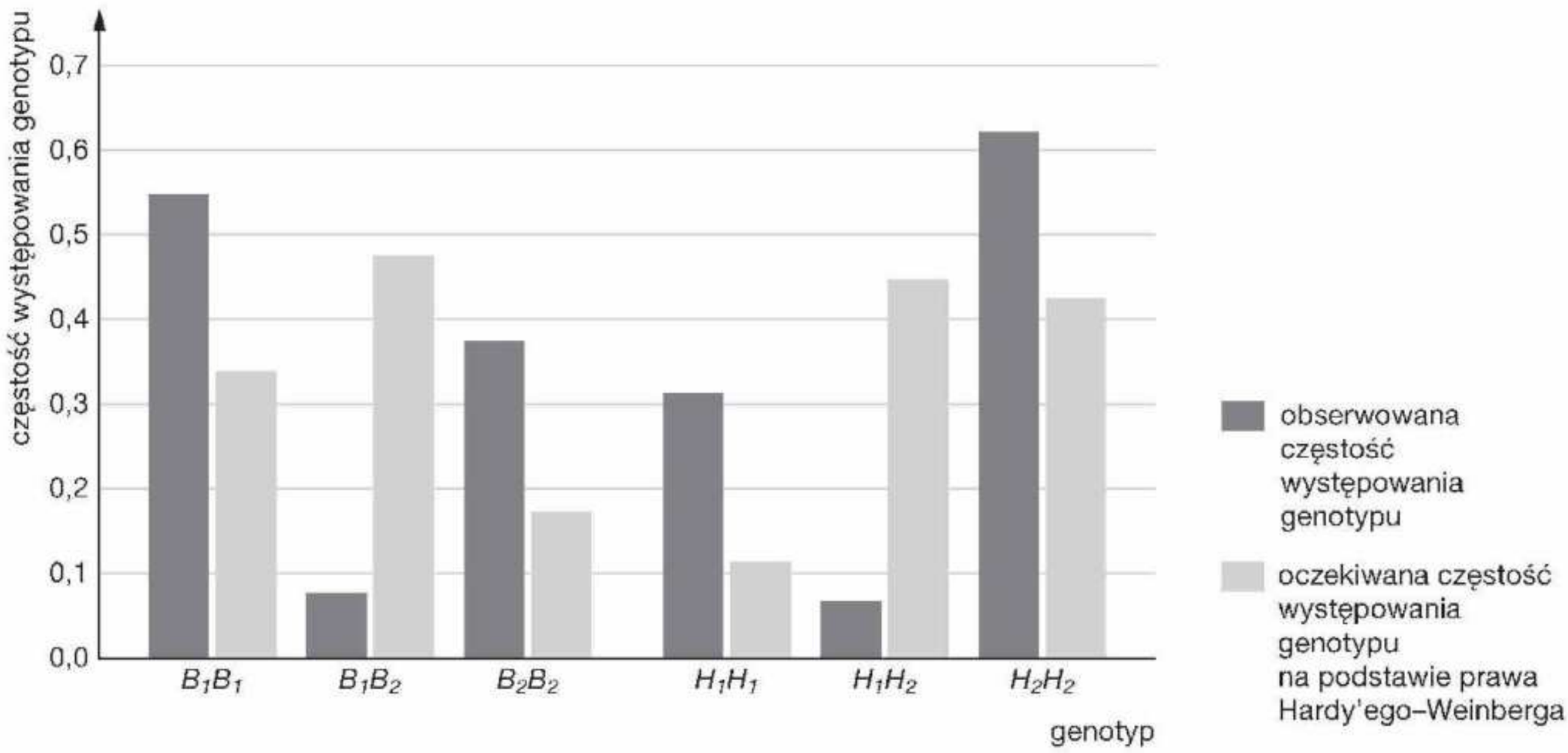
b) Oceń prawdziwość stwierdzenia: „Wojna domowa w Mozambiku spowodowała dryf genetyczny w obrębie populacji słonia afrykańskiego w Parku Narodowym Gorongosa". Odpowiedź uzasadnij.

c) Dokończ zdanie. Wybierz odpowiedź A lub B oraz jej uzasadnienie 1–3.

Zaobserwowana zmiana liczby ciosów u samic słonia afrykańskiego to przykład

A.	mikroewolucji,	ponieważ	1.	zmiana ta jest efektem działania człowieka.
B.	makroewolucji,		2.	zmiana ta zachodzi na poziomie populacji.
			3.	zmiana ta zachodzi na poziomie wyższym niż gatunek.

2 Wykres przedstawia częstość występowania genotypów w dwóch *loci* w populacji samopylnego owsa głuchego, którą porównano z oczekiwaną częstością występowania genotypów, sformułowaną na podstawie prawa Hardy'ego–Weinberga.



Na podstawie: D.J. Futuyma, *Ewolucja*, Warszawa 2008, s. 199.

a) Na podstawie wykresu sformułuj wniosek dotyczący różnicy między częstością występowania homozygot i heterozygot w obserwowanej populacji owsa głuchego a częstością ich występowania w hipotetycznej populacji tego gatunku, która znajduje się w stanie równowagi genetycznej.

b) Oblicz częstość występowania alleli A_1 i A_2 w populacji owsa głuchego w sytuacji, gdy allel A_1 dominuje w pełni nad allelem A_2, a homozygoty recesywne występują z częstością 0,16. Załóż, że populacja tego gatunku znajduje się w stanie równowagi genetycznej.

c) Oceń, czy poniższe warunki są konieczne do tego, by populacja znajdowała się w stanie równowagi genetycznej. Wybierz T (tak), jeśli warunek jest konieczny, albo N (nie) – jeśli nie jest konieczny.

1.	Osobniki w populacji kojarzą się losowo.	T	N
2.	Populacja jest złożona z niewielkiej liczby osobników.	T	N
3.	Populacja ma kontakt z innymi populacjami tego samego gatunku.	T	N

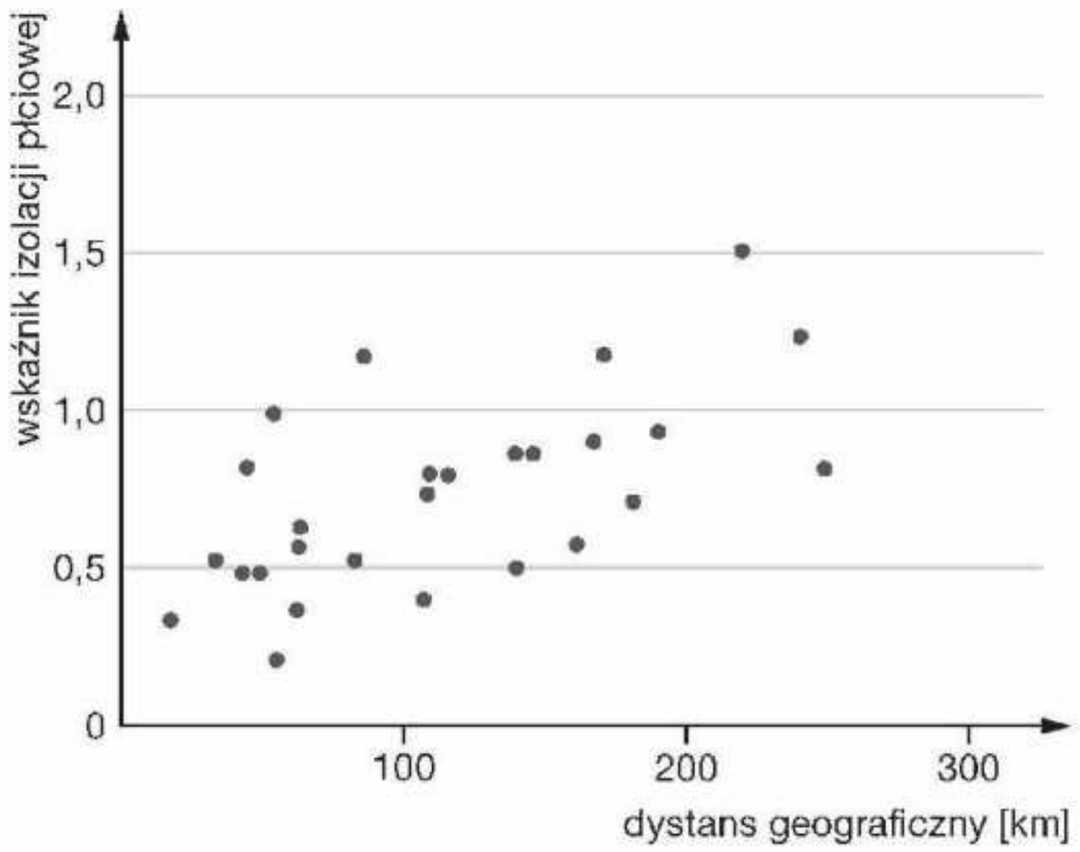
3 Miednica człowieka różni się budową od miednicy pozostałych naczelnych – jest krótsza, bardziej krągła oraz prawie nieruchoma (chrząstkozrosty występują wyłącznie w spojeniu łonowym). Taka budowa miednicy stanowi przystosowanie człowieka do utrzymania pionowej postawy ciała, lecz jednocześnie wpływa na występowanie komplikacji okołoporodowych.

a) Określ znaczenie budowy miednicy w utrzymaniu przez człowieka pionowej postawy ciała.

b) Wyjaśnij, dlaczego mała elastyczność miednicy człowieka sprzyja występowaniu komplikacji okołoporodowych.

c) Wymień dwie cechy budowy ciała, które są charakterystyczne dla przedstawicieli nadrodziny człekokształtnych.

4 Zbadano stopień izolacji płciowej, która występuje między salamandrami *Desmognathus ochrophaeus* żyjącymi w południowych Apallachach. W tym celu umieszczono razem samce i samice pochodzące z tej samej lub różnych populacji, a następnie obliczono proporcje kopulujących par. Wyniki badań przedstawiono na wykresie.



Na podstawie: D.J. Futuyma, *Ewolucja*, Warszawa 2008, s. 385–386.

a) **Określ, który typ specjacji – specjacja allopatryczna czy specjacja sympatryczna – może w przyszłości doprowadzić do rozdzielenia się gatunku *Desmognathus ochrophaeus* na kilka odrębnych gatunków. Odpowiedź uzasadnij.**

b) **Na podstawie wykresu sformułuj wniosek dotyczący zależności między odległością geograficzną w populacji *Desmognathus ochrophaeus* a wskaźnikiem izolacji płciowej.**

c) **Wymień dwa mechanizmy izolacji prezygotycznej, które uniemożliwiają lub utrudniają krzyżowanie się osobników należących do dwóch różnych gatunków.**

5 Liścionosowate to niezwykle zróżnicowana rodzina nietoperzy, która wywodzi się od owadożernego przodka żyjącego w eocenie. Liścionosowate, które zamieszkują Amerykę Środkową i Amerykę Południową, wyspecjalizowały się w pobieraniu różnych rodzajów pokarmu. Wpłynęło to na wykształcenie licznych przystosowań w budowie ich czaszki i żuchwy. Wśród przedstawicieli tej rodziny znajdują się nietoperze owadożerne, mięsożerne, owocożerne, a także odżywiające się nektarem lub krwią.

a) **Na przykładzie ewolucji nietoperzy z rodziny liścionosowatych wyjaśnij, czym jest radiacja adaptacyjna.**

b) **Na podstawie własnej wiedzy i dostępnych źródeł opisz wybrany przykład radiacji adaptacyjnej (inny niż wymieniony w tekście).**

c) **Określ, czy przedstawiona w tekście ewolucja nietoperzy z rodziny liścionosowatych to przykład konwergencji czy dywergencji. Odpowiedź uzasadnij.**

6. Ekologia i różnorodność biologiczna

Fot. Impala i bąkojady.



6.1. Podstawy ekologii. Tolerancja ekologiczna

Ważne w tym temacie!

- definicje niszy ekologicznej, siedliska i tolerancji ekologicznej
- czynniki biotyczne i abiotyczne oddziałujące na organizmy
- znaczenie organizmów o wąskim zakresie tolerancji ekologicznej w bioindykacji
- zależność między zakresem tolerancji ekologicznej danego organizmu a środowiskiem jego życia

Dzięki mechanizmom ewolucji organizmy przystosowują się do środowiska, w którym żyją – wykorzystują jego zasoby i są uzależnione od warunków, jakie w nim panują. Dziedziną biologii, która zajmuje się badaniem interakcji między organizmami oraz między organizmami a środowiskiem ich życia, jest **ekologia**.

Czym jest ekologia?

Ekologia jest nauką o strukturze i funkcjonowaniu przyrody. Przedmiotem zainteresowania ekologów są zależności decydujące o liczebności i rozmieszczeniu organizmów. Aby zrozumieć te skomplikowane oddziaływania, konieczne jest korzystanie z wiedzy pochodzącej z wielu różnych dziedzin, m.in. biologii, fizyki, chemii i geografii. W ekologii wykorzystuje się ponadto metody statystyczne – za ich pomocą analizuje się zmienność osobników oraz sprawdza się, czy badane czynniki mają istotny wpływ na dany organizm lub grupę organizmów.

Mianem ekologii określa się również ruch społeczny, który działa na rzecz racjonalnego korzystania z zasobów naturalnych i życia w harmonii z przyrodą. Z tego powodu często używa się przymiotnika „ekologiczny" w kontekście opakowań z recyklingu oraz żywności produkowanej w określony sposób.

Ekologia jest też często utożsamiana z ochroną środowiska i ochroną przyrody, jednak używanie tych terminów jako synonimów jest błędem.

Różnice między ekologią, ochroną przyrody i ochroną środowiska

Wiedza z zakresu ekologii jest niezbędna do podjęcia skutecznej ochrony przyrody i środowiska. Różnice między tymi dziedzinami można prześledzić na przykładzie zimorodka – ptaka żyjącego nad brzegami rzek i jezior.



Ekologia bada m.in. wpływ innych organizmów oraz czynników środowiska na rozmieszczenie zimorodka.



Ochrona przyrody zajmuje się m.in. ochroną gatunkową zimorodka i ochroną miejsca jego gniazdowania.



Ochrona środowiska poprzez zapobieganie zanieczyszczaniu wód przeciwdziała degradowaniu miejsc żerowania zimorodka.

Które poziomy organizacji biologicznej bada ekologia?

Poziomy organizacji biologicznej to występujące w przyrodzie struktury uporządkowane od najmniejszej do największej. Ekologia zajmuje się badaniem struktur od pojedynczego osobnika aż po biosferę.

Osobnik

Pojedynczy organizm – przedstawiciel danego gatunku.

Dorosły osobnik lisa rudego.

Populacja

Grupa osobników tego samego gatunku, która żyje na określonym obszarze w tym samym czasie.

Przedstawiciele populacji lisa rudego.

Biocenoza

Zbiór populacji wszystkich gatunków żyjących na danym obszarze w tym samym czasie i powiązanych wzajemnymi zależnościami.

W biocenozie występują zależności międzygatunkowe, których przykładem jest drapieżnictwo.

Ekosystem

Jednostka ekologiczna, która składa się z biocenozy, czyli organizmów żyjących na danym obszarze, oraz biotopu, czyli nieożywionych elementów środowiska.

Składniki ekosystemu wzajemnie na siebie oddziałują.

Biom

Obszar kuli ziemskiej odznaczający się dominującym typem roślinności oraz charakterystycznym składem gatunkowym, który jest zależny od lokalnych warunków klimatycznych.

Przykładowy biom – las liściasty strefy umiarkowanej.

Biosfera

Obszar Ziemi zasiedlony przez organizmy. Obejmuje on dolną część atmosfery, zewnętrzną warstwę skorupy ziemskiej oraz niemal całą hydrosferę.

Biosfera to zbiór wszystkich ekosystemów występujących na Ziemi.

Środowisko

Środowisko to ogół czynników, które wpływają na procesy życiowe danego organizmu. Czynniki środowiska dzieli się na:

- **czynniki abiotyczne** – elementy środowiska nieożywionego, np. temperatura i wilgotność powietrza, struktura i żyzność gleby,
- **czynniki biotyczne** – zależności między organizmami żyjącymi na wspólnym terenie, np. konkurencja o pokarm, drapieżnictwo.

Nisza ekologiczna

Każdy organizm ma określone wymagania życiowe względem środowiska, które wyznaczają jego miejsce w biocenozie. Wymagania te określa się mianem **niszy ekologicznej**. Jest to zakres zmienności warunków, w jakich dany organizm może przeżyć, rozwijać się i rozmnażać.

Nisza ekologiczna obejmuje m.in.:

- **warunki środowiska** (np. temperaturę powietrza lub wody),
- **dostępność zasobów w środowisku** (np. pokarmu i soli mineralnych),
- **oddziaływania między organizmami** (np. konkurencję i drapieżnictwo).

Między gatunkami, które mają podobne nisze ekologiczne i występują w tej samej biocenozie, często dochodzi do **konkurencji o zasoby**, np. o pokarm. Aby ją ograniczyć, większość organizmów nieznacznie zmienia w toku ewolucji swoje wymagania lub zachowania (przykładem są różne pory żerowania niektórych organizmów). Poza tym zakres niszy ekologicznej może podlegać modyfikacjom, np. w związku ze zmianą pór roku lub wraz z rozwojem osobniczym (np. nisza ekologiczna larwy różni się od niszy ekologicznej dorosłego owada).

Nisza podstawowa a nisza realizowana

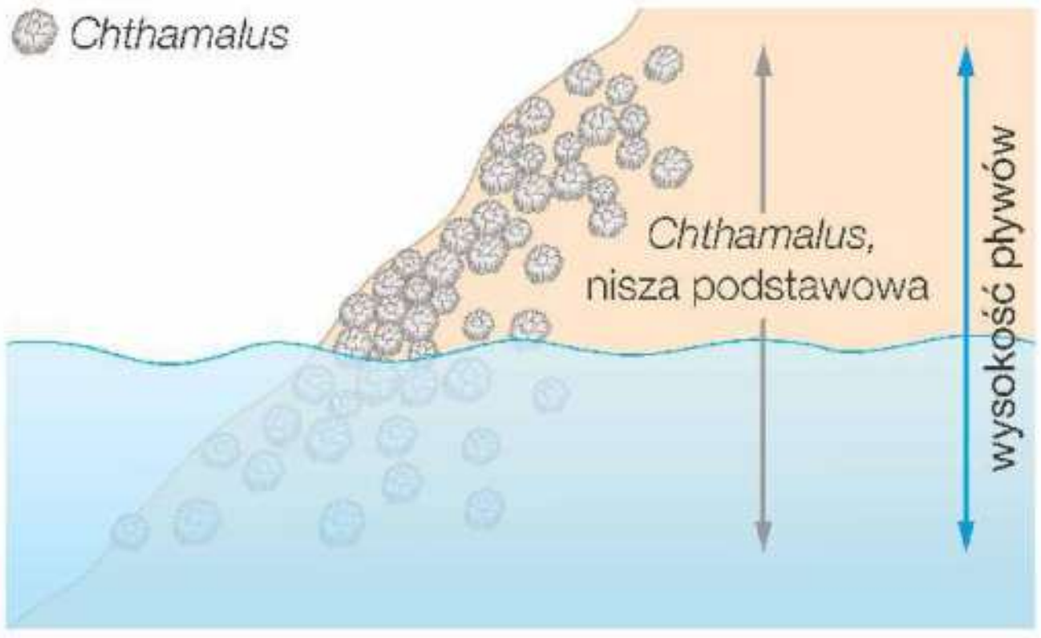
Gatunki o podobnych niszach ekologicznych konkurują ze sobą o zasoby środowiska. Z tego powodu nisza podstawowa, którą dany gatunek mógłby zajmować, jest inna od niszy realizowanej. Przykładem tej różnicy jest rozmieszczenie dwóch gatunków pąkli: *Chthamalus stellatus* i *Balanus balanoides*.

Nisza podstawowa

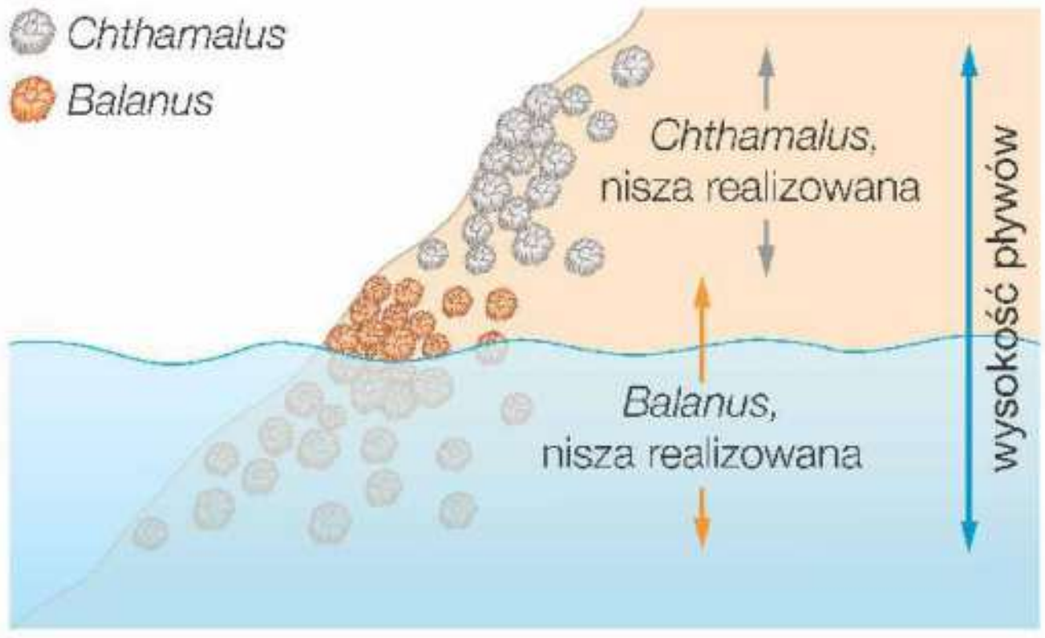
Nisza podstawowa to nisza zajmowana w sytuacji braku oddziaływania ze strony innych organizmów, np. konkurentów czy drapieżników. Nie ulega ona zawężeniu i wyznaczają ją jedynie czynniki abiotyczne.

Nisza realizowana

Nisza realizowana to zakres wykorzystywania zasobów przez gatunek w sytuacji oddziaływania ze strony konkurentów i innych uwarunkowań biotycznych. Jest częścią niszy podstawowej, a jej rozmiar może ulegać zawężeniu w zależności od warunków.



W sytuacji braku konkurentów pąkle *Chthamalus stellatus* występują na skałach na całej wysokości pływów. Jest to ich nisza podstawowa.



W obecności konkurentów – pąkli *Balanus balanoides* – pąkle *Chthamalus stellatus* zajmują wyżej położone miejsca na skałach. Jest to ich nisza realizowana.

Siedlisko

Siedlisko to przestrzeń fizyczna, w której występuje dany organizm. Może to być obszar lądowy lub wodny, wyodrębniony na podstawie cech geograficznych (np. ukształtowanie terenu), klimatycznych (np. roczna suma opadów atmosferycznych) i glebowych (np. żyzność gleby). W tym samym siedlisku mogą występować organizmy o różnych niszach ekologicznych.



Pojedyncze siedlisko, np. sawanna, zapewnia wiele nisz ekologicznych, które są zajmowane przez różne gatunki.

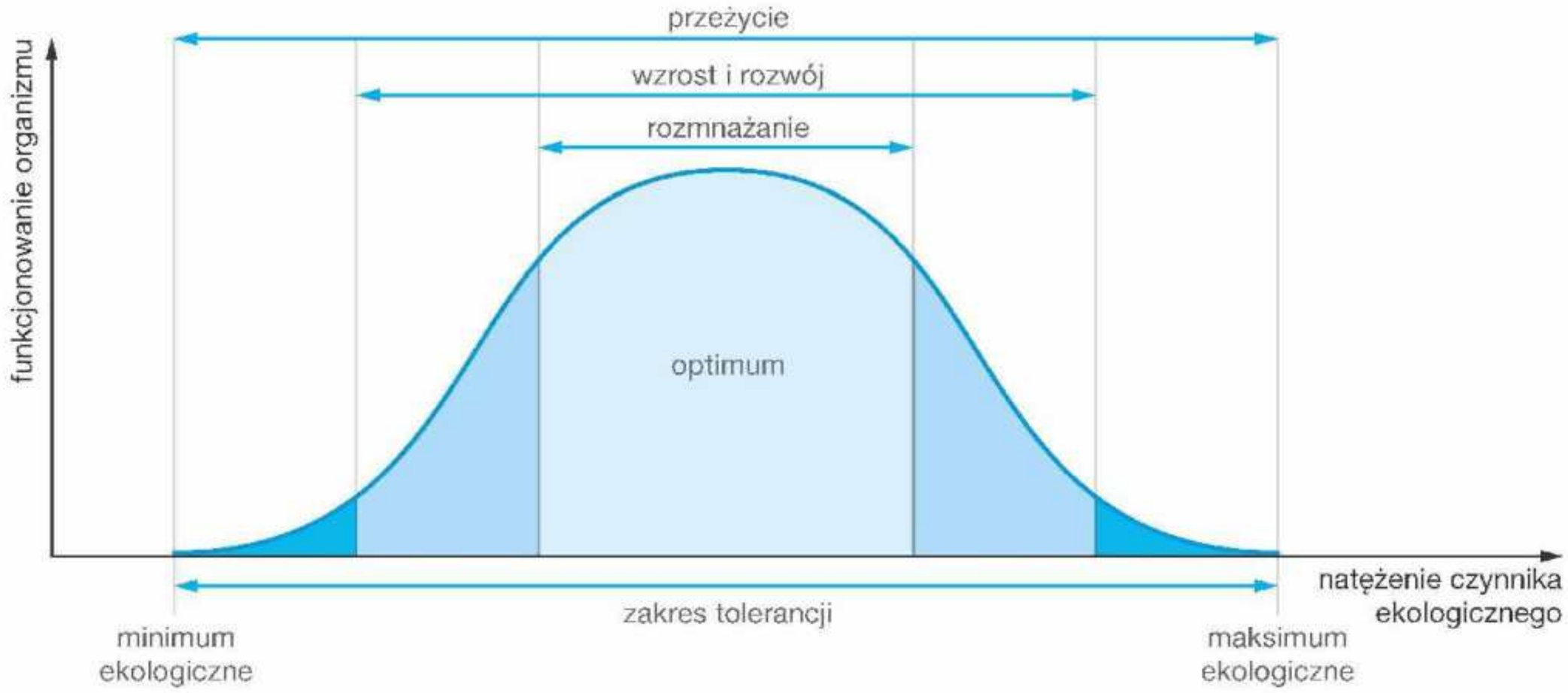
Tolerancja ekologiczna

Większość czynników środowiska ulega okresowym wahaniom, np. w związku ze zmianą pór roku. Zdolność przystosowywania się organizmu do zmian czynników środowiska określa się mianem **tolerancji ekologicznej**. Podstawą koncepcji tolerancji ekologicznej są badania Justusa von Liebiga [wym. fon libisia]. Odkrył on, że wzrost i rozwój roślin uprawnych może zostać zahamowany, jeżeli stężenie nawet jednej substancji mineralnej w roztworze glebowym jest mniejsze od stężenia minimalnego, niezbędnego do przeżycia tych roślin. Na podstawie powyższych spostrzeżeń badacz sformułował **prawo minimum Liebiga**. Stanowi ono, że możliwości rozwoju organizmu określa ten składnik, który występuje w niedoborze, czyli w ilości niewystarczającej w stosunku do zapotrzebowania organizmu.

Rozwinięciem reguły Liebiga jest **prawo tolerancji ekologicznej**, które zostało sformułowane przez Victora Shelforda [wym. wiktora szelforda]. Według tego prawa istnieje tzw. **zakres tolerancji ekologicznej**, czyli przedział wartości określonego czynnika, w którym dany organizm może przetrwać. W obrębie zakresu tolerancji wyróżnia się następujące wartości:

- **minimum ekologiczne i maksimum ekologiczne** – dwie skrajne wartości czynnika środowiska, pomiędzy którymi organizm może przeżyć i które wyznaczają zakres jego tolerancji ekologicznej,
- **optimum** – najkorzystniejszy dla danego organizmu przedział wartości określonego czynnika środowiska.

Gdy wartości oddalają się od optimum, organizm przestaje rozmnażać się i rosnąć, natomiast po przekroczeniu granicy tolerancji ekologicznej może dojść do jego śmierci.



Zakres tolerancji organizmu na natężenie czynnika ekologicznego.

Środowisko, siedlisko i nisza ekologiczna

Środowisko, nisza ekologiczna i siedlisko to ważne pojęcia w ekologii, które często są ze sobą mylone. Różnice pomiędzy nimi wyjaśniono na przykładzie orzesznicy leszczynowej – gryzonia występującego w wielu krajach Europy, w tym w Polsce.



Orzesznica leszczynowa.

Środowisko

Środowisko to ogół czynników ożywionych i nieożywionych występujących na danym obszarze. Elementy środowiska wpływają na żyjące w nim organizmy, m.in. na ich liczebność, rozmieszczenie i aktywność życiową.

Czynniki środowiska dzieli się na:

- **czynniki biotyczne** (ożywione) – zwierzęta, rośliny, grzyby, protisty i bakterie,
- **czynniki abiotyczne** (nieożywione) – takie jak temperatura i wilgotność powietrza, pH gleby czy zasolenie wód.

Środowisko orzesznicy

Czynniki biotyczne

Zwierzęta – regulują liczebność orzesznicy (np. łasice i sowy polują na nią).

Rośliny – stanowią pokarm orzesznicy oraz dają jej schronienie.

Grzyby – mogą powodować choroby orzesznicy.

Mikroorganizmy (protisty i bakterie) – mogą powodować choroby orzesznicy.



Czynniki abiotyczne

Temperatura powietrza – reguluje aktywność życiową orzesznicy (od października do kwietnia orzesznica zapada w sen zimowy).

Nasłonecznienie – wpływa na wybór miejsca do życia (orzesznica preferuje zacienione miejsca).

Skład powietrza – warunkuje przeżycie orzesznicy (orzesznica oddycha tlenowo).

Dostęp do wody, wilgotność – warunkują przeżycie orzesznicy.

Nisza ekologiczna

Nisza ekologiczna to wszystkie wymagania życiowe organizmu lub gatunku względem środowiska. Dotyczą one m.in. warunków i zasobów środowiska oraz powiązań z innymi organizmami.

Miejsce występowania (siedlisko)
Gęste lasy liściaste z zaroślami leszczynowymi.

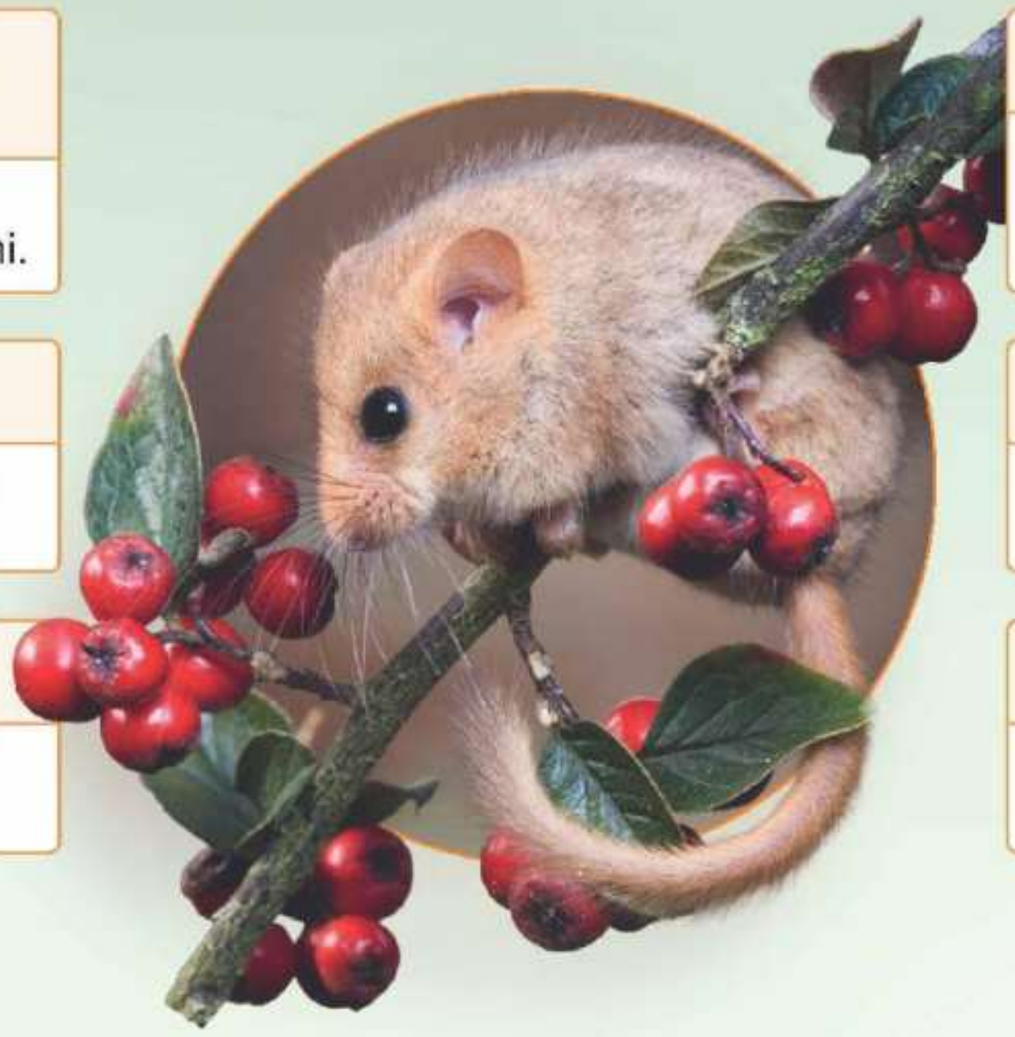
Odżywianie się
Głównie nasiona i owoce, dodatkowo owady i ich larwy.

Rytm dobowy
Aktywność przeważnie nocą.

Aktywność w ciągu roku
Zimą brak aktywności – sen zimowy.

Schronienie
Gniazda wśród gałęzi lub w dziuplach.

Naturalni wrogowie
Ptaki drapieżne, kuny i koty domowe.



Siedlisko

Siedlisko to miejsce występowania organizmu, charakteryzujące się określonymi czynnikami abiotycznymi (m.in. geograficznymi, klimatycznymi i glebowymi). Siedliskami mogą być np.: podmokła łąka, las liściasty lub jezioro. W jednym siedlisku może występować wiele różnych organizmów, z których każdy ma własną, charakterystyczną dla siebie niszę ekologiczną.


Orzesznica leszczynowa.

Las liściasty z zaroślami leszczynowymi
– siedlisko orzesznicy i innych gatunków.


Leszczyna pospolita.

Dzięcioł duży.

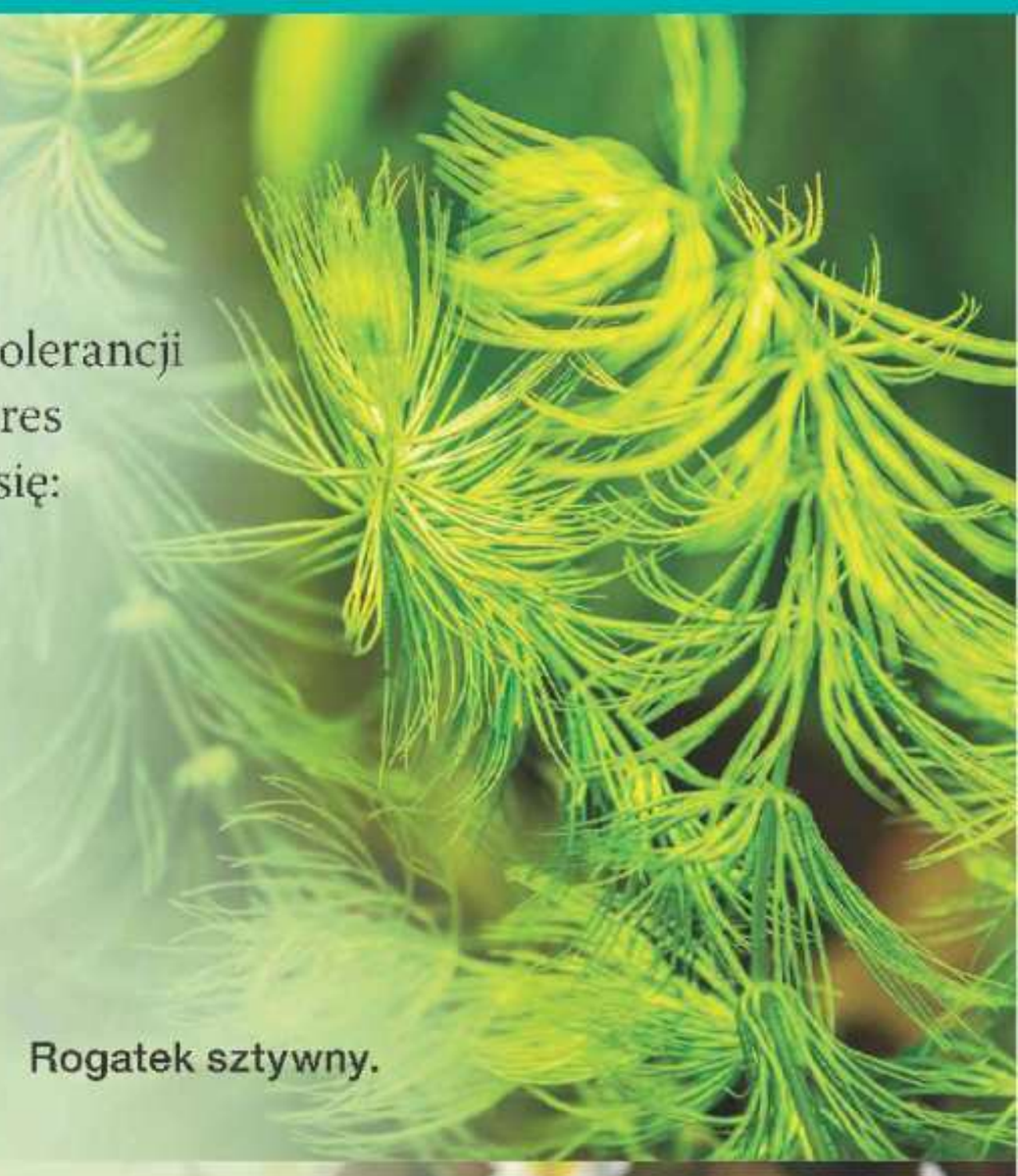
Dzik euroazjatycki.

Formy ekologiczne roślin i ich adaptacje do siedlisk życia

Forma ekologiczna to grupa gatunków o podobnym zakresie tolerancji na natężenie danego czynnika środowiska. Ze względu na zakres tolerancji roślin na dostępność wody w środowisku wyróżnia się: hydrofity, higrofity, mezofity i kserofity.

Adaptacje hydrofitów – roślin wodnych

- Skórka bez kutykuli, słabo wykształcone tkanki przewodzące i system korzeniowy – pobieranie wody całą powierzchnią ciała.
- Obecność miękiszu powietrznego (aerenchymy) – unoszenie się w toni wodnej i magazynowanie tlenu.
- Występowanie chloroplastów w epidermie – zwiększenie efektywności fotosyntezy w słabych warunkach świetlnych.



Rogatek sztywny.

Adaptacje higrofitów – roślin siedlisk wilgotnych

- Duże blaszki liściowe, epiderma pokryta cienką warstwą kutykuli i żywymi włoskami oraz aparaty szparkowe zlokalizowane po obu stronach liści – zwiększenie intensywności transpiracji.
- Obecność hydatod – usuwanie nadmiaru wody podczas gutacji.



Zawilec gajowy.

Adaptacje mezofitów – roślin siedlisk umiarkowanie wilgotnych

- Silnie rozwinięty system korzeniowy – zwiększenie powierzchni pobierania wody z gleby.
- Epiderma pokryta kutykulą, aparaty szparkowe zlokalizowane na spodniej stronie liści – regulacja transpiracji w zależności od dostępności wody.



Klon zwyczajny.

Adaptacje kserofitów – roślin siedlisk suchych

Sklerofity

- Zredukowane liście, wielowarstwowa epiderma o grubej kutykuli, a także aparaty szparkowe w zagłębieniach na spodniej stronie liści, otoczone martwymi włoskami – ograniczenie transpiracji.
- Silnie rozwinięty system korzeniowy – zwiększenie powierzchni pobierania wody z gleby.



Wrzos zwyczajny.

Sukulenty

- Obecność miękiszu wodnego – magazynowanie wody w liściach lub łodygach.
- Epiderma pokryta grubą warstwą kutykuli i wosków – ograniczenie transpiracji.



Aloes zwyczajny.

Eurybionty i stenobionty

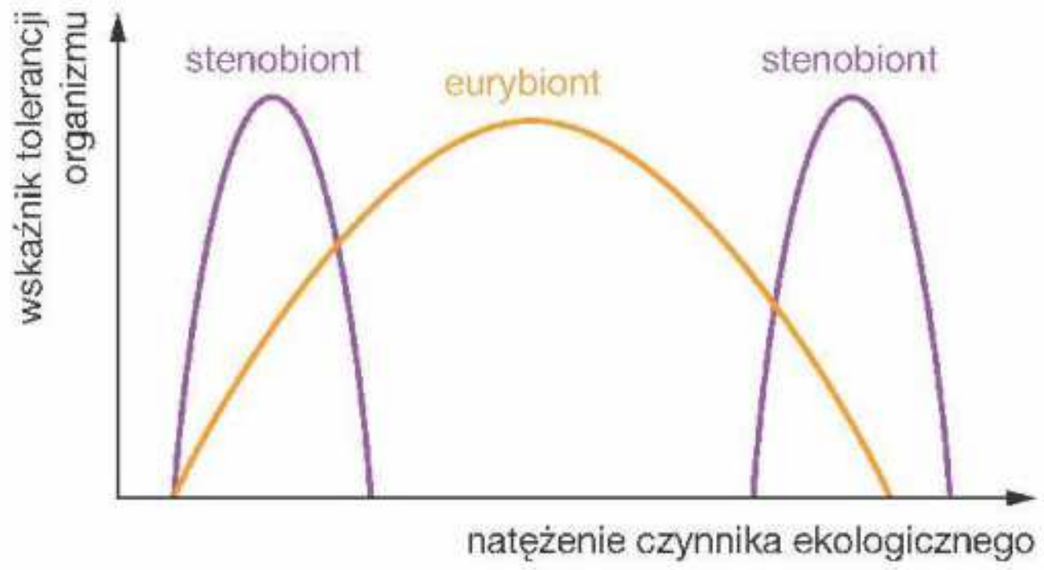
Organizmy różnią się zakresem tolerancji ekologicznej w odniesieniu do poszczególnych czynników środowiska. Gatunki o szerokim zakresie tolerancji na dany czynnik nazywa się **eurybiontami**, natomiast gatunki o wąskim zakresie tolerancji – **stenobiontami**. Przedrostki eury- i steno-, w połączeniu z częścią nazwy odpowiedniego czynnika środowiskowego, określają zakres tolerancji danego gatunku na ten czynnik. Zakres tolerancji ekologicznej gatunku ustala się m.in. ze względu na:

- **temperaturę** – wyróżnia się gatunki eurytermiczne (np. płomykówka zwyczajna) i stenotermiczne (np. niedźwiedź polarny),
- **światło** – wyróżnia się gatunki euryfotyczne (np. bluszcz pospolity) i stenofotyczne (np. szczawik zajęczy),
- **wilgotność** – wyróżnia się gatunki euryhydryczne (np. ligustr pospolity) i stenohydryczne (np. zawilec gajowy),
- **zasolenie** – wyróżnia się gatunki euryhaliczne (np. węgorz europejski) i stenohaliczne (np. karp).

Jeden gatunek może wykazywać odmienny zakres tolerancji w odniesieniu do kilku różnych czynników środowiska. Oznacza to, że na jeden czynnik, np. temperaturę, gatunek może wykazywać szeroki zakres tolerancji (być eurybiontem), a na drugi czynnik, np. wilgotność, może wykazywać wąski zakres tolerancji (być stenobiontem). Gatunki, które występują niemal we wszystkich strefach klimatycznych (np. szczur wędrowny i mucha domowa), to tzw. **gatunki kosmopolityczne**. Wykazują one szeroki zakres tolerancji ekologicznej.

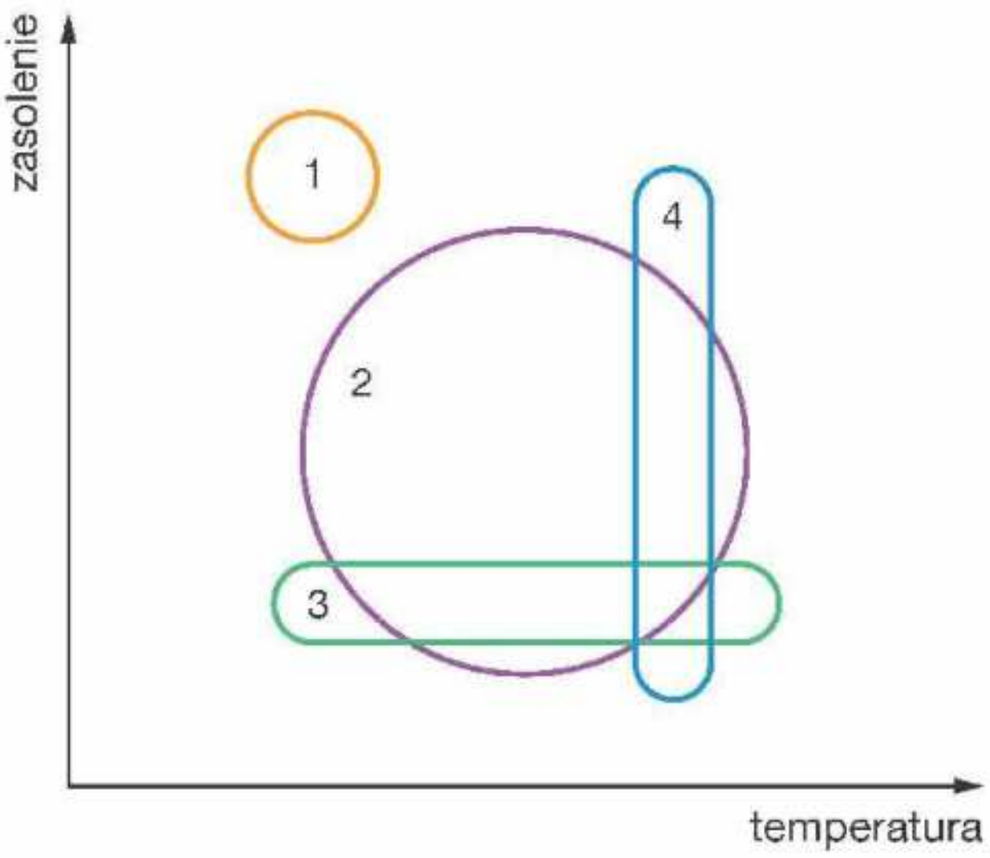
Gatunki wskaźnikowe

Stenobionty są wykorzystywane w ochronie środowiska jako **gatunki wskaźnikowe** (bioindykatory). **Bioindykator** to gatunek o dobrze znanych wymaganiach ekologicznych, którego obecność lub brak wskazuje na dane warunki środowiska. Gatunki wskaźnikowe znajdują zastosowanie w **bioindykacji**, czyli diagnozowaniu stanu powietrza, wody i gleby na podstawie występujących w nich organizmów. Do gatunków wskaźnikowych należą np. porosty, które są wrażliwe na skażenie powietrza tlenkami siarki. Bioindykatory stosuje się również do oceny stanu czystości wód.



Zakres tolerancji ekologicznej eurybiontów i stenobiontów.

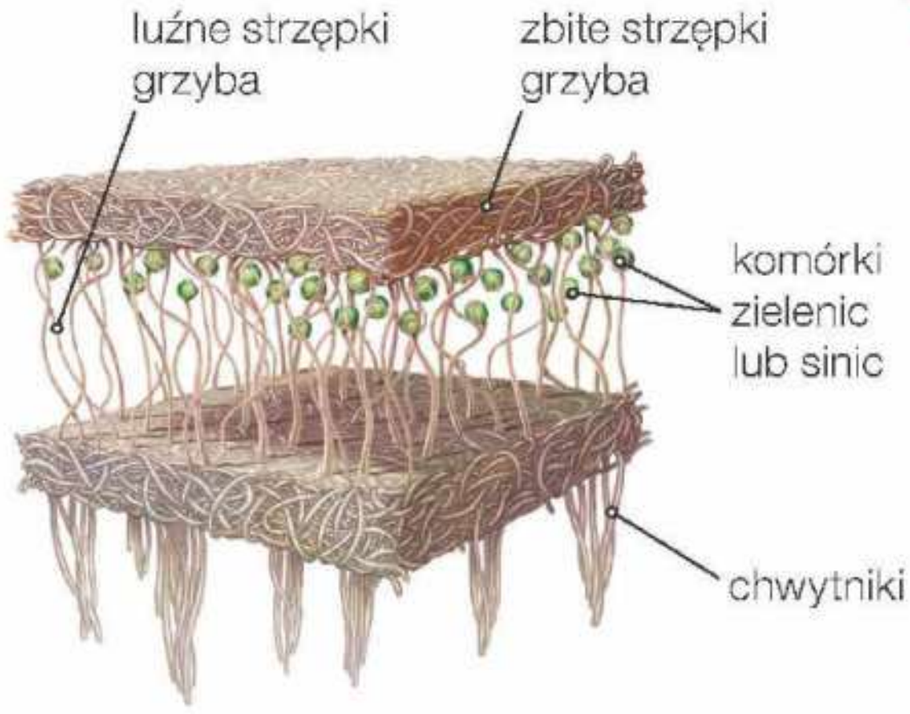
Zakres tolerancji ekologicznej gatunków dla dwóch czynników środowiska



1. stenobiont pod względem zasolenia i temperatury (gatunek stenohaliczny i stenotermiczny)
2. eurybiont pod względem zasolenia i temperatury (gatunek euryhaliczny i eurytermiczny)
3. stenobiont pod względem zasolenia i eurybiont pod względem temperatury (gatunek stenohaliczny i eurytermiczny)
4. eurybiont pod względem zasolenia i stenobiont pod względem temperatury (gatunek euryhaliczny i stenotermiczny)

Skala porostowa

Porosty wykorzystuje się jako organizmy wskaźnikowe, ponieważ są wrażliwe na obecność tlenku siarki(IV) – SO_2 – w powietrzu. Gatunki porostów uszeregowane od najmniej do najbardziej wrażliwych na stężenie SO_2 tworzą siedmiostopniową **skalę porostową.** Służy ona do oceny stopnia zanieczyszczenia powietrza na danym terenie.



Porosty to organizmy dwuskładnikowe, które są zbudowane ze strzępek grzybów oraz z komórek zielenic lub sinic.

Strefa 1		**Typowe porosty:** brak porostów (tzw. pustynia porostowa). **Występowanie:** silnie skażone tereny przemysłowe. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 170 µg/m^3 i więcej.
Strefa 2		**Typowe porosty:** formy skorupiaste, np. misecznica proszkowata. **Występowanie:** miasta i obszary przemysłowe. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 169–100 µg/m^3.
Strefa 3		**Typowe porosty:** formy skorupiaste i nieliczne listkowate, np. złotorost ścienny. **Występowanie:** tereny zadrzewione na obrzeżach dużych miast. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 99–70 µg/m^3.
Strefa 4		**Typowe porosty:** formy listkowate i listkowato-krzaczkowate, np. pustułka pęcherzykowata. **Występowanie:** lasy w pobliżu dużych miast i obszarów przemysłowych. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 69–50 µg/m^3.
Strefa 5		**Typowe porosty:** formy listkowate i nieliczne krzaczkowate, np. mąklik otrębiasty. **Występowanie:** duże obszary leśne. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 49–40 µg/m^3.
Strefa 6		**Typowe porosty:** formy listkowate i krzaczkowate, np. brodaczka nadobna. **Występowanie:** rozległe naturalne kompleksy leśne. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 39–30 µg/m^3.
Strefa 7		**Typowe porosty:** formy listkowate i krzaczkowate, np. granicznik płucnik. **Występowanie:** lasy najbardziej oddalone od miast, dróg i terenów przemysłowych. **Stężenie SO_2 w powietrzu:** 29 µg/m^3 i mniej.

Bioindykacja w praktyce – ocena stanu czystości wód

Do oceny stanu czystości wód, oprócz parametrów chemicznych i fizycznych, można wykorzystać bioindykatory (biowskaźniki, organizmy wskaźnikowe). Istnieje wiele różnych metod, które pozwalają na klasyfikowanie jakości wody.
Za jeden z najlepiej opracowanych systemów biologicznej klasyfikacji wód uznaje się system saprobowy.

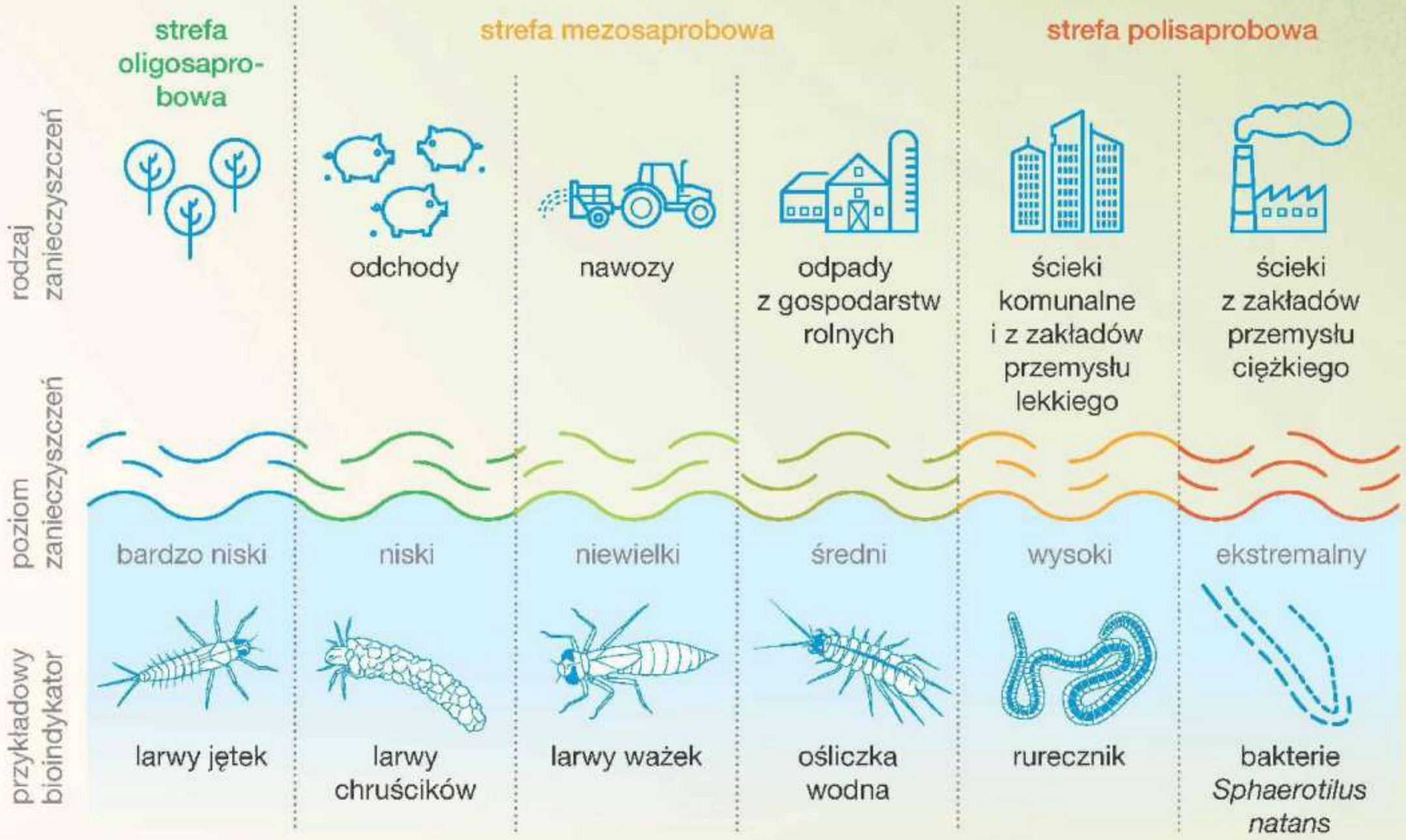
System saprobowy

System saprobowy polega na wykrywaniu gatunków wskaźnikowych, których obecność lub brak pozwala na określenie poziomu zanieczyszczenia wód martwą materią organiczną albo produktami jej gnilnego rozkładu. Organizmy, które stanowią bioindykatory zanieczyszczenia wody, dzieli się na:

- **organizmy oligosaprobowe** – występujące w wodach najmniej zanieczyszczonych,
- **organizmy mezosaprobowe** – występujące w wodach średnio zanieczyszczonych,
- **organizmy polisaprobowe** – występujące w wodach najbardziej zanieczyszczonych.

Wody mało zanieczyszczone charakteryzują się dużą bioróżnorodnością, ale małą liczebnością gatunków, a wody bardzo zanieczyszczone – małą bioróżnorodnością, ale dużą liczebnością gatunków.

Bioindykacja jest często wykorzystywana do oceny stanu czystości rzek.



Wpływ stopnia zanieczyszczenia wody na skład gatunkowy bezkręgowców wodnych i bakterii według systemu saprobowego.

Adaptacje roślin do życia w wysokich górach

W wysokich górach panują niekorzystne warunki dla rozwoju roślin. Gleby są często mało żyzne, a gruba i długo zalegająca pokrywa śnieżna sprawia, że okres wegetacyjny jest znacznie skrócony. Ponadto rośliny są narażone na duże wahania temperatury, nagłe zmiany pogody i silne wiatry. Aby przeżyć w tak trudnych warunkach, rośliny wykształciły wiele przystosowań, dzięki którym skolonizowały obszary wysokogórskie.

Przykłady przystosowań roślin wysokogórskich

- Niewielka wysokość – możliwość przetrwania pod grubą warstwą śniegu.
- Duże kwiaty w stosunku do wielkości rośliny, często silnie pachnące – przywabianie zapylaczy, których liczebność spada wraz ze wzrostem wysokości nad poziomem morza.
- Duże skupienie pędów – ochrona przed niekorzystnym wpływem wiatru i zimna.
- Pokrycie pędów martwymi włoskami (kutnerem) – ochrona przed nadmierną utratą wody i zimnem.



Dębik ośmiopłatkowy żyje w symbiozie z bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny, dzięki czemu może rosnąć na glebach ubogich w azot.



Rojnik górski jest sukulentem, który dzięki obecności miękiszu wodnego magazynuje wodę w liściach.

Polecenia kontrolne

1. Na podstawie wiarygodnych źródeł opisz siedlisko i niszę ekologiczną rysia euroazjatyckiego oraz bociana białego.
2. Wyjaśnij, czym są gatunki wskaźnikowe i podaj przykład ich praktycznego zastosowania.
3. Określ, które z podanych stwierdzeń dotyczy prawa minimum, a które – prawa tolerancji ekologicznej.
   a. Niedostateczna zawartość związków azotu w podłożu wpływa hamująco na wzrost i rozwój roślin, mimo obfitości pozostałych związków mineralnych.
   b. Zahamowanie wzrostu i rozwoju roślin następuje w warunkach zarówno zbyt dużej, jak i zbyt małej zawartości wody w podłożu.

6.2. Ekologia populacji

Ważne w tym temacie!

- cechy populacji
- teoria metapopulacji
- znaczenie migracji w przepływie genów i przetrwaniu gatunku

Populacja jest grupą osobników tego samego gatunku, która żyje na określonym obszarze w tym samym czasie. Przedstawiciele populacji podlegają wpływowi podobnych czynników środowiska, dysponują zbliżonymi zasobami, a także krzyżują się ze sobą. W ten sposób tworzą wspólną pulę genową. W jej obrębie dochodzi do rekombinacji genetycznej, która, obok mutacji, pozwala na zachodzenie procesów ewolucyjnych. Przedmiotem badań ekologii populacji są m.in. struktura, liczebność i funkcjonowanie populacji danego gatunku.

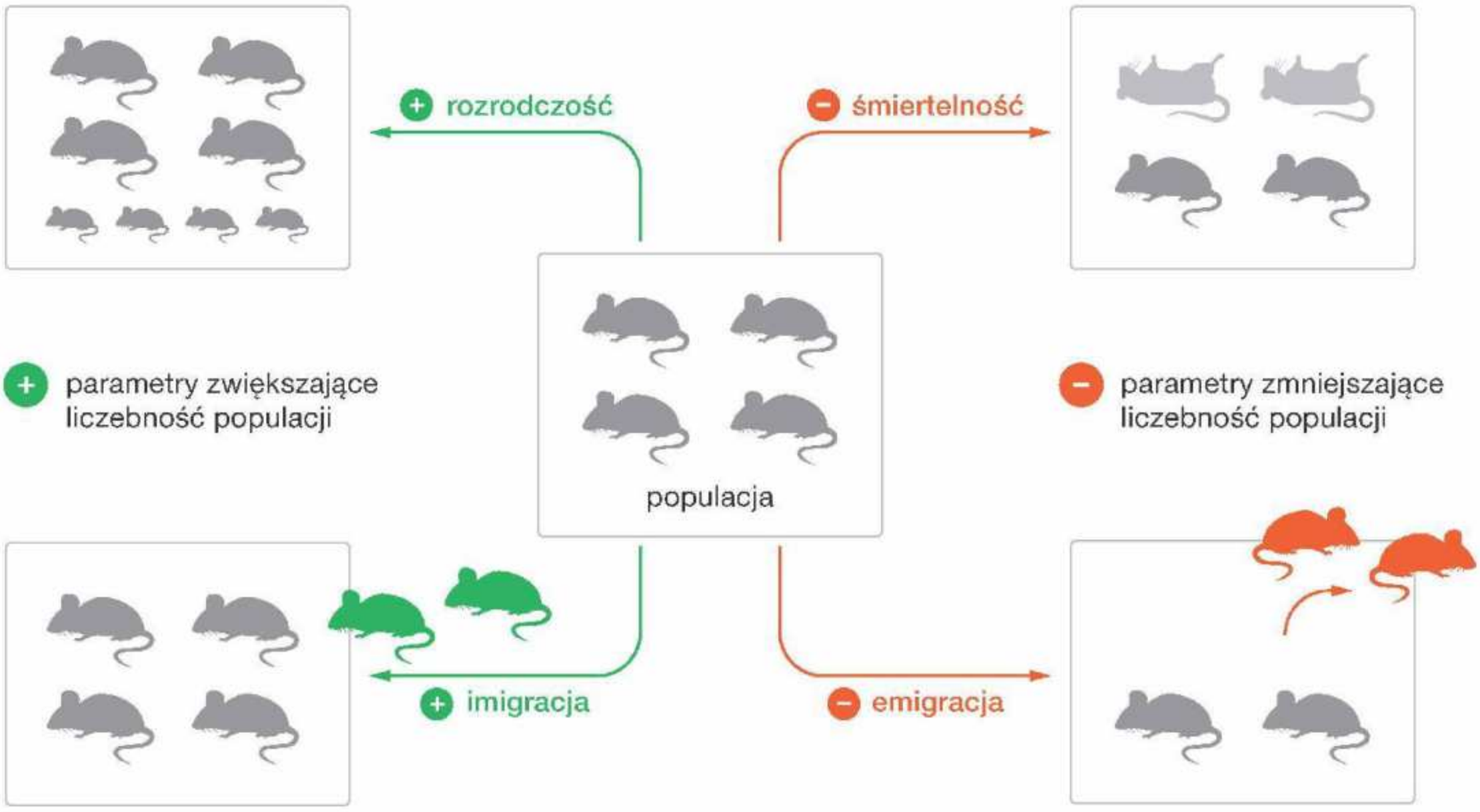
Każda populacja charakteryzuje się określonym zespołem cech, do których należą m.in. liczebność, zagęszczenie, a także struktury: wiekowa, płciowa i przestrzenna.

Liczebność populacji

Liczebność to liczba wszystkich osobników tworzących daną populację. Na liczebność wpływają cztery najważniejsze parametry danej populacji: rozrodczość, śmiertelność, imigracje i emigracje. Ponadto na populację oddziałują czynniki zewnętrzne oraz czynniki wewnętrzne.

Czynniki wpływające na liczebność populacji	
czynniki zewnętrzne	czynniki wewnętrzne
• obecność drapieżników lub roślinożerców • konkurencja • dostępność pokarmu • choroby i pasożyty • pogoda	• płeć • wiek • fizjologia • behawior • stan zdrowia

Parametry populacji, które wpływają na jej liczebność

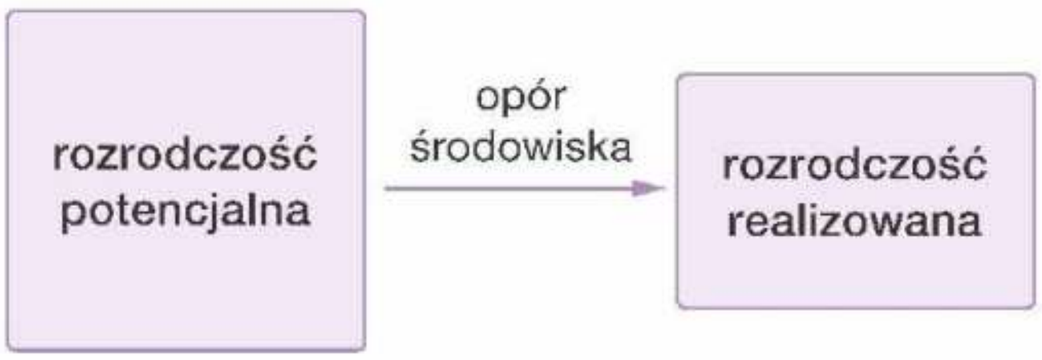


Rozrodczość

Rozrodczość to liczba potomstwa wydawanego na świat w określonym czasie. Obejmuje ona każdy sposób powstania nowych osobników, m.in. wylęganie z jaj, kiełkowanie z nasion czy pączkowanie. Rozrodczość warunkuje wzrost i rozwój populacji, ponieważ wpływa na zwiększenie jej liczebności. Wyróżnia się rozrodczość potencjalną i rozrodczość realizowaną.

Rozrodczość potencjalna (fizjologiczna) to maksymalna liczba osobników, które mogłyby pojawić się w populacji w idealnych warunkach środowiska i w sytuacji maksymalnego wykorzystania płodności osobników. Rozrodczość potencjalna jest więc wyłącznie pojęciem teoretycznym, ponieważ w praktyce zapewnienie takich warunków jest niemożliwe.

Rozrodczość realizowana (ekologiczna) uwzględnia ograniczający wpływ czynników środowiska na populację, czyli opór środowiska (np. brak pokarmu, działanie roślinożerców, drapieżników i pasożytów). Rozrodczość realizowana jest zatem rzeczywistą rozrodczością populacji i przyjmuje niższe wartości niż rozrodczość potencjalna.



Wpływ oporu środowiska na rozrodczość populacji.

Śmiertelność

Śmiertelność określa liczbę osobników ginących w określonym czasie, przypadającą na liczbę wszystkich osobników w populacji. Odpowiedni poziom śmiertelności jest warunkiem zachowania ciągłości gatunku, ponieważ zapobiega przegęszczeniu i umożliwia optymalne wykorzystanie zasobów środowiska. Z kolei zbyt mała śmiertelność może doprowadzić do przegęszczenia i nadmiernej eksploatacji dostępnych zasobów.

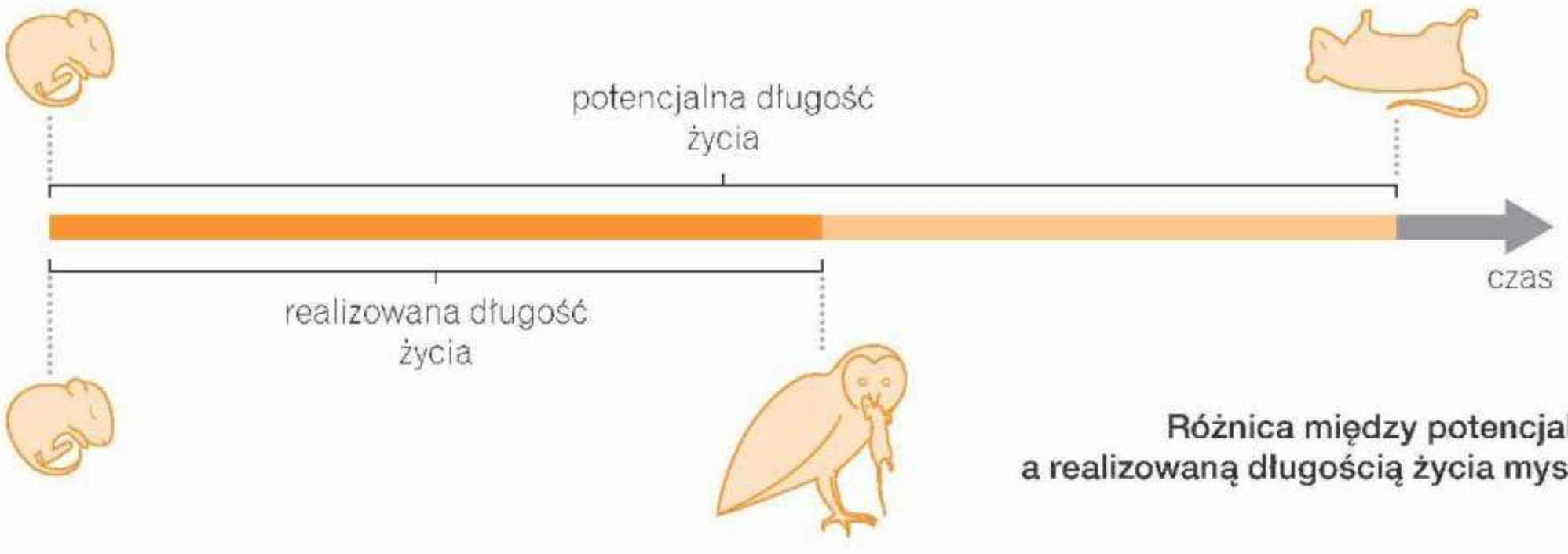
Wśród przyczyn śmiertelności wyróżnia się m.in. czynniki:

- **środowiskowe** – brak lub wyczerpywanie się substancji potrzebnych do życia (np. wody),
- **osobnicze** – starzenie się, choroby, zaburzenia genetyczne, mutacje letalne,
- **biocenotyczne** – oddziaływania międzygatunkowe, np. drapieżnictwo (→ s. 289),
- **populacyjne** – oddziaływania między osobnikami tego samego gatunku, np. konkurencja wewnątrzgatunkowa (→ s. 287).

Analizując śmiertelność w obrębie danej populacji, można uzyskać informacje na temat potencjalnej i realizowanej długości życia osobników.

Potencjalna długość życia to maksymalny czas, który może przeżyć osobnik danego gatunku żyjący w optymalnych warunkach środowiska. Jest ona uzależniona od możliwości fizjologicznych poszczególnych osobników (śmierć następuje w wyniku starości).

Realizowana długość życia to rzeczywista długość życia danego osobnika w określonych warunkach środowiska. W warunkach naturalnych jest ona krótsza od potencjalnej długości życia, ponieważ osobniki są narażone na różne czynniki, które mogą doprowadzić do ich przedwczesnej śmierci (np. zakażenie groźnym patogenem lub atak drapieżnika).

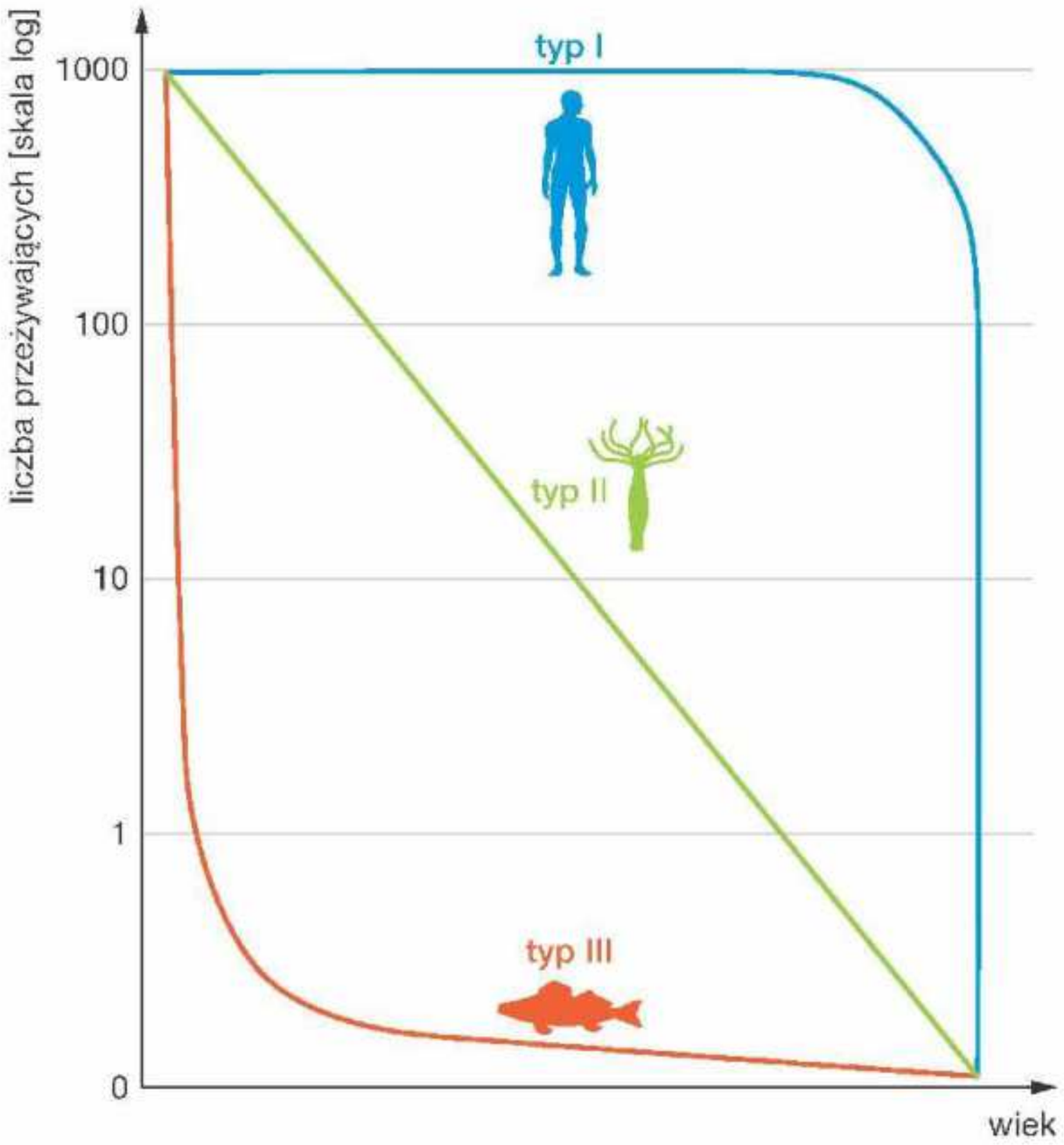


Różnica między potencjalną a realizowaną długością życia myszy.

Krzywe przeżywania

Przeżywalność to zdolność osobników do osiągnięcia określonego wieku. Jej graficznym przedstawieniem są krzywe przeżywania. Wyróżnia się trzy podstawowe typy krzywych przeżywania:

- **typ I** (wypukły) – duża przeżywalność młodych osobników i gwałtowne zmniejszenie się przeżywalności najstarszych osobników. Występuje m.in. u dużych ssaków, które długo opiekują się swoim nielicznym potomstwem, np. słoni i człowieka;
- **typ II** (prosty) – jednakowa przeżywalność osobników w każdym wieku. Dotyczy m.in. parzydełkowców, np. stułbi;
- **typ III** (wklęsły) – najmniejsza przeżywalność osobników najmłodszych i zwiększona przeżywalność osobników starszych. Jest charakterystyczna dla gatunków odznaczających się bardzo dużą rozrodczością, u których nie występuje opieka nad potomstwem, np. większość bezkręgowców i ryb morskich, a także wiele gatunków roślin oraz grzybów.



Trzy podstawowe typy krzywych przeżywania.

Migracje

Migracja to przemieszczanie się organizmów z jednego obszaru na inny. Zjawisko to może mieć charakter:

- **emigracji** – niektóre osobniki opuszczają populację (np. gdy zasoby środowiska maleją),
- **imigracji** – do populacji przybywają osobniki tego samego gatunku z innych populacji (np. gdy zasoby środowiska rosną).

Migracje mogą być reakcją na wzrastające zagęszczenie populacji, a co za tym idzie – na zaostrzenie konkurencji. W ten sposób migracje zapewniają przepływ genów, co zwiększa zróżnicowanie genetyczne populacji i zmniejsza ryzyko dryfu genetycznego (→ s. 222).

Migracje rozumiane jako zjawisko sezonowego przemieszczania się osobników są związane np. z rozrodem lub poszukiwaniem pokarmu. Występują m.in. u niektórych gatunków ryb (np. u łososi i węgorzy), ptaków (np. u dymówek) i ssaków (np. u antylop).



Jedną z najbardziej spektakularnych migracji jest wędrówka milionów antylop i zebr w Parku Narodowym Serengeti w Tanzanii.

MIGRACJE PTAKÓW

Migracje ptaków to przemieszczanie się osobników między lęgowiskami, gdzie zakładają gniazda i wychowują młode, a zimowiskami, gdzie spędzają zimę. Wiele gatunków ptaków, m.in. owadożerne dymówki, opuszcza lęgowiska z powodu niedostatku pokarmu, niskiej temperatury i zbyt krótkich dni, podczas których trudno zdobyć odpowiednią ilość pożywienia.

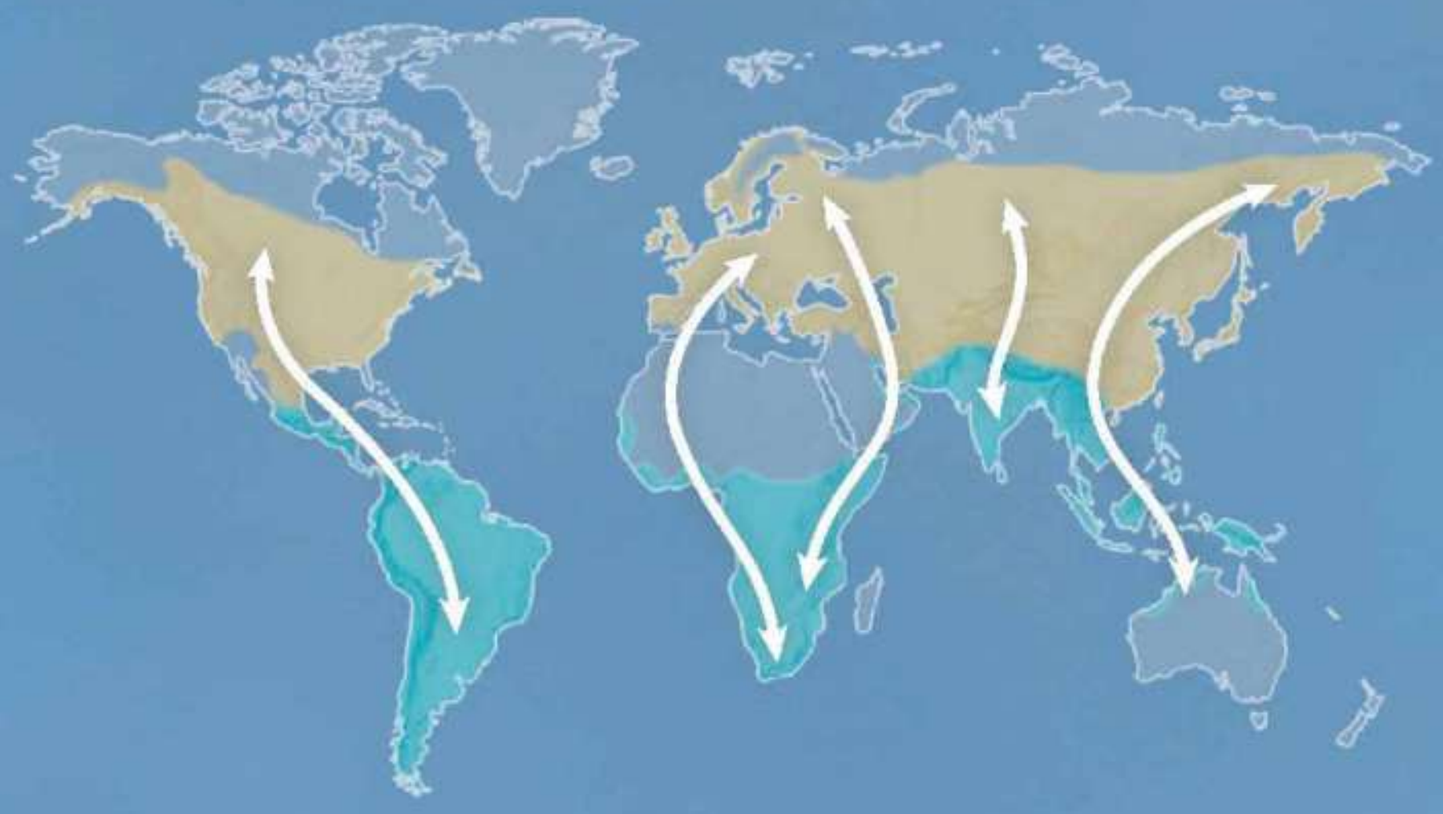


GŁÓWNE SZLAKI MIGRACJI DYMÓWKI

Dymówki, które są ptakami wędrującymi na dalekie dystanse, dwa razy w roku korzystają z astronomicznego lata. Najpierw przebywają na lęgowiskach na półkuli północnej, a następnie – na zimowiskach na półkuli południowej. Podczas wędrówki kierują się wzdłuż jednego z pięciu głównych szlaków migracji.



Podczas migracji stada dymówek nocują w trzcinowiskach, które zapewniają im ochronę przed czworonożnymi drapieżnikami.





MIGRACJA – SPRAWDZIAN DOSTOSOWANIA OSOBNIKÓW

Wędrówka jest dla ptaków wyzwaniem ze względu na napotykane na drodze niebezpieczeństwa – zarówno naturalne, jak i wynikające z działalności człowieka. Migrację przeżywają osobniki najlepiej przystosowujące się do zmiennych warunków środowiska, dlatego to one przekazują swoje geny potomstwu.



PRZYSTOSOWANIA PTAKÓW DO MIGRACJI NA PRZYKŁADZIE DYMÓWKI



Prędkość przelotowa dymówki może dojść nawet do 50 km/h – dzięki temu ptak ten może pokonywać ponad 300 km dziennie.



Coroczna wymiana starych piór na nowe (pierzenie) – zmniejszenie strat energetycznych, powodowanych przez pióra słabej jakości.



Zmysł magnetyczny – orientowanie się w przestrzeni dzięki wyczuwaniu pola magnetycznego Ziemi.

Przyjmowanie dużej ilości pokarmu (hiperfagia) i otłuszczanie się – gromadzenie zapasów energetycznych na czas wędrówki. Zużycie 1 g zmagazynowanego tłuszczu dostarcza dymówce energii na pokonanie 400 km.

Okresowe powiększenie organów niezbędnych do długotrwałego lotu (m.in. serca oraz mięśni piersiowych).

Ostry kształt skrzydeł – szybki i zwinny lot, małe wydatki energetyczne.

Okresowe uwstecznienie mniej potrzebnych narządów (np. narządów układu rozrodczego i układu pokarmowego).

zagrożenia naturalne

ZAŁAMANIA POGODY

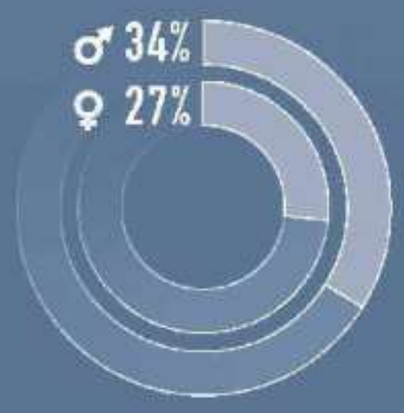


BARIERY GEOGRAFICZNE



OBECNOŚĆ DRAPIEŻNIKÓW



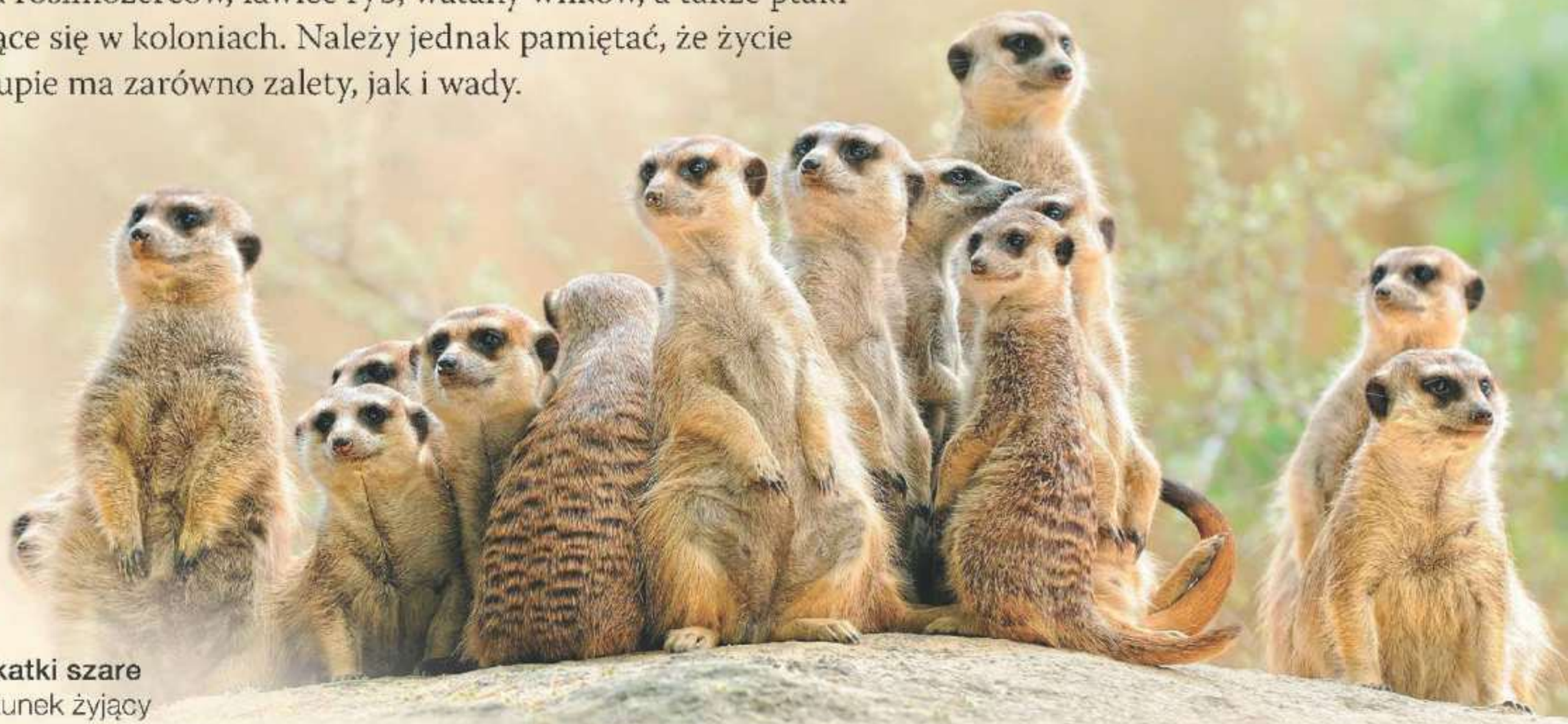


Coroczną migrację przeżywa jedynie ok. 34% dorosłych samców i 27% dorosłych samic dymówki.

Dowiedz się więcej

Życie w grupie

Wiele gatunków zwierząt żyje w skupiskach – przykładem są stada roślinożerców, ławice ryb, watahy wilków, a także ptaki lęgnące się w koloniach. Należy jednak pamiętać, że życie w grupie ma zarówno zalety, jak i wady.



Surykatki szare to gatunek żyjący w grupach rodzinnych.

Zalety życia w grupie

- łatwiej znaleźć rozproszony pokarm
- łatwiej schwytać ofiarę (grupowe polowania)
- łatwiej uniknąć ataku drapieżnika dzięki:
  - **efektowi rozcieńczenia** – prawdopodobieństwo schwytania przez drapieżnika spada wraz ze wzrostem liczby osobników w stadzie
  - **efektowi samolubnego stada** – wystawianie na atak drapieżnika osobników chorych, starych i młodych lub osobników stojących nisko w hierarchii
  - **ochronie grupowej** – wspólne atakowanie drapieżnika
- pomoc członków stada w wychowywaniu potomstwa
- łatwiej znaleźć partnera do rozrodu
- łatwiej ogrzać się w okresie chłodów (termoregulacja socjalna)



Alczyki to przykład ptaków kolonijnych, które synchronizują swój rozród – pisklęta w całej kolonii wylęgają się niemal jednocześnie. W ten sposób większa liczba ptaków może przeżyć, ponieważ drapieżniki nie są w stanie zjeść wszystkich piskląt na raz.

Wady życia w grupie

- większa konkurencja o pokarm
- większe prawdopodobieństwo przyciągnięcia drapieżników (stado jest bardziej widoczne niż pojedynczy osobnik)
- większe prawdopodobieństwo zdrad i wychowywania cudzego potomstwa
- większe ryzyko transmisji chorób i pasożytów



Stado reniferów tundrowych jest bardzo widoczne dla drapieżników, np. wilków.

Zagęszczenie

Zagęszczenie to liczba osobników danego gatunku, która przypada na określoną jednostkę powierzchni (np. 1 m^2) lub objętości (np. 1 m^3). Zarówno zbyt małe, jak i zbyt duże zagęszczenie wpływa na populację ograniczająco i prowadzi do zmniejszenia liczebności populacji. Stres przegęszczenia powoduje m.in. zmniejszenie płodności i odporności, a także spowolnienie tempa wzrostu. Z kolei zbyt małe zagęszczenie utrudnia znalezienie partnera do rozrodu i sprawia, że środki grupowej ochrony przed drapieżnikami przestają być skuteczne, przez co populacji grozi wyginięcie.

Struktura przestrzenna

Struktura przestrzenna populacji to sposób rozmieszczenia osobników na obszarze zajmowanym przez populację. Na strukturę przestrzenną wpływają warunki środowiska: czynniki fizyczne oraz stosunki między populacjami.

Obszar, który zajmuje populacja lokalna gatunku, nazywa się **zasięgiem przestrzennym**. W granicach zasięgu przestrzennego populacji można wskazać areały osobnicze, a więc obszary, w których osobniki zaspokajają swoje potrzeby życiowe, oraz **terytoria**, czyli aktywnie bronioną część areału osobniczego.

Typy rozmieszczenia organizmów

Rozmieszczenie to przestrzenny układ osobników w obrębie zasięgu występowania populacji. Wyróżnia się trzy podstawowe typy rozmieszczenia osobników:

- rozmieszczenie skupiskowe,
- rozmieszczenie równomierne,
- rozmieszczenie losowe.

Rozmieszczenie skupiskowe

Osobniki żyją w oddalonych od siebie grupach. Rozmieszczenie skupiskowe występuje m.in. na obszarach charakteryzujących się nierównomiernym rozmieszczeniem zasobów środowiska. Dotyczy także roślin rozmnażających się wegetatywnie.



Wilki szare to zwierzęta, które żyją w stadzie.

Rozmieszczenie równomierne

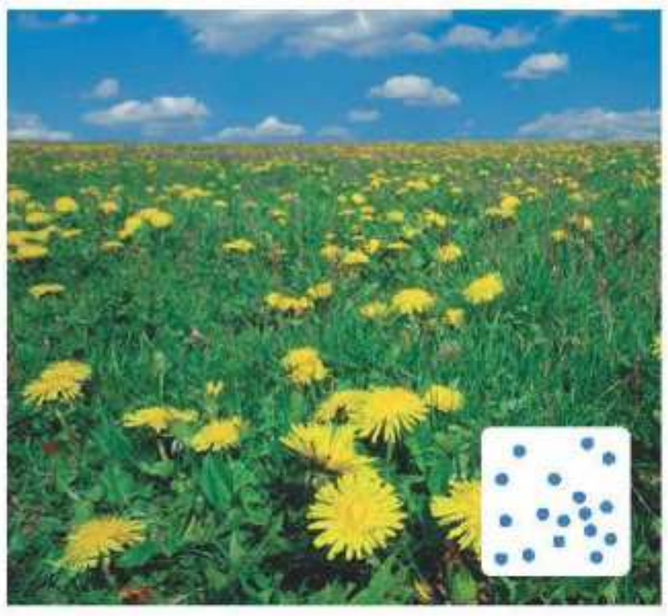
Odległości między osobnikami są mniej więcej jednakowe. Rozmieszczenie równomierne najczęściej bywa skutkiem działalności człowieka, ale występuje też w koloniach lęgowych wielu gatunków ptaków.



Głuptaki australijskie tworzą kolonie lęgowe o rozmieszczeniu równomiernym.

Rozmieszczenie losowe

Przypadkowy układ osobników, w którym odległości między nimi nie są jednakowe. Rozmieszczenie losowe występuje bardzo rzadko i wynika zwykle z przypadkowego rozmieszczenia zasobów pokarmowych lub wiatrosiewności.



Nasiona mniszka lekarskiego rozsiewa wiatr, dlatego osobniki są rozmieszczone losowo.

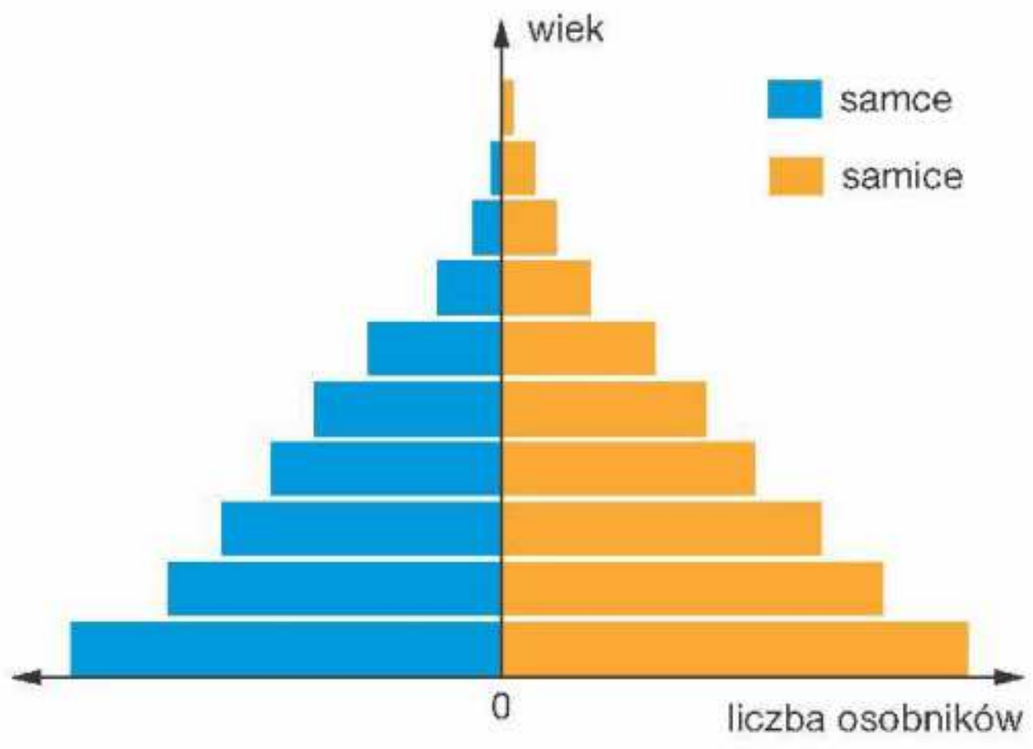
Struktura wiekowa i struktura płciowa

Strukturą wiekową nazywa się udział w populacji różnych **klas wieku** (grup wiekowych). Poszczególne grupy tworzą osobniki będące w wieku:

- **przedrozrodczym**, który cechuje się zwykle częściowym lub całkowitym uzależnieniem od osobników rodzicielskich i kończy się z chwilą osiągnięcia dojrzałości płciowej. Są to osobniki młodociane;
- **rozrodczym**, który jest okresem aktywności rozrodczej. Są to osobniki dojrzałe;
- **porozrodczym**, w którym pojawiają się zmiany wynikające ze stopniowo postępujących procesów starzenia się, m.in. zanik zdolności rozrodczych. Są to osobniki starzejące się.

Osobniki można również podzielić ze względu na stadium rozwojowe, w którym się znajdują (np. jaja, larwy, poczwarki, postacie dorosłe).

Strukturę płciową populacji otrzymuje się po uwzględnieniu liczby samic i samców należących do każdej klasy wieku. Struktura płciowa wpływa na możliwości rozwoju populacji. Zarówno strukturę wiekową, jak i strukturę płciową można przedstawić w postaci graficznej, w formie piramidy. Można również stworzyć jedną piramidę obrazującą obie te cechy.



Piramida przedstawiająca strukturę wiekową i strukturę płciową populacji rozwijającej się.

Piramidy wieku populacji

Strukturę wiekową populacji przedstawia się w formie piramidy wieku populacji. Na podstawie wyglądu tej piramidy można wnioskować na temat przyszłych losów populacji, a więc ustalić, czy jest ona populacją rozwijającą się, ustabilizowaną czy wymierającą.



Populacja rozwijająca się – osobniki młodociane dominują nad osobnikami dojrzałymi i starzejącymi się. Liczebność takiej populacji będzie rosła.

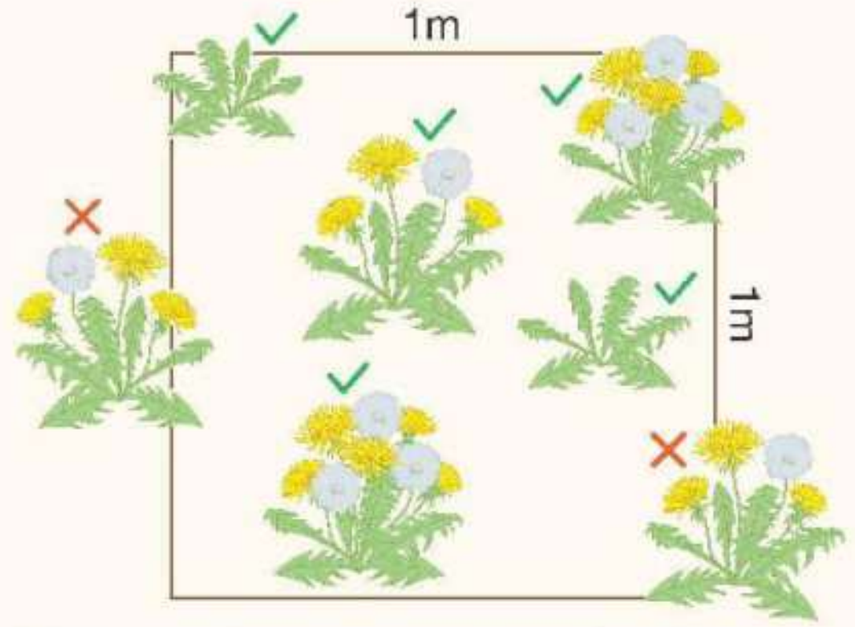
Populacja ustabilizowana – udział osobników należących do poszczególnych klas wieku jest prawie równy, przy czym osobników w wieku porozrodczym jest najmniej. Liczebność populacji będzie utrzymywać się na stałym poziomie.

Populacja wymierająca – osobniki dojrzałe i starzejące się dominują nad osobnikami młodocianymi. Liczebność takiej populacji będzie maleć – grozi jej wymarcie.

Obserwacja

Charakterystyka wybranych cech populacji mniszka lekarskiego

Mniszek lekarski to roślina wieloletnia, która w pierwszym roku wykształca jedynie rozetkę liści, a w kolejnych latach – również kwiaty i owoce. Zagęszczenie, liczebność i strukturę przestrzenną populacji mniszka lekarskiego, występującego np. na trawniku przy szkole, można określić za pomocą metody kwadratu. Metoda ta polega na policzeniu, ile i jakich osobników populacji mieści się w kwadratach wyznaczonych na badanym obszarze.



W metodzie kwadratu liczy się tylko te organizmy, które w całości lub w większości znajdują się wewnątrz kwadratu.

1 Przebieg obserwacji:

1. Wyznacz na trawniku 3–5 kwadratów o boku 1 m. Możesz to zrobić za pomocą sznurka lub patyków o odmierzonej długości.
2. Policz, ile osobników mniszka lekarskiego znajduje się w każdym kwadracie. Określ, ile z nich jest tegorocznych (mała rozetka liściowa bez kwiatów i pąków), a ile – kilkuletnich (duża rozetka liściowa, obecne kwiaty lub owoce).
3. Zestaw dane w tabeli.

	Kwadrat 1	Kwadrat 2	Kwadrat 3	Suma
Osobniki tegoroczne	?	?	?	?
Osobniki kilkuletnie	?	?	?	?
Liczba wszystkich osobników w kwadratach				?

4. Określ zagęszczenie osobników w populacji, czyli średnią liczbę osobników przypadającą na 1 m^2. W tym celu podziel sumę wszystkich osobników w kwadratach przez liczbę kwadratów.
5. Oszacuj liczebność populacji mniszka lekarskiego na całym trawniku. Określ wielkość powierzchni trawnika w metrach kwadratowych, a następnie pomnóż uzyskaną wartość przez średnią liczbę osobników przypadającą na 1 m^2.
6. Oceń, czy jest to populacja rozwijająca się. Podziel liczbę osobników tegorocznych przez sumę wszystkich osobników zliczonych w kwadratach, a wynik pomnóż przez 100%. Analogiczne działanie wykonaj dla osobników kilkuletnich. W ten sposób otrzymasz procentowy udział osobników z każdej z grup w populacji.
7. Na podstawie obserwacji określ, jaki typ rozmieszczenia – równomierny, skupiskowy czy losowy – cechuje populację mniszka lekarskiego.



Mniszek lekarski.

Teoria metapopulacji

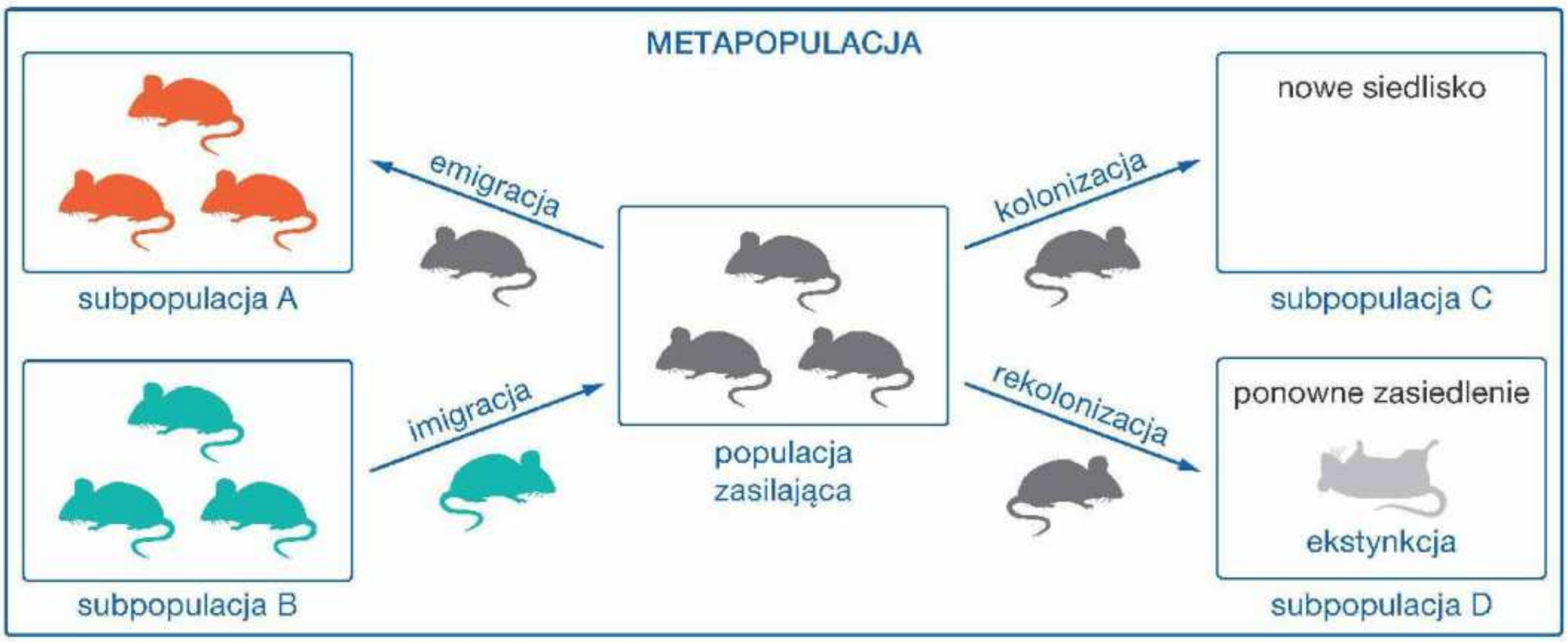
W krajobrazie przekształconym przez człowieka siedliska naturalne są często podzielone na fragmenty, np. przez zabudowania czy drogi. Oddzielone obszary siedlisk naturalnych określa się mianem **wysp środowiskowych**. Są one zasiedlane przez **subpopulacje (populacje lokalne)**. Zbiór subpopulacji, między którymi dochodzi do przemieszczania osobników, nazywa się **metapopulacją**.

Zmiany liczebności w obrębie danej metapopulacji są związane z rozrodczością i śmiertelnością wewnątrz lokalnych subpopulacji. Zmiany te zależą od:

- **migracji** (emigracji i imigracji), która zapewnia przepływ genów między subpopulacjami – umożliwia on rekombinację genetyczną, co prowadzi do nabycia nowych cech, które mogą ułatwić przetrwanie w danym środowisku,
- **kolonizacji**, czyli zasiedlania nowych terenów – prowadzi to do zwiększenia zasięgu występowania populacji,
- **ekstynkcji**, czyli wymierania subpopulacji w danym siedlisku – im mniejsza liczebność subpopulacji, tym większe ryzyko ekstynkcji, np. na skutek chorób i silnego dryfu genetycznego,
- **rekolonizacji**, czyli ponownego zasiedlania terenów, na których doszło do ekstynkcji.

Wewnątrz metapopulacji wyróżnia się populacje zasilające i marginalne. **Populacje zasilające** charakteryzują się przewagą reprodukcji nad śmiertelnością i przewagą emigracji nad imigracją. Z kolei **populacje marginalne** cechuje przewaga śmiertelności nad reprodukcją. Populacje marginalne są zagrożone ekstynkcją, przed którą może je uchronić imigracja osobników z populacji zasilających.

Teoria metapopulacji ma znaczenie nie tylko w ekologii, lecz także w ochronie przyrody. Dzięki tej teorii wiadomo, że aby skutecznie chronić dany gatunek, należy objąć ochroną tereny zajmowane przez populacje zasilające. Dodatkowo warto zapewnić ich przedstawicielom możliwość przemieszczania się między subpopulacjami i zajmowanymi przez nie wyspami środowiskowymi, np. dzięki tworzeniu korytarzy ekologicznych w formie zadrzewień śródpolnych.



Zależności między subpopulacjami w obrębie metapopulacji.

Polecenia kontrolne

1. Wymień czynniki, które mają wpływ na liczebność populacji.
2. Wyjaśnij, czym różni się zagęszczenie od struktury przestrzennej populacji.
3. Korzystając z wiarygodnych źródeł, podaj trzy przykłady zwierząt, które cechują się rozmieszczeniem skupiskowym.
4. Wyjaśnij, w jaki sposób migracje pozwalają na przetrwanie gatunku w środowisku.

6.3. Zależności nieantagonistyczne

Ważne w tym temacie!

- znaczenie i przykłady zależności nieantagonistycznych w ekosystemie

Biocenoza to zbiór populacji wszystkich gatunków żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie, powiązanych wzajemnymi zależnościami. W obrębie biocenozy poszczególne osobniki mogą konkurować o dostępne zasoby, współdziałać ze sobą lub stanowić dla siebie źródło pokarmu. Takie oddziaływania określa się mianem **zależności (oddziaływań, interakcji) międzygatunkowych**. Wpływają one na liczebność i kondycję populacji różnych gatunków, a tym samym – decydują o strukturze biocenozy.

Rodzaje zależności międzygatunkowych

Zależności międzygatunkowe dzieli się na:

- **zależności nieantagonistyczne**, które przynoszą korzyści przynajmniej jednej stronie, a żadna ze stron nie ponosi strat (np. komensalizm i mutualizm),
- **zależności antagonistyczne**, które przynoszą straty przynajmniej jednej ze stron (np. konkurencja, drapieżnictwo, roślinożerność i pasożytnictwo).

Typy zależności międzygatunkowych w biocenozie

Zależność międzygatunkowa	Organizm A	Organizm B
Komensalizm	0	+
Mutualizm	+	+
Konkurencja	–	–
Drapieżnictwo	–	+
Roślinożerność	–	+
Pasożytnictwo	–	+

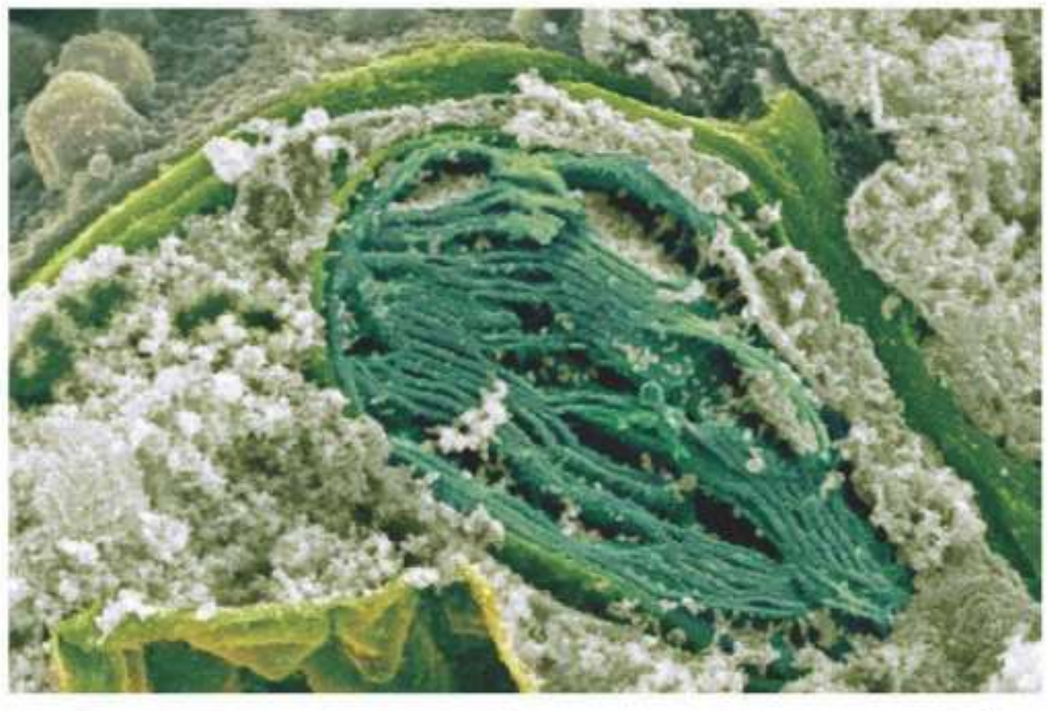
(+) korzyści, (–) straty, (0) brak skutków oddziaływania

Rodzaje zależności nieantagonistycznych

Do oddziaływań nieantagonistycznych zalicza się **komensalizm** oraz **mutualizm** (obligatoryjny i fakultatywny). Zależności te można rozpatrywać na poziomie osobników, populacji lub całych gatunków.

Czym jest symbioza?

Naukowcy od lat toczą spory na temat definicji symbiozy. Niektórzy z nich określają symbiozę jako ścisły związek między organizmami należącymi do różnych gatunków. Oznacza to, że zaliczają do niej zarówno pasożytnictwo, jak i oddziaływania nieantagonistyczne. Inni badacze sądzą zaś, że symbioza to współżycie oparte wyłącznie na oddziaływaniach nieantagonistycznych. Dlatego warto pamiętać, że symbioza nie jest synonimem mutualizmu, lecz terminem oznaczającym bliskie współżycie organizmów.



Endosymbioza to szczególny rodzaj symbiozy, w którym symbiont żyje wewnątrz ciała lub komórek gospodarza (np. chloroplasty powstały dzięki endosymbiozie).

Komensalizm

Komensalizm (współbiesiadnictwo) to rodzaj zależności międzygatunkowej, która przynosi korzyść jednej stronie, a druga strona niczego nie zyskuje, ale też nie ponosi żadnych strat. Komensalizm może polegać m.in. na:

- przyczepianiu się jednego organizmu do drugiego, który pełni funkcję środka transportu (np. zaleszczotki przemieszczają się na odwłokach chrząszczy arlekinów),
- zamieszkiwaniu tych samych kryjówek albo gniazd przez dwa różne gatunki (np. wróble domowe często zakładają swoje gniazda u podstawy gniazd bocianów białych),
- wykorzystywaniu drzewa przez rośliny epifityczne (np. mchy, storczykowate i ananasowate) – pełni ono wówczas funkcję podpory,
- udostępnianiu resztek pożywienia innym gatunkom (np. hieny, sępy i marabuty dojadają resztki ofiar lwów).

Do komensalizmu nie zalicza się sytuacji, w której jeden gatunek odżywia się szczątkami innego gatunku. Zależność ta nie ma wspólnej nazwy – zwierzęta żywiące się szczątkami martwych organizmów określa się mianem **padlinożerców**, a zwierzęta odżywiające się szczątkami organicznymi nazywa się **saprofagami (detrytofagami)**.

Przykłady komensalizmu

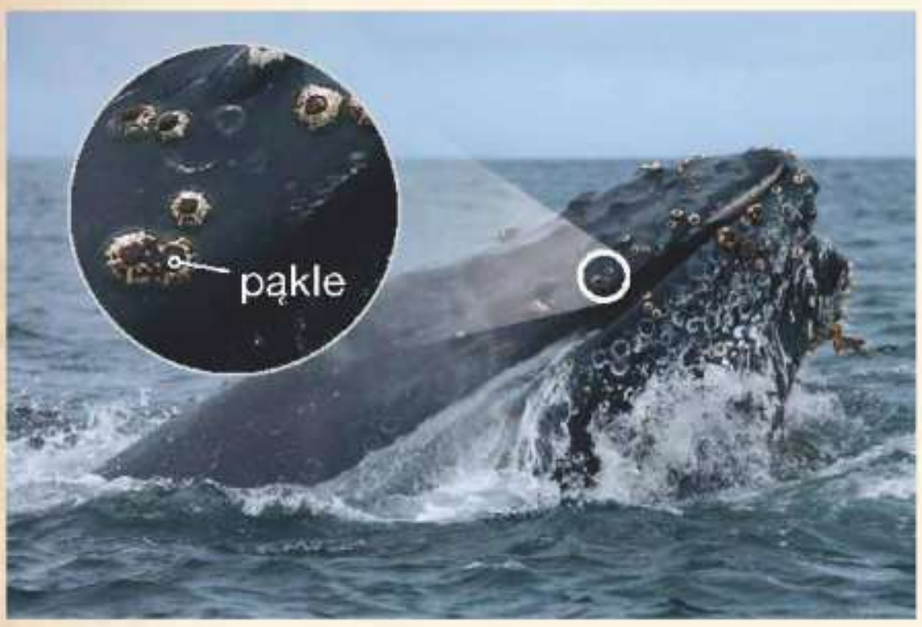
Komensalizm to nieantagonistyczna zależność międzygatunkowa, która dotyczy osobników należących do różnych grup systematycznych.

Czaple złotawe żywią się owadami płoszonymi przez pasące się bawoły afrykańskie. Obecność czapli w żaden sposób nie wpływa na bawoły.





Epifityczne storczyki nie oddziałują na drzewa, na których rosną – samodzielnie fotosyntetyzują i, dzięki korzeniom powietrznym, pobierają wodę.



Pąkle przyczepiają się do ciała wieloryba. W ten sposób przemieszczają się w toni wodnej i odfiltrowują z niej resztki pokarmu. Dla wieloryba obecność pąkli jest obojętna.

Mutualizm

Mutualizm to nieantagonistyczne oddziaływanie międzygatunkowe, w którym obie strony odnoszą korzyści. Jest on ścisłym związkiem między organizmami. Mutualizm jest dodatkowo wzmacniany przez działanie doboru naturalnego – zależność tę określa się mianem **koewolucji partnerów**. Oznacza to, że osobniki żyjące w związkach mutualistycznych mają wiele przystosowań, które zwiększają obustronne korzyści (np. budowa kwiatu jest przystosowana do budowy jego zapylacza).

Wyróżnia się dwa rodzaje mutualizmu:

- **mutualizm obligatoryjny:** przynosi korzyść obu stronom i jest niezbędny do ich przeżycia,
- **mutualizm fakultatywny (protokooperacja):** przynosi korzyść obu stronom, ale nie jest niezbędny do ich przeżycia, dlatego może występować okresowo.

W niektórych przypadkach mutualizm może być obligatoryjny dla jednej strony, a fakultatywny dla drugiej (np. zapylanie niektórych gatunków kwiatów).



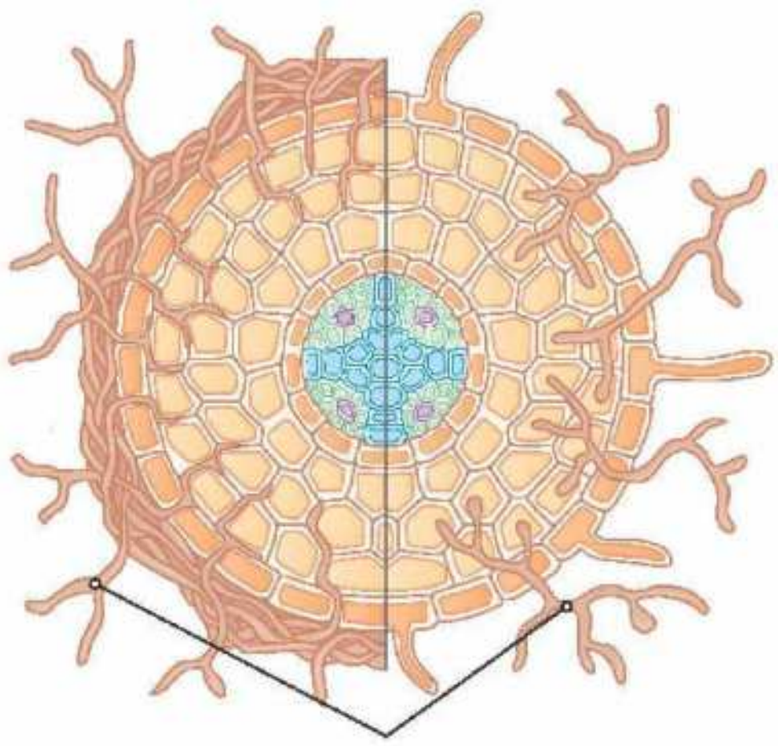
Mutualizm łączy tojada mocnego i trzmiele. Dla rośliny związek z trzmielami to mutualizm obligatoryjny, ponieważ owady te są jej jedynym zapylaczem. Z kolei dla trzmieli jest to mutualizm fakultatywny – mogą one bowiem korzystać z nektaru różnych roślin.

Przypomnij sobie

Mikoryza i asymilacja azotu

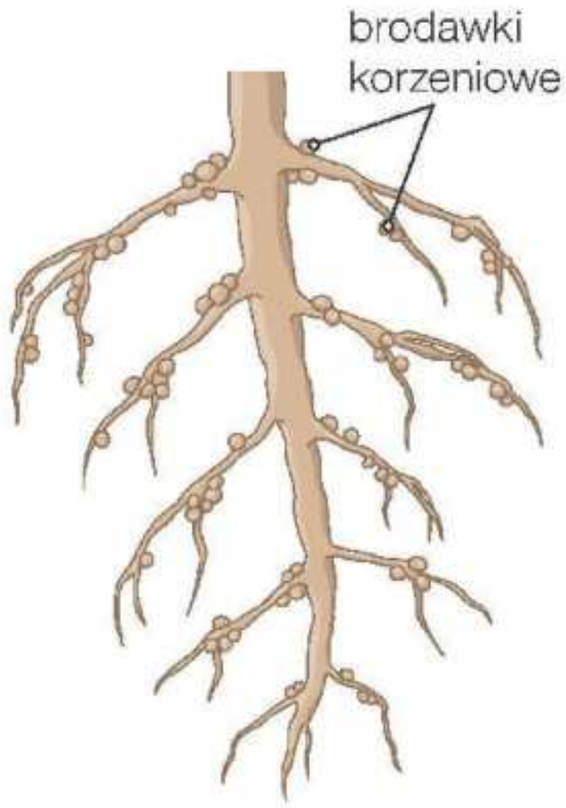
Przykładami mutualizmu są mikoryza (ścisła zależność między grzybami a korzeniami roślin) oraz symbioza korzeni roślin z bakteriami *Rhizobium*.

Mikoryza



Strzępki grzyba oplatają korzenie roślin (mikoryza ektotroficzna) lub wnikają do wnętrza komórek korzenia (mikoryza endotroficzna). Grzyb zapewnia roślinie lepszy dostęp do wody, składników mineralnych oraz substancji regulujących wzrost i rozwój. Z kolei korzenie dostarczają grzybowi związki organiczne wytworzone przez roślinę podczas fotosyntezy.

Symbioza roślin z bakteriami *Rhizobium*



Bakterie *Rhizobium* żyją w brodawkach korzeniowych roślin motylkowatych, gdzie asymilują azot atmosferyczny i przekształcają go w amoniak (NH_3). Dzięki symbiozie z bakteriami rośliny te mogą rosnąć na glebach ubogich w azot. W zamian rośliny dostarczają bakteriom związki organiczne, które są wytwarzane podczas fotosyntezy.

Czym jest mutualizm?

Mutualizm to nieantagonistyczne oddziaływanie międzygatunkowe, w którym obie strony odnoszą korzyści.

Mutualizm obligatoryjny

Mutualizm obligatoryjny to obustronnie korzystna zależność między organizmami, która jest im niezbędna do przeżycia.



Koralowce i jednokomórkowe glony

Glony, m.in. zooksantelle, żyją w tkankach wielu koralowców – dostarczają im związki organiczne i tlen. W zamian otrzymują od koralowców bezpieczne miejsce do życia oraz związki konieczne do przeprowadzania fotosyntezy.

Roślinożercy i mikroorganizmy trawiące celulozę

Zwierzęta roślinożerne (np. termity i przeżuwacze) nie wytwarzają enzymów trawiących celulozę. Dla większości z nich pokarm roślinny byłby nieprzyswajalny, gdyby nie mikroorganizmy zasiedlające ich przewód pokarmowy (m.in. bakterie i protisty). Mikroorganizmy trawią celulozę, a roślinożercy zapewniają im odpowiednie warunki życia.



Mrówki i akacje

Akacje mają duże ciernie, w których mrówki drążą komory mieszkalne. Dodatkowo na liściach akacji znajdują się ciałka wydzielające cukier, którym żywią się mrówki. Z kolei mrówki chronią akacje przed podgryzaniem przez roślinożerców.



Porosty

Porosty są zbudowane z komórek glonów i strzępek grzybów. Glony zapewniają grzybom produkty fotosyntezy, a grzyby dostarczają glonom wodę z solami mineralnymi. Wyniki najnowszych badań wskazują, że w porostach grzyby dominują nad glonami i odnoszą więcej korzyści – taką zależność określa się mianem **helotyzmu**. Jednak niektórzy naukowcy uważają, że dominacja grzybów jest tak silna, iż związek ten należy uznać za pasożytnictwo.



Mutualizm fakultatywny

Mutualizm fakultatywny to obustronnie korzystna zależność między organizmami, która nie jest niezbędna do przeżycia żadnej ze stron i może występować okresowo.

Rozsiewanie nasion przez zwierzęta

Zwierzęta zjadają, a następnie wydalają nasiona wraz z odchodami. Dzięki temu zwierzęta zyskują pożywienie, a rośliny rozprzestrzeniają się w środowisku. Rozsiewanie nasion może odbywać się także dzięki przenoszeniu i gubieniu owoców (np. przez wiewiórki).



Usuwanie pasożytów zewnętrznych

Bąkojady odżywiają się owadami pasożytującymi na roślinożernych ssakach, m.in. nosorożcach. Dzięki temu nosorożce pozbywają się uciążliwych pasożytów, a ptaki zdobywają pożywienie. Ponadto gdy zbliża się drapieżnik, bąkojady zrywają się z piskiem, co ostrzega słabowidzące nosorożce przed nadciągającym niebezpieczeństwem.



Ochrona w zamian za pożywienie

Mszyce to pasożyty roślin, które przebijają się do łyka i pobierają z niego duże ilości soku bogatego w cukry. Nadmiar soku jest przez nie wydalany w formie spadzi. Spadź jest z kolei wykorzystywana przez mrówki – stanowi dla nich cenne źródło pokarmu. W zamian za pożywienie mrówki nie tylko chronią mszyce, lecz także przenoszą je na nowe rośliny.



Ochrona w zamian za transport

Pustelnik nie ma pancerza na odwłoku. Aby chronić tę delikatną część ciała, skorupiak chowa się w muszli pozostawionej przez martwe mięczaki. Następnie przyczepia do muszli ukwiały. Parzydełka ukwiałów chronią go przed drapieżnikami, a ukwiały otrzymują w ten sposób środek transportu oraz szansę na zdobycie pokarmu.



Polecenia kontrolne

1. Wymień rodzaje oddziaływań nieantagonistycznych i omów na wybranych przykładach różnice między nimi.
2. Wyjaśnij, dlaczego komensalizm zalicza się do związków jednostronnie korzystnych.

6.4. Zależności antagonistyczne

Ważne w tym temacie!

- znaczenie i przykłady zależności antagonistycznych w ekosystemie
- skutki konkurencji międzygatunkowej i wewnątrzgatunkowej
- zmiany liczebności populacji w układzie zjadający–zjadany
- adaptacje drapieżników, pasożytów i roślinożerców do zdobywania pokarmu
- adaptacje obronne ofiar drapieżników, żywicieli pasożytów oraz zjadanych roślin

Zależności antagonistyczne to oddziaływania między organizmami, które przynoszą straty co najmniej jednej ze stron. Należą do nich: konkurencja, roślinożerność, drapieżnictwo i pasożytnictwo.

Konkurencja

Konkurencja jest oddziaływaniem obustronnie niekorzystnym. Dochodzi do niej wtedy, gdy osobniki korzystają z tych samych zasobów środowiska, czyli wtedy, gdy ich nisze ekologiczne w pewnym stopniu się pokrywają. Sprawia to, że organizmy rywalizują ze sobą, np. rośliny konkurują o światło, wodę i sole mineralne, a zwierzęta – o pokarm i miejsce do rozrodu. Natężenie konkurencji zależy od stopnia nakładania się nisz ekologicznych – im podobniejsze wymagania ekologiczne, tym silniejsza konkurencja.

Konkurencję dzieli się na konkurencję międzygatunkową i wewnątrzgatunkową.

Konkurencja międzygatunkowa

Konkurencja międzygatunkowa zachodzi między osobnikami należącymi do różnych gatunków. Może ona prowadzić do ograniczenia niszy ekologicznej jednego z konkurentów lub do całkowitego wyparcia konkurenta z zajmowanego miejsca.

Przykłady skutków konkurencji międzygatunkowej

Skutki konkurencji międzygatunkowej

wyparcie konkurencyjne

- Polega na wyparciu z danego obszaru jednego gatunku przez inny gatunek, lepiej przystosowany do życia w danym środowisku.
- Przykład: wiewiórki szare, sprowadzone z Ameryki Północnej m.in. do Wielkiej Brytanii, wypierają rodzime wiewiórki pospolite. Są większe i silniejsze od wiewiórek pospolitych oraz przenoszą śmiertelnego dla nich wirusa.



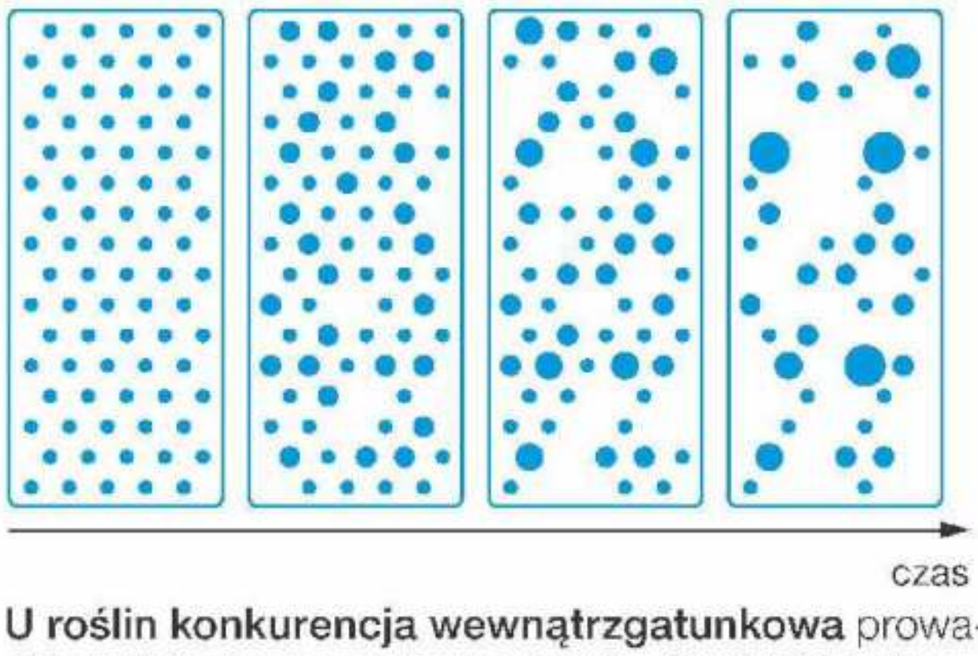
modyfikacja niszy ekologicznej

- Może polegać m.in. na zmianie miejsca schronienia lub diety, co pozwala na zmniejszenie konkurencji.
- Przykład: rysie konkurują o pokarm z wilkami i niedźwiedziami. Jeśli te trzy gatunki zwierząt występują w jednym regionie, to rysie ograniczają swoją dietę do mniejszych ofiar i unikają otwartych przestrzeni.



Konkurencja wewnątrzgatunkowa

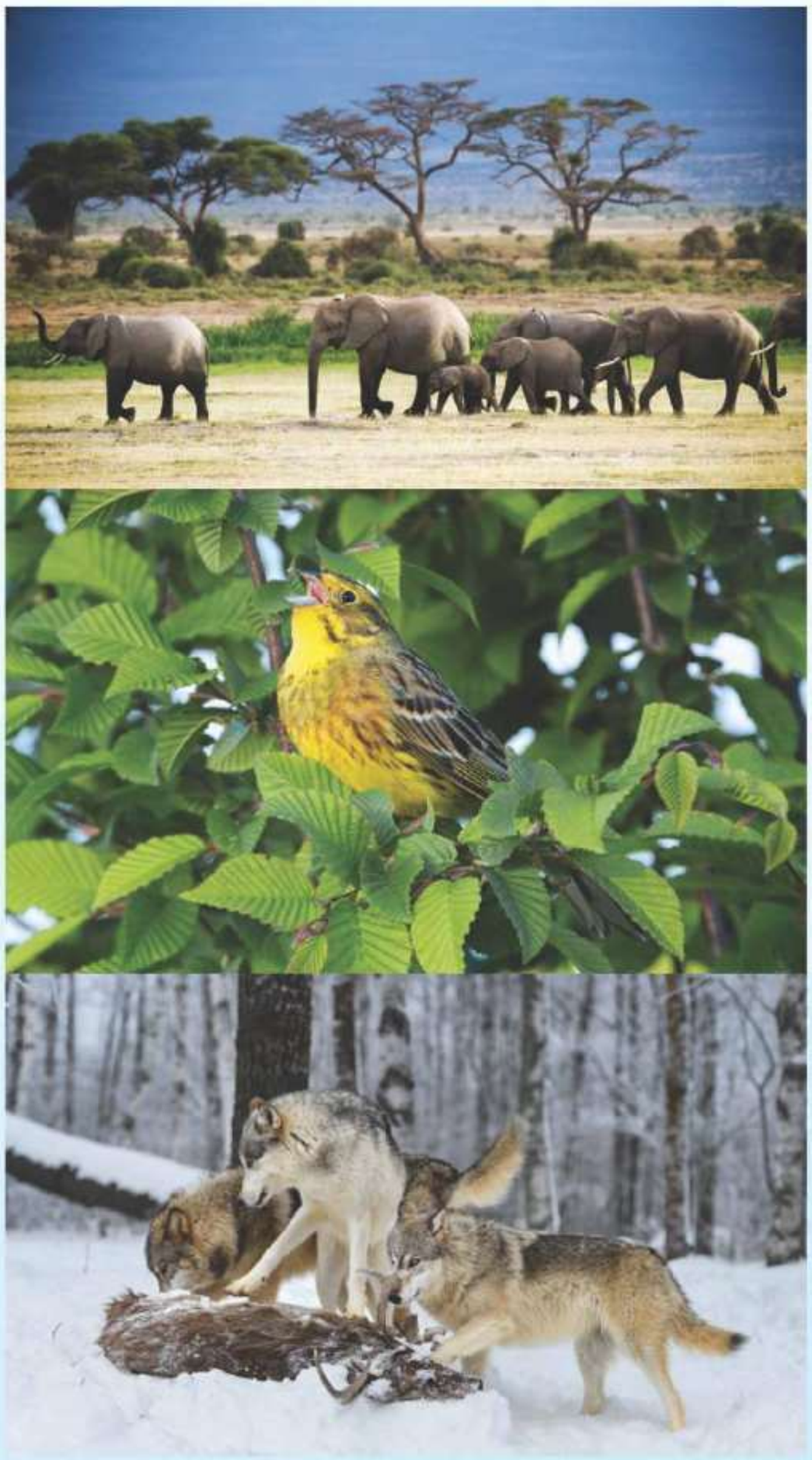
Konkurencja wewnątrzgatunkowa dotyczy osobników tego samego gatunku żyjących w tej samej populacji. Zazwyczaj jest ona silniejsza niż konkurencja międzygatunkowa, ponieważ obie strony zajmują te same nisze ekologiczne. Wyjątkiem są gatunki, u których osobniki w różnym wieku lub osobniki odmiennej płci wykazują inne wymagania ekologiczne. Na przykład u ptaków drapieżnych samice są zwykle większe od samców i polują na większe ofiary, co osłabia konkurencję o pokarm.



U roślin konkurencja wewnątrzgatunkowa prowadzi zwykle do samoprzerzedzenia. Osobniki, które przegrywają konkurencję, giną, przez co zwiększa się dostęp do zasobów dla pozostałych osobników.

Skutki konkurencji wewnątrzgatunkowej

Skutkami konkurencji wewnątrzgatunkowej mogą być migracje, terytorializm lub ustalenie hierarchii społecznej w stadach.



Migracje

W wyniku wzrastającego zagęszczenia część osobników migruje w poszukiwaniu nowych terenów do życia. Ma to korzystny wpływ na pulę genową metapopulacji, ponieważ zapewnia przepływ genów między populacjami lokalnymi i zwiększa różnorodność genetyczną. Migracje występują np. u słoni podczas pory suchej, gdy zasoby wody i pożywienia są ograniczone.

Terytorializm

Terytorializm to zjawisko, w którym organizmy bronią określonego obszaru – terytorium – przed innymi osobnikami tego samego gatunku. Terytorium to służy zazwyczaj do zdobywania zasobów, takich jak pożywienie czy partnerzy do rozrodu. Przykładem oznaczania terytorium jest śpiew samców ptaków, np. trznadli.

Hierarchia społeczna

Hierarchia społeczna polega na podziale populacji na grupy lub klasy społeczne, w których osobniki silniejsze zajmują wyższe pozycje. Na przykład w stadzie wilków rozmnażają się tylko dominujący samiec i dominująca samica, a podczas posiłków występuje ścisła hierarchia w dostępie do upolowanej zdobyczy.

Allelopatia

Allelopatia to wzajemne oddziaływanie organizmów za pośrednictwem wydzielanych związków chemicznych. Wyróżnia się:

- **allelopatię ujemną**, gdy oddziaływanie jest korzystne dla jednej strony, a druga strona ponosi straty,
- **allelopatię dodatnią**, gdy oddziaływanie jest obustronnie korzystne.



Grzyby z rodzaju *Penicillium* (obraz spod SEM) wydzielają do podłoża antybiotyki, które hamują rozwój bakterii. Jest to przykład **allelopatii ujemnej**.



Substancje produkowane przez buraki pobudzają wzrost i rozwój kukurydzy. Jest to przykład **allelopatii dodatniej**.

Roślinożerność

Roślinożerność polega na odżywianiu się roślinami lub glonami. Jest to zależność antagonistyczna, w której tylko jedna ze stron czerpie korzyści, druga zaś ponosi straty.

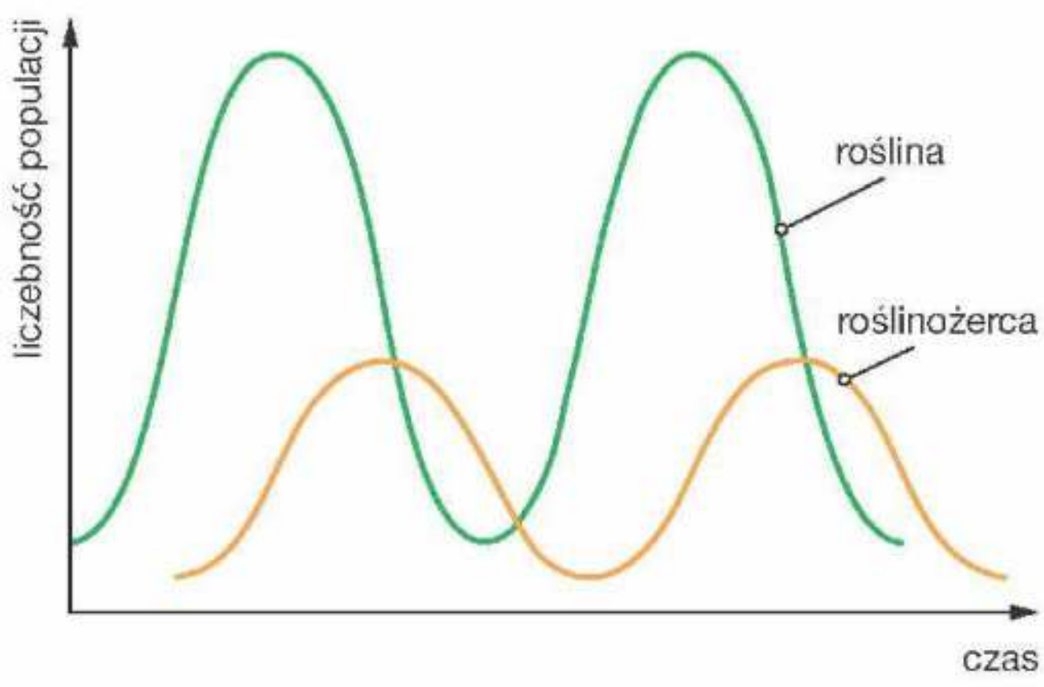
Pokarm roślinny jest ubogi w związki wysokoenergetyczne i budulcowe. Zawiera on jednak dużą ilość trudnego do strawienia cukru – celulozy. Dlatego roślinożercy wykształcili wiele przystosowań, które umożliwiają im rozdrabnianie, trawienie i zjadanie dużych ilości pokarmu (→ s. 290).

Regulacja liczebności w układzie roślinożerca–roślina

Roślinożerność stanowi przykład układu, w którym występują **zjadający** i **zjadany**. Roślinożerca zjada zwykle tylko wybrane części rośliny, co umożliwia jej przetrwanie. Jednak uszkodzone osobniki mogą zginąć – nie przeżywają ataku pasożytów lub przegrywają konkurencję o zasoby środowiska z osobnikami nieuszkodzonymi. W ten sposób roślinożercy zmniejszają liczebność populacji roślin.

Niekiedy roślinożercy mogą doprowadzić do wyniszczenia całej populacji roślin. Dzieje się tak w przypadku masowych pojawów roślinożerców, np. szarańczy wędrownej. Z tego powodu niektórzy naukowcy uznają roślinożerność za jedną z form drapieżnictwa.

Roślinożercy i rośliny regulują wzajemnie swoją liczebność. Zbyt duża liczba roślinożerców nadmiernie zgryza rośliny, co powoduje ograniczenie ich wzrostu. To z kolei prowadzi do śmierci części roślinożerców z powodu braku pokarmu. Spadek liczebności roślinożerców pozwala odrodzić się populacji zjadanych roślin. Opisana zależność między roślinożercą a rośliną ma zatem charakter **ujemnego sprzężenia zwrotnego**.



Wykres regulacji liczebności w układzie roślinożerca–roślina.

Drapieżnictwo

Drapieżnictwo, podobnie jak roślinożerność, jest przykładem układu zjadający–zjadany. Drapieżniki atakują, zabijają i zjadają swoje ofiary. Zgodnie z tą definicją drapieżnikami są **mięsożercy**. Drapieżniki wykształciły liczne przystosowania do zdobywania pokarmu, a ich ofiary mają licznie adaptacje obronne (→ s. 292–293).

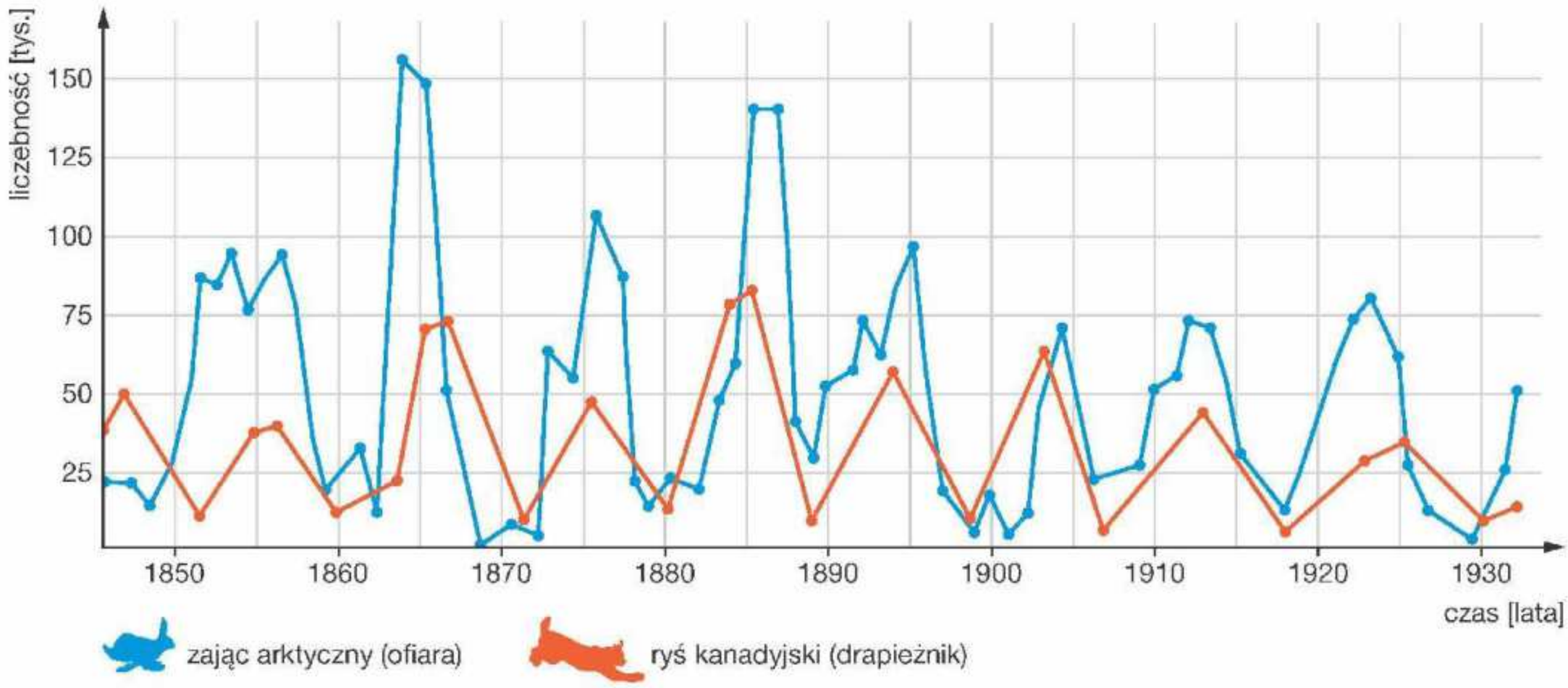
Drapieżniki pełnią w ekosystemie funkcję regulacyjną. Łupem drapieżników padają najczęściej najsłabsze osobniki. Ofiary, które uniknęły ataku, mają większy dostęp do zasobów środowiska. Zatem drapieżnictwo pośrednio zmniejsza konkurencję wewnątrzgatunkową wśród ofiar. Zmniejszenie liczebności ofiar oznacza także większą dostępność pokarmu dla innych gatunków o podobnych wymaganiach pokarmowych – tym samym drapieżnictwo zmniejsza konkurencję międzygatunkową.

Regulacja liczebności w układzie drapieżnik–ofiara

Drapieżniki i ofiary wzajemnie regulują swoją liczebność. Jeśli w wyniku intensywnych polowań liczba ofiar spadnie, to po pewnym czasie z powodu braku pożywienia zmniejszy się też liczba drapieżników. To z kolei pozwoli odrodzić się populacji ofiar. Rezultatem tych zależności są cykliczne zmiany liczebności obu populacji. Zmiany w układzie drapieżnik–ofiara, podobnie jak zmiany w układzie roślinożerca–roślina, mają charakter **ujemnego sprzężenia zwrotnego**. Sytuacja ta odnosi się do jednego gatunku ofiary i jednego gatunku drapieżnika, dlatego stanowi uproszczony model relacji drapieżnik–ofiara. W naturalnych warunkach drapieżniki odżywiają się osobnikami różnych gatunków, ponadto na liczebność populacji drapieżników i ofiar wpływa ją czynniki środowiska.

Przykład zależności drapieżnik–ofiara w ekosystemie

Zależności zachodzące w ekosystemie można prześledzić na przykładzie zmian liczebności populacji rysia kanadyjskiego i zająca arktycznego. Zmiany te nie wynikają wyłącznie z relacji drapieżnik–ofiara. Spadek liczby zajęcy wiązał się także z reakcją roślin. W odpowiedzi na intensywne zgryzanie zaczęły one wytwarzać związki chemiczne, które utrudniały trawienie. Substancje te kumulowały się w tkankach zajęcy i zmniejszały ich przeżywalność. Gdy liczebność populacji zajęcy zmalała, roślinność się zregenerowała. Po kilku latach doprowadziło to do wzrostu liczebności populacji zajęcy, a w konsekwencji – także populacji rysi.



Cykliczne zmiany liczebności rysi i zajęcy w Kanadzie.

Roślinożerność

Roślinożercy wykształcili różnorodne przystosowania (adaptacje), które umożliwiają im skuteczne zdobywanie pokarmu. Równocześnie u roślin rozwinęło się wiele sposobów na obronę przed zjedzeniem.

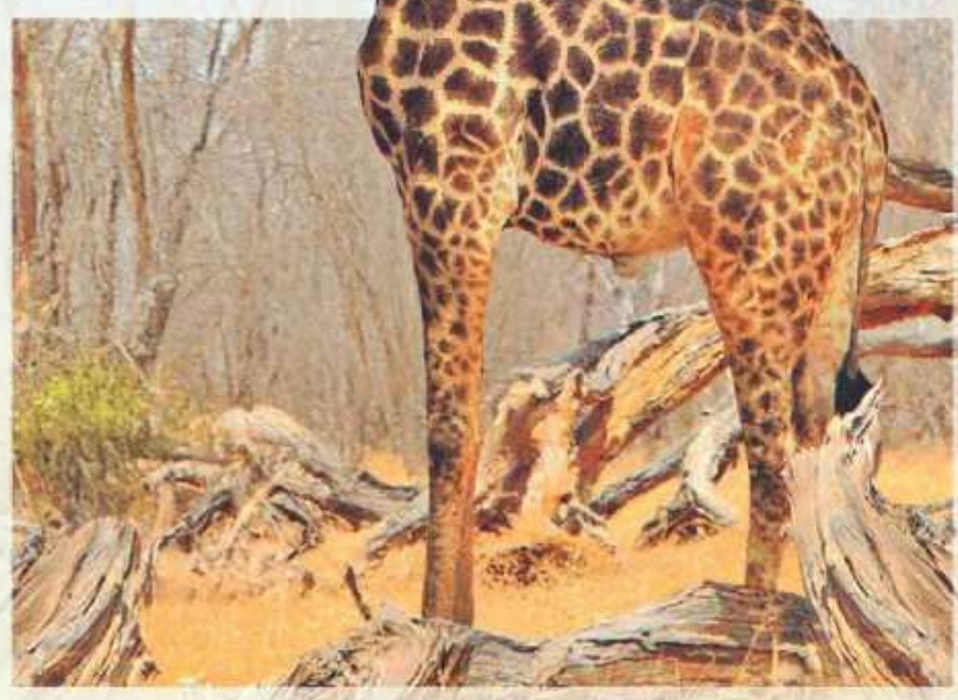
Przystosowania roślinożerców do zjadania roślin

Pokarm roślinny jest ubogi w związki wysokoenergetyczne i budulcowe. Zawiera on także duże ilości trudnego do strawienia cukru – celulozy. Dlatego u roślinożerców wykształciło się wiele przystosowań, dzięki którym mogą rozdrabniać, trawić i zjadać duże ilości roślin.



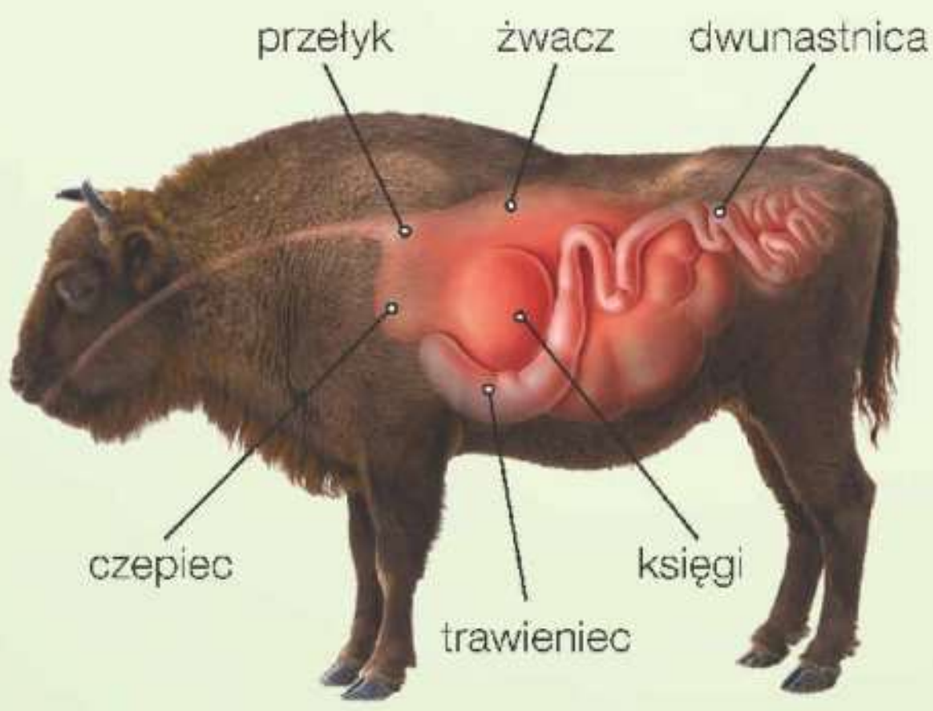
Budowa zębów

Gryzonie (np. wiewiórki) mają ostre, stale rosnące siekacze umożliwiające im rozgryzanie gałęzi lub orzechów.



Długa szyja

Długa szyja umożliwia żyrafom dostęp do liści nawet wtedy, gdy znajdują się one bardzo wysoko.



Czterokomorowy żołądek

Przeżuwacze mają czterokomorowy żołądek, w którym żyją bakterie i protisty. Te mikroorganizmy, rozkładając celulozę, ułatwiają przeżuwaczom trawienie.



Budowa dzioba

Ptaki odżywiające się nasionami (np. grubodziób) mają grube i masywne dzioby, dzięki którym rozłupują łupiny nasienne.

Adaptacje obronne roślin

Rośliny bronią się przed roślinożercami na wiele sposobów. Wykorzystują w tym celu obronę mechaniczną, obronę chemiczną i obronę bierną.



Obrona mechaniczna

Obrona mechaniczna polega na wytwarzaniu przez rośliny struktur, takich jak kolce lub ciernie, które mają zniechęcić roślinożercę.

Kolce chronią przed zjedzeniem m.in. dziką różę.

Obrona chemiczna

Obrona chemiczna to wytwarzanie przez rośliny substancji trujących, odstraszających zapachem lub pogarszających walory smakowe.



Trujące związki chemiczne występują np. w organach pokrzyka wilczej jagody.



Parzące włoski z substancjami drażniącymi skórę występują m.in. u pokrzywy.

Obrona bierna

Obrona bierna roślin polega na upodabnianiu się do otoczenia lub do gatunków unikanych przez roślinożerców.



Litopsy rosną na pustyniach i wyglądem przypominają kamienie, co jest bardzo dobrym kamuflażem ochronnym.



Jasnota wyglądem przypomina pokrzywę, ale nie ma parzących włosków.

Drapieżnictwo

Przeżycie drapieżników zależy od skuteczności ich polowania, z kolei przeżycie ofiar – od unikania ataków. Stąd u jednych i drugich wykształciło się wiele adaptacji oraz strategii umożliwiających atak lub obronę.

Przystosowania drapieżników do chwytania ofiar

Drapieżniki są bardzo dobrze przystosowane do wyszukiwania oraz chwytania ofiar.



Aktywny pościg

Wiele drapieżników (np. gepard) najpierw tropi, a następnie goni swoje ofiary. Pomagają im w tym m.in. dobry wzrok, słuch i węch, a także silnie rozwinięte mięśnie.



Atak z powietrza

Ptaki drapieżne mają masywne i zaostrzone szpony, które ułatwiają im schwytanie i przytrzymanie ofiary. Ich dzioby są ostro zakończone, co ułatwia rozrywanie zdobyczy.



Pułapki

Część pająków buduje lepkie sieci łowne, w które łapią się drobne owady.



Atak z ukrycia

Niektóre zwierzęta (np. lampart) skradają się i zbliżają do ofiary, a następnie rzucają się na nią z zaskoczenia.



Obezwładnianie ofiary

Kameleon obezwładnia ofiarę uderzeniem długiego języka. Niektóre węże paraliżują swoje ofiary jadem.

Adaptacje obronne ofiar drapieżników

Nie każdy atak drapieżnika jest udany. Jest tak dlatego, że ofiary drapieżników wykształciły różne formy obrony.



Ucieczka

Ucieczka to najczęściej stosowana forma obrony przed drapieżnikami. Zwierzęta, które stosują tę strategię (np. antylopy), mają zwykle dobry słuch, węch i wzrok, co umożliwia im wczesne wykrycie niebezpieczeństwa.



Struktury ochronne

Obecność struktur ochronnych (m.in. muszli, pancerzy oraz kolców) ma zniechęcić potencjalnego drapieżnika. Jeśli mimo wszystko dojdzie do ataku, to struktury te chronią miękkie części ciała ofiary.



Życie w stadzie

Zwierzęta żyjące w stadzie (np. surykatki) mają większą szansę na dostrzeżenie drapieżnika i zasygnalizowanie jego obecności innym osobnikom.



Mimetyzm

Mimetyzm to upodobnienie się barwą lub kształtem ciała do otoczenia. W ten sposób potencjalne ofiary (np. straszyki) mogą pozostać niezauważone przez drapieżnika.



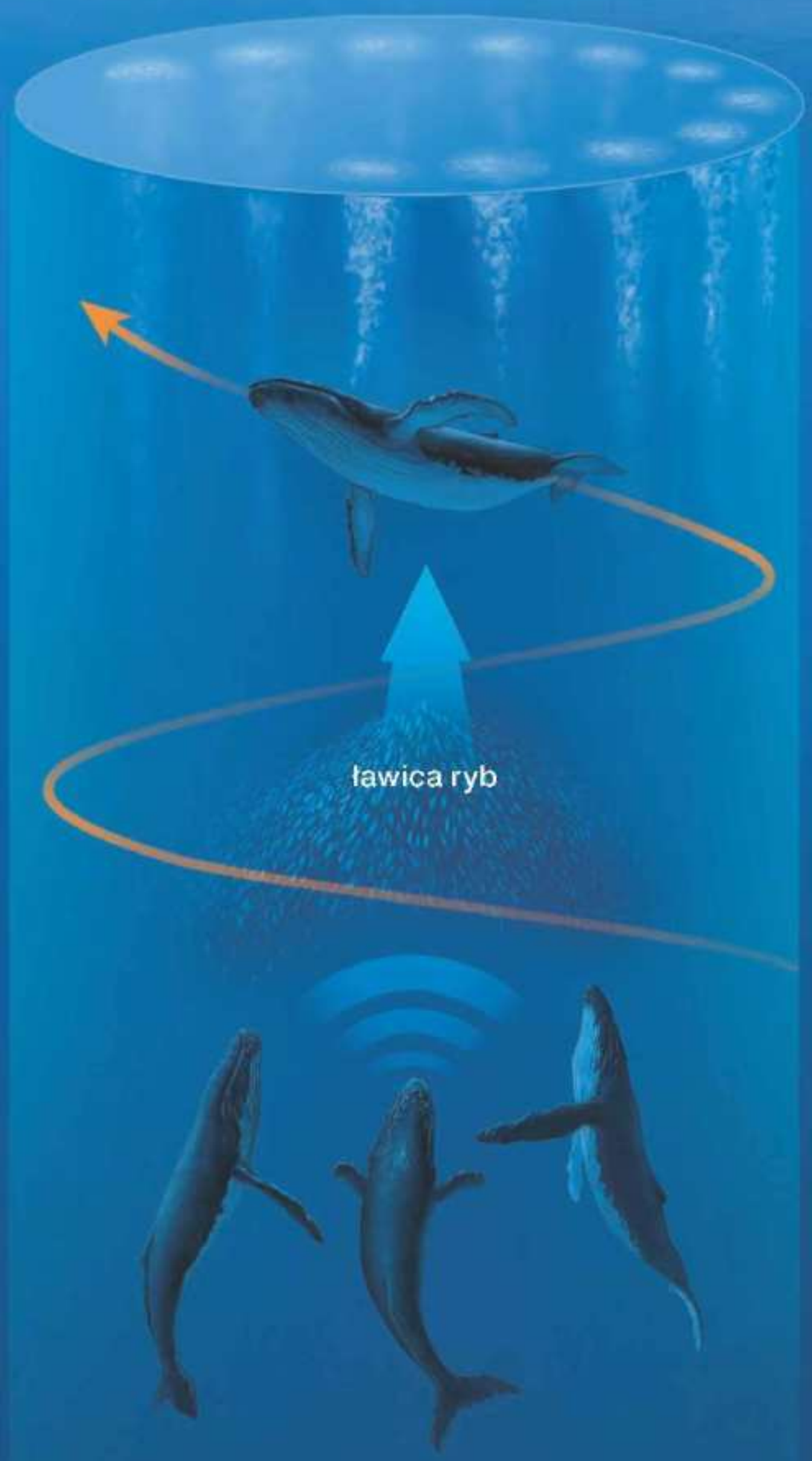
Ubarwienie ostrzegawcze

Skóra wielu płazów (m.in. drzewołazów) wydziela toksyczne substancje. Takie gatunki są zwykle jaskrawo ubarwione, co pełni funkcję ostrzegawczą.

DŁUGOPŁETWCE – ZORGANIZOWANI MYŚLIWI

Długopłetwce oceaniczne, zwane humbakami, wykształciły różnorodne strategie żerowania, które pozwalają im zdobywać dużą ilość pokarmu w krótkim czasie. Strategie te polegają na współpracy, komunikacji i uczeniu się od siebie nawzajem, co świadczy o wysokiej inteligencji tych zwierząt.

STRATEGIA POLOWANIA



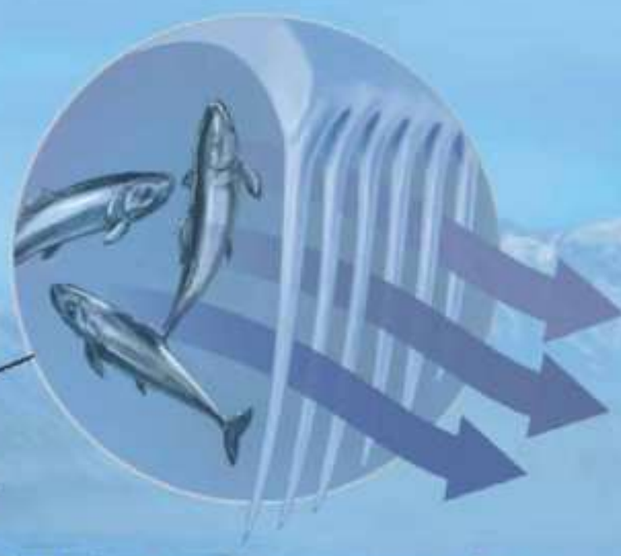
❶ Długopłetwiec płynie ku powierzchni wody i kreśli w niej spirale. Powoli wydycha powietrze, dzięki czemu tworzy w wodzie sieć bąbelków. W tym czasie osobniki pod ławicą wydają dźwięk, który sprawia, że przestraszone ofiary płyną ku górze.



❷ Ofiary trafiają na sieć bąbelków i zdezorientowane skupiają się w jednym miejscu. Wówczas długopłetwce wpływają w środek sieci z otwartymi pyskami – dzięki temu mogą pochłonąć nawet kilka tysięcy ryb na raz.

PRZYSTOSOWANIA DO ZDOBYWANIA POKARMU

Olbrzymie szczęki mogą otwierać się pod kątem 90°.



Fiszbiny, czyli rogowe struktury przymocowane do podniebienia, przypominają gęsty grzebień. Służą do odcedzania drobnych organizmów po zamknięciu pyska (np. krylu i małych ryb).

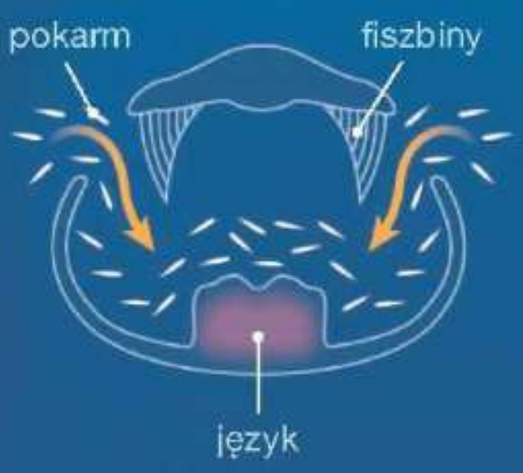
ok. 4 m

Długie płetwy umożliwiają wykonywanie szybkich manewrów. Biały kolor spodniej strony płetw odbija światło, które oślepia ofiary.

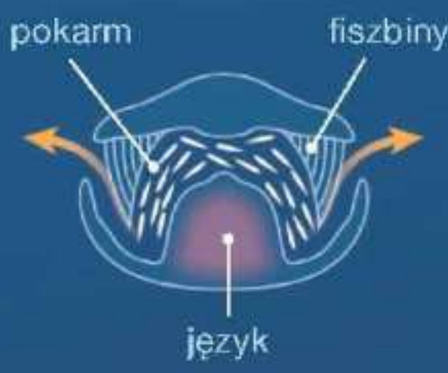
Fałdy podgardla umożliwiają pobieranie pokarmu wraz z ogromną ilością wody (nawet do 2 000 l).

Sieć bąbelków powstaje przez powolne wydychanie powietrza przez otwór nosowy.

Etapy pobierania pokarmu



1. Pobranie dużej ilości wody wraz z pokarmem przez szeroko otwartą jamę gębową.



2. Wypchnięcie wody językiem przez przymknięty otwór gębowy. Pokarm osadza się na fiszbinach, a następnie jest połykany.

Pasożytnictwo

Pasożytnictwo to relacja, w której jeden organizm, nazywany **pasożytem**, żyje kosztem drugiego organizmu, nazywanego **żywicielem**. Pasożyt jest zwykle mniejszy od żywiciela, który stanowi dla niego źródło pokarmu, a często również środowisko życia. Pasożyty redukują liczebność populacji gatunków, na których pasożytują, przy czym atakują one zwykle osobniki słabsze i mniej odporne – w ten sposób zmniejszają konkurencję wewnątrz- i międzygatunkową wśród żywicieli. Dodatkowo osobniki zarażone pasożytami są zazwyczaj osłabione, a tym samym – bardziej podatne na ataki ze strony drapieżników. Gatunki pasożytnicze występują wśród bakterii, protistów, grzybów, roślin i zwierząt.

W zależności od miejsca pasożytowania wyróżnia się:

- **pasożyty zewnętrzne**, które występują na powierzchni ciała żywiciela (np. kleszcze, wszy, pchły, mszyce),
- **pasożyty wewnętrzne**, które występują we wnętrzu ciała żywiciela (np. tasiemiec uzbrojony, motylica wątrobowa, glista ludzka i włosień kręty).

Przystosowania pasożytów do zdobywania pokarmu

Pasożyty zewnętrzne i pasożyty wewnętrzne różnią się przystosowaniami do zdobywania pokarmu.

Przykłady przystosowań pasożytów zewnętrznych



Wesz ludzka ma spłaszczone ciało. Taka budowa ułatwia poruszanie się po żywicielu. Odnóża czepne wszy są zbudowane z wyrostka i ruchomego pazurka, dzięki czemu owad może trzymać się włosów.



Samice komarów mają kłująco-ssący aparat gębowy, który pozwala przebić skórę człowieka i odżywiać się jego krwią.

Przykłady przystosowań pasożytów wewnętrznych



Rozprzestrzenianie się pasożytów

Przenoszenie pasożyta z jednego osobnika na drugiego może odbywać się przez kontakty bezpośrednie (np. płciowe) lub pośrednie (z udziałem organizmów trzecich nazywanych **wektorami**). Wektorami są najczęściej owady (np. komary, muchy, pchły) oraz pajęczaki (np. kleszcze). Do czynników, które sprzyjają rozprzestrzenianiu się pasożytów, zalicza się:

- duże zagęszczenie i małe zróżnicowanie genetyczne populacji żywicieli,
- dużą liczebność populacji żywicieli,
- dużą liczebność populacji wektorów.



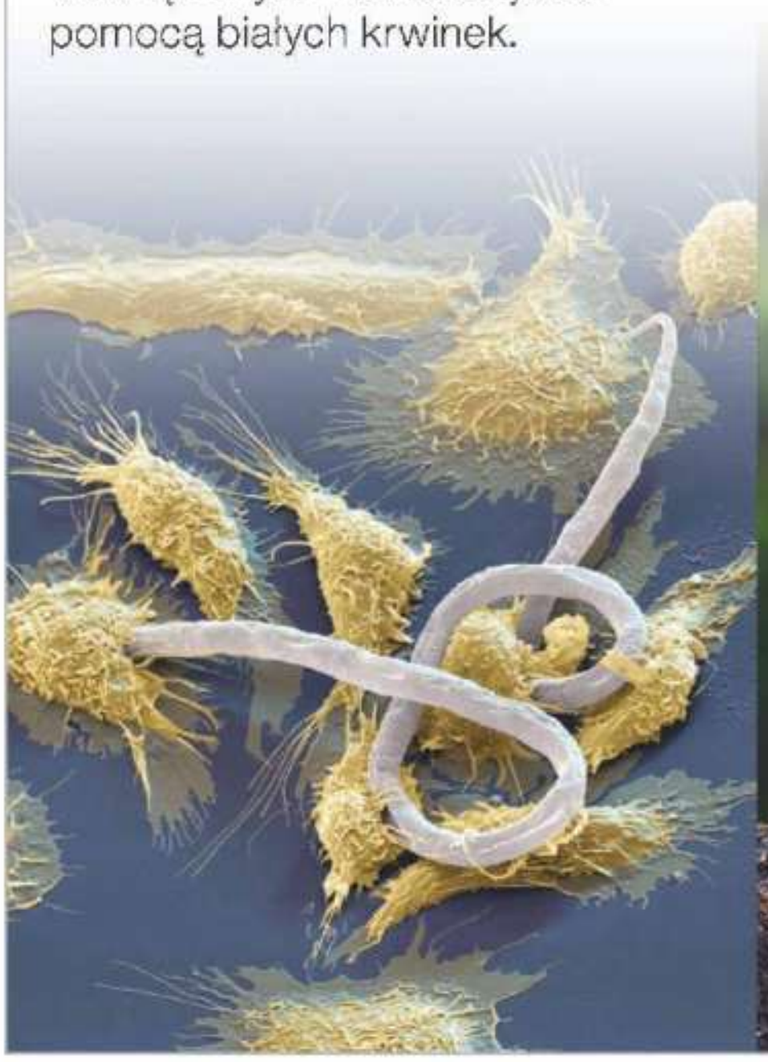
Szczególnym rodzajem pasożytnictwa jest pasożytnictwo lęgowe. Występuje ono np. u kukułki, która składa swoje jajo w gnieździe ptaka innego gatunku. W rezultacie kukułka nie wysiaduje własnych jaj i nie sprawuje opieki nad potomstwem.

Przystosowania żywicieli do unikania pasożytów

Organizmy będące żywicielami pasożytów nie są zupełnie bezbronne. Wykształciły się u nich różne mechanizmy chroniące przed pasożytami.

Mechanizmy odpornościowe

Układ odpornościowy zwierząt reaguje na obecność pasożytów wewnętrznych i zwalcza je za pomocą białych krwinek.



Mechanizmy chemiczne

Niektóre rośliny, np. cebula i czosnek, wydzielają związki odstraszające pasożyty.



Usuwanie pasożytów

Małpy pozbywają się pasożytów z powierzchni ciała podczas wzajemnego iskania się.



Polecenia kontrolne

1. Omów skutki konkurencji wewnątrzgatunkowej i konkurencji międzygatunkowej.
2. Wyjaśnij zasadę ujemnego sprzężenia zwrotnego, analizując cykliczne zmiany liczebności populacji zjadającego i zjadanego na przykładzie roślin i organizmów roślinożernych.
3. Przedstaw przystosowania do zdobywania pokarmu na przykładzie wybranej zależności antagonistycznej.

6.5. Ekologia ekosystemu

Ważne w tym temacie!

- definicja ekosystemu
- przebieg sukcesji ekologicznej
- zależności pokarmowe w ekosystemie
- obieg materii i przepływ energii w ekosystemie

Ekosystem to fragment biosfery, który składa się z dwóch oddziałujących na siebie elementów: **biocenozy** (organizmów żywych) i **biotopu** (środowiska nieożywionego). Ponadto w obrębie ekosystemu zachodzą procesy przepływu energii oraz krążenia pierwiastków chemicznych.

Oddziaływania między biotopem a biocenozą

Elementy biocenozy i biotopu nieustannie na siebie wpływają. Warunki biotopu, np. dostępność wody, temperatura czy nasłonecznienie, kształtują skład gatunkowy biocenozy i liczebność populacji poszczególnych gatunków. Z kolei populacje tworzące biocenozę działają na środowisko, w którym żyją, np. rośliny pobierają sole mineralne, przez co zmieniają skład chemiczny gleby.

Podział ekosystemów

Ze względu na obecność producentów w danej biocenozie ekosystemy dzieli się na:

- **ekosystemy autotroficzne** – mają dostęp do energii świetlnej. Są samowystarczalne – materia organiczna jest w nich wytwarzana przez organizmy autotroficzne podczas fotosyntezy i chemosyntezy;
- **ekosystemy heterotroficzne** – nie mają dostępu do energii świetlnej. Nie są samowystarczalne, ponieważ opierają się głównie na materii organicznej naniesionej z zewnątrz oraz na materii pochodzącej z odchodów i ze szczątków zwierząt występujących w tych ekosystemach.

Ze względu na udział człowieka w powstawaniu ekosystemów wyróżnia się **ekosystemy naturalne**, **półnaturalne** i **sztuczne**.

Podział ekosystemów ze względu na udział człowieka w ich powstawaniu

Rodzaje ekosystemów		
ekosystemy naturalne	ekosystemy półnaturalne	ekosystemy sztuczne
• Powstają bez udziału człowieka, jednak mogą być przez niego do pewnego stopnia zmieniane. • Przykłady: lasy, jeziora, morza.	• Powstają w wyniku przekształceń ekosystemów naturalnych przez człowieka i wciąż podlegają jego wpływowi. • Przykłady: łąki, pastwiska.	• Powstają w wyniku działalności człowieka i stale są przez niego zmieniane. • Przykłady: sady, pola uprawne, stawy hodowlane.
		

Sukcesja ekologiczna

Sukcesja ekologiczna to proces ciągłych, kierunkowych zmian ekosystemu. Zmiany te zachodzą w obrębie zarówno biotopu (np. zmiany pH i składu chemicznego podłoża), jak i biocenozy (zmiany składu gatunkowego). Na początkowych etapach sukcesji ekologicznej kluczową rolę odgrywają **organizmy pionierskie**. Końcowym etapem sukcesji jest **klimaks**, czyli stan, w którym ekosystem osiąga względnie stały skład gatunkowy.

Organizmy pionierskie

Organizmy pionierskie to gatunki, które jako pierwsze zasiedlają nowe środowiska – zjawisko to zachodzi we wczesnych stadiach sukcesji ekologicznej. Organizmy pionierskie uczestniczą w procesach glebotwórczych i są przystosowane do życia w skrajnych warunkach (m.in. na obszarach ubogich w wodę i składniki odżywcze).

Wybrane cechy organizmów pionierskich

- zdolność zatrzymywania wody
- szeroki zakres tolerancji na wahania temperatury powietrza
- zdolność autotroficznego odżywiania się
- życie w symbiozie z bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny
- szybkie tempo wzrostu
- zdolność rozmnażania bezpłciowego
- wiatrosiewność (anemochoria)

Przykładami organizmów pionierskich są mchy i porosty.



Etapy sukcesji ekologicznej na przykładzie wydm

1. Na początku pojawiają się organizmy pionierskie, np. porosty, które przyspieszają wietrzenie skał.
2. Szczątki organizmów pionierskich i okruchy skał tworzą cienką warstwę gleby, na której rosną np. mchy i trawy.
3. Coraz grubsza warstwa gleby pozwala na rozwój krzewinek, np. wrzosów, krzewów i pojedynczych drzew.
4. Kiedy warstwa gleby jest dostatecznie gruba, powstaje las – stadium klimaksowe.



Struktura troficzna ekosystemu

Struktura troficzna ekosystemu obejmuje organizmy powiązane ze sobą zależnościami pokarmowymi. Wewnątrz tej struktury można wskazać **poziomy troficzne**, czyli grupy organizmów o podobnym sposobie odżywiania się, które zajmują to samo miejsce w łańcuchu pokarmowym. Wyróżnia się dwa podstawowe poziomy troficzne:

- **producentów**, czyli organizmy samożywne (autotroficzne). Wytwarzają one związki organiczne z prostych związków nieorganicznych. Do producentów należą rośliny, część protistów oraz bakterie fotosyntetyzujące i chemosyntetyzujące;
- **konsumentów**, czyli organizmy cudzożywne (heterotroficzne). Korzystają one z gotowych związków organicznych, wytworzonych przez inne organizmy. Do konsumentów zalicza się wszystkie zwierzęta, grzyby, większość bakterii oraz część protistów.

W strukturze troficznej ekosystemu wyodrębnia się również **destruentów**, czyli grupę konsumentów, którzy odżywiają się detrytusem (martwą materią organiczną). Destruenci odgrywają ważną rolę w procesie krążenia materii w ekosystemie. Rozkładają oni złożone związki organiczne (zawarte w szczątkach i odchodach organizmów) na prostsze związki, w tym na związki nieorganiczne, które mogą zostać pobrane przez producentów. Do destruentów należą przede wszystkim bakterie, grzyby i drobne zwierzęta (np. dżdżownica ziemna).

Łańcuchy pokarmowe

Łańcuch pokarmowy (troficzny) to uporządkowany ciąg organizmów, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny. Wyróżnia się dwa typy łańcuchów pokarmowych:

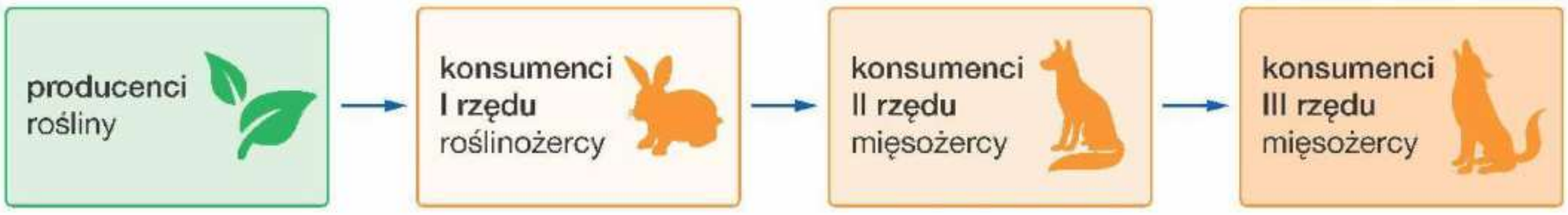
- **łańcuch spasania** – rozpoczyna się on od producentów, a jego kolejne ogniwa (poziomy troficzne) stanowią konsumenci I rzędu (np. roślinożercy), konsumenci II rzędu (np. mięsożercy zjadający roślinożerców), a także konsumenci III rzędu oraz następnych rzędów (np. mięsożercy odżywiający się innymi mięsożercami);
- **łańcuch detrytusowy** – jego pierwszy poziom troficzny tworzą destruenci. Następne poziomy tego łańcucha stanowią – tak jak w łańcuchu spasania – konsumenci kolejnych rzędów.

W ekosystemach autotroficznych (np. w lesie) występują oba typy łańcuchów pokarmowych. Z kolei w ekosystemach heterotroficznych (np. w jaskini) występuje tylko łańcuch detrytusowy.

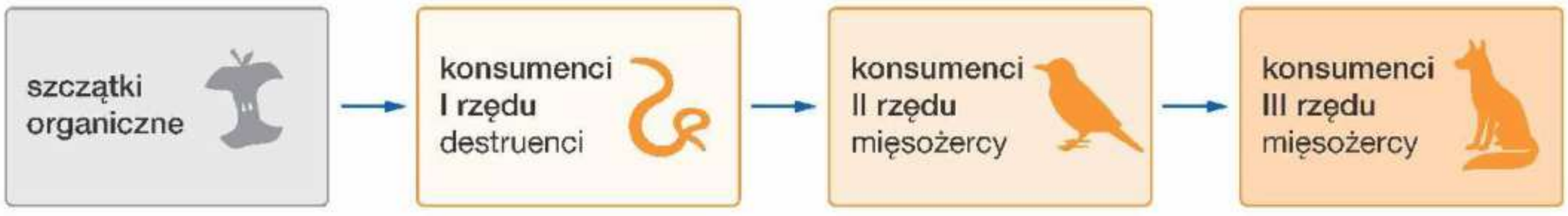
Sieć pokarmowa ekosystemu

W ekosystemach naturalnych łańcuchy pokarmowe wzajemnie się przeplatają, tworząc skomplikowane sieci, określane mianem **sieci pokarmowych** (troficznych, →s. 301). W obrębie sieci troficznych można wskazać **drapieżniki szczytowe**, które nie mają naturalnych wrogów. Oznacza to, że nie poluje na nie żaden inny drapieżnik.

Przykład łańcucha spasania



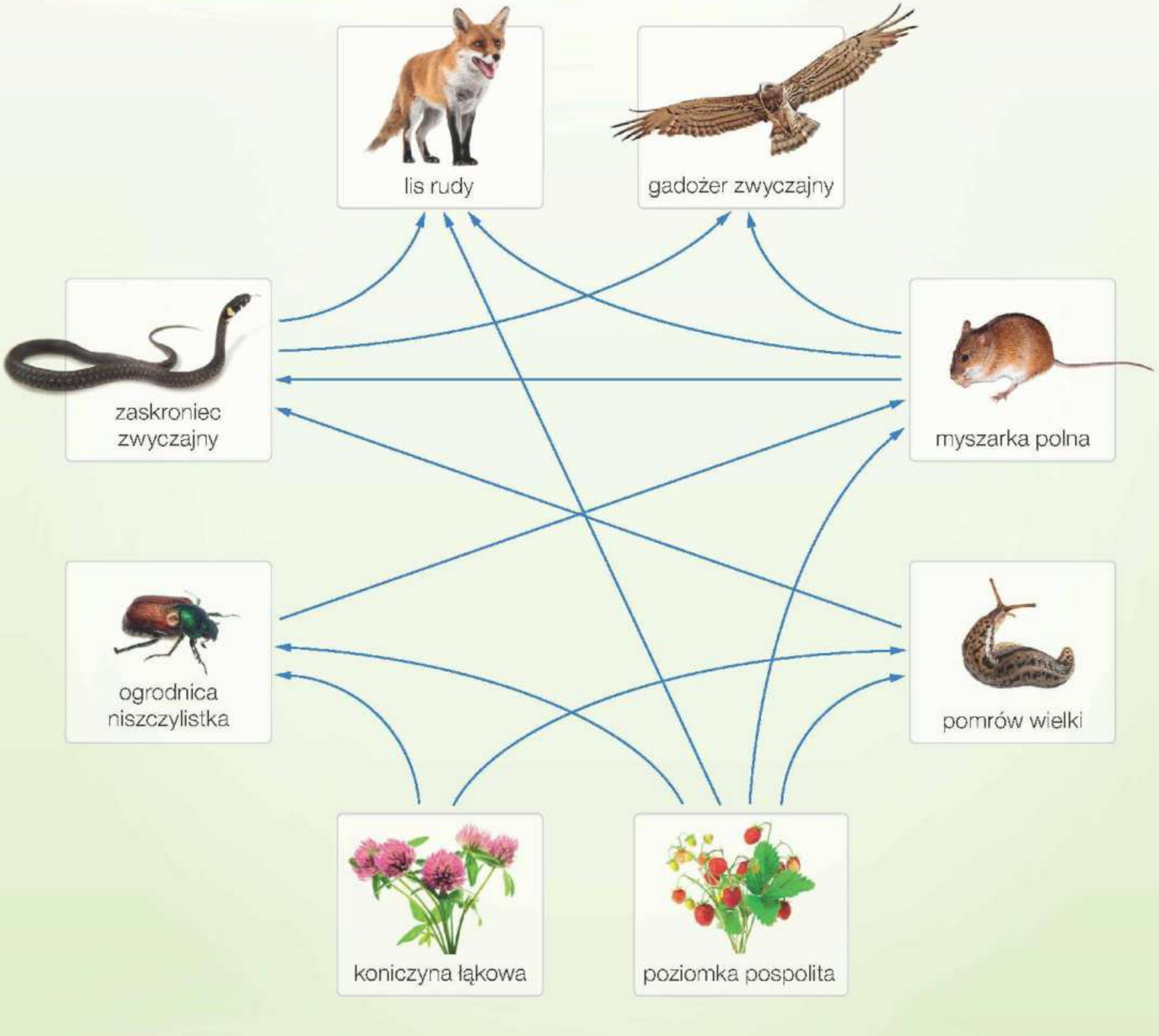
Przykład łańcucha detrytusowego



Sieć pokarmowa a łańcuch pokarmowy

Sieć pokarmowa (troficzna) to rozbudowana sieć zależności pokarmowych, które występują między organizmami żyjącymi w jednym ekosystemie. Tworzą ją łańcuchy pokarmowe, które łączą się i krzyżują ze sobą.

Fragment sieci pokarmowej ekosystemu leśnej polany



Przykład łańcucha pokarmowego (troficznego) leśnej polany

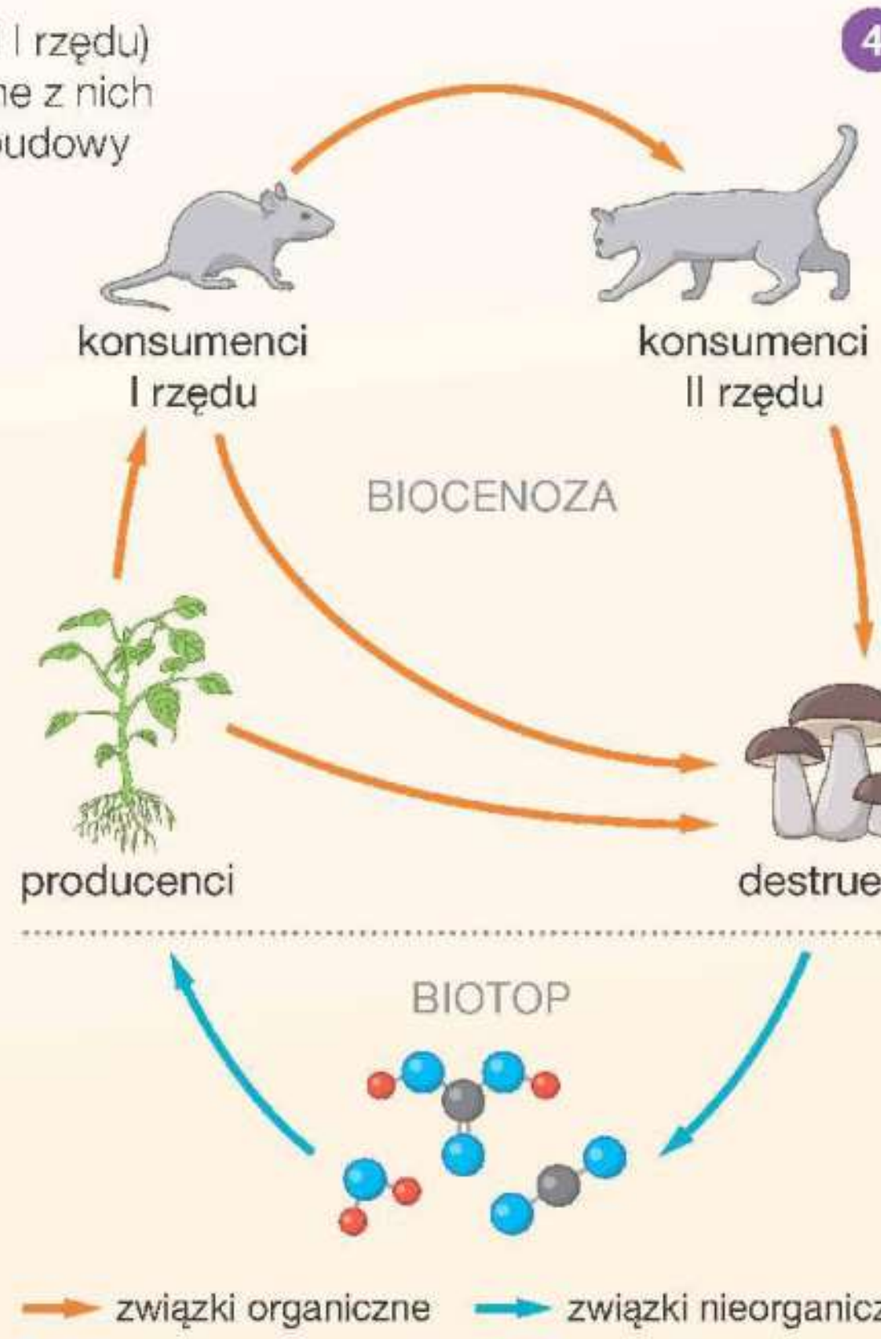


Obieg materii i przepływ energii w ekosystemie

W ekosystemie zachodzą dwa ważne procesy: obieg materii i przepływ energii. Jedną z podstawowych różnic między nimi jest to, że materia krąży w ekosystemie, a energia jest dostarczana do ekosystemu, przepływa przez niego, po czym go opuszcza.

Obieg materii

Obiegiem materii w ekosystemie nazywa się krążenie materii między biocenozą a biotopem. Kolejne etapy obiegu materii można prześledzić na schemacie poniżej.



3 Roślinożercy (konsumenci I rzędu) zjadają rośliny, a pozyskane z nich związki wykorzystują do budowy własnych organizmów.

4 Roślinożerców zjadają mięsożercy (konsumenci II rzędu), którzy również wykorzystują pozyskane związki do budowy swojego ciała.

2 Podczas fotosyntezy ze związków nieorganicznych powstają związki organiczne wykorzystywane przez rośliny do budowy tkanek.

5 Pierwiastki budujące ciała wszystkich organizmów wracają do środowiska w postaci wydalin, odchodów lub szczątków, a następnie trafiają do destruentów.

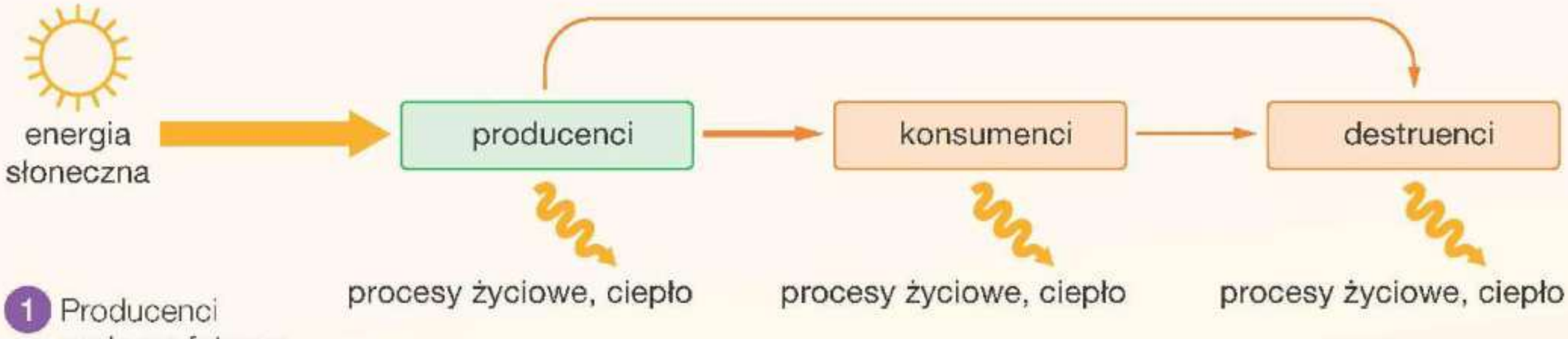
1 Biotop zawiera związki nieorganiczne, które są pobierane przez rośliny (producentów).

6 Destruenci rozkładają martwą materię organiczną do związków nieorganicznych, które mogą zostać ponownie pobrane i wykorzystane przez rośliny.

Przepływ energii

Energia w ekosystemie przepływa od producentów do destruentów.

2 Następnie konsumenci kolejnych rzędów pobierają energię w postaci związków organicznych budujących ciała zjadanych organizmów zgodnie z lokalnymi łańcuchami troficznymi.



1 Producenci podczas fotosyntezy przekształcają energię słoneczną w energię wiązań chemicznych.

3 Na każdym poziomie troficznym energii jest coraz mniej, ponieważ organizmy uwalniają ją podczas oddychania komórkowego i zużywają na procesy życiowe. Ponadto część energii rozprasza się w postaci ciepła. Dlatego aby ekosystem mógł funkcjonować, energia musi stale do niego dopływać.

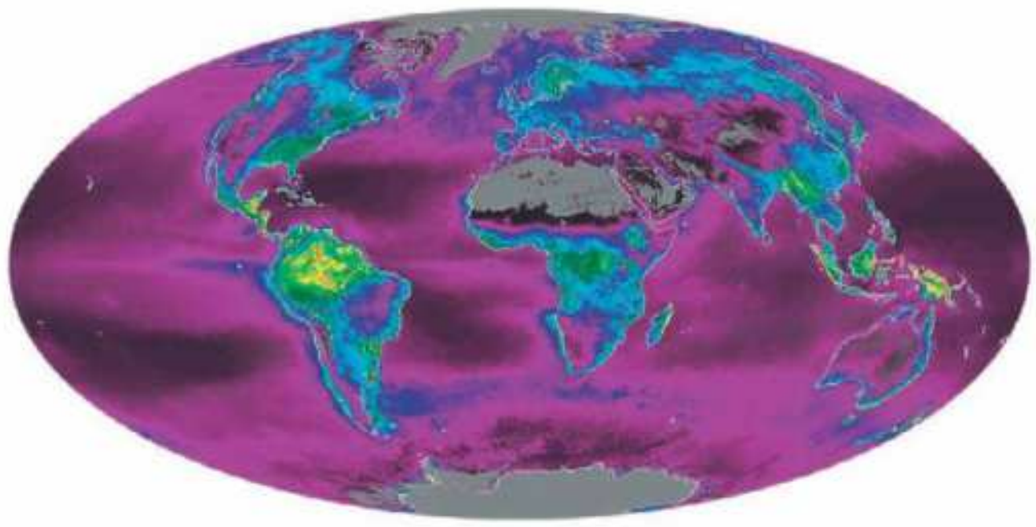
Produktywność ekosystemów

Ekosystemy wytwarzają materię organiczną (biomasę). **Produktywność ekosystemu** to intensywność, z jaką w danym ekosystemie w danej jednostce czasu jest produkowana materia lub jest magazynowana energia w związkach organicznych. Wyróżnia się produkcję pierwotną i produkcję wtórną, a w obrębie każdej z nich – produkcję netto i produkcję brutto.

Produkcja pierwotna brutto jest związana z działalnością producentów. Obejmuje ona całość materii organicznej wytworzonej przez producentów lub całość zmagazynowanej przez nich energii. Wielkość produkcji wyraża się zwykle w jednostkach masy lub energii na jednostkę przestrzeni oraz czasu, np. gramach na metr kwadratowy na rok ($g/m^2/rok$) lub kilodżulach na metr kwadratowy na rok ($kJ/m^2/rok$).

Produkcja pierwotna brutto pomniejszona o część, którą producenci zużywają w procesach życiowych, stanowi **produkcję pierwotną netto**. Poziom produkcji pierwotnej zależy m.in. od temperatury i wilgotności w ekosystemach lądowych oraz dostępu do światła i składników odżywczych w ekosystemach morskich.

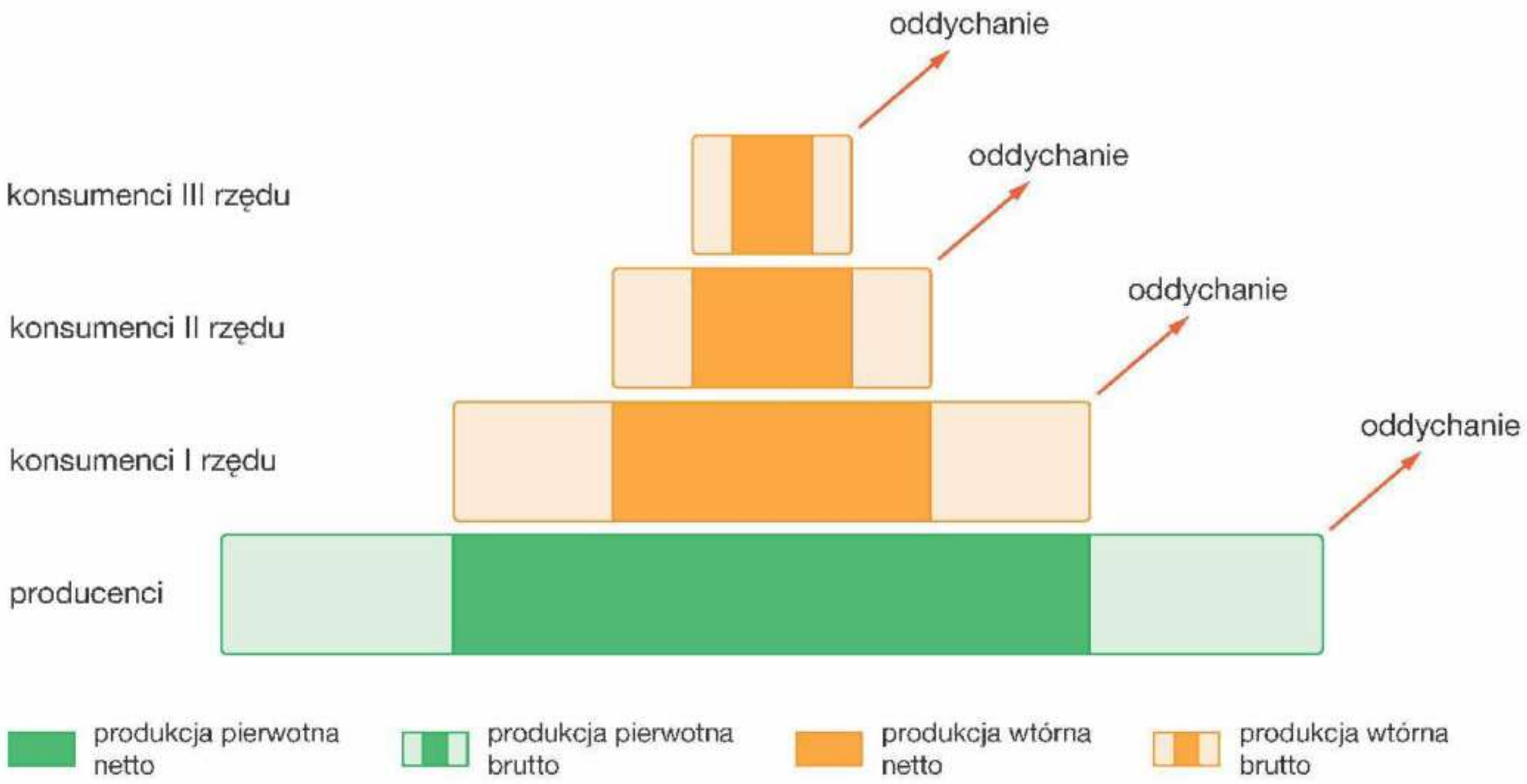
Produkcja wtórna brutto to szybkość produkowania biomasy przez konsumentów.



Poziom globalnej produkcji pierwotnej netto można zobrazować dzięki danym satelitarnym, które mierzą ilość światła absorbowanego przez fotoautotrofy. Najwyższe tempo produkcji pierwotnej netto mają lasy tropikalne, a najniższe – oceany.

Część pobranych związków organicznych konsumenci wykorzystują na procesy oddychania komórkowego. Pozostała część zostaje wbudowana w ich tkanki i stanowi **produkcję wtórną netto**. Jest to potencjalne źródło pokarmu dla kolejnego poziomu troficznego.

Poziom troficzny			
producenci		konsumenci	
produkcja pierwotna brutto	produkcja pierwotna netto	produkcja wtórna brutto	produkcja wtórna netto



Poziomy produkcji pierwotnej i produkcji wtórnej.

Piramidy ekologiczne

Piramidy ekologiczne (troficzne) pozwalają na graficzne przedstawienie struktury i funkcjonowania ekosystemu. Podstawę każdej z piramid stanowi poziom producentów, a na kolejnych poziomach znajdują się konsumenci.

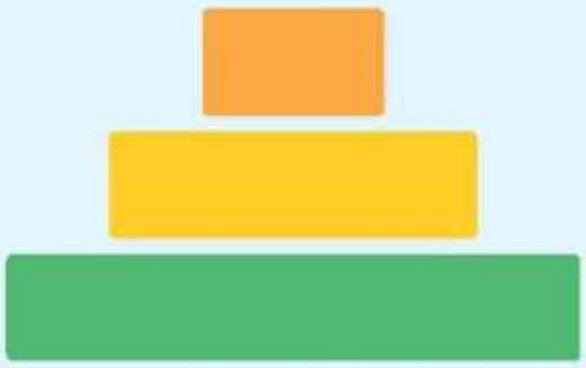
Piramida energii

Odzwierciedla przepływ energii w ekosystemie – uwzględnia ilość energii zgromadzonej na każdym poziomie troficznym oraz straty energii związane z oddychaniem. W piramidzie energii każdy poziom odpowiada ilości energii zakumulowanej przez organizmy jednego poziomu troficznego.



Piramida liczebności

Odzwierciedla liczbę osobników na danym poziomie troficznym.



W większości ekosystemów liczba osobników maleje z każdym kolejnym poziomem troficznym – tym samym łączna liczba wszystkich konsumentów II rzędu jest mniejsza niż łączna liczba wszystkich konsumentów I rzędu.



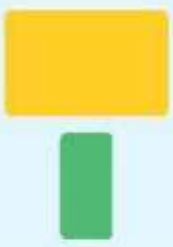
Odwrócona piramida liczebności (większa liczba konsumentów niż producentów) występuje w ekosystemach opartych na produkcji pierwotnej dużych drzew, np. na jednym drzewie może żerować wiele gąsienic. Podobna sytuacja zachodzi w pasożytnictwie – liczba pasożytów (np. pcheł) jest zwykle większa niż liczba ich żywicieli (np. psów).

Piramida biomasy

Odzwierciedla biomasę osobników na danym poziomie troficznym.



W piramidzie biomasy zwykle widoczny jest spadek biomasy organizmów na każdym poziomie troficznym, np. w ekosystemie rafy koralowej najwięcej biomasy wytwarzają producenci, a najmniej – drapieżniki.



Odwrócona piramida biomasy występuje w niektórych ekosystemach morskich – biomasa konsumentów (zooplanktonu) jest większa niż biomasa producentów (fitoplanktonu). Fitoplankton stanowią organizmy, które żyją krótko i szybko się rozmnażają, dlatego są w stanie wyżywić dłużej żyjących przedstawicieli zooplanktonu.

Polecenia kontrolne

1. Przedstaw przebieg sukcesji ekologicznej na przykładzie wybranego ekosystemu.
2. Omów role producentów, konsumentów i destruentów w obiegu materii w ekosystemie.
3. Dlaczego w celach konsumpcyjnych człowiek hoduje zwierzęta roślinożerne, a nie drapieżniki? Uzasadnij swoją odpowiedź.

6.6. Obieg azotu i węgla w przyrodzie

Ważne w tym temacie!

- obieg azotu i obieg węgla w przyrodzie oraz rola różnych grup organizmów w ich przebiegach

W przyrodzie występuje ok. 100 pierwiastków chemicznych, spośród których ponad 50 buduje organizmy. Poszczególne pierwiastki przemieszczają się w ramach określonych cykli, co jest konsekwencją krążenia materii w ekosystemach. Obieg pierwiastków odbywa się przede wszystkim za pośrednictwem organizmów, ważną rolę odgrywają w nim także procesy geologiczne (np. sedymentacja[1]) oraz reakcje chemiczne (np. utlenianie i redukcja). Z tego powodu krążenie pierwiastków w przyrodzie określa się również mianem **cykli biogeochemicznych**. Jedne z najważniejszych cykli biogeochemicznych obejmują krążenie azotu i węgla, które są pierwiastkami biogennymi[2].

Obieg azotu

Azot jest składnikiem m.in. białek, kwasów nukleinowych i niektórych witamin. Niedobór przyswajalnych form azotu jest zatem czynnikiem ograniczającym wzrost i rozwój organizmów, a tym samym – produkcję pierwotną i produkcję wtórną ekosystemów.

Największe zasoby azotu w postaci gazowej (N_2) znajdują się w atmosferze, która w 78% składa się z tego pierwiastka. Jednak w takiej formie azot jest niedostępny dla roślin. Może on zostać związany i przekształcony w przyswajalne dla nich związki m.in. dzięki **chemosyntezie** przeprowadzanej przez niektóre gatunki bakterii.

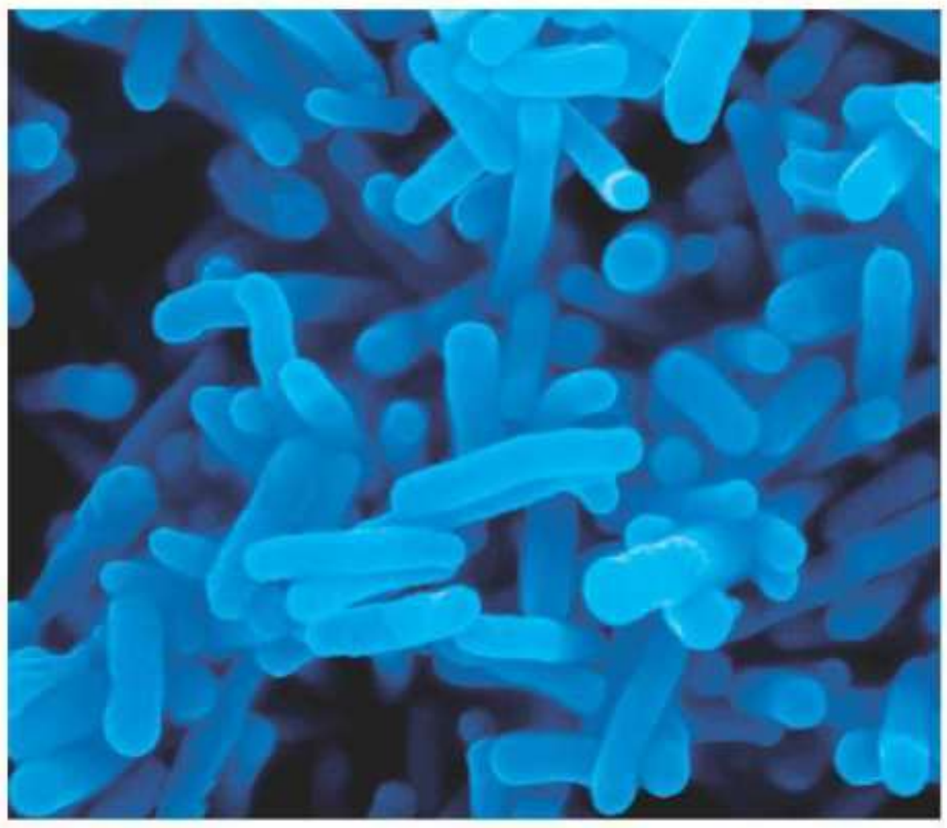
Przypomnij sobie

Chemosynteza

Chemosynteza to sposób autotroficznego odżywiania się organizmów. Zachodzi ona u tych bakterii, które czerpią energię potrzebną do asymilacji dwutlenku węgla z utleniania prostych substancji nieorganicznych lub jednowęglowych związków organicznych.

Etapy chemosyntezy

- **Utlenianie prostych substancji chemicznych** – wytwarzanie siły asymilacyjnej (ATP i NADH lub ATP i NADPH) z wykorzystaniem energii uwalnianej podczas reakcji utleniania.
- **Redukcja dwutlenku węgla do związków organicznych** – wykorzystanie siły asymilacyjnej pochodzącej z pierwszego etapu chemosyntezy. Redukcja CO_2 przebiega w podobny sposób do cyklu Calvina.



Bakterie z rodzaju *Nitrosomonas* (obraz spod SEM) są przykładem organizmów chemosyntezujących.

[1] **Sedymentacja** – proces opadania cząstek zawieszonych w roztworze lub atmosferze pod wpływem siły ciężkości.

[2] **Pierwiastki biogenne** – pierwiastki wchodzące w skład związków organicznych budujących wszystkie organizmy. Należą do nich: węgiel, wodór, tlen, azot, fosfor i siarka.

Przebieg obiegu azotu

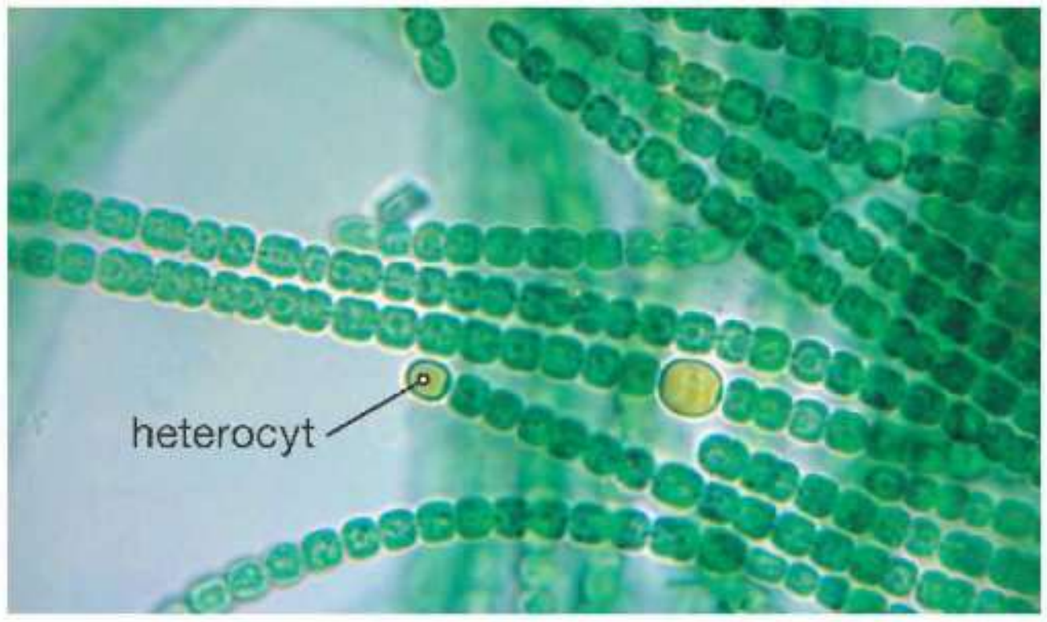
Pierwszym etapem wiązania (wolnego) azotu atmosferycznego (N_2) przez bakterie jest jego redukcja do amoniaku (NH_3), który w kontakcie z wodą tworzy jony amonowe (NH_4^+). Do bakterii wiążących azot należą m.in. wolno żyjące **bakterie glebowe** (tlenowe z rodzaju *Azotobacter* i beztlenowe z rodzaju *Clostridium*), symbiotyczne **bakterie brodawkowe** (głównie z rodzaju *Rhizobium*), a w środowiskach wodnych – niektóre gatunki **sinic** (np. z rodzajów *Anabaena* i *Nostoc*).

Niewykorzystane przez bakterie jony amonowe przenikają do gleby, gdzie większość z nich podlega procesowi **nitryfikacji**, czyli utleniania. Jest on przeprowadzany przez wyspecjalizowane bakterie chemosyntetyzujące, nazywane **bakteriami nitryfikacyjnymi**, i przebiega w dwóch etapach:

- pierwszy etap polega na utlenianiu jonów amonowych – NH_4^+ – do jonów azotanowych(III) – NO_2^-,
- drugi etap polega na utlenianiu jonów azotanowych(III) – NO_2^- – do jonów azotanowych(V) – NO_3^- – które, jako najlepiej przyswajalne, stanowią podstawowe źródło azotu dla roślin.

Jony azotanowe(V), a także – w mniejszym stopniu – jony amonowe są przyswajane przez rośliny i wykorzystywane m.in. do syntezy białek i kwasów nukleinowych. Następnie wraz ze zjadanymi roślinami azot zostaje włączony w struktury organizmów kolejnych poziomów łańcucha pokarmowego. Bogate w związki azotu szczątki obumarłych organizmów oraz odchody zwierząt są wykorzystywane przez destruentów i stopniowo ulegają rozkładowi. Produktem rozkładu jest amoniak (NH_3), który rozpuszcza się w wodzie, tworząc jony amonowe (NH_4^+). Proces rozkładu materii organicznej prowadzący do uwolnienia amoniaku lub jonów amonowych nosi nazwę **amonifikacji**.

Azot cząsteczkowy stale powraca do atmosfery dzięki działalności **bakterii denitryfikacyjnych**. W procesie nazywanym **denitryfikacją** redukują one jony azotanowe(III) – NO_2^- – i jony azotanowe(V) – NO_3^- – do azotu cząsteczkowego (N_2), który wraca do atmosfery. Procesy denitryfikacyjne powodują zamknięcie cyklu biogeochemicznego azotu.



Kolonijne sinice z rodzaju *Anabaena* (obraz spod mikroskopu świetlnego) mogą wytwarzać przyswajalne formy azotu dzięki nitrogenazie występującej w wyspecjalizowanych komórkach, tzw. heterocytach.

Obieg węgla

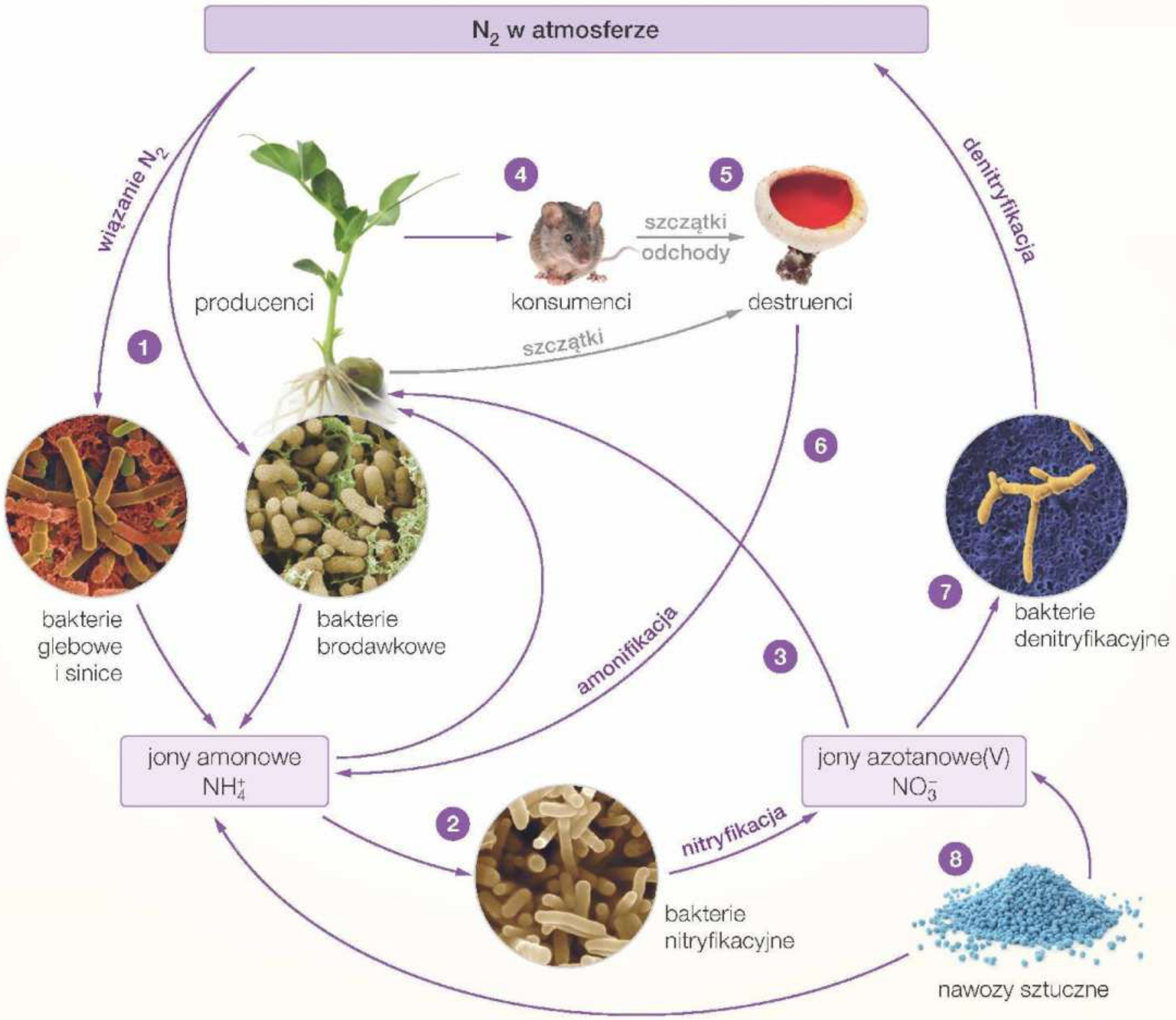
Węgiel ma największe znaczenie dla istnienia życia na Ziemi, ponieważ jest podstawowym elementem strukturalnym związków organicznych wchodzących w skład organizmów. Jego zasoby znajdują się przede wszystkim w:

- **atmosferze** w postaci CO_2, stanowiącego ok. 0,04% składu atmosfery,
- **wodzie** w postaci jonów wodorowęglanowych (HCO_3^-), a także – w mniejszym stopniu – w postaci rozpuszczonego CO_2 i jonów węglanowych CO_3^{2-},
- **paliwach kopalnych** (węglu kamiennym, węglu brunatnym i ropie naftowej), w których węgiel występuje w postaci pierwiastka,
- **skałach wapiennych** w postaci węglanu wapnia ($CaCO_3$).

Procesami, które mają największy wpływ na krążenie węgla w skali globalnej, są fotosynteza i oddychanie komórkowe (→ s. 308). Za włączenie węgla do obiegu materii odpowiadają producenci. Konsumenci otrzymują te związki wraz z pożywieniem. Następnie węgiel jest uwalniany do atmosfery w postaci CO_2 powstałego w wyniku **oddychania** roślin i zwierząt, a także na skutek działalności destruentów, którzy rozkładają szczątki organiczne oraz odchody.

Obieg azotu w przyrodzie

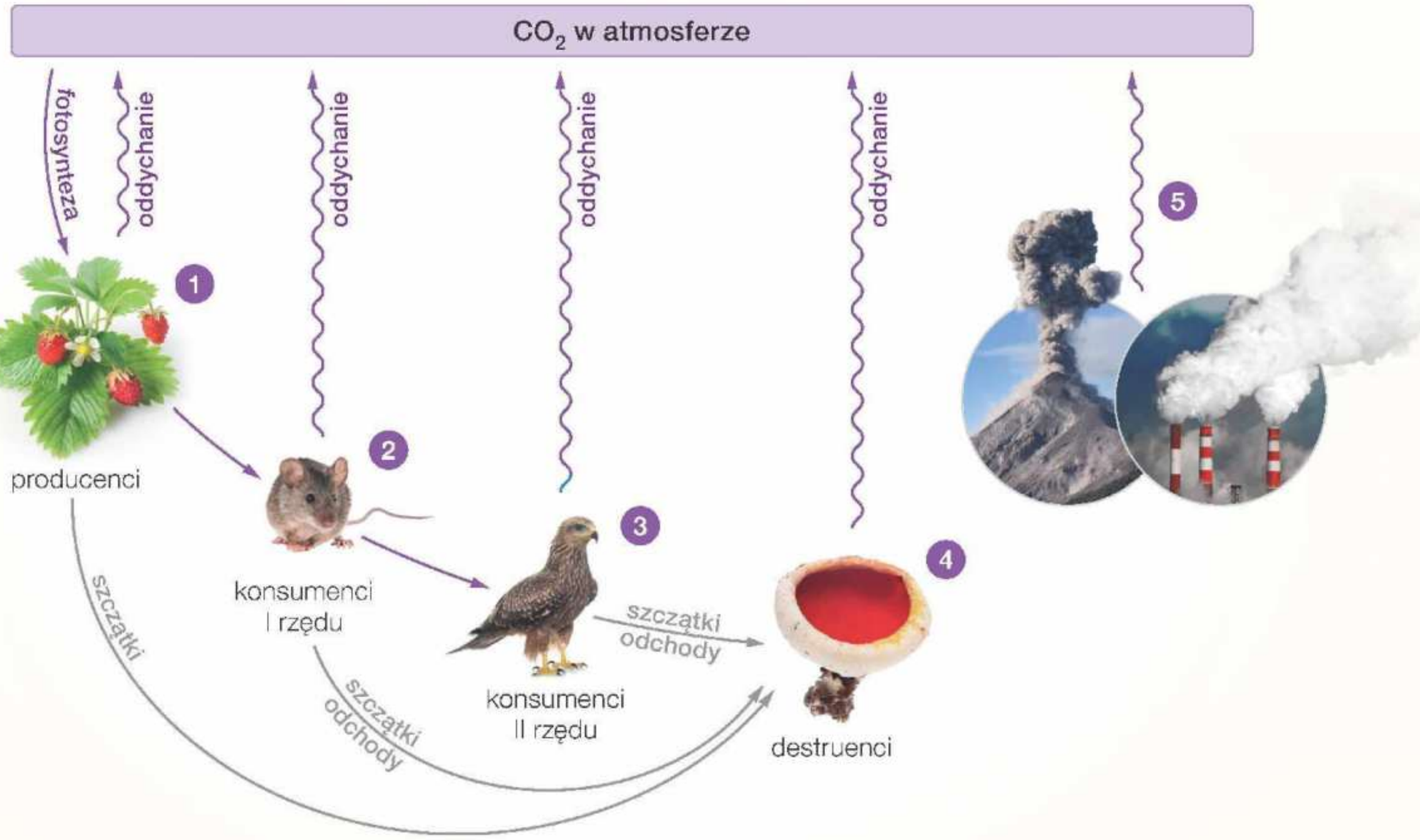
Na krążenie azotu w przyrodzie składa się pięć głównych procesów: wiązanie azotu, nitryfikacja, pobieranie jonów azotanowych(V) przez rośliny, amonifikacja i denitryfikacja. Duże znaczenie w obiegu tego pierwiastka ma także stosowanie nawozów sztucznych.



1. Bakterie brodawkowe, a także niektóre bakterie glebowe oraz sinice wiążą azot atmosferyczny (N_2) i przekształcają go w amoniak (NH_3), który w kontakcie z wodą tworzy jony amonowe (NH_4^+).
2. Bakterie nitryfikacyjne utleniają jony amonowe (NH_4^+) do jonów azotanowych(III) – NO_2^- – a później do formy najlepiej przyswajalnej przez rośliny, czyli do jonów azotanowych(V) – NO_3^-. Proces ten nosi nazwę **nitryfikacji**.
3. Jony NO_3^- są przyswajane przez rośliny i stanowią dla nich główne źródło azotu.
4. Konsumenci pozyskują związki azotu w wyniku odżywiania się innymi organizmami.
5. Destruenci pozyskują związki azotu ze szczątków i odchodów innych organizmów.
6. Destruenci rozkładają organiczne związki azotu na amoniak (NH_3) lub jony amonowe (NH_4^+) w procesie **amonifikacji**. Wskutek kontaktu z wodą, która znajduje się w glebie, amoniak przekształca się w jony amonowe (NH_4^+).
7. Jony azotanowe mogą być przekształcane przez bakterie denitryfikacyjne w azot atmosferyczny w procesie **denitryfikacji**.
8. Związki azotu mogą być sztucznie włączane do obiegu w wyniku stosowania nawozów sztucznych w rolnictwie.

Obieg węgla w przyrodzie

Najważniejszą rolę w krążeniu węgla w przyrodzie odgrywają dwa procesy: fotosynteza i oddychanie komórkowe. Duże znaczenie w obiegu tego pierwiastka mają również spalanie paliw kopalnych przez człowieka oraz erupcje wulkanów.



1. **Producenci** pobierają z atmosfery CO_2, a następnie w trakcie fotosyntezy wbudowują węgiel w związki organiczne. Związki te wykorzystują do budowy swoich tkanek oraz jako substraty procesu oddychania, podczas którego powstaje CO_2 uwalniany do atmosfery.
2. **Konsumenci I rzędu** zjadają producentów i w ten sposób pozyskują związki organiczne zawierające węgiel. Wykorzystują je do syntezy związków organicznych budujących ich ciała oraz w procesie oddychania.
3. **Konsumenci II rzędu i wyższych rzędów** zjadają innych konsumentów, dzięki czemu uzyskują związki organiczne. Wykorzystują je do budowy własnych tkanek oraz w procesie oddychania.
4. **Destruenci** pozyskują związki organiczne ze szczątków i odchodów innych organizmów. Wykorzystują je do budowy własnych ciał oraz uwalniają CO_2 do atmosfery podczas procesu oddychania.
5. CO_2 trafia do atmosfery również w wyniku **erupcji wulkanów i spalania paliw kopalnych**, np. węgla kamiennego lub ropy naftowej.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, w jaki sposób wylesianie terenów wpływa na obieg węgla w przyrodzie.
2. Korzystając z dostępnych źródeł, ustal, w jaki sposób wykorzystuje się gospodarczo bakterie wiążące azot.
3. Wyjaśnij pojęcia: *nitryfikacja*, *amonifikacja*, *denitryfikacja*.

6.7. Różnorodność biologiczna

Ważne w tym temacie!

- typy różnorodności biologicznej
- czynniki geograficzne kształtujące różnorodność gatunkową i różnorodność ekosystemową
- przykłady miejsc charakteryzujących się dużą różnorodnością gatunkową
- definicja endemitów i ich przykłady
- związek między rozmieszczeniem biomów a warunkami klimatycznymi

Bogactwo form życia na Ziemi określa się mianem **różnorodności biologicznej** lub **bioróżnorodności**. Wyróżnia się trzy poziomy różnorodności biologicznej: różnorodność genetyczną, różnorodność gatunkową oraz różnorodność ekosystemową.

Różnorodność genetyczna występuje wśród osobników należących do tej samej populacji i wynika z obecności w niej wielu alleli tego samego genu. Dzięki różnorodności genetycznej każdy osobnik ma niepowtarzalną kombinację alleli (genotyp), a co za tym idzie – swoisty zestaw cech fenotypowych. Osobniki tego samego gatunku różnią się więc m.in. wyglądem i cechami metabolizmu.

Różnorodność gatunkowa to rozmaitość wszystkich gatunków żyjących na Ziemi. Mierzy się ją przede wszystkim liczbą gatunków występujących w danym ekosystemie. Największą różnorodnością gatunkową charakteryzują się ekosystemy, w których występuje wiele gatunków organizmów reprezentowanych przez zbliżoną, dużą liczbę osobników.

Różnorodność ekosystemową mierzy się liczbą i zróżnicowaniem ekosystemów występujących na danym obszarze, np. na wyspie, w kraju czy na kontynencie.

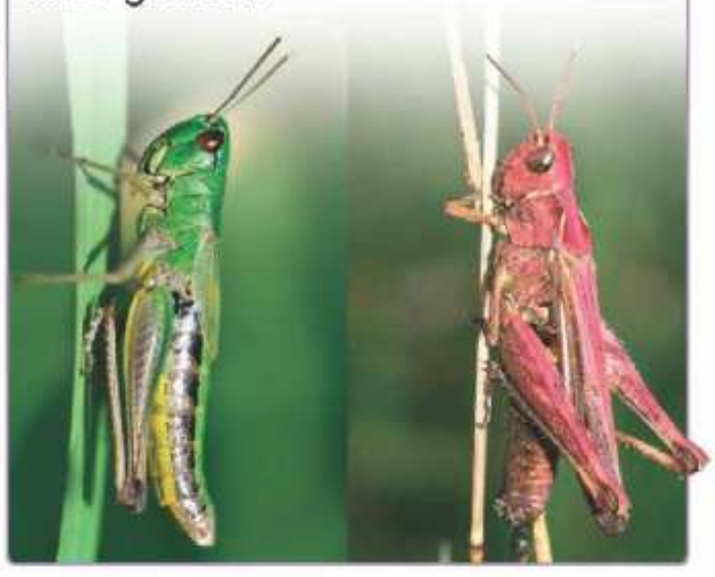


Dużą różnorodnością gatunkową charakteryzują się ekotony, czyli strefy przejściowe między ekosystemami. Przykładem ekotonu jest ujście rzeki.

Poziomy różnorodności biologicznej

różnorodność genetyczna

Zmienność genetyczna wśród przedstawicieli jednej populacji. Wynika z występowania różnych alleli genów.



różnorodność gatunkowa

Rozmaitość gatunków występujących w danym ekosystemie.



różnorodność ekosystemowa

Bogactwo typów ekosystemów występujących na danym obszarze.



Czynniki geograficzne kształtujące bioróżnorodność

Bioróżnorodność zależy przede wszystkim od czynników geograficznych, m.in. czynników klimatycznych, ukształtowania powierzchni Ziemi i prądów morskich.

Czynniki klimatyczne

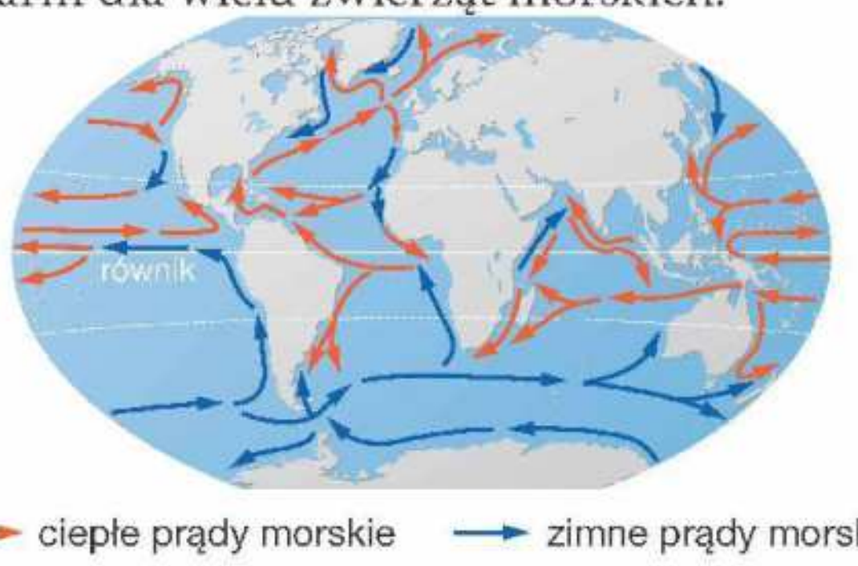
Czynniki klimatyczne obejmują wiele elementów, z których najważniejsze to roczna suma opadów atmosferycznych oraz średnia roczna temperatura powietrza. Największa bioróżnorodność występuje na obszarach o dużej rocznej sumie opadów atmosferycznych oraz na obszarach o wysokiej średniej rocznej temperaturze powietrza.

Ukształtowanie powierzchni Ziemi

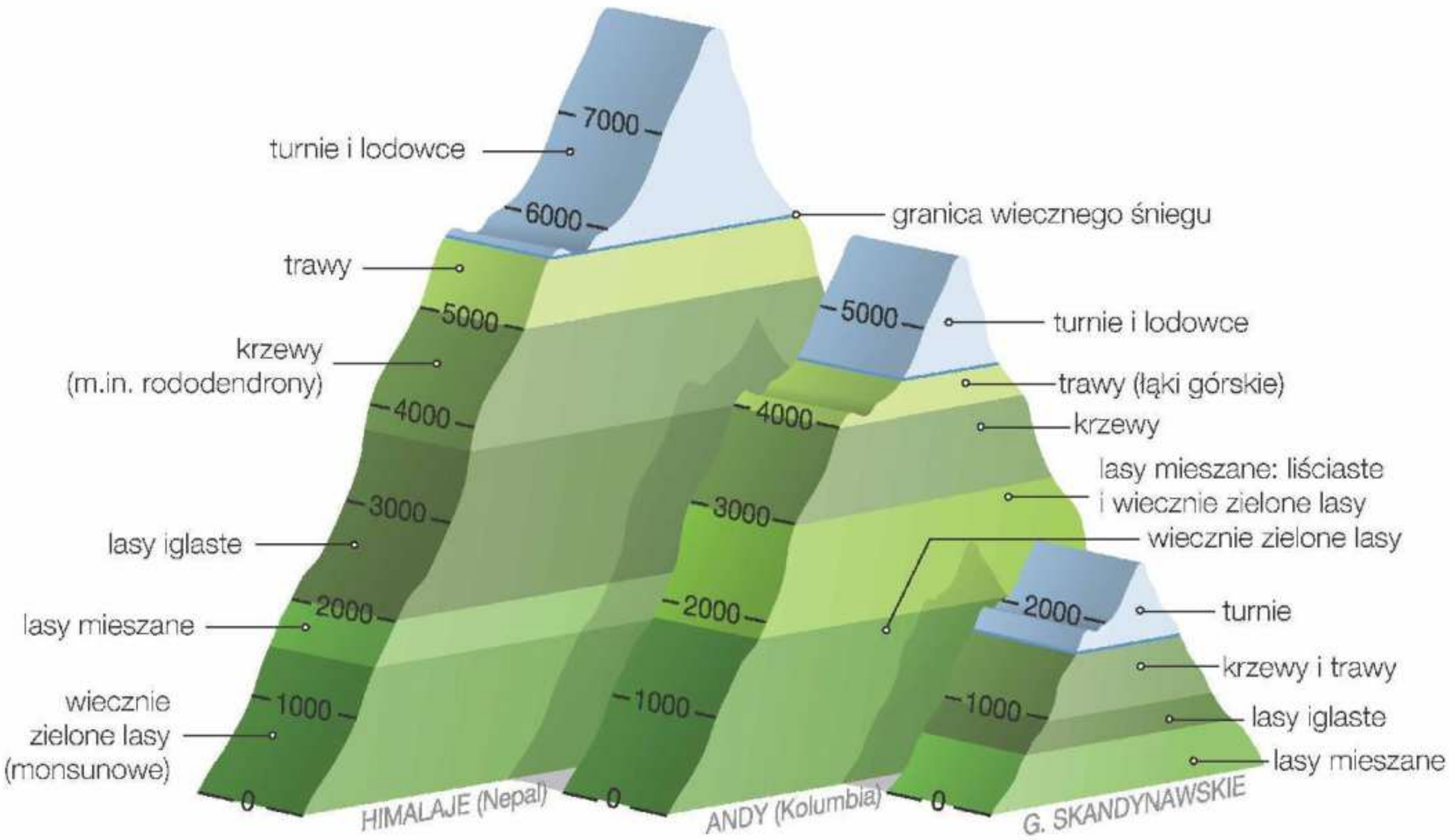
Ukształtowanie powierzchni Ziemi wiąże się ze zróżnicowaniem środowiska życia organizmów. Na przykład w obrębie gór wysokich bioróżnorodność jest tak duża, że wyróżnia się tam piętra klimatyczno-roślinne. Piętro najniższe jest najcieplejsze. Występują w nim zwykle lasy odpowiadające miejscowym warunkom klimatycznym, np. w tropikalnym rejonie Andów są to wilgotne lasy równikowe, a w Tatrach – lasy liściaste. Najwyższe piętro jest najzimniejsze i cechuje się najsurowszym klimatem, w górnych partiach pokrywa je zaś śnieg. Roślin jest bardzo mało, dominują mchy i porosty. Obszary gór wysokich są zamieszkane przez charakterystyczne gatunki zwierząt, np. w Andach są to kondory, a w Tatrach – kozice i świstaki.

Prądy morskie

Ważnym czynnikiem wpływającym na bioróżnorodność są **prądy morskie**. Ciepłe prądy morskie podnoszą temperaturę wód, a zimne prądy ją obniżają. Mieszające się wody o odmiennej temperaturze i różnym zasoleniu sprzyjają rozwojowi planktonu, który stanowi pokarm dla wielu zwierząt morskich.



Mapa prądów morskich.



Piętra klimatyczno-roślinne w wysokich górach. W zależności od rodzaju gór poszczególne piętra mogą być odmiennie rozmieszczone lub mogą nie występować.

Biomy

Analizując bogactwo gatunkowe w różnych miejscach Ziemi, wyodrębniono **biomy**. Są to fragmenty biosfery odznaczające się podobnymi warunkami klimatycznymi, które prowadzą do rozwoju określonych rodzajów gleb i formacji roślinnych. Głównymi biomami lądowymi Ziemi są: tundra, las północny iglasty (tajga), las liściasty strefy umiarkowanej, roślinność typu śródziemnomorskiego, biomy trawiaste (step i sawanna), pustynia oraz wilgotny las równikowy. Niekiedy jako osobny biom wyróżnia się również obszar gór wysokich.

Każdy z biomów charakteryzuje się określonym zestawem gatunków roślin i zwierząt, w tym również **gatunków endemicznych (endemitów)**.

Istotną cechą biomów lądowych jest ich warstwowość. Poszczególne warstwy różnią się głównie dostępem do światła, co wpływa przede wszystkim na kształt i rozmiar roślin. W związku z tym w większości biomów będących formacjami leśnymi wyróżnia się analogiczne warstwy roślinności. Są to:

- warstwa koron najwyższych drzew,
- warstwa niższych drzew,
- podszyt złożony z krzewów oraz najniższych drzew,
- runo leśne złożone z niewielkich roślin, m.in. mchów i roślin zielnych,
- ściółka, czyli powierzchniowa warstwa gleby.

W zależności od rodzaju biomu warstwy te mogą być w różnym stopniu rozwinięte, np. warstwy podszytu i runa leśnego w lesie liściastym strefy umiarkowanej są dobrze rozwinięte, natomiast w wilgotnym lesie równikowym są one ubogie ze względu na małą ilość światła.

Tradycyjnie biomy odnosi się do obszarów lądowych. Co prawda ekolodzy coraz częściej rozszerzają to pojęcie także na obszary wodne, jednak większość naukowców traktuje ekosystemy słodkowodne i słonowodne jako przykłady środowisk wodnych, a nie biomów.

Endemity

Gatunek endemiczny (endemit) to gatunek, który występuje tylko na niewielkim terenie, zwykle odizolowanym od innych obszarów, np. na wyspach oceanicznych lub na terenach górskich. Ma on zazwyczaj wąski zakres tolerancji ekologicznej (jest stenobiontem).



Lemur katta to endemit żyjący jedynie na Madagaskarze. Szacuje się, że endemity stanowią nawet 80% wszystkich gatunków roślin i zwierząt występujących na tej wyspie.

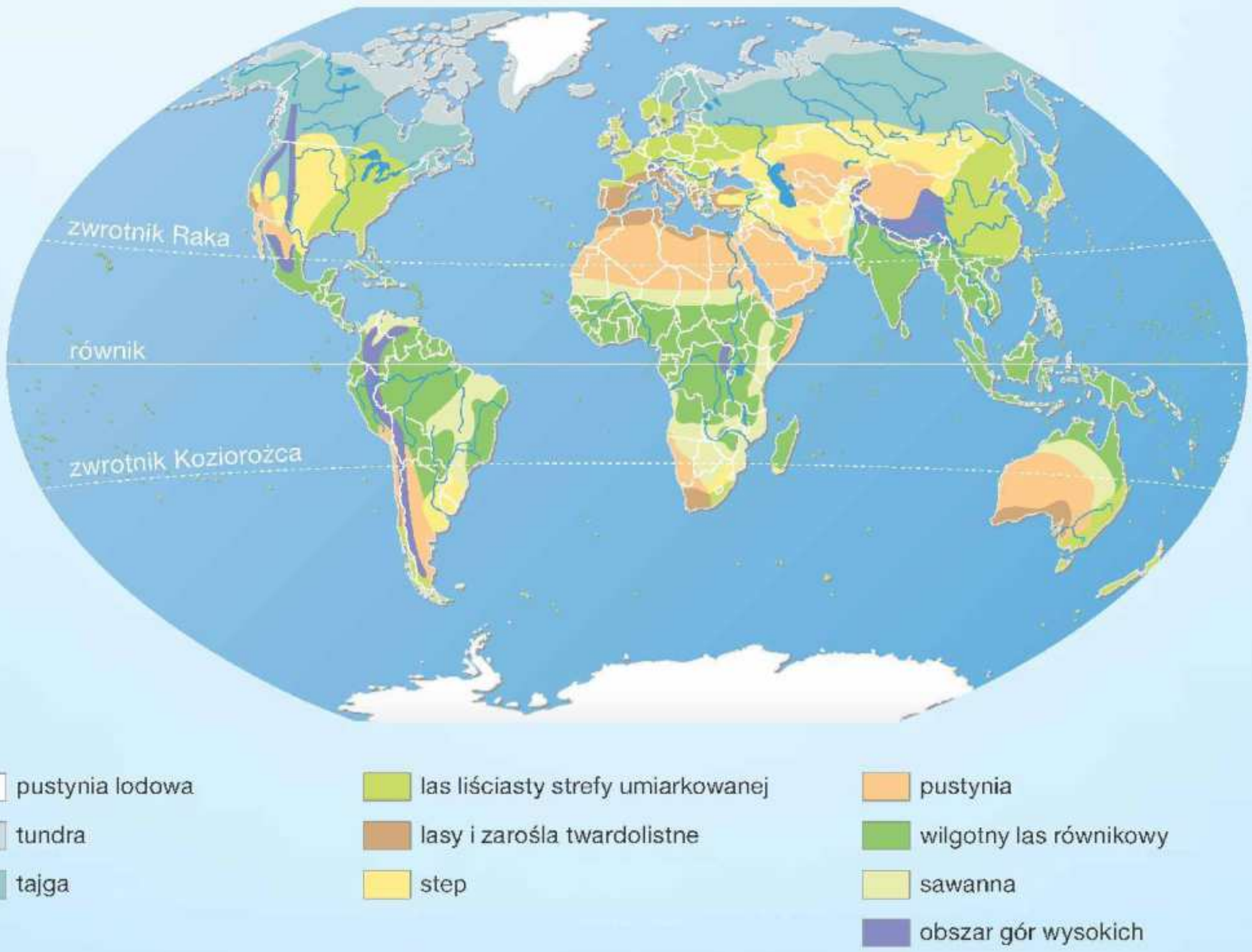


Skalnica tatrzańska jest endemitem występującym na terenie Karpat Zachodnich, m.in. w Polsce. Jest także reliktem – roślina ta stanowi pozostałość po cofającym się lodowcu.

Rozmieszczenie i charakterystyka biomów

Głównym czynnikiem wpływającym na występowanie określonych biomów jest klimat, dlatego rozmieszczenie biomów na Ziemi w znacznym stopniu pokrywa się z rozmieszczeniem stref klimatycznych.

Rozmieszczenie biomów na Ziemi



Charakterystyka biomów

Biomy różnią się krajobrazem, a także warunkami glebowymi oraz klimatycznymi. Większość nazw biomów pochodzi od dominującej w nich roślinności.

Pustynia lodowa

Klimat: Okołobiegunowy. Zima jest długa i mroźna, a lato – krótkie i chłodne. Charakterystyczne są niewielkie sumy opadów i bardzo silne wiatry.

Charakterystyczne rośliny: Występują tu głównie mchy i nieliczne rośliny zielne.
W wielu miejscach brak roślinności.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyją tu zwierzęta związane głównie ze środowiskiem morskim, np. alki, foki, niedźwiedzie polarne.

Tundra

Klimat: Okołobiegunowy. Zima jest długa i mroźna, a lato – bardzo krótkie i chłodne. Panuje tu niska temperatura, występują silne wiatry, a roczne sumy opadów są niewielkie.

Charakterystyczne rośliny: Wzrost i rozwój roślin są ograniczone przez niską temperaturę i wieloletnią zmarzlinę. Występują tu głównie niskie rośliny zielne, krzewinki oraz krzewiaste gatunki brzóz i wierzb.

Charakterystyczne zwierzęta: Występują tu przede wszystkim gatunki wytrzymałe na chłód, takie jak niedźwiedzie polarne i sowy śnieżne.



Tajga – las północny iglasty

Klimat: Umiarkowany chłodny. Zima jest długa i mroźna, a lato – krótkie i dość ciepłe. Występują niewielkie roczne sumy opadów.

Charakterystyczne rośliny: Rosną tu głównie drzewa iglaste, które są odporne na niedobór wody podczas zimy, np. świerki, sosny, jodły i modrzewie.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyją tu liczne gatunki ssaków roślinożernych (np. łosie, sarny, wiewiórki) i drapieżnych (np. rysie, wilki). Większość ptaków to gatunki migrujące (np. gile, jemiołuszki) i żywiące się nasionami drzew (np. krzyżodzioby).



Lasy liściaste strefy umiarkowanej

Klimat: Umiarkowany ciepły. Występują cztery pory roku. Zima jest łagodna, a lato – dość ciepłe. Opady są raczej regularne i obfite.

Charakterystyczne rośliny: Rosną tu głównie drzewa liściaste zrzucające liście na zimę (np. dęby, klony, lipy, buki). Ponieważ światło dociera do niższych warstw lasu, ma on gęsty podszyt (np. leszczyny) i runo leśne (np. mchy, paprocie, borówki).

Charakterystyczne zwierzęta: Ze względu na dostatek pożywienia i schronienia występuje tu wiele gatunków ssaków (np. jelenie, dziki, lisy), ptaków (np. zięby, dzięcioły) oraz owadów.



Lasy i zarośla twardolistne

Klimat: Podzwrotnikowy. Lato jest gorące i suche, a zima – łagodna i wilgotna.

Charakterystyczne rośliny: Rosną tu drzewa i krzewy przystosowane do niedoboru wody oraz do gorąca, np. o twardych, skórzastych liściach, m.in. dąb korkowy, oliwki, wawrzyny, eukaliptusy, cyprysy.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyją tu np. nietoperze, daniele, szakale oraz gady – węże, gekony, żółwie.

Stepy

Klimat: Lato jest gorące, a zima – ostra. Nieregularnie występują niewielkie opady.

Charakterystyczne rośliny: Występują tu głównie różne gatunki traw, np. ostnice.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyje tu wiele gatunków zwierząt roślinożernych, np. susły, bizony, antylopy widłorogie i bażanty.



Wilgotny las równikowy

Klimat: Równikowy bardzo wilgotny. Cały rok panuje wysoka temperatura, a opady deszczu są obfite i częste.

Charakterystyczne rośliny: Występuje tu bardzo dużo różnych gatunków roślin, a drzewa mogą osiągać znaczne rozmiary (np. mahoniowiec). Liczne są epifity (np. storczyki) oraz pnącza.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyje tu bardzo duża liczba gatunków zwierząt, przy czym najliczniej reprezentowane są owady. Spośród ssaków charakterystyczne są np. szympansy, orangutany, tapiry i jaguary, spośród ptaków – np. kolibry, papugi i tukany, a spośród gadów – np. kameleony i węże.



Sawanna

Klimat: Równikowy. Przez cały rok temperatury są wysokie. Występują dwie pory roku – sucha i deszczowa.

Charakterystyczne rośliny: Występują tu przystosowane do suszy twardolistne trawy, pojedyncze krzewy i drzewa (np. akacje, baobaby). W porze suchej następuje spowolnienie wegetacji, trawy obumierają, a drzewa zrzucają część liści.

Charakterystyczne zwierzęta: Liczne są stadne ssaki roślinożerne (np. słonie, żyrafy, antylopy) oraz drapieżne (np. lwy, szakale). Żyje tu wiele ptaków (np. strusie, sępy), a także gadów (jaszczurki i węże) oraz owadów (np.szarańcza, termity).



Pustynia

Klimat: Zwrotnikowy suchy. W dzień panuje wysoka temperatura, a w nocy – niska. Roczne sumy opadów są bardzo małe.

Charakterystyczne rośliny: Z powodu niedostatku wody roślinność jest tu bardzo uboga. Przeważają kserofity (agawy, aloesy, kaktusy).

Charakterystyczne zwierzęta: Zwierzęta są przystosowane do małej ilości wody. Często mają niewielkie rozmiary i prowadzą nocny tryb życia (m.in. fenki, wielbłądy, kojoty, jaszczurki, węże).

Charakterystyka wybranych środowisk wodnych

Środowisk wodnych nie dzieli się ze względu na strefy klimatyczne, w których się znajdują, lecz ze względu na stężenie występującej w nich soli (NaCl). Na tej podstawie wyróżnia się **środowiska słodkowodne, środowiska morskie** i **estuaria**, w których wody morskie mieszają się z wodami słodkimi.

NaCl
< 0,1%

■ Środowiska słodkowodne

Jeziora

To zbiorniki wody słodkiej, w których dostępność światła maleje wraz z głębokością. Charakteryzuje je warstwowy układ temperatury. W jeziorach występują m.in.: trzciny, rzęsa wodna, brunatnice i krasnorosty, a także traszki, szczupaki, okonie, raki oraz małże.



Strumienie i rzeki

To wody słodkie płynące. W górnym biegu woda jest zwykle zimna i bogata w tlen, a także zawiera niewiele substancji organicznych. Z kolei bliżej ujścia woda jest cieplejsza i uboższa w tlen, ponadto zawiera znaczną ilość substancji organicznych. W strumieniach i rzekach występują m.in. pstrągi i larwy ważek.



NaCl
3%

■ Środowiska morskie

Strefy pływów

To tereny przy wybrzeżach morskich okresowo zalewane wodą w czasie przypływów i odsłaniane w czasie odpływów. Dominują tu rośliny przymocowane do podłoża, fitoplankton oraz zwierzęta przystosowane do zmian wilgotności, temperatury i zasolenia.



Rafy koralowe

To obszary o płytkich, ciepłych, dobrze nasłonecznionych i natlenionych wodach, położone w strefie okołorównikowej. Podłoże raf koralowych stanowi skała utworzona ze szkieletów koralowców. Występują tu rośliny wodne oraz ogromna różnorodność morskich zwierząt: koralowców, gąbek, ślimaków i skorupiaków.



NaCl
0,1% – 3%

■ Estuaria

To ujścia rzek, w których woda jest często słona przy dnie, a słodka przy powierzchni. Występują tu m.in.: trzciny, rzęsa wodna, małże, skorupiaki, foki, ryby dwuśrodowiskowe (np. trocie i certy) oraz mewy.

Rozmieszczenie gatunków na Ziemi

Nierównomierne rozmieszczenie gatunków na Ziemi wynika nie tylko z panujących warunków klimatycznych, lecz także z przebiegu ewolucji. Najwięcej gatunków żyje w strefach klimatów równikowych i podrównikowych, czyli w rejonach gorących i wilgotnych. W miarę oddalania się od równika w kierunku biegunów liczba gatunków maleje. Szczególnie duża bioróżnorodność występuje w lasach, głównie w **wilgotnych lasach równikowych**. Z kolei wśród środowisk wodnych największą różnorodnością gatunkową charakteryzują się **rafy koralowe**.

Niektóre obszary, takie jak Madagaskar czy Nowa Zelandia, wskutek dryfu kontynentów odizolowały się od stałego lądu. Następnie w wyniku izolacji geograficznej doszło tam do specjacji – obszary te stały się miejscem bytowania wielu różnorodnych gatunków, które nie występują nigdzie indziej na świecie. Takie miejsca określa się mianem **ognisk różnorodności biologicznej**.



Rafa koralowa, która znajduje się u wybrzeży Australii, jest jednym z morskich ognisk różnorodności biologicznej.

Ogniska różnorodności biologicznej

Na Ziemi istnieją 34 lądowe ogniska różnorodności biologicznej. Na obszarach tych żyje co najmniej 1,5 tys. endemicznych gatunków roślin. Większość ognisk różnorodności biologicznej występuje w strefie tropikalnej, jednak część z nich znajduje się także w innych strefach klimatycznych, np. w rejonie Morza Śródziemnego oraz w Nowej Zelandii. Ponadto wyróżnia się 10 morskich ognisk różnorodności biologicznej, gdzie żyje wiele gatunków endemicznych, które są zagrożone wyginięciem.



Ogniska różnorodności biologicznej zajmują mniej niż 2,5% powierzchni Ziemi. Mimo to szacuje się, że blisko połowa gatunków roślin i trzy czwarte gatunków kręgowców występują jedynie w tych miejscach.

Dowiedz się więcej

Reguły ekogeograficzne

Reguły ekogeograficzne określają zależności między klimatem, w którym żyją zwierzęta, a morfologicznymi i fizjologicznymi cechami ich budowy. Najbardziej znane reguły ekogeograficzne – reguła Allena i reguła Bergmanna – dotyczą przedstawicieli tych samych gatunków lub gatunków blisko ze sobą spokrewnionych.

Reguła Allena

Części ciała narażone na utratę ciepła (np. małżowiny uszne, ogon) są mniejsze u ssaków żyjących w klimacie polarnym niż u ssaków żyjących w klimacie ciepłym. Na przykład lis polarny, który zamieszkuje Arktykę, ma bardzo małe uszy. Z kolei uszy fenka pustynnego – ssaka żyjącego na terenach Półwyspu Arabskiego i północnej Afryki – są bardzo duże.



Fenek pustynny.

Lis polarny.

Reguła Bergmanna

Zwierzęta stałocieplne żyjące w chłodnym klimacie mają większe rozmiary ciała od zwierząt żyjących w klimacie ciepłym. Oznacza to, że stosunek między powierzchnią a objętością ciała organizmów żyjących w zimnym klimacie jest niewielki, dzięki czemu ograniczają one straty ciepła. Na przykład występujące na Antarktydzie pingwiny cesarskie są dużo większe od pingwinów przylądkowych, które zamieszkują południową część Afryki.



Pingwin przylądkowy.



Pingwin cesarski.

Polecenia kontrolne

1. Scharakteryzuj typy różnorodności biologicznej.
2. Wyjaśnij, jakie czynniki środowiska sprzyjają występowaniu ekosystemów o dużej różnorodności gatunkowej.
3. Podaj trzy przykłady gatunków endemicznych.

6.8. Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną

Ważne w tym temacie!

- wpływ intensyfikacji rolnictwa, urbanizacji, industrializacji, rozwoju komunikacji i turystyki na różnorodność biologiczną

Człowiek od momentu pojawienia się na Ziemi rozpoczął eksploatację zasobów przyrody w celu pozyskania pożywienia i energii. Obecnie znaczna część powierzchni naszej planety jest terenem zagospodarowanym i ukształtowanym przez niego. Działania człowieka wpływające na różnorodność biologiczną noszą nazwę **czynników antropogenicznych**. Do czynników tych należą m.in. intensyfikacja rolnictwa, urbanizacja, industrializacja, rozwój komunikacji i rozwój turystyki.

Intensyfikacja rolnictwa

Intensyfikacja rolnictwa to proces maksymalizacji zysku z uprawy roślin i hodowli zwierząt przy jednoczesnej minimalizacji nakładów pracy ludzkiej. Proces ten jest możliwy m.in. dzięki stosowaniu środków chemicznych oraz wykorzystaniu wyspecjalizowanych maszyn, które pozwalają na automatyzację prac rolniczych. Intensyfikacja rolnictwa przyczynia się do spadku bioróżnorodności m.in. w wyniku:

- **stosowania nawozów sztucznych**, które spływają wraz z wodami gruntowymi do zbiorników wodnych i przyspieszają eutrofizację wód;
- **używania pestycydów**, czyli środków zwalczających organizmy szkodliwe i niepożądane z punktu widzenia uprawy roślin. Pestycydy zanieczyszczają środowisko oraz prowadzą do obumierania organizmów (m.in. roślin łąkowych i owadów zapylających);
- **wycinki zadrzewień śródpolnych**, które są siedliskiem życia wielu organizmów. Wpływa to m.in. na niszczenie korytarzy ekologicznych, umożliwiających migracje zwierząt i przepływ genów między lokalnymi populacjami;
- **stosowania monokultur**, co skutkuje wyjałowieniem gleby i spadkiem bioróżnorodności;
- **osuszania terenów podmokłych**, co przyczynia się do obniżania poziomu wód gruntowych i osuszania przyległych terenów.

Wymienione procesy mogą prowadzić do erozji i degradacji gleby. **Erozja gleby** to wymywanie przez wodę lub wywiewanie przez wiatr cząstek próchniczych, co wpływa na obniżenie zawartości składników mineralnych i organicznych gleby. Z kolei **degradacja gleby** to zmiana właściwości fizycznych, chemicznych i biologicznych gleby, powodująca jej trwałe zniszczenie lub obniżenie aktywności biologicznej.



Stosowanie oprysków zwiększa plony, ale wpływa niekorzystnie na lokalną bioróżnodność i może prowadzić do zniszczenia lokalnych sieci troficznych.



Maszyny rolnicze zbijają glebę, co skutkuje jej mniejszym napowietrzeniem, a w efekcie – słabszym wzrostem roślin.

Urbanizacja

Urbanizacja to proces rozwoju miast, który wywiera duży wpływ na bioróżnorodność. Urbanizacja prowadzi nie tylko do likwidacji naturalnych siedlisk roślin i zwierząt, lecz także do obniżenia poziomu wód gruntowych. Ponadto w mieście wytwarza się znaczną ilość energii cieplnej, co wpływa na powstanie mikroklimatu miejskiego. Konsekwencją urbanizacji jest również znaczne zanieczyszczenie środowiska, m.in. powietrza przez dymy z zakładów przemysłowych, a także wód i gleby przez ścieki miejskie.



Duże metropolie są nadmiernie oświetlone w nocy, co prowadzi do tzw. zanieczyszczenia świetlnego. U roślin może ono przyspieszać okres kwitnienia, a u zwierząt – zaburzać orientację w przestrzeni.

Industrializacja

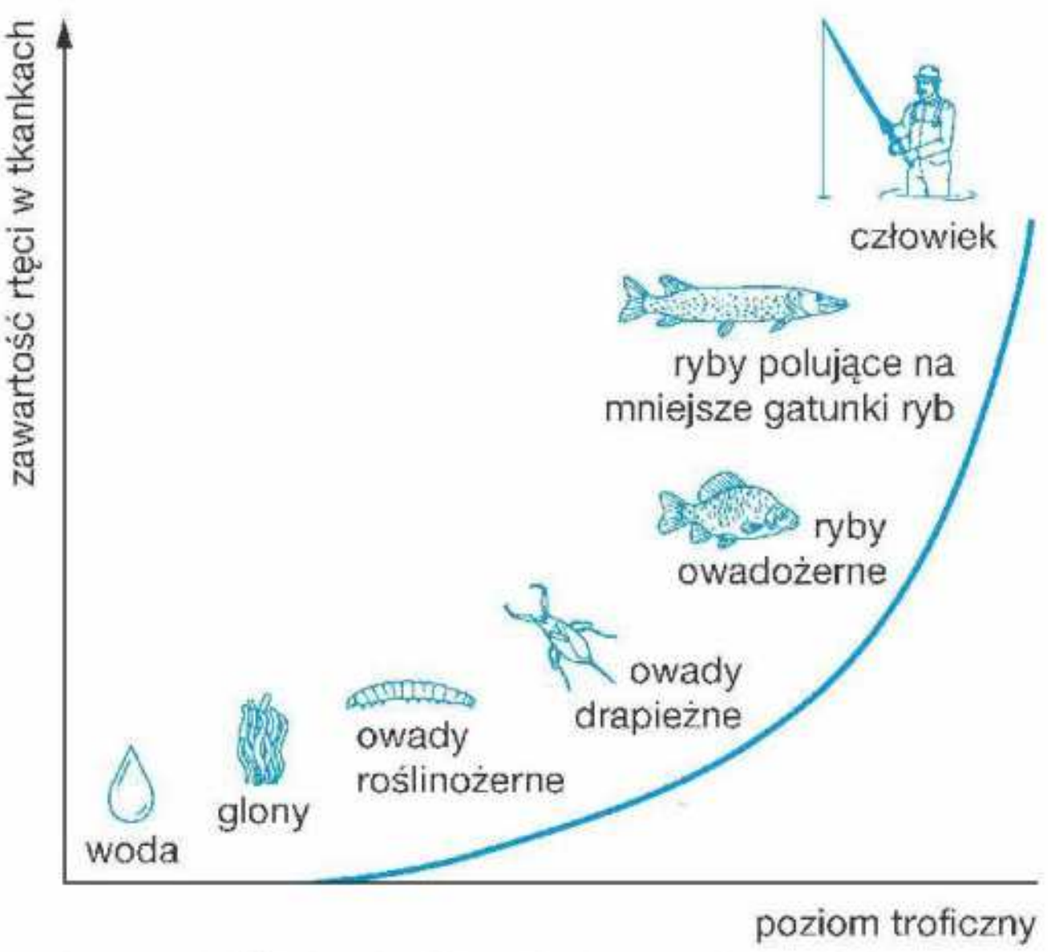
Industrializacja, czyli rozwój przemysłu, w dużym stopniu przyczynia się do spadku bioróżnorodności. Zanieczyszczenia uwalniane przez przemysł do atmosfery powodują skażenie powietrza i powstawanie niekorzystnych zjawisk, m.in. dziury ozonowej, kwaśnych opadów i smogu. Zanieczyszczenia wód ściekami przemysłowymi wpływają na gromadzenie się substancji toksycznych (np. metali ciężkich) w środowisku. Konsekwencją industrializacji mogą być nieodwracalne zniszczenia lokalnych ekosystemów.



Przemysł wydobywczy niszczy naturalne siedliska i generuje toksyczne odpady, które są składowane w hałdach. Szkodliwe substancje przenikają następnie do środowiska i powodują jego skażenie.

Kumulacja związków toksycznych w łańcuchach pokarmowych

Intensyfikacja rolnictwa i industrializacja prowadzą do zanieczyszczenia wód substancjami toksycznymi, m.in. metalami ciężkimi (np. rtęcią). Proces pobierania tych substancji przez organizmy można prześledzić na przykładzie lokalnych łańcuchów pokarmowych. Najpierw producenci pochłaniają wraz z wodą szkodliwe związki i odkładają je w swoich tkankach. Następnie konsumenci przyswajają toksyczne substancje wraz z pokarmem i kumulują je w swoich ciałach. W ten sposób stężenie niebezpiecznych związków wzrasta w kolejnych ogniwach łańcucha pokarmowego.



Zawartość rtęci w tkankach w zależności od zajmowanego poziomu troficznego.

Rozwój komunikacji

Budowa dróg i wycinanie zadrzewień śródpolnych uniemożliwiają migracje lokalnym populacjom, a tym samym – zaburzają przepływ genów między nimi. Intensywna komunikacja samochodowa przyczynia się do wzrostu zanieczyszczenia środowiska. Ponadto wpływa ona na większą śmiertelność zwierząt, które giną w wyniku kolizji z samochodami, gdy próbują przejść na drugą stronę drogi. Transport jest też źródłem hałasu, np. niskie dźwięki wydawane przez statki morskie mogą zakłócać funkcjonowanie organizmów wodnych (m.in. wielorybów, które komunikują się za pomocą dźwięków). Z kolei intensywny rozwój transportu lotniczego powoduje zanieczyszczenie powietrza.



Sztucznie tworzone korytarze ekologiczne umożliwiają przemieszczanie się zwierząt między wyspami środowiskowymi (np. fragmentami lasu po obu stronach drogi).

Rozwój turystyki

Rozwój turystyki prowadzi do niszczenia siedlisk. Często najbardziej wartościowe przyrodniczo tereny wykorzystuje się pod budowę hoteli i ośrodków wypoczynkowych. To z kolei – wskutek zużywania dużych ilości wody w celu utrzymania infrastruktury turystycznej – wpływa na wyczerpywanie lokalnych zasobów wodnych. Poza tym turystyka może przyczyniać się do niszczenia roślinności oraz do erozji gleby, np. w wyniku obozowania czy intensywnego eksploatowania szlaków turystycznych. Dużym problemem jest również niepokojenie zwierząt przez turystów – np. zakłócanie spokoju ptaków wodnych może prowadzić do opuszczania przez nie lęgów, co skutkuje zmniejszeniem ich sukcesu rozrodczego.



Intensywne korzystanie z plaż płoszy zwierzęta, które prowadzą wodno-lądowy tryb życia. Na przykład foki – ze względu na obecność turystów – nie mogą znaleźć miejsca do odpoczynku.

Ekologiczny odcisk stopy

Wielkość wpływu człowieka na planetę można oszacować dzięki pomiarowi ekologicznego odcisku stopy (śladu ekologicznego). Jest to wskaźnik ilości zużywanych zasobów Ziemi w porównaniu z możliwościami ich regeneracji. Wartość śladu ekologicznego podaje się w globalnych hektarach (gha), czyli hektarach lądu i wód potrzebnych do wytworzenia wykorzystywanych zasobów oraz przetworzenia wyprodukowanych śmieci. Aby zrekompensować obecny ślad ekologiczny, potrzeba ponad półtora powierzchni Ziemi.



Nadmierna eksploatacja zasobów przyrody

Wiele gatunków wyginęło lub jest zagrożonych wyginięciem na skutek **nadmiernej eksploatacji zasobów przyrody**, czyli pozyskiwania organizmów w tempie, które znacznie przekracza zdolność populacji do odbudowania swojej liczebności. Powody nadmiernej eksploatacji są związane z pozyskiwaniem zasobów przyrody do celów:

- **konsumpcyjnych**. Prowadzi to do ginięcia populacji wielu ptaków, ssaków i ryb na skutek zbyt intensywnego łowiectwa, wielorybnictwa oraz rybołówstwa;
- **użytkowych**. W związku ze zdobywaniem surowców, takich jak skóry, pierze i rogi, nastąpił spadek liczebności wielu zwierząt, np. nosorożców (napar z ich rogu był uznawany za środek leczniczy) czy waleni (pozyskiwano z nich cenny tłuszcz);
- **kolekcjonerskich**. Dotyczy to głównie roślin i zwierząt egzotycznych, które są przewożone do krajów, w których wykorzystuje się je m.in. do upraw, hodowli lub – w przypadku roślin – do celów dekoracyjnych. Kolekcjonerstwo zagraża wielu gatunkom storczyków (np. obuwikowi pospolitemu), papug (np. amazonce kubańskiej) i motyli (np. gatunkowi *Morpho rhetenor*);
- **budowlanych**. Dotyczy to przede wszystkim drzew, z których pozyskuje się drewno – cenny surowiec wykorzystywany m.in. w przemyśle i budownictwie.

Niszczenie siedlisk

Niszczenie siedlisk jest spowodowane m.in. pozyskiwaniem i przekształcaniem terenów przyrodniczych na potrzeby rolnictwa, przemysłu czy budownictwa. W wyniku tych działań często dochodzi do **wylesiania**, czyli wycinania lasów, które odgrywają ważną rolę w magazynowaniu wody w środowisku. Wskutek wylesiania lokalna gospodarka wodna zostaje zaburzona, co może prowadzić do suszy lub powodzi. Wylesianie przyspiesza też erozję gleby i jej wyjałowianie. Niszczenie siedlisk polega również na wprowadzaniu do środowiska substancji powodujących jego zanieczyszczenie. Substancje te stanowią poważne zagrożenie dla wielu organizmów – mogą doprowadzić do ich zatrucia, a nawet śmierci.

Zagrożeniem dla bioróżnorodności jest także **fragmentacja siedlisk.** Proces ten polega na podzieleniu dużego siedliska na kilka mniejszych, niekiedy znacznie od siebie oddalonych, np. w wyniku wycinania fragmentów lasów czy budowy dróg. Fragmentacja siedlisk prowadzi przede wszystkim do spadku różnorodności genetycznej, ponieważ populacje zamieszkujące oddzielone od siebie obszary nie mogą się krzyżować. Mniejsza różnorodność genetyczna populacji sprawia, że pojawienie się w jej otoczeniu zanieczyszczenia lub czynnika chorobotwórczego może doprowadzić do jej wymarcia. Fragmentacja siedlisk nie sprzyja też drapieżnikom, gdyż zmniejsza obszar terytoriów, na których pozyskują pożywienie.



Masowe połowy wieloryba biskajskiego sprawiły, że liczebność tego gatunku spadła do ok. 300 osobników. W efekcie wieloryb biskajski jest krytycznie zagrożony wyginięciem



Wycinanie lasów tropikalnych pod uprawę palm olejowych jest przykładem wylesiania, które stanowi poważne zagrożenie dla bioróżnorodności.

Introdukcja

Introdukcja gatunku to wprowadzenie na dany teren gatunku obcego, który wcześniej tam nie występował. Jeżeli obcy gatunek stanowi zagrożenie dla rodzimych gatunków, to jest on nazywany **gatunkiem inwazyjnym**. Introdukcja gatunku może być działaniem przypadkowym – tzw. **zawlekaniem gatunku** – lub celowym. Spośród gatunków inwazyjnych największe zagrożenie stanowią te, które nie mają naturalnych wrogów, a ponadto odznaczają się szerokim zakresem tolerancji na wiele czynników środowiska (eurybionty) oraz dużą zdolnością rozprzestrzeniania się. Szczególnie wrażliwe na introdukcję są ekosystemy występujące na małych, izolowanych wyspach oceanicznych. Bytujące tam gatunki ewoluowały w warunkach braku lub niewielkiej liczby konkurentów, drapieżników, roślinożerców czy pasożytów, co spowodowało, że nie wykształciły one mechanizmów skutecznej ochrony w razie pojawienia się nowego gatunku. Na przykład biocenozy wielu wysp pacyficznych zostały zniszczone przez kolonistów brytyjskich, którzy sprowadzili na te tereny zwierzęta domowe (m.in. psy i koty).

Przykłady introdukowanych gatunków

Introdukcja jest procesem wynikającym z działalności człowieka, a jej przykłady można odnaleźć na całej kuli ziemskiej.



Wizon amerykański

Wizon amerykański, zwany dawniej norką amerykańską, został sprowadzony do Europy jako zwierzę futerkowe. Wizon, w wyniku częstych ucieczek z ferm, szybko rozprzestrzenił się na terenie Polski. Jest on eurybiontem, który wypiera rodzimą norkę europejską. Ponadto wizon jest sprawnym drapieżnikiem, zagrażającym licznym gatunkom gryzoni i ptaków wodnych.



Barszcz Sosnowskiego

Barszcz Sosnowskiego uprawiano niegdyś jako roślinę pastewną. Mimo zaniechania upraw barszcz bardzo szybko rozprzestrzenił się i wyparł z naturalnych siedlisk wiele gatunków roślin rodzimych. Barszcz Sosnowskiego jest gatunkiem trudnym do zwalczenia, ponieważ jego sok pod wpływem działania promieni słonecznych wywołuje poparzenia skóry.



Okoń nilowy

Drapieżny okoń nilowy po introdukcji do Jeziora Wiktorii rozmnażał się w sposób niekontrolowany, co w krótkim czasie spowodowało drastyczny spadek liczby gatunków bytujących w tym zbiorniku. To z kolei doprowadziło do gwałtownego rozwoju roślin wodnych, silnego zmętnienia wody i utworzenia się rozległych obszarów beztlenowych. Skutkiem introdukcji okonia nilowego było wyginięcie ok. 200 gatunków ryb, m.in. endemicznych pielęgnic.

Zmiany klimatyczne

Intensywny rozwój przemysłu i niszczenie ekosystemów leśnych powodują znaczny wzrost stężenia **gazów cieplarnianych** (głównie dwutlenku węgla i metanu) w atmosferze. Szacuje się, że w ciągu ostatnich 100 lat zawartość tych gazów w atmosferze wzrosła o 20%, co spowodowało nasilenie **efektu cieplarnianego**. Efekt ten jest naturalnym procesem umożliwiającym istnienie życia na Ziemi przez zatrzymywanie ciepła blisko jej powierzchni. Jego nasilenie prowadzi do **globalnego ocieplenia klimatu**, którego skutkami są:

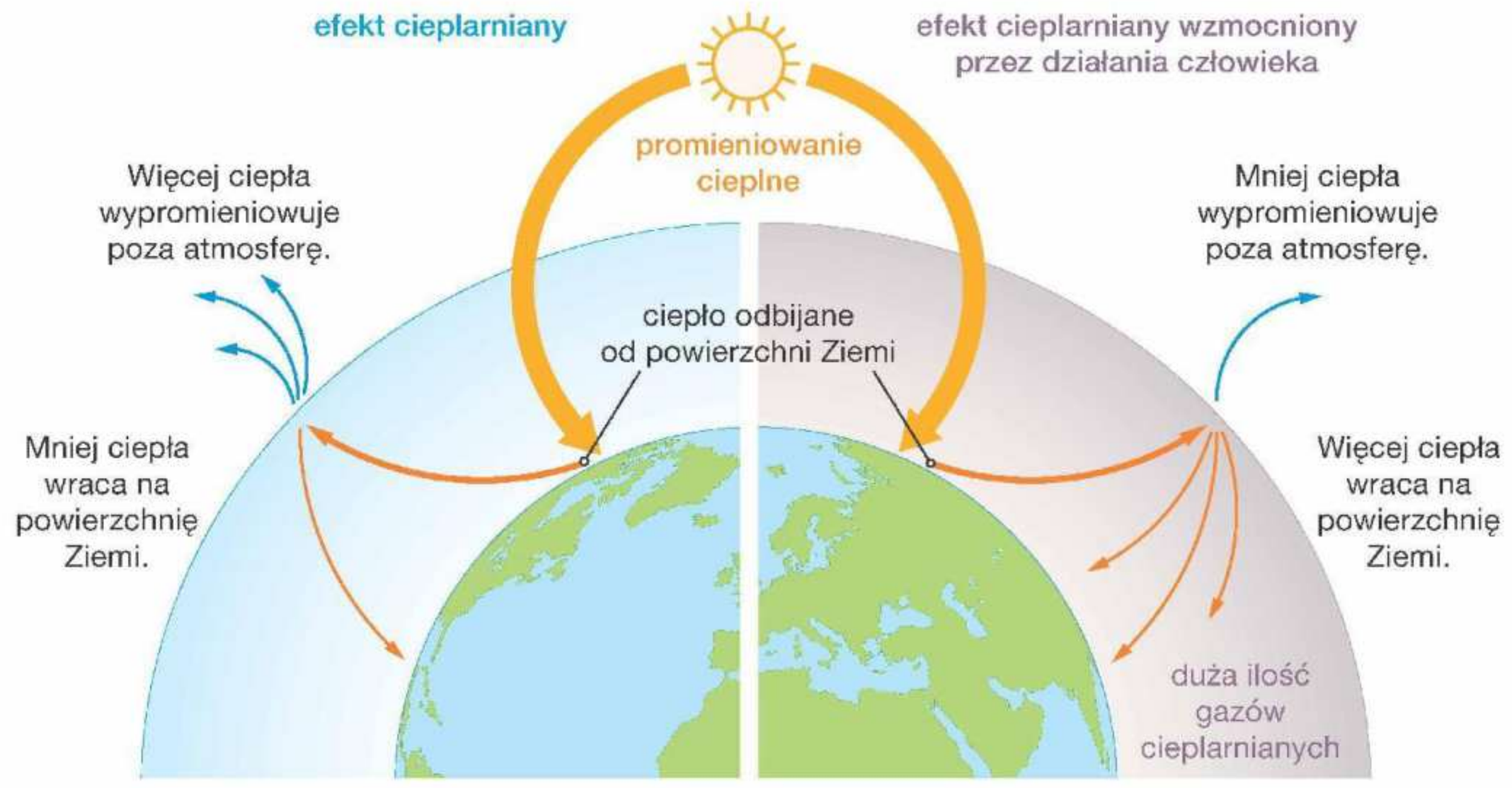
- zmiany układu stref klimatycznych,
- zaburzenia krążenia mas powietrza,
- topnienie lodowców.

Ocieplenie klimatu pociąga za sobą następujące konsekwencje:

- zwiększanie się powierzchni terenów pustynnych, na których nie można uprawiać roślin;
- zwiększanie się częstotliwości występowania gwałtownych zjawisk pogodowych, np. huraganów;
- podnoszenie się poziomu mórz i oceanów oraz związane z tym zatapianie części lądów;
- rozprzestrzenianie się chorób tropikalnych, które mogą zacząć występować w strefach klimatu umiarkowanego (np. malaria);
- zmuszenie organizmów do migracji w poszukiwaniu miejsc o optymalnej temperaturze lub do adaptacji do życia w zmienionych warunkach. Organizmom, które nie będą w stanie się dostosować, grozi wymarcie.



Zmiany klimatu zachodzą tak szybko, że wiele organizmów nie ma czasu na przystosowanie się do nowych warunków. Może to doprowadzić do wyginięcia niektórych gatunków. Przykładem są niedźwiedzie polarne, które wchodzą na lód morski, by polować na foki.



Zmiany klimatyczne to skutek nasilenia efektu cieplarnianego. Główną przyczyną tego procesu jest zwiększona emisja gazów cieplarnianych, takich jak dwutlenek węgla (CO_2) i metan (CH_4). Zwiększona zawartość tych gazów w atmosferze powoduje, że mniej ciepła wypromieniowuje poza atmosferę i, w konsekwencji, więcej ciepła wraca na powierzchnię Ziemi. Prowadzi to do wzrostu średniej temperatury Ziemi.

Kwaśne opady

W naturalnych warunkach pH opadu atmosferycznego wynosi ok. 5,6–6,5. Jednak w większości krajów uprzemysłowionych występują opady o znacznie niższym pH – określa się je mianem **kwaśnych opadów**. Zwiększenie kwasowości opadu atmosferycznego jest zazwyczaj spowodowane obecnością mocnych kwasów nieorganicznych, wśród których największy udział mają **kwas azotowy(V)** oraz **kwas siarkowy(VI)**. Powstają one wskutek reakcji tlenków azotu i tlenków siarki z obecną w atmosferze parą wodną. Wyjątkowo wrażliwe na występowanie kwaśnych opadów są rośliny iglaste, u których dochodzi przede wszystkim do uszkodzenia liści. W rezultacie rośliny zamierają lub stają się podatne na wpływy niekorzystnych czynników środowiska. Kwaśne opady przedostają się również do gleby i wód gruntowych. Wskutek działania mocnych kwasów na sole metali ciężkich do roztworu glebowego uwalniane są jony metali ciężkich. Konsekwencją tego procesu jest zmniejszenie bioróżnorodności, degradacja wód i gleby oraz skażenie żywności metalami ciężkimi, głównie kadmem, ołowiem i rtęcią. Następnie metale te odkładają się w tkankach organizmów.

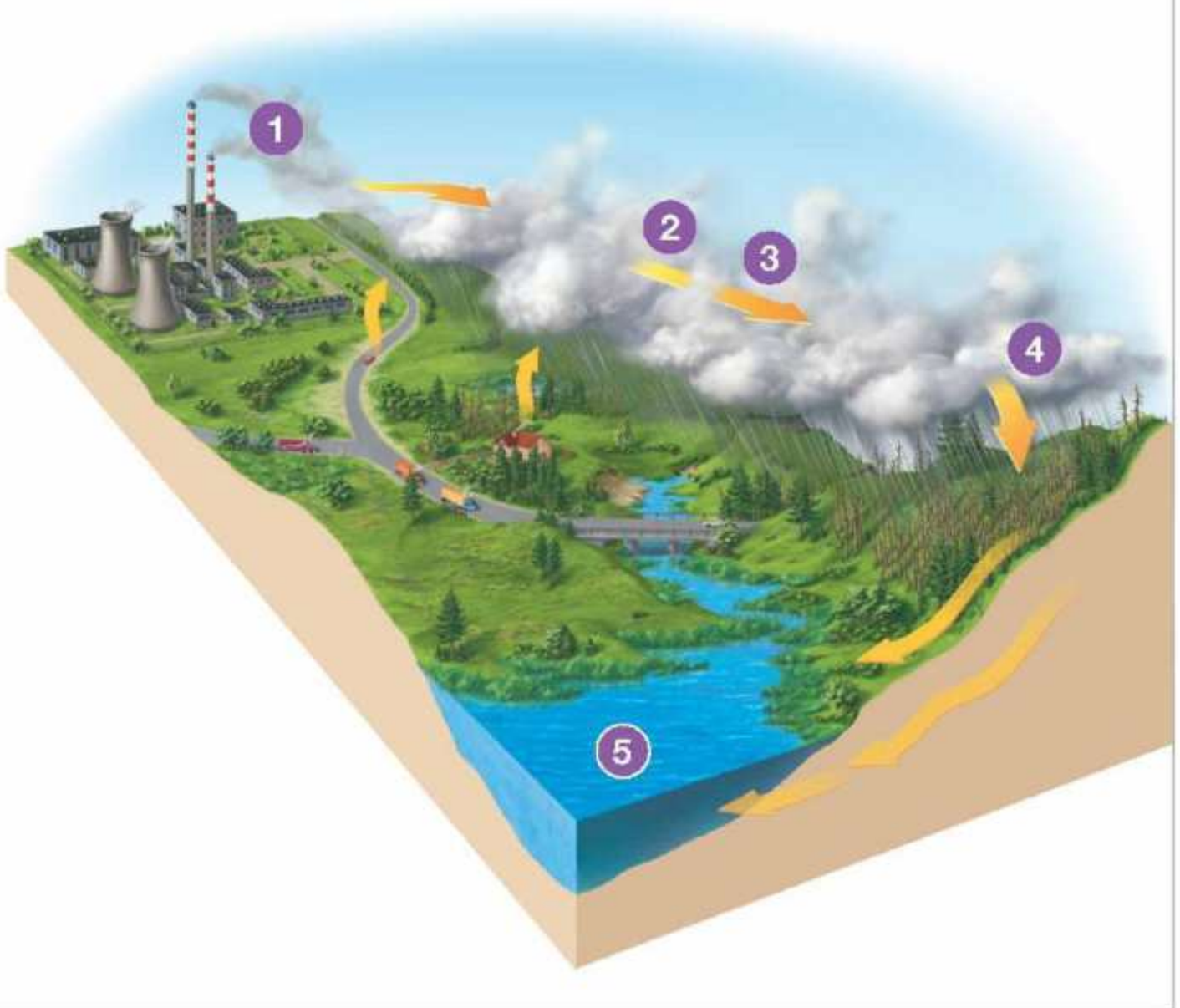


Obumieranie lasów w Europie i Ameryce Północnej wynika przede wszystkim z występowania na tych terenach kwaśnych opadów atmosferycznych.

Etapy powstawania kwaśnych opadów

Proces powstawania kwaśnych opadów jest spowodowany emisją zanieczyszczeń związanych z działalnością człowieka. Proces ten składa się z kilku etapów.

1. Tlenki siarki i tlenki azotu przedostają się do atmosfery wskutek spalania paliw kopalnych i produkcji przemysłowej.
2. Szkodliwe gazy są przenoszone wraz z masami powietrza na duże odległości.
3. Tlenki siarki i tlenki azotu reagują z parą wodną zawartą w atmosferze, tworząc mocne kwasy, m.in. kwas azotowy(V) oraz kwas siarkowy(VI).
4. Wraz z opadami kwasy przedostają się do gleby i wód, powodując ich zakwaszenie.
5. Zakwaszona woda jest pobierana przez organizmy i wywiera na nie negatywny wpływ. Może prowadzić nawet do ich śmierci.



Smog

Smog to nienaturalne zjawisko atmosferyczne, które polega na zaleganiu nad danym obszarem mas powietrza zawierających zanieczyszczenia gazowe i cząstki pyłu. Smog tworzy się na terenach dużych aglomeracji miejskich, gdzie ciepłe i lekkie powietrze zalega nad powietrzem chłodnym i ciężkim – w ten sposób chłodne powietrze nie może przedostać się do góry. Skutkuje to zatrzymywaniem się części zanieczyszczeń w nisko położonych masach powietrza. Wyróżnia się dwa rodzaje smogu:

- smog kwaśny (typu londyńskiego),
- smog fotochemiczny (typu Los Angeles).



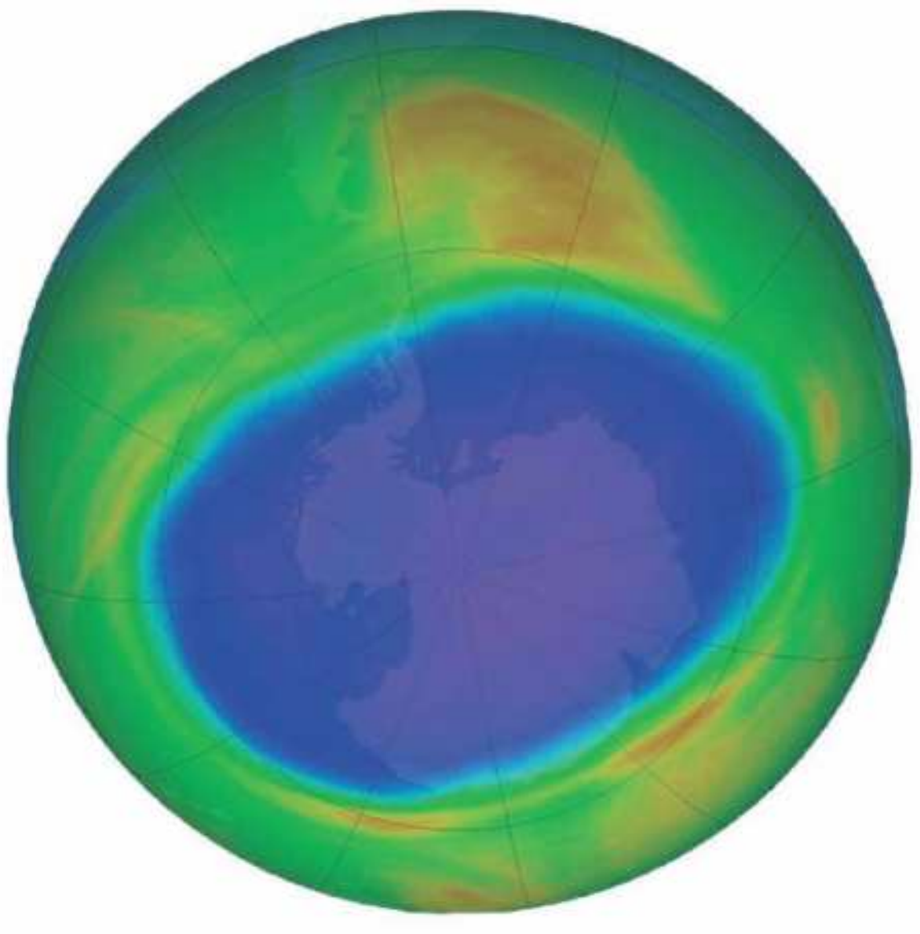
Smog tworzy nad miastem gęstą mgłę zawierającą m.in. cząstki pyłów, gazy i drobne krople kwasów. Stanowi mieszaninę trujących substancji, których wdychanie może powodować poważne zaburzenia oddechowe.

Porównanie smogu kwaśnego ze smogiem fotochemicznym

Porównywana cecha	Smog kwaśny	Smog fotochemiczny
Czynniki sprzyjające powstawaniu smogu	spalanie węgla w kotłach węglowych	duża ilość spalin samochodowych w powietrzu
Dominujące zanieczyszczenia powietrza	tlenki: siarki, azotu, węgla, cząstki pyłu i sadzy	tlenki azotu, węglowodory, tlenki węgla
Względna wilgotność powietrza	ponad 80%	poniżej 70%
Strefa klimatyczna sprzyjająca występowaniu tego typu smogu	strefa klimatu umiarkowanego	strefa podzwrotnikowa
Skutki	• duże zapylenie i zakwaszenie powietrza • u ludzi: zaburzenia oddychania, a nawet zgony	• powstawanie toksycznych zanieczyszczeń wtórnych, m.in. ozonu • u ludzi: podrażnienie błon śluzowych

Dziura ozonowa

Niszczenie warstwy ozonowej wynika m.in. z uwalniania do atmosfery freonów, które dawniej stosowano w lodówkach i aerozolach. Pod wpływem promieniowania UV freony się rozpadają, uwalniając przy tym rodniki chloru katalizujące rozkład ozonu. Skutkiem jest przenikanie do atmosfery promieniowania UVC i UVB, które powoduje mutacje, zwiększone ryzyko zachorowania na raka skóry i uszkodzenie roślin (co obniża produkcję pierwotną ekosystemów).



Wielkość dziury ozonowej (obszary oznaczone kolorami niebieskim i fioletowym) nad biegunem południowym we wrześniu 2020 r.

Zmiany klimatu – fakty i mity

Zmiany klimatyczne budzą dużo kontrowersji. Wiele źródeł podaje niesprawdzone wiadomości, które szybko rozprzestrzeniają się w mediach. A jak jest naprawdę? Poznaj fakty i mity na temat globalnego ocieplenia.
W poniższej tabeli podano fakty i mity na temat globalnego ocieplenia.



W efekcie globalnego ocieplenia szybciej topnieją lodowce.

Przykłady faktów i mitów na temat zmiany klimatu

Mity		Fakty	
✗	Wulkany emitują więcej dwutlenku węgla, niż dzieje się to wskutek działalności człowieka.	✓	Badania emisyjności wulkanów wskazują, że wskutek aktywności wulkanów powstaje tyle samo CO_2, ile wynosi 1% emisji pochodzącej z działalności człowieka
✗	Mamy lato, a od kilku dni jest naprawdę zimno, więc globalne ocieplenie to bzdura.	✓	Nie należy mylić klimatu z pogodą. W lecie może pojawić się fala zimnego powietrza, ale ogólny trend dla planety wykazuje ocieplenie klimatu.
✗	Bardzo wielu naukowców wątpi w globalne ocieplenie. Twierdzą oni ponadto, że jest to proces naturalny, niespowodowany działalnością człowieka.	✓	Społeczność naukowa jest zgodna co do tego, że globalne ocieplenie wynika z działalności ludzi. Opinie naukowców mogą różnić się w szczegółach, niemniej badacze zgadzają się, że tempo tego procesu nie jest naturalne.

Polecenia kontrolne

1. Które działania człowieka uważasz za największe zagrożenie dla bioróżnorodności? Uzasadnij swój wybór.
2. Zaproponuj sposób prowadzenia gospodarki rolnej, który pozwoliłby na zminimalizowanie negatywnego wpływu współczesnego rolnictwa na przyrodę.
3. Oceń wpływ nadmiernej eksploatacji zasobów przyrody na ekosystemy.
4. Podaj po trzy przykłady działań człowieka, które powodują:
   a. niszczenie siedlisk,
   b. zanieczyszczenie środowiska,
   c. zmiany klimatu,
   d. kwaśne opady.
5. Wyjaśnij różnicę między introdukcją a zawleczeniem.
6. Omów wpływ ocieplenia klimatu na bioróżnorodność.
7. Porównaj wpływ kwaśnych opadów na ekosystemy wodne i ekosystemy lądowe.
8. Wymień przykłady trzech chorób, które może spowodować długotrwały wpływ smogu na organizm człowieka.

6.9. Ochrona różnorodności biologicznej

Ważne w tym temacie!

- formy ochrony przyrody w Polsce
- znaczenie restytucji i reintrodukcji dla podtrzymania różnorodności biologicznej
- przykłady restytuowanych gatunków
- znaczenie współpracy międzynarodowej dla ochrony bioróżnorodności
- znaczenie zrównoważonego rozwoju

Środowisko naturalne stanowi dla człowieka źródło niezbędnych do życia zasobów: tlenu, wody, żywności, a także surowców do produkcji odzieży, domów i paliw. W ostatnich dwóch wiekach – w związku ze znaczną liczbą ginących gatunków – nasiliły się działania człowieka w zakresie ochrony środowiska i ochrony przyrody. Działania te polegają z jednej strony na przywracaniu siedlisk do stanu naturalnego, m.in. przez tworzenie na całym świecie obszarów chronionych (np. rezerwatów, parków narodowych, parków krajobrazowych), z drugiej zaś – na ochronie gatunków szczególnie zagrożonych wyginięciem.

Ochrona środowiska a ochrona przyrody

Ochrona środowiska to nauka o zmianach zachodzących w środowisku przyrodniczym pod wpływem działalności człowieka oraz o sposobach zapobiegania skutkom działalności człowieka lub łagodzenia tych skutków.

Ochrona środowiska zajmuje się m.in.:

- przeciwdziałaniem zanieczyszczaniu środowiska (np. przez budowę oczyszczalni ścieków i odpowiedzialną gospodarkę odpadami),
- utrzymaniem elementów przyrodniczych w stanie niezmienionym lub przywracaniem ich do stanu występującego w naturze (np. przez zalesianie terenów poprzemysłowych).

Z kolei przez **ochronę przyrody** rozumie się działania mające na celu zachowanie, właściwe wykorzystanie oraz odnawianie zasobów przyrody ożywionej i nieożywionej. Ochrona przyrody dotyczy:

- gatunków zagrożonych wyginięciem, rzadkich i chronionych,
- siedlisk gatunków zagrożonych i chronionych,
- przyrody nieożywionej (np. zbiorników wodnych, jaskiń).

Dzięki ochronie środowiska i ochronie przyrody możliwe jest utrzymanie stabilnych ekosystemów oraz zachowanie bioróżnorodności.



Działania na rzecz ochrony środowiska obejmują m.in. segregowanie odpadów i ich recykling, dzięki czemu nie zanieczyszczają one powietrza, gleby i wód.



Działania na rzecz ochrony przyrody mają na celu zapobieganie wymieraniu zagrożonych gatunków, np. biegusa łyżkodziobego.

Formy ochrony przyrody w Polsce

W zależności od stopnia ingerencji człowieka w ekosystem ochronę przyrody dzieli się na ochronę **bierną** i **czynną**.

Ze względu na obiekt obejmowany ochroną wyróżnia się:

- **ochronę obszarową**, którą obejmuje się tereny szczególnie cenne pod względem przyrodniczym, krajobrazowym lub kulturowym,
- **ochronę gatunkową**, którą obejmuje się gatunki rzadkie lub zagrożone wyginięciem,
- **ochronę indywidualną**, którą obejmuje się niewielkie elementy przyrody, np. pojedyncze osobniki, obiekty przyrody nieożywionej albo małe fragmenty ekosystemów.

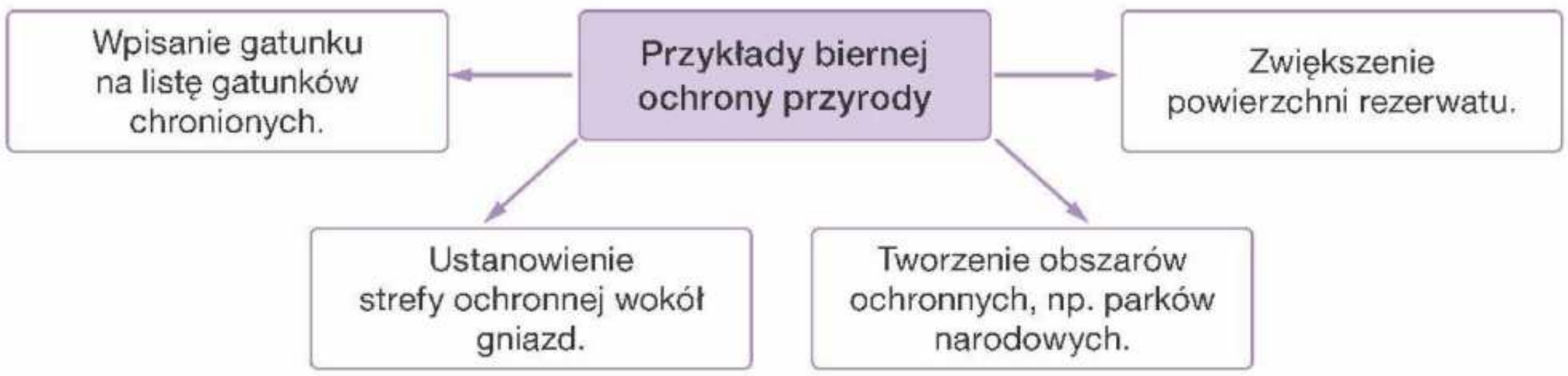


Przykładem ochrony czynnej jest rezerwat przyrody „Beka". Utworzono go w celu ochrony łąk porośniętych halofitami – roślinami występującymi na zasolonych glebach. Warunkiem zachowania tego siedliska jest zapobieganie sukcesji ekologicznej, m.in. przez koszenie traw oraz wypas koni i bydła.

Czym się różni bierna ochrona przyrody od czynnej ochrony przyrody?

Bierna ochrona przyrody

Bierna ochrona przyrody polega na zabezpieczeniu terenu i nieingerowaniu w procesy przyrodnicze.



Czynna ochrona przyrody

Czynna ochrona przyrody polega na stosowaniu specjalnych zabiegów ochronnych w celu ochrony ekosystemu lub gatunku.



Formy ochrony obszarowej w Polsce

Najważniejszymi formami ochrony obszarowej w Polsce są parki narodowe, rezerwaty przyrody, parki krajobrazowe i obszary chronionego krajobrazu.



Parki narodowe

Parki narodowe to obszary o powierzchni co najmniej 1000 ha (10 km^2), na których środowisko jest zachowane w stanie niezmienionym lub mało zmienionym przez człowieka. Są one otoczone tzw. **otuliną**, która stanowi strefę przejściową między terenami chronionymi a terenami zagospodarowanymi. W parkach narodowych znajdują się obszary objęte **ochroną ścisłą**, na których obowiązuje zakaz ingerencji człowieka w ekosystem. Na pozostałych obszarach dopuszcza się m.in. działania ochronne.

W Polsce istnieją 23 parki narodowe. Łącznie zajmują one obszar ponad 3000 km^2, co stanowi ok. 1% powierzchni kraju.

Rezerwaty przyrody

Rezerwaty przyrody to obszary mniejsze od parków narodowych. Tworzy się je w celu ochrony naturalnych lub mało zmienionych ekosystemów, siedlisk gatunków zagrożonych wyginięciem lub cennych elementów przyrody nieożywionej (np. jaskiń). Całość rezerwatu lub jego część może być objęta ochroną ścisłą.

„Niedźwiedzie Wielkie" to rezerwat utworzony m.in. dla ochrony rzadkich gatunków roślin, takich jak lilia złotogłów.



Parki krajobrazowe

Parki krajobrazowe to obszary o cennych walorach przyrodniczych, krajobrazowych, kulturowych lub historycznych. Możliwa jest w nich działalność gospodarcza, np. wyrąb drzew, jeżeli nie wpływa ona znacząco na ekosystem. Parki krajobrazowe pełnią też funkcję rekreacyjną.

W Parku Krajobrazowym Orlich Gniazd ochroną są objęte pozostałości zamków oraz niezwykły krajobraz wapiennych skał Jury Krakowsko-Częstochowskiej.



Obszary chronionego krajobrazu

Obszary chronionego krajobrazu to tereny wyróżniające się krajobrazowo – są one korytarzami ekologicznymi lub ich ekosystemy są bardzo zróżnicowane. Obszary te są przeznaczone do wypoczynku i rekreacji.

Obszar Chronionego Krajobrazu Doliny Drwęcy został utworzony m.in. w celu ochrony terenów stanowiących korytarz ekologiczny o znaczeniu krajowym.



Ochrona gatunkowa

W Polsce ochroną gatunkową obejmuje się rzadkie lub zagrożone wyginięciem gatunki roślin, zwierząt i grzybów. W ramach tego typu ochrony obowiązują liczne zakazy, m.in.:

- zakaz zabijania i okaleczania przedstawicieli chronionych gatunków,
- zakaz hodowli, sprzedaży i posiadania przedstawicieli chronionych gatunków,
- zakaz chwytania i płoszenia chronionych zwierząt oraz zrywania chronionych roślin i grzybów,
- zakaz niszczenia siedlisk chronionych gatunków,
- zakaz wywożenia z kraju przedstawicieli chronionych gatunków.

Chronione gatunki mogą być objęte ochroną ścisłą lub częściową. **Ścisła ochrona gatunkowa** oznacza, że wszelkie zakazy dotyczące danego gatunku obowiązują na obszarze całego kraju przez cały rok. Przykładem gatunków ściśle chronionych są kukułka bałtycka i kozica tatrzańska. **Ochrona częściowa** dopuszcza gospodarcze wykorzystanie chronionych gatunków w określony przepisami sposób. Przykładem gatunku częściowo chronionego są ślimaki winniczki – jeśli ich muszle są większe niż 30 mm, to od 20 kwietnia do końca maja można zbierać te zwierzęta w celach konsumpcyjnych. Ochroną częściową objęte są też liczne gatunki kręgowców, m.in. padalce zwyczajne, sroki i bobry europejskie.

Restytucja i reintrodukcja

Restytucja i reintrodukcja to przykłady czynnej ochrony gatunków zagrożonych wyginięciem.

- **Restytucją** nazywa się wszelkie działania mające na celu odtworzenie właściwej liczebności populacji chronionego gatunku. Restytucję zwierząt prowadzi się m.in. w specjalnych rezerwatach, w których hoduje się osobniki danego gatunku. Osobniki urodzone w hodowli wypuszcza się na wolność, aby mogły zasilić rodzime populacje.
- **Reintrodukcja** to powtórne wprowadzenie osobników chronionego gatunku na tereny, na których gatunek ten już wyginął. Reintrodukowane osobniki mogą pochodzić z hodowli prowadzonych w ramach restytucji lub z populacji żyjących na innych terenach.



Restytucja żubra europejskiego jest prowadzona od 1929 r. Początkowo stado hodowlane liczyło kilkanaście sztuk. Obecnie na wolności żyje ponad 2000 osobników.



W celu restytucji szarytki morskiej, zwanej dawniej foką szarą, w fokarium w Helu założono specjalną hodowlę. Odhodowane przez matki młode foki są uwalniane do wód Bałtyku.



Suseł moręgowany prawdopodobnie wyginął w Polsce pod koniec XX w. Obecnie trwają prace nad reintrodukcją tego gatunku na terenie naszego kraju.

Formy ochrony indywidualnej w Polsce

Wśród form ochrony indywidualnej wyróżnia się: pomniki przyrody, stanowiska dokumentacyjne, użytki ekologiczne i zespoły przyrodniczo-krajobrazowe.

Pomniki przyrody

Pomniki przyrody to pojedyncze twory przyrody ożywionej lub nieożywionej, które są szczególnie cenne pod względem przyrodniczym, naukowym, kulturowym, historycznym lub krajobrazowym. Należą do nich m.in. drzewa, wodospady, jaskinie czy głazy narzutowe.



Pomnikami przyrody mogą być np. skupiska tworów przyrody ożywionej lub nieożywionej, w tym aleje drzew, takie jak aleja lipowa w Osłoninie.

Stanowiska dokumentacyjne

Stanowiska dokumentacyjne to niewielkie obszary ważne pod względem naukowym i dydaktycznym, np. cenne formacje skalne czy skamieniałości.



Stanowisko dokumentacyjne Lessy Winnej Góry obejmuje obszar ścian lessowych położonych w dawnym wyrobisku na terenie Wzgórz Trzebnickich.

Użytki ekologiczne

Użytki ekologiczne to niewielkie pozostałości ekosystemów, które są ważne dla zachowania różnorodności biologicznej, np. zadrzewienia śródpolne, oczka wodne, bagna, łąki czy wydmy.



Wësków Bagna [wym. wesków bagna] to użytek ekologiczny, który został utworzony na terenie Wdzydzkiego Parku Krajobrazowego w celu ochrony śródleśnego oczka wodnego.

Zespoły przyrodniczo-krajobrazowe

Zespoły przyrodniczo-krajobrazowe to fragmenty krajobrazu naturalnego i kulturowego, które są chronione ze względu na walory estetyczne lub widokowe, np. fragmenty dolin rzecznych czy pozostałości dawnych parków przypałacowych.



Zespół Przyrodniczo-Krajobrazowy „Dolina Grabi" utworzono w celu ochrony malowniczych terenów wokół koryta rzeki Grabi.

Znaczenie międzynarodowej współpracy na rzecz ochrony przyrody

Wiele zagrożonych wyginięciem gatunków ma swoje siedliska w różnych krajach, np. pewne gatunki polskich ptaków lęgowych podejmują jesienią wędrówkę na zimowiska, podczas której przekraczają granice wielu państw. Z tego powodu w zakresie ochrony przyrody konieczna jest współpraca międzynarodowa.



Bocian czarny to gatunek objęty w Polsce ścisłą ochroną gatunkową. Niestety w wielu krajach strzelanie do tych ptaków jest legalne. Dlatego międzynarodowa współpraca jest niezbędna dla skutecznej ochrony bocianów czarnych.

Konwencja o różnorodności biologicznej i *Agenda 21*

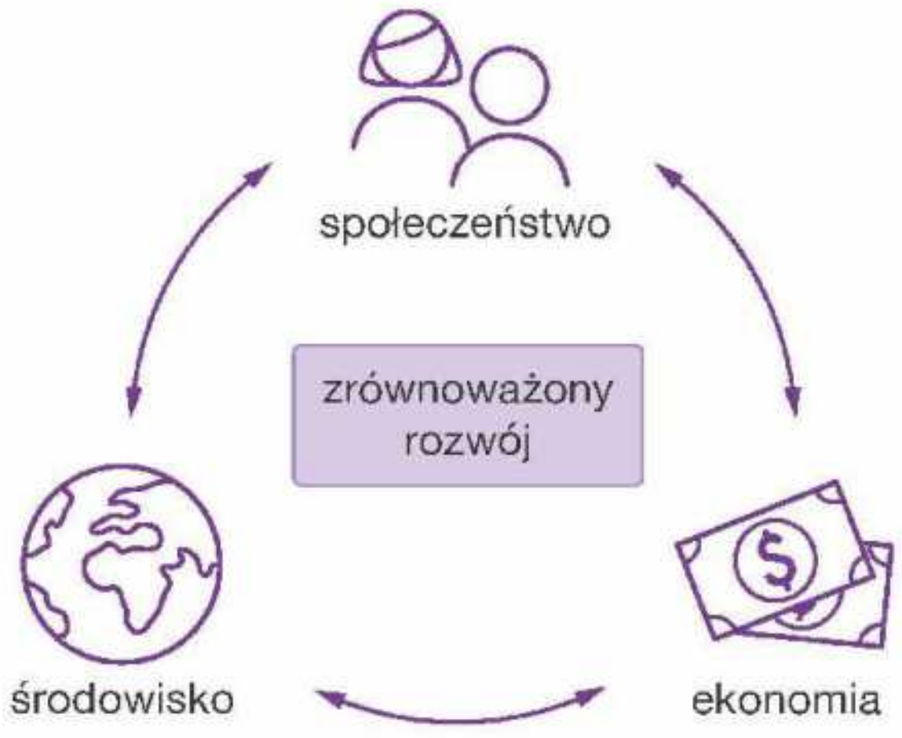
W 1992 r. w Rio de Janeiro odbyła się międzynarodowa Konferencja Narodów Zjednoczonych „Środowisko i Rozwój", zwana Szczytem Ziemi. Wzięli w niej udział m.in. przedstawiciele rządów 172 państw, w tym Polski. Efektem konferencji są m.in. dwa akty prawne:

- ***Konwencja o różnorodności biologicznej***, która dotyczy ochrony, zrównoważonego wykorzystania oraz pomnażania zasobów bioróżnorodności na każdym jej poziomie: genetycznym, gatunkowym i ekosystemowym. Konwencja ta zobowiązuje poszczególne kraje do wypracowania strategii ochrony i zrównoważonego użytkowania różnorodności biologicznej;
- ***Agenda 21***, która zawiera globalny plan ratowania środowiska za pomocą zasad **zrównoważonego rozwoju**. W dokumencie tym znajdują się m.in. rozdziały poświęcone zrównoważonemu rozwojowi miast i wsi, ochronie atmosfery i wód, zrównoważonemu korzystaniu z zasobów naturalnych, a także gospodarowaniu odpadami.



Zrównoważony rozwój

Zrównoważony rozwój to taki rodzaj rozwoju, który pozwala na zaspokajanie aktualnych potrzeb ludzi w sposób, który nie utrudni przyszłym pokoleniom zaspokajania ich potrzeb. Zrównoważony rozwój jest więc drogą do osiągnięcia równowagi między wzrostem gospodarczym, jakością życia człowieka a ochroną środowiska przed degradacją. Elementami strategii zrównoważonego rozwoju są m.in. spowolnienie tempa zużycia zasobów naturalnych, korzystanie z odnawialnych źródeł energii oraz zminimalizowanie niszczącego wpływu człowieka na środowisko.



Konwencja waszyngtońska

Konwencja waszyngtońska, znana także jako konwencja CITES (ang. *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora*), to międzynarodowa umowa sporządzona w 1973 r. w Waszyngtonie. Konwencja CITES wprowadza ograniczenia w handlu żywymi lub martwymi okazami zagrożonych wyginięciem gatunków roślin i zwierząt oraz wytworzonymi z nich produktami, np. wyrobami z kości, skóry czy zębów. Obecnie konwencję podpisało ponad 180 państw.



Konwencja waszyngtońska w znacznym stopniu ograniczyła zabijanie słoni i handel ich ciosami, wykorzystywanymi jako surowiec do wytwarzania ozdób i biżuterii (tzw. kość słoniowa).

Program „Człowiek i Biosfera"

Program „Człowiek i Biosfera" został zainicjowany przez UNESCO (Organizację Narodów Zjednoczonych do spraw Oświaty, Nauki i Kultury) w 1971 r. Zakłada on tworzenie zrównoważonych relacji między ludźmi a biosferą, czyli między rozwojem gospodarczym i kulturowym społeczeństw a ochroną bioróżnorodności. W ramach tego programu tworzona jest **sieć rezerwatów biosfery**, które mają na celu:

- ochronę krajobrazów, ekosystemów, a także zróżnicowania gatunkowego i genetycznego,
- sprzyjanie zrównoważonym formom rozwoju gospodarczego i kulturowego,
- edukację ekologiczną i wspieranie badań naukowych.

W Polsce w 2021 r. istniało 11 rezerwatów biosfery, w tym 5 rezerwatów transgranicznych, które obejmują także obszary poza terytorium Polski.

Natura 2000

Europejska Sieć Ekologiczna Natura 2000 to międzynarodowy program prowadzony w Unii Europejskiej. Ma on na celu ochronę cennych przyrodniczo obszarów i połączenie ich w sieć korytarzami ekologicznymi. W ramach programu Natura 2000 ochroną obejmuje się dwa rodzaje obszarów:

- **obszary specjalnej ochrony ptaków**, czyli obszary występowania dzikich populacji ptaków, zwłaszcza ptaków wędrownych,
- **specjalne obszary ochrony siedlisk**, czyli obszary stanowiące cenne pod względem przyrodniczym siedliska, np. siedliska zanikające czy siedliska gatunków chronionych.

Obecnie w Polsce obszary Natura 2000 zajmują ok. 20% powierzchni kraju. Są to ekosystemy zarówno lądowe, jak i wodne.



Transgraniczny Rezerwat Biosfery „Roztocze" tworzą obszary położone na terenie dwóch państw: Polski i Ukrainy.



W ramach sieci Natura 2000 utworzono obszar specjalnej ochrony ptaków „Ujście Wisły", który chroni m.in. sieweczki obrożne.

Rośliny w leczeniu nowotworów

Biologia w **medycynie**

Jednym z powodów ochrony roślin przed wyginięciem jest możliwość zastosowania ich w leczeniu chorób człowieka. Większość leków wywodzi się bowiem ze stosowanych dawniej wywarów roślinnych. Dzięki badaniom naukowym odkryto, które związki obecne w roślinach odpowiadają za ich lecznicze działanie. Z tego powodu część roślin stosuje się w terapii chorób nowotworowych.



Stopkowiec tarczowaty występuje w Ameryce Południowej. Kłącza i korzenie tej rośliny są bogate w podofilotoksynę – substancję hamującą podziały komórkowe. Stosuje się ją w leczeniu m.in. chłoniaków i białaczek.



Barwinek różowy, występujący na Madagaskarze, zawiera winkrystynę i winblastynę – substancje hamujące mitozę. Stosuje się je w leczeniu nowotworów piersi, jajników i jąder. Obecnie barwinek jest zagrożony wyginięciem.



Camptotheca acuminata zawiera kamptotecynę – substancję hamującą replikację DNA. Jest ona stosowana w leczeniu m.in. nowotworów płuc, trzustki, żołądka i jelita grubego.



Herbata chińska zawiera polifenole, które działają przeciwnowotworowo. Blokują one transkrypcję genu *TP53*, którego zmutowana wersja występuje w wielu rodzajach nowotworów, m.in. nowotworach przewodu pokarmowego (jamy ustnej, gardła).

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym różni się introdukcja gatunków od reintrodukcji gatunków.
2. Zaobserwowano, że populacja kozic tatrzańskich w ostatnich latach znacznie się zmniejszyła. Zagrożeniem dla nich są m.in. drapieżniki (rysie, lisy), choroby (robaczyce), turystyka i zanieczyszczenia środowiska. Zaproponuj działania ochronne na rzecz tego gatunku.
3. Wyjaśnij, na czym polega zrównoważony rozwój.

Podsumowanie

1 **Ekologia** – nauka o strukturze i funkcjonowaniu przyrody. Zajmuje się badaniem interakcji między organizmami oraz między organizmami a środowiskiem ich życia.

2 Poziomy organizacji biologicznej badane przez ekologię

Poziom organizacji	Opis
Osobnik	Pojedynczy organizm, który jest przedstawicielem danego gatunku.
Populacja	Grupa osobników tego samego gatunku, która żyje na określonym obszarze w tym samym czasie.
Biocenoza	Zbiór populacji wszystkich gatunków żyjących na danym obszarze w tym samym czasie i powiązanych wzajemnymi zależnościami.
Ekosystem	Jednostka ekologiczna, która składa się z biocenozy, czyli organizmów żyjących na danym obszarze, oraz biotopu, czyli nieożywionych elementów środowiska.
Biom	Obszar kuli ziemskiej odznaczający się dominującym typem roślinności, a także charakterystycznym składem gatunkowym, który jest zależny od lokalnych warunków klimatycznych.
Biosfera	Obszar Ziemi, który jest zasiedlony przez organizmy – obejmuje dolną część atmosfery, zewnętrzną warstwę skorupy ziemskiej oraz niemal całą hydrosferę.

3 **Środowisko** – ogół czynników, które wpływają na procesy życiowe danego organizmu.

Czynniki środowiska

czynniki abiotyczne	czynniki biotyczne
• elementy środowiska nieożywionego (np. temperatura powietrza)	• zależności między organizmami żyjącymi na wspólnym terenie (np. drapieżnictwo)

4 Porównanie niszy ekologicznej z siedliskiem

Nisza ekologiczna	Siedlisko
• Zakres zmienności warunków, w jakich dany organizm może przeżyć, rozwijać się i rozmnażać. • Obejmuje m.in. warunki środowiska i zależności międzygatunkowe.	• Przestrzeń fizyczna, w której występuje dany organizm. • Może to być obszar lądowy lub wodny, wyodrębniony na podstawie cech geograficznych, klimatycznych i glebowych.

5 Tolerancja ekologiczna organizmów

Pojęcie	Definicja
Tolerancja ekologiczna	Zdolność przystosowywania się organizmu do zmian czynników środowiska.
Eurybiont	Gatunek o szerokim zakresie tolerancji ekologicznej.
Stenobiont	Gatunek o wąskim zakresie tolerancji ekologicznej.
Gatunek wskaźnikowy (bioindykator)	Gatunek o dobrze znanych wymaganiach ekologicznych, którego obecność lub brak wskazuje na dane warunki środowiska (najczęściej stenobiont).

6 Cechy populacji

- **Liczebność** – liczba osobników tworzących populację. Wpływają na nią parametry populacji: rozrodczość, śmiertelność, imigracje i emigracje.
- **Zagęszczenie** – liczba osobników przypadających na określoną jednostkę powierzchni (np. 1 m^2) lub objętości (np. 1 m^3).
- **Struktura przestrzenna** – przestrzenny układ osobników w obrębie zasięgu występowania populacji. Wyróżnia się rozmieszczenie: równomierne, skupiskowe i losowe.
- **Struktura wiekowa** – udział w populacji różnych klas wieku (grup wiekowych).
- **Struktura płciowa** – udział samców i samic w populacji.

7 Teoria metapopulacji

Metapopulacja – zbiór subpopulacji (populacji lokalnych), między którymi dochodzi do przemieszczania się osobników.

Zmiany liczebności w obrębie metapopulacji zależą od:

- migracji,
- kolonizacji,
- ekstynkcji,
- rekolonizacji.

8 Zależności międzygatunkowe

Typ zależności	Opis
Zależności nieantagonistyczne	
Mutualizm obligatoryjny	Obie strony odnoszą korzyści i są od siebie tak uzależnione, że nie mogą prowadzić samodzielnego życia.
Mutualizm fakultatywny	Obie strony odnoszą korzyści, ale zależność ta nie jest konieczna do ich przeżycia, dlatego może występować okresowo.
Komensalizm	Jedna ze stron czerpie korzyści, a druga strona niczego nie zyskuje, ale też nie ponosi żadnych strat.
Zależności antagonistyczne	
Konkurencja	Obie strony ponoszą straty – osobniki rywalizują o te same ograniczone zasoby środowiska (ich nisze ekologiczne w pewnym stopniu się pokrywają). Konkurencja może mieć charakter eksploatacji lub walki o zasoby. Wyróżnia się konkurencję wewnątrzgatunkową i konkurencję międzygatunkową.
Roślinożerność, drapieżnictwo	Jedna ze stron (zjadający) czerpie korzyści, a druga strona (zjadany) ponosi straty.
Pasożytnictwo	Jeden organizm (pasożyt) żyje kosztem drugiego organizmu (żywiciela).

9 Sukcesja ekologiczna

Sukcesja ekologiczna – proces ciągłych kierunkowych zmian, które prowadzą do przekształcania się ekosystemów.

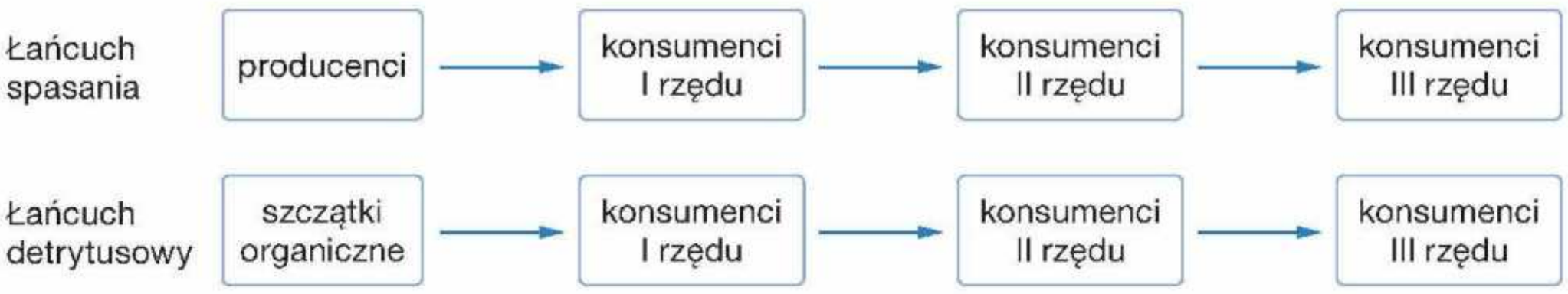
Gatunki pionierskie – organizmy, które jako pierwsze zasiedlają nowe środowiska we wczesnych stadiach sukcesji ekologicznej (np. mchy i porosty).

Klimaks – stan, w którym ekosystem osiąga względnie stały skład gatunkowy.

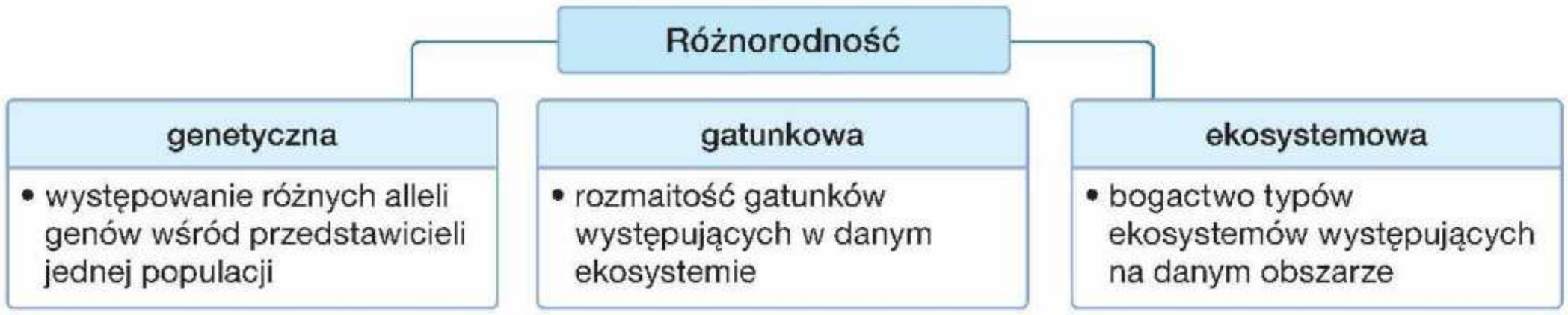
10 Struktura troficzna ekosystemu

Poziom troficzny	Opis
Producenci	Organizmy samożywne, które wytwarzają związki organiczne z prostych związków nieorganicznych, np. rośliny i bakterie chemosyntetyzujące.
Konsumenci	Organizmy cudzożywne, które korzystają z gotowych związków organicznych, wytworzonych przez inne organizmy. Zalicza się do nich wszystkie zwierzęta i grzyby, większość bakterii oraz część protistów.
Destruenci	Grupa konsumentów, którzy odżywiają się szczątkami organizmów i ich odchodami, przez co przyczyniają się do ich rozkładu. Należą do nich głównie bakterie i grzyby, a także drobne zwierzęta, które żyją w glebie i ściółce.

Łańcuch pokarmowy (troficzny) – uporządkowany ciąg organizmów, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny. Wyróżnia się łańcuchy spasania i łańcuchy detrytusowe.



11 Poziomy różnorodności biologicznej



12 Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną



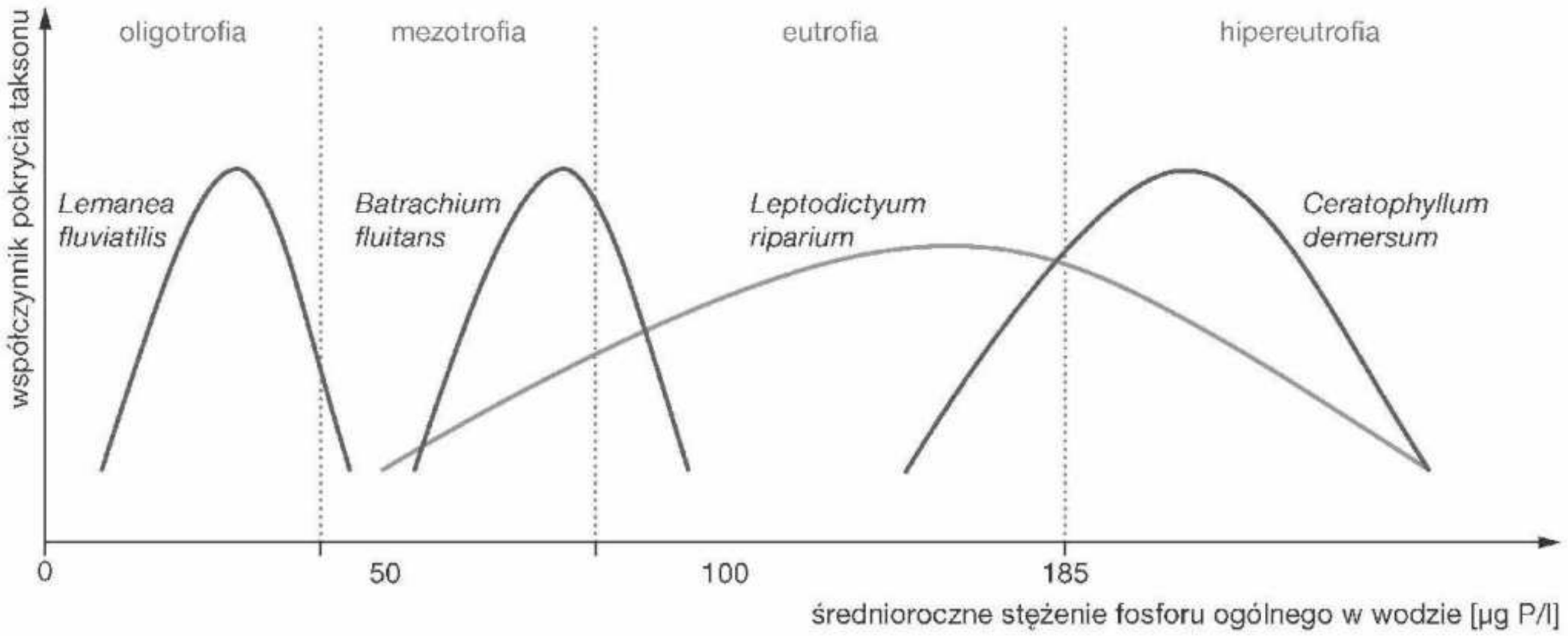
13 Formy ochrony przyrody w Polsce



Sposób na zadania

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Związki fosforu należą do zanieczyszczeń biogennych, które mają wpływ na żyzność (trofię) wód. Wykres przedstawia występowanie czterech gatunków roślin w wodach płynących (wyrażone jako współczynnik pokrycia taksonu) w zależności od średniorocznego stężenia fosforu w wodzie.



Na podstawie: *Podręcznik do monitoringu elementów biologicznych i klasyfikacji stanu ekologicznego wód powierzchniowych. Aktualizacja metod*, red. A. Kolada, Warszawa 2020, s. 99.

Przeanalizuj wykres i porównaj zakresy tolerancji *Lemanea fluviatilis* i *Leptodictyum riparium*. Zwróć uwagę na to, który z tych gatunków jest stenobiontem, czyli występuje w wodach o wąskim zakresie średniorocznego stężenia fosforu ogólnego.

a) Na podstawie wykresu rozstrzygnij, który gatunek – *Lemanea fluviatilis* czy *Leptodictyum riparium* – jest lepszym gatunkiem wskaźnikowym żyzności wody. Odpowiedź uzasadnij.

Gatunek wskaźnikowy to gatunek o dobrze znanych wymaganiach ekologicznych, którego obecność lub brak wskazuje na dane warunki środowiska. Dobrymi gatunkami wskaźnikowymi są organizmy o wąskiej tolerancji ekologicznej, czyli stenobionty.

Rozwiązanie:

Lemanea fluviatilis jest lepszym gatunkiem wskaźnikowym, ponieważ ma wąski zakres tolerancji na stężenie fosforu w wodzie i występuje tylko w wodach oligotroficznych.

b) Wybierz nazwę pierwiastka, którego związki, podobnie jak związki fosforu, należą do zanieczyszczeń biogennych wód.

A. Żelazo.
B. Węgiel.
C. Azot.
D. Sód.

Pierwiastki biogenne to te, które są głównymi składnikami związków organicznych budujących wszystkie organizmy. Zastanów się, który z wymienionych pierwiastków należy do biogennych i jednocześnie jego nadmiar lub nadmiar jego soli w wodzie stanowi zanieczyszczenie.

Rozwiązanie:

C

c) Oceń, czy poniższe interpretacje danych przedstawionych na wykresie są poprawne. Wybierz T (tak), jeśli interpretacja jest poprawna, albo N (nie) – jeśli jest niepoprawna.

Przeanalizuj wykres. Zwróć uwagę na to, czy *Batrachium fluitans* jest jedynym gatunkiem, którego zakres tolerancji obejmuje wody mezotroficzne.

1.	W wodach mezotroficznych występuje tylko *Batrachium fluitans*.	T	N
2.	Im większa żyzność wód płynących, tym więcej gatunków roślin w nich występuje.	T	N
3.	W warunkach optymalnych *Leptodictyum riparium* ma najniższy współczynnik pokrycia spośród wszystkich gatunków przedstawionych na wykresie.	T	N

Warunki optymalne to najwyższy punkt krzywej tolerancji ekologicznej. Przeanalizuj wykres. Sprawdź na osi Y, czy w swoim optimum *Leptodictyum riparium* ma niższy współczynnik pokrycia niż pozostałe gatunki roślin wodnych.

Przeanalizuj wykres. Zwróć uwagę na to, czy każdy kolejny stopień żyzności wody mieści się w zakresie tolerancji ekologicznej coraz większej liczby gatunków roślin wodnych.

Rozwiązanie:
1. – N, 2. – N, 3. – T

Zadanie analogiczne

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 Związki azotu są jednymi z głównych zanieczyszczeń powietrza. W atmosferze związki te mogą osadzać się na powierzchni ziemi i roślin w procesie depozycji azotu. Wykres przedstawia względne prawdopodobieństwo występowania porostów nadrzewnych o różnych preferencjach zawartości substancji pokarmowych w środowisku (oligotroficznych, mezotroficznych i eutroficznych) w zależności od wielkości depozycji azotu z powietrza.



a) Na podstawie wykresu rozstrzygnij, która grupa porostów – porosty oligotroficzne, mezotroficzne czy eutroficzne – jest najlepszym wskaźnikiem małego zanieczyszczenia powietrza azotem. Odpowiedź uzasadnij.

b) Wybierz nazwę pierwiastka biogennego, którego związki, podobnie jak związki azotu, należą do głównych zanieczyszczeń powietrza.

A. Ołów. B. Fosfor. C. Żelazo. D. Siarka.

c) Oceń, czy poniższe interpretacje danych przedstawionych na wykresie są poprawne. Wybierz T (tak), jeśli interpretacja jest poprawna, albo N (nie) – jeśli jest niepoprawna.

1.	W warunkach dużej depozycji azotu z powietrza, >4,5 kg/ha/rok, występują tylko porosty eutroficzne.	T	N
2.	Im większa depozycja azotu, tym więcej porostów nadrzewnych.	T	N
3.	Gatunki mezotroficzne występują najliczniej w warunkach niskiej depozycji azotu z powietrza, <1,5 kg/ha/rok.	T	N

Zadania powtórzeniowe

WYKONAJ W ZESZYCIE

1 „Istnieje wiele przykładów opisujących zjawisko gniazdowania niektórych gatunków ptaków w pobliżu innych, bardziej agresywnych gatunków [...]. Tłumaczy się to ochroną przed drapieżnikami i większym sukcesem lęgowym. Grzywacze w otwartym krajobrazie rolniczym wybierają sąsiedztwo pustułek ze względu na korzyści w postaci obrony gniazda przed innymi drapieżnikami [...]. Preferowanie gniazdowania grzywacza w pobliżu drapieżnika obserwowano najczęściej w odniesieniu do kobuza [...]. W przypadku niskiej liczebności kobuza gniazduje on również w sąsiedztwie pustułki oraz kani czarnej [...]. Wykazano, że grzywacze gnieździły się (w odległości do 10 m) w pobliżu 38% zajętych przez pustułki skrzynek lęgowych, natomiast nie zarejestrowano ich gniazdowania w pobliżu takich samych skrzynek niezasiedlonych przez tego sokoła. Ryzyko drapieżnictwa gniazdowego pustułki na lęgach grzywacza jest zdecydowanie niższe niż krukowatych i innych drapieżników, dlatego opłacalne jest gniazdowanie w jej bezpośrednim sąsiedztwie".

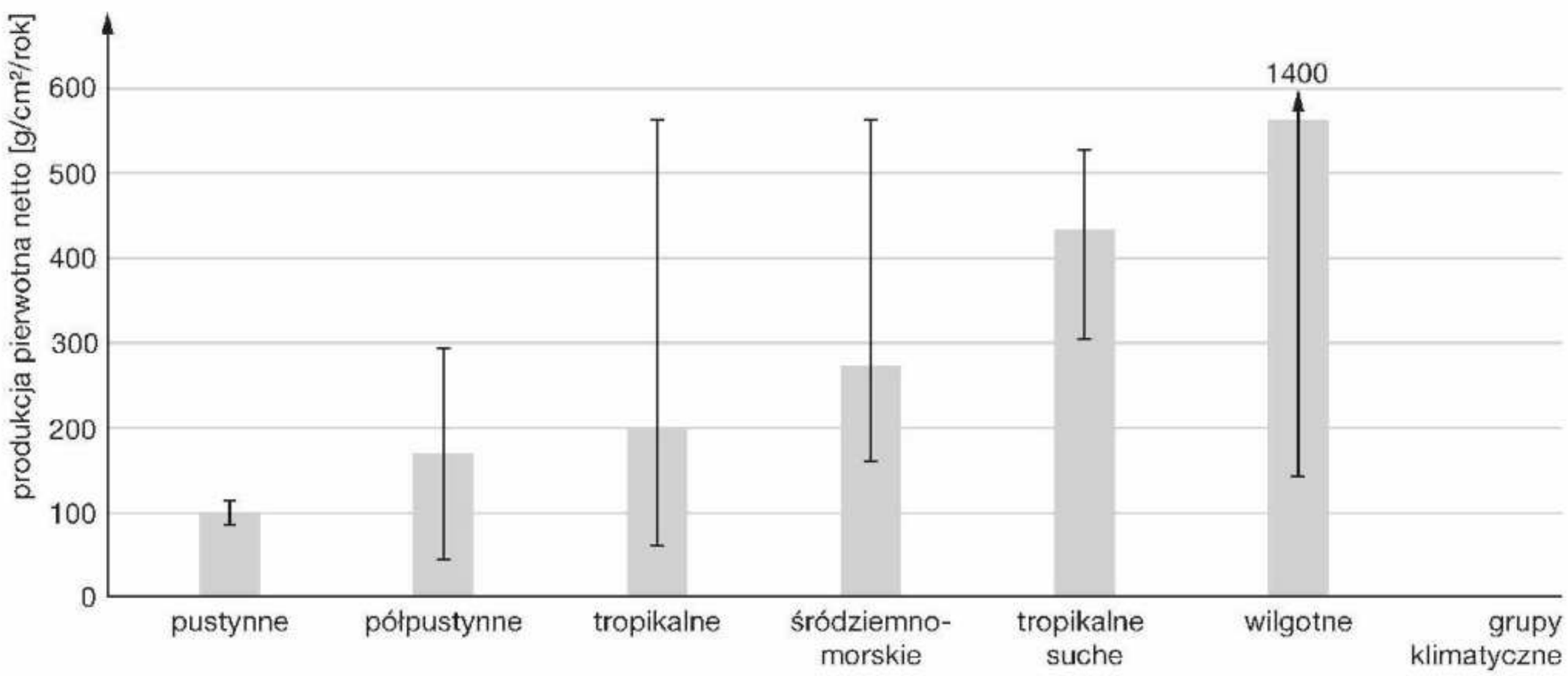
Źródło: A. Zbyryt, *Gniazdowanie grzywacza* Columba palumbus *w bliskim sąsiedztwie pustułki* Falco tinnunculus, „Ornis Polonica" 2012, 53, s. 297–300.

a) Określ, który rodzaj zależności międzygatunkowej występuje między grzywaczem a pustułką. Odpowiedź uzasadnij.

b) Opisz jedno przystosowanie związane z budową i funkcjonowaniem ciała oraz jedno przystosowanie behawioralne, inne niż opisane powyżej, zwiększające szanse ofiar drapieżników na przeżycie.

c) Rozstrzygnij, czy zawieszanie skrzynek lęgowych dla pustułek to przykład ochrony czynnej czy ochrony biernej. Odpowiedź uzasadnij.

2 Wykres przedstawia uśrednioną naziemną produkcję pierwotną netto formacji trawiastych w sześciu typach klimatu. Linie pionowe wskazują na zakres zmienności w obrębie każdej grupy klimatycznej. Linia zakończona strzałką oznacza, że zakres zmienności produkcji pierwotnej netto wykracza poza skalę wykresu.



Na podstawie: C.J. Krebs, *Ekologia*, Warszawa 2011, s. 495.

a) Na podstawie informacji przedstawionych na wykresie podaj nazwy grup klimatycznych formacji trawiastych, które odpowiadają poniższym opisom.

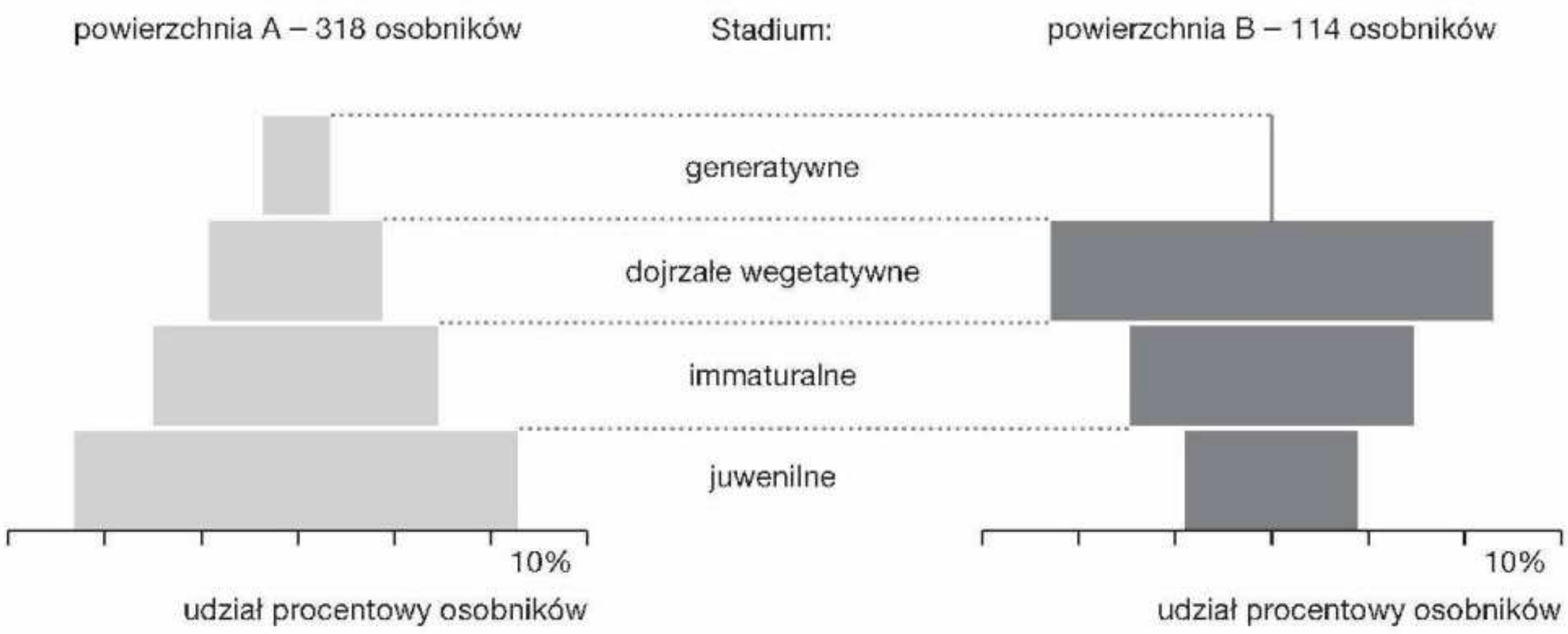
1. Grupa klimatyczna, dla której minimalna wartość pierwotnej produkcji netto była najniższa.
2. Grupa klimatyczna, dla której maksymalna wartość pierwotnej produkcji netto była najniższa.
3. Grupa klimatyczna o największym zakresie zmienności pierwotnej produkcji netto.

b) Wyjaśnij, czym różni się produkcja pierwotna netto od produkcji pierwotnej brutto.

c) Podaj nazwę występującego w strefie klimatu równikowego biomu, w którym dominują zbiorowiska twardolistnych traw.

4 Na terenie Polski nawapienne murawy kserotermiczne to w większości zbiorowiska półnaturalne. Powstały one w miejscach o szczególnej kombinacji czynników topograficznych, klimatycznych i glebowych w wyniku długotrwałego użytkowania, polegającego m.in. na wypasie i koszeniu. Zbiorowiska te są bardzo bogate gatunkowo i często występują w nich gatunki rzadkie, o specyficznych wymaganiach oraz wąskim zakresie tolerancji ekologicznej. Jednym z takich gatunków jest starzec wielkolistny, który należy do bylin kłączowych. Na Białej Górze w latach 1988–2008 przeprowadzono badania nad wpływem przemian zbiorowisk kserotermicznych na populację starca na trzech stałych powierzchniach badawczych. W okresie badawczym obszar muraw kserotermicznych skurczył się wskutek zarastania przez ciepłolubne zarośla oraz rozsiewające się sosny.

Poniżej przedstawiono strukturę wiekową populacji starca wielkolistnego na Białej Górze na jednej z powierzchni badawczych w latach 1989 (A) i 2007 (B).



Na podstawie: B. Czarnecka, *Wpływ przemian zbiorowisk kserotermicznych na losy populacji długowiecznej byliny stepowej* Senecio macrophyllus M. Bieb. *(Biała Góra, Roztocze Tomaszowskie)*, [w:] *Ciepłolubne murawy w Polsce, stan zachowania i perspektywy ochrony*, red. H. Ratyńska, B. Waldon, Bydgoszcz 2010, s. 301–316.

a) Określ, w którym roku – 1989 czy 2007 – populacja starca wielkolistnego była populacją wymierającą. Odpowiedź uzasadnij.

b) Na podstawie informacji zawartych w tekście uzasadnij, że starzec wielkolistny charakteryzuje się rozmieszczeniem skupiskowym.

c) Oceń, czy poniższe informacje dotyczące starca wielkolistnego są prawdziwe. Wybierz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F – jeśli jest fałszywa.

1.	Starzec wielkolistny jest eurybiontem.	P	F
2.	Kłącze umożliwiające rozmnażanie wegetatywne starca wielkolistnego to przekształcony korzeń.	P	F
3.	Pędy starca wielkolistnego wyrastające z jednego kłącza są klonami.	P	F

d) Określ, który rodzaj ochrony – ochrona bierna czy ochrona czynna – powinien zostać wprowadzony w celu zachowania populacji starca wielkolistnego na Białej Górze. Odpowiedź uzasadnij.

e) Wyjaśnij, dlaczego w celu przewidywania przyszłych losów danej populacji wykorzystuje się informacje dotyczące nie tylko liczebności, lecz także wieku osobników.

Sposób na zadania – odpowiedzi

Strona	Propozycja poprawnej odpowiedzi
	Genetyka molekularna
45	a) 1. F, 2. P, 3. F
	b) w mitochondriach drożdży: Ile – Cys – Thr – Trp – Thr poza mitochondriami drożdży: Ile – Cys – Leu
	Genetyka klasyczna
98	a) Ze względu na dziedziczenie barwy kwiatów z dominacją niezupełną wiadomo, że pod względem tej cechy roślina jest homozygotą recesywną. Natomiast w celu ustalenia kombinacji alleli odpowiedzialnych za typ wzrostu rośliny ogrodnik może wykorzystać krzyżówkę testową, która polega na skrzyżowaniu rośliny o nieznanym genotypie z rośliną, która jest homozygotą recesywną (czyli jest karłowata). Jeśli potomstwo będzie jednolite fenotypowo / wszystkie osobniki potomne będą normalnego wzrostu, oznacza to, że badana roślina była homozygotą dominującą. Jeśli wśród potomstwa będą także rośliny karłowate, to będzie to oznaczało, że badana roślina jest heterozygotą pod względem typu wzrostu.
	b) *AA* x *aa*
	c) *AAbb* x *AAbb*
	Zmienność organizmów
132	a) Długość płetwy piersiowej była najbardziej oddalona od wartości średniej u samic płoci z Wisły, ponieważ to dla tej grupy ryb wartość odchylenia standardowego była najwyższa.
	b) samce płoci z Wisły
	c) Najmniejszy zakres zmienności długości płetwy piersiowej wystąpił u samców płoci z Brdy.
	d) oogeneza i spermatogeneza
	Biotechnologia molekularna
191	a) Produkcja insuliny ludzkiej to przykład metody stosowanej przez biotechnologię molekularną – wykorzystuje się w niej organizmy/bakterie o zmodyfikowanym genetycznie genomie.
	b) Poprawna jest odpowiedź B, ponieważ insulina jest hormonem peptydowym i nie dyfunduje przez błonę komórkową. W komórce docelowej stymuluje ona procesy anaboliczne, ponieważ pobudza syntezę glikogenu (polisacharydu).

Ewolucja organizmów	
255	**a)** To przykład dywergencji, ponieważ jej skutkiem jest zróżnicowanie wyglądu liści roślin, które mają wspólne pochodzenie.
	b) Miłorząb dwuklapowy należy do (*form pośrednich* / *żywych skamieniałości*), które są (*bezpośrednim* / *pośrednim*) dowodem ewolucji. Szczątki kopalne mezozoicznych przedstawicieli miłorzębowatych są przykładem skamieniałości (*właściwych* / *śladowych*).
	c) filogenetyka
Ekologia i różnorodność biologiczna	
339	**a)** Najlepszym wskaźnikiem małego zanieczyszczenia powietrza azotem są porosty oligotroficzne, ponieważ w warunkach niskiej depozycji azotu z powietrza występują najczęściej spośród wszystkich grup porostów.
	b) 1. N, 2. N, 3. N
	c) D

Doświadczenia i obserwacje – odpowiedzi

Strona	Tytuł doświadczenia lub obserwacji	Propozycja poprawnej odpowiedzi
Ekologia i różnorodność biologiczna		
279	Charakterystyka wybranych cech populacji mniszka lekarskiego	Przewidywany wynik: Wyniki obserwacji są uzależnione od wybranej powierzchni badawczej.

Przydatne terminy

allel – wersja genu, różniąca się od pozostałych wersji sekwencją nukleotydów.

alternatywne składanie RNA – proces składania RNA, który polega na wycinaniu z pre-mRNA intronów, a następnie łączeniu eksonów w różne układy. W jego wyniku powstają odmienne cząsteczki mRNA. Zachodzi w trakcie modyfikacji potranskrypcyjnych RNA.

analogiczne narządy – narządy występujące u różnych gatunków, podobne do siebie i pełniące podobne funkcje, ale różniące się pochodzeniem (np. skrzydła owada i skrzydła ptaka).

antropogeneza – całokształt procesów ewolucyjnych, które doprowadziły do powstania gatunku *Homo sapiens*.

antykodon – trzy kolejne nukleotydy w tRNA, których funkcja polega na rozpoznawaniu trzech komplementarnych nukleotydów (kodonu) na nici mRNA podczas syntezy białka.

autosomy (chromosomy autosomalne) – wszystkie chromosomy z wyjątkiem chromosomów płci.

biblioteka cDNA – zbiór bakterii, które zawierają różne cząsteczki DNA wytworzone na matrycy mRNA.

biblioteka genomowa – zbiór bakterii, zawierających różne fragmenty genomu jednego organizmu, które po złożeniu tworzą kompletny genom.

biocenoza – zbiór populacji wszystkich gatunków żyjących na danym obszarze w tym samym czasie, powiązanych wzajemnymi zależnościami.

biom – obszar kuli ziemskiej odznaczający się dominującym typem roślinności, a także charakterystycznym składem gatunkowym, który jest zależny od lokalnych warunków klimatycznych.

biofarmaceutyk – białko wytworzone w organizmie zmodyfikowanym genetycznie, stosowane do leczenia chorób człowieka.

biosfera – przestrzeń, w której żyją organizmy, obejmująca dolną część atmosfery, powierzchniowe warstwy litosfery i prawie całą hydrosferę.

biotop – nieożywione środowisko życia organizmów.

cecha dominująca – cecha warunkowana przez allel dominujący. Ujawnia się fenotypowo u homozygot dominujących i heterozygot.

cecha recesywna – cecha warunkowana przez allel recesywny. Ujawnia się fenotypowo tylko u homozygot recesywnych.

cecha sprzężona z płcią – cecha warunkowana przez gen lub geny zlokalizowane na chromosomach płci.

chromatyda – połowa chromosomu po replikacji DNA.

chromatyna – kompleks składający się z kwasów nukleinowych i białek.

chromosomy homologiczne – pary chromosomów, z których jeden pochodzi od matki, a drugi od ojca. Charakteryzują się podobną budową i zawierają podobną informację genetyczną.

chromosomy płci – chromosomy warunkujące płeć. W przypadku człowieka u kobiety są to dwa chromosomy X, u mężczyzny – jeden chromosom X i jeden chromosom Y.

crossing-over – proces zachodzący podczas mejozy, w którego wyniku pojawiają się nowe kombinacje alleli genów rodzicielskich.

destruenci – grupa konsumentów (głównie bakterie i grzyby) rozkładających martwą materię organiczną na prostsze związki organiczne i nieorganiczne.

DNA (kwas deoksyrybonukleinowy) – kwas nukleinowy stanowiący materiał genetyczny wszystkich organizmów i niektórych wirusów. Nośnik informacji genetycznej.

DNA pozagenowy – fragmenty genomu znajdujące się między genami.

dobór naturalny (selekcja naturalna) – proces polegający na tym, że przeżywają i wydają na świat potomstwo osobniki najlepiej przystosowane do życia w danych warunkach środowiska; główny mechanizm ewolucji.

dobór sztuczny (selekcja sztuczna) – proces polegający na świadomej, przeprowadzanej przez człowieka selekcji osobników dopuszczanych do rozrodu.

dominacja niezupełna – sposób dziedziczenia, w którym żaden z alleli nie dominuje w pełni nad drugim. W efekcie fenotyp heterozygoty jest pośredni między fenotypami obu rodzajów homozygot.

dominacja zupełna – sposób dziedziczenia, w którym jeden allel w pełni dominuje nad drugim allelem. W efekcie fenotyp heterozygoty jest taki sam jak fenotyp homozygoty dominującej.

drapieżnictwo – forma oddziaływania antagonistycznego, w której drapieżnik atakuje, zabija i zjada ofiarę.

dryf genetyczny – przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej populacji.

dywergencja (ewolucja rozbieżna) – powstawanie różnic pomiędzy blisko spokrewnionymi organizmami w związku z ich przystosowywaniem się do funkcjonowania w różnych warunkach środowiska.

efekt cieplarniany – naturalne zjawisko fizyczne, polegające na zatrzymywaniu ciepła przez atmosferę Ziemi. Powstaje dzięki obecności gazów cieplarnianych, głównie dwutlenku węgla, metanu i pary wodnej, które zatrzymują ciepło emitowane przez rozgrzaną powierzchnię Ziemi, zapobiegając jego wypromieniowaniu w przestrzeń kosmiczną. Umożliwia to życie na naszej planecie.

ekosystem – jednostka ekologiczna złożona z biocenozy i biotopu, które wzajemnie na siebie oddziałują.

ekson – odcinek genu kodujący informację o kolejności aminokwasów w białku lub nukleotydów w RNA.

ekspresja genu – procesy prowadzące do odczytania informacji genetycznej zawartej w genie, czyli

powstania kodowanego przez gen białka lub RNA.

elektroforeza – technika rozdzielania cząsteczek (np. DNA, białek) w specjalnym porowatym żelu pod wpływem pola elektrycznego.

endemit – gatunek występujący tylko na niewielkich terenach, zwykle odizolowanych od innych.

enzymy restrykcyjne – enzymy z grupy endonukleaz, które katalizują rozcinanie dwuniciowego DNA w miejscach o określonej sekwencji (odpowiedniej dla danego enzymu).

ewolucja biologiczna – proces stopniowych, kierunkowych i nieodwracalnych przekształceń organizmów.

fenotyp – cecha lub zespół cech organizmu, które są zależne od genotypu i środowiska.

forma przejściowa (ogniwo pośrednie) – w ewolucji organizm łączący cechy dwóch różnych grup systematycznych, np. gadów i ptaków.

gatunek biologiczny – grupa podobnych do siebie organizmów, zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa.

gatunek inwazyjny – gatunek obcy, który stanowi zagrożenie dla gatunków rodzimych.

gatunek obcy – gatunek, który nie występuje naturalnie na danym terenie.

gen – podstawowa jednostka dziedziczności. Fragment cząsteczki DNA, który zawiera informacje potrzebne do wytworzenia cząsteczki białka lub RNA. Gdy białko składa się z więcej niż jednego łańcucha polipeptydowego, informacja o każdym łańcuchu jest zawarta w innym genie.

genom – materiał genetyczny organizmu, komórki, struktury komórkowej lub wirusa. U wszystkich organizmów jest zbudowany z DNA.

genotyp – zespół wszystkich genów organizmu; także zapis alleli danego genu.

heterozygota – osobnik mający dwa różne allele danego genu.

homologiczne narządy – narządy występujące u różnych gatunków, które pełnią odmienne funkcje, ale mają wspólne pochodzenie (np. kończyny przednie kręgowców).

homozygota – osobnik mający dwa jednakowe allele danego genu.

hybrydyzacja DNA – połączenie komplementarnych nici kwasów nukleinowych.

introdukcja – wprowadzenie na dany teren gatunku obcego.

intron – odcinek genu, który nie pełni funkcji kodujących.

inżynieria genetyczna – dziedzina genetyki. Jej techniki pozwalają na ingerowanie w materiał genetyczny organizmów w taki sposób, aby zmienić ich cechy dziedziczne.

klony – organizmy o identycznym genotypie.

klonowanie – proces otrzymywania klonów.

kod genetyczny – sposób zapisu informacji genetycznej w DNA.

kodominacja – sposób dziedziczenia, w którym dwa różne allele tego samego genu są równorzędne. W efekcie u heterozygot oba białka kodowane przez te allele są wytwarzane jednocześnie i niezależnie od siebie.

kodon – trzy kolejne nukleotydy w DNA i mRNA, oznaczające jeden aminokwas w łańcuchu polipeptydowym lub zatrzymanie syntezy białka.

koewolucja – wzajemna ewolucja populacji dwóch lub większej liczby gatunków, powiązanych silnymi zależnościami ekologicznymi.

komensalizm – zależność nieantagonistyczna między osobnikami dwóch gatunków, która przynosi korzyści osobnikowi jednego gatunku, a nie wpływa w żaden sposób na osobnika drugiego gatunku.

komplementarność zasad – prawidłowość w łączeniu się zasad azotowych w kwasach nukleinowych. W DNA adenina zawsze łączy się z tyminą (A–T), a guanina z cytozyną (G–C). W RNA adenina łączy się z uracylem (A–U), a guanina z cytozyną (G–C).

konkurencja – rodzaj oddziaływania antagonistycznego, w którym osobniki tego samego gatunku lub różnych gatunków rywalizują ze sobą o zasoby środowiska.

konsumenci – organizmy cudzożywne, które korzystają z gotowych związków organicznych wytworzonych przez inne organizmy.

konwergencja (ewolucja zbieżna) – upodobnianie się organizmów niespokrewnionych ze sobą pod wpływem tych samych lub podobnych warunków środowiska albo podobnego trybu życia.

liczebność populacji – całkowita liczba osobników tworzących populację.

ligazy – klasa enzymów katalizujących łączenie dwóch cząsteczek z wykorzystaniem energii z ATP. Ligazy DNA uczestniczą w łączeniu nici DNA.

łańcuch detrytusowy – typ łańcucha troficznego, który rozpoczyna się od szczątków organicznych, a jego kolejne ogniwa stanowią destruenci (konsumenci I rzędu) oraz konsumenci II rzędu i następnych rzędów.

łańcuch spasania – typ łańcucha troficznego, który rozpoczyna się od producentów, a jego kolejne ogniwa stanowią konsumenci I rzędu, konsumenci II rzędu, konsumenci III rzędu oraz następnych rzędów.

łańcuch troficzny (łańcuch pokarmowy) – ciąg organizmów, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny.

mikoryza – symbioza grzybów z korzeniami roślin, np. niektórych drzew.

mikromacierz DNA – płytka zawierająca tysiące sond molekularnych ułożonych w regularny sposób, stosowana w diagnostyce molekularnej chorób.

mikrorozmnażanie – sposób klonowania roślin, który polega na otrzymywaniu wielu identycznych roślin

potomnych z fragmentów rośliny macierzystej.

mimetyzm – upodabnianie się niektórych gatunków zwierząt barwą lub kształtem do otoczenia, zwiększające szanse przeżycia.

mimikra – upodabnianie się niektórych gatunków zwierząt do innych, zwiększające szanse przeżycia.

mutacja – w genetyce: nagła, skokowa i dziedziczna zmiana w materiale genetycznym. Mutacja genowa oznacza zmianę dotyczącą struktury genu. Mutacje genowe dzieli się na substytucje, delecje i insercje. Mutacja chromosomowa (aberracja chromosomowa) oznacza zmianę dotyczącą struktury lub liczby chromosomów. Wyróżnia się mutacje chromosomowe strukturalne (inwersja, translokacja, duplikacja i delecja) i liczbowe (aneuploidie i poliploidie).

mutagen (czynnik mutagenny) – czynnik fizyczny, chemiczny lub biologiczny wywołujący mutację.

mutualizm fakultatywny (protokooperacja) – oddziaływanie nieantagonistyczne między osobnikami dwóch gatunków, przynoszące korzyść każdemu z nich. Zależność ta nie jest niezbędna do przeżycia osobników i może występować okresowo.

mutualizm obligatoryjny (symbioza) – oddziaływanie nieantagonistyczne między osobnikami, przynoszące korzyść każdemu z nich i konieczne do ich przeżycia.

nisza ekologiczna – zakres zmienności warunków, w jakich dany organizm może przeżyć, rozwijać się i rozmnażać.

nukleotyd – podstawowy element budujący DNA i RNA. Składa się z reszty kwasu fosforowego(V), cukru – deoksyrybozy (DNA) lub rybozy (RNA) – i jednej z zasad azotowych – adeniny, guaniny, cytozyny, tyminy (tylko w DNA) lub uracylu (tylko w RNA).

nukleozyd – związek, który powstaje z połączenia zasady azotowej (adeniny, guaniny, cytozyny, tyminy lub uracylu) z cząsteczką cukru (deoksyrybozy lub rybozy).

oczko replikacyjne – struktura powstała w wyniku rozplecenia DNA.

organizm transgeniczny – organizm zmodyfikowany genetycznie, zawierający gen pochodzący od innego gatunku.

organizm zmodyfikowany genetycznie (GMO) – organizm, którego cechy dziedziczne zostały zmienione wskutek ingerencji w jego materiał genetyczny.

pasożytnictwo – rodzaj oddziaływania antagonistycznego, w którym jeden organizm, nazywany pasożytem, żyje kosztem drugiego organizmu, nazywanego żywicielem.

PCR (łańcuchowa reakcja polimerazy) – technika powielania fragmentu DNA bez udziału komórek (w probówce), za pomocą polimerazy DNA. Umożliwia otrzymywanie dużej liczby kopii wybranego fragmentu DNA.

piramida ekologiczna – graficzne przedstawienie struktury ekosystemu, w którym pierwszy poziom stanowią producenci, a następne poziomy konsumenci I rzędu i kolejnych rzędów. Może obrazować liczbę organizmów, ich masę lub ilość energii zgromadzonej na każdym poziomie troficznym.

plejotropia – zjawisko, w którego wyniku pod wpływem jednego genu, tzw. genu plejotropowego, ujawnia się wiele cech fenotypowych.

polimerazy – enzymy, które katalizują syntezę nici komplementarnej na matrycy pojedynczej nici kwasu nukleinowego. Wyróżnia się polimerazy DNA, biorące udział w syntezie DNA, oraz polimerazy RNA, biorące udział w syntezie RNA. W obu przypadkach matrycą może być nić DNA lub RNA.

polirybosom – więcej niż jeden rybosom połączony z jedną cząsteczką mRNA.

populacja – zespół osobników jednego gatunku zamieszkujących określony teren w tym samym czasie.

producenci – organizmy samożywne, które wytwarzają związki organiczne z prostych związków nieorganicznych. Zalicza się do nich fotoautotrofy i chemoautotrofy.

produkcja pierwotna – ilość materii organicznej lub zmagazynowanej energii wytworzona w ekosystemie przez producentów.

produkt GMO – produkt zawierający organizmy zmodyfikowane genetycznie lub ich fragmenty.

profil genetyczny – zbiór wybranych sekwencji DNA pozwalający na identyfikację danej osoby.

protoonkogen – gen warunkujący prawidłowy przebieg podziałów komórkowych.

przeciwciała monoklonalne – otrzymywane sztucznie przeciwciała, które mają identyczną swoistość. Są stosowane m.in. w medycynie jako biofarmaceutyki.

pula genowa populacji – suma alleli wszystkich genów wszystkich osobników wchodzących w skład populacji.

radiacja adaptacyjna – rozdzielenie się grupy organizmów pochodzącej od wspólnego przodka na liczne i zróżnicowane linie rozwojowe wskutek konieczności dostosowania się do odmiennych warunków środowiska.

ramka odczytu – seria kodonów w sekwencji DNA, rozpoczynająca się kodonem START, a kończąca się kodonem STOP.

rekombinacja – proces prowadzący do powstawania nowych układów alleli genów.

relikt – 1. gatunek, którego obszar występowania jest zwykle dużo mniejszy niż w minionych epokach geologicznych; 2. gatunek należący do grupy systematycznej, która dawniej była bardzo zróżnicowana, natomiast obecnie liczy niewiele gatunków; 3. tzw. żywa skamieniałość, gatunek, który nie uległ zmianie od milionów lat.

replikacja DNA – proces powielania DNA, prowadzący do powstania dwóch cząsteczek DNA identycznych z cząsteczką wyjściową. Każda z cząsteczek potomnych składa się z jednej nici starej i jednej nici

nowej. Z tego względu replikację DNA określa się jako półzachowaczą lub semikonserwatywną.

reintrodukcja – powtórne wprowadzenie osobników danego gatunku w miejscu, w którym ten gatunek wyginął.

restytucja – działania ochronne mające na celu odtworzenie gatunku w sytuacji, gdy jego populacja jest zbyt mała.

RNA (kwas rybonukleinowy) – kwas nukleinowy uczestniczący bezpośrednio bądź pośrednio w odczytywaniu informacji genetycznej. U wirusów RNA stanowi on nośnik informacji genetycznej.

roślinożerność – rodzaj oddziaływania antagonistycznego, w którym roślinożerca zjada roślinę (zwykle tylko jej niektóre części).

różnorodność biologiczna (bioróżnorodność) – bogactwo form życia na Ziemi. Wyróżnia się: różnorodność genetyczną, różnorodność gatunkową oraz różnorodność ekosystemową.

rybozym – cząsteczka RNA pełniąca funkcję katalityczną.

sekwencjonowanie DNA – ustalanie kolejności nukletydów w DNA (sekwencji).

sieć pokarmowa (sieć troficzna) – wzajemne zależności pokarmowe między organizmami w ekosystemie.

siedlisko – przestrzeń fizyczna, w której występuje dany organizm.

składanie RNA – proces wycinania i usuwania intronów oraz łączenia ze sobą eksonów, zachodzący podczas modyfikacji potranskrypcyjnych pre-mRNA.

sonda molekularna – krótki odcinek kwasu nukleinowego, umożliwiający odszukanie określonej sekwencji nukleotydów (zwykle genu) w materiale genetycznym dzięki dołączonemu do niego znacznikowi.

specjacja – proces powstawania nowych gatunków. Może zachodzić na skutek rozdzielenia populacji jednego gatunku barierą geograficzną (specjacja allopatryczna) lub wykształcenia się mechanizmu izolacji rozrodczej bez bariery geograficznej (specjacja sympatryczna).

sukcesja ekologiczna – proces ciągłych, kierunkowych zmian, które prowadzą do stopniowego przekształcania się ekosystemów. Wyróżnia się sukcesję pierwotną, zachodzącą na obszarze dotychczas niezajętym przez żadną biocenozę, oraz sukcesję wtórną, zachodzącą na obszarze zajętym wcześniej przez biocenozę, która została zniszczona.

szczątkowe narządy – narządy słabo wykształcone, częściowo lub całkowicie niefunkcjonujące i uwstecznione w porównaniu z odpowiadającymi im narządami występującymi u ewolucyjnych przodków.

szczepionki rekombinowane – szczepionki wytwarzane przy pomocy organizmów transgenicznych, zawierające białko patogenu zdolne do wywołania reakcji odpornościowej organizmu człowieka.

telomeraza – enzym kontrolujący długość zakończeń (telomerów) w chromosomach.

telomery (sekwencje telomerowe) – wielokrotnie powtórzone kilkunukleotydowe odcinki DNA o takiej samej sekwencji, znajdujące się na końcach chromosomów.

terapia genowa – metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu do komórek pacjenta prawidłowo funkcjonującej wersji uszkodzonego genu.

tolerancja ekologiczna – zdolność organizmów do przystosowywania się do zmian czynników środowiska.

transkrypcja – przepisywanie informacji genetycznej z DNA na RNA; synteza RNA. Jeden z etapów ekspresji genu.

translacja – tłumaczenie sekwencji nukleotydów w mRNA na sekwencję aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym; synteza białka. Jeden z etapów ekspresji genu.

transformacja genetyczna – proces wprowadzenia obcego DNA do komórki.

wektor – 1. w biotechnologii: plazmid, kosmid, sztuczny chromosom, wirus i bakteria stosowane do wprowadzania obcego DNA do komórki; 2. w ekologii: organizm, który uczestniczy w przenoszeniu pasożyta z jednego osobnika na drugiego.

widełki replikacyjne – obszar, w którym cząsteczka DNA ulega rozpleceniu w trakcie replikacji; połowa oczka replikacyjnego.

zagęszczenie populacji – liczba osobników danej populacji przypadająca na jednostkę powierzchni lub objętości zajmowanego przez nie obszaru.

zakres tolerancji ekologicznej – zakres zmienności czynnika ekologicznego, w którego obrębie organizm jest zdolny utrzymywać wszystkie procesy życiowe.

zmienność – zróżnicowanie cech osobników w obrębie jednego gatunku. Wyróżnia się zmienność genetyczną, która jest determinowana czynnikami genetycznymi, i zmienność środowiskową (fluktuacyjną, modyfikacyjną), która jest determinowana warunkami środowiska.

Indeks

A

adenina 6, 8, 13, 59
agroinfekcja 187
albinizm (bielactwo) 142–143, 158
allele
- dominujące 66–69, 72–73, 75, 78–80, 83–84, 87–90, 98, 108, 115, 125, 132, 260
- kodominujące 80, 144
- recesywne 66–67, 69, 72–73, 75, 78–80, 83–84, 87–89, 98, 107–108, 115, 132, 142, 260
- wielokrotne 83–84

alternatywne składanie RNA 56–57, 179
aminoacylo-tRNA 40–42
amonifikacja 368
analiza restrykcyjna 171–172, 180, 183, 219
anatomia porównawcza 229, 237, 243, 305
aneuploidie 136, 138, 157
antykodon 14, 40–42, 44
atawizmy 248, 305
australopitek 300, 302–303, 308
autosomy (chromosomy autosomalne) 103–104, 107, 110, 141–142, 153–154

B

biocenoza 315, 337, 357–358, 363, 399
biofarmaceutyk 186, 206
biom (biomy) 315, 375–376, 399
biosfera 226, 315, 356, 361, 375, 396–397, 399
biosynteza białka 42, 59, 289
biotechnologia
- molekularna 164, 171, 200, 206, 213–214, 216, 218, 220
- tradycyjna 164–168, 218

biotop 315, 356–358, 363, 399

C

cechy
- dominujące 66, 68–69, 72–73, 75, 79
- recesywne 66, 68, 72–73
- sprzężone z płcią 103, 106, 108, 116
- związane z płcią 110

centromer 28, 33, 60, 180
choroba Huntingtona 146
chromatyna płciowa 104
chromosom (chromosomy)
- płci 93–95, 103, 106–107, 110, 116, 141
- X 93–95, 103–108, 116, 146, 148, 155, 158
- Y 93–95, 103–104, 106–107, 116, 147, 155

chromosomowa teoria dziedziczenia 78, 93–95, 116
ciałko Barra 104
crossing-over 93, 96–98, 100, 104, 116, 123
cykl biogeochemiczny 367–68
cytozyna 6, 8, 13, 59
czapeczka (*cap*) 37, 39–40
człowiek
- rozumny 296, 300, 302–303, 308
- wyprostowany 299–300, 303, 308
- zręczny 299–300, 302–303, 308

człowiekowate 297, 299, 301–303
czynnik (czynniki)
- ewolucji 263
- inicjacji translacji 57
- mutagenne 132–133, 157
- ograniczający 367
- transkrypcyjny 55–56
- uwalniający 41, 43

czysta linia 67, 69, 75, 94

D

daltonizm 106–108
delecja 134–135, 137, 145, 147, 152–153, 157–158
denitryfikacja 368
deoksyryboza 6–8, 59
destruenci 356–357, 360–361, 363–364, 366, 368–371, 401
determinacja płci 104, 106–107, 116
DNA (kwas deoksyrybonukleinowy)
- chloroplastowy 111–112
- mitochondrialny 111, 114
- nić kodująca 38–39, 44
- nić matrycowa 38–39, 44
- pozagenowy 28–29, 32, 179, 181, 213, 215
- zrekombinowany 180, 201, 219

diagnostyka molekularna 203
dobór
- kierunkowy 252–255, 260, 282, 306
- krewniaczy 259, 306
- naturalny 226, 229, 232–235, 252, 254–255, 259–260, 262–264, 274, 281–283, 302, 305–306, 339, 342, 355
- płciowy 256–257, 264, 275, 280, 306
- różnicujący 252–255, 275, 306
- stabilizujący 252, 254–255, 260, 306
- sztuczny 232–233

dominacja
- niepełna 79, 81, 115
- pełna 79, 84, 115

drapieżnictwo 166, 283, 315–316, 326, 337, 342, 348, 399–400
dryf genetyczny 235, 262, 264–266, 281–282, 307, 327
drzewo filogenetyczne 215, 251
duplikacja 137, 152, 157
dywergencja 243–244, 277, 305
dziedziczenie
- płci u człowieka 103–104
- pozajądrowe 111

E

efekt cieplarniany 387
ekosystem 315, 340, 356–358, 361–368, 372, 374–375, 383, 386–387, 390–393, 399–401
ekson 27–28, 37, 39, 56–57, 59–60
ekspresja genu 35–36, 50–51, 55, 60, 110, 152, 186, 204
elektroforeza DNA 171–172, 178, 183, 213, 219
emigracja 325, 336
endemit 249, 305, 375
enzymy restrykcyjne 169–172, 176, 179–183, 218–219
euchromatyna 33
eurybiont 319, 386, 399
ewolucja biologiczna 226, 305

F

fenotyp 66–67, 69–70, 72, 76, 79–81, 87, 89, 99, 110, 115, 122, 126, 252–253
fenyloketonuria 142, 143, 158, 260
filogenetyka molekularna 214, 235
filogeneza 226
forma przejściowa 238
fragmenty Okazaki 17, 19–21

G

gatunek
- inwazyjny 386
- kosmopolityczny 319
- obcy 386, 401

gen (geny)
- ciągłe 27
- determinujące płeć 104
- dopełniające się 87, 115
- epistatyczne 88
- fuzyjny 152, 158
- hipostatyczne 88
- kumulatywne 90, 115, 157
- nieciągłe 27
- plejotropowe 82, 115
- reporterowe 180
- sprzężone 93, 95–97, 99
- *SRY* 104
- struktury 50–53

genom
- chloroplastowy 15, 29, 78
- jądrowy 29–30, 32, 78, 141, 187
- mitochondrialny 15, 29–30, 78, 114, 149
- organellowy 29–30, 111
- wirusowy 23, 34, 211

genotyp 66, 69–70, 73, 75, 79–80, 90–92, 98, 110, 115–116, 122–123, 136, 193, 254, 262–264, 306
guanina 6, 8, 13, 59

H
hamowanie ekspresji genu 58, 186
helisa 7–8, 16–17, 20–21, 38, 55, 59
hemofilia 106–107, 147, 158
heterochromatyna 33
heterogametyczność 106–107
heterozygota 66, 69, 72, 75–76, 92–93, 98, 107, 115–116, 123
histon (histony) 32, 54
homozygota 66–67, 69, 72–73, 76, 79, 81, 83–84, 93, 100, 115–116, 142, 145, 158, 254, 260, 262–263
hybrydyzacja DNA 171, 175, 203–204, 219

I
imigracja 325, 336
insercja 134–135
introdukcja 386, 401
intron 27–29, 37, 39, 56–57, 59–60, 179, 181–182, 288
inżynieria genetyczna 169, 193, 218
izolacja
– behawioralna 270–271, 307
– gametyczna 270–271, 307
– mechaniczna 270–271, 307
– rozrodcza 269, 273, 274, 307
– sezonowa 270, 307
– siedliskowa 270, 275, 307

J
jądro komórkowe 30, 36, 40, 195–196, 199, 290

K
kariotyp 103, 136, 152–155, 158
klimaks 358, 400
klonowanie
– człowieka 198
– DNA 171, 179–181, 183, 219
– komórek 193–194
– mikroorganizmów 193–194
– reprodukcyjne 198–199
– roślin 194
– terapeutyczne 198–199
– zwierząt 194–195, 198
kod genetyczny 35, 60
kodominacja 80–81, 84, 115
kodon
– START 37, 39, 40–42, 44, 50, 57, 179
– STOP 37, 39, 44, 50, 179
koewolucja 283
komensalizm 337–338, 400
komórki macierzyste 209–211, 220
konkurencja
– międzygatunkowa 342, 344–345, 400
– wewnątrzgatunkowa 326, 342, 343, 400
konsumenci 356–357, 360, 362–366, 371, 401
konwergencja 243, 246, 322
korytarz ekologiczny 382, 384, 393, 397
kwasy nukleinowe 6, 34–35, 59, 175, 212, 287
kwaśne opady 388

L
liczebność populacji 189, 263, 266, 282, 325, 330, 333, 335–336, 343–345, 349, 353, 357, 394, 400
ligazy 16–17, 19, 21, 169–170, 172, 179, 181–182, 218–219

Ł
łańcuch
– detrytusowy 361, 401
– spasania 361, 401
– troficzny (pokarmowy) 356, 361–362, 364, 368, 383, 401

M
makroewolucja 234, 281
malaria 260–261
mapa genowa 100, 200
masowe wymierania 294
migracja 262–264, 306, 327–329, 336, 353, 382, 384, 400
mikoryza 166, 339
mikroewolucja 234, 281, 310
mikromacierz DNA 203–204
mikrorozmnażanie 194
mikrowstrzeliwanie 184, 187
mimetyzm 284–285, 352
mimikra 284, 352
modyfikacje
– potranskrypcyjne RNA 37, 60
– potranslacyjne białek 48, 60
monosomia 138, 153–154, 158
mukowiscydoza 82, 145, 158, 177, 203, 260
mutacje
– chromosomowe 136–138, 152, 157, 275
– generatywne 132–133, 157
– genowe 134–135, 157, 177, 252
– indukowane 133, 157
– korzystne 139
– letalne 132, 139, 326
– liczbowe 136, 138
– neutralne 139
– somatyczne 132–133, 157
– spontaniczne 133, 157
– strukturalne 136, 137
– subletalne 139
mutualizm
– fakultatywny (protokooperacja) 337, 339, 341, 400
– obligatoryjny (symbioza) 337, 339, 340, 400

N
naczelne 297–298
narządy
– analogiczne 243, 246, 305, 322
– homologiczne 243–244, 305
– szczątkowe 248, 305
nisza ekologiczna 316, 399
nitryfikacja 368
norma reakcji genotypu 122
nukleosom 32–33, 54
nukleotyd 6–8, 13–16, 22, 35, 37, 59, 133–135, 170, 175, 178, 249

O
oczko replikacyjne 17–19, 23
odpad 133, 166–167, 218, 321, 396
odwrotna
– transkrypcja 40, 177, 182, 204
– transkryptaza 40, 177, 182, 219
ogon poli(A) 37, 39
operator 50–52
opór środowiska 326
organizm (organizmy)
– transgeniczny 185, 201–202
– zmodyfikowany genetycznie (GMO) 127, 164, 185, 189, 206
– wskaźnikowe (bioindykatory) 320–321

P
paleontologia 177, 229, 233, 237, 241, 296, 305
pasożytnictwo 166, 283, 337, 340, 342, 353, 355, 366, 400
pasożyt 166, 283, 325, 332, 341, 345, 348, 353–356, 366, 386, 400
patogen 165, 186, 189, 201–203, 205, 266, 326, 355
peptydylo-tRNA 43
plankton 357, 373
plazmid 28–30, 127, 172, 179–184, 186–187, 201, 208, 218–219
plejotropia 82, 115
pojemność środowiska 330
polimeraza
– DNA 16–22, 133, 169, 171, 176, 178, 218
– RNA 16, 23, 37–38, 50–56, 58, 60
– Taq 171, 176
poliploidalność 138, 276–277
poliploid 138, 276–277
polirybosom 44
prawo
– Hardy'ego–Weinberga 262, 306
– I prawo Mendla 69, 115
– II prawo Mendla 75, 115
– minimum 317
– tolerancji ekologicznej 317
prekursorowy mRNA (pre-mRNA) 36–37, 39, 56–57, 60
producent 356–357, 361–366, 369–371, 383, 401
produkcja
– pierwotna 365–367, 387

– wtórna 365, 367
produktywność ekosystemu 365
profil genetyczny 213–214
protoonkogen 139, 152, 203
przeciwciała monoklonalne 205–207
pseudogeny 28
pula genowa 262–266, 274, 306–307

R
radiacja adaptacyjna 277–278, 308
ramka odczytu 39
regulacja
– cyklu komórkowego 139
– dostępu do genu 54
– ekspresji genów 14, 49, 54, 57, 60
– inicjacji transkrypcji 55
– replikacji 23
reguła Chargaffa 8
reintrodukcja 394
rekombinacja 114, 123, 188, 234, 252–253, 325, 355
relikt 237, 242, 305, 374–375
replikacja DNA 16–18, 20–26, 31–32, 59 133, 136, 157, 180, 219, 288–289
represor 50–53
restytucja 394
RNA (kwas rybonukleinowy)
– informacyjny (mRNA) 13–15, 35–37, 39–44, 49–53, 56–57, 59–60, 135, 144, 182
– mały interferujący RNA (siRNA) 13–14, 36
– mały jądrowy RNA (snRNA) 13–15, 36–37
– mikroRNA (miRNA) 13–14, 36, 57
– rybosomowy (rRNA) 13–15, 30, 36–37, 59, 215
– transportujący (tRNA) 13–15, 30, 36–37, 40–44, 59
roślinożerność 283, 337, 342, 345, 348, 400
rozrodczość 232–233, 325–327, 343, 400
różnorodność
– biologiczna (bioróżnorodność) 191, 226, 294, 305, 321, 372–374, 380, 382–383, 385, 388, 390–391, 395–397, 401
– ekosystemowa 372, 401
– gatunkowa 280, 294, 363, 372, 374, 380, 401
– genetyczna 98, 266, 343, 372, 385, 401
rybosom 14–15, 36, 40–44, 50, 57–58, 111
rybozym 6, 14, 288

S
samoprzerzedzenie 343
sahelantrop 299
sekwencje
– centromerowe 28
– kodujące 22, 27, 37, 59, 182, 208, 219
– mikrosatelitarne (krótkie powtórzenia tandemowe, STR) 213, 214
– niekodujące 27, 37, 59
– palindromowe 169
– powtarzalne 28
– regulatorowe 50, 55–56, 179–182
– telomerowe (telomery) 22, 28
– terminacyjne 17–18
sekwencjonowanie DNA 171, 177–179, 183, 200, 203, 205, 214, 216, 219, 235
sieć pokarmowa (troficzna) 361–362, 374, 382
siedlisko 270, 294, 317, 322–323, 331, 336, 359, 383–386, 390, 392–394, 396–397, 399
skala porostowa 320
skamieniałości 227, 237–242, 282, 294, 299, 305, 395
sklerofity 323
składanie RNA 37, 39, 54, 57
smog 383, 389
sonda molekularna 175, 183, 203–204, 219
specjacja
– allopatryczna 274, 295, 307
– sympatryczna 274–275, 307
starter 16–22, 171, 176–178, 203, 213
stenobionty 319, 375, 399
stromatolity 289
substytucja 134–135, 144, 157
sukcesja ekologiczna
– pierwotna 358–359, 400
– wtórna 358–359, 400
sukulenty 323
systematyka filogenetyczna 249
szachownica Punnetta 69
szczepionki
– DNA 201–202
– glebowe 166
– przeciwnowotworowe 202
– spersonalizowane 202
– RNA 201–202
– rekombinowane 201–202
sztuczny chromosom 180

Ś
śmiertelność 325–326, 330, 336, 343, 400

T
telomeraza 22, 40
tempo ewolucji 281–282, 290
teoria
– doboru naturalnego 233, 305
– endosymbiozy 290
– ewolucji 229, 237, 305
– metapopulacji 336, 400
terapia genowa 144, 200, 206, 212, 216–217, 220
terytorializm 331, 343
tolerancja ekologiczna 317–319, 322–323, 375, 399
transkrypcja 36–40, 44, 49–56, 58, 60, 104, 135
translacja 14, 36–37, 39–42, 44, 48–54, 56–58, 60, 135
translokacja 137, 152, 157–158
transplantacja jąder komórkowych 196–197, 220
transpozony 125
transwersja 134, 157
tranzycja 134, 157
trisomia 136, 138, 153–154, 156, 158
tymina 6, 8, 59, 144

U
ustalanie ojcostwa 214
uracyl 13, 37, 59

W
walka o byt 232–233
warstwa ozonowa 387
wektor 179–184, 186, 188, 201, 211–212, 219–220
widełki replikacyjne 17–18, 21
włókno
– 30 nm (solenoid) 32
– chromatynowe 33
wzrost
– logistyczny populacji 330
– wykładniczy populacji 330

Z
zagęszczenie (populacji) 327, 330, 335, 343, 353, 400
zasady azotowe 6, 8, 13–14, 59
zasięg przestrzenny (populacji) 331
zespół
– Downa 153, 156, 158
– Klinefeltera 155, 158
– Turnera 154–155, 158
zęby Darwina 230, 277–279
zmienność
– ciągła 126, 157
– fluktuacyjna 122
– genetyczna 122–123, 127, 157
– mutacyjna 122–123, 125
– rekombinacyjna 122–123, 125
– modyfikacyjna 122
– nieciągła 126, 157
– środowiskowa 122, 157

Ż
żywe skamieniałości 242, 374

Literatura uzupełniająca

Alberts B. i in., *Podstawy biologii komórki*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2015.
Aramini M., *Bioetyka dla wszystkich*, Wydawnictwo eSPe, Kraków 2011.
Avise C.A., *Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja*, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2008.
Berg J.M., Tymoczko J.L., Stryer L., *Biochemia*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2013.
Brown T.A., *Genomy*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.
Buchowicz J., *Biotechnologia molekularna*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.
Campbell N.A. i in., *Biologia*, Dom Wydawniczy REBIS, Poznań 2018.
Charon K.M., Świtoński M., *Genetyka zwierząt*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.
Dobrzańska B., Dobrzański G., Kiełczewski D., *Ochrona środowiska przyrodniczego*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2012.
Drewa G., Ferenc T. (red.), *Genetyka medyczna*, Elsevier Urban & Partner, Wrocław 2013.
Dzik J., *Dzieje życia na Ziemi*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2011.
Dzik J., *Zoologia. Różnorodność i pokrewieństwa zwierząt*, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2015.
Futuyma D.J., *Ewolucja*, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2008.
Gołąb J., Jakóbisiak M., Lasek W., Stoklosa T. (red.), *Immunologia*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2019.
Jaroszyk F. (red.), *Biofizyka*, Wydawnictwo Lekarskie PZWL, Warszawa 2014.
Jurgowiak M., *Biologia – przed egzaminem na akademie medyczne*, Wydawnictwo Lekarskie PZWL, Warszawa 1999.
Jurgowiak M., Oliński R., *Dwulicowy uracyl*, „Wiedza i Życie" 2011, nr 1.
Jurgowiak M., *Gdy elektrownia szwankuje*, „Wiedza i Życie" 2006, nr 6.
Kajak Z., *Hydrobiologia. Ekosystemy wód śródlądowych*, Dział Wydawnictw Filii UW w Białymstoku, Białystok 1995.
Krebs Ch.J., *Ekologia*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2011.
Krzanowska H., Łomnicki A., Rafiński J., Szarski H., Szymura J.M., *Zarys mechanizmów ewolucji*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2002.
Łomnicki A., *Ekologia ewolucyjna*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2012.
Mackenzie A., Ball A.S., Virdee S.R., *Krótkie wykłady. Ekologia*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2005.
Malepszy S. (red.), *Biotechnologia roślin*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.
Meissner W., *Przewodnik do ćwiczeń z przedmiotu metody statystyczne w biologii*, Wydawnictwo Uniwersytetu Gdańskiego, Gdańsk 2014.
Nowak Z. (red.), *Genetyka zwierząt w teorii i praktyce*, Wydawnictwo SGGW, Warszawa 2015.
Passarge E., *Genetyka. Ilustrowany przewodnik*, Wydawnictwo Lekarskie PZWL, Warszawa 2004.
Pullin A.S., *Biologiczne podstawy ochrony przyrody*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2005.
Ryszkiewicz M., *Pożegnanie z Afryką*, Wydawnictwo Aqua-Terr, Warszawa 1998.
Salyers A.A., Whitt D.D., *Mikrobiologia*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2010.
Solomon E.P., Berg L.R., Martin D.W., Villee C.A., *Biologia*, MULTICO Oficyna Wydawnicza, Warszawa 2011.
Strzałko J. (red.), *Słownik terminów biologicznych*, Wydawnictwo Naukowe UAM, Poznań 2006.
Symonides E., *Ochrona przyrody*, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2008.
Walker C.H., Hopkin S.P., Sibly R.M., Peakall D.B., *Podstawy ekotoksykologii*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2002.
Weiner J., *Życie i ewolucja biosfery*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2020.
Węgleński P. (red.), *Genetyka molekularna*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2006.
Winter P.C., Hickey G.I., Fletcher H.L., *Genetyka. Krótkie wykłady*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2006.
Żebrowska J., *Genetyka i hodowla roślin z elementami biotechnologii*, Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, Lublin 2018.

Autorzy ilustracji:

Ewelina Baran: 30, 34, 50 (enzymy), 51(enzymy), 52, (enzym), 53 (enzym), 56 (różowe białko), 187 (roślina), 196 (tło), 197 (tło), 230 (żółw – dół, kaktus, opuncja), 231 (szkice: mylodon, glyptodon), 244, 245, 246, 247, 250 (piktogramy: minóg, okoń, żaba, jaszczurka), 327 (ryba); **Elżbieta Buczkowska:** 14 (mRNA), 23, 30 (lewa strona), 35, 67 (kwiat grochu), 68 (krzaczek), 94 (cykl), 95, 99 (owady), 100 (owady), 193, 199 (pierwowzór ilustracji), 209 (komórka nerwowa), 248, 261, 373 (ilustracja dolna i górna), 376, 380, 388, 393 (mapa Polski); **Rafał Buczkowski:** 8 (lewa strona), 14 (mRNA), 16, 50 (enzymy), 51 (enzymy), 52 (enzym), 53 (enzym), 55 (DNA), 56 (różowe białko), 196 (jądro komórkowe), 197 (jądro komórkowe), 199 (serce), 298, 358; **Monika Brózda:** 29; **Marta Długokęcka:** 339 (mikoryza); **Zuzanna Dudzic:** 171, 210 (kompozycja, tkanki, ostatnie naczynie), 212 (kompozycja); **Natalia Helman:** 108 (postacie), 149 (ikony dorosłych), 164, 199 (kobieta), 209 (komórki mięśniowe), 321 (świnka); **Wioleta Herczyńska:** 12, 14 (mRNA), 15, 29, 30 (komórka zwierzęca i roślinna), 31 (góra), 42, 43, 44 (góra), 49 (góra), 56 (różowe białko), 57 (białko), 63, 127, 178, 199 (pierwowzór ilustracji, mózg), 209 (komórki mięśniowe), 226, 228, 231 (szkielety), 346 (wnętrzności), 250 (rysunek żaby), 251, 290, 358, 363 (roślina), 388; **Ewa Kaletyn:** 240; **Przemysław Kłosin:** 32, 33, 54, 250 (rysunek jaszczurka); **Agata Knajdek:** 42 (komórka w rogu), 108 (postacie), 135, 149 (ikony dorosłych), 321 (drzewo), 396 (postacie); **Marcin Kołacz:** 91 (tabela); **Adam Król:** 321 (fabryka, wieżowce, ratusz); **Sławomir Maniak:** 320; **Laura Maziewska:** 12 (wata, bakteriofag, bakteria), 24 (góra, schemat), 25 (lewa strona, schematy), 26 (kolba stożkowa, schematy), 27, 30 (dół), 34, 36 (kompozycja), 40 (kompozycja), 44 (dół), 46, 49 (góra) 50 (wałki), 51 (wałki, puzle), 52 (DNA, mRNA), 53 (DNA, mRNA), 55, 56, 57 (mRNA), 61, 64, 67 (liście), 80, 82, 87, 89 (góra), 118, 120, 124, 128, 129, 132, 140, 161, 172, 174, 177 (fioletowy bąbel, kompozycja), 178, 180, 181, 182, 183, 187 (kompozycja), 188 (kompozycja), 195 (komórka kijanki, kolor kijanki, kompozycja), 199 (komórka niebieska, dziecko, małe komórki różowe), 201, 202 (białko fuzyjne, uproszczenie komórek, kompozycja), 204, 208 (kółka, niebieskie kapsułki), 215 (kompozycja), 219, 222, 224, 227, 235, 236 (wata, słoik, stempel, kompozycja), 241, 245 (kości), 246 (kości, schematy oka), 248 (wektor), 250 (piktogramy: lew, lancetnik, schemat), 254, 255, 258, 260, 264, 265, 269, 270, 272, 277 (kompozycja), 286, 287, 290 (bakteria, DNA), 291, 292, 293, 294, 304, 306 (góra), 307 (lewa okrągła ilustracja, dolny schemat), 310, 311, 312, 316, 321 (larwy, czaszka, traktor, gospodarstwo rolne, rzeka), 327 (strzałka, wykres), 330, 333 (góra), 334, 335, 336 (schemat, synteza), 339 (korzeń), 343, 349, 361 (królik, lis, wilk, ogryzek, robak, ptak, schemat), 363 (grzyby, detale biotop), 364, 365, 366, 383, 387 (strzałka, kompozycja), 393 (kompozycja), 396 (dolar, kompozycja), 402, 404 (wykres liniowy); **Krzysztof Mrawiński:** 14 (mRNA), 59 (środek), 60 (dół), 111, 116, 126 (wykres słupkowy), 127, 130, 131, 193, 195 (komórka zarodka), 230 (dwa duże żółwie, kompozycja), 280, 306 (dół), 317, 319, 333, 363 (wykres), 384 (kompozycja), 404 (wykres słupkowy), 405; Marek Nawrocki: 59 (dół), 84, 89 (dół); Marcin Oleksak: 240, 278, 279, 302, 303, 328, 329, 350, 351, 358 (palący się las i zgliszcza); **Paulina Podolska:** 31 (góra), 37, 39 (pre-mRNA), 48 (ilustracja lewa), 91 (wykres), 126 (wykres kołowy), 143, 156, 161, 165 (żmija, koń), 192, 194, 214, 345; **Joanna Ptak:** 6, 7, 8 (prawa strona), 12 (probówka), 13, 14 (tRNA), 18, 19, 20 (schemat górny, kompozycja), 21 (kompozycja), 22, 24 (probówka), 25 (probówka), 26 (probówka), 27, 31 (dolny schemat), 39 (pre-mRNA), 41 (tRNA), 49 (dół), 56, 57 (schemat), 59 (góra, dół), 60 (góra), 63, 91 (wykres), 94 (chromosomy), 96 (lewa strona), 97 (góra i lewa strona), 98, 101, 105, 108, 132, 135, 138, 144 (dół), 149 (góra, układ), 165 (probówka), 170, 171 (pipeta), 176 (kompozycja), 181 (naczynie), 182 (naczynie), 183 (naczynia), 187 (naczynie, komórki), 188 (naczynie, plemnik, komórka), 194 (naczynie), 196 (ikonki, tło, kompozycja), 197 (linia czasu, ikonki, owca linearna, tło, kompozycja), 201, 202 (fantom, naczynie), 307 (ilustracja zielona), 209 (krwinki czerwone), 210 (naczynie, pipeta), 212 (naczynie, posłać), 214, 215 (schemat, ikonki), 230 (piktogramy żółwi i statku, mapa), 231 (piktogram statku, mapa, schemat), 236 (naczynia szklane), 239, 253 (naczynie), 260 (krwinka czerwona), 261, 264, 266, 275, 276, 277 (chromosomy), 291, 307 (prawa strona), 321 (kompozycja), 327 (fantom), 361 (listki), 363 (biotop, kompozycja), 364, 365, 366, 384 (Ziemia), 387 (słońce, ziemia); **Marcin Ptak:** 35, 176, 177 (wałki, niebieski bąbel), 178, 196 (owce, komórki, strzałki), 193 (dziecko), 197 (owce, komórki, strzałki, paralizator), 346 (montaż); **Wojciech Sendal:** 83 (mysz), 89 (mysz), 91 (tabela), 105, 149 (ikony dzieci), 165 (strzykawka, worek z krwią, kompozycja), 188 (mysz, komórka, blastocysta), 195 (blastocysta), 199 (komórka różowa, blastocysta), 363 (mysz); Ewa Sowulewska: 10, 11, 14 (rybosom), 20 (wektor), 21 (wektor), 23, 33 (pętla), 36 (elementy), 38, 39 (dół), 40, 41 (kula), 42, 43, 44 (ilustracja góra i dół), 49 (kule), 51 (polimeraza RNA), 52 (polimeraza RNA), 53 (polimeraza RNA), 56, 57 (rybosom, białka), 58, 59 (góra), 64, 68, 69, 70, 72, 75, 76, 79, 80, 81, 82, 83 (królik), 84, 87, 89 (dół), 93, 96 (prawa strona), 97 (prawa strona), 98 (górny i środkowy), 99 (schematy), 100 (wałek), 104, 111, 112, 113, 116, 132, 135, 137, 140, 144, 145, 149 (dolna) 152, 170, 178, 195 (kijanka czarno-biała), 199 (mięsień, kość), 202 (komórka zielona, beżowa, pomarańczowa), 205, 207, 208 (kulki, łańcuch, kompozycja), 209 (polipy, komórka nabłonka płuc, komórki trzustki, komórki skóry, kompozycja), 211, 212 (DNA, wirus, komórki), 253 (schemat), 265 (kulki), 266 (kulki), 275 (kulki), 276 (kulki), 318, 336, 396 (Ziemia); **Magdalena Wolnicka-Maryniak:** 232; **YPD:** 289; **Zespół Kartograficzny Nowa Era:** 230, 231, 253, 295, 300.

Projekty graficzne:

Ewelina Baran, Joanna Ptak, Krzysztof Mrawiński: 230–231; **Ewelina Baran, Marcin Kołacz:** 214–215, 216–217; **Marcin Kołacz, Piotr Rudź:** 239; **Marcin Oleksak:** 278–279, 302–303, 238–239, 350–351; **Marcin Kołacz:** 31, 32–33, 38–39, 42–43, 52–53, 67, 68, 96–97, 107, 164, 165, 166–167, 168, 175, 187, 190–191, 207, 216–217, 234–235, 240, 242, 254, 256–257, 259, 270–271, 272, 273, 275, 276, 284–285, 292–293, 297, 301, 315, 321, 323, 324, 332, 338, 340–341, 347, 352, 354 358, 359, 360, 362, 369, 371, 374, 376–378, 381, 386, 387, 392, 393; **Joanna Ptak:** 20–21; **Joanna Ptak, Marcin Ptak:** 196–197; **Piotr Rudź:** 379, 395; **Grażyna Truchlińska:** 108.

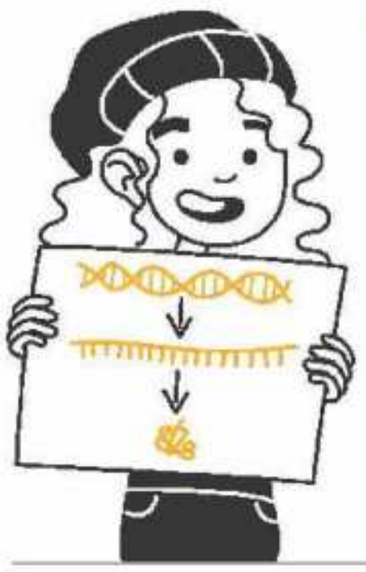
Zdjęcia pochodzą ze zbiorów:

BE&W: Photoresearchers/Biophoto Associates s. 103 (chromosomy SEM), Phototake s. 103 (kariotyp), Nature Picture Library (NPL)/Nick Upton s. 107 (Śniedek pirenejski), NPL/Willem Kolvoort s. 122, Photoresearchers/Biophoto Associates s. 146, Heritageimages/The Print Collector s. 147, Phototake s. 153–155, Alamy Stock Photo (ASP)/Denis Crawford s. 166 (kruszynek), ASP/Karel Tupy s. 168 (kadzie do ważenia piwa), ASP/Richard Watkins s. 179, ASP/Alla Rudenko s. 191 (opakowania biodegradowalne), ASP/Science History Images s. 200 (mapa genetyczna człowieka), ASP/VPC Travel Photo s. 227, ASP/access rights from UtCon Collection s. 230 (Karol Darwin), Science Source/Millard H. Sharp s. 231 (szkielet leniwca), ASP/The Natural History Museum s. 231 (pancernik Glyptodon), ASP/Arterra Picture Library s. 234 (żyrafa), Dorling Kindersley s. 239 (skamieniałość Archeopteryksa), NPL/Nick Hawkins s. 240 (skamieniałe liście paproci), NPL/Philippe Clement s. 241 (amonity), ASP/John Cancalosi s. 241 (trylobit), NPL/David Fleetham s. 242 (Latimeria), Mary Evans Picture Library/ardea.com/John Cancalosi s. 242 (skamieniały skrzypłocz), NPL/Sylvain Cordier s. 249, NPL/Alex Hyde s. 255 (krępak nabrzozak), NPL/Visuals Unlimited s. 255 (Acmea digitalis ciemne i jasne), NPL/Steven David Miller s. 257 (altanniki), NPL/Phil Savoie s. 257 (pszczoły miodne), ASP/blickwinkel s. 258 (samiec gupika), ASP/Robert HENNO s. 258 (samiec gupika), ASP/Ger Bosma s. 259 (golce), ASP/Holger Ehlers s. 263 (wilk leśny), ASP/Jim Cumming s. 263 (wilk syberyjski), Imagebroker RM/Saverio Gatto s. 263 (wilk japoński), NPL/Steve Knell s. 270 (żaby trawne), NPL/Solvin Zankl s. 270 (żaby moczarowe), NPL/Claudio Contreras s. 270 (szyszka sosny), NPL/Tui De Roy s. 271 (głuptaki niebieskonogie), NPL/Andy Rouse s. 271 (głuptaki galapagoskie), NPL/Sergio Hanquet s. 271 (jeżowce), NPL/Visuals Unlimited s. 272 (salamandra), NPL/Robert Valentic s. 273 (żaba śmieszka), NPL/Wild Wonders of Europe/Widstrand s. 273 (żaba jeziorkowa), NPL/Tim Laman s. 280 (ptak rajski), NPL/Markus Varesvuo s. 280 (jerzyk), NPL/Kim Taylor s. 280 (koliber), NPL/Gerrit Vyn s. 281 (preriokur), NPL/Daniel Heuclin s. 281 (wodnogama), Imagebroker RM/Jspix s. 282 (okapi), Mint Images/Frans Lanting s. 283 (storczyk), NPL/Rolf Nussbaumer s. 284 (Battus philenor, Limenitis arthemis), NPL/Rod Williams s. 284 (prążec, gnilun), NPL/Nick Upton s. 284 (bzyg), NPL/Kim Taylor s. 285 (patyczak), NPL/Rolf Nussbaumer s. 285 (ćma), NPL/Alex Hyde s. 285 (modliszka), NPL/Daniel Heuclin s. 296, ASP/Robbi Akbari Kamaruddin s. 297 (orangutan), ASP/blickwinkel s. 299, NPL/Anup Shah s. 301 (szympans), ASP/blickwinkel s. 314 (zimorodek w gnieździe), NPL/Matthew Maran s. 315 (lis ze zdobyczą), NPL/Markus Varesvuo s. 315 (lis rudy), ASP/Arterra Picture Library s. 319, ASP/Fero Bedna s. 320 (strefa 5), NPL/Adrian Davies s. 320 (strefa 6), ASP/Juan Carlos Juarez s. 323 (rogatek), NPL/Alex Hyde s. 324 (rojnik), Arco Images GmbH/W. Layer s. 325 (mysz z młodymi), ASP/blickwinkel s. 325 (uciekająca nornica), NPL/2020VISION/Richard Steel s. 325 (gronostaj), Hans Verburg / Alamy Stock Photo s. 326, ASP/blickwinkel s. 331 (mniszki lekarskie), NPL/Mark Hamblin s. 332 (renifery), Science Source/Fletcher & Baylis s. 338 (storczyk), ASP/Frank Hecker s. 339 (trzmiel), NPL/Jussi Murtosaari s. 342 (larwa), ASP/Wildscotphotos s. 342 (motyl), NPL/Simon Colmer s. 346 (larwa), ASP/blickwinkel s. 353, NPL/Horian Mollers s. 355 (stado rokselan), ASP/cbimages s. 355 (murena), ASP/Emmanuel Lattes s. 360 (zakwit sinic), ASP/Vasiliy Vishnevskiy s. 362 (myszarka), ASP/Don Johnston_IH s. 363, ASP/BSIP SA s. 369 (bakterie denitryfikacyjne), ASP/blickwinkel s. 372 (konik pospolity czerwony), ASP/Icopictures s. 372 (konik pospolity zielony), ASP/Ilonri Koskinen s. 374 (podwój), ASP/SeaTops s. 376, ASP/Steffen Binke s. 380, ASP/Trans Lemmens s. 384 (przejście dla zwierząt), ASP/Mike Lane s. 386 (norka amerykańska), ASP/Marek Idowski s. 395 (Dolina Rzeki Grabi), ASP/Panther Media GmbH s. 398 (*Camptotheca acuminate*), ASP/Marks Flowers s. 398 (herbata chińska); **EAST NEWS:** Cavallini James/BSIP s. 23, REPORTER/Łukasz Szczepański s. 167 (oczyszczalnia ścieków), Phanie s. 183; **FORUM:** Daniel Pach s. 393 (Dolina Dwóch Cy), Marek Skorupski s. 393 (Szlak Orlich Gniazd); **GETTY IMAGES:** Corbis RF Stills/Veer/Fancy s. 97, 500px Plus/MH s. 107 (kwiat łopnicy), iStockphoto/xtrekx s. 136, E+/Alexander Chernyakov s. 164 (rolnictwo), E+/AJ Wattamaniuk s. 164 (przemysł), iStockphoto/DNY59 s. 164 (działania prawne), iStockphoto/Reptile8488 s. 165 (bioreaktor), iStockphoto/fotyma s. 165 (pomarańcza), iStockphoto/Dr_Microbe s. 165 (pędzlak), iStockphoto/Nnehring s. 166 (bakterie brodawkowe), Universal Images Group Editoria/Andia.fr/Thiriet s. 166 (larwa biedronki), E+/CasarsaGuru s. 167 (kompostownik), iStockphoto/senorcampesino s. 167 (biogazownia), iStockphoto/Mariana Mikhailova s. 168 (kiszone ogórki), iStockphoto/bdspn s. 185 (insulina), iStockphoto/Somrakjendee s. 185 (soja), Amana Images Inc s. 190 (kłosy ryżu), iStockphoto/PetlinDmitry s. 190 (mysz), E+/fcafotodigital s. 190 (sery), EyeEm/RicoK s. 191 (ziemniaki), E+/D-Keine s. 191 (Stop GMO), iStockphoto/unoL s. 210, iStockphoto/cosmin4000 s. 235 (łańcuch DNA), Science Photo Library RF/Leonello Calvetti s. 239 (model Archeopteryksa), Corbis Documentary RF/Naturfoto Honal s. 240 (skamieniałość ryby), E+/Topalov Djura s. 242 (miłorząb), 500px Plus/SandraGreenwell s. 242 (skrzyplocz), Moment RF/Adam Gor s. 256 (cykada), imageBROKER/Ronald Wittek s. 256 (żaba zielona), E+/DamianKuzdak s. 256 (jeleń), Photographer's Choice RF/Jean-Paul Nacivet s. 257 (ptak rajski), Moment RF/Vicki Jauron s. 259 (lwice z młodymi), istockphoto/Pavol Klimek s. 263 (wilk europejski), Corbis Documentary RF/Staffan Widstrand s. 263 (wilk polarny), Moment RF/Kristian Bell s. 265, E+/Peartree Photography s. 266, iStockphoto/Gerald and Buff Corsi/Focus on Nature s. 270 (szyszka sosny), E+/Michael Valdez s. 272 (polo bawełny), imageBROKER RF/Stefan Huwiler s. 273 (żaba wodna), imageBROKER RF/Rolf Nussbaumer s. 275 (wiewiórka ziemna), Moment RF/zeesstof s. 275 (Wielki Kanion), iStockphoto/Galina Sandalova s. 276 (owoce głogu), iStockphoto/Viktorus s. 276 (owoce jabłoni), Moment RF/Rudolf Vlcek Photography s. 284 (osa niemiecka), Stone RF/Ed Reschke s. 285 (owady Umbonia), istockphoto/GlobalP s. 297 (mandryl), istockphoto/zokru s. 297 (goryl), istockphoto/GlobalP s. 297 (szympans), istockphoto/Ridofranz s. 297 (człowiek), 500px/Dipankar Bakshi s. 313, 500px/Abinav Manikantan s. 314 (zimorodek), Moment RF/huoguangliang s. 314 (oczyszczalnia ścieków), Photodisc/Enrique R. Aguirre Aves s. 315 (lis z młodymi), Moment RF/Cappi Thompson s. 315 (lis na polanie), Moment RF/Viktor Posnov s. 315 (jezioro w lesie), Stocktrek Images s. 315 (Ziemia), 500px/Gabriele Rivolta s. 317, Stone RF/Ed Reschke s. 320 (strefa 7), View Stock RF s. 321, 500px Plus/Andrei Verdeanu s. 323 (zawilce), Moment RF/Børth Aadne Sætrenes s. 323 (wrzos), Stone RF/Martin Ruegner s. 323 (klon), Moment RF/Simon McGill s. 323 (aloes), Moment Open/Gary Chalker s. 325 (nornice), Moment RF/Kieran Stone s. 331 (kolonia głuptaków), iStockphoto/Andyworks s. 331 (wataha wilków), 500px Prime s. 332 (surykatki), Stone RF/Manoj Shah s. 338 (bawół), Moment RF/Chase Dekker s. 338 (humbak), Moment RF/Laszlo Podor s. 340 (porost), Arthit Thi-Ngakhmuea/EyeEm s. 340 (termity), Danita Delimont s. 340 (koralowce), Moment RF/Barbara Neal s. 341 (wiewiórka), Moment RF/Rodolfo Parulan Jr. s. 341 (mrówki i mszyce), Martin Harvey s. 341 (nosorożec), The Image Bank RF/Gerard Soury s. 341 (krab), Fotosearch RF s. 347 (mięta), Moment RF s. 347 (jasnota), E+/Bruce Block s. 348 (pająk), Moment RF/Vicki Jauron s. 348 (kameleon), The Image Bank RF s. 348 (gepard), Moment RF/sasphotography67 s. 352 (widłoróg), Moment RF/Tobias Ackeborn s. 356 (sarna), 500px Prime s. 356 (sad), The Image Bank RF s. 356 (krowy), Moment RF/Børth Aadne Sætrenes s. 357 (jezioro w lesie), Johner RF/Naturbild AB s. 357 (nietoperze), EyeEm/Raffaela Rauschenberger s. 359 (porosty), iStockphoto/GlobalP s. 362 (lis rudy), iStockphoto/Svetlana Mihailova s. 362 (zaskroniec), iStockphoto/Avalon_Studio s. 362 (poziomki), E+/LockieCurrie s. 369 (fasola), anna1311 s. 371 (poziomki), Moment RF/rbkomar s. 374 (malina moroszka), Moment RF/Juan Carlos Vindas s. 374 (kośnik czubaty), iStockphoto/Marcus Lindstrom s. 377 (tajga), Corbis Documentary RF/Ron Sanford s. 377 (tundra), Moment RF/Nick Brundle Photography s. 377 (las liściasty), iStockphoto/bdfyjdbx s. 377 (makia), iStockphoto/Ramdan_Nain s. 378 (las równikowy), iStockphoto/czekma13 s. 378 (sawanna), Tetra images RF s. 378 (step), Moment RF/Paul Biris s. 378 (pustynia), Moment RF/Frédéric Desmoulins s. 379 (estuarium), 500px Plus/R Square Photo s. 381 (lis polarny), Westend61 / Martin Hügner s. 381 (pingwin cesarski), Moment RF s. 381 (pingwin przylądkowy), iStockphoto/altfoto s. 382 (zbiór soli), Moment Open/Rory McDonald s. 384 (plaża), Stone RF s. 385 (wieloryb), Moment RF/Nora Carol Photography s. 385 (plantacja), Corbis Documentary RF/Billy Hustace s. 390 (sortownia odpadów), iStockphoto/Antagain s. 391 (krowy), Moment RF/Mats Brynolf s. 392 (dubelt), imageBROKER RF s. 394 (żubr), 397 (sieweczka); **INDIGO IMAGES:** Science Photo Library (SPL)/Maurizio de Angelis – okładka, SPL s. 5, 7, 14, 18, 33, 41, 58, SPL/Dennis Kunkel Microscopy s. 65, Werner Meidinger/imageBROKER s. 67, SPL s. 73 (oko brązowe i oko błękitne), 94, 105 (Ciałko Barra), SPL/Ozgur Kerem Bulur s. 107 (kwiat ogórka), SPL s. 121, 123, 125 (kolby kukurydzy, lis srebrny), 163, 166 (grzybnia), SPL/Steve Gschmeissner s. 166 (bakterie *Rhizobium*), 168 (Saccharomyces cerevisiae, bakterie Lactobacillus), SPL s. 169, 175, 204, 205, Science Photo Library RF/Microgen Images s. 216 (komórki macierzyste), SPL s. 216 (ryż, bakterie), Design Pics/Bill Barksdale s. 217 (superchwast), SPL s. 217 (płody ludzkie pokryte autoradiografem DNA), SPL/Martin Bond s. 225, SPL s. 226, 234 (mucha, groszek), 235 (chromosomy), SPL/Natural History Museum s. 239 (szkielet *Hyracotherium*), SPL s. 239 (rekonstrukcja wyglądu Hyracotherium), SPL/Frank Fox s. 240 (owad w bursztynie), SPL s. 242 (skamieniałość miłorzębu, skamieniałość ryby), 248, 261, agefotostock/Gaston Piccinetti s. 263 (wilk meksykański), agefotostock/Xavier Vila s. 272 (muł), SPL s. 275 (wiewiórka białogonowa), Klaus-Peter Wolf/imageBROKER s. 282 (szkielet jelenia), Mary Evans/Natural History Museum s. 283 (ćma), SPL/Dennis Kunkel Microscopy s. 288 (protist), SPL s. 288 (gorące źródła), Minden Pictures/Hiroya Minakuchi s. 289, SPL s. 291, 337, 340 (porost obraz SEM), SPL/Ruben Duro s. 340 (protist), SPL s. 344 (Penicillium), 347 (kolce dzikiej róży, lithops), 354 (mszyca, tasiemiec), SPL/NASA MODIS Science Team s. 365, SPL s. 367, 368, 369 (bakterie brodawkowe, bakterie glebowe, bakterie nitryfikacyjne), SPL/NASA Goddard Space Flight Center s. 387; **SHUTTERSTOCK:** nobeastsofierce s. 39, oksana2010 s. 68, Borkin Vadim s. 72 (kot brytyjski czekoladowy), OrangeGroup s. 72 (kot brytyjski czarny), worldlandscape s. 80, Luis Lira s. 82, Tiki551 s. 105 (kot), Southtownboy Studio s. 108, Elena Yakusheva s. 110, Tim UR s. 138, Connect World s. 164 (medycyna), khak s. 164 (woda), New Africa s. 165 (surowica), paulynn s. 167 (opakowania), vkuslandia s. 168 (ciasto drożdżowe), FabrikaSimf s. 168 (sery), Elena Rostunova s. 185 (goździki), Kitti Sukhonthanit s. 194, Traveller70 s. 216 (rzodkiewnik), Fred Marie s. 217 (zagrożenia biologiczne), Maggy Meyer s. 234 (lew i bawół), Isak55 s. 235 (kodowanie DNA), siloto s. 238, Kuttelvaserova Stuchelova s. 259 (larwy pszczół), Mark Sheridan-Johnson s. 271 (galago), Yuangeng Zhang s. 276 (nasiennice), RL Smith s. 280 (talerzowron), Eric Isselee s. 297 (gibon, lemur), Ghing s. 297 (wyrak), Perla Sofia s. 297 (wyjec), Danny Hummel s. 301 (*Ujippia plicata*), Egy Amelia Paraditha s. 301 (*Aspilia Africana*), Starover Sibiriak s. 301 (krwawnik), Marie Shark s. 301 (*Vernonia amygdalina*), Chulima Chaochaiya s. 320 (strefa 1), Emilio100 s. 320 (strefa 3), Jurik Peter s. 320 (strefa 4), Giedrius s. 322 (niedźwiedzie brunatne), kasakphoto s. 322 (wspinacze w górach), Borlevky s. 324 (Tatry), Misne s. 324 (dębik), Tina Case s. 327, Dr Ajay Kumar Singh s. 331 (lampart), Incredible Arctic s. 332 (stado alczyków), Fotofermer s. 335, David Havel s. 339 (tojad), Angel DiBilio s. 340 (mrówki i akacje), Michael Roeder s. 343, Edwin Godinho s. 344 (wiewiórka szara), Sabine Heindorf s. 344 (kukurydza), photowind s. 344 (burak), Ihor Hvozdetskyi s. 346 (żubr), Digoarpi s. 347 (ciernie śliwy tarniny), Simon Grocwe s. 347 (wilcza jagoda), Sigitas Sirvydas s. 348 (szczupak), Geoffrey Kuchera s. 352 (skunks), Starover Sibiriak s. 352 (jaszczurka), Kletr s. 359 (rekultywacja), Krit_Dm s. 360 (martwe ryby), Anton MirMar s. 362 (gadożer), oksana2010 s. 362 (koniczyna), D. Kucharski K. Kucharska s. 362 (ogrodnica), Eric Isselee s. 362 (pomrów), yevgeniy11 s. 369 (mysz), vic_nick s. 369 (czarka), New Africa s. 369 (nawozy sztuczne), Rich Carey s. 370, yevgeniy11 s. 371 (mysz), vic_nick s. 371 (czarka), cynoclub s. 371 (myszołów), Elena Berd s. 371 (wybuch wulkanu), IvaFoto s. 371 (dymiące kominy), Curioso.Photography s. 372 (ujście rzeki), Miroslav Hlavko s. 372 (susel), Natalia Sokolovska s. 372 (staw), Ondrej Chvatal s. 375 (lemury), Piotr Krzeslak s. 379 (jezioro), Shalith s. 379 (rzeka), Vlad61 s. 379 (rafa koralowa), Zyryane s. 379 (brzeg morski), Alexey Smyshlyaev s. 381 (fenek), Jinning Li s. 382 (opryski), Mik Lav s. 383 (kopalnia odkrywkowa), Funny Solution Studio s. 383 (metropolia), Przemyslaw Muszynski s. 386 (barszcz Sosnowskiego), Anticiclo s. 388, fotohuta s. 389, Butterfly Hunter s. 390 (biegus), photowind s. 391 (proso), GuliverPol s. 391 (jabłoń), Filip Olejowski s. 392 (Rezerwat Beka), ANGHI s. 393 (lilia), Michael Thaler s. 394 (susel), Tony Mills s. 394 (foki), Petr Muckstein s. 396, Svetlana Foote s. 397 (kość słoniowa), Flower_Garden s. 398 (storpkowiec), WanLove s. 398 (barwinek); **oraz:** AquaBounty Technologies/www.aquabounty.com/Barrett & MacKay Photo s. 190 (zmodyfikowane genetycznie łososie), Jerzy Opioła/Wikipedia s. 320 (strefa 2 – misecznica proszkowata), Renata i Marek Kosińscy/www.kosinscy.pl s. 375 (skalnica tatrzańska), Daiju Azuma/Wikimedia Commons s. 386 (okoń nilowy), Bogdan Wańkowicz s. 395 (aleja lipowa w Osłonimie), Pomorski Zespół Parków Krajobrazowych/Wdzydzki Park Krajobrazowy s. 395 (użytek ekologiczny Węsków Bagna), Piotr Jagodziński/przyrodniczo.pl s. 395 (Lessy Wirnej Góry), Paweł Marczakowski s. 397 (Transgraniczny Rezerwat Biosfery „Roztocze").

Twoje mocne strony

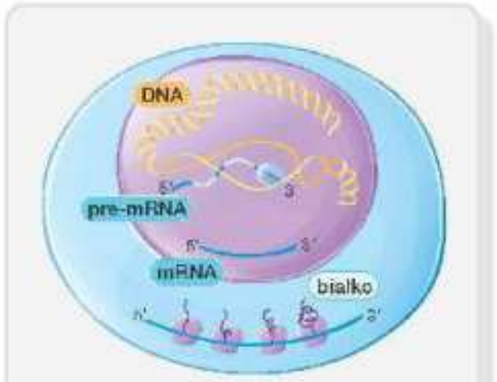
NOWA
Biologia
na czasie

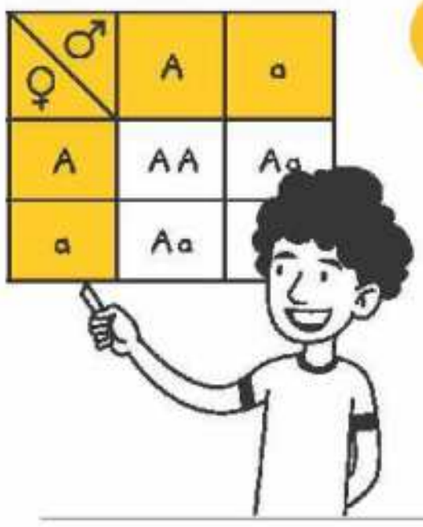
Za co polubisz podręcznik *NOWA Biologia na czasie 4*?



Powód 1

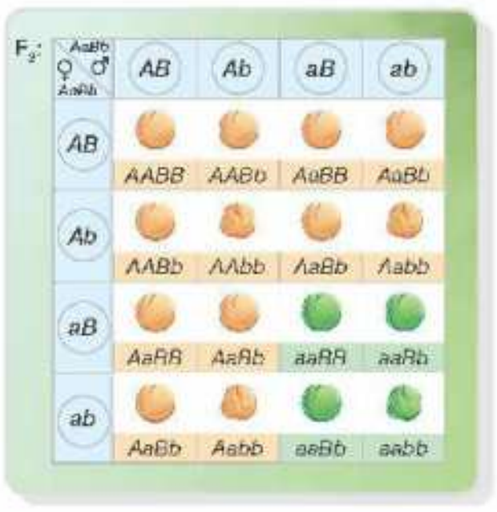
Realistyczne ilustracje, uproszczone rysunki i czytelne infografiki.
Dzięki nim łatwo dowiesz się, na czym polegają procesy biologiczne. Patrzysz i od razu rozumiesz.





Powód 2

Genetyczne krzyżówki!
Spokojnie, przejdziemy przez nie krok po kroku. Nie będziesz mieć już z nimi żadnych problemów.



Powód 3



Matura. Dobrze jest mieć podręcznik, który uczy rozwiązywania takich zadań, jakie pojawiają się na maturze. Dzięki temu możesz mieć pewność, że **Wiesz, umiesz, zdasz**.

Nowa Era Sp. z o.o.

www.nowaera.pl nowaera@nowaera.pl

Centrum Kontaktu: 58 721 48 00