

Jolanta Holeczek

Biologia na czasie

3

dla liceum ogólnokształcącego i technikum

Zakres podstawowy



Twoje mocne strony

Biologia na czasie

Podręcznik dopuszczony do użytku szkolnego przez ministra właściwego do spraw oświaty i wychowania i wpisany do wykazu podręczników przeznaczonych do kształcenia ogólnego do nauczania biologii, na podstawie opinii rzeczoznawców:

dr Ewy Nowak, mgr. Adama Pukocza, mgr Teresy Kosyry-Cieślak.

Etap edukacyjny: III

Typ szkoły: liceum ogólnokształcące i technikum

Rok dopuszczenia: 2021

Numer ewidencyjny w wykazie MEN: 1006/3/2021

Podręcznik został opracowany na podstawie *Programu nauczania biologii w zakresie podstawowym dla liceum ogólnokształcącego i technikum – Biologia na czasie* autorstwa Katarzyny Kłosowskiej.

Nabyta przez Ciebie publikacja jest dziełem twórcy i wydawcy. Prosimy o przestrzeganie praw, jakie im przysługują. Zawartość publikacji możesz udostępnić nieodpłatnie osobom bliskim lub osobiście znanym, ale nie umieszczaj jej w internecie. Jeśli cytujesz jej fragmenty, to nie zmieniaj ich treści i koniecznie zaznacz, czyje to dzieło. Możesz skopiować część publikacji jedynie na własny użytek.

Szanujmy cudzą własność i prawo. Więcej na www.legalnakultura.pl

Wykorzystywanie treści niniejszego Utworu, w jakiejkolwiek formie lub w jakimkolwiek procesie, do celów eksploracji tekstu i danych, uczenia maszynowego, rozwoju i/lub szkolenia i/lub wzbogacania sztucznej inteligencji jakiegokolwiek rodzaju jest surowo zabronione.



© Copyright by Nowa Era Sp. z o.o. 2024
ISBN 978-83-267-5085-4

Konsultacja merytoryczna: prof. Ewa Bartnik (*Rozdział 3. Biotechnologia*), dr Anna Tyc.

Koordinacja prac i redakcja merytoryczna: Ewa Mejlun.

Redakcja merytoryczna: Magdalena Bujnowska.

Redakcja językowa: Aleksandra Kowalczyk-Pryczkowska.

Nadzór artystyczny: Kaia Pichler. **Opieka graficzna:** Ewa Kaletyn. **Projekt graficzny:** Marcin Kołacz.

Projekt okładki: Maciej Galiński.

Opracowanie graficzne: Maciej Galiński, Marcin Kołacz, Marcin Oleksak, Piotr Rudź, Aleksandra Szpunar, Grażyna Truchlińska.

Ilustratorzy: Ewelina Baran, Elżbieta Buczkowska, Rafał Buczkowski, Marta Długokęcka, Zuzanna Dudzic, Natalia Helman, Wioleta Herczyńska, Sławek Maniak, Laura Maziewska, Przemysław Kłosin, Agata Knajdek, Adam Król, Krzysztof Mrawiński, Marek Nawrocki, Paulina Podolska, Marcin Oleksak, Joanna Ptak, Marcin Ptak, Wojciech Sendal, Ewa Sowulewska.

Fotoserwis: Bogdan Wańkowicz. **Realizacja projektu graficznego:** Ewa Pietras.

Wydawnictwo dołożyło wszelkich starań, aby odnaleźć posiadaczy praw autorskich do wszystkich utworów zamieszczonych w publikacji. Pozostałe osoby prosimy o kontakt z Wydawnictwem.

Nowa Era Sp. z o.o.

Aleje Jerozolimskie 146 D, 02-305 Warszawa

www.nowaera.pl, e-mail: nowaera@nowaera.pl

Centrum Kontaktu: 58 721 48 00

Druk i oprawa: Quad/Graphics Europe Sp. z o.o.

O czym jest podręcznik?

W podręczniku *Biologia na czasie 3* znajdziesz informacje dotyczące genetyki, biotechnologii, ewolucji organizmów i ekologii. Pozwolą Ci one lepiej zrozumieć m.in. mechanizmy dziedziczenia cech organizmów, związek pomiędzy organizmami a środowiskiem, a także wpływ procesów ewolucyjnych na różnorodność organizmów.



Do czego służą poszczególne elementy podręcznika?

To było w szkole podstawowej!

Informacje umieszczone w tym elemencie pomogą Ci przypomnieć sobie wiadomości ze szkoły podstawowej.

O tym się mówi!

Ciekawe tematy pozwolą Ci zająć własne stanowisko w danej sprawie.

Zwróć uwagę na...

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

Krok po kroku

Samouczek ułatwi Ci wykształcenie kluczowych umiejętności biologicznych krok po kroku.

Polecenia kontrolne

Polecenia umieszczone na końcu tematu pozwolą Ci sprawdzić wiedzę i utrwalić zdobyte wiadomości.

Bliżej życia

Informacje zawarte w tym elemencie pokażą Ci, jak wiedza biologiczna jest stosowana w praktyce.

Doświadczenie, Obserwacja

Obowiązkowe doświadczenia i obserwacje zostały opisane w sposób, który umożliwi Ci dokładne przeanalizowanie wszystkich ich etapów.

Czy wiesz, że...

Dzięki ciekawostkom poznasz interesujące informacje związane z lekcją.

Podsumowanie

Na tych stronach znajdziesz najważniejsze informacje z danego działu podane w przejrzystej formie. Dzięki nim uporządkujesz i utrwalisz zdobytą wiedzę.

Sprawdź, czy już umiesz!

Zadania umieszczone po każdym dziale umożliwią Ci doskonalenie umiejętności biologicznych oraz ułatwią powtarzanie wiadomości przed sprawdzianami.



Spis treści

Rozdział 1. Genetyka molekularna

✂ 1.1. Gen a genom. Budowa i rola kwasów nukleinowych	6
1.2. Kod genetyczny	13
1.3. Ekspresja genów	17
Podsumowanie	21
Sprawdź, czy już umiesz!	23

Rozdział 2. Genetyka klasyczna

2.1. I prawo Mendla. Krzyżówka testowa	26
2.2. II prawo Mendla	33
2.3. Inne sposoby dziedziczenia cech	37
✂ 2.4. Chromosomowa teoria dziedziczenia	43
2.5. Dziedziczenie płci. Cechy sprzężone z płcią	48
2.6. Zmienność organizmów. Mutacje	53
2.7. Choroby i zaburzenia genetyczne człowieka	59
Podsumowanie	65
Sprawdź, czy już umiesz!	67

Rozdział 3. Biotechnologia

3.1. Biotechnologia tradycyjna	70
3.2. Podstawowe techniki inżynierii genetycznej	76
3.3. Organizmy zmodyfikowane genetycznie	80
3.4. Biotechnologia molekularna – szanse i zagrożenia	86
Podsumowanie	95
Sprawdź, czy już umiesz!	97

Rozdział 4. Ewolucja organizmów

4.1. Źródła wiedzy o ewolucji	100
4.2. Dobór naturalny – główny mechanizm ewolucji	107
4.3. Ewolucja na poziomie populacji. Specjacja	112
✂ 4.4. Historia życia na Ziemi	118
4.5. Antropogeneza	125
Podsumowanie	132
Sprawdź, czy już umiesz!	134

Rozdział 5. Ekologia i różnorodność biologiczna

5.1. Organizm w środowisku. Tolerancja ekologiczna	136
5.2. Cechy populacji	142
5.3. Rodzaje oddziaływań między organizmami	148
5.4. Funkcjonowanie ekosystemu	155
5.5. Czym jest różnorodność biologiczna?	163
5.6. Ochrona różnorodności biologicznej	173
Podsumowanie	181
Sprawdź, czy już umiesz!	183
Sprawdź, czy już umiesz! – klucz odpowiedzi	185
Przydatne terminy	188
Indeks	190

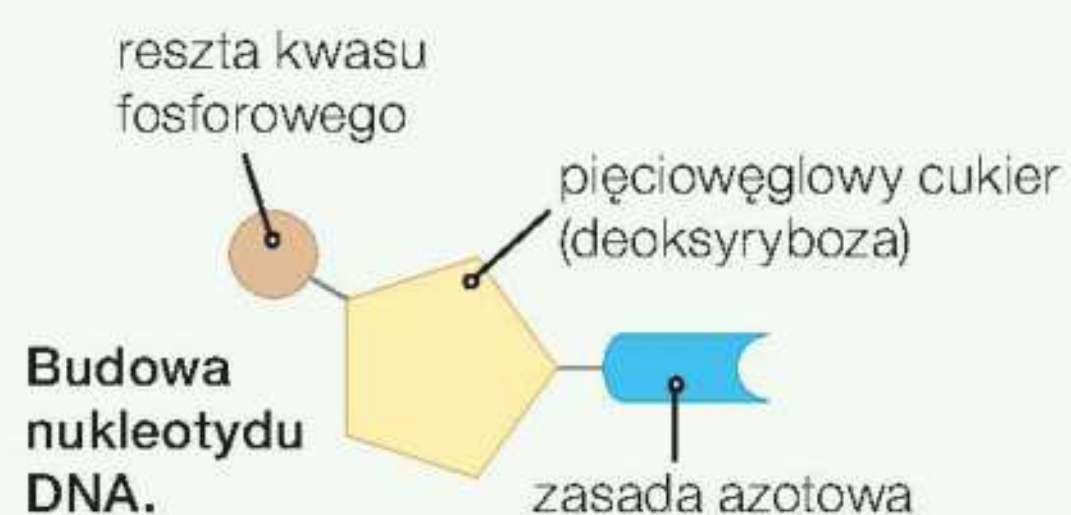
1. Genetyka molekularna

To było w szkole podstawowej!

- ✓ **Genetyka** – nauka zajmująca się dziedziczeniem cech i zmiennością organizmów.
- ✓ **Kwas deoksyrybonukleinowy (DNA)** jest nośnikiem informacji genetycznej.



Cząsteczka DNA ma postać podwójnej helisy – dwóch spiralnie skręconych nici.



- ✓ **Komórki prokariotyczne** (bezządrowe) nie mają jądra komórkowego. Są to komórki bakterii. **Komórki eukariotyczne** (jądrowe) mają jądro komórkowe. Są to komórki roślin, zwierząt, protistów i grzybów.
- ✓ **Komórka diploidalna** ma w jądrze komórkowym podwójny zestaw chromosomów ($2n$). Diploidalne są komórki budujące ciało. **Komórka haploidalna** ma w jądrze komórkowym pojedynczy zestaw chromosomów (n). Haploidalne są komórki rozrodcze.



1.1.

✂ Gen a genom. Budowa i rola kwasów nukleinowych

Zwróć uwagę na:

- ✂• definicję genu i genomu,
- budowę i funkcje DNA,
- przebieg i znaczenie replikacji DNA,
- budowę, rodzaje oraz funkcje RNA.

O cechach i funkcjonowaniu organizmów decyduje ich materiał genetyczny. Stanowi go DNA, czyli kwas deoksyrybonukleinowy. DNA jest nośnikiem informacji genetycznej zakodowanej w genach. To dzięki niemu m.in. dziedziczymy cechy po naszych przodkach i przekazujemy je potomstwu. Jednak do odczytania zawartej w genach informacji i wykształcenia cech organizmu jest konieczny RNA – kwas rybonukleinowy. Sposób współdziałania cząsteczek DNA z cząsteczkami RNA w wykształcaniu cech organizmów bada **genetyka molekularna**.

■ Czym są geny?

Geny są podstawowymi jednostkami dziedziczenia. Pojedynczy gen to fragment DNA,

który zawiera informację dotyczącą budowy białka lub cząsteczki RNA (kwasu rybonukleinowego).

Jak już powiedzieliśmy, geny zawierają m.in. informacje o budowie białek. Z kolei od odpowiedniej budowy białek zależy kształtowanie się cech organizmu. Wynika to z funkcji białek, które m.in. budują różne struktury organizmu i zapewniają regulację procesów metabolicznych zachodzących w komórkach.

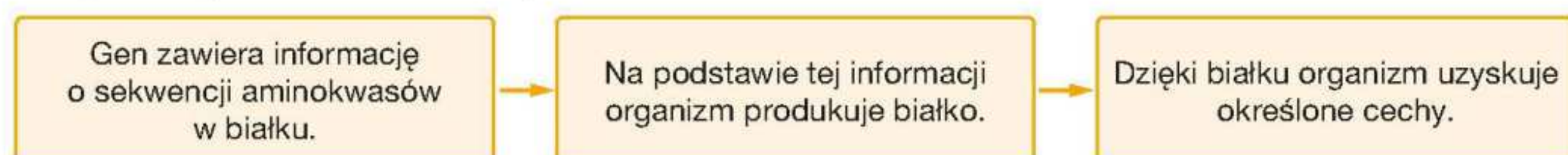
Niezależnie od wielkości, formy czy funkcji, każde białko składa się z aminokwasów połączonych ze sobą w długi łańcuch nazywany **polipeptydem**. Taki łańcuch aminokwasów może tworzyć skomplikowane przestrzenne struktury oraz łączyć się z innymi związkami, np. cukrami albo lipidami.

Geny a cechy organizmu

Zależność między genami a cechami organizmu możesz prześledzić na przykładzie koloru oczu, włosów i skóry. Zależy on od barwników nazywanych melaninami. Za ich wytwarzanie odpowiada wiele białek kodowanych przez różne geny. Jednym z nich jest gen, który zawiera informację o białku M1CR. Jedna z wersji tego białka odpowiada za takie cechy, jak rude włosy, jasna skóra i piegi.



Związek między genem a cechą



Jak są zbudowane geny?

Geny organizmów eukariotycznych (jądrowych), w tym człowieka, są zbudowane z części strukturalnej i części regulatorowych. W skład **części strukturalnej** wchodzi:

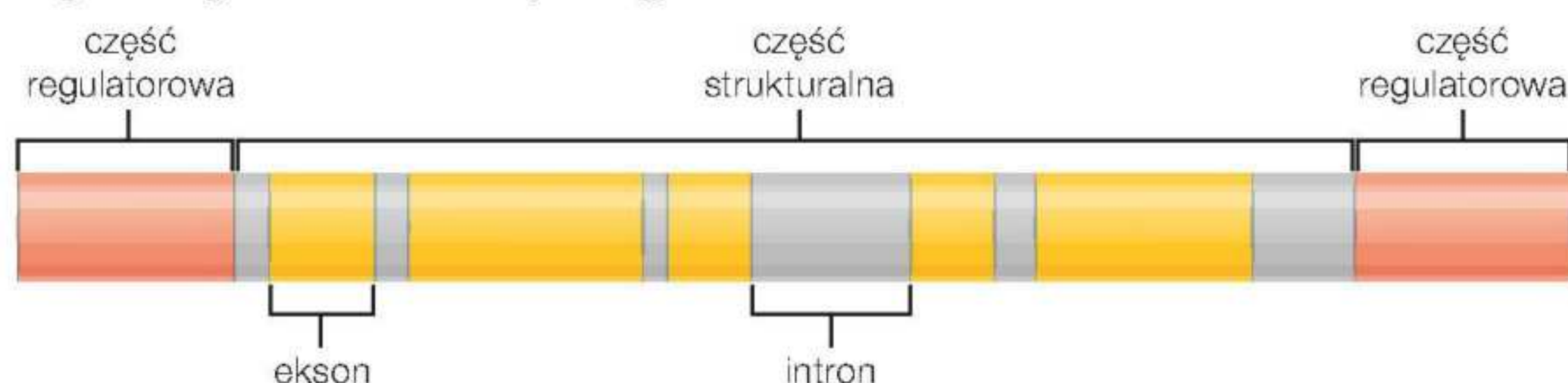
- ▶ **eksony** – sekwencje kodujące, które zawierają informacje o kolejności ułożenia aminokwasów w białkach lub o budowie RNA,
- ▶ **introny** – sekwencje niekodujące, które nie zawierają informacji o budowie białek ani o budowie RNA.

Części regulatorowe genów biorą udział w regulacji odczytywania informacji genetycznej.

Ze względu na obecność intronów geny organizmów eukariotycznych nazywamy **genami nieciągłymi**.

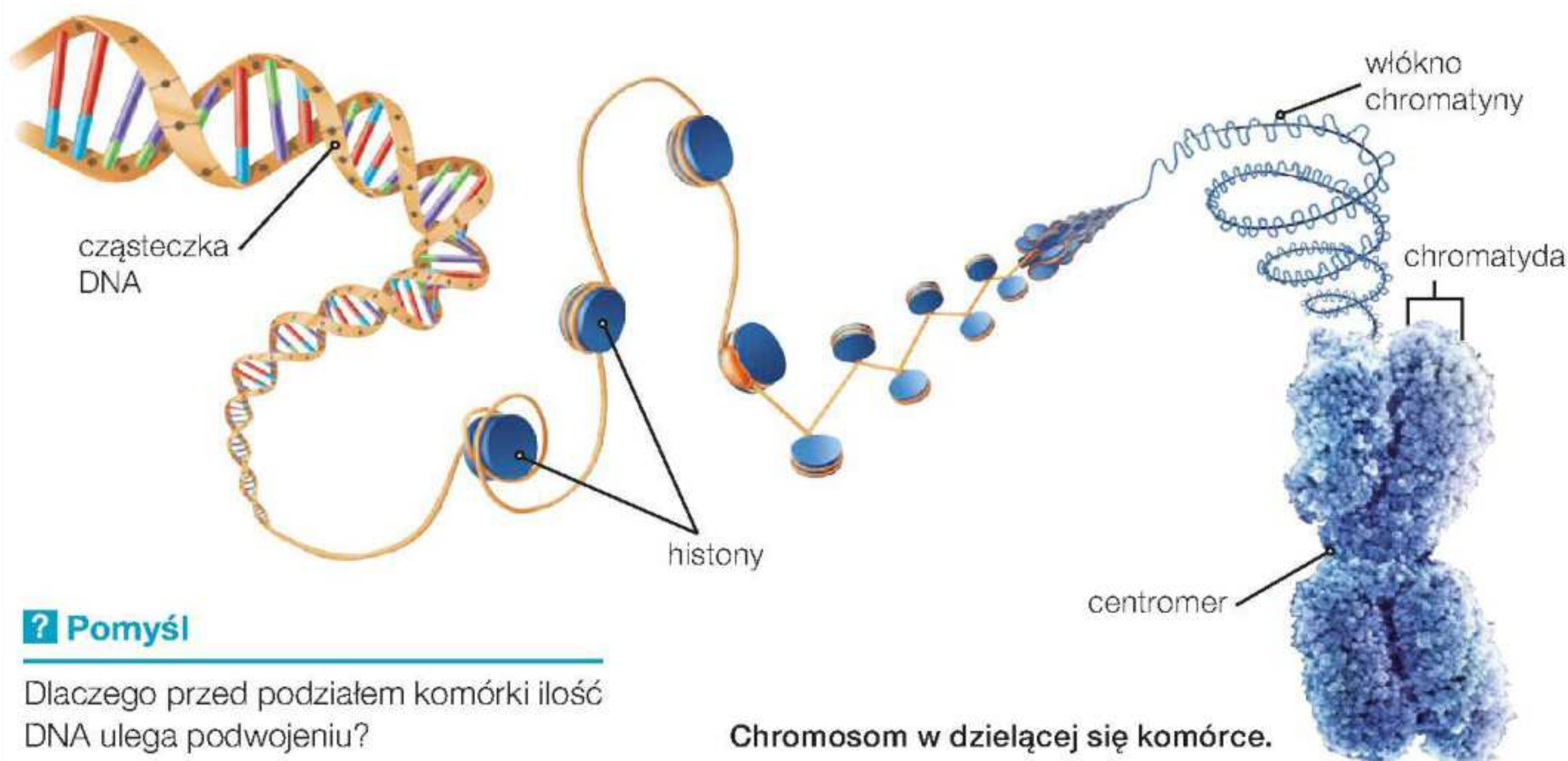
Geny organizmów prokariotycznych (beziądrowych) są zbudowane podobnie do genów organizmów eukariotycznych. Różnica polega na tym, że nie występują w nich introny. Dlatego nazywamy je **genami ciągłymi**.

Budowa genu organizmu eukariotycznego



Organizacja materiału genetycznego w jądrze komórkowym

DNA w jądrze komórkowym ma postać liniowych cząsteczek. Obecnie większość naukowców pojedynczą cząsteczkę DNA nazywa **chromosomem**. DNA łączy się z białkami histonowymi i tworzy chromatynę. Chromatyna się kondensuje, w wyniku czego powstają włókna, które zwijają się spiralnie. Przed podziałem komórki ilość DNA ulega podwojeniu, a chromatyna przyjmuje najbardziej skondensowaną postać. Chromosom składa się wtedy z dwóch cząsteczek DNA, nazywanych chromatydami, które są połączone centromerem.



? Pomyśl

Dlaczego przed podziałem komórki ilość DNA ulega podwojeniu?



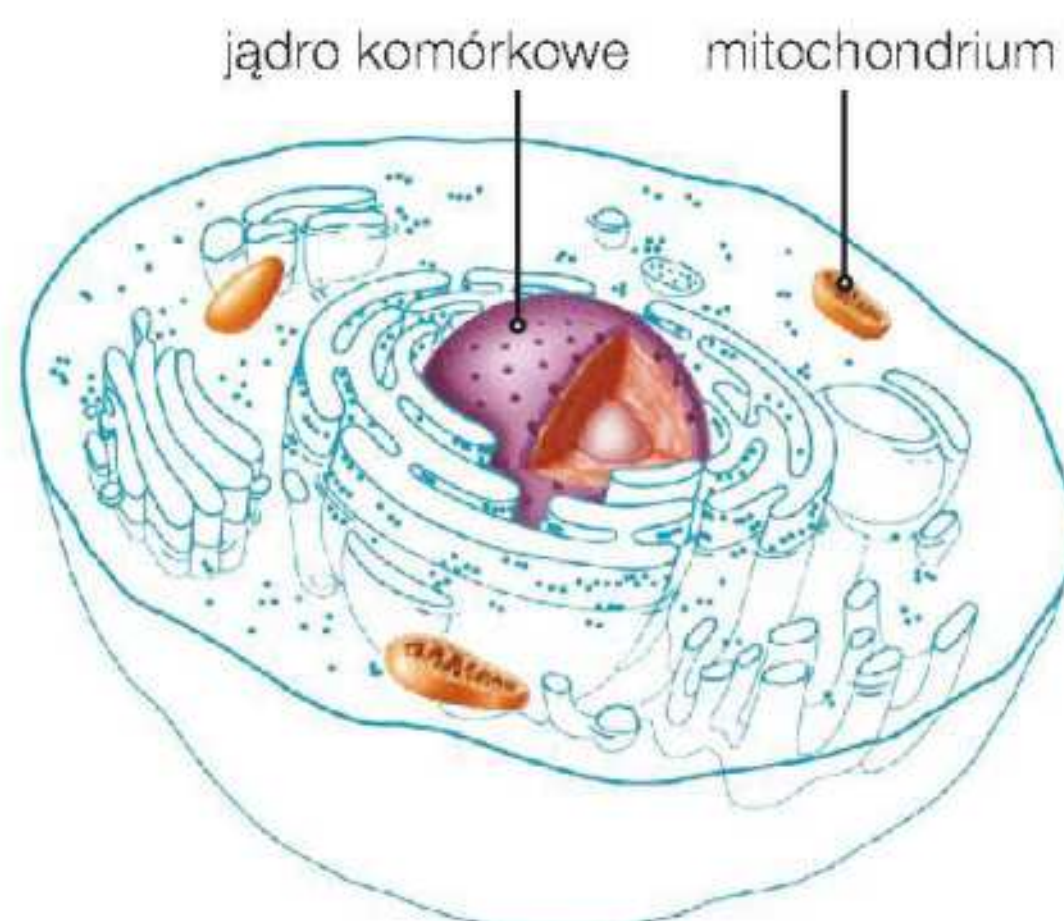
■ Czym jest genom?

Genom to kompletna informacja genetyczna komórki lub organizmu. Najczęściej mówimy, że jest to DNA znajdujący się w pojedynczym zestawie chromosomów.

Genom tworzą zarówno geny, jak i tzw. odcinki pozagenowe, które nie kodują białek ani RNA.

■ Lokalizacja genomu w komórce zwierzęcej

DNA tworzący genom komórki zwierzęcej znajduje się głównie w jądrze komórkowym. Ta część genomu jest nazywana **genomem jądrowym**. Niewielkie ilości DNA występują także w mitochondriach. Jest to tzw. **genom mitochondrialny**. Geny zapisane w DNA mitochondrialnym odpowiadają głównie za produkcję białek związanych z funkcjonowaniem tej struktury, np. z procesem oddychania tlenowego.



Występowanie genomu w komórce zwierzęcej.

Czy wiesz, że...

W komórkach bakterii genom jest zlokalizowany w cytozolu. Stanowi go kolista cząsteczka DNA nazywana chromosomem bakteryjnym. Genomem nazywamy również materiał genetyczny wirusów – może nim być zarówno DNA, jak i RNA. Przykładem wirusa, którego genom stanowi RNA, jest wirus SARS-CoV-2, który powoduje chorobę układu oddechowego o nazwie COVID-19.

Genom jak książka

Genomy organizmów można zapisać w postaci ciągu liter A, T, C, G oznaczających nukleotydy DNA. Dlatego możemy powiedzieć, że genomy odczytuje się jak książki. Jednym z największych osiągnięć genetyki było odczytanie sekwencji genomu człowieka w ramach Międzynarodowego Projektu Poznania Genomu Ludzkiego (ang. Human Genome Project), który zakończono w 2003 r. Dzięki temu projektowi stworzono m.in. narzędzia pomocne w diagnostyce chorób genetycznych. Przyczynił się on również do dynamicznego rozwoju badań genetycznych, np. dotyczących niektórych chorób nowotworowych.

W 2018 r. rozpoczęto badania w ramach Earth BioGenome Project. Jego celem jest ustalenie w ciągu 10 lat sekwencji genomów wszystkich znanych gatunków eukariotycznych na Ziemi.



Bliżej życia



Budowa i funkcje DNA

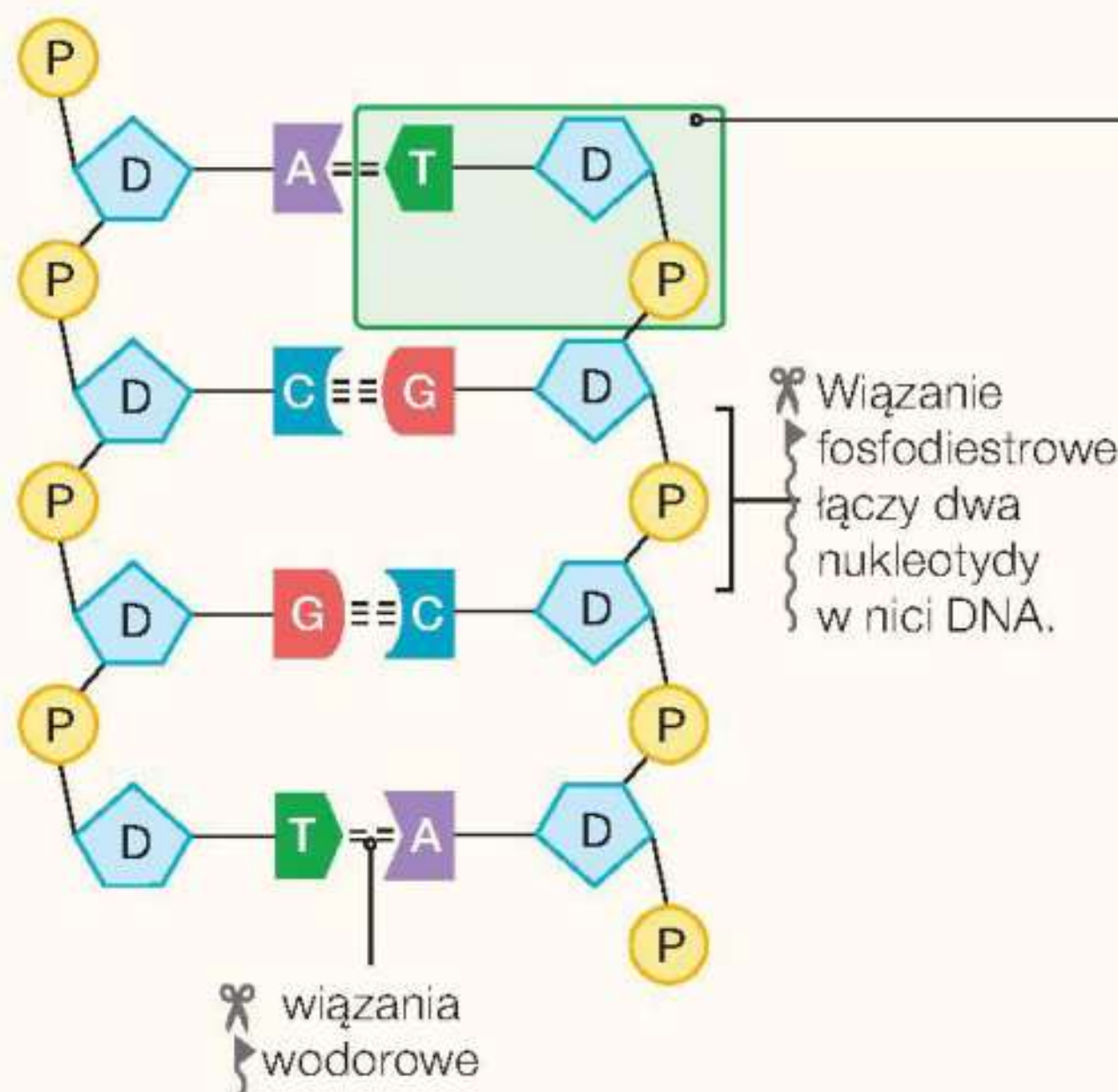
Cząsteczka DNA składa się z dwóch łańcuchów (nici) ułożonych równolegle do siebie i śrubowato skręconych wokół wspólnej osi. Strukturę tę nazywamy **podwójną helisą**.

Jak są połączone elementy tworzące cząsteczkę DNA?

Każdy z łańcuchów DNA jest zbudowany z mniejszych podjednostek – **nukleotydów**. Nukleotydy tworzące jeden łańcuch są ze sobą połączone **wiązaniami fosfodiestrowymi**. Oba łańcuchy DNA są połączone **wiązaniami wodorowymi**. Wiązania te występują między zasadami azotowymi położonymi naprzeciwko siebie nukleotydów.



Podwójna helisa DNA.



Budowa nukleotydu DNA

W skład każdego nukleotydu DNA wchodzi:

- **P** reszta kwasu fosforowego
- **D** cukier pięciowęglowy – **deokseryboza**
- jedna z czterech zasad azotowych:

A adenina	T tymina
C cytozyna	G guanina

Wyróżniamy cztery rodzaje nukleotydów w zależności od zasad azotowych wchodzących w ich skład.

Komplementarność zasad

Leżące naprzeciwko siebie zasady azotowe obu łańcuchów łączą się ze sobą zgodnie z **zasadą komplementarności** – naprzeciwko adeniny (A) zawsze występuje tymina (T), a naprzeciwko cytozyny (C) – zawsze guanina (G). Stąd w cząsteczce DNA ilość A jest równa ilości T, a ilość C – ilości G.

A == **T** Między adeniną a tyminą występują dwa wiązania wodorowe.

C ≡ **G** Między cytozyną a guaniną występują trzy wiązania wodorowe.

Sekwencja DNA

Nukleotydy ułożone kolejno w nici DNA tworzą **sekwencję DNA**. Zapisuje się ją za pomocą liter oznaczających zasady azotowe wchodzące w skład nukleotydów. Na przykład sekwencja narysowanej obok nici DNA to TAACTGCAGGT.



Jakie funkcje pełni DNA?

- Jest materiałem genetycznym wszystkich organizmów i niektórych wirusów.
- Odcinki DNA – geny – zawierają informacje konieczne do syntezy białek oraz RNA.
- Jest nośnikiem informacji genetycznej – odpowiada za dziedziczenie cech.

■ Replikacja DNA

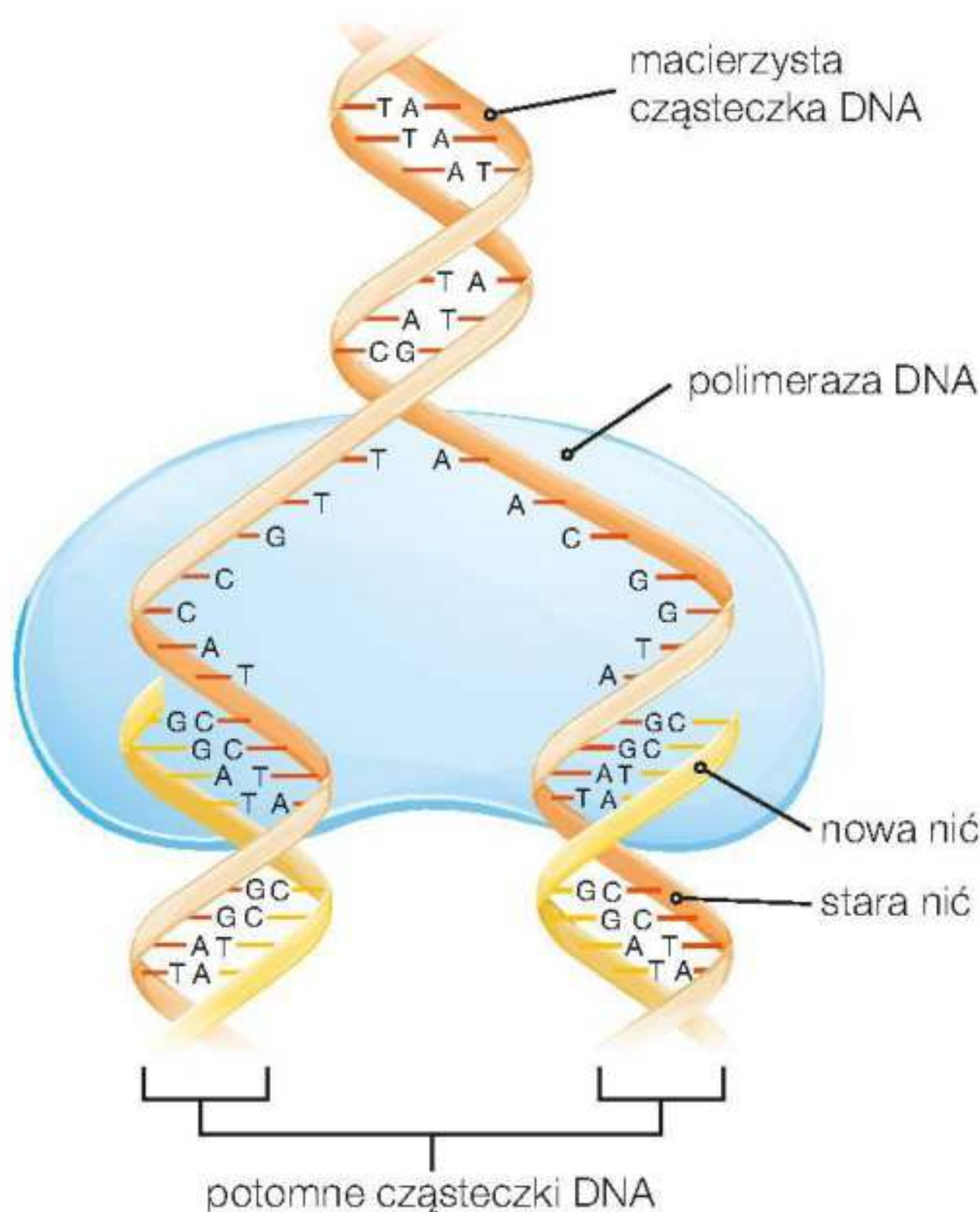
Aby informacja genetyczna zawarta w DNA mogła zostać przekazana komórkom powstającym w wyniku podziałów komórkowych, musi zostać powielona. Procesem prowadzącym do powielenia cząsteczek DNA jest **replikacja DNA**.

Replikacja DNA zachodzi w jądrze komórkowym i jest regulowana enzymatycznie. Podczas tego procesu cząsteczka DNA, nazywana cząsteczką macierzystą, stopniowo rozplata się na dwie pojedyncze nici. Do każdej nici na zasadzie komplementarności są dobudowywane nukleotydy, które tworzą nową nić. W ten sposób powstają dwie potomne cząsteczki DNA (identyczne z cząsteczką macierzystą), w których jedna z nici jest stara, a druga – nowa.

Za tworzenie się nowych nici odpowiada głównie enzym – **polimeraza DNA**. Enzym ten kontroluje też poprawność procesu replikacji DNA. Jest to konieczne, ponieważ istnieje ryzyko, że w czasie replikacji zostanie wstawiony nieprawidłowy nukleotyd, co zmieni informację genetyczną. Polimeraza DNA

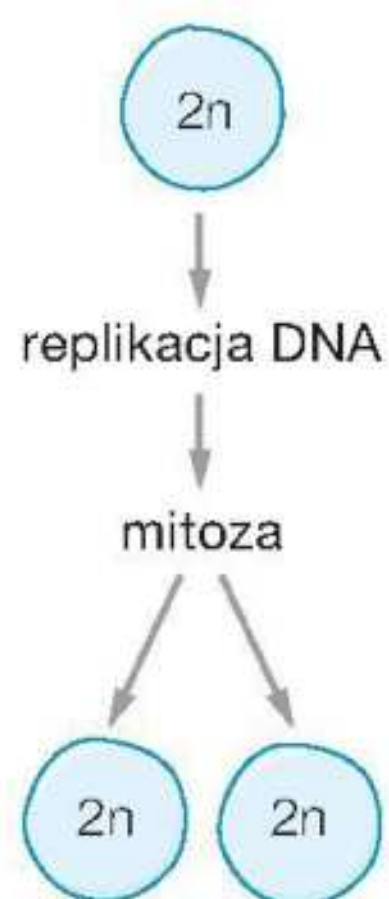
„sprawdza” więc, czy nukleotydy wstawione w cząsteczce DNA tworzą odpowiednie pary. Jeśli któryś nukleotyd jest nieprawidłowy, zostaje wycięty, a na jego miejsce zostaje wstawiony odpowiedni nukleotyd.

Schemat przebiegu replikacji DNA

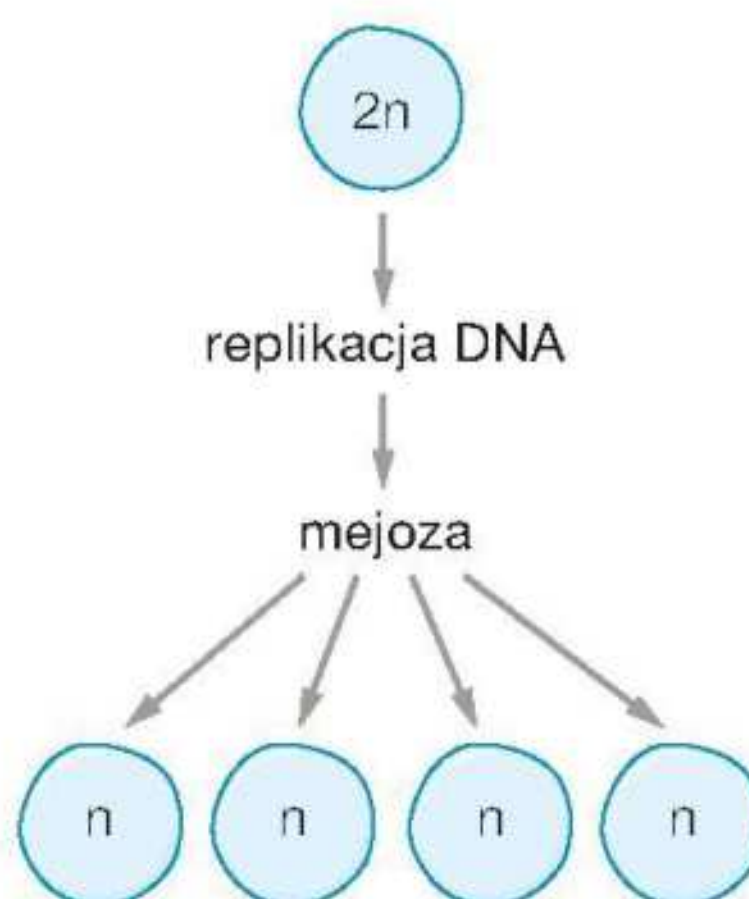


Znaczenie replikacji DNA w podziałach komórek

Do replikacji DNA dochodzi przed każdym podziałem komórkowym. W jądrze komórkowym tworzą się wtedy dwie identyczne kopie materiału genetycznego. Dzięki temu komórki powstające w wyniku mitozy mają taką samą ilość DNA jak komórki rodzicielskie, a komórki powstające w wyniku mejozy mają ilość DNA zredukowaną o połowę.



Mitoza jest podziałem, który pozwala na zwiększenie liczby takich samych komórek. Prowadzi ona do uzyskania dwóch komórek o identycznej informacji genetycznej jak przed podziałem. Mitoza umożliwia m.in. wzrost organizmu.



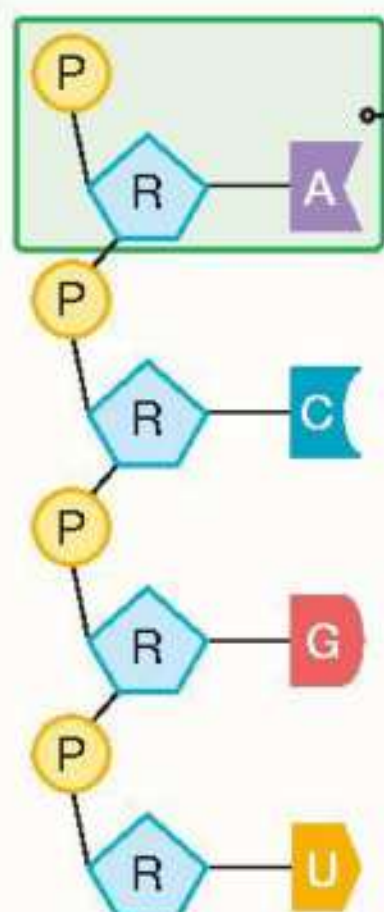
Mejoza jest podziałem redukcyjnym. W jej wyniku z komórki diploidalnej powstają cztery komórki haploidalne – liczba chromosomów w każdej z nich jest zredukowana o połowę. W wyniku mejozy powstają np. gamety zwierząt.

Budowa i funkcje RNA

RNA, podobnie jak DNA, jest zbudowany z **nukleotydów**.

Jak wygląda cząsteczka RNA?

Cząsteczka RNA jest **jednoniciowa**, chociaż w niektórych miejscach może tworzyć fragmenty dwuniciowe, połączone wiązaniami wodorowymi. Cytosyna wiąże się wtedy na zasadzie komplementarności z guaniną, a adenina – z **uracylem**.



Budowa nukleotydu RNA

W skład każdego nukleotydu budującego RNA wchodzi:

- **P** reszta kwasu fosforowego
- **R** cukier pięciowęglowy – **ryboza**
- jedna z czterech zasad azotowych:
 - A** adenina
 - U** uracyl
 - C** cytozyna
 - G** guanina



Jednoniciowa cząsteczka RNA.

Funkcje i rodzaje RNA

RNA bierze udział przede wszystkim w biosyntezie białek. Wyróżniamy trzy główne rodzaje RNA: rRNA, mRNA i tRNA.

rRNA (rybosomowy RNA)	mRNA (informacyjny RNA)	tRNA (transportujący RNA)
Po połączeniu z białkami tworzy rybosomy , na których zachodzi biosynteza białek.	Przenosi informację o budowie białka z jądra komórkowego na rybosomy.	Transportuje aminokwasy na rybosomy.
białko rRNA	zasady azotowe reszty fosforanowe połączone z cząsteczkami rybozy	aminokwas miejsce przyłączenia aminokwasu antykonon
Rybosom jest zbudowany z rRNA i białek.	mRNA ma zwykle postać jednej, długiej nici.	W budowie tRNA wyróżniamy miejsce, w którym przyłącza się aminokwas, oraz tzw. antykonon – trzy nukleotydy, które podczas biosyntezy białek są odpowiedzialne za rozpoznanie komplementarnych nukleotydów (kodonu) na nici mRNA.



Krok po kroku

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.

- 1 Ustal liczbę nukleotydów z cytozyną i guaniną.

Wskazówka

Dzięki zasadzie komplementarności wiesz, że liczba nukleotydów z tyminą (T) jest taka sama, jak liczba nukleotydów z adeniną (A). Podobnie liczba nukleotydów z cytozyną (C) i guaniną (G) musi być jednakowa.

Liczba nukleotydów z C = 75

Liczba nukleotydów z G = 75

Łączna liczba nukleotydów z C i G wynosi:

$$75 + 75 = 150$$

- 2 Aby obliczyć liczbę nukleotydów z adeniną i tyminą, odejmij od całkowitej liczby nukleotydów sumę nukleotydów z cytozyną i guaniną.

Łączna liczba nukleotydów z A i T wynosi:
 $250 - 150 = 100$

- 3 Oblicz liczbę nukleotydów z tyminą, dzieląc wynik otrzymany w poprzednim kroku przez dwa.

Liczba nukleotydów z T wynosi:

$$100 : 2 = 50$$

Odpowiedź: W opisanej cząsteczce tyminę zawiera 50 nukleotydów.

W skrócie

- Wyróżniamy dwa rodzaje kwasów nukleinowych: **DNA** i **RNA**.
- **Gen** jest podstawową jednostką dziedziczenia. To fragment DNA zawierający informację dotyczącą budowy białka lub cząsteczki RNA.
- ✂ • **Genom** to kompletna informacja genetyczna komórki lub organizmu.
- Kwasy nukleinowe – DNA i RNA – są zbudowane z **nukleotydów**. Każdy nukleotyd składa się z reszty fosforanowej, pięciowęglowego cukru (deoksyrybozy w DNA i rybozy w RNA) oraz jednej z czterech zasad azotowych. Zasady azotowe wchodzące w skład nukleotydu DNA to: guanina, cytozyna, adenina lub tymina. W cząsteczce RNA zamiast tyminy występuje uracyl.
- **Zasada komplementarności** polega na tym, że zasady azotowe obu łańcuchów DNA łączą się w określony sposób: adenina z tyminą, a guanina z cytozyną.
- **Replikacja DNA** jest procesem prowadzącym do podwojenia ilości DNA w jądrze komórkowym. Zachodzi ona przed podziałem komórki.

Polecenia kontrolne

1. Cząsteczka DNA zawiera 36% nukleotydów z tyminą. Posługując się zasadą komplementarności, oblicz, jaki jest procentowy skład nukleotydów z cytozyną, adeniną i guaniną. Zadanie wykonaj w zeszycie.
2. Porównaj funkcje trzech rodzajów RNA.
3. Wykaż znaczenie poprawności kopiowania DNA w procesie replikacji DNA.

1.2. Kod genetyczny

Zwróć uwagę na:

- cechy kodu genetycznego,
- sposób odczytywania tabeli kodu genetycznego.

Jak wyjaśniliśmy w poprzedniej lekcji, DNA zawiera zakodowaną informację na temat budowy białek. Aby ją odczytać, należy poznać zasady jej kodowania, czyli tzw. kod genetyczny.

■ Czym jest kod genetyczny?

Kod genetyczny to sposób zapisu informacji o budowie białek w sekwencji kwasów nukleinowych (DNA lub mRNA). Składa się on z **kodonów**, które kodują poszczególne aminokwasy tworzące białka. Każdy kodon składa się z trzech kolejnych nukleotydów. Dlatego mówimy, że **kod genetyczny jest trójkowy**.

Dlaczego w skład kodonu wchodzi 3 nukleotydy? Aby to zrozumieć, przypomnij sobie, że kwasy nukleinowe są zbudowane z 4 rodzajów nukleotydów, które możemy zapisać za pomocą liter: A, T (U w RNA), C i G. W skład białek wchodzi 20 rodzajów aminokwasów, dlatego jeżeli jeden aminokwas byłby kodowany tylko przez jeden nukleotyd,

to istniałyby jedynie 4 możliwe kombinacje. Za mało, by zakodować wszystkie aminokwasy. Dopiero gdy kod jest trójkowy (4^3), liczba kodonów (64) jest wystarczająca.

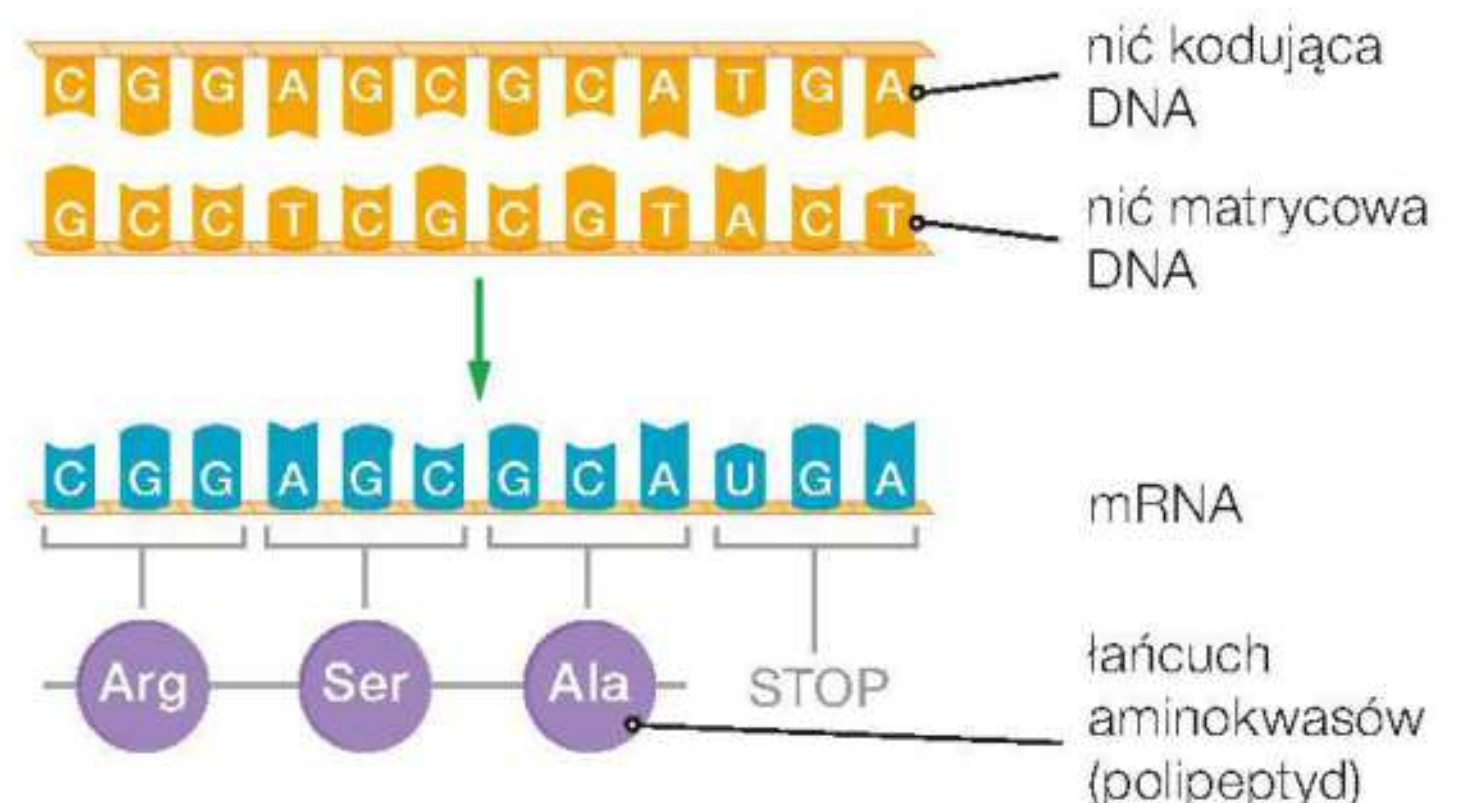
■ Jak jest odczytywana informacja genetyczna?

Najpierw informacja genetyczna zawarta w DNA jest przepisywana na mRNA. Procesowi przepisywania podlega tylko jedna z nici tworzących cząsteczkę DNA. Nazywamy ją **nicia matrycową**. Druga nić DNA to **nić kodująca**, czyli sekwencja genu z informacjami o danym białku. Na podstawie informacji zawartej w mRNA jest syntetyzowane białko. Dlatego w praktyce poszczególne kodony zapisujemy za pomocą symboli nukleotydów mRNA. Cztery kodony mają specjalne znaczenie. Kodon AUG jest **kodonom START**, który rozpoczyna syntezę białka. Na końcu sekwencji nukleotydów tworzącej gen znajduje się jeden z 3 **kodonów STOP**: UAA, UAG, UGA, kończących ten proces.

Jak określić sekwencję aminokwasów w białku?

Sposób określania sekwencji aminokwasów w białku wyjaśnimy na przykładzie sekwencji DNA oznaczającej fragment cząsteczki pewnego białka.

- 1 Najpierw należy określić sekwencję mRNA. W tym celu trzeba zapisać nukleotydy komplementarne do nici matrycowej DNA.
- 2 Następnie należy określić sekwencję aminokwasów. W tym celu należy odczytać kolejne kodony mRNA. Nazwy aminokwasów ustala się na podstawie tabeli kodu genetycznego (zob. s. 15).



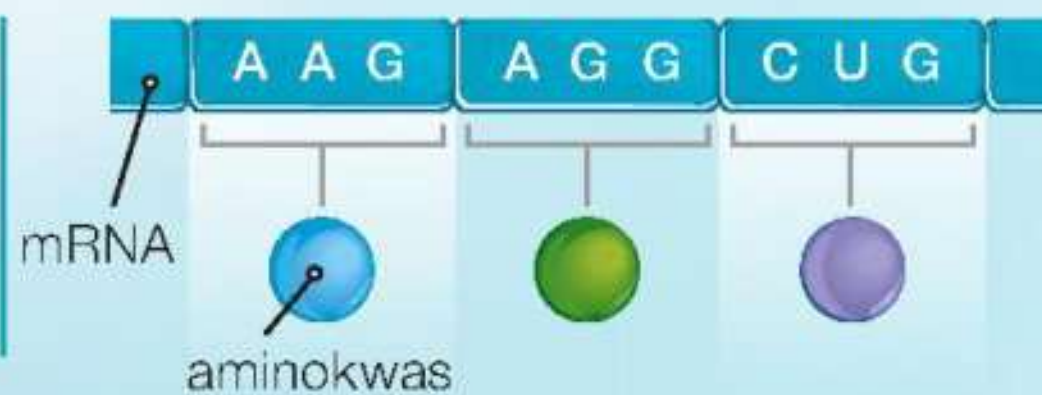
Jakie cechy ma kod genetyczny?

Kod genetyczny jest nie tylko trójkowy. Ma on również inne cechy, które sprawiają, że umożliwia dokładne odczytywanie informacji genetycznej.

■ Kod genetyczny jest:

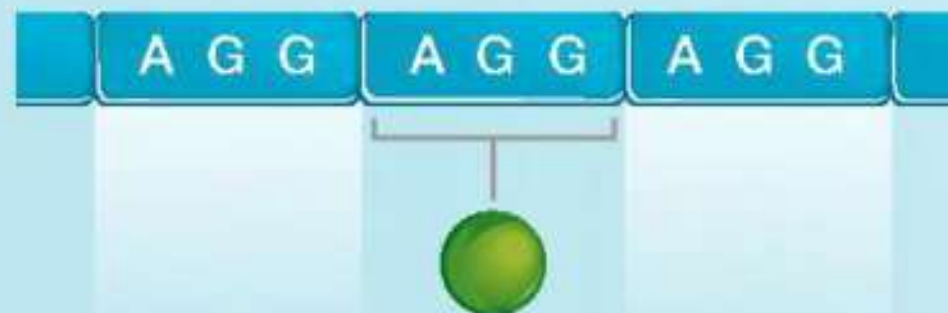
1 trójkowy

Każde trzy kolejne nukleotydy kwasu nukleinowego oznaczają jeden aminokwas – tworzą jeden **kodon**.



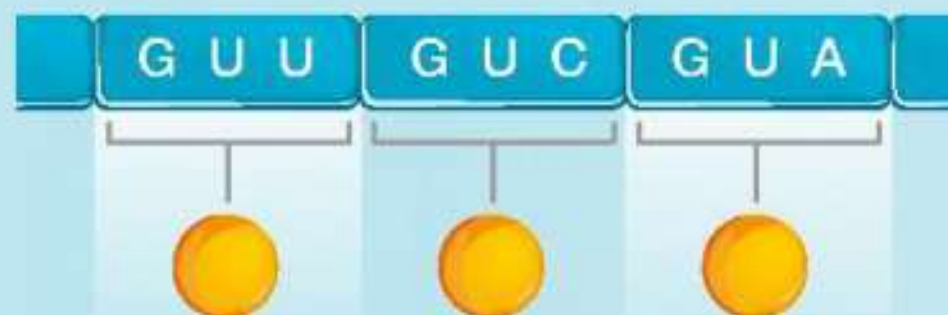
2 jednoznaczny

Jeden kodon oznacza zawsze wyłącznie jeden aminokwas.



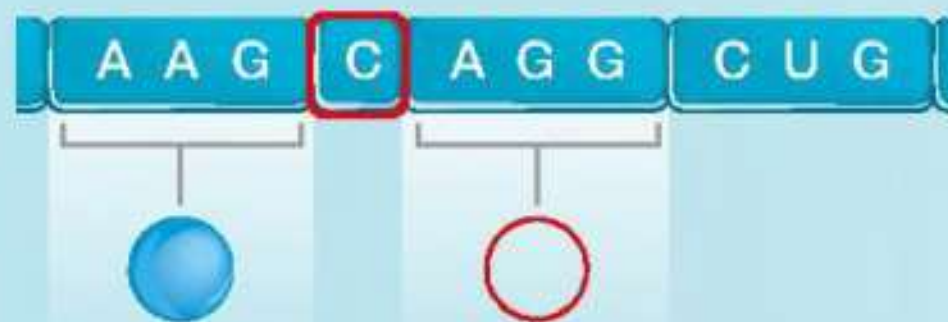
3 zdegenerowany

Jeden aminokwas może być kodowany przez więcej niż jeden kodon.



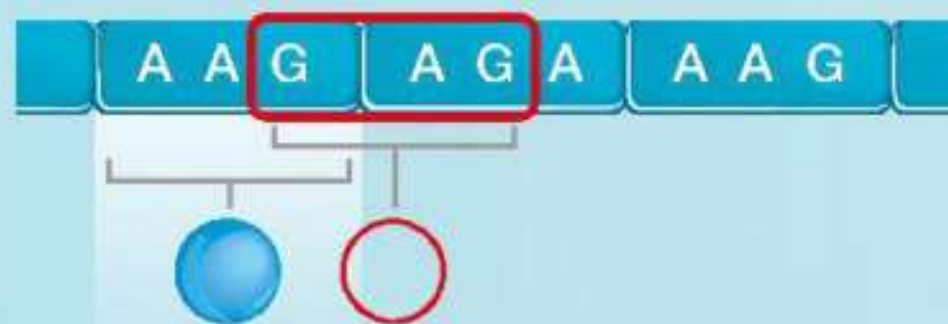
4 bezprzecinkowy

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.

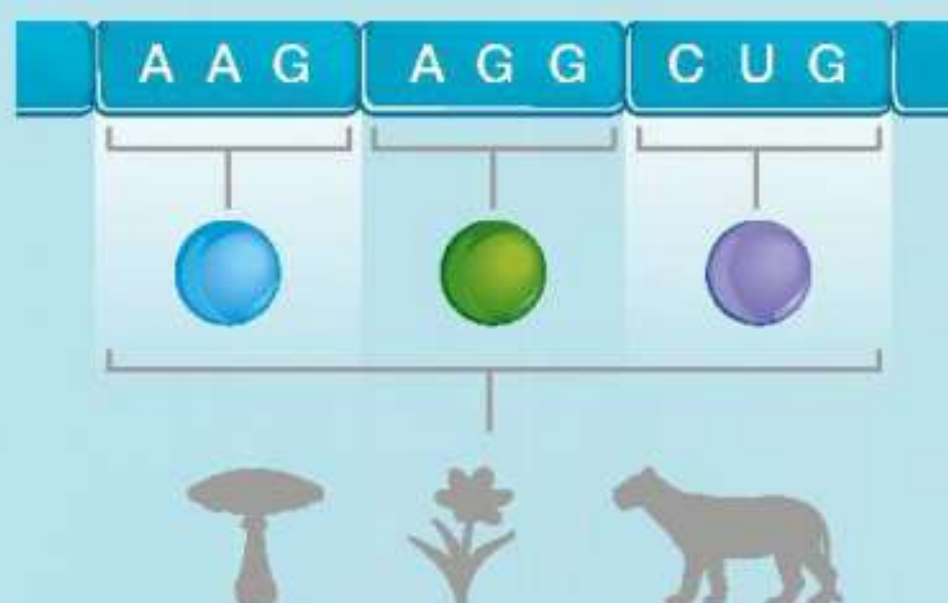


Tabela kodu genetycznego

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, jaki aminokwas jest kodowany przez dany kodon, musisz znaleźć w kolumnach kolejne nukleotydy wchodzące w skład tego kodonu.

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

Krok po kroku

Odczytywanie informacji genetycznej zawartej w DNA

Przykład

Na podstawie podanego fragmentu DNA kodującego pewne białko określ sekwencję aminokwasów w tym białku. Uwaga: Nić matrycowa została wskazana strzałką.

ATGCCTGCCAAATAA
→ TACGGACGGTTTATT

- 1 Określ sekwencję mRNA, która powstanie na podstawie DNA. Pamiętaj o zasadzie komplementarności.

Wskazówka

W cząsteczce RNA zamiast tyminy występuje uracyl, który jest komplementarny do adeniny.

DNA: T A C G G A C G G T T T A T T
mRNA: A U G C C U G C C A A A U A A

- 2 Przyporządkuj kolejnym trójkom nukleotydów mRNA odpowiednie aminokwasy. Wykorzystaj do tego tabelę kodu genetycznego.

Wskazówka

Ostatni kodon mRNA: UAA jest kodonem STOP. Nie można mu więc przyporządkować żadnego aminokwasu.

AUG CCU GCC AAA
metionina prolina alanina lizyna

Odpowiedź: Na podstawie podanego fragmentu DNA powstanie łańcuch aminokwasów o następującej kolejności: metionina – prolina – alanina – lizyna.

Krok po kroku

Odtwarzanie informacji genetycznej na podstawie łańcucha aminokwasów

Przykład

Zapisz przykładową sekwencję nukleotydów mRNA dla podanego niżej łańcucha aminokwasów. W odpowiedzi uwzględnij kodon STOP.

metionina – arginina – histydyna – cysteina – leucyna – tyrozyna

- 1 Wyszukaj podane aminokwasy w tabeli kodu genetycznego i zapisz oznaczające je kodony. Jeden aminokwas może być kodowany przez większą liczbę kodonów, ale ponieważ możesz podać przykładową sekwencję, wybierz dowolny kodon.

Aminokwasy	metionina	arginina	histydyna	cysteina	leucyna	tyrozyna
Przykładowe kodony	AUG	AGA AGG* CGU CGC CGA CGG	CAC CAU	UGU UGC	CUA UUA UUG CUU CUC CUG	UAU UAC

* Kolorem szarym zaznaczyliśmy inne możliwe kodony kodujące dany aminokwas.

- 2 Zapisz sekwencję mRNA utworzoną z wybranych kodonów, oznaczających odpowiednie aminokwasy. Pamiętaj, aby na końcu umieścić jeden z trzech kodonów STOP: UAA, UAG, UGA.

Odpowiedź: Dla podanych pięciu aminokwasów cząsteczka mRNA może mieć następującą sekwencję nukleotydów:

AUGAGACACUGUCUAUAUUGA.

W skrócie

- **Kod genetyczny** to sposób zapisu informacji o budowie białek w sekwencji kwasów nukleinowych (DNA lub mRNA).
- Właściwości kodu genetycznego określają jego cechy. Kod genetyczny jest:
 - trójkowy,
 - jednoznaczny,
 - zdegenerowany,
 - bezprzecinkowy,
 - niezachodzący,
 - uniwersalny.

Polecenia kontrolne

1. Podaj sekwencję aminokwasów w polipeptydzie, który powstanie na podstawie cząsteczki mRNA o następującej sekwencji nukleotydów: AUGCCGGGCAUCUUUACGUAA.
2. Na podstawie podanego fragmentu DNA utwórz mRNA oraz łańcuch aminokwasów, który jest przez niego kodowany. Nić matrycowa jest wskazana strzałką. Zadanie wykonaj w zeszycie.
 ATGCCGAGCCAACGCACT
 → TACGGCTCGGTTGCGTGA
3. Na podstawie tabeli kodu genetycznego utwórz przykładowy fragment mRNA, który może kodować poniższy łańcuch aminokwasów. W odpowiedzi uwzględnij kodon STOP.
 metionina – seryna – glicyna – alanina – tryptofan



1.3. Ekspresja genów

Zwróć uwagę na:

- przebieg transkrypcji i modyfikacje potranskrypcyjne,
- ✂ • mechanizm translacji oraz znaczenie modyfikacji potranslacyjnych,
- istotę regulacji ekspresji genów.

Chociaż wszystkie komórki jednego organizmu zawierają tę samą informację genetyczną, to jednak różnią się budową i funkcjami. Jest tak dlatego, że w poszczególnych rodzajach komórek są aktywne różne geny. Jak dochodzi do odczytywania informacji genetycznej, czyli ekspresji genów?

■ Czym jest ekspresja genów?

Ekspresja genów to proces odczytywania informacji genetycznej i syntezy na jej podstawie odpowiednich cząsteczek białka lub RNA.

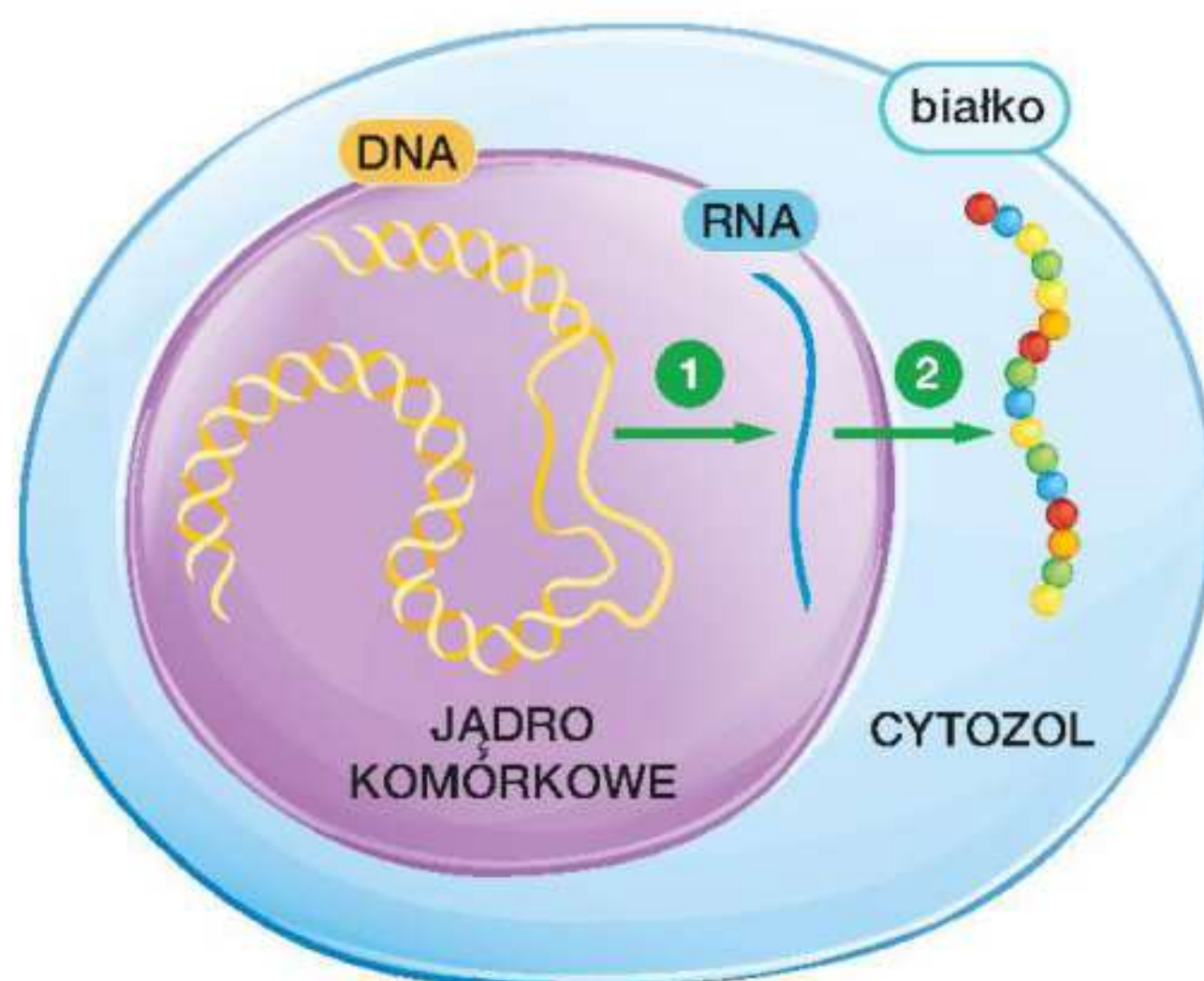
Etapy ekspresji genów

Ekspresja genów kodujących białka, nazywana **biosyntezą białek**, przebiega w dwóch etapach. Są to:

- ▶ **transkrypcja**, czyli przepisanie informacji z DNA na mRNA. W jej wyniku powstaje cząsteczka mRNA o sekwencji komplementarnej do sekwencji DNA;
- ▶ **translacja**, czyli przetłumaczenie języka nukleotydów na język aminokwasów. W jej wyniku na podstawie informacji zawartej w mRNA jest syntetyzowane odpowiednie białko.

W których miejscach w komórce zachodzi biosynteza białek?

U organizmów eukariotycznych transkrypcja, czyli pierwszy etap biosyntezy białek, zachodzi w jądrze komórkowym. Drugi etap – translacja – zachodzi w cytozolu, do którego są transportowane cząsteczki mRNA po transkrypcji.

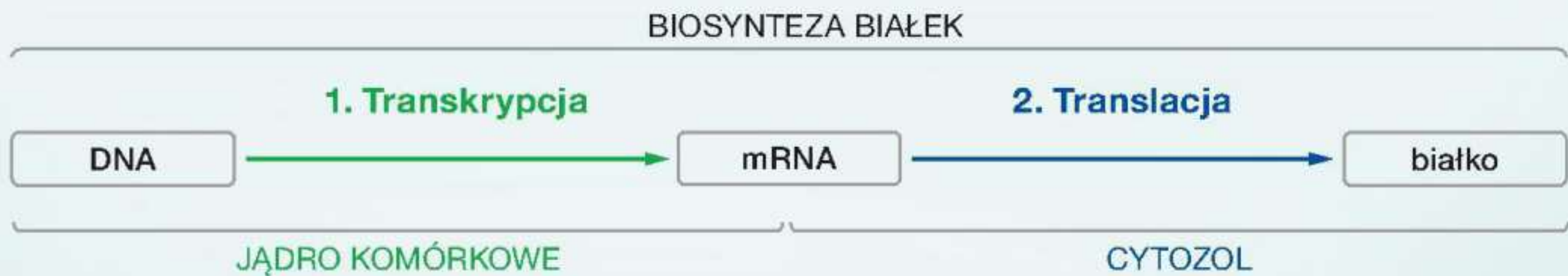


Lokalizacja etapów biosyntezy białek w komórce.

- 1 Transkrypcja** – cząsteczki DNA znajdują się w jądrze komórkowym. Zawarta w nich informacja dotycząca budowy białka zostaje przepisana na mniejsze nośniki informacji – cząsteczki mRNA.
- 2 Translacja** – cząsteczki mRNA są wykorzystywane w cytozolu do syntezy długich łańcuchów aminokwasów tworzących białka. Kolejność aminokwasów w białku jest wyznaczana przez kolejność nukleotydów tworzących mRNA.

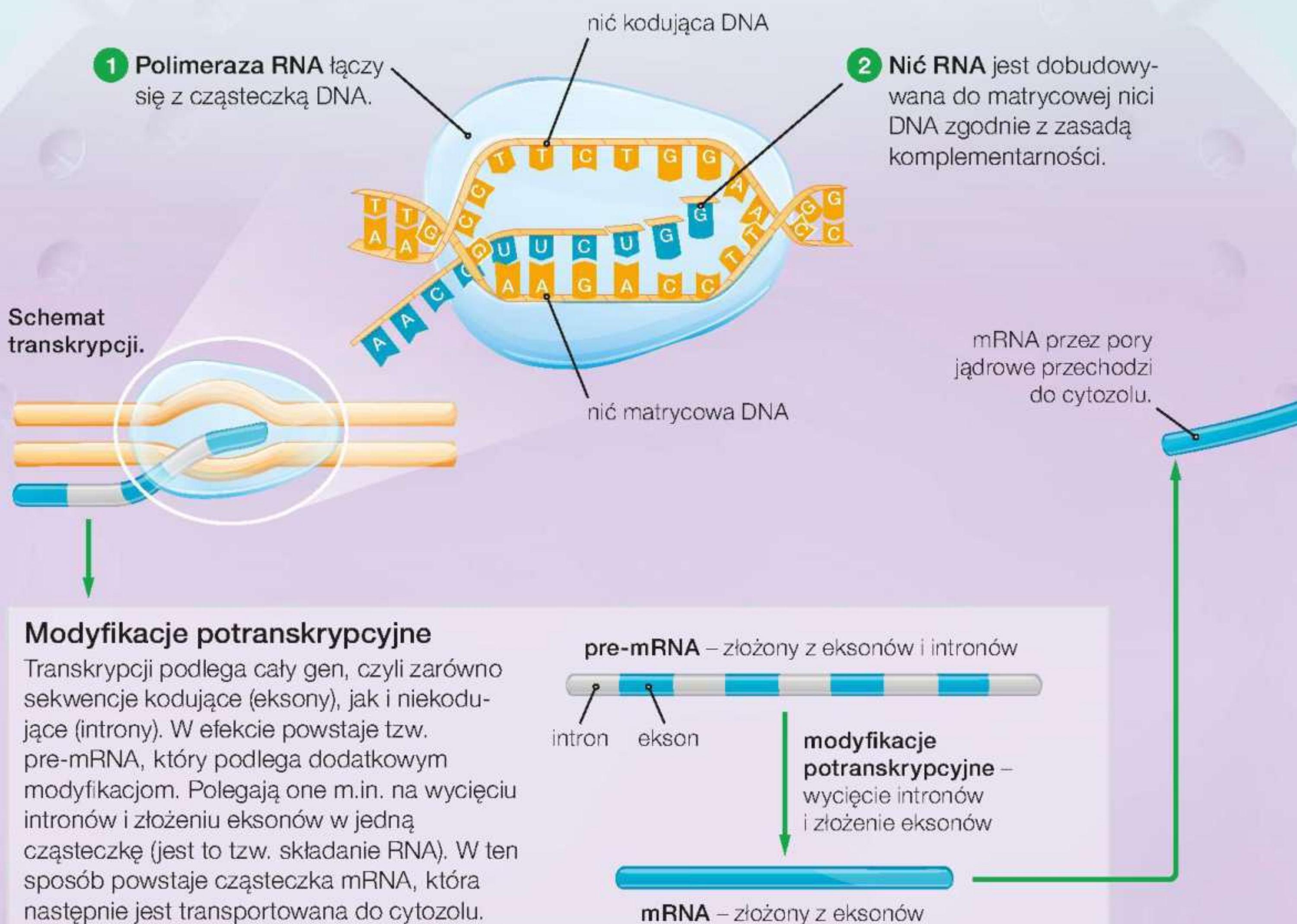
Biosynteza białek

Biosynteza białek składa się z dwóch głównych etapów: **transkrypcji** i **translacji**. Poniżej wyjaśnimy, w jaki sposób przebiegają one w komórkach eukariotycznych, czyli m.in. w komórkach człowieka.



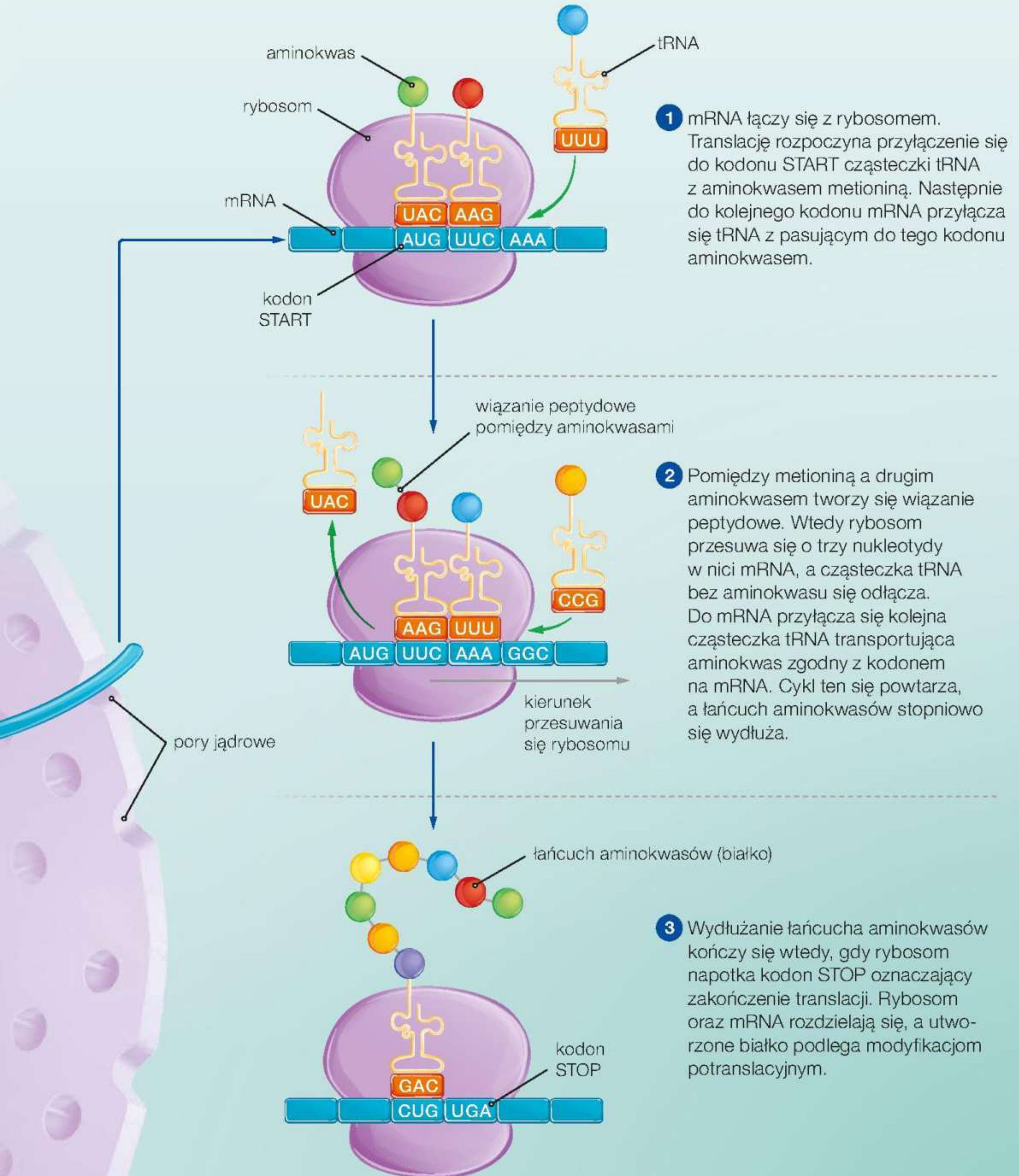
1. Transkrypcja – proces syntezy mRNA

Transkrypcja zachodzi w jądrze komórkowym i polega na syntezie mRNA. Za proces ten odpowiada głównie enzym **polimeraza RNA**. Enzym ten łączy się z cząsteczką DNA. Następnie, przesuwając się wzdłuż nici DNA, rozsuwa je stopniowo i przyłącza kolejne nukleotydy RNA komplementarne do nici DNA aż do miejsca, w którym znajduje się sekwencja oznaczająca koniec transkrypcji. W ten sposób na podstawie nici matrycowej DNA na zasadzie komplementarności jest tworzona cząsteczka pre-mRNA. Po przepisaniu informacji nici DNA na nowo się splatają. Cząsteczka pre-mRNA zostaje uwolniona i podlega **modyfikacjom potranskrypcyjnym**.



2. Translacja – proces syntezy białka

Proces translacji przebiega w cytozolu. Biorą w nim udział rybosomy, cząsteczki mRNA oraz cząsteczki tRNA. Rybosomy na podstawie informacji zawartej w mRNA łączą aminokwasy dostarczane przez tRNA. W ten sposób powstaje łańcuch aminokwasów o sekwencji charakterystycznej dla danego białka.





W jaki sposób białko uzyskuje swoje właściwości?

Białko powstałe w wyniku translacji ma postać długiego łańcucha aminokwasów, ale nie jest aktywne biologicznie. Aby mogło uzyskać odpowiednie właściwości i trafić do określonego miejsca w komórce, musi przejść **modyfikacje potranslacyjne**. Polegają one najczęściej na nadaniu białku odpowiedniego kształtu. W czasie modyfikacji z białka mogą także zostać usunięte niektóre aminokwasy lub mogą do niego zostać przyłączone dodatkowe związki, np. reszty cukrowe, tłuszczowe czy fosforanowe.

Regulacja ekspresji genów

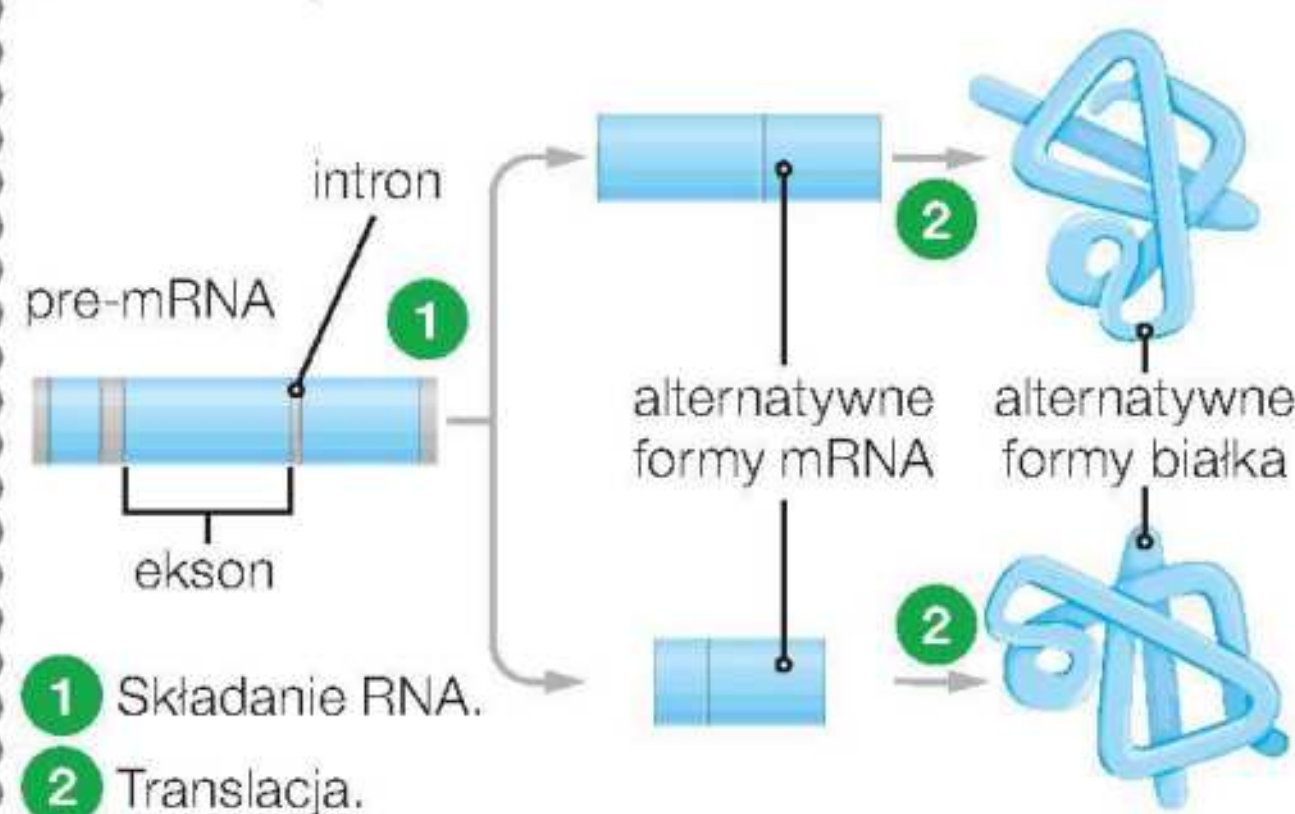
Regulacja ekspresji genów polega na zmianie ich aktywności. W jej wyniku w komórce aktywne są tylko te geny, które są niezbędne do jej funkcjonowania. Dzięki mechanizmom regulacji ekspresji genów komórki mogą się różnicować i specjalizować.

Regulacja ekspresji genów pozwala również komórce na reagowanie na zmiany zachodzące w środowisku lub sygnały przekazywane

np. przez układ nerwowy i układ hormonalny. Dzięki temu komórka może m.in. zmienić swój metabolizm.

Przykładami **sposobów regulacji ekspresji genów** są:

- ▶ regulacja dostępu do genów – do rozpoczęcia ekspresji genu jest niezbędne rozluźnienie chromatyny,
- ▶ aktywność białek regulatorowych – białka te ułatwiają lub utrudniają przyłączenie polimerazy RNA do genu,
- ▶ alternatywne składanie mRNA.



Alternatywne składanie mRNA polega na tym, że po wycięciu intronów eksony mogą być scalone w różnej kolejności. Dzięki temu powstają różne formy mRNA, a w efekcie – różne formy białka.

W skrócie

- **Ekspresja genów** to proces odczytywania informacji genetycznej i syntezy na jej podstawie cząsteczek białka lub RNA. Składa się ona z dwóch etapów: transkrypcji i translacji. **Transkrypcja** polega na tworzeniu cząsteczki mRNA na podstawie informacji genetycznej zawartej w DNA. W komórkach eukariotycznych produkt transkrypcji (pre-mRNA) ulega **modyfikacjom potranskrypcyjnym**, które obejmują m.in. wycięcie intronów i scalenie eksonów. **Translacja** polega na tłumaczeniu sekwencji nukleotydów mRNA na sekwencję aminokwasów w białku.

• **Modyfikacje potranslacyjne** umożliwiają białkom uzyskanie odpowiedniej struktury i właściwości. Dzięki nim białka stają się aktywne biologicznie.

- **Regulacja ekspresji genów** umożliwia m.in.: różnicowanie się komórek, kontrolę produkcji białek zgodnych z funkcjami komórek oraz reagowanie na zmiany w środowisku.

Polecenia kontrolne

1. Opisz znaczenie modyfikacji zachodzących po transkrypcji oraz po translacji.
2. Wyjaśnij, dlaczego ekspresja genów w komórkach wątroby jest inna niż w komórkach szpiku kostnego.
3. Korzystając z różnych źródeł informacji, ustal, czy jest możliwy proces odwrotny do transkrypcji, oznaczający uzyskanie DNA na podstawie RNA.



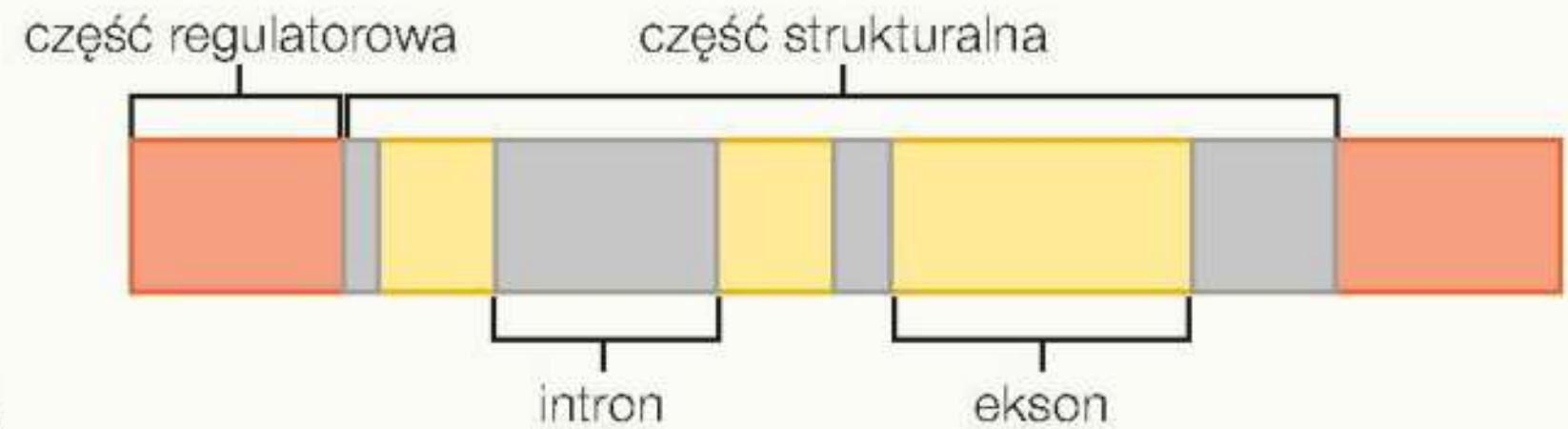
Podsumowanie



- 1 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.

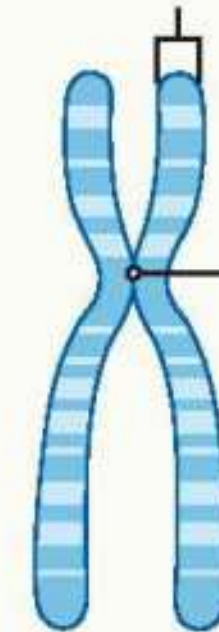


Budowa genu organizmów eukariotycznych.

- 2 Organizacja materiału genetycznego w jądrze komórkowym**

- Pomiedzy podziałami komórki DNA jest połączony z białkami histonowymi, z którymi tworzy **chromatynę**.
- W czasie podziałów komórkowych chromatyna przybiera najbardziej skondensowaną postać. Chromosomy są wtedy zbudowane z dwóch chromatyd połączonych centromerem.

Chromatyd – połówka chromosomu, która zawiera jedną cząsteczkę DNA.

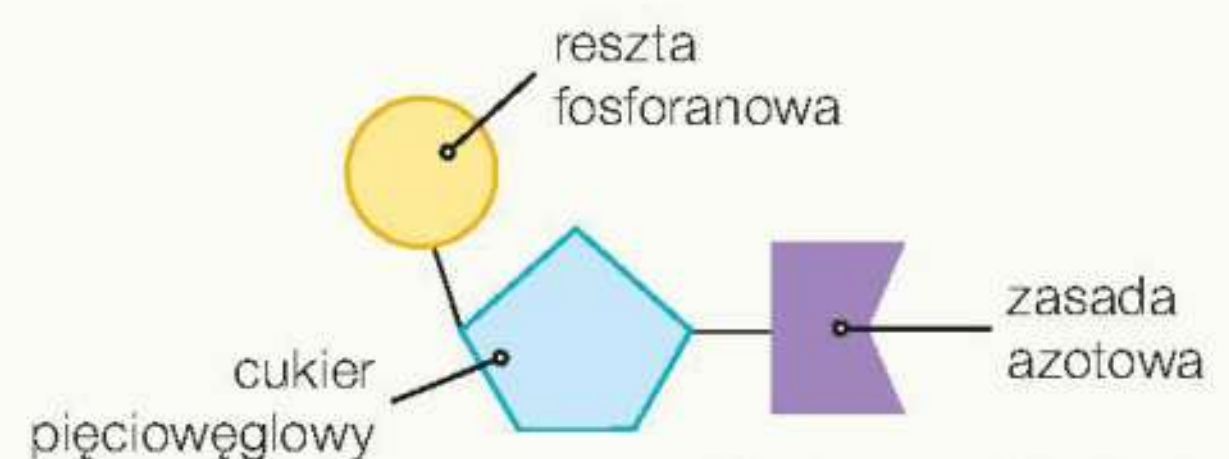


Centromer – miejsce połączenia dwóch chromatyd.

Budowa chromosomu w czasie podziału komórki.

- 3 Genom** – kompletna informacja genetyczna komórki lub organizmu. Genom tworzą geny i odcinki pozagenowe, które nie kodują białek ani RNA. Zwykle genomem nazywamy DNA znajdujący się w pojedynczym zestawie chromosomów.

- 4 DNA i RNA** – kwasy nukleinowe zbudowane z nukleotydów połączonych wiązaniami fosfodiesterowymi.



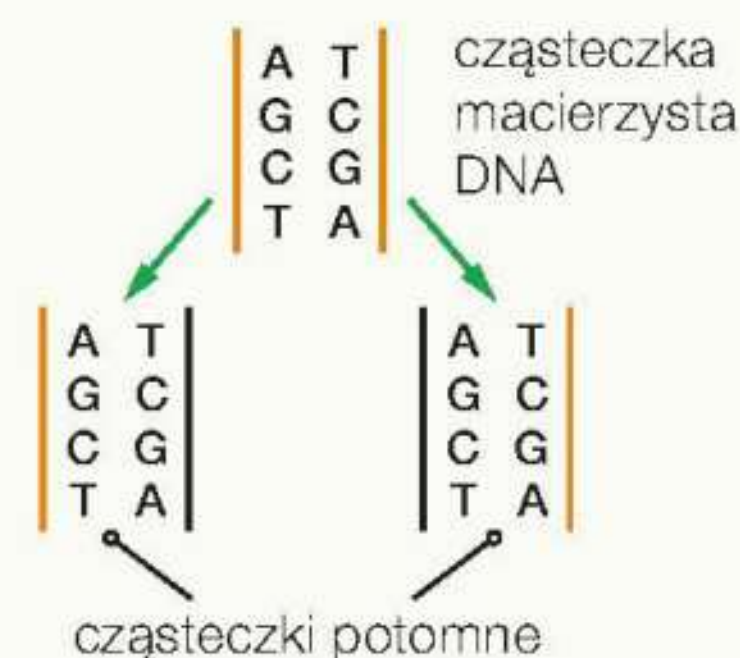
Budowa nukleotydu.

Porównanie cech kwasów nukleinowych

Cecha	DNA	RNA
Struktura cząsteczki	podwójna helisa (dwie nici DNA)	pojedyncza nić
Cukier	deoksyryboza	ryboza
Zasady azotowe	guanina, cytozyna, adenina, tymina	guanina, cytozyna, adenina, uracyl
Rodzaje	jeden rodzaj	mRNA – informacyjny RNA, tRNA – transportujący RNA, rRNA – rybosomalny RNA
Rola	zawiera informację genetyczną – odpowiada za dziedziczenie cech	bierze udział w biosyntezie białek

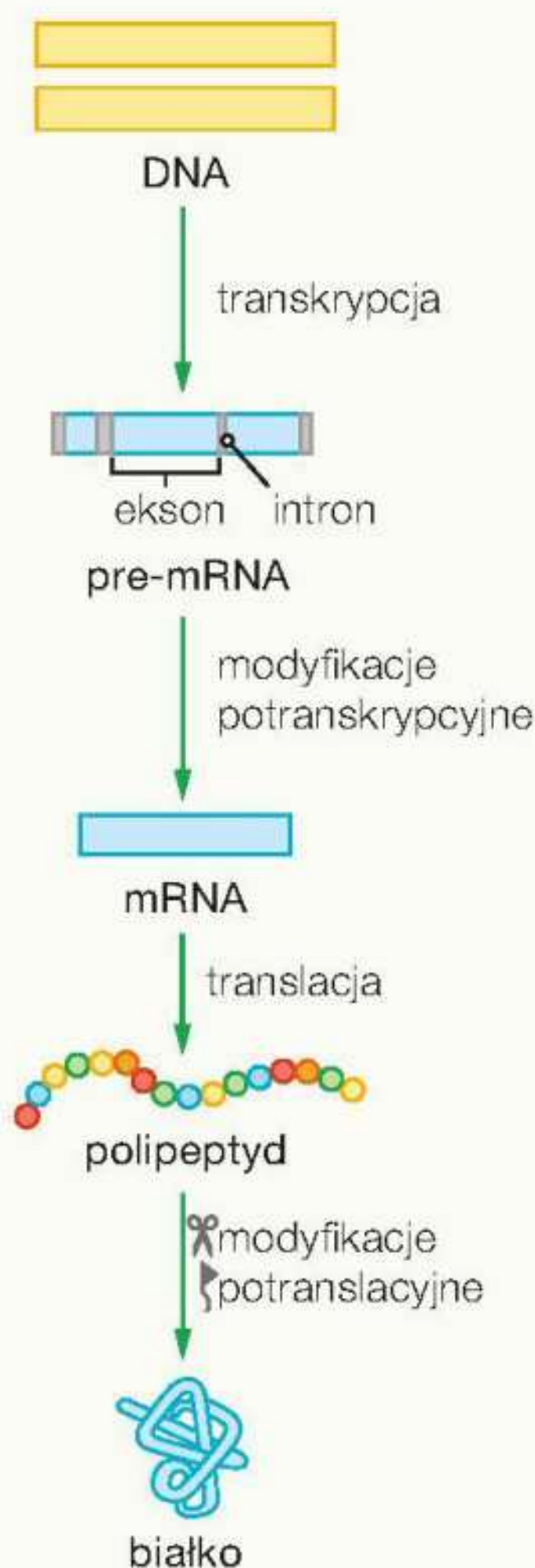


- 5 Replikacja DNA** – proces zachodzący w jądrze komórkowym, który prowadzi do uzyskania dwóch identycznych cząsteczek DNA. Bierze w nim udział enzym – polimeraza DNA. Replikacja DNA zachodzi przed podziałem komórkowym.



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

Etapy ekspresji genu



- 1 Transkrypcja** – proces przepisywania informacji genetycznej z DNA na RNA, zachodzący w jądrze komórkowym. Podczas transkrypcji na podstawie nici matrycowej DNA powstaje cząsteczka pre-mRNA tworzona na zasadzie komplementarności. W procesie tym uczestniczy polimeraza RNA.
- 2 Modyfikacje potranskrypcyjne** – procesy, podczas których dochodzi m.in. do wycięcia intronów i scalenia eksonów w cząsteczce pre-mRNA. W ten sposób powstaje cząsteczka mRNA.
- 3 Translacja** – proces „tłumaczenia” języka nukleotydów na język aminokwasów. Na podstawie informacji zawartej w mRNA powstaje łańcuch aminokwasów (polipeptyd). Kolejność aminokwasów w polipeptydzie jest wyznaczana przez sekwencję nukleotydów w mRNA. Proces ten zachodzi w cytozolu. Biorą w nim udział: mRNA, rybosomy oraz cząsteczki tRNA, które transportują aminokwasy do miejsca translacji.
- 4 Modyfikacje potranslacyjne** – procesy polegające na nadaniu polipeptydowi odpowiedniej struktury (np. niektóre fragmenty zostają z niego usunięte lub są do niego dołączane inne związki). Dzięki temu powstaje białko aktywne biologicznie.

- 7 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 i zmiany środowiska.

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

Kod genetyczny jest:

- trójkowy – trzy kolejne nukleotydy tworzą kodon,
- jednoznaczny – każdy kodon oznacza tylko jeden aminokwas,
- zdegenerowany – jeden aminokwas może być kodowany przez więcej niż jeden kodon,
- bezprzecinkowy – nie ma wolnych nukleotydów. Każdy nukleotyd wchodzi w skład jakiegoś kodonu,
- niezachodzący – element jednej trójki nie może wchodzić w skład kolejnego kodonu,
- uniwersalny – poza nielicznymi wyjątkami jest taki sam u wszystkich organizmów.



Sprawdź, czy już umiesz!

WYKONAJ W ZESZYCIE



- 1** Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących związku pomiędzy informacją genetyczną a cechą organizmu. Wybierz P, jeśli stwierdzenie jest prawdziwe, lub F, jeśli jest fałszywe. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

(2 p.)

1.	Kolejność aminokwasów w białku jest wyznaczana przez kolejność nukleotydów w mRNA.	P	F
2.	Dzięki białkom produkowanym na podstawie informacji zawartej w genach organizm uzyskuje określone cechy.	P	F

- 2** Odcinek DNA składa się z 300 nukleotydów, z których 46 zawiera adeninę.

(1 p.)

Określ, ile nukleotydów w tym odcinku DNA zawiera guaninę. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 3** Jeśli cząsteczka DNA zawiera 34% nukleotydów z tyminą, to jaki procent stanowią w tej cząsteczce nukleotydy z guaniną? Wybierz punkt, który zawiera poprawną odpowiedź. Zapisz ją w zeszycie i uzasadnij odpowiednimi obliczeniami.

(1 p.)

A. 4%. B. 26%. C. 16%. D. 32%.

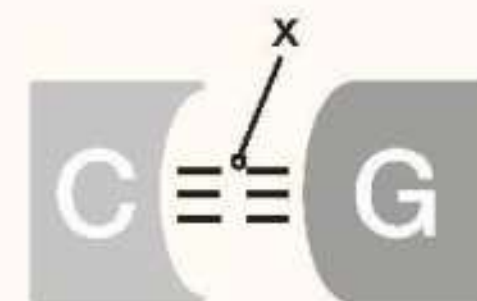
- 4** Przepisz poniższy tekst do zeszytu, wybierając wyrazy tak, aby powstał poprawny opis budowy DNA.

(1 p.)

W nukleotydzie DNA reszta kwasu fosforowego łączy się z cukrem pięciowęglowym – *rybozą* / *deoksyrybozą*. Jedną z zasad azotowych może być *tymina* / *uracyl*. Cząsteczka tego kwasu nukleinowego składa się z *dwóch łańcuchów* / *jednego łańcucha*.

- 5** Podaj nazwę wiązania zaznaczonego na ilustracji literą X. Określ, jaką funkcję pełni tego typu wiązania w cząsteczce DNA. Odpowiedzi zapisz w zeszycie.

(1 p.)



- 6** Uporządkuj punkty A–E tak, aby przedstawić kolejne etapy prowadzące do powstania białka. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

(1 p.)

- A. Połączenie mRNA z rybosomami.
- B. Przepisanie informacji z DNA na pre-mRNA.
- C. Uzyskanie aktywnego biologicznie białka dzięki modyfikacjom polipeptydu.
- D. Wycięcie sekwencji niekodujących z pre-mRNA i powstanie cząsteczki mRNA.
- E. Łączenie aminokwasów w polipeptyd na podstawie sekwencji nukleotydów mRNA.

- 7** Poniżej przedstawiono sekwencję nici matrycowej DNA, zawierającej introny (kolor zielony) i eksony (kolor czarny).

(2 p.)

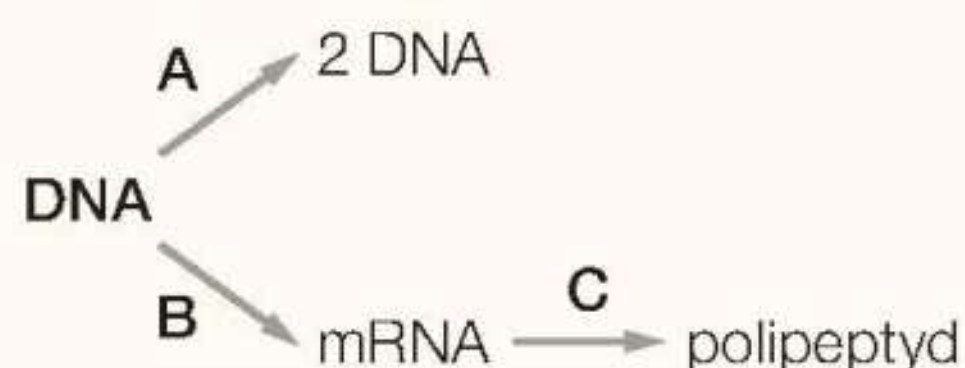
AAATCGATTAAATGCTAACGCTCCGATCCGTATTTAACGGTA

- a)** Zapisz w zeszycie sekwencję cząsteczki mRNA uzyskanej po modyfikacji potranskrypcyjnej.

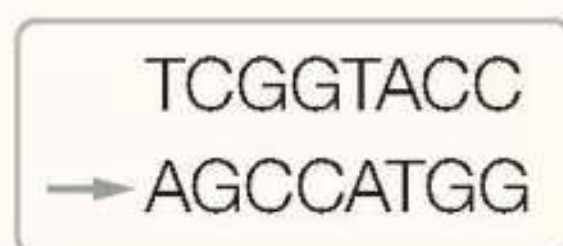
- b)** Podaj znaczenie modyfikacji potranskrypcyjnych w biosyntezie białka. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 8** Schemat przedstawia procesy zachodzące w komórce z udziałem kwasów nukleinowych. (2 p.)

- a)** Podaj nazwy procesów oznaczonych na schemacie jako A, B i C. Odpowiedź zapisz w zeszycie.
- b)** Określ, które z tych procesów zachodzą w jądrze komórkowym. Odpowiedź zapisz w zeszycie.



- 9** W ramce obok podano fragment cząsteczki DNA. Nić matrycowa została wskazana strzałką. (1 p.)



Wybierz punkt z poprawnym zapisem sekwencji cząsteczki mRNA, która powstała w wyniku transkrypcji. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- A. AGCCAUCC B. UCGGUACC C. TCGGTACC D. AGCCATGG

- 10** Na podstawie podanej sekwencji cząsteczki mRNA utwórz łańcuch aminokwasów. W tym celu skorzystaj z tabeli kodu genetycznego (s. 15). Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

mRNA: AUGCUAAGGGACCGUAUUUAA

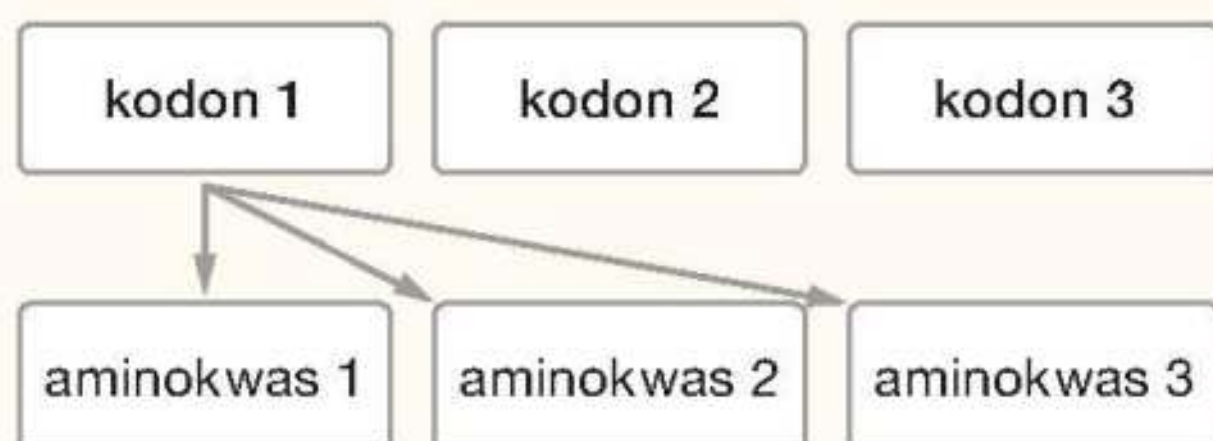
- 11** Poniżej przedstawiono łańcuch sześciu aminokwasów. (2 p.)

metionina – alanina – seryna – glicyna – lizyna – walina

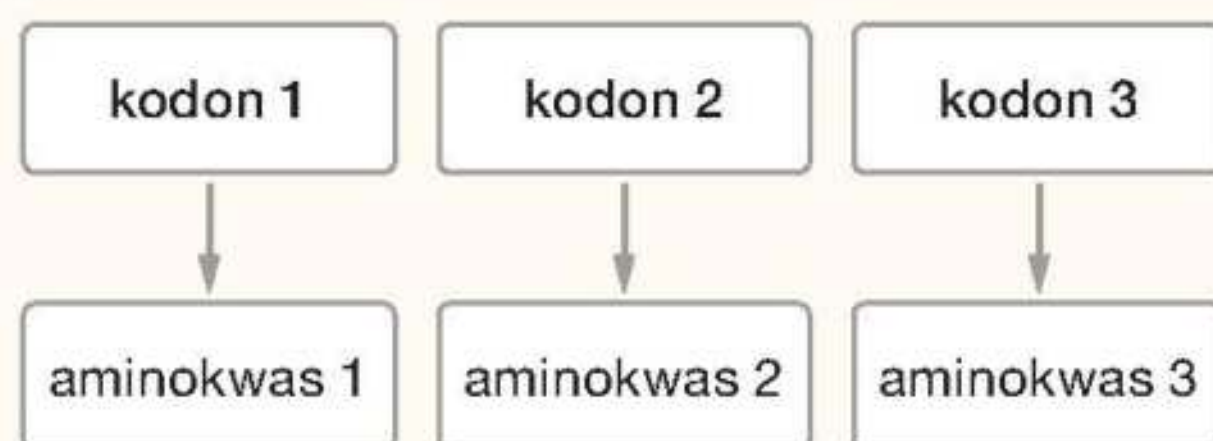
- a)** Zapisz przykładową sekwencję cząsteczki mRNA, która może kodować aminokwasy w podanym łańcuchu aminokwasów. W tym celu skorzystaj z tabeli kodu genetycznego (s. 15). Pamiętaj, aby uwzględnić kodon STOP. Odpowiedź zapisz w zeszycie.
- b)** Na podstawie uzyskanego łańcucha mRNA utwórz nić matrycową DNA. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 12** Określ, który spośród podanych schematów (A–C) przedstawia jednoznaczność, a który – zdegenerowanie kodu genetycznego. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

A.



B.



C.





2. Genetyka klasyczna

To było w szkole podstawowej!

☑ **Gen** – odcinek DNA, który zawiera informację o budowie białka lub RNA. Może występować w kilku wersjach nazywanych **allelami**.

☑ **Genotyp** – informacja genetyczna zawarta we wszystkich genach organizmu lub zapis alleli pojedynczego genu. **Fenotypem** nazywamy możliwe do zaobserwowania cechy organizmu.



Mutacje – nagle, trwałe zmiany w materiale genetycznym

mutacje genowe (punktowe)

- zmiany w sekwencji nukleotydów

mutacje chromosomowe

- zmiany w budowie lub liczbie chromosomów

2.1.

I prawo Mendla. Krzyżówka testowa

Zwróć uwagę na:

- różnicę między genotypem a fenotypem oraz między genem a allelem,
- mechanizm dziedziczenia cech zgodnie z I prawem Mendla,
- sposób zapisu krzyżówek genetycznych oraz interpretację ich wyników.

W poprzednich lekcjach wyjaśniliśmy, jaka jest zależność pomiędzy genem a cechą. Często jednak zdarza się, że dana cecha może być kodowana przez kilka genów oraz występować w różnych wariantach, a jej ujawnienie się może zależeć od warunków środowiska. W tej lekcji dowiesz się, czym są genotyp i fenotyp oraz poznasz reguły dziedziczenia cech warunkowanych przez jeden gen.

■ Genotyp a fenotyp

Zespół wszystkich genów występujących w organizmie nazywamy **genotypem**. Z kolei widoczne cechy organizmu, takie jak kształt nosa czy barwa włosów, oraz jego cechy fizjologiczne i biochemiczne określamy mianem **fenotypu**. Terminów „genotyp” i „fenotyp” używamy również do opisu jednego genu lub jednej cechy organizmu m.in. podczas rozwiązywania krzyżówek genetycznych.

Na fenotyp organizmu wpływają zarówno jego genotyp, jak i czynniki środowiska oraz tryb życia. Dlatego nawet jednojajowe bliźnięta, które są identyczne pod względem

genetycznym, mogą się różnić wyglądem czy stanem zdrowia.

■ Gen i allel

Geny mogą występować w wielu wersjach, nazywanych **allelami**. Różne allele powodują odmienne wykształcenie danej cechy. Przykładowo, gen warunkujący kolor kwiatów grochu zwyczajnego może występować w postaci allelu barwy czerwonej i allelu barwy białej.

Gdy istnieją dwa allele (dwie wersje) danego genu, jeden z nich często jest **dominujący**, a drugi – **recesywny**. Do ujawnienia się cechy warunkowanej przez **allel dominujący**, czyli **cechy dominującej**, wystarczy jeden allel dominujący. Cecha warunkowana przez **allel recesywny** – **cecha recesywna**, ujawnia się tylko w obecności dwóch alleli recesywnych.

Do oznaczania alleli genów używamy liter alfabetu. Allel dominujący oznaczamy wielką literą, np. A, a allel recesywny – małą literą, np. a.

Przykłady cech dominujących i recesywnych człowieka

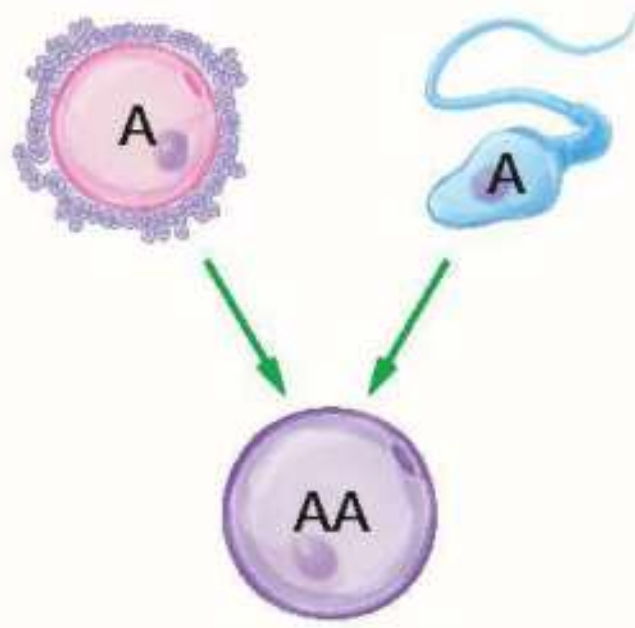
Cecha dominująca	Cecha recesywna
ciemne włosy	jasne włosy
kręcone włosy	proste włosy
długie rzęsy	krótkie rzęsy
ciemne oczy	jasne oczy
odstające uszy	przylegające uszy
grupa krwi Rh+	grupa krwi Rh-
piegi	brak piegów
orli nos	prosty nos



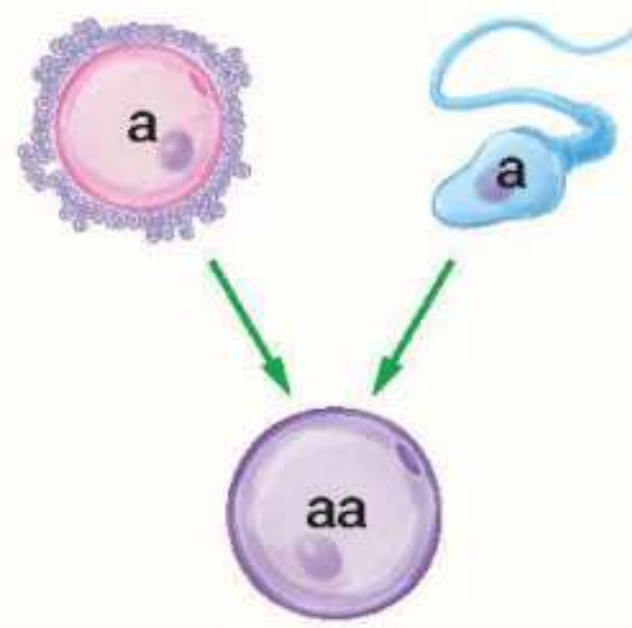
Kręcone włosy to cecha dominująca, natomiast proste – cecha recesywna.

Ile alleli danego genu jest w gamecie i w zygocie?

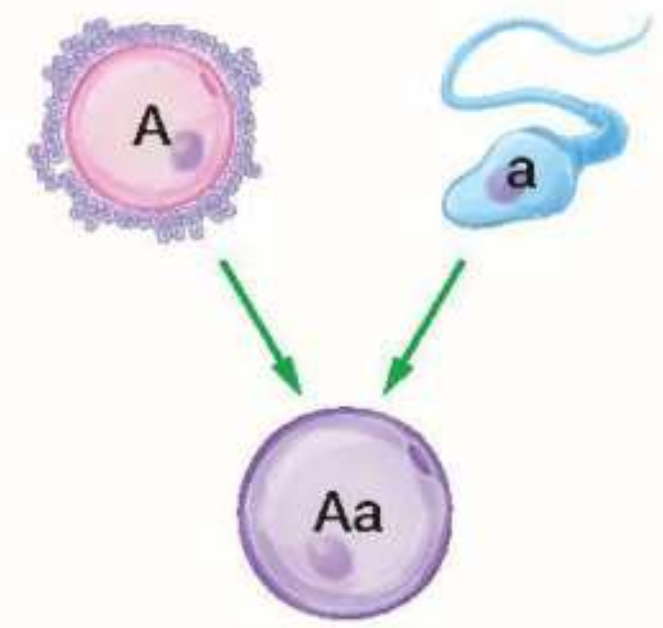
Gamety są haploidalne i zawierają po jednym allelu każdego genu. Dzięki temu zygota, która powstaje w wyniku zapłodnienia, jest diploidalna i ma dwa allele każdego genu – jeden od matki, a drugi od ojca. Allele w gametach matki i ojca mogą być takie same lub różne. Z tego powodu wyróżniamy trzy rodzaje zygot, z których rozwijają się trzy rodzaje osobników.



Jeżeli zygota zawiera dwa takie same allele dominujące, określamy ją mianem **homozygoty dominującej**. Fenotypowo u osobnika ujawnia się **cecha dominująca**.



Jeżeli zygota zawiera dwa takie same allele recesywne, określamy ją mianem **homozygoty recesywnej**. Fenotypowo u osobnika ujawnia się **cecha recesywna**.



Jeżeli zygota zawiera dwa różne allele, określamy ją mianem **heterozygoty**. Fenotypowo u osobnika ujawnia się **cecha dominująca**.

Jakie gamety wytwarzają homozygoty i heterozygoty?

Zygota rozwija się w organizm, który dzięki mejozie wytwarza gamety zawierające tylko jeden zestaw alleli genów. Gamety muszą być haploidalne, ponieważ inaczej zapłodnienie doprowadziłoby do zwielokrotnienia informacji genetycznej w zygocie.

Homozygoty		Heterozygota
homozygota dominująca	homozygota recesywna	
Homozygoty wytwarzają gamety, które są takie same pod względem danego genu i zawsze zawierają jeden jego allel. U homozygot dominujących jest to allel dominujący, a u homozygot recesywnych – allel recesywny.		U heterozygot połowa gamet zawiera allel dominujący, a druga połowa – allel recesywny.

Ze względu na dwa rodzaje alleli, które zawiera heterozygota, tworzenie gamet jest jak rzut monetą. Zawsze istnieją dwie możliwości. To, który allel (dominujący czy recesywny) znajdzie się w gamecie, jest kwestią przypadku. Prawdopodobieństwo obecności w gamecie dla każdego z tych alleli wynosi 50%.

I prawo Mendla – prawo czystości gamet

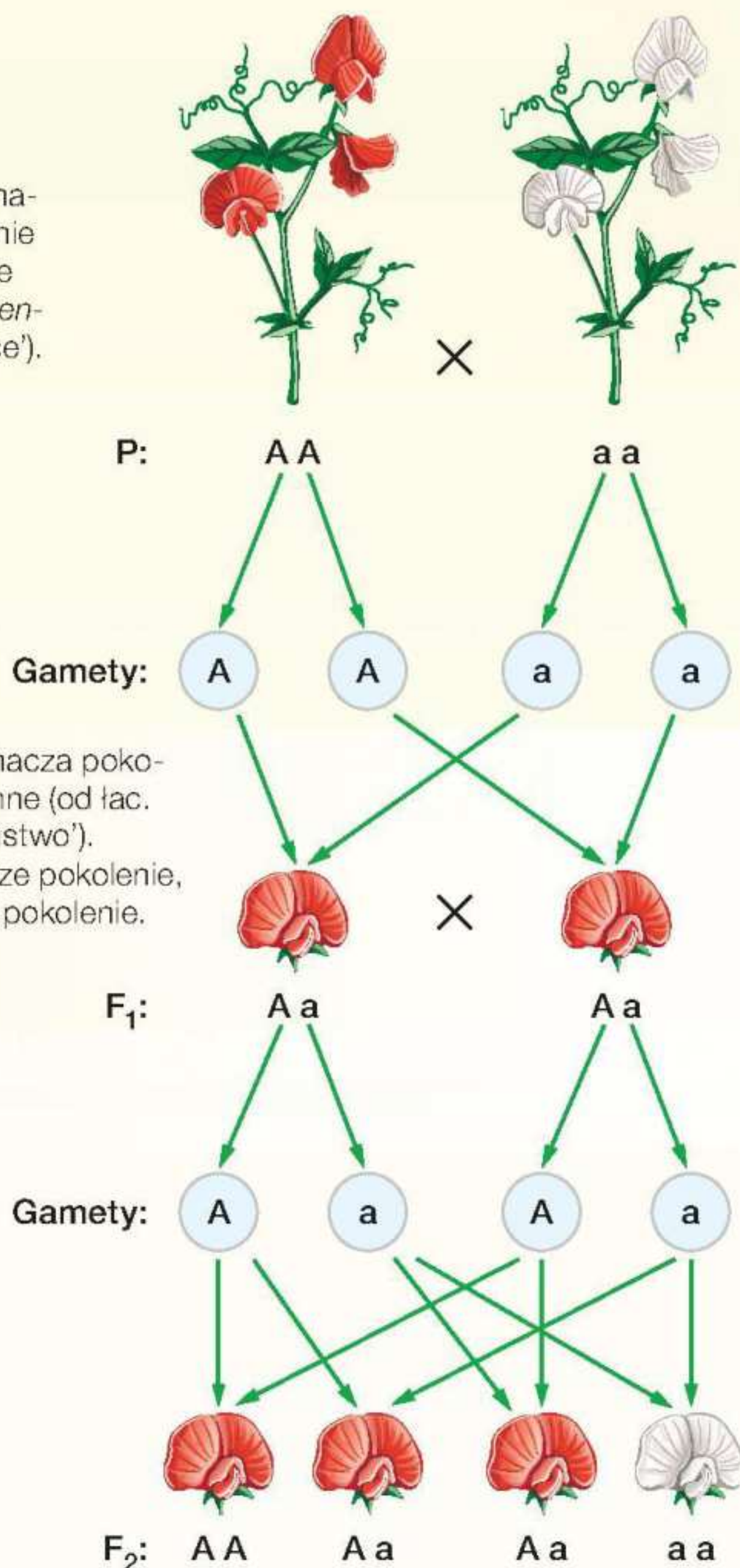
W gamecie znajduje się zawsze jeden allel danego genu, dzięki czemu w zygocie znajdują się dwa allele tego genu. Jest to jedno z podstawowych praw genetyki nazywane **prawem czystości gamet**. Prawo to nazywamy również **I prawem Mendla**, ponieważ zostało ono odkryte w XIX w. przez czeskiego zakonnika **Gregora Mendla**.

■ W jaki sposób Mendel odkrył prawo czystości gamet?

Badania Mendla polegały na obserwacji wyników krzyżowania roślin, głównie grochu zwyczajnego. Uczony skupiał się na widocznych, przeciwstawnych cechach, m.in. na czerwonej i białej barwie kwiatów. Dzięki temu, że badania prowadził na tysiącach roślin, mógł ustalić stosunek pojawiania się danych cech w pokoleniach potomnych.

Litera **P** oznacza pokolenie rodzicielskie (od łac. *paren-tes* – 'rodzice').

Litera **F** oznacza pokolenie potomne (od łac. *filii* – 'potomstwo').
 F_1 – pierwsze pokolenie,
 F_2 – drugie pokolenie.



- 1 Do swoich doświadczeń Mendel wybrał osobniki pochodzące z **czystych linii** – organizmy, które z pokolenia na pokolenie wykazywały te same cechy, np. wyłącznie kwiaty białe i wyłącznie kwiaty czerwone. Dzisiaj wiemy już, że były to **homozygoty** pod względem danej cechy.
- 2 Z połączenia gamet osobników o kwiatach białych z gametami osobników o kwiatach czerwonych powstały osobniki fenotypowo czerwone, które były **heterozygotami** – miały 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 miało kwiaty czerwone, a 25% – kwiaty białe.

Krok po kroku

Szachownica Punnetta – rozwiązywanie krzyżówek genetycznych

Jeżeli znamy genotypy pokolenia rodzicielskiego, na podstawie I prawa Mendla możemy ustalić, jakie genotypy będzie miało potomstwo. Służy do tego szachownica (diagram) Punnetta.

Przykład

Skrzyżowano dwie rośliny heterozygotyczne grochu zwyczajnego o kwiatach czerwonych. Określ, jakie jest prawdopodobieństwo wystąpienia wśród potomstwa roślin o kwiatach białych.

1 Oznacz allele.

A – kwiaty czerwone (allel dominujący)
a – kwiaty białe (allel recesywny)

2 Zapisz genotypy osobników rodzicielskich.

P: Aa x Aa

3 Zapisz rodzaje gamet osobników rodzicielskich.

Wskazówka

Pamiętaj, że zgodnie z I prawem Mendla w każdej gamecie znajduje się tylko jeden allel danego genu. Heterozygoty wykazują cechę dominującą – w tym zadaniu są to czerwone kwiaty – ale mają też allel recesywny, który się nie ujawnia. Każdy z osobników rodzicielskich wytwarza połowę gamet z allelem dominującym i drugą połowę – z allelem recesywnym.

Gamety pierwszego osobnika: A, a

Gamety drugiego osobnika: A, a

4 Skonstruuj szachownicę Punnetta.

Narysuj tabelę tak jak na ilustracji poniżej. W pierwszym wierszu tabeli wpisz rodzaje gamet jednego z osobników rodzicielskich, a w pierwszej kolumnie – rodzaje gamet drugiego osobnika rodzicielskiego. W białych polach wpisz możliwe połączenia gamet, wynikające z zestawienia odpowiedniej kolumny z wierszem.

♀ \ ♂	A	a
A	AA	Aa
a	Aa	aa

5 Na podstawie genotypów ustal i zapisz w szachownicy fenotypy potomstwa.

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

6 Zapisz, jaki jest stosunek genotypów i fenotypów potomstwa.

Stosunek genotypów:

1 : 2 : 1

AA : Aa : aa

Stosunek fenotypów:

3 : 1


kwiaty
czerwone


kwiaty
białe

7 Określ prawdopodobieństwo wystąpienia każdego z fenotypów.

Prawdopodobieństwo wystąpienia roślin o kwiatach czerwonych: $\frac{3}{4} = 75\%$

Prawdopodobieństwo wystąpienia roślin o kwiatach białych: $\frac{1}{4} = 25\%$

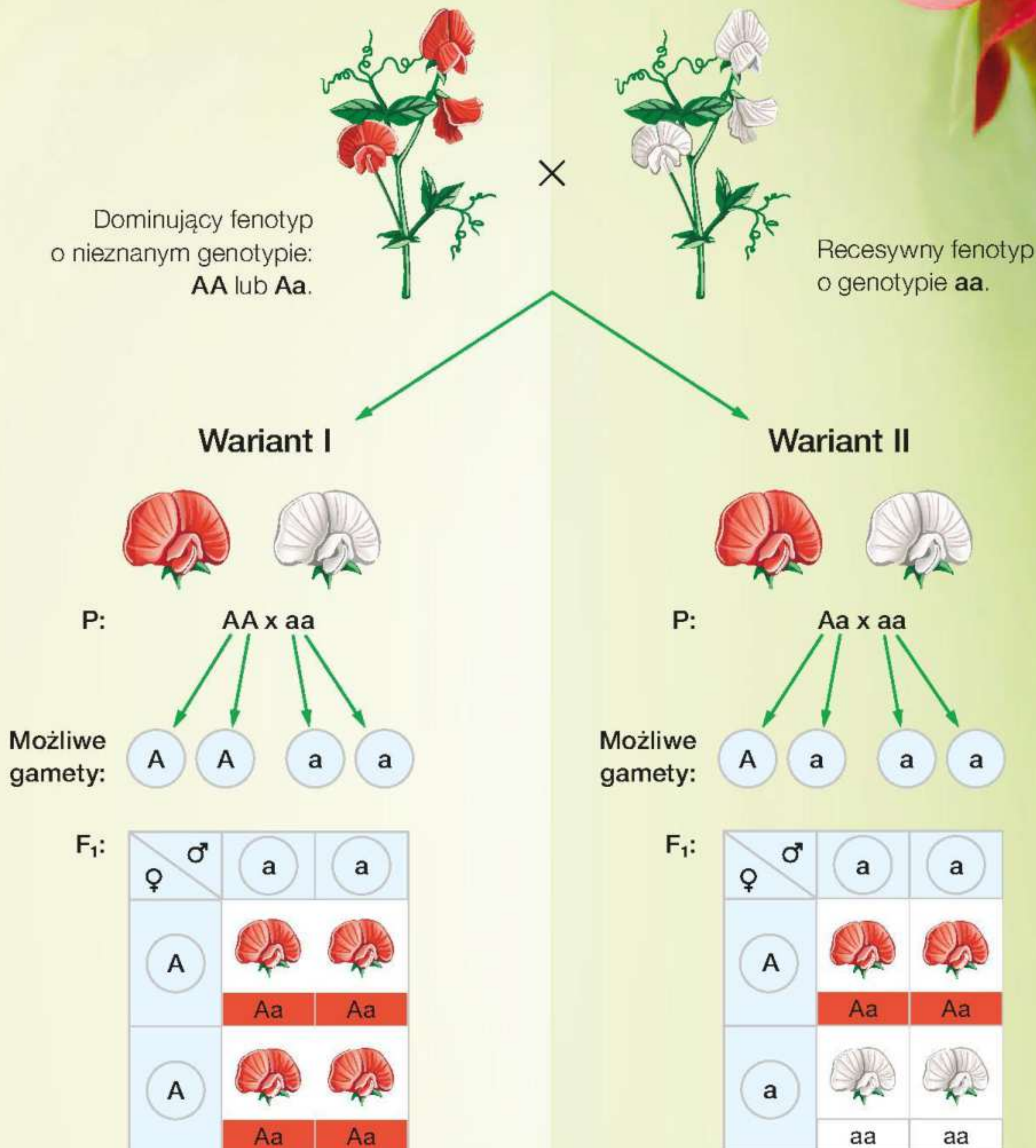
8 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Prawdopodobieństwo wystąpienia roślin o białej barwie kwiatów u potomstwa dwóch heterozygot o kwiatach czerwonych wynosi 25%.

Krzyżówka testowa, czyli jak sprawdzić, czy osobnik jest heterozygotą?

Osobnik wykazujący cechy dominujące może być homozygotą dominującą lub heterozygotą. Aby sprawdzić, jaki jest jego genotyp, należy przeprowadzić **krzyżówkę testową**.

Krzyżówka testowa polega na skrzyżowaniu osobnika wykazującego cechy dominujące z homozygotą recesywną.



Jeżeli osobnik rodzicielski wykazujący cechę dominującą jest homozygotą, to u wszystkich osobników potomnych fenotypowo ujawnia się cecha dominująca. W omawianym przykładzie wszystkie osobniki potomne mają kwiaty czerwone.

Jeżeli osobnik rodzicielski wykazujący cechę dominującą jest heterozygotą, to u połowy osobników potomnych fenotypowo ujawnia się cecha dominująca, a u drugiej połowy – cecha recesywna. W omawianym przykładzie wśród osobników potomnych pojawiły się osobniki z kwiatami czerwonymi i osobniki z kwiatami białymi.

Krok po kroku

Przykłady rozwiązywania jednogennych krzyżówek genetycznych

Uszy odstające są cechą dominującą, a uszy przylegające – cechą recesywną. Prześledźmy dwa przykłady dziedziczenia tej cechy.

Dane dla obu przykładów:

A – uszy odstające (allel dominujący)

a – uszy przylegające (allel recesywny)

Przykład 1.

Jakie jest prawdopodobieństwo, że dziecko będzie miało uszy przylegające, jeśli ojciec ma uszy odstające, a matka – uszy przylegające?

Wskazówka

Matka ma uszy przylegające, jest więc homozygotą recesywną pod względem tej cechy. Ojciec ma uszy odstające – nie wiadomo, czy jest homozygotą dominującą, czy heterozygotą. Należy rozważyć oba warianty.

Wariant 1. Ojciec jest homozygotą dominującą.

1 Ustal genotypy rodziców.

P: AA x aa

2 Określ możliwe rodzaje gamet u obojga rodziców.

Ojciec: wyłącznie A

Matka: wyłącznie a

3 Skonstruuj szachownicę Punnetta.

Wpisz w niej rodzaje gamet obojga rodziców. Następnie określ genotypy i fenotypy w pokoleniu F₁.

♀ \ ♂	A	A
a	Aa uszy odstające	Aa uszy odstające
a	Aa uszy odstające	Aa uszy odstające

4 Określ prawdopodobieństwo wystąpienia u potomstwa uszu przylegających.

Prawdopodobieństwo wystąpienia uszu przylegających wynosi 0%, ponieważ dzieci tej pary będą heterozygotami, u których ujawni się cecha dominująca – uszy odstające.

Wariant 2. Ojciec jest heterozygotą.

1 Ustal genotypy rodziców.

P: Aa x aa

2 Określ możliwe rodzaje gamet u obojga rodziców.

Ojciec: A, a

Matka: wyłącznie a

3 Skonstruuj szachownicę Punnetta.

Wpisz w niej rodzaje gamet obojga rodziców. Następnie określ genotypy i fenotypy w pokoleniu F₁.

♀ \ ♂	A	a
a	Aa uszy odstające	aa uszy przylegające
a	Aa uszy odstające	aa uszy przylegające

4 Określ prawdopodobieństwo wystąpienia u potomstwa uszu przylegających.

Prawdopodobieństwo wystąpienia uszu przylegających u dziecka wynosi 50% (2/4). Dziecko może być heterozygotą o uszach odstających lub homozygotą o uszach przylegających.

Odpowiedź: Jeśli ojciec jest homozygotą dominującą, to prawdopodobieństwo wystąpienia przylegających uszu u dziecka wynosi 0%. Jeśli jest heterozygotą – prawdopodobieństwo wystąpienia przylegających uszu u dziecka wynosi 50%.

Krok po kroku

Przykład 2.

Jakie fenotypowe cechy mogą wystąpić u dziecka, gdy oboje rodzice mają uszy odstające (cecha dominująca) i są heterozygotami? W odpowiedzi uwzględnij prawdopodobieństwo wystąpienia danego fenotypu.

1 Ustal genotypy rodziców.

Genotypy rodziców:

P: Aa x Aa

2 Określ możliwe rodzaje gamet u obojga rodziców.

Gamety każdego z rodziców: A, a

3 Skonstruuj szachownicę Punnetta. Wpisz w niej rodzaje gamet rodziców, a następnie określ możliwe genotypy i fenotypy potomstwa.

♂ ♀	A	a
A	AA uszy odstające	Aa uszy odstające
a	Aa uszy odstające	aa uszy przylegające

4 Określ, jakie jest prawdopodobieństwo wystąpienia poszczególnych fenotypów u potomstwa.

Uszy odstające: $3/4 = 75\%$

Uszy przylegające: $1/4 = 25\%$

Odpowiedź: Jeśli oboje rodzice są heterozygotami, to prawdopodobieństwo wystąpienia uszu odstających u dziecka wynosi 75%, a uszu przylegających – 25%.

W skrócie

- **Genotyp** to zespół wszystkich genów danego organizmu.
- **Fenotyp** to ogół cech organizmu warunkowanych przez genotyp oraz czynniki środowiska.
- **Allel** to wersja danego genu. Może być **dominujący** – oznaczamy go wielką literą (np. A), lub **recesywny** – oznaczamy go małą literą (np. a).
- Jeśli osobnik ma dwa takie same allele danego genu, nazywamy go **homozygotą** (AA lub aa) pod względem tej cechy, a jeśli różne – **heterozygotą** (Aa).
- **I prawo Mendla** to prawo czystości gamet. Mówi ono o tym, że w każdej gamecie znajduje się tylko jeden allel danego genu.
- Krzyżówka jednogenowa dla dwóch heterozygot zgodnie z I prawem Mendla daje stosunek fenotypów 3:1.
- **Krzyżówka testowa** pozwala sprawdzić, czy osobnik wykazujący cechę dominującą jest heterozygotą, czy homozygotą dominującą.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, dlaczego gamety mają po jednym allelu danego genu, a zygota ma dwa allele tego genu.
2. Określ, jaki jest związek pomiędzy fenotypem a genotypem.
3. Wyjaśnij, czym różni się homozygota od heterozygoty.
4. Oboje rodzice mają wolne płatki uszu. Określ, jakie jest prawdopodobieństwo, że ich dziecko będzie miało płatki uszu przyrośnięte, jeśli każde z rodziców jest heterozygotą pod względem tej cechy. Wolny płatek ucha jest cechą dominującą. Odpowiedź zapisz w zeszycie.
5. Czy para osobników rodzicielskich grochu zwyczajnego o kwiatach białych może mieć potomstwo o kwiatach czerwonych? Odpowiedź uzasadnij odpowiednią krzyżówką zapisaną w zeszycie.



2.2. II prawo Mendla

Zwróć uwagę na:

- prawo niezależnej segregacji cech,
- sposób rozwiązywania dwugenowych krzyżówek genetycznych zgodnych z II prawem Mendla.

✂ Pierwsze prawo dziedziczenia cech Gregor Mendel sformułował na podstawie obserwacji dziedziczenia jednej cechy – barwy kwiatów. Kolejne jego badania dotyczyły sposobu dziedziczenia jednocześnie dwóch różnych cech, np. rodzaju powierzchni i barwy nasion lub długości pędów i kształtu strąków. Dzięki nim uczony sformułował kolejne prawo.

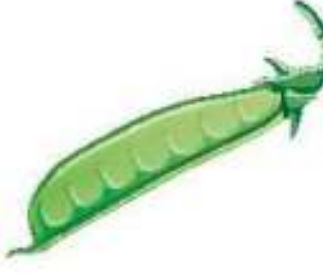
■ II prawo Mendla – prawo niezależnej segregacji cech

Na podstawie badań czystych linii roślin, które różniły się więcej niż jedną cechą, Mendel sformułował prawo, które obecnie nazywamy **II prawem Mendla** lub **prawem**

niezależnej segregacji cech. Mówi ono, że cechy są dziedziczone niezależnie od siebie. Współcześnie wiemy, że to allele różnych genów są dziedziczone niezależnie od siebie. Jest to spowodowane tym, że allele genów są przekazywane do gamet niezależnie od siebie i tworzą w gametach różne kombinacje z jednakowym prawdopodobieństwem. Ponadto badania pozwoliły stwierdzić, że taki wynik jest możliwy tylko wtedy, gdy geny znajdują się na dwóch różnych chromosomach. Jeśli geny są zlokalizowane na jednym chromosomie, są dziedziczone zależnie od siebie.

✂ Więcej na ten temat dowiesz się w lekcji 2.4.: Chromosomowa teoria dziedziczenia.

Przykłady innych cech grochu zwyczajnego niż barwa kwiatów badanych przez Gregora Mendla

Rodzaj cechy	Długość pędów	Barwa nasion	Powierzchnia nasion	Barwa strąka	Kształt strąka
Cecha dominująca	długie 	żółta 	gładka 	zielona 	bez przewężeń 
Cecha recesywna	krótkie 	zielona 	pomarszczona 	żółta 	z przewężeniami 

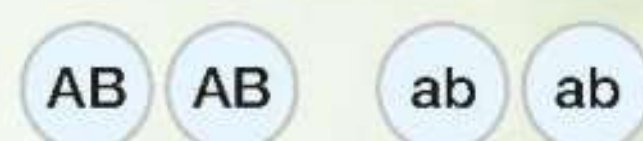
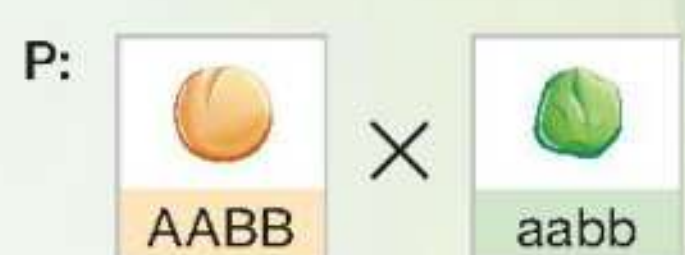
Dziedziczenie barwy i rodzaju powierzchni nasion u grochu zwyczajnego

Przeanalizuj jedno z badań, które umożliwiło Mendlowi sformułowanie kolejnego prawa. Uczony sprawdzał w nim, w jaki sposób są dziedziczone cechy grochu zwyczajnego, np. barwa i rodzaj powierzchni nasion.

Oznaczenia alleli:

A – barwa żółta **B** – powierzchnia gładka
a – barwa zielona **b** – powierzchnia pomarszczona

- 1 Do krzyżówki Gregor Mendel wybrał osobniki z czystych linii, czyli **podwójne homozygoty**. Jeden z osobników rodzicielskich wykazywał podwójne cechy dominujące, a drugi – podwójne cechy recesywne.
- 2 Zgodnie z I prawem Mendla gamety osobników rodzicielskich miały tylko po jednym allelu każdej cechy. Jeden z osobników rodzicielskich wytworzył więc gamety zawierające tylko allele dominujące (AB), a drugi – wyłącznie allele recesywne (ab).
- 3 W pokoleniu F₁ powstały wyłącznie **podwójne heterozygoty** – AaBb o nasionach żółtych i gładkich.



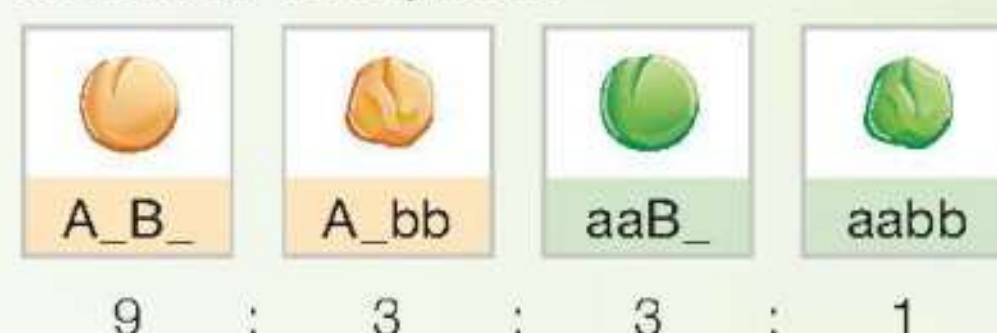
- 4 Podwójna heterozygota może wytworzyć cztery rodzaje gamet. Każda gameta musi zawierać po jednym allelu danej cechy. To, który allel (dominujący czy recesywny) znajdzie się w danej gamecie, jest kwestią przypadku, dlatego trzeba prześledzić wszystkie możliwe kombinacje: **AB**, **Ab**, **aB** i **ab**.
- 5 Jak widzisz, nasiona żółte nie zawsze są gładkie, a nasiona zielone – pomarszczone. W pokoleniu F₂ pojawiły się też osobniki o nasionach żółtych i pomarszczonych oraz zielonych i gładkich. Geny umożliwiające wykształcenie tych cech są dziedziczone zatem niezależnie od siebie.

F ₂ :	AaBb ♀ ♂	AB	Ab	aB	ab
	AB				
	Ab				
	aB				
	ab				

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

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

Stosunek fenotypów:



Krzyżówka testowa dwugenowa

Jak powiedzieliśmy w poprzedniej lekcji, dzięki krzyżówce testowej można sprawdzić, czy dany osobnik jest homozygotą, czy

heterozygotą. Taką krzyżówkę można przygotować również dla dwóch cech. Jest to krzyżówka testowa dwugenowa. Sposób jej przygotowania możesz prześledzić poniżej.

Krzyżówka testowa dwugenowa dotycząca barwy i powierzchni nasion grochu zwyczajnego



♀ \ ♂	AB	ab
AABB	AB	ab
aabb	Ab	ab

Jednolite fenotypowo:



Jeżeli badany osobnik jest podwójną homozygotą dominującą, to w pokoleniu F₁ wszystkie rośliny będą mieć nasiona żółte i gładkie.



♀ \ ♂	AB	Ab	aB	ab
AaBb	AB	Ab	aB	ab
aabb	Ab	ab	aB	ab

Stosunek fenotypów:



1 : 1 : 1 : 1

Jeżeli badany osobnik jest podwójną heterozygotą, to w pokoleniu F₁ wystąpią cztery fenotypy w stosunku: 1:1:1:1.

Krok po kroku

Jak rozwiązujemy krzyżówki dwugenowe?

Przykład 1.

Oboje rodzice są piegowaci i mają odstające uszy. Każde z nich jest podwójną heterozygotą pod względem tych cech. Cechami dominującymi są piegi i odstające uszy, a cechami recesywnymi – brak piegów i uszy przylegające. Określ, jakie jest prawdopodobieństwo, że dziecko tych rodziców będzie miało przylegające uszy, a nie będzie miało piegów.

1 Oznacz allele obu cech.

A – piegi, a – brak piegów, B – odstające uszy, b – przylegające uszy

2 Zapisz genotypy rodziców.

P: AaBb × AaBb

3 Zapisz gamety rodziców.

Jedno z rodziców: AB, Ab, aB, ab
Drugie z rodziców: AB, Ab, aB, ab

4 Skonstruuj szachownicę Punnetta. Określ i zapisz w niej możliwe genotypy potomstwa. Zaznacz genotyp, który daje taki fenotyp, jak wymieniony w poleceniu do zadania.

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

5 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Prawdopodobieństwo, że dziecko będzie miało przylegające uszy i nie będzie miało piegów, wynosi 1/16, czyli 6,25%.

Krok po kroku

Przykład 2.

Ojciec ma piegi i przylegające uszy, a matka nie ma piegów, a jej uszy są odstające. Jakie fenotypy mogą wystąpić u ich potomstwa, jeśli rodzice są heterozygotami pod względem cech widocznych fenotypowo jako dominujące? Podaj prawdopodobieństwo wystąpienia każdego fenotypu.

1 Oznacz allele obu cech.

- A – piegi
- a – brak piegów
- B – odstające uszy
- b – przylegające uszy

2 Ustal genotypy rodziców.

Genotypy rodziców:
P: Aabb x aaBb

3 Określ możliwe rodzaje gamet rodziców.

Gamety ojca: Ab, ab
Gamety matki: aB, ab

4 Skonstruuj szachownicę Punetta. Określ i zapisz w niej genotypy i fenotypy potomstwa.

♂ ♀	Ab	ab
aB	AaBb piegi odstające uszy	aaBb brak piegów odstające uszy
ab	Aabb piegi przylegające uszy	aabb brak piegów przylegające uszy

Odpowiedź: U potomstwa tej pary mogą wystąpić cztery różne fenotypy. Ich stosunek wynosi: 1:1:1:1. Oznacza to 25-procentowe prawdopodobieństwo wystąpienia każdego z następujących fenotypów:

- piegi i odstające uszy,
- piegi i przylegające uszy,
- brak piegów i przylegające uszy,
- brak piegów i odstające uszy.

W skrócie

- **II prawo Mendla**, nazywane **prawem niezależnej segregacji cech**, mówi, że cechy są dziedziczone niezależnie od siebie. Spowodowane jest to tym, że allele różnych genów są rozdzielane do gamet niezależnie od siebie.
- **Krzyżówka dwugenowa** dla dwóch podwójnych heterozygot zgodnie z II prawem Mendla daje stosunek fenotypów 9:3:3:1.

Polecenia kontrolne

1. Zapisz w zeszycie, jakie rodzaje gamet wytworzy każdy z osobników rodzicielskich podanych w przykładach a, b i c.
a) AaBB x AABB, b) AAbb x aaBb, c) AaBb x Aabb.
2. Żółta barwa i gładka powierzchnia nasion grochu są cechami dominującymi. Zielona barwa i pomarszczona powierzchnia nasion to cechy recesywne. Jaki stosunek fenotypów uzyskamy u potomstwa, jeśli skrzyżujemy osobniki o nasionach żółtych i pomarszczonych z osobnikami o nasionach zielonych i gładkich? Przyjmij, że osobniki rodzicielskie są heterozygotami pod względem cech widocznych fenotypowo jako dominujące. Zadanie wykonaj w zeszycie.
3. W pewnej rodzinie ojciec jest piegowaty i ma kręcone włosy, matka nie ma piegów i ma proste włosy. Określ, jakie cechy mogą wystąpić u ich potomstwa, jeśli wiemy, że ojciec jest heterozygotą pod względem obu tych cech, a cechami dominującymi są piegi i kręcone włosy. Zadanie wykonaj w zeszycie.
4. Cechami dominującymi są długie rzęsy i wolne płatki uszu. Janek ma przyrośnięte płatki uszu i długie rzęsy. Określ, jaki genotyp ma Janek, jeśli jego ojciec ma krótkie rzęsy. Uzasadnij odpowiedź. Zadanie wykonaj w zeszycie.



2.3.

Inne sposoby dziedziczenia cech

Zwróć uwagę na:

- zasady dziedziczenia cech związane z dominacją pełną i dominacją niepełną,
- występowanie alleli wielokrotnych i kodominacji na przykładzie dziedziczenia grup krwi,
- ✂ • dziedziczenie wielogenowe: geny kumulatywne i geny dopełniające się.

Badania Mendla, które opisaliśmy wcześniej, zostały uzupełnione przez naukowców doświadczeniami na wielu gatunkach. Na ich podstawie ustalono m.in., że niekiedy osobniki potomne, będące heterozygotami, mają cechy pośrednie w stosunku do cech rodziców, a wykształcenie jednej cechy może zależeć od dwóch lub większej liczby genów.

■ Dziedzicznie jednogenowe

O dziedziczeniu jednogenowym mówimy wtedy, gdy wykształcenie danej cechy zależy od jednego genu. Gen ten może występować w dwóch wersjach lub w większej liczbie wersji – alleli.

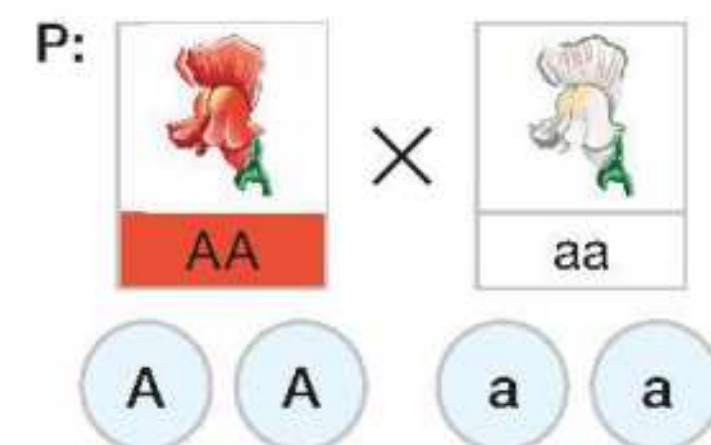
Dominacja pełna i niepełna

Dominacja pełna (zupełna) występuje wtedy, gdy jeden allel (dominujący) wyraźnie dominuje nad drugim allelem (recesywnym). Heterozygoty wykazują więc zawsze cechę dominującą. W ten sposób, zgodny z I prawem Mendla, dziedziczy się np. obecność piegów lub ich brak u człowieka.

Dominacja niepełna (niezupełna) jest takim rodzajem dziedziczenia, w którym żaden allel nie dominuje w pełni nad drugim. Heterozygoty wykazują cechy pośrednie pomiędzy homozygotą dominującą a homozygotą recesywną. Osobniki potomne homozygot: dominującej i recesywnej mają zatem inny fenotyp niż osobniki rodzicielskie, ponieważ do wykształcenia pełnej wartości cechy dominującej potrzebne są dwa allele dominujące.

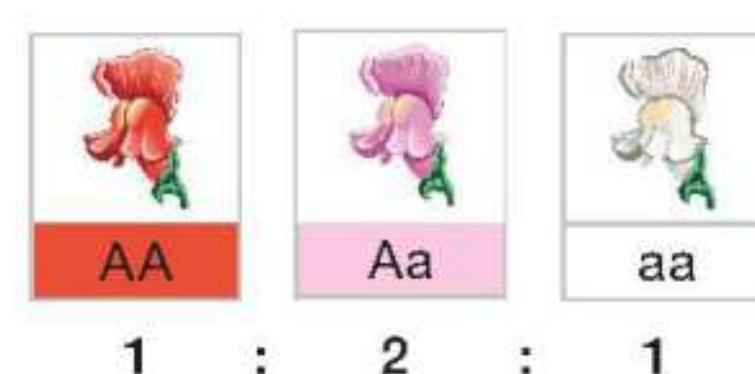
Przykładem dominacji niepełnej jest dziedziczenie koloru kwiatów u wyżlinu większego. Homozygota dominująca ma kwiaty czerwone, a recesywna – kwiaty białe. Pierwsze pokolenie heterozygotyczne ma różowe kwiaty, ponieważ do wykształcenia pełnej, czerwonej barwy potrzebne są dwa allele dominujące. Krzyżówka heterozygot w drugim pokoleniu daje taki sam **stosunek genotypów i fenotypów: 1:2:1**.

Dominacja niezupełna – dziedziczenie barwy kwiatów u wyżlinu większego



♀ Aa	♂	Aa		
		A	a	
A				
		AA	Aa	
a				
		Aa	aa	

Stosunek fenotypów:



Kodominacja

Innym sposobem jednogennego dziedziczenia cech jest **kodominacja**. Polega ona na tym, że dwa allele jednego genu są równorzędne wobec siebie – żaden z nich nie jest ani dominujący, ani recesywny w stosunku do drugiego. W przypadku kodominacji heterozygoty wytwarzają białka kodowane przez oba allele.

Allele wielokrotne

Czasami zdarza się, że gen ma więcej niż dwa allele. Jeżeli jeden gen występuje w co najmniej trzech wersjach, czyli ma co najmniej trzy allele, takie allele nazywamy **allelami wielokrotnymi**. Musimy jednak pamiętać, że komórki somatyczne mają zawsze tylko dwa allele, a gamety – tylko jeden allel danego genu.

Dziedziczenie grup krwi człowieka – przykład kodominacji i występowania alleli wielokrotnych

Grupa krwi w układzie AB0 zależy od tego, jakie antygeny występują na powierzchni erytrocytów. Cecha ta jest warunkowana przez trzy różne allele tego samego genu: I^A lub I^B oraz i . Allel I^A powoduje występowanie antygeny A, natomiast allel I^B – antygeny B. Allel i nie koduje żadnego z antygenów. Pomiedzy allelami odpowiadającymi za grupy krwi możemy zaobserwować zarówno kodominację, jak i dominację zupełną:

- ▶ **kodominacja** występuje między allelami I^A oraz I^B , które są równorzędne względem siebie. Jeżeli w genotypie występują oba te allele, to oba ulegają ekspresji i erytrocyt ma dwa antygeny (A i B) na powierzchni komórki;
- ▶ **dominacja zupełna** występuje pomiędzy allelem I^A oraz allelem i , a także pomiędzy allelem I^B oraz allelem i . Oznacza to, że allele I^A oraz I^B są **dominujące** względem **recesywnego** allelu i . U homozygoty recesywnej (ii) na powierzchni erytrocytów nie występują ani antygeny A, ani antygeny B.

Rodzaje antygenów na powierzchni erytrocytów w zależności od grupy krwi

Grupy krwi			
grupa krwi A	grupa krwi B	grupa krwi AB	grupa krwi 0
antygen A 	antygen B 	antygen A antygen B 	
Obecność antygeny A jest warunkowana przez allel dominujący I^A .	Obecność antygeny B jest warunkowana przez allel dominujący I^B .	Obecność antygenów A i B jest warunkowana przez allele dominujące I^A oraz I^B .	Brak antygenów jest warunkowany przez allel recesywny i .
Możliwe genotypy			
$I^A I^A, I^A i$	$I^B I^B, I^B i$	$I^A I^B$	ii

Krok po kroku

Krzyżówki genetyczne dotyczące dziedziczenia grup krwi

Przykład 1.

Matka ma grupę krwi B, a ojciec – grupę krwi A. Oboje rodzice są heterozygotami pod względem tej cechy. Jakie grupy krwi mogą mieć ich dzieci? Określ prawdopodobieństwo wystąpienia każdej z grup krwi.

1 Oznacz allele.

- I^A – allel dominujący warunkujący obecność antygeny A
- I^B – allel dominujący warunkujący obecność antygeny B
- i – allel recesywny warunkujący brak antygeny

2 Zapisz genotypy rodziców.

Wskazówka

Wiemy, że rodzice są heterozygotami. Oznacza to, że ojciec o grupie krwi A musi mieć jeden allel dominujący warunkujący obecność antygeny A (I^A) oraz jeden allel recesywny (i). Podobnie matka o grupie krwi B musi mieć jeden allel dominujący (I^B) oraz jeden allel recesywny (i).

Genotypy rodziców:

P: $I^B i$ x $I^A i$

3 Zapisz, jakie rodzaje gamet są wytwarzane przez matkę i ojca.

Gamety matki: I^B oraz i

Gamety ojca: I^A oraz i

4 Skonstruuj szachownicę Punnetta. Wpisz w niej genotypy i fenotypy potomstwa.

♀ \ ♂	I^A	i
I^B	$I^A I^B$ grupa krwi AB	$I^B i$ grupa krwi B
i	$I^A i$ grupa krwi A	ii grupa krwi 0

5 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Dzieci mogą mieć grupę krwi A, B, AB lub 0. Prawdopodobieństwo wystąpienia każdej z tych grup krwi u potomstwa wynosi 25%.

Przykład 2.

Określ, jakich grup krwi nie może mieć ojciec dziecka, jeżeli matka ma grupę krwi A (jest homozygotą dominującą), a dziecko – grupę krwi AB.

1 Oznacz allele.

- I^A – allel dominujący warunkujący obecność antygeny A
- I^B – allel dominujący warunkujący obecność antygeny B
- i – allel recesywny warunkujący brak antygeny

2 Zapisz genotypy rodziców.

Wskazówka

Dziecko ma grupę krwi AB, czyli ma dwa allele dominujące: jeden I^A , a drugi I^B . Ponieważ matka w gametach ma wyłącznie allele dominujące I^A (jest homozygotą), to allel I^B dziecko musiało odziedziczyć po ojcu. Ojciec musi mieć więc grupę krwi B lub AB.

Możliwe genotypy rodziców:

P: $I^A I^A$ x $I^A I^B$

P: $I^A I^A$ x $I^B I^B$

P: $I^A I^A$ x $I^B i$

3 Ustal, jakiej grupy krwi nie może mieć ojciec.

Ojcem nie może być osoba, która w genotypie nie ma allelu I^B :

- ii (grupa krwi 0),
- $I^A i$ lub $I^A I^A$ (grupa krwi A).

4 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Jeżeli matka ma grupę krwi A, a dziecko – grupę krwi AB, to ojciec nie może mieć grup krwi 0 oraz A.



Dziedziczenie wielogenowe

Niektóre cechy są warunkowane nie przez jeden gen, lecz przez wiele genów, od których ekspresji zależy ostateczny efekt fenotypowy. Taki typ dziedziczenia nazywamy **dziedziczeniem wielogenowym**.

Przykładem dziedziczenia wielogenowego jest dziedziczenie cech warunkowanych przez tzw. **geny kumulatywne** (poligeny) oraz dziedziczenie cech, za których wykształcenie odpowiadają geny **dopełniające się**.

Geny kumulatywne

Geny kumulatywne to geny odpowiedzialne za wykształcenie jednej cechy. Efekt fenotypowy jest sumą działania poszczególnych alleli. Możemy więc powiedzieć, że działanie tych genów kumuluje się. Zazwyczaj geny kumulatywne odpowiadają za wykształcenie

cech ilościowych, takich jak wzrost, masa ciała i barwa skóry. W ich przypadku nie da się wyróżnić wyraźnych klas, ponieważ wartość cechy wykazuje łagodne stopniowanie.

Działanie genów kumulatywnych omówimy na przykładzie barwy skóry człowieka. Cecha ta jest zależna od wielu genów oraz czynników środowiska. Dla uproszczenia przyjmijmy jednak, że zależy ona od trzech genów: A, B i C. Im więcej alleli dominujących występuje w genotypie, tym barwa skóry jest ciemniejsza. Maksymalna liczba alleli dominujących w tym przykładzie wynosi sześć – osoba o takim genotypie (AABBCC) ma bardzo ciemną barwę skóry. Osoba, która nie ma żadnego allelu dominującego (genotyp aabbcc), ma z kolei bardzo jasną barwę skóry. Poniżej możesz prześledzić, jaki jest wynik skrzyżowania potrójnych heterozygot.

Dziedziczenie barwy skóry u człowieka w przypadku skrzyżowania potrójnych heterozygot

♀ AaBbCc \ ♂ AaBbCc	ABC	ABc	AbC	aBC	abC	aBc	Abc	abc
ABC	AABBBCC	AABBBcC	AABBBcC	AaBBCC	AaBBcC	AaBBcC	AABbCc	AaBbCc
ABc	AABBBcC	AABBBcc	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

Potomstwo potrójnie heterozygotycznych rodziców wykazuje dużą różnorodność barwy skóry – od bardzo ciemnej do bardzo jasnej.



Geny dopełniające się

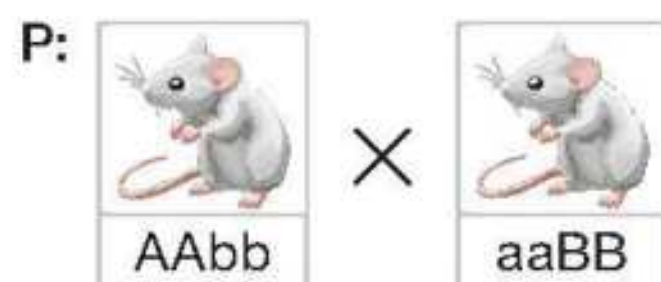
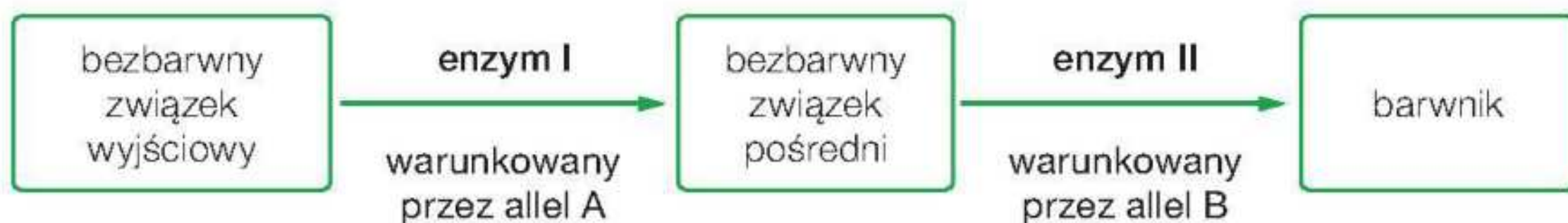
Niekiedy dwa geny współpracują ze sobą w wykształceniu jednej cechy. Są to tzw. **geny dopełniające się**. Ich działanie wyjaśnimy na przykładzie dwóch enzymów niezbędnych do wytworzenia jednego barwnika, warunkującego ciemną barwę sierści u zwierząt. Założmy, że enzymy te są kodowane przez allele dominujące dwóch różnych genów. Enzym I jest kodowany przez allele dominujące A, z kolei enzym II – przez allele dominujące B. Barwnik warunkujący ciemną sierść będzie produkowany wtedy, gdy w genotypie będą występowały allele dominujące obu genów (A i B). Brak allele dominującego któregośkolwiek z tych genów uniemożliwia produkcję barwnika, dlatego zwierzę będzie miało jasną sierść. Ten rodzaj zależności sprawia, że gdy skrzyżujemy dwie podwójne heterozygoty, **stosunek fenotypów** wynosi 9:7.

z kolei enzym II – przez allele dominujące B. Barwnik warunkujący ciemną sierść będzie produkowany wtedy, gdy w genotypie będą występowały allele dominujące obu genów (A i B). Brak allele dominującego któregośkolwiek z tych genów uniemożliwia produkcję barwnika, dlatego zwierzę będzie miało jasną sierść. Ten rodzaj zależności sprawia, że gdy skrzyżujemy dwie podwójne heterozygoty, **stosunek fenotypów** wynosi 9:7.

Dziedziczenie ciemnej barwy sierści u myszy

Działanie genów dopełniających się prześledzimy na przykładzie dziedziczenia ciemnej barwy sierści u myszy.

Oznaczenia alleli: A – enzym I, a – brak enzymu I, B – enzym II, b – brak enzymu II



- 1 W parze rodzicielskiej myszy jeden osobnik miał dwa allele dominujące genu kodującego enzym I (genotyp: AAbb), a drugi – dwa allele dominujące genu kodującego enzym II (genotyp: aaBB). Oba osobniki były białe.



- 2 W pierwszym pokoleniu urodziły się heterozygoty pod względem obu genów (genotyp: AaBb), dlatego wszystkie myszy miały ciemną barwę sierści.

F₂:

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

- 3 Allele genów dopełniających się rozdzielają się zgodnie z II prawem Mendla. Jednak po skrzyżowaniu heterozygotycznych myszy o ciemnej barwie sierści w drugim pokoleniu nie uzyskano stosunku fenotypów wynikającego z tego prawa, czyli: 9:3:3:1, tylko: 9:7.



Możliwe genotypy myszy o białej sierści: AAbb, Aabb, aaBB, aaBb, aabb.



Możliwe genotypy myszy o ciemnej sierści: AABB, AABb, AaBB, AaBb, AaBB.



Dlaczego białe koty często nie słyszą?

Bliżej życia

Naukowcy zaobserwowali, że prawdopodobieństwo wystąpienia problemów ze słuchem u kotów jest związane z barwą ich sierści i kolorem oczu. Najczęściej nie słyszą białe koty z niebieskimi oczami (60–80%). Dlaczego tak się dzieje? Jest to przykład tzw. plejotropii, czyli sytuacji, gdy jeden gen wpływa na wiele cech organizmu. W tym przypadku dominujący allel wpływający na melanocyty (komórki produkujące barwniki) powoduje równoczesne wystąpienie u kota takich cech, jak: białe futro, niebieskie tęczówki i głuchota.



W skrócie

- **Dziedziczenie jednogenowe** to rodzaj dziedziczenia, w którym wykształcenie jednej cechy zależy od jednego genu.
- **Dominacja pełna** (zupełna) występuje wtedy, gdy jeden z alleli (allel dominujący) w pełni dominuje nad drugim allelem (allelem recesywnym). Heterozygoty mają w tym przypadku taki fenotyp, jak homozygota dominująca.
- **Dominacja niepełna** (niezupełna) występuje wtedy, gdy żaden allel nie dominuje w pełni nad drugim allelem. Heterozygoty wykazują cechy pośrednie pomiędzy homozygotą dominującą a homozygotą recesywną.
- **Kodominacja** polega na tym, że dwa allele danego genu są równorzędne wobec siebie. U heterozygot są produkowane jednocześnie oba białka kodowane przez te allele.
- O **allelach wielokrotnych** mówimy wtedy, gdy jeden gen występuje w co najmniej trzech wersjach (allelach). **Dziedziczenie wielogenowe** to rodzaj dziedziczenia, w którym za wykształcenie jednej cechy odpowiada kilka genów współdziałających ze sobą.
- **Genami kumulatywnymi** nazywamy kilka genów odpowiadających za wykształcenie jednej cechy, których efekt działania się sumuje. Geny kumulatywne odpowiadają m.in. za takie cechy, jak masa ciała, wzrost i barwa skóry.
- **Geny dopełniające się** to dwa różne geny potrzebne do wykształcenia jednej cechy.

Polecenia kontrolne

1. Określ, jaki będzie wynik krzyżówki testowej (heterozygoty z homozygotą recesywną) w przypadku dziedziczenia barwy kwiatów u wyżlinu większego.
2. Zapisz w zeszycie, które grupy krwi wystąpią u potomstwa, jeśli:
 - a) oboje rodzice mają grupę krwi AB,
 - b) oboje rodzice mają grupę krwi O,
 - c) jedno z rodziców ma grupę krwi AB, a drugie – grupę krwi O.
3. Dziedziczenie wzrostu jest cechą wielogenową. Wyjaśnij, dlaczego rodzice o średnim wzroście mogą mieć dwoje dzieci, z których jedno będzie bardzo wysokie, a drugie – bardzo niskie.



2.4.

Chromosomowa teoria dziedziczenia

Zwróć uwagę na:

- główne założenia chromosomowej teorii dziedziczenia Thomasa Morgana,
- dziedziczenie genów sprzężonych,
- znaczenie *crossing-over*.

Współcześnie wiemy, że w komórkach somatycznych człowieka znajduje się 46 chromosomów, które tworzą 23 pary. Każdy chromosom jest zbiorem genów – „paczką” alleli w postaci DNA nawiniętego na białka histonowe. Od lokalizacji genów na chromosomach zależą ich właściwości, ekspresja oraz sposób dziedziczenia.

■ Jak określono, gdzie występują geny?

Badania Gregora Mendla pozwoliły określić podstawowe prawa dziedziczenia cech. Kolejnym krokiem w rozwoju genetyki było ustalenie, w jakim miejscu w komórce znajdują się geny oraz w jaki sposób geny są przekazywane z pokolenia na pokolenie. Przełom w tej kwestii nastąpił wraz z rozwojem badań mikroskopowych. Dzięki nim odkryto chromosomy oraz ustalono, 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**.

■ Założenia chromosomowej teorii dziedziczenia

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

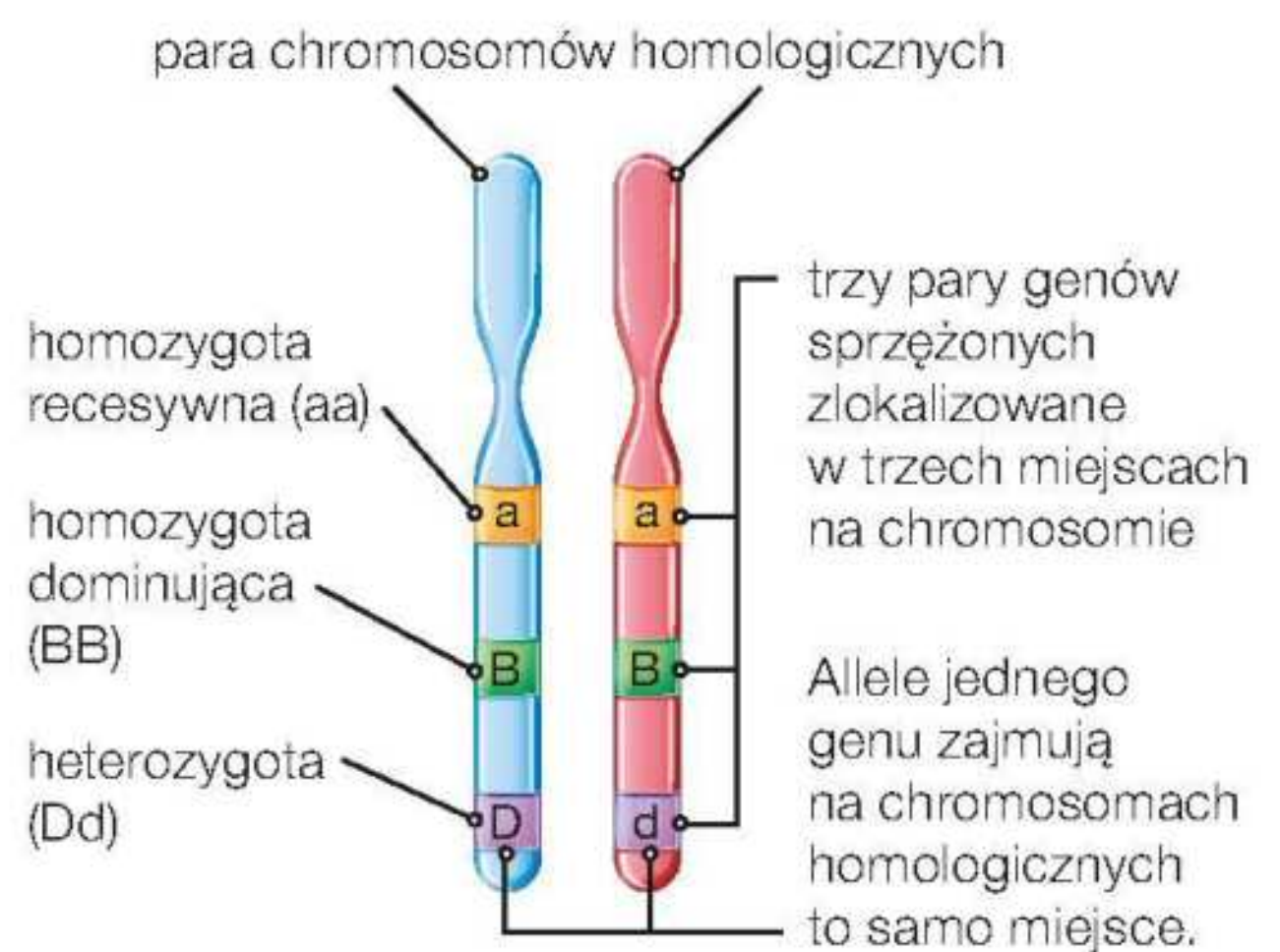
- ▶ geny znajdują się na chromosomach;
- ▶ wszystkie geny są ułożone liniowo, czyli jeden za drugim;

- ▶ każdy gen zajmuje ściśle określone miejsce na chromosomie, tzw. *locus*. Na **chromosomach homologicznych** (tworzących parę) allele jednego genu zajmują to samo miejsce;
- ▶ geny znajdujące się na jednym chromosomie nazywamy **genami sprzężonymi**. Są one dziedziczone zależnie od siebie – zazwyczaj trafiają do jednej gamety. Geny sprzężone mogą zostać rozdzielone podczas mejozy wskutek *crossing-over*.

■ Chromosomy homologiczne

W czasie zapłodnienia materiał genetyczny rodziców łączy się ze sobą, dlatego w zygocie każdy chromosom ma swój odpowiednik. Każdy chromosom od ojca tworzy parę z odpowiadającym mu chromosomem od matki. W ten sposób powstają pary chromosomów, które nazywamy **chromosomami homologicznymi**. Znajdują się na nich geny warunkujące te same cechy.

Lokalizacja genów sprzężonych na chromosomach homologicznych





Czy geny sprzężone są dziedziczone zgodnie z II prawem Mendla?



Dotychczas omawialiśmy przykłady dziedziczenia cech, w których geny odpowiadające za te cechy znajdowały się na różnych chromosomach, czyli nie były ze sobą sprzężone. Teraz porównamy ten sposób dziedziczenia z sytuacją, gdy geny są zlokalizowane na tym samym chromosomie, czyli są ze sobą sprzężone. Jako przykład wykorzystamy dziedziczenie barwy i rodzaju powierzchni nasion u grochu zwyczajnego.

Oznaczenia cech:

Barwa nasion:

A – żółta 

a – zielona 

Powierzchnia nasion:

B – gładka 

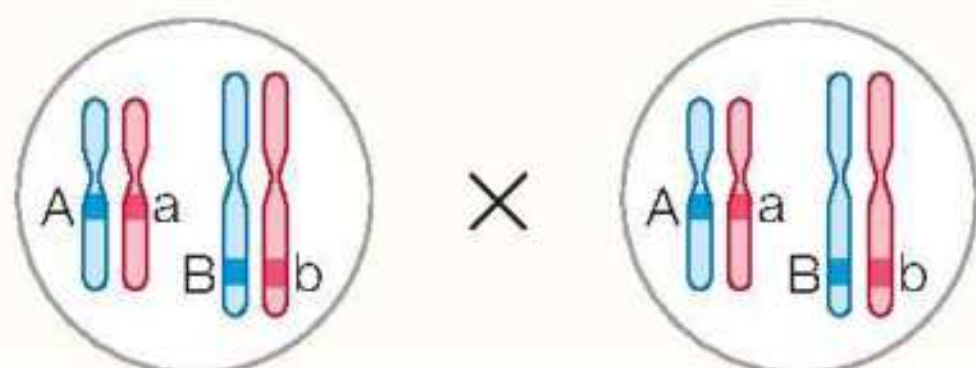
b – pomarszczona 

■ Dziedziczenie genów niesprzężonych (zgodnie z II prawem Mendla)

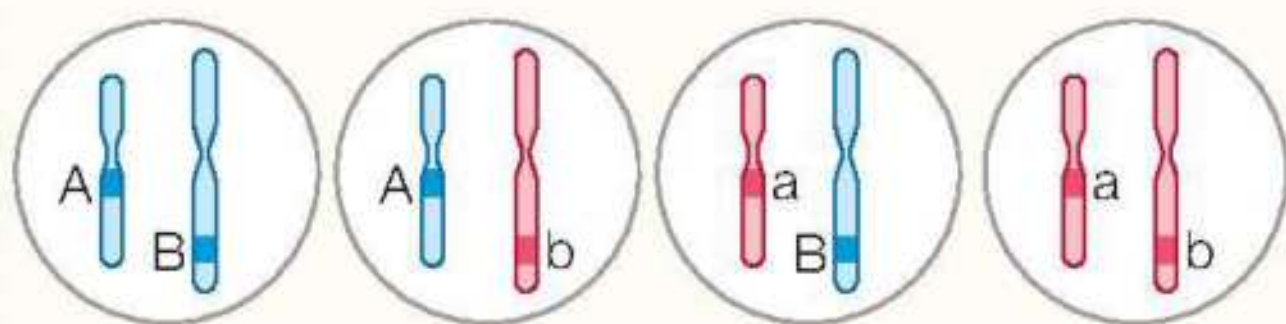
Geny niesprzężone są zlokalizowane na różnych chromosomach, są więc dziedziczone niezależnie od siebie. W taki sposób są dziedziczone barwa i rodzaj powierzchni nasion grochu. Prześledź to na podanym niżej przykładzie.

- 1 Do krzyżówki wybierzemy dwie podwójne heterozygoty o takim samym genotypie – **AaBb**.

P: AaBb x AaBb



- 2 Każdy z osobników pokolenia rodzicielskiego wytwarza cztery rodzaje gamet: **AB, Ab, aB, ab**.



- 3 Aby określić, jakie potomstwo otrzymamy w pokoleniu F_1 , musimy skonstruować szachownicę Punnetta.

F_1 :

$\frac{AaBb}{\text{♀}} \times \frac{AaBb}{\text{♂}}$	AB	Ab	aB	ab
AB	 AABB	 AABb	 AaBB	 AaBb
Ab	 AABb	 AAbb	 AaBb	 Aabb
aB	 AaBB	 AaBb	 aaBB	 aaBb
ab	 AaBb	 Aabb	 aaBb	 aabb

- 4 W przypadku genów niesprzężonych w efekcie skrzyżowania dwóch podwójnych heterozygot stosunek fenotypów w pokoleniu F_1 wynosi: **9:3:3:1**.

Stosunek fenotypów:



W przypadku dziedziczenia genów niesprzężonych stosunek fenotypów w pokoleniu F_1 jest zgodny z II prawem Mendla. Geny takie są więc dziedziczone **zgodnie z II prawem Mendla**.



Zielony kolor nasion jest cechą recesywną, a gładka powierzchnia – cechą dominującą.

Wskazówka

Jak zapisujemy genotyp w przypadku genów sprzężonych?

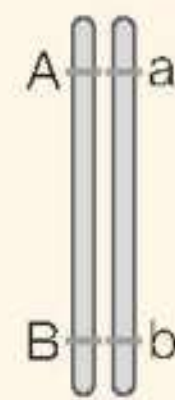
Sprzężenie genów najczęściej zapisujemy za pomocą kreski ułamkowej. Allele zlokalizowane na jednym chromosomie zapisujemy nad kreską, a zlokalizowane na drugim, homologicznym chromosomie – pod kreską. Przykładowo, jeżeli są ze sobą sprzężone geny AB oraz ab, to genotyp podwójnej heterozygoty możemy zapisać jako:

$\frac{AB}{ab}$ lub AB/ab.

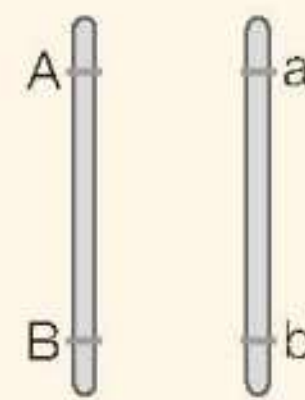
Wytwarzane przez nią gamety to: AB oraz ab.

Sprzężenie genów możemy przedstawić również w sposób graficzny – na chromosomach.

Genotyp:



Gamety:

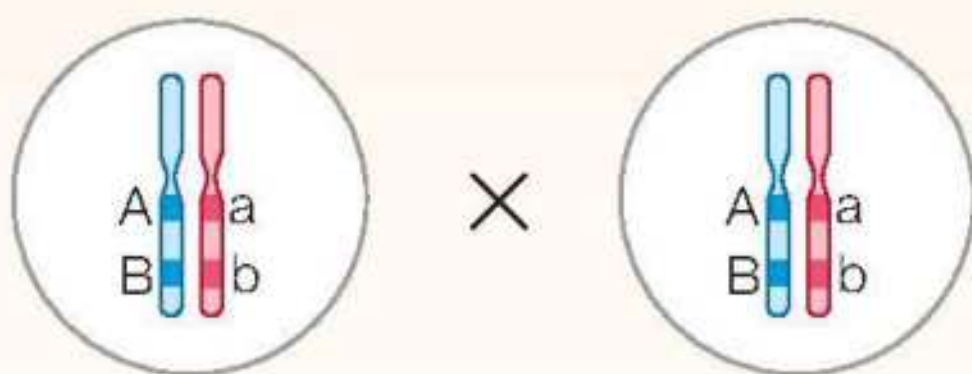


■ Dziedziczenie genów sprzężonych (niezgodnie z II prawem Mendla)

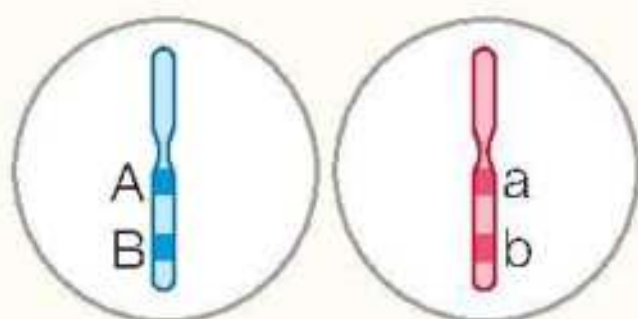
Geny sprzężone są zlokalizowane na tym samym chromosomie, są więc dziedziczone **zależnie od siebie**. Poniżej możesz prześledzić hipotetyczną sytuację, w której zakładamy, że geny odpowiedzialne za dziedziczenie barwy i rodzaju powierzchni nasion grochu są sprzężone.

- 1 Do krzyżówki wybierzemy dwie podwójne heterozygoty o takim samym genotypie – AB/ab.

P: AB/ab x AB/ab



- 2 Każdy z osobników pokolenia rodzicielskiego wytwarza **dwa rodzaje gamet: AB i ab**.



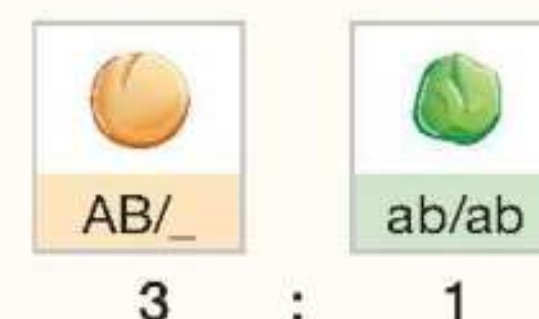
- 3 Aby określić, jakie potomstwo otrzymamy w pokoleniu F₁, musimy skonstruować szachownicę Punnetta.

F₁:

		AB/ab	
♀	♂	AB	ab
		AB	ab
AB/ab	AB	 AB/AB AB/ab	 AB/ab
	ab	 AB/ab	 ab/ab

- 4 W przypadku genów sprzężonych w efekcie skrzyżowania dwóch podwójnych heterozygot stosunek fenotypów w pokoleniu F₁ będzie wynosił: **3:1**.

Stosunek fenotypów:



Gdyby geny barwy i rodzaju powierzchni nasion grochu były ze sobą sprzężone, stosunek fenotypów w pokoleniu F₁ byłby niezgodny z II prawem Mendla. Dziedziczenie genów sprzężonych jest więc **niezgodne z II prawem Mendla**.



■ Czy geny sprzężone zawsze są dziedziczone razem?

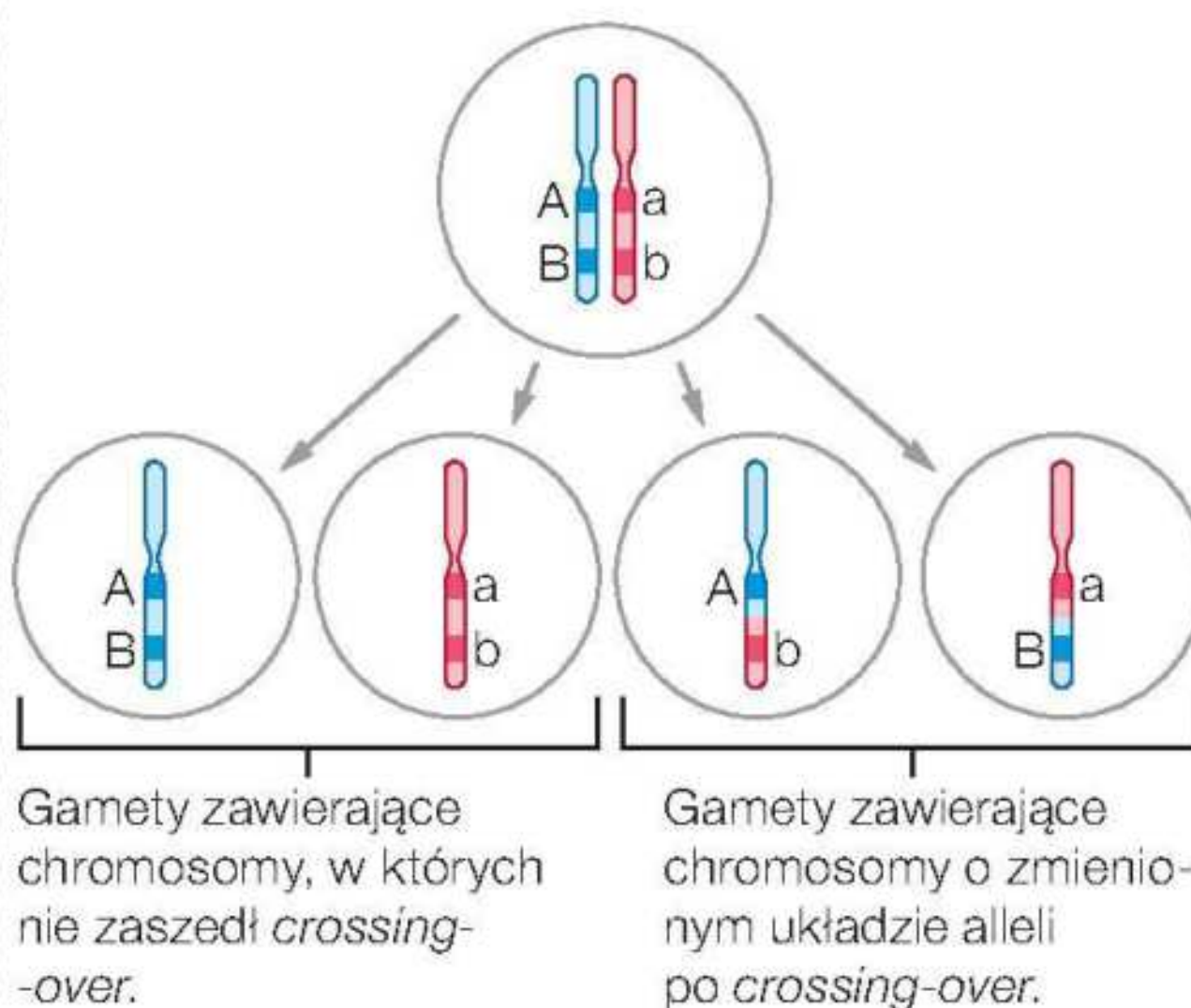
Geny sprzężone nie zawsze są dziedziczone razem, mogą one zostać rozdzielone na skutek *crossing-over*. Jest to proces polegający na wymianie odcinków chromatyd pomiędzy chromosomami homologicznymi. Dochodzi do niego w czasie pierwszego podziału mejozy.

■ Znaczenie *crossing-over*

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

Różnorodność genetyczna organizmów ma ogromne znaczenie, ponieważ nowe kombinacje alleli mogą np. okazać się korzystne w określonych warunkach środowiska.

Rodzaje gamet wytwarzanych w zależności od tego, czy zaszedł *crossing-over*



Krok po kroku

Rozwiązywanie zadań dotyczących genów sprzężonych

Przykład 1.

U pewnego gatunku storczyka są ze sobą sprzężone geny warunkujące barwę kwiatów – fioletową lub różową, oraz zabarwienie liści – jednolite albo plamiste. Po skrzyżowaniu podwójnej homozygoty dominującej z podwójną homozygotą recesywną w pokoleniu F_1 otrzymano wyłącznie rośliny o kwiatach fioletowych i liściach jednolicie zabarwionych. Określ, które cechy były dominujące, a które – recesywne. Podaj rozkład fenotypów i genotypów w pokoleniu F_2 przy założeniu, że nie zaszedł proces *crossing-over* (sprzężenie było całkowite).

- 1 Ustal, które allele są dominujące, a które – recesywne. Następnie oznacz allele.

Wskazówka

U heterozygot ujawniają się cechy dominujące.

A – kwiaty fioletowe, a – kwiaty różowe
B – liście jednolite, b – liście plamiste

- 2 Zapisz genotypy rodziców.

P: AB/AB x ab/ab

- 3 Określ genotyp pokolenia F_1 oraz podaj rodzaje gamet wytwarzanych przez osobniki tego pokolenia, gdy sprzężenie było całkowite.

Genotyp F_1 : AB/ab

Gamety F_1 : AB oraz ab

- 4 Skonstruuaj szachownicę Punetta. Określ genotypy i fenotypy pokolenia F_2 .

♂ ♀	AB	ab
AB	AB/AB kwiaty fioletowe, liście jednolite	AB/ab kwiaty fioletowe, liście jednolite
ab	AB/ab kwiaty fioletowe, liście jednolite	ab/ab kwiaty różowe, liście plamiste

- 5 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Rozkład fenotypów w pokoleniu F_2 to: 3:1, a rozkład genotypów to: 1:2:1.



Krok po kroku

Przykład 2.

Allel A jest sprzężony z allelem B, z kolei allel a jest sprzężony z allelem b. Jaki będzie wynik krzyżówki podwójnej heterozygoty z podwójną homozygotą recesywną? Podaj stosunek genotypów.

1 Zapisz genotypy rodziców.

P: AB/ab x ab/ab

2 Zapisz rodzaje gamet wytwarzanych przez rodziców.

Gamety jednego z rodziców: AB lub ab
Gamety drugiego z rodziców: ab

3 Skonstruuj szachownicę Punnetta. Określ genotypy potomstwa.

Genotyp F_1 : AB/ab
Gamety F_1 : AB oraz ab

♂ ♀	AB	ab
ab	AB/ab	ab/ab

4 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Stosunek genotypów wynosi 1:1.

W skrócie

- **Chromosomowa teoria dziedziczenia** zakłada, że:
 - geny znajdują się na chromosomach,
 - geny są ułożone liniowo i zajmują określone miejsce (*locus*) na chromosomach,
 - allele tego samego genu zajmują na chromosomach homologicznych to samo miejsce,
 - geny znajdujące się na tym samym chromosomie są genami sprzężonymi i są dziedziczone zależnie od siebie.
- **Chromosomy homologiczne** to pary chromosomów, z których jeden pochodzi od matki, a drugi od ojca.
- W przypadku **sprzężenia genów** w wyniku skrzyżowania dwóch podwójnych heterozygot u potomstwa otrzymamy **stosunek fenotypów 3:1**, czyli niezgodny z II prawem Mendla.
- Proces *crossing-over* polega na wymianie fragmentów chromatyd pomiędzy chromosomami homologicznymi. Zachodzi on podczas mejozy i może doprowadzić do rozdzielenia genów sprzężonych oraz zwiększenia możliwych kombinacji genów w gametach. Dzięki temu zwiększa się różnorodność genetyczna organizmów.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, dlaczego genów sprzężonych nie dziedziczy się zgodnie z II prawem Mendla.
2. Określ, ile rodzajów gamet wytworzy potrójna heterozygota w następujących przypadkach:
 - a) wszystkie geny są zlokalizowane na tym samym chromosomie,
 - b) każdy gen znajduje się na innym chromosomie,
 - c) dwa geny są zlokalizowane na tym samym chromosomie, a trzeci gen – na innym chromosomie.
3. Podaj, jaki będzie rozkład cech u potomstwa pary o następujących genotypach:
DE/de x DE/DE
4. Wyjaśnij znaczenie *crossing-over*.
5. Na podstawie dostępnych źródeł informacji wyjaśnij, na czym polega mapowanie chromosomów.

2.5.

Dziedziczenie płci. Cechy sprzężone z płcią

Zwróć uwagę na:

- karyotyp człowieka,
- dziedziczenie płci u człowieka,
- cechy sprzężone z płcią i przykłady ich dziedziczenia.

Przyszli rodzice często słyszą pytanie: dziewczynka czy chłopiec? Czy mogą określić płeć dziecka lub chociaż prawdopodobieństwo urodzenia się chłopca lub dziewczynki bez przeprowadzania badań? Od czego zależy genetyczna płeć potomstwa? I czy istnieją cechy, których dziedziczenie jest zależne od płci?

■ Karyotyp. Chromosomy płci

Karyotypem nazywamy zestaw wszystkich chromosomów w komórce diploidalnej. Karyotyp człowieka zawiera 46 chromosomów

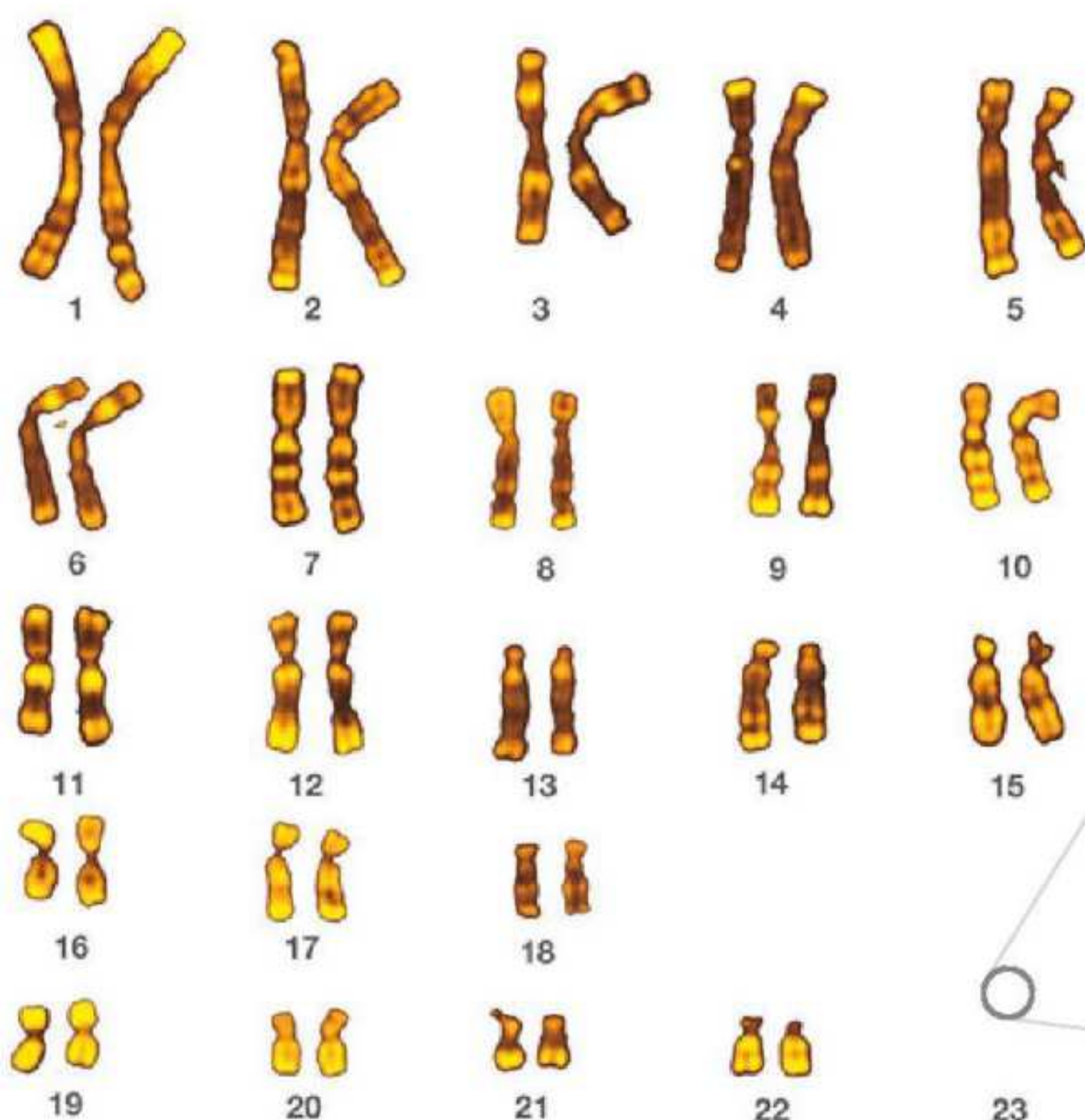
tworzących 23 pary. 22 pary chromosomów stanowią **autosomy**. Są one takie same u obu płci. Natomiast ostatnia para to **chromosomy płci**, które zawierają geny warunkujące płeć organizmu. U kobiet są to dwa chromosomy X, natomiast u mężczyzn – chromosom X oraz chromosom Y.

Czy wiesz, że...

Głównym czynnikiem, który wpływa na rozwój pierwszorzędowych męskich cech płciowych (czyli jąder), jest białko kodowane przez gen **SRY**. Gen ten znajduje się na chromosomie Y.

22 pary autosomów

1 para chromosomów płci



chromosomy
płci mężczyzny



Karyotyp mężczyzny zapisujemy jako 46, XY.



Karyotyp kobiety zapisujemy jako 46, XX.

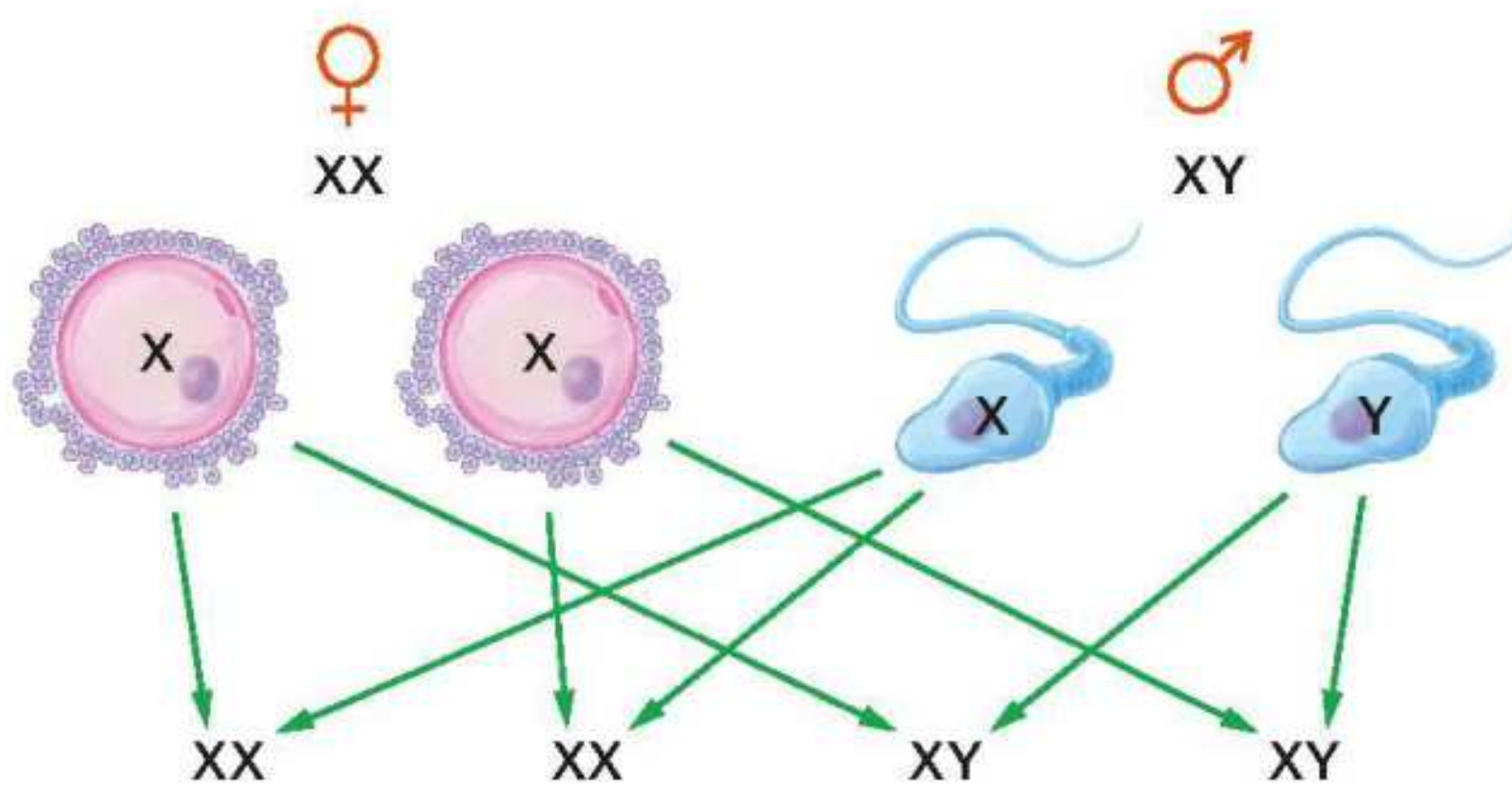
chromosomy
płci kobiety

Karyotyp człowieka składa się z 23 par chromosomów. 22 pary to autosomy, a jedna para to chromosomy płci.

Dziedziczenie płci u człowieka

W komórkach jajowych produkowanych przez kobietę zawsze znajduje się chromosom X. Połowa gamet męskich, czyli plemników, zawiera chromosom X, a druga połowa – chromosom Y. Płeć dziecka zależy od tego, czy z komórką jajową połączy się plemnik z chromosomem X, czy z chromosomem Y, który zawiera geny warunkujące płęć męską.

Aby dowiedzieć się, jakie jest prawdopodobieństwo urodzenia chłopca lub dziewczynki, przeanalizuj poniższy schemat dotyczący połączenia gamet i dziedziczenia płci.



♀ \ ♂	X	Y
	X	Y
X	XX	XY
X	XX	XY

Prawdopodobieństwo urodzenia się chłopca i dziewczynki jest takie samo – wynosi 50%.

Czy wiesz, że...

Płeć może być warunkowana w różny sposób. Przykładowo u ptaków czy niektórych motyli dwa różne chromosomy oznaczają samicę, a dwa takie same – samca. Z kolei u wielu owadów samice mają dwa chromosomy płci, a samce – tylko jeden.

Czym są cechy sprzężone z płcią?

Cechy sprzężone z płcią to cechy, które są warunkowane przez geny znajdujące się na chromosomach płci, głównie na chromosomie X.

Chromosom Y zawiera niewiele genów i są one związane przede wszystkim z wykształceniem męskich cech płciowych. Natomiast na chromosomie X znajduje się wiele genów odpowiadających za cechy organizmu nie dotyczące płci. Dlatego omawiając cechy sprzężone z płcią i ich dziedziczenie, najczęściej mówimy o **cechach sprzężonych**

z chromosomem X. Allele tych cech oznaczamy literą obok znaku X.

Przykładowo, jedną z cech sprzężonych z płcią jest umiejętność rozróżniania barw. Allel recesywny odpowiada za zaburzenie rozróżniania barw zwane daltonizmem. Oznaczamy go jako X^d . Allel dominujący odpowiada za prawidłowe widzenie barw i oznaczamy go jako X^D .

Na chromosomie X znajdują się także geny warunkujące funkcjonowanie mięśni czy produkowanie czynników umożliwiających krzepnięcie krwi. Dlatego do najbardziej znanych przykładów cech sprzężonych z płcią należą choroby genetyczne, takie jak hemofilia czy dystrofia mięśniowa Duchenne'a. Ponieważ allele warunkujące te choroby są recesywne i występują na chromosomie X, dużo częściej chorują na nie mężczyźni niż kobiety.

Daltonizm – przykład cechy sprzężonej z płcią

Daltonizm (ślepotą barw) jest cechą recesywną sprzężoną z płcią. To zaburzenie polegające na niewłaściwym postrzeganiu barw. Istnieją różne rodzaje daltonizmu, najczęściej jednak zaburzenie dotyczy rozróżniania barwy zielonej i czerwonej, rzadziej – niebieskiej i żółtej.

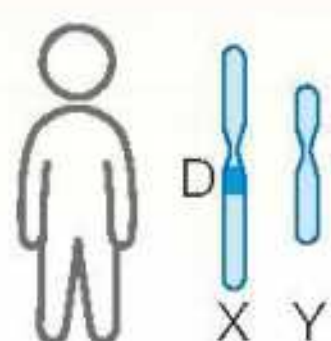


Zdjęcie w kółku obrazuje postrzeganie barw przez osobę z jednym z rodzajów daltonizmu.

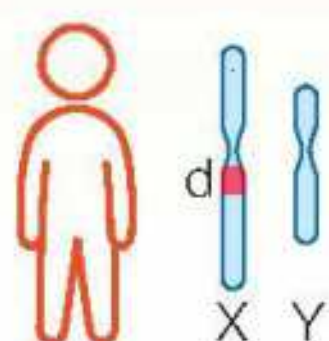
Osoby bez daltonizmu zobaczą na zdjęciu całą gamę barw.

■ Daltonizm u mężczyzn

Mężczyźni mają tylko 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 jeśli allel recesywny (d), to mężczyzna jest daltonistą.



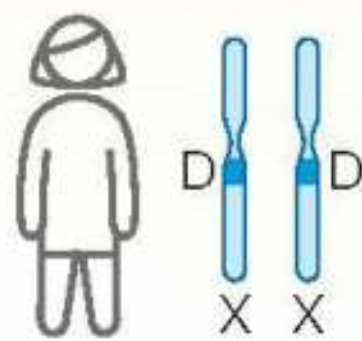
Mężczyzna prawidłowo rozróżniający barwy.



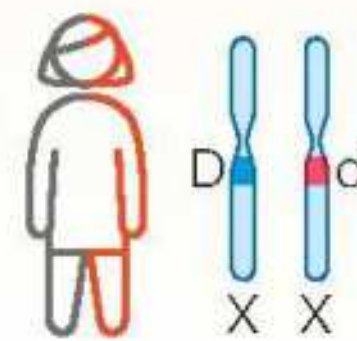
Mężczyzna z daltonizmem.

■ Daltonizm u kobiet

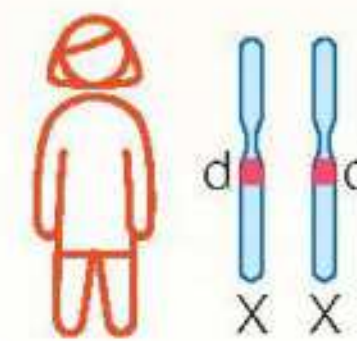
Kobiety mają dwa chromosomy X, dlatego mają dwa allele genu sprzężonego z płcią. Jeżeli chociaż na jednym z chromosomów znajduje się allel dominujący (D), to kobieta prawidłowo rozróżnia barwy. Jeżeli jednak na drugim chromosomie znajdzie się allel recesywny (d), to kobieta jest nosicielką daltonizmu. Kobieta jest daltonistką tylko wtedy, gdy na obu chromosomach X znajdzie się allel recesywny.



Kobieta prawidłowo rozróżniająca barwy.



Kobieta nosicielka daltonizmu (prawidłowo rozróżniająca barwy).



Kobieta z daltonizmem.

Jakie jest prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu?

Prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu u dziecka zależy zarówno od jego płci, jak i od tego, które z rodziców ma tę cechę. Możliwe jest również, że rodzice prawidłowo rozróżniający barwy będą mieli dziecko z daltonizmem.

Przeanalizuj trzy sytuacje.

- 1** Ojciec jest daltonistą, a matka nie jest daltonistką ani nosicielką daltonizmu.

♀ \ ♂	X^d	Y
X^D	$X^D X^d$ nosicielka daltonizmu	$X^D Y$ zdrowy syn
X^D	$X^D X^d$ nosicielka daltonizmu	$X^D Y$ zdrowy syn

Córki będą nosicielkami daltonizmu, a synowie będą zdrowi.

- 2** Ojciec nie jest daltonistą, a matka jest nosicielką daltonizmu.

♀ \ ♂	X^D	Y
X^D	$X^D X^D$ zdrowa córka	$X^D Y$ zdrowy syn
X^d	$X^D X^d$ nosicielka daltonizmu	$X^d Y$ daltonista

Istnieje 50-procentowe prawdopodobieństwo, że córka będzie nosicielką daltonizmu i 50-procentowe ryzyko, że syn będzie daltonistą.

- 3** Ojciec jest daltonistą, a matka jest nosicielką daltonizmu.

♀ \ ♂	X^d	Y
X^D	$X^D X^d$ nosicielka daltonizmu	$X^D Y$ zdrowy syn
X^d	$X^d X^d$ daltonistka	$X^d Y$ daltonista

Istnieje 50-procentowe ryzyko, że dziecko, bez względu na płeć, będzie daltonistą. Dziewczynki, które nie będą daltonistkami, będą nosicielkami daltonizmu.

Krok po kroku

Rozwiązywanie krzyżówek genetycznych dotyczących dziedziczenia cech sprzężonych z płcią

Przykład 1.

Ojciec i matka są daltonistami. Określ, jakie jest prawdopodobieństwo wystąpienia daltonizmu u ich potomstwa.

- 1** Oznacz allele na chromosomach.

X^D – prawidłowe rozróżnianie barw
 X^d – daltonizm

- 2** Zapisz genotypy rodziców.

P: $X^d X^d \times X^d Y$

- 3** Określ rodzaje gamet obojga rodziców.

Gamety matki: X^d
 Gamety ojca: X^d , Y

- 4** Skonstruuj szachownicę Punnetta. Określ genotypy i fenotypy potomstwa.

♀ \ ♂	X^d	Y
X^d	$X^d X^d$ daltonistka	$X^d Y$ daltonista
X^d	$X^d X^d$ daltonistka	$X^d Y$ daltonista

- 5** Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Prawdopodobieństwo, że potomstwo tej pary będzie miało daltonizm, wynosi 100% (niezależnie od płci potomstwa).

Krok po kroku

Rozwiązywanie krzyżówek genetycznych dotyczących dziedziczenia cech sprzężonych z płcią

Przykład 2.

Hemofilia jest chorobą genetyczną sprzężoną z płcią. Jej objawem jest brak krzepliwości krwi. Allel warunkujący hemofilię jest recesywny (h), a allel warunkujący normalną krzepliwość krwi – dominujący (H). Rodzice pewnego chłopca chorego na hemofilię są zdrowi. Określ prawdopodobieństwo wystąpienia hemofilii u kolejnego syna tej pary.

1 Oznacz allele na chromosomach.

X^H – prawidłowa krzepliwość
 X^h – hemofilia

2 Zapisz genotypy rodziców.

Wskazówka

Syn pary ma hemofilię, co oznacza, że matka musi być nosicielką tej choroby.

P: $X^H X^h \times X^H Y$

3 Określ rodzaje gamet obojga rodziców.

Gamety matki: X^H , X^h

Gamety ojca: X^H , Y

4 Skonstruuj szachownicę Punnetta. Określ genotypy i fenotypy potomstwa.

♀ \ ♂	X^H	Y
X^H	$X^H X^H$ zdrowa córka	$X^H Y$ zdrowy syn
X^h	$X^H X^h$ nosicielka hemofilii	$X^h Y$ syn z hemofilią

5 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Prawdopodobieństwo, że kolejny syn będzie miał hemofilię, wynosi 50%.

W skrócie

- **Kariotyp** to zestaw wszystkich chromosomów w diploidalnej komórce.
- W kariotypie człowieka występują 23 pary chromosomów – 22 pary autosomów oraz jedna para chromosomów płci: XX u kobiet i XY u mężczyzn.
- Genetyczne prawdopodobieństwo urodzenia syna lub córki zawsze wynosi 50%.
- Cechy warunkowane przez geny zlokalizowane na chromosomach płci nazywamy **cechami sprzężonymi z płcią**. Są to głównie cechy sprzężone z chromosomem X. Przykładami takich cech są daltonizm i hemofilia. Występują one częściej u mężczyzn niż u kobiet, ponieważ do ujawnienia cechy recesywnej u mężczyzn wystarczy jeden allel genu.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym się różni kariotyp mężczyzny od kariotypu kobiety.
2. Podaj genotypy:
 - a) mężczyzny o normalnej krzepliwości krwi,
 - b) mężczyzny chorego na hemofilię,
 - c) kobiety nosicielki allelu hemofilii.
3. Skonstruuj w zeszycie krzyżówkę genetyczną pokazującą sposób dziedziczenia hemofilii, jeśli ojciec jest chory na hemofilię, a matka nie ma allelu warunkującego tę chorobę.
4. Wyjaśnij, dlaczego kobiety są rzadziej daltonistkami niż mężczyźni.



2.6.

Zmienność organizmów. Mutacje

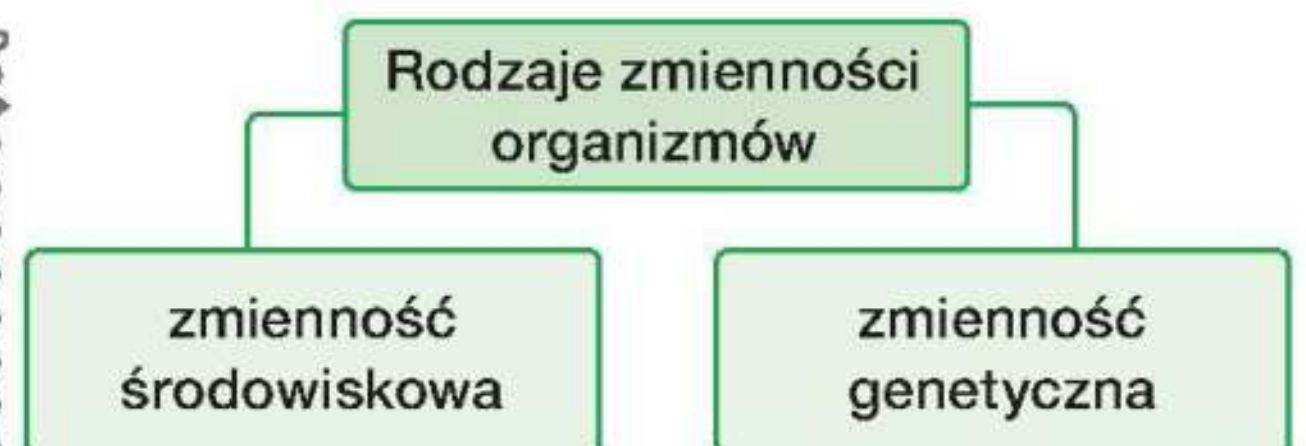
Zwróć uwagę na:

- rodzaje zmienności i ich przyczyny,
- ciągłą i nieciągłą zmienność cechy,
- czynniki mutagenne, rodzaje mutacji i ich skutki,
- mutacje jako przyczyny transformacji nowotworowej komórek.

Różnimy się wyglądem, ponieważ każdy z nas odziedziczył inną informację genetyczną po swoich rodzicach. Nasz wygląd nie zależy jednak tylko od genów, ale również od środowiska, w którym żyjemy.

■ Czym jest zmienność organizmów?

Zmienność organizmów to występowanie różnic pomiędzy osobnikami należącymi do jednego gatunku. Wynika ona z różnorodności fenotypów organizmów, które z kolei są kształtowane zarówno przez czynniki środowiska, jak i przez genotypy organizmów. Dlatego zmienność dzielimy na **zmienność środowiskową** i **zmienność genetyczną**.



■ Zmienność środowiskowa

Zmienność środowiskowa to zróżnicowanie fenotypów osobników mających ten sam genotyp. Wynika ona z przystosowania organizmów do warunków środowiska, np. ilości światła, jakości i ilości pokarmu czy temperatury. Cechy, które powstają pod wpływem środowiska, **nie są dziedziczne**.

Czym jest plastyczność fenotypów?

Mianem plastyczności fenotypów określamy zdolność organizmów do zmian fenotypów w zależności od zmian środowiska. Wyznacza ona zakres, w którym wynikający z genotypu fenotyp może być modyfikowany przez czynniki środowiska. Nasz fenotyp zależy od takich czynników, jak: rodzaj diety, intensywność aktywności fizycznej, zanieczyszczenie środowiska czy przebyte choroby.



Jednym z ważnych czynników wpływających na nasz fenotyp (np. na masę i budowę ciała) jest aktywność fizyczna.



Bliznięta jednojajowe mają taki sam genotyp, ale różnią się pewnymi cechami, ponieważ wpływają na nie różne czynniki środowiska.



Zmienność genetyczna

Zmienność genetyczna oznacza zróżnicowanie genotypów osobników jednego gatunku.

Jest ona dziedziczna – informacja genetyczna zapisana w genach rodziców jest przekazywana potomstwu.

Wyróżniamy **zmienność genetyczną rekombinacyjną** i **zmienność genetyczną mutacyjną**.



Zmienność ciągła i zmienność nieciągła cech

Zmienność genetyczną dzielimy także ze względu na charakter dziedziczonej cechy na zmienność ciągłą i nieciągłą.

- **Zmienność ciągła** – dotyczy cech ilościowych. Fenotypy wykazują różne wartości danej cechy. Zmienność ta jest warunkowana najczęściej przez geny kumulatywne. Jej przykładami są wzrost i barwa skóry.

Przykład zmienności ciągłej



Dziedziczenie koloru skóry ujawnia bardzo dużo możliwych wartości pośrednich tej cechy.

- **Zmienność nieciągła** – dotyczy cech jakościowych. Fenotypy są wyraźnie różne, cechy mają skrajne wartości. Zmienność nieciągła jest warunkowana zwykle przez jeden gen. Przykładami tego rodzaju zmienności są: dziedziczenie grup krwi w układzie AB0, daltonizm lub prawidłowe rozróżnianie barw.

Przykłady zmienności nieciągłej



Niektóre osoby mają dołeczki w policzkach.



Płatki uszu mogą być albo wolne, albo przyrośnięte.

Zmienność genetyczna rekombinacyjna

Dzieci są podobne do swoich rodziców, ale nigdy nie są ich dokładnymi kopiami. Duży wpływ na zróżnicowanie genotypów u osobników potomnych ma **rekombinacja**, czyli proces prowadzący do uzyskania różnorodnych układów alleli genów tworzących genotypy. Rekombinacja nie prowadzi do tworzenia nowych genów czy alleli, tylko do uzyskania nowych ich kombinacji w genotypach. Do czynników wpływających na rekombinację należą:

- ▶ losowy dobór osobników rodzicielskich,
- ▶ niezależna segregacja chromosomów do gamet w czasie mejozy,
- ▶ wymiana odcinków między chromosomami homologicznymi w czasie *crossing-over*,
- ▶ losowe łączenie się gamet podczas zapłodnienia.

Czy wiesz, że...

U człowieka jest możliwych ok. 8,4 mln (2^{23}) kombinacji chromosomów w gametach.

Zmienność genetyczna mutacyjna

Mutacja to trwała, nagła zmiana w materiale genetycznym. Jeżeli mutacja dotyczy zmian

w komórkach somatycznych (np. komórkach skóry), to nie jest dziedziczna. Natomiast jeżeli dotyczy komórek rozrodczych – jest dziedziczna i zostaje przekazana kolejnym pokoleniom.

Mutacje mogą być **niekorzystne dla organizmu** (np. mutacje prowadzące do chorób genetycznych) lub – rzadziej – **korzystne** (np. mutacja może okazać się korzystna w danym środowisku). Mutacje w materiale genetycznym pojedynczych genów mogą doprowadzić do powstania **nowych alleli**. Jeśli cecha ta zostanie przekazana kolejnym pokoleniom, to może się utrwalić (zwłaszcza, gdy będzie to cecha korzystna). Mutacje mogą być również **źródłem nowych genów** – nowych cech, które zwiększają zmienność genetyczną.

Czynniki mutagenne

Czasami mutacje powstają spontanicznie w organizmie, np. wskutek pomyłki w czasie replikacji. Częściej jednak są spowodowane przez zewnętrzny **czynnik mutageny**, który wywołuje zmiany w materiale genetycznym. Ze względu na pochodzenie czynniki mutagenne dzielimy na: fizyczne, chemiczne lub biologiczne.

Przykłady czynników mutagennych i skutków ich działania

Rodzaje czynników mutagennych	Przykłady czynników	Przykłady skutków
Czynniki fizyczne	wysoka temperatura, promieniowanie rentgenowskie, promieniowanie gamma, promieniowanie ultrafioletowe (UV)	Promieniowanie UV może przyczyniać się do rozwoju czerniaka.
Czynniki chemiczne	konserwanty żywności (np. azotan(III) sodu), niektóre składniki zanieczyszczeń (np. dioksyny, węglowodory aromatyczne, pestycydy), składniki dymu tytoniowego (np. nikotyna, benzopiren)	Składniki dymu tytoniowego mogą powodować nowotwory płuc, żołądka czy jelita grubego.
Czynniki biologiczne	wirusy, grzyby, bakterie	Zakażenie wirusem HPV może prowadzić do rozwoju nowotworu szyjki macicy, a wirusowe zapalenie wątroby (HBV i HCV) – do powstania raka wątroby.



Rodzaje mutacji genowych i chromosomowych

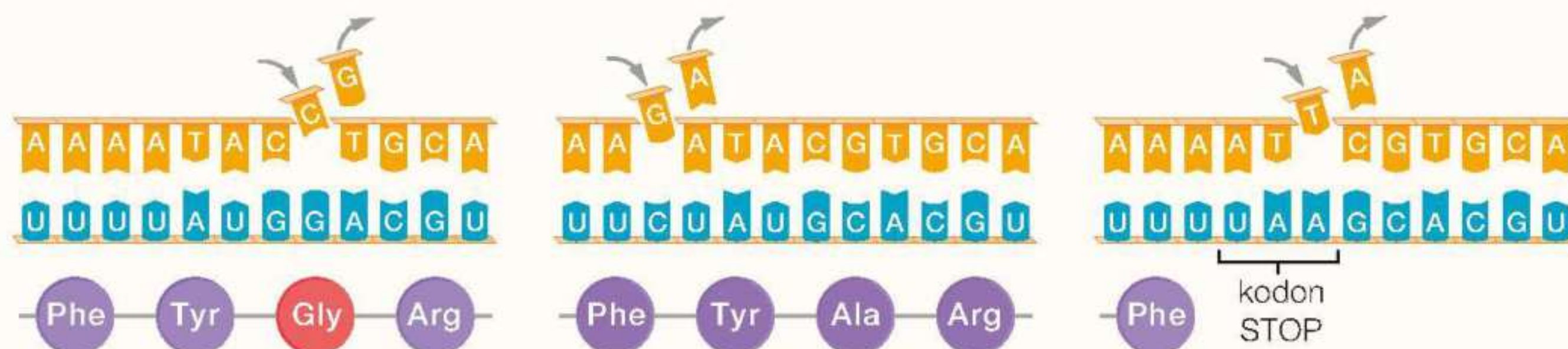
Wśród mutacji wyróżniamy **mutacje genowe**, które dotyczą pojedynczych nukleotydów, oraz **mutacje chromosomowe**, które dotyczą całych chromosomów.

■ Mutacje genowe

Mutacje genowe są związane ze zmianami zachodzącymi w pojedynczych nukleotydach DNA. Rodzaje mutacji genowych oraz możliwe skutki tych mutacji przedstawiliśmy poniżej.



✂ Substytucja – wymiana jednego nukleotydu na inny



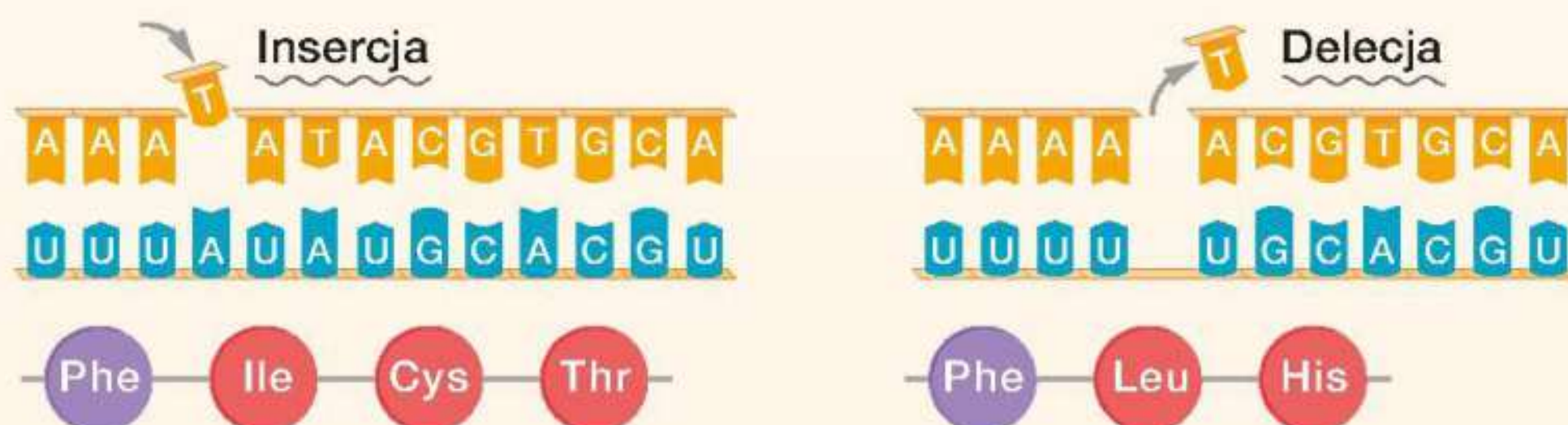
Skutki mutacji

Mutacja zmiany sensu – na skutek wymiany nukleotydu kodon może oznaczać zupełnie inny aminokwas.

Mutacja milcząca – wymiana nukleotydu nie spowoduje żadnych zmian, ponieważ nowa sekwencja nukleotydów oznacza dalej ten sam aminokwas.

Mutacja nonsensowna – po zamianie jednego nukleotydu na inny kodon oznacza trójkę nonsensowną (kodon STOP). Synteza białka zostaje przzerwana, a wyprodukowane białko może być nieaktywne.

✂ Insercja – wstawienie nukleotydu, delecja – utrata nukleotydu



Skutek obu mutacji:

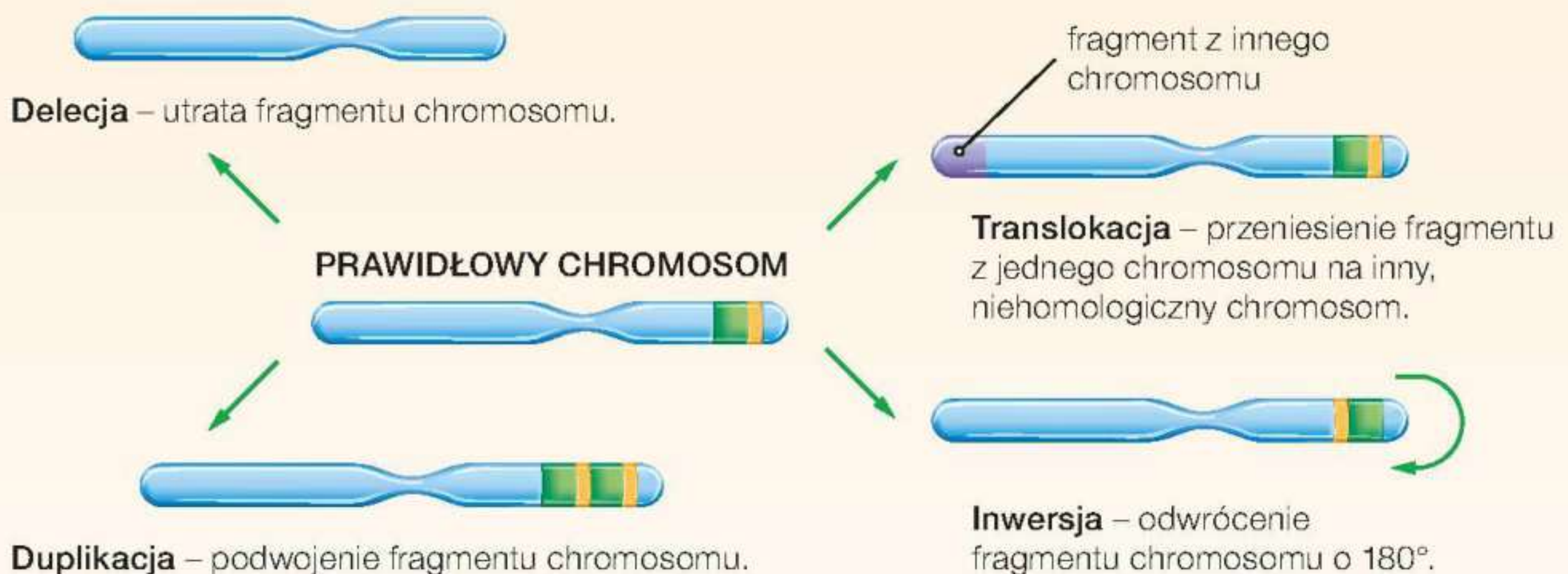
Zmiana ramki odczytu – ramka odczytu to seria kodonów w sekwencji DNA zaczynająca się od kodonu START, a kończąca się kodonem STOP. Wstawienie lub utrata innej niż trzy (lub wielokrotność trzech) liczby nukleotydów powoduje zmianę w odczytywaniu kodonów od miejsca mutacji. Prowadzi to do wstawienia nieodpowiednich aminokwasów.

■ Mutacje chromosomowe

Mutacje chromosomowe (aberracje chromosomowe) dotyczą budowy lub liczby chromosomów. Najczęstszą przyczyną tych mutacji są błędy w czasie podziałów komórkowych oraz czynniki mutagenne zaburzające te podziały.

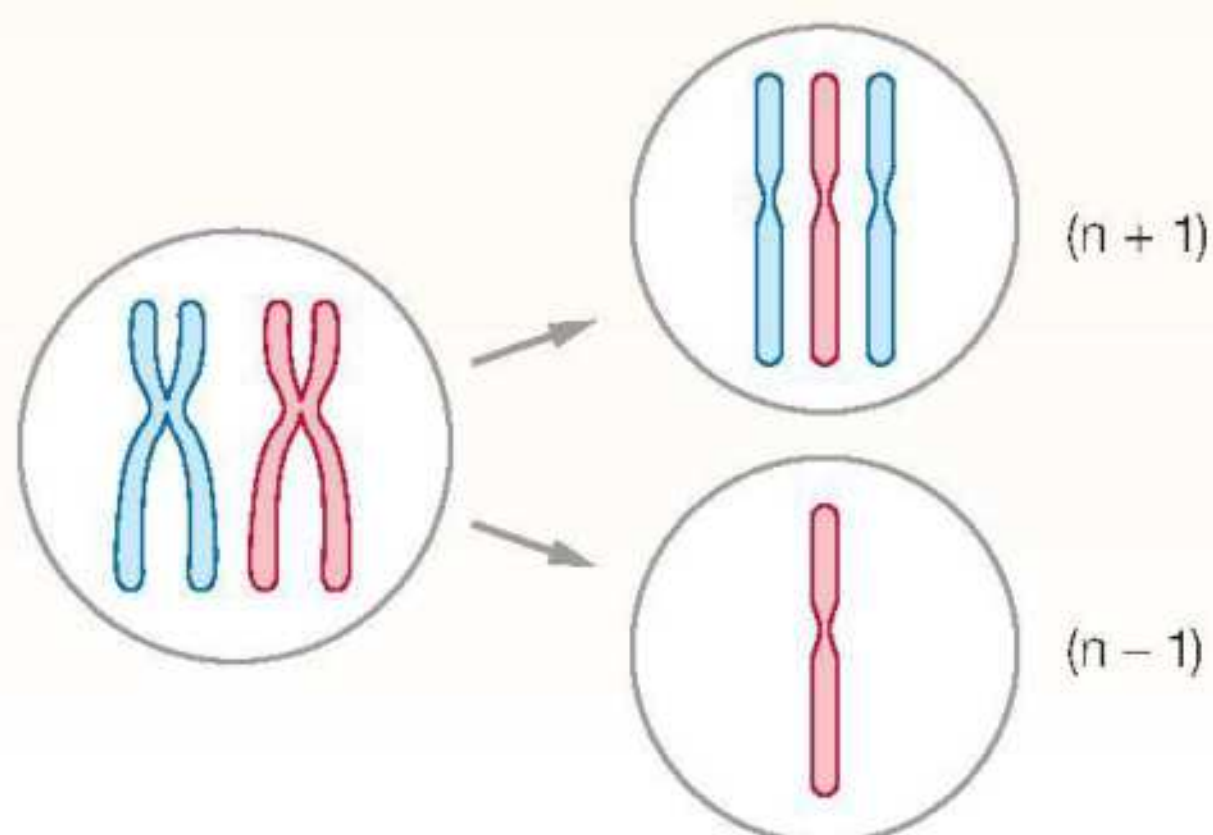
► Mutacje chromosomowe strukturalne

Mutacje strukturalne powstają na skutek pęknięcia chromosomów, a następnie błędnego połączenia fragmentów.



► Mutacje chromosomowe liczbowe

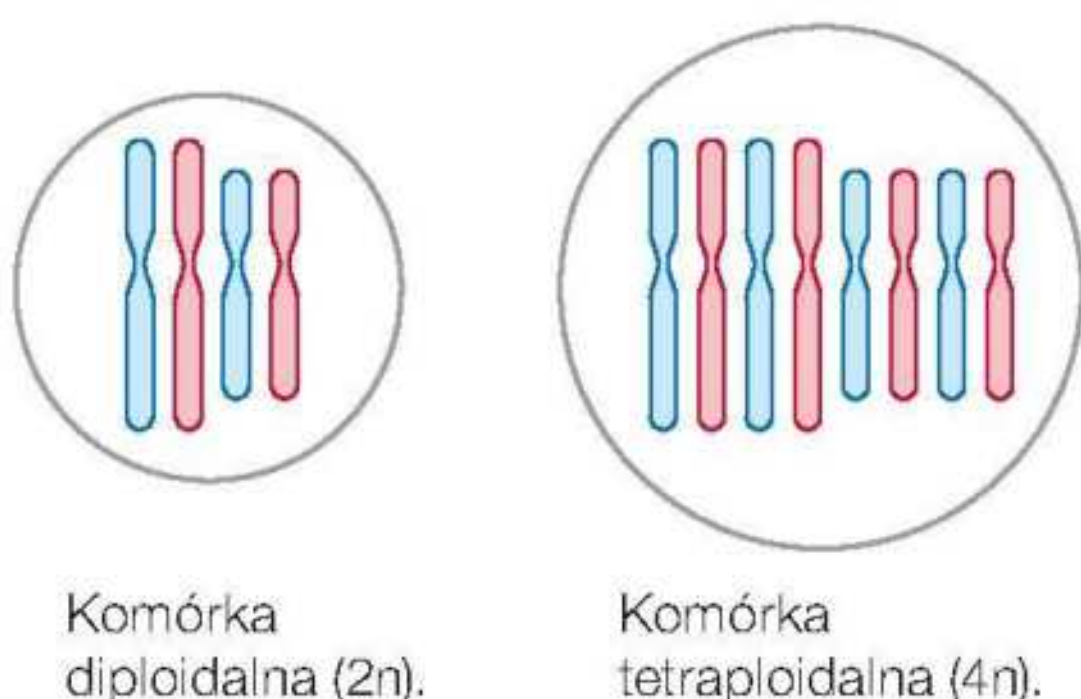
Mutacje liczbowe chromosomów powstają najczęściej na skutek zaburzenia rozdziału chromosomów w trakcie podziałów komórkowych.



Do jednej gamety (np. komórki jajowej) trafiają dwa chromosomy z pary zamiast jednego chromosomu. Taka gameta zawiera więc jeden chromosom dodatkowy. Po zapłodnieniu zygota będzie miała 47 chromosomów. Taką mutację nazywamy **trisomią**.

Do drugiej gamety nie trafia ani jeden chromosom z danej pary. Po zapłodnieniu zygota będzie miała więc 45 chromosomów. Taką mutację nazywamy **monosomią**.

Poliploidalność polega na zwielokrotnieniu całych genomów (np. $3n$, $4n$, $5n$...). U ludzi takie mutacje są śmiertelne, natomiast są one częste u roślin, np. u roślin uprawnych, takich jak truskawki.





■ Czym jest transformacja nowotworowa?

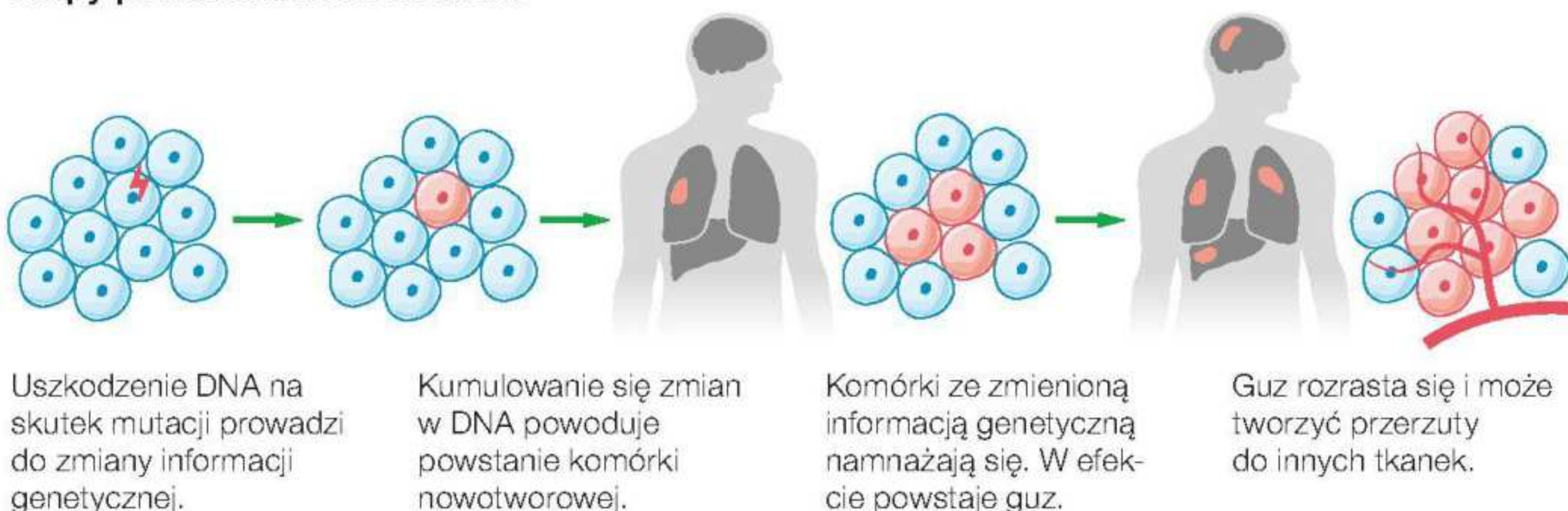
Transformacja nowotworowa polega na przemianie prawidłowych komórek naszego ciała w komórki nowotworowe. Główną cechą takich komórek jest zdolność do stałego, niekontrolowanego podziału i zanik zdolności do zaprogramowanej śmierci (apoptozy).

Bezpośrednią przyczyną transformacji nowotworowej są mutacje w genach kodujących białka regulujące cykl komórkowy. Przykładowo białko p53 hamuje replikację DNA

w czasie cyklu komórkowego, jeśli materiał genetyczny jest uszkodzony, co daje czas na jego naprawę. Jeśli zmiany w DNA są zbyt duże, białko to inicjuje apoptozę komórki. Brak białka p53 wynikający z mutacji genu warunkującego jego produkcję może prowadzić do choroby nowotworowej.

Istotne są też mutacje w genach regulujących naprawę DNA. Jeśli geny te nie będą prawidłowo funkcjonować, dojdzie do nagromadzenia błędów w DNA, co może spowodować transformację nowotworową komórki.

Etapy powstawania nowotworu



W skrócie

- **Zmienność organizmów** oznacza występowanie różnic pomiędzy osobnikami jednego gatunku.
- ✂ • **Zmienność środowiskowa** jest niedziedziczna i polega na możliwości wykształcenia różnych fenotypów przez osobniki o tym samym genotypie w zależności od warunków środowiska.
- **Zmienność genetyczna** wiąże się z różnym układem genów. Dzieli się ona na:
 - **zmienność rekombinacyjną** prowadzącą do uzyskania różnorodnych układów alleli najczęściej przez procesy związane z rozmnażaniem płciowym,
 - **zmienność mutacyjną** prowadzącą do powstania nowych alleli oraz genów w wyniku **mutacji** – trwałej, nagłej zmiany w materiale genetycznym.
- ✂ • Wyróżniamy mutacje: **genowe** (substytucja, delecja, insercja) oraz **chromosomowe** (strukturalne i liczbowe).
- **Transformacja nowotworowa** polega na mutacji materiału genetycznego, która prowadzi do zamiany prawidłowo funkcjonującej komórki w komórkę nowotworową.

Polecenia kontrolne

- ✂ 1. Podaj trzy przykłady wpływu środowiska na fenotyp człowieka.
- ✂ 2. Scharakteryzuj rodzaje mutacji genowych.
3. Określ, jakie zmiany w sekwencji aminokwasów może wywołać mutacja polegająca na zamianie jednego nukleotydu na inny.



2.7.

Choroby i zaburzenia genetyczne człowieka

Zwróć uwagę na:

- podłoże genetyczne chorób jednogenowych oraz aberracji chromosomowych człowieka,
- sposoby dziedziczenia chorób jednogenowych,
- wybrane aberracje chromosomowe człowieka,
- analizę rodowodu genetycznego.

Wynikiem mutacji mogą być choroby lub zaburzenia genetyczne. Przykładem jest daltonizm, który omówiliśmy już w lekcji dotyczącej dziedziczenia cech sprzężonych z płcią. Teraz poznasz więcej przykładów chorób i zaburzeń genetycznych, ich podział oraz sposób dziedziczenia. Omówimy również przykłady aberracji chromosomowych występujących u człowieka.

■ Choroby jednogenowe

Choroby jednogenowe są spowodowane mutacjami w jednym genie. Dzielimy je ze względu na lokalizację genu, którego nieprawidłowy allel powoduje chorobę, na:

- ▶ **choroby sprzężone z płcią** – związane z mutacjami genów znajdujących się na chromosomach płci, najczęściej na chromosomie X,

- ▶ **choroby jednogenowe niesprężone z płcią** (autosomalne) – związane z mutacjami genów na autosomach.

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

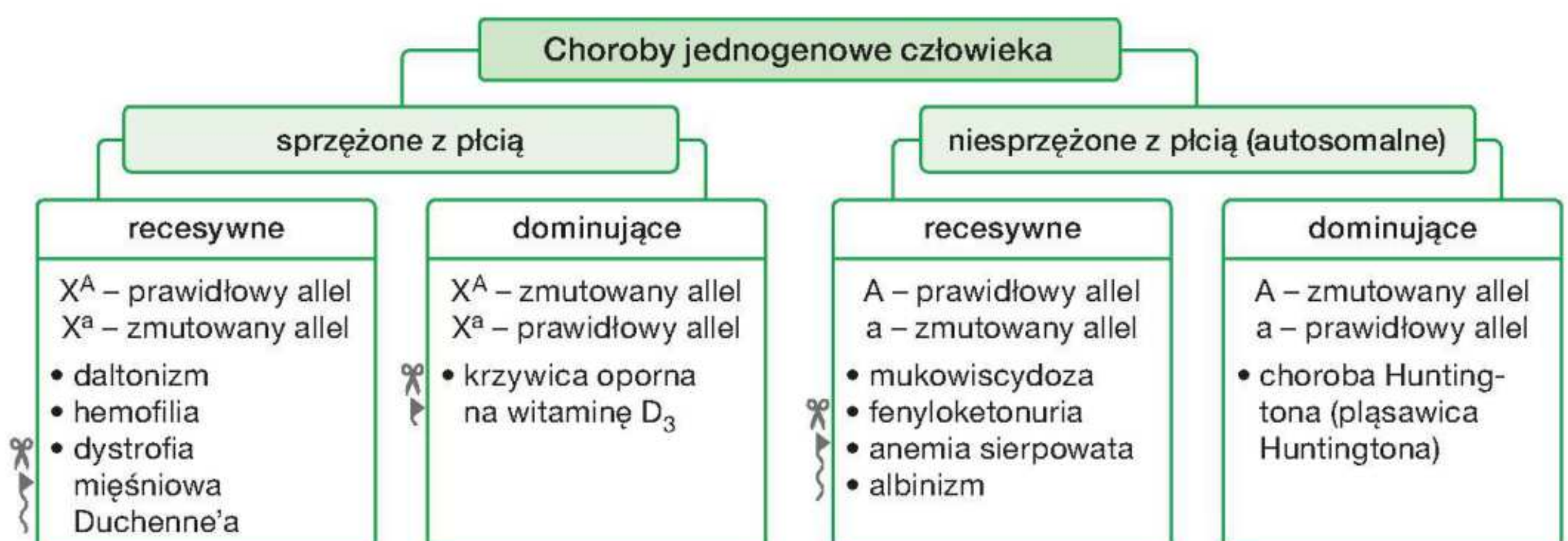
- ▶ **choroby recesywne** – nieprawidłowy allel genu jest recesywny,
- ▶ **choroby dominujące** – nieprawidłowy allel jest dominujący.

■ Aberracje chromosomowe

Aberracje chromosomowe to nieprawidłowości spowodowane mutacjami związanymi ze strukturą lub liczbą chromosomów. Mogą one dotyczyć:

- ▶ autosomów, np. zespół Downa,
- ▶ chromosomów płci, np. zespół Turnera i zespół Klinefeltera.

Przykłady chorób jednogenowych człowieka





Wybrane choroby jednogenowe człowieka

Sposób dziedziczenia chorób jednogenowych zależy od tego, czy choroby te są sprzężone z płcią, oraz czy nieprawidłowy allel jest recesywny, czy dominujący.

■ Choroby jednogenowe sprzężone z płcią

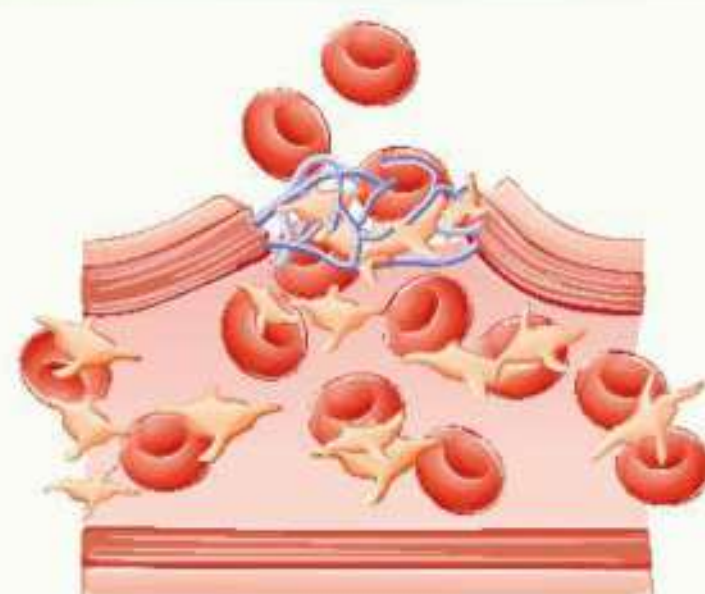
Sposób dziedziczenia tych chorób zależy od płci osoby. **Choroby recesywne** sprzężone z płcią ujawniają się przede wszystkim u mężczyzn, ponieważ mają oni tylko jeden chromosom X i jedną wersję genu.

► Sposób dziedziczenia: recesywny

• Hemofilia

Skutkiem mutacji jest brak jednego z czynników krzepnięcia, który pozwala na zainicjowanie kolejnych etapów wytwarzania skrzepu. Każde skaleczenie prowadzi do długotrwałego i obfitego krwawienia.

U osób z hemofilią tworzenie skrzepu jest utrudnione, dlatego dochodzi do wydłużenia czasu krwawienia.



• Daltonizm (ślepota barw)

Mutacja powoduje nieprawidłową budowę lub brak barwnika w komórkach siatkówki oka. Osoby z daltonizmem najczęściej nie rozróżniają barwy zielonej i czerwonej.



✂ • Dystrofia mięśniowa Duchenne'a

W wyniku mutacji nieprawidłowo funkcjonuje białko, które pomaga utrzymać właściwą strukturę włókien mięśniowych. Prowadzi to do stopniowego zaniku i niedowładu mięśni. W miarę rozwoju choroby pojawiają się trudności w poruszaniu się oraz niewydolność układu oddechowego i układu krążenia.

Mięsień osoby zdrowej.



Mięsień osoby chorej.



► Sposób dziedziczenia: dominujący

• Krzywica oporna na witaminę D₃

Mutacja powoduje nadmierne wydalenie fosforanów – niezbędnych składników kości. Prowadzi to do deformacji szkieletu i zaniku szkliwa na zębach. Choroba ta nie jest spowodowana niedoborem witaminy D₃, dlatego podawanie tej witaminy nie zapobiega jej skutkom (stąd nazwa: krzywica oporna na witaminę D₃).

W wyniku choroby dochodzi do skrzywienia kończyn dolnych.





■ Choroby jednogenowe niesprężone z płcią

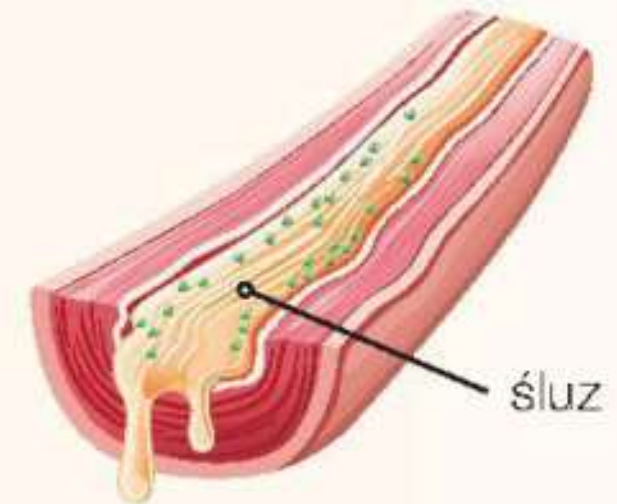
Dziedziczenie tych chorób jest zgodne z prawami Mendla i nie zależy od płci. Do ujawnienia się **chorób recesywnych** konieczne są dwa allele recesywne. Dlatego chorują jedynie homozygoty recesywne. Heterozygoty są nosicielami nieprawidłowego allele. Do ujawnienia się **chorób dominujących** wystarczy jeden nieprawidłowy allele – chorują homozygoty dominujące i heterozygoty.

► Sposób dziedziczenia: recesywny

• Mukowiscydoza

Mutacja powoduje zaburzenie funkcjonowania gruczołów śluzowych. Śluz staje się gęsty i lepki, co prowadzi m.in. do niewydolności układu oddechowego i układu pokarmowego, duszności oraz częstych, nawracających infekcji.

Gruba warstwa lepkiego śluzu blokuje oskrzeliki, przez co stają się one nie-drożne. W śluzie znajdują się liczne bakterie, co sprzyja infekcjom.



✂ • Fenyloketonuria

W wyniku mutacji organizm nie wytwarza enzymu powodującego zamianę aminokwasu fenyloalaniny w tyrozynę. Fenyloalanina gromadzi się w organizmie, m.in. w mózgu, co prowadzi do uszkodzenia układu nerwowego.

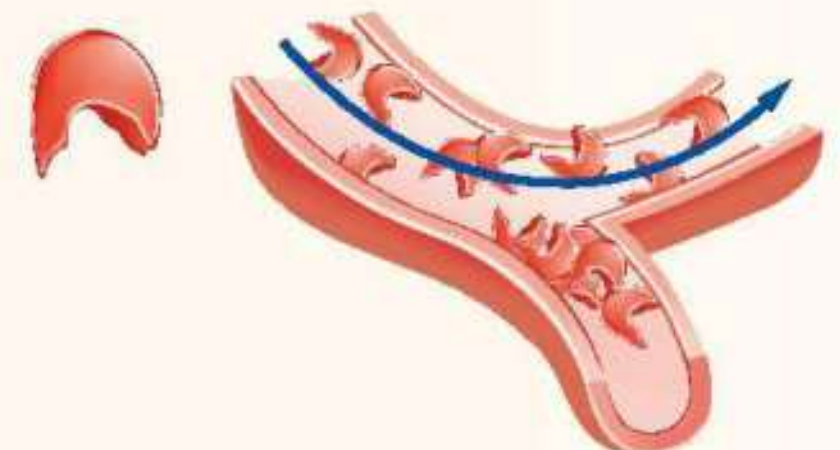
Skutki choroby można znacznie zmniejszyć dzięki jej wczesnemu wykryciu i wprowadzeniu diety z ograniczeniem fenyloalaniny.



• Anemia sierpowata

Mutacja powoduje zmiany w budowie cząsteczek hemoglobiny, czego efektem jest charakterystyczny, sierpowaty kształt erytrocytów. Choroba może prowadzić do niedokrwistości i niedotlenienia tkanek.

Nieprawidłowe erytrocyty mniej wydajnie transportują tlen i mogą blokować naczynia krwionośne.



• Albinizm

Efekt mutacji to brak enzymu, który jest niezbędny do wytworzenia barwników skóry – melanin. Albinosi mają bardzo jasną skórę, białe włosy i niekiedy bezbarwne tęczówki. Są oni bardziej narażeni na działanie promieniowania UV, dlatego występuje u nich większe ryzyko zachorowania na nowotwory skóry.



► Sposób dziedziczenia: dominujący

• Choroba Huntingtona

W wyniku mutacji białko (huntingtyna) ma nieprawidłową budowę i odkłada się w mózgu. Prowadzi to do obumierania komórek nerwowych. Pierwsze objawy choroby pojawiają się w wieku 35–50 lat. Należą do nich zaburzenia ruchowe i psychiczne oraz stopniowe otępienie umysłowe.

Zmiany w mózgu spowodowane przez chorobę można ocenić za pomocą rezonansu magnetycznego (MRI).





Wybrane aberracje chromosomowe człowieka

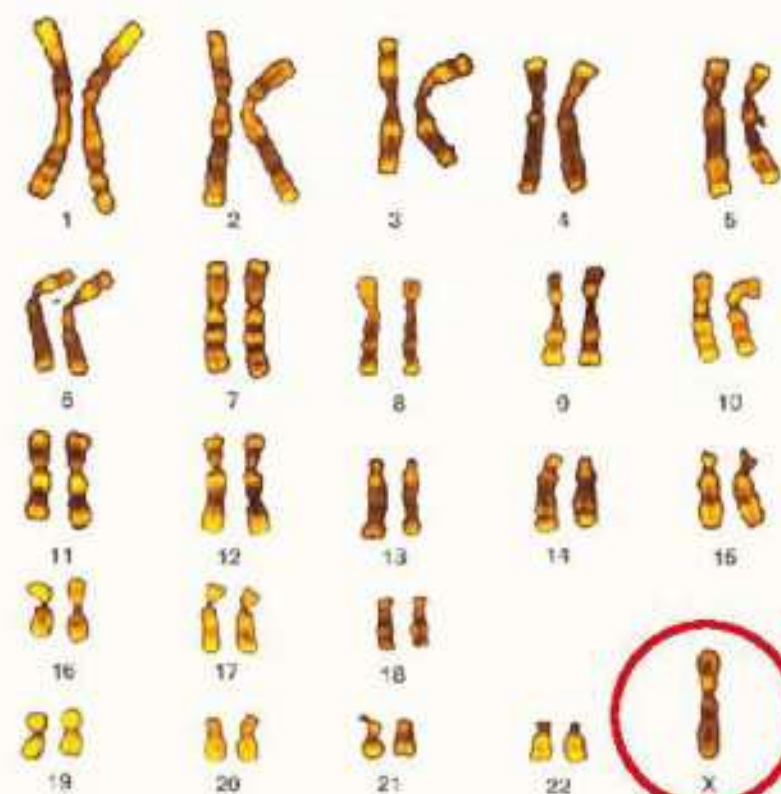
Wśród aberracji chromosomowych najbardziej znane są te, których przyczyną są mutacje dotyczące liczby chromosomów. Do ich powstania prowadzi najczęściej nierównomierne rozdzielenie chromosomów do gamet w czasie mejozy.

■ Zespół Turnera

Kariotyp: 45, X

Rodzaj mutacji: monosomia – brak jednego chromosomu X u kobiet.

Objawy: Kobiety z zespołem Turnera odznaczają się niskim wzrostem i kręłą budową ciała. Ich narządy rozrodcze często są nieprawidłowo ukształtowane i występują u nich zaburzenia dojrzewania płciowego. Mogą mieć także wrodzone wady serca i innych narządów wewnętrznych.

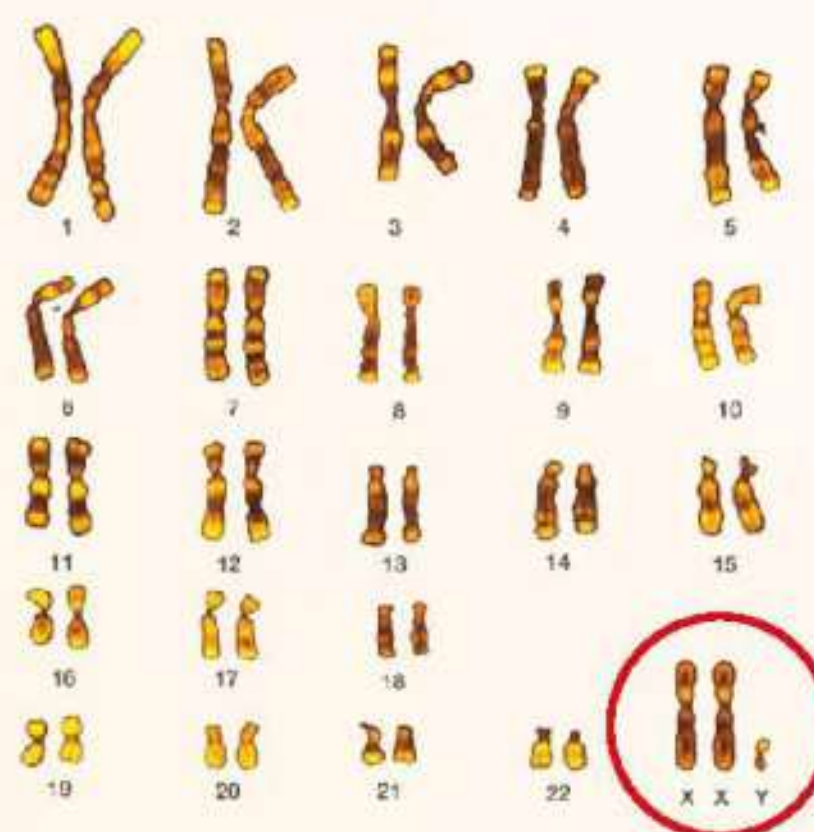


■ Zespół Klinefeltera

Kariotyp: 47, XXY

Rodzaj mutacji: trisomia – obecność dodatkowego chromosomu X.

Objawy: U mężczyzn z zespołem Klinefeltera występuje niedorozwój jąder i obniżony poziom testosteronu, co prowadzi do słabego wykształcenia męskich cech płciowych oraz zmniejszonej płodności. Może również pojawić się nadmierny rozwój sutków. Rozpoznanie aberracji następuje często dopiero w okresie dojrzewania.

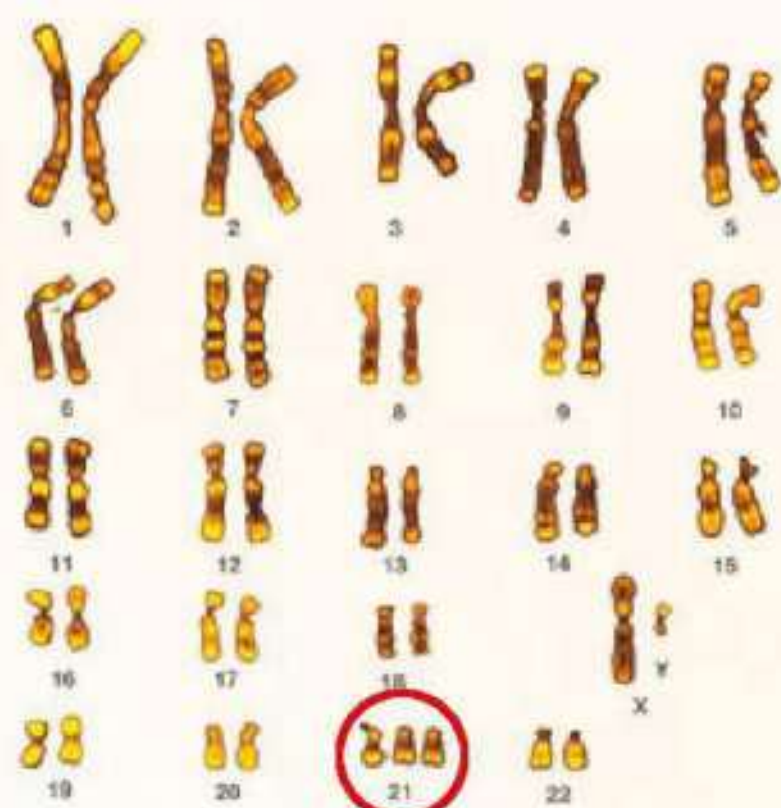


■ Zespół Downa

Kariotyp: 47, XY + 21 lub 47, XX + 21

Rodzaj mutacji: trisomia – obecność dodatkowego chromosomu w 21. parze.

Objawy: Osoby z zespołem Downa mają skośne oczy, fałdy skórne na powiekach, płaski profil twarzy oraz krótkie kończyny. Często występują u nich także nieprawidłowości w budowie serca i narządów wewnętrznych oraz różny stopień niepełnosprawności intelektualnej.

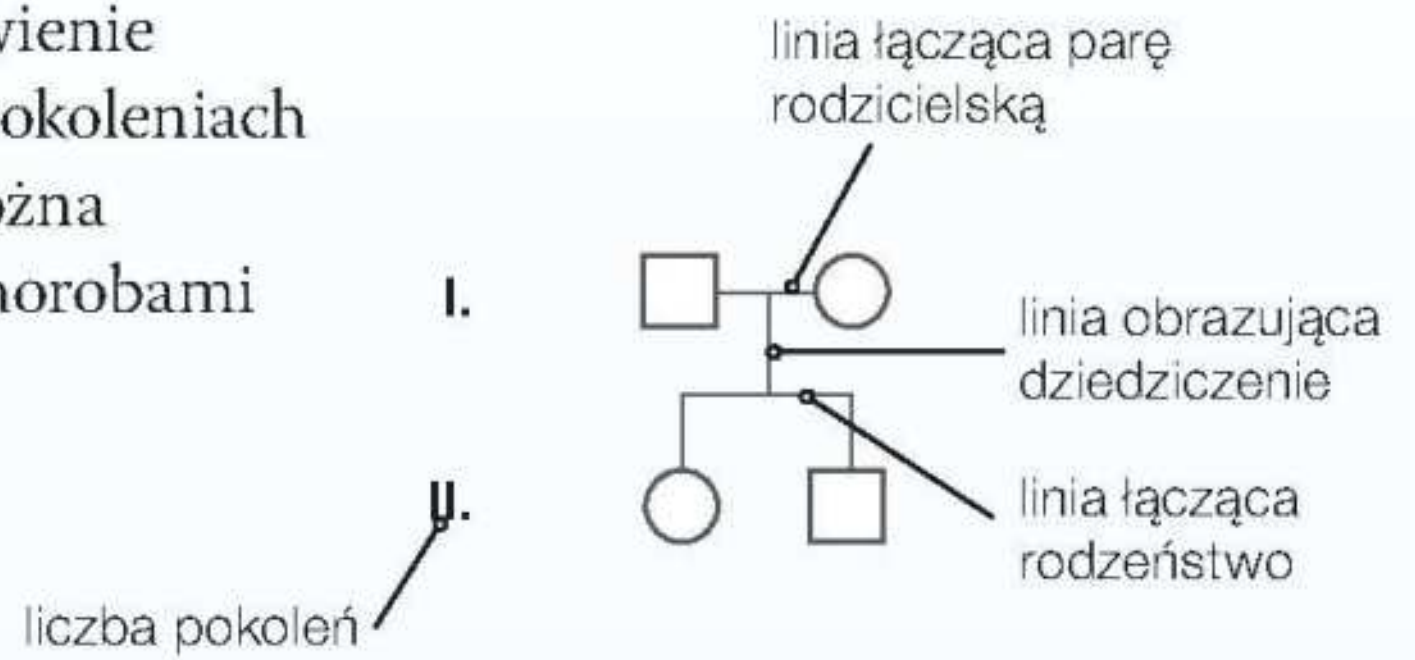


Dzieci z zespołem Downa mają wiele zdolności i umiejętności (np. malarskich), które chętnie rozwijają.



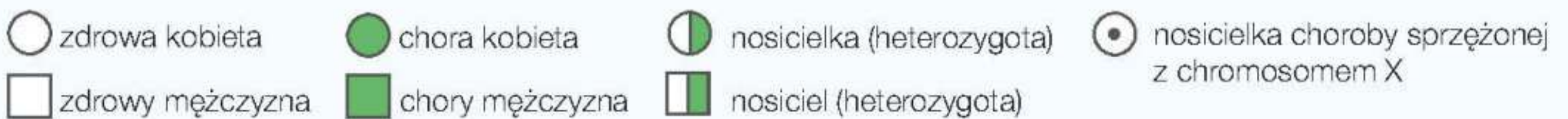
Czym jest rodowód genetyczny?

Rodowód genetyczny to graficzne przedstawienie dziedziczenia wybranej cechy w kolejnych pokoleniach danej rodziny. Dzięki analizie rodowodu można ustalić obciążenie rodziny dziedzicznymi chorobami genetycznymi.



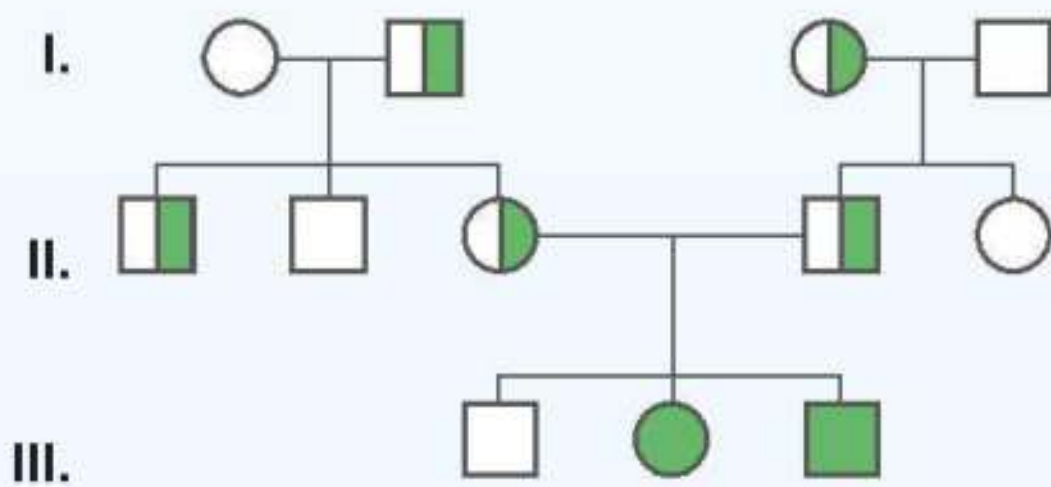
Uwaga: W niektórych rodowodach nie oznacza się nosicieli.

Oznaczenie symboli:



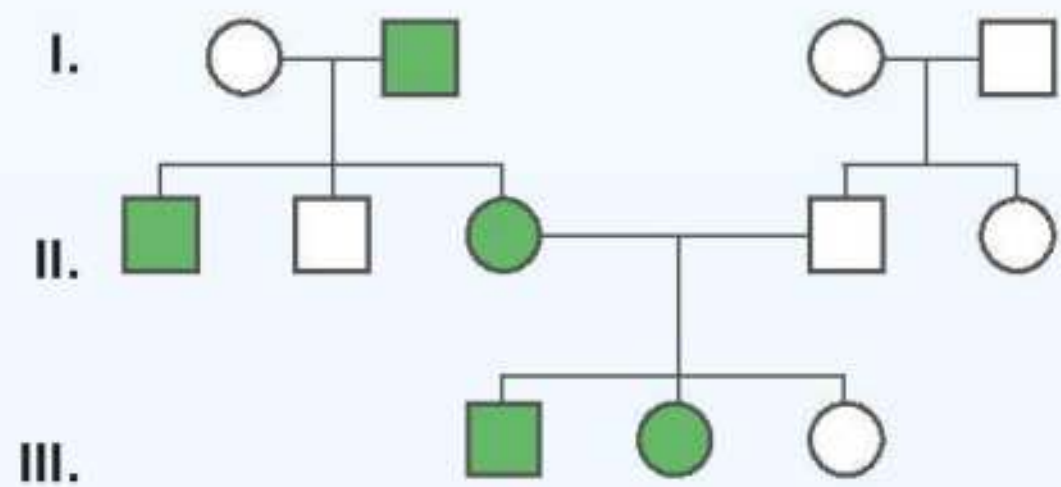
Rodowody charakterystyczne dla różnych typów dziedziczenia chorób genetycznych

Choroba autosomalna recesywna



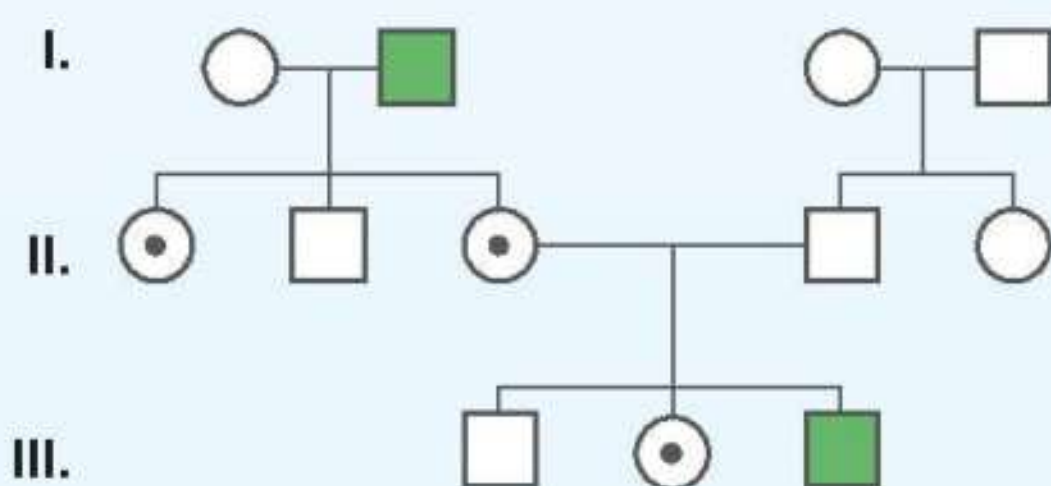
- Chorzy to homozygoty recesywne.
- Chorują mężczyźni i kobiety.

Choroba autosomalna dominująca



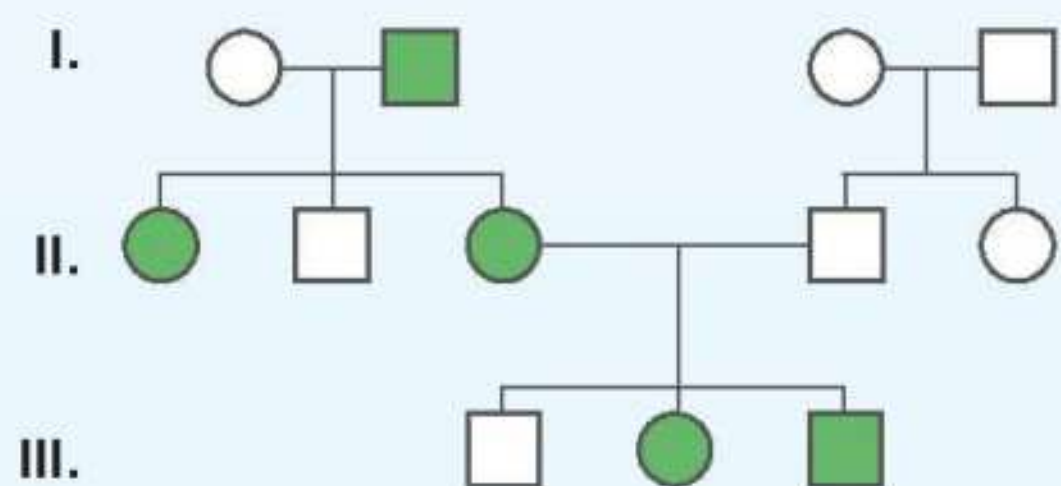
- Chorzy to homozygoty dominujące i heterozygoty.
- Chorują mężczyźni i kobiety.

Choroba recesywna sprzężona z płcią



- Chory mężczyzna ma córki nosicielki, a synowie nosicieli mogą być chorzy.
- Chorzy to głównie mężczyźni (wśród kobiet chorują tylko homozygoty).

Choroba dominująca sprzężona z płcią



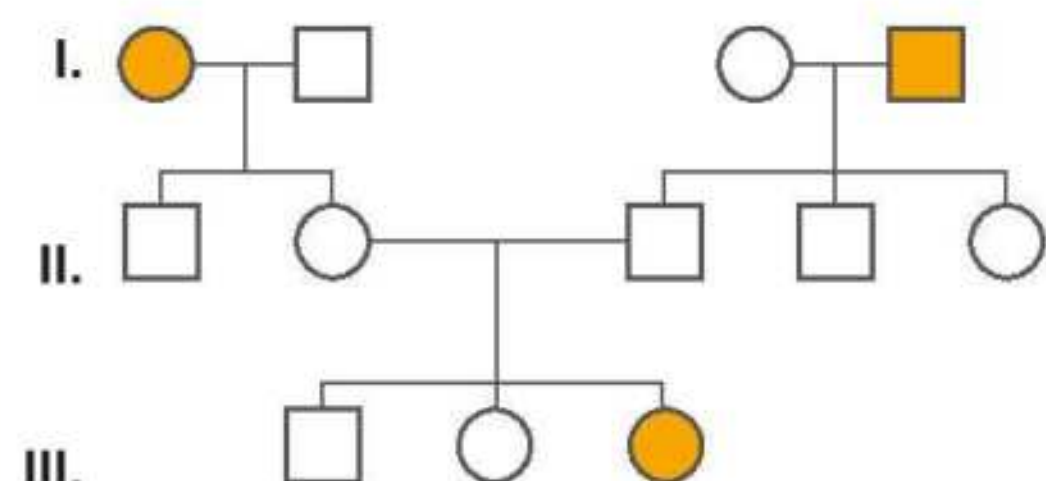
- Chory mężczyzna nie przekazuje wadliwych alleli synom, ale chore są wszystkie córki.
- Chorzy to mężczyźni i kobiety.



Krok po kroku

Ustalanie sposobu dziedziczenia chorób genetycznych na podstawie rodowodu

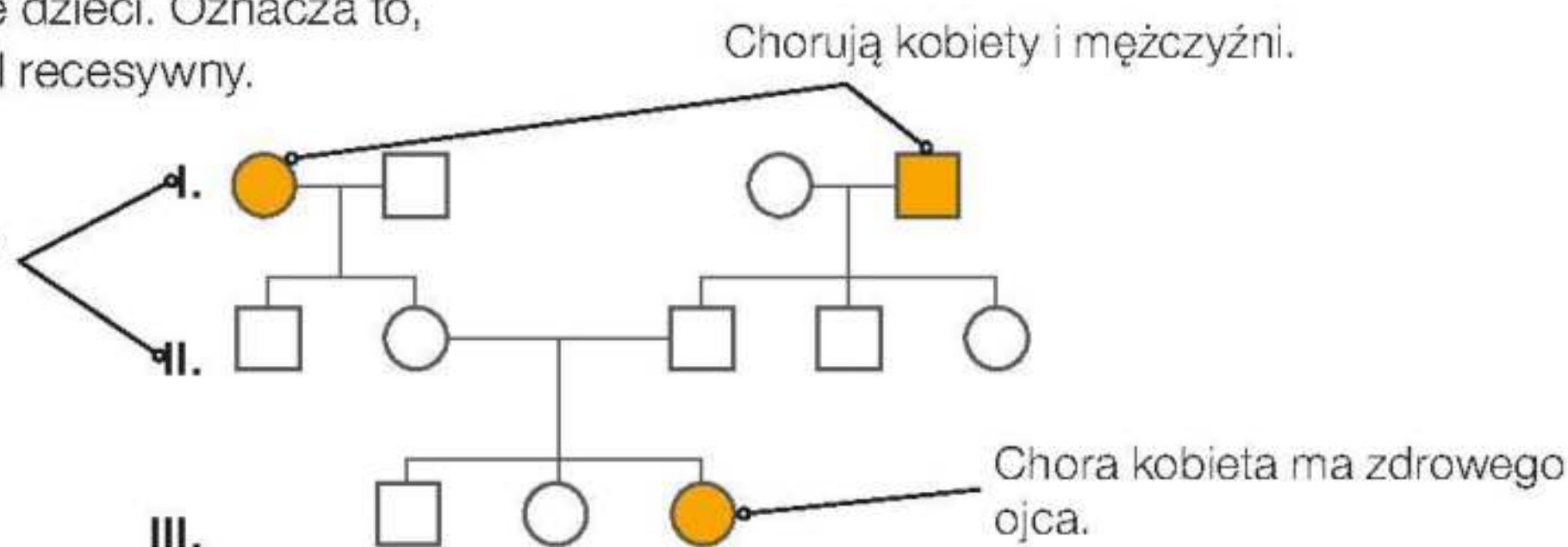
Na podstawie rodowodu genetycznego pewnej rodziny ustal, w jaki sposób jest w niej dziedziczona choroba genetyczna.



1 Określ, czy dana choroba jest recesywna, czy dominująca.

W pokoleniu II wszystkie osoby są zdrowe – zdrowi rodzice mają chore dzieci. Oznacza to, że chorobę powoduje allel recesywny.

Choroba nie uwidacznia się w każdym pokoleniu.



2 Określ, czy jest to choroba sprzężona z płcią.

Na schemacie są widoczne osoby chore różnej płci, w tym chora kobieta, która ma zdrowego ojca. Ponieważ jest to choroba recesywna, to w przypadku choroby sprzężonej z płcią ojciec chorej kobiety musiałby być też chory. Dlatego choroba ta nie może być sprzężona z płcią.

3 Sformułuj odpowiedź.

Odpowiedź: Choroba występująca w badanej rodzinie jest dziedziczona autosomalnie recesywnie.

W skrócie

- **Choroby jednogenowe** są spowodowane mutacjami w pojedynczych genach, **aberracje chromosomowe** są związane ze zmianą liczby lub struktury chromosomów.
- W chorobach sprzężonych z płcią gen, w którym zaszła mutacja, znajduje się na chromosomie X.
✂ Przykładami tego rodzaju chorób są: daltonizm, hemofilia, dystrofia mięśniowa Duchenne'a oraz krzywica oporna na witaminę D₃.
- Choroby autosomalne jednogenowe są dziedziczone zgodnie z prawami Mendla (gen, w którym zaszła mutacja, znajduje się na jednym z autosomów). Przykładami tych chorób są: mukowiscydoza, fenyloketonuria, anemia sierpowata, albinizm i choroba Huntingtona.
- ✂ • Do **aberracji chromosomowych** należą: zespół Downa, zespół Turnera, zespół Klinefeltera.

Polecenia kontrolne

1. Określ, jaka jest szansa, że dziecko będzie nosicielem albinizmu, jeśli jedno z rodziców jest albinosem.
3. Wyjaśnij, czy istnieje ryzyko odziedziczenia choroby autosomalnej dominującej, jeśli żadne z rodziców nie jest chore.
- ✂ 4. Porównaj całkowitą liczbę chromosomów w kariotypie osób z zespołem Downa, zespołem Turnera i zespołem Klinefeltera.
5. Wykonaj w zeszycie rodowód genetyczny swojej rodziny, przedstawiający występowanie wybranej cechy (np. piegi, odstające uszy, kręcone włosy) u wszystkich członków. Na podstawie zebranych danych określ, czy wybrana cecha jest dziedziczona recesywnie, czy dominująco.



Podsumowanie



1 Ważne pojęcia z genetyki klasycznej

Pojęcie	Definicja
Genotyp	Zespół wszystkich genów lub zapis alleli pojedynczego genu.
Fenotyp	Widoczny zespół cech organizmu lub określenie pojedynczej cechy.
Allel	Jedna z wersji danego genu. Wyróżniamy allele dominujące i allele recesywne.
Homozygota	Organizm, który ma dwa identyczne allele danego genu. Wyróżniamy homozygoty recesywne i homozygoty dominujące.
Heterozygota	Organizm, który ma dwa różne allele danego genu.
Kariotyp	Kompletny zestaw chromosomów charakterystyczny dla danego gatunku. Kariotyp człowieka składa się z 22 par autosomów i jednej pary chromosomów płci – u kobiet XX, u mężczyzn XY.

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.

3 Sposoby dziedziczenia cech

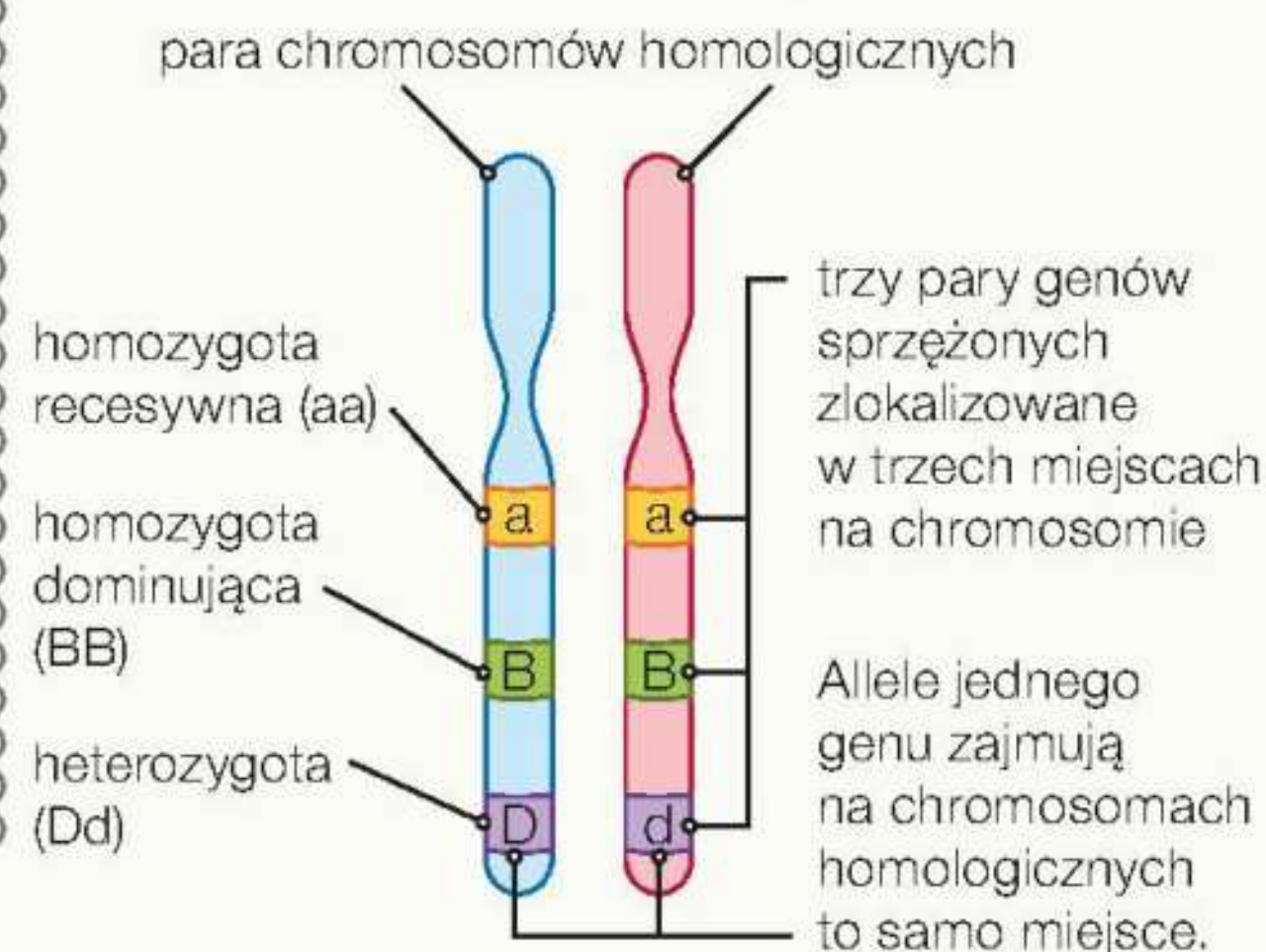
Sposób dziedziczenia		Opis
Dziedziczenie jednogenowe	dominacja pełna	Allel dominujący wyraźnie dominuje nad allelem recesywnym (u heterozygot ujawnia się cecha dominująca).
	dominacja niepełna	Heterozygoty wykazują cechy pośrednie.
	kodominacja	Dwa allele danego genu są równorzędne względem siebie.
	allele wielokrotne	Jeden gen występuje w co najmniej trzech wersjach.
Dziedziczenie wielogenowe	geny kumulatywne	W wykształceniu jednej cechy uczestniczy kilka genów, których efekt działania się sumuje.
	geny dopełniające się	Do wykształcenia jednej cechy są niezbędne dwa różne geny.
Dziedziczenie niezależne genów		Geny są zlokalizowane na różnych chromosomach – dziedziczenie zgodne z II prawem Mendla.
Geny sprzężone	geny znajdujące się na autosomach	Geny znajdują się na tym samym chromosomie i zwykle są dziedziczone razem.
	geny sprzężone z płcią	Geny znajdują się na chromosomie X.



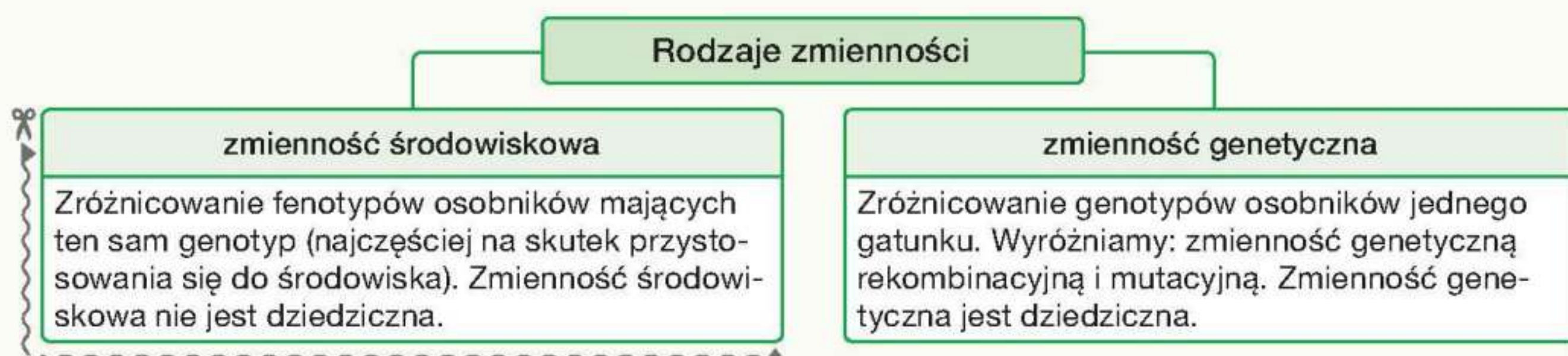
4 Założenia chromosomowej teorii dziedziczenia:

- 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 są dziedziczone zależnie od siebie (mogą zostać rozdzielone w wyniku *crossing-over*).

5 Lokalizacja genów sprzężonych na chromosomach homologicznych



5 Zmienność organizmów – występowanie różnic pomiędzy osobnikami tego samego gatunku.



6 Mutacja – nagła, trwała zmiana w materiale genetycznym. **Mutacje genowe** dotyczą pojedynczych nukleotydów. Należą do nich: substytucja, delecja i insercja. **Mutacje chromosomowe** dotyczą całych chromosomów. Należą do nich mutacje chromosomowe strukturalne i liczbowe oraz poliploidalność.

7 Choroby i zaburzenia genetyczne człowieka

Sposób dziedziczenia			Opis	Przykład
Choroby jedno-genowe	sprzężony z płcią	recesywny	U mężczyzn ujawniają się, gdy jest jeden wadliwy allel, a u – kobiet, gdy są dwa wadliwe allele.	daltonizm, hemofilia, <u>dystrofia mięśniowa Duchenne'a</u>
		dominujący	Do ich ujawnienia u mężczyzn i u kobiet wystarcza jeden zmuto- wany allel.	<u>krzywica oporna na witaminę D₃</u>
	niesprzężo- ny z płcią (auto- somalny)	recesywny	Ujawniają się u homozygot rece- sywnych (są potrzebne dwa wadliwe allele).	mukowiscydoza, <u>albinizm, fenylo- ketonuria, anemia sierpowata</u>
		dominujący	Objawy występują u homozygot dominujących i heterozygot (wystarcza jeden wadliwy allel).	choroba Huntingtona
Aberracje chromosomowe			Są spowodowane nierównym rozej- ściem się chromosomów do gamet.	<u>zespół Turnera, zespół Klinefeltera, zespół Downa</u>

Sprawdź, czy już umiesz!

WYKONAJ W ZESZYCIE



- 1** Ojciec jest nosicielem recesywnego allelu albinizmu. W rodzinie matki występowały przypadki albinizmu, jednak nie wiadomo, czy matka jest nosicielką tej choroby. (2 p.)

Określ możliwe genotypy i fenotypy potomstwa tej pary. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 2** Podaj, jakie gamety wytwarzają osoby o poniższych genotypach. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

1. AABB, 2. AABb, 3. AaBb

- 3** Pewien rolnik wyhodował groch zwyczajny o żółtych nasionach. Ponieważ żółty kolor nasion jest cechą dominującą, nie wiedział, czy z nasion wyrosną homozygoty dominujące, czy też heterozygoty. (2 p.)

Wyjaśnij, w jaki sposób rolnik może sprawdzić genotyp wyhodowanych przez siebie roślin, i udowodnij to za pomocą odpowiednich krzyżówek. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 4** Cechami dominującymi są kręcone włosy i orli nos, a cechami recesywnymi – proste włosy i prosty nos. Ojciec ma kręcone włosy i orli nos, a matka – proste włosy i prosty nos. Oboje rodzice są podwójnymi homozygotami. (1 p.)

Określ, jakie fenotypy mogą wystąpić u ich dzieci. Odpowiedź zapisz w zeszycie i uzasadnij ją odpowiednią krzyżówką.

- 5** U królików cechami dominującymi są czarna barwa futra i krótki włos, a cechami recesywnymi – biała barwa futra i długi włos. Skrzyżowano króliki czarne długowłose, których matki były białe, z królikami białymi krótkowłosymi, które miały długowłosych ojców. (1 p.)

Podaj, jaki będzie stosunek fenotypów potomstwa. Odpowiedź zapisz w zeszycie i uzasadnij ją odpowiednią krzyżówką.

- 6** Podaj, jakiego genotypu (lub jakich genotypów) nie może mieć ojciec w poniższych przypadkach. Odpowiedzi zapisz w zeszycie. (4 p.)

A. Matka ma grupę krwi AB, a dziecko – grupę krwi A.
B. Matka ma grupę krwi 0, a dziecko – grupę krwi B.
C. Matka ma grupę krwi 0, a dziecko – grupę krwi 0.
D. Matka ma grupę krwi B, a dziecko – grupę krwi AB.

- 7** U dziwaczka japońskiego po skrzyżowaniu osobników rodzicielskich o różowych kwiatach uzyskano: 75 osobników czerwonych, 75 osobników białych i 150 osobników różowych. (1 p.)

Określ sposób dziedziczenia koloru kwiatów u dziwaczka japońskiego. Odpowiedź zapisz w zeszycie i uzasadnij ją odpowiednią krzyżówką.



- 8** Daltonizm jest chorobą recesywną sprzężoną z płcią. Zdrowy mężczyzna, którego ojciec jest daltonistą, ożenił się z kobietą – nosicielką allelu daltonizmu. (1 p.)

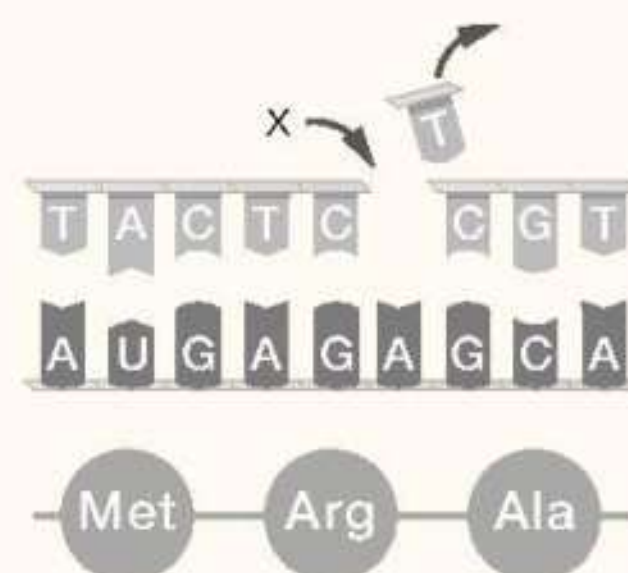
Określ, jakie jest prawdopodobieństwo, że:

- a) córka tej pary będzie nosicielką allelu daltonizmu,
b) narodzone dziecko będzie chorym synem.

Odpowiedzi zapisz w zeszycie i uzasadnij je odpowiednią krzyżówką.

- 9** W podanym fragmencie nici DNA doszło do mutacji – sub-stytucji. Nukleotyd z tyminą został wymieniony na inny. (1 p.)

Podaj przykład nukleotydu, który musiałby zostać wstawiony, żeby zamiana była mutacją milczącą. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie.



- 10** Ilustracja przedstawia budowę prawidłowego chromosomu. (3 p.)



- a) Określ, jakie rodzaje mutacji chromosomowych zostały przedstawione na ilustracjach 1 i 2. Odpowiedzi zapisz w zeszycie.



- b) Narysuj w zeszycie przykład obrazujący inwersję. Wykorzystaj sekwencję podanego wyjściowego chromosomu.

- 11** Przyporządkuj podanym sposobom dziedziczenia (A–D) odpowiednie przykłady chorób wybrane spośród podanych (1–7). Odpowiedź zapisz w zeszycie. (4 p.)

- A. Recesywny autosomalny.
B. Dominujący autosomalny.
C. Recesywny sprzężony z płcią.
D. Dominujący sprzężony z płcią.

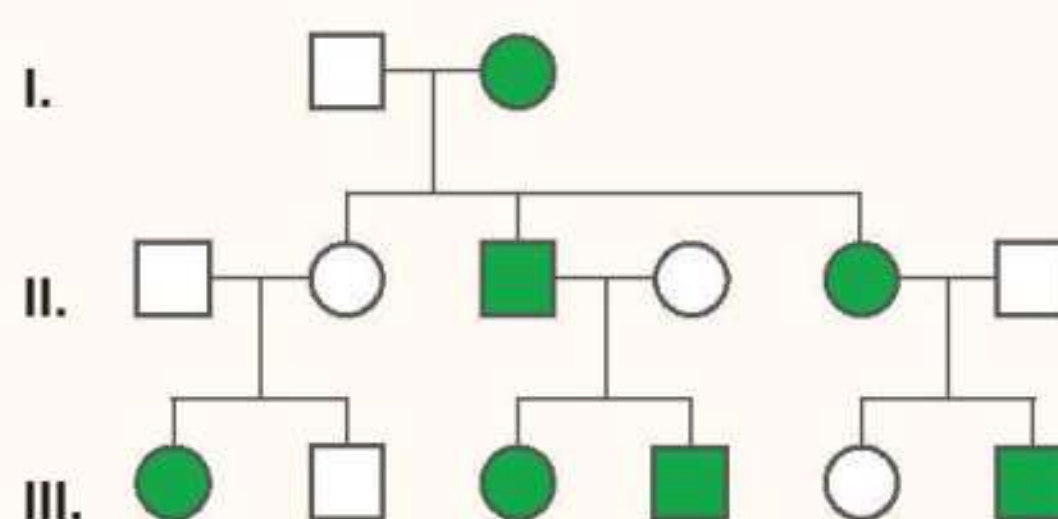
1. Daltonizm.
2. Choroba Huntingtona.
3. Krzywica oporna na witaminę D₃.
4. Albinizm.
5. Hemofilia.
6. Dystrofia mięśniowa Duchenne'a.
7. Mukowiscydoza.

- 12** Schemat przedstawia dziedziczenie pewnej choroby. (1 p.)

Wybierz poprawne dokończenie zdania. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

Na schemacie przedstawiono dziedziczenie

- A. hemofilii.
B. krzywicy odpornej na witaminę D₃.
C. choroby Huntingtona.
D. mukowiscydozy.



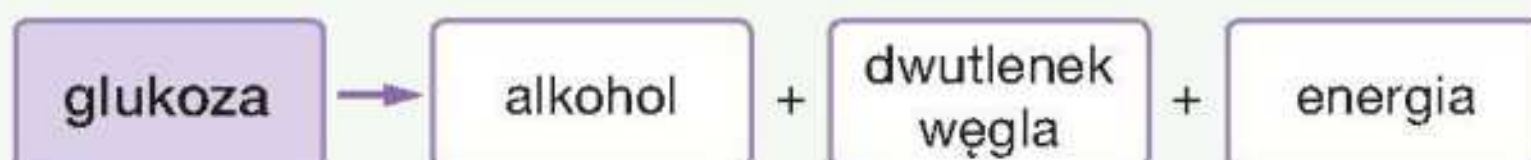


3. Biotechnologia

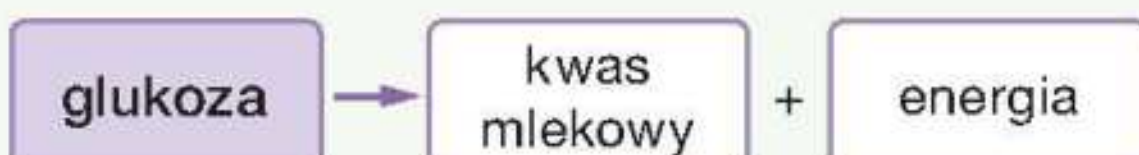
To było w szkole podstawowej!

- ✓ **Fermentacja** – sposób uzyskiwania energii z substancji pokarmowych bez udziału tlenu. Wyróżniamy m.in. fermentację alkoholową i fermentację mleczanową.

Przebieg fermentacji alkoholowej



Przebieg fermentacji mleczanowej



- ✓ **Poradnictwo genetyczne** – forma pomocy kierowanej m.in. do przyszłych rodziców. W poradni genetycznej można dowiedzieć się, jakie jest ryzyko wystąpienia choroby genetycznej u dziecka oraz jakie są możliwości leczenia i rehabilitacji chorych dzieci.

3.1. Biotechnologia tradycyjna

Zwróć uwagę na:

- definicję biotechnologii,
- podział biotechnologii na biotechnologię tradycyjną i biotechnologię molekularną,
- zastosowanie biotechnologii tradycyjnej w przemyśle farmaceutycznym, rolnictwie, biodegradacji, oczyszczaniu ścieków i przemyśle spożywczym.

Ludzie od wieków wykorzystują organizmy do własnych celów, np. pozyskują z nich substancje niezbędne do produkcji żywności, narzędzi lub ozdób. Dziś, dzięki rozwojowi biotechnologii, organizmy, a także wirusy, stosuje się w tych dziedzinach życia, w których wcześniej nie było to możliwe.

■ Czym jest biotechnologia?

Biotechnologia to dyscyplina naukowa, która zajmuje się wykorzystywaniem organizmów, wirusów lub ich składników (np. enzymów) do celów praktycznych. Jest ona nauką interdyscyplinarną, co oznacza, że korzysta z dorobku innych nauk.

Biotechnologię dzielimy na tradycyjną (klasyczną) i molekularną (nowoczesną).

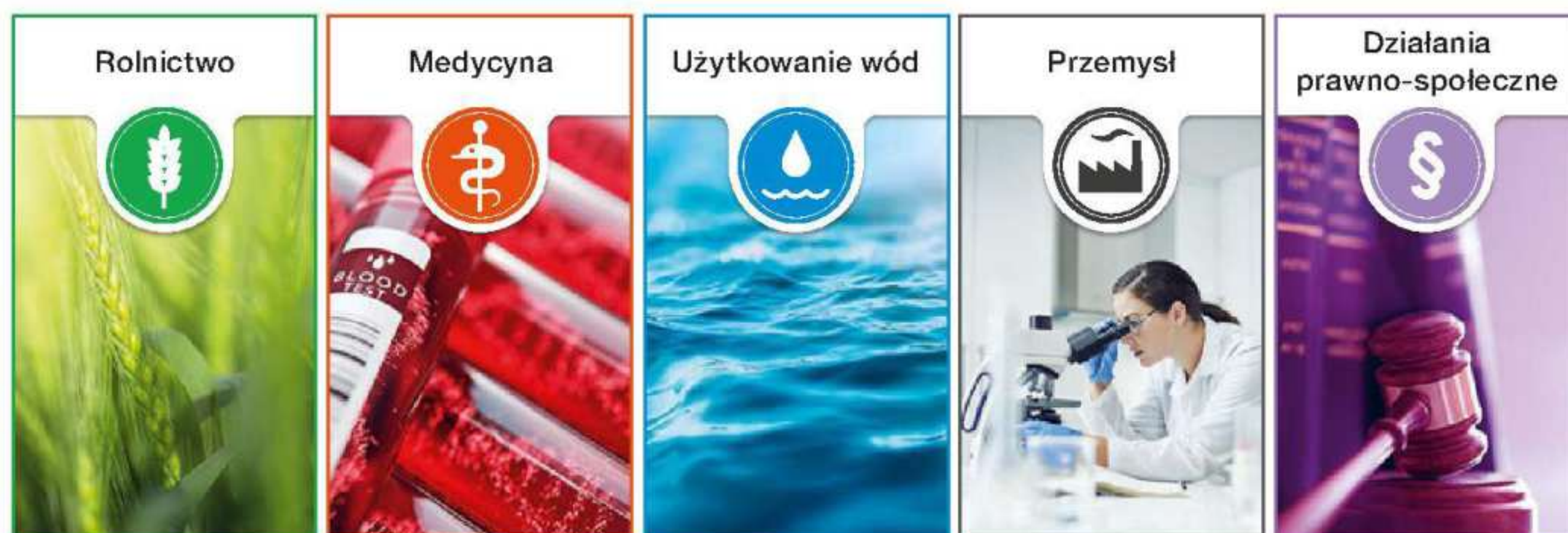
Biotechnologia tradycyjna (klasyczna) wykorzystuje naturalnie występujące w przyrodzie wirusy, organizmy lub produkowane przez nie substancje. Dobór organizmów o pożądanym cechach odbywa się przez selekcję sztuczną, która polega na dopuszczaniu do rozrodu tylko osobników wybranych przez człowieka.

Biotechnologia molekularna (nowoczesna) wykorzystuje organizmy i wirusy o zmodyfikowanym materiale genetycznym. Otrzymuje się je za pomocą technik inżynierii genetycznej, które umożliwiają zmianę genomów w taki sposób, aby uzyskać cechy korzystne dla człowieka.

W dalszej części lekcji zdobędziesz więcej informacji o biotechnologii tradycyjnej.

Zakres działań biotechnologii

Biotechnologia dzieli się na gałęzie, które zajmują się różnymi dziedzinami życia. Aby ułatwić rozróżnianie zakresu ich działania, wprowadzono specjalny kod kolorystyczny, który przedstawiliśmy poniżej.



Biotechnologia tradycyjna w przemyśle farmaceutycznym

Dzięki metodom biotechnologii tradycyjnej wytwarza się m.in. antybiotyki, takie jak penicylina, oraz surowice odpornościowe podawane np. po ukąszeniu przez żmiję.

■ Penicylina

Penicylina jest antybiotykiem pochodzenia naturalnego – wytwarzają ją grzyby z rodzaju pędzlak (*Penicillium*). Została odkryta w 1928 r. i jest jednym z najdłużej stosowanych antybiotyków na świecie.

Pędzlaki to grzyby, które często wchodzi w skład pleśni tworzącej się na owocach.



W fabrykach farmaceutycznych grzyby z rodzaju *Penicillium* i inne mikroorganizmy hoduje się w bioreaktorach – urządzeniach, które utrzymują idealne warunki do ich rozwoju.

■ Surowica odpornościowa

Surowica odpornościowa to preparat wytworzony z osocza, zawierający przeciwciała skierowane przeciwko konkretnemu patogenowi lub toksynie. Podaje się ją np. osobom ukąszonym przez żmiję. Dzięki temu można szybko zneutralizować obecną w organizmie toksynę i uniknąć poważnych powikłań.

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 zwierzęcia.



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 oraz ogromna ilość odpadów i ścieków produkowanych przez człowieka powodują zanieczyszczenie środowiska oraz degradację gleb. 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 korzeniami roślin. 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 ze szkodnikami może odbywać się dzięki wykorzystaniu ich naturalnych wrogów – pasożytów lub drapieżników.



Larwy kruszynki odżywiają się jajami owadów uważanych przez człowieka za szkodniki.



Biedronki i ich larwy żywią się m.in. mszycami i przędziorkami, które są powszechnymi szkodnikami roślin.

■ Gospodarka odpadami i oczyszczanie ścieków

Ludzie produkują ogromne ilości odpadów, np. każdy Polak produkuje ich średnio ok. 300 kg rocznie. Odpady pochodzą też z zakładów przemysłowych, firm i gospodarstw rolnych. Biotechnologia tradycyjna wypracowała wiele sposobów na to, jak gospodarować odpadami, by nie zaśmiecać naszej planety.

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 zmieniają 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, przeprowadza się je zarówno w warunkach tlenowych, jak i beztlenowych.



Oczyszczanie biologiczne przeprowadza się w specjalnych zbiornikach i komorach fermentacyjnych.

Polimery biodegradowalne

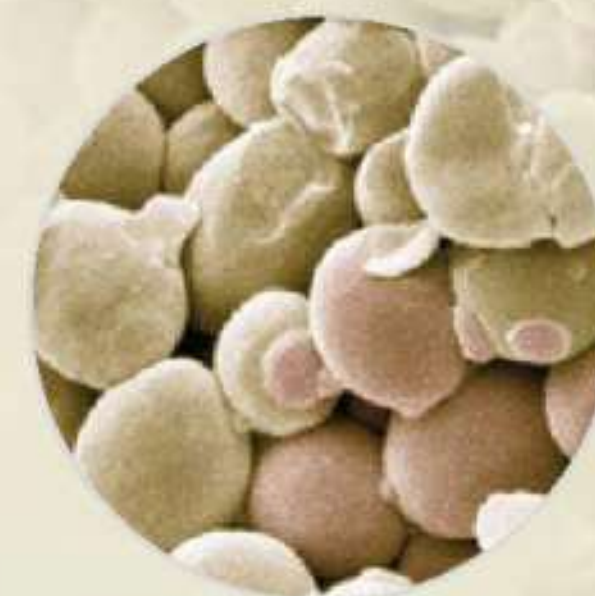
Polimery biodegradowalne to związki szybko rozkładane przez mikroorganizmy naturalnie występujące w przyrodzie.

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 produkcję takich produktów spożywczych, jak pieczywo, sery, kiszone warzywa czy alkohole. Podstawowymi procesami wykorzystywanymi w tym celu są fermentacja alkoholowa oraz fermentacja mleczanowa. Oba te procesy 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 do alkoholu etylowego i dwutlenku 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 do kwasu mlekowego. Kwas mlekowy zakwasza produkty, dzięki czemu otrzymujemy 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.



Czy gruszki mogą rosnąć na wierzbie?

Bliżej życia

Odpowiedź na to pytanie brzmi: niestety nie, choć w określonych sytuacjach na jednym drzewie można otrzymać różne owoce. Technika, która umożliwia uzyskanie takich efektów, jest szczepienie drzew. Polega ono na nacięciu pędu jednej rośliny i złączeniu go z wyciętym fragmentem pędu innej rośliny w taki sposób, aby oba fragmenty zrosły się ze sobą. Do szczepienia można wykorzystać tylko osobniki zbliżone do siebie fizjologicznie, dlatego właśnie nie otrzymamy w ten sposób gruszek na wierzbie, ale na jednym pniu śliwy możemy wyhodować kilka różnych odmian śliwek.



Przez szczepienie łączy się fragmenty dwóch różnych roślin.



Szlachetne odmiany roślin są zwykle mniej odporne na patogeny oraz niekorzystne warunki środowiska niż ich dzikie odmiany. Dlatego często gałązki odmiany szlachetnej wszczepia się w pień odmiany dzikiej.

W skrócie

- **Biotechnologia** jest dyscypliną naukową, która zajmuje się wykorzystywaniem organizmów i wirusów lub ich składników do celów praktycznych.
- Biotechnologia dzieli się na:
 - **biotechnologię tradycyjną**, w której wykorzystuje się naturalnie występujące organizmy i wirusy lub ich składniki,
 - **biotechnologię molekularną**, w której wykorzystuje się wirusy lub organizmy o materiale genetycznym zmodyfikowanym za pomocą technik inżynierii genetycznej.
- Biotechnologia tradycyjna jest wykorzystywana w różnych obszarach życia człowieka, np. w przemyśle farmaceutycznym, przemyśle spożywczym czy rolnictwie. W ochronie środowiska biotechnologia tradycyjna jest pomocna m.in. w przyjaznej dla środowiska utylizacji ścieków, odpadów organicznych i innych zanieczyszczeń.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym różni się biotechnologia tradycyjna od biotechnologii molekularnej.
2. Omów jeden przykład wykorzystywania metod biotechnologii tradycyjnej w przemyśle farmaceutycznym.
3. Wykaż, że biotechnologia tradycyjna przyczynia się do ochrony środowiska.
4. Podaj po dwa przykłady zastosowania fermentacji mleczanowej i fermentacji alkoholowej w przemyśle spożywczym.
5. Na podstawie dostępnych źródeł informacji omów rolę fermentacji w innym rodzaju przemysłu niż przemysł spożywczy.



3.2.

Podstawowe techniki inżynierii genetycznej

Zwróć uwagę na:

- definicję inżynierii genetycznej,
- techniki inżynierii genetycznej (sekwencjonowanie DNA, PCR, elektroforezę DNA),
- zastosowanie technik inżynierii genetycznej w medycynie sądowej, kryminalistyce i diagnostyce chorób.

Organizmy o wybranych cechach możemy uzyskać dzięki selekcji sztucznej. Proces ten trwa jednak bardzo długo, a powstałe w jego wyniku organizmy mogą mieć tylko te cechy, które naturalnie występują u osobników ich gatunku. Znacznie szybciej organizmy o korzystnych dla nas cechach możemy uzyskać dzięki technikom inżynierii genetycznej.

■ Czym jest inżynieria genetyczna?

Inżynieria genetyczna to dziedzina nauki zajmująca się opracowywaniem technik i metod, które umożliwiają wprowadzanie zmian w materiale genetycznym organizmów oraz wirusów. Do jej technik należą m.in.: sekwencjonowanie DNA, łańcuchowa reakcja polimerazy oraz elektroforeza.

■ Na czym polega sekwencjonowanie DNA?

Sekwencjonowanie DNA polega na ustalaniu kolejności poszczególnych rodzajów nukleotydów w wybranym odcinku tego kwasu nukleinowego. Dzięki tej technice można określić m.in., jakie funkcje pełni badany odcinek DNA oraz czy występują w nim mutacje genetyczne.

Sekwencjonowaniu poddaje się nie tylko pojedyncze fragmenty DNA, lecz także całe genomy. Dzięki temu można np. określić pokrewieństwo między różnymi gatunkami czy położenie konkretnych genów w genomach. Wiedza ta pozwala też w zaplanowany sposób dokonywać zmian w materiale genetycznym organizmów i wirusów.

Jak się przeprowadza sekwencjonowanie DNA?

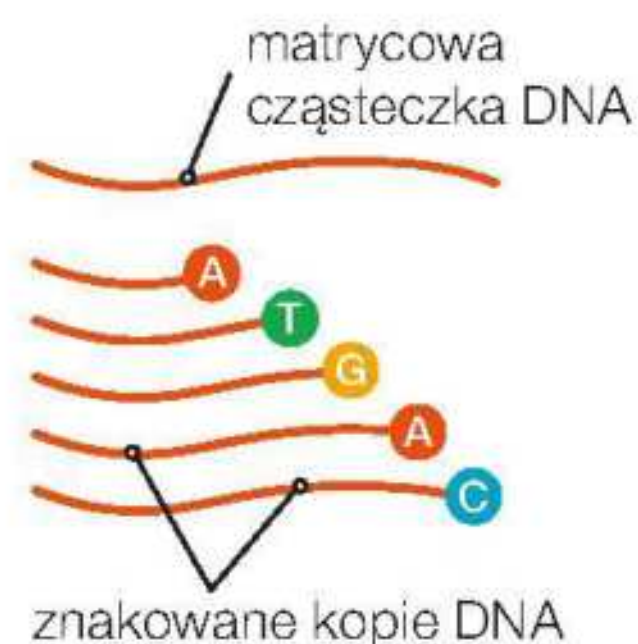
Sekwencjonowanie DNA przeprowadza się w urządzeniu nazywanym sekwenatorem.

1 Powielanie badanego odcinka DNA

Etap ten polega na wielokrotnej replikacji badanego odcinka DNA z użyciem zwykłych nukleotydów, które umożliwiają syntezę DNA, oraz znakowanych fluorescencyjnie nukleotydów, które po dołączeniu do nici natychmiast kończą syntezę DNA. W efekcie powstaje ogromna liczba kopii badanego odcinka DNA o różnej długości, zakończonych znakowanymi nukleotydami.

2 Ustalenie sekwencji DNA badanego odcinka

W tym etapie kopie DNA są ustawiane w kolejności od najkrótszej do najdłuższej. Sekwenator rejestruje rodzaj emitowanego przez nie światła i na tej podstawie ustala sekwencję DNA. Ostatecznie otrzymujemy wydruk z ciągiem liter A, T, C i G, które oznaczają kolejne nukleotydy w DNA.



Sekwenator DNA.



■ Łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR)

Łańcuchowa reakcja polimerazy – PCR (ang. *polymerase chain reaction*) pozwala na uzyskanie w krótkim czasie dużej ilości kopii dowolnego fragmentu DNA. Technika ta jest powszechnie stosowana w biotechnologii molekularnej. Jest ona przydatna zwłaszcza

wtedy, gdy jest za mało materiału do przeprowadzenia badań. PCR znajduje zastosowanie m.in. w sekwencjonowaniu DNA, diagnostyce chorób – do zwielokrotnienia materiału genetycznego pobranego od pacjenta – oraz w kryminalistyce – do powielania śladów genetycznych pozostawionych na miejscu przestępstwa.

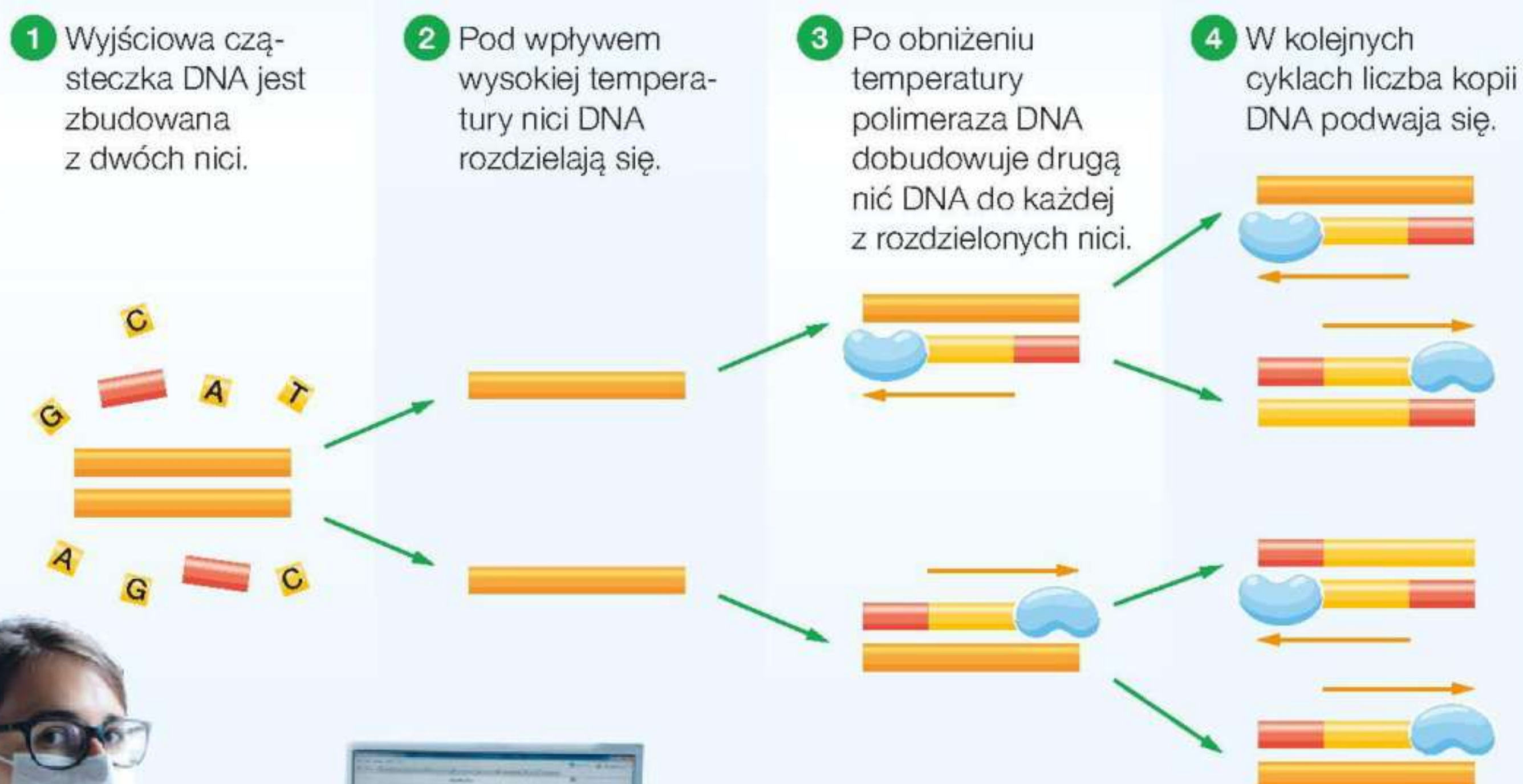
Mechanizm PCR

Podczas PCR replikacja DNA zachodzi w cyklach. W każdym cyklu liczba kopii cząsteczek DNA podwaja się, stąd po dwudziestu cyklach PCR z jednej cząsteczki DNA uzyskuje się ponad milion kopii.

Do PCR są potrzebne:

-  fragment DNA, który chcemy powielić,
-  startery – krótkie fragmenty DNA niezbędne do tego, aby polimeraza DNA mogła dobudowywać nowe nici DNA,

-  nukleotydy – elementy budulcowe DNA,
-  polimeraza DNA – enzym, który tworzy kopie DNA.



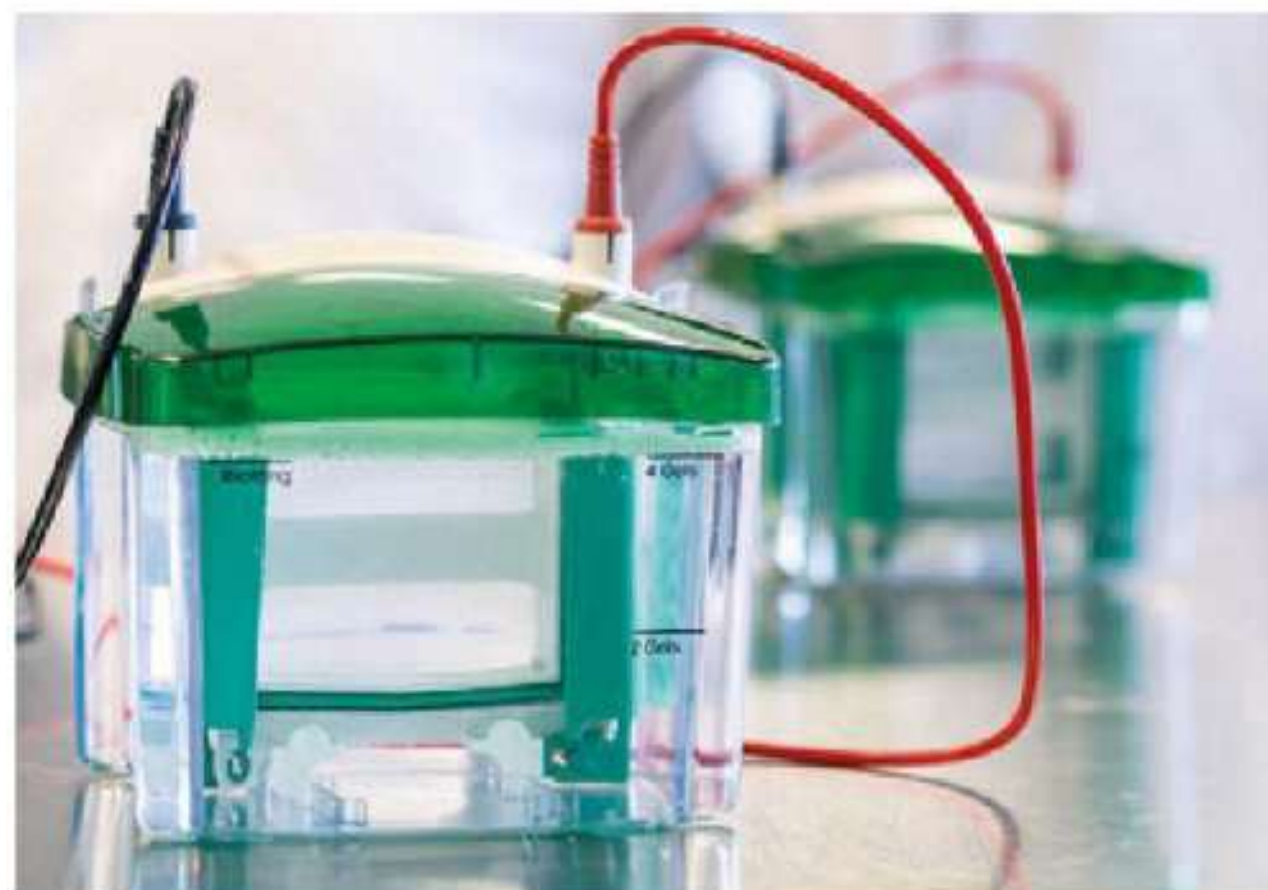
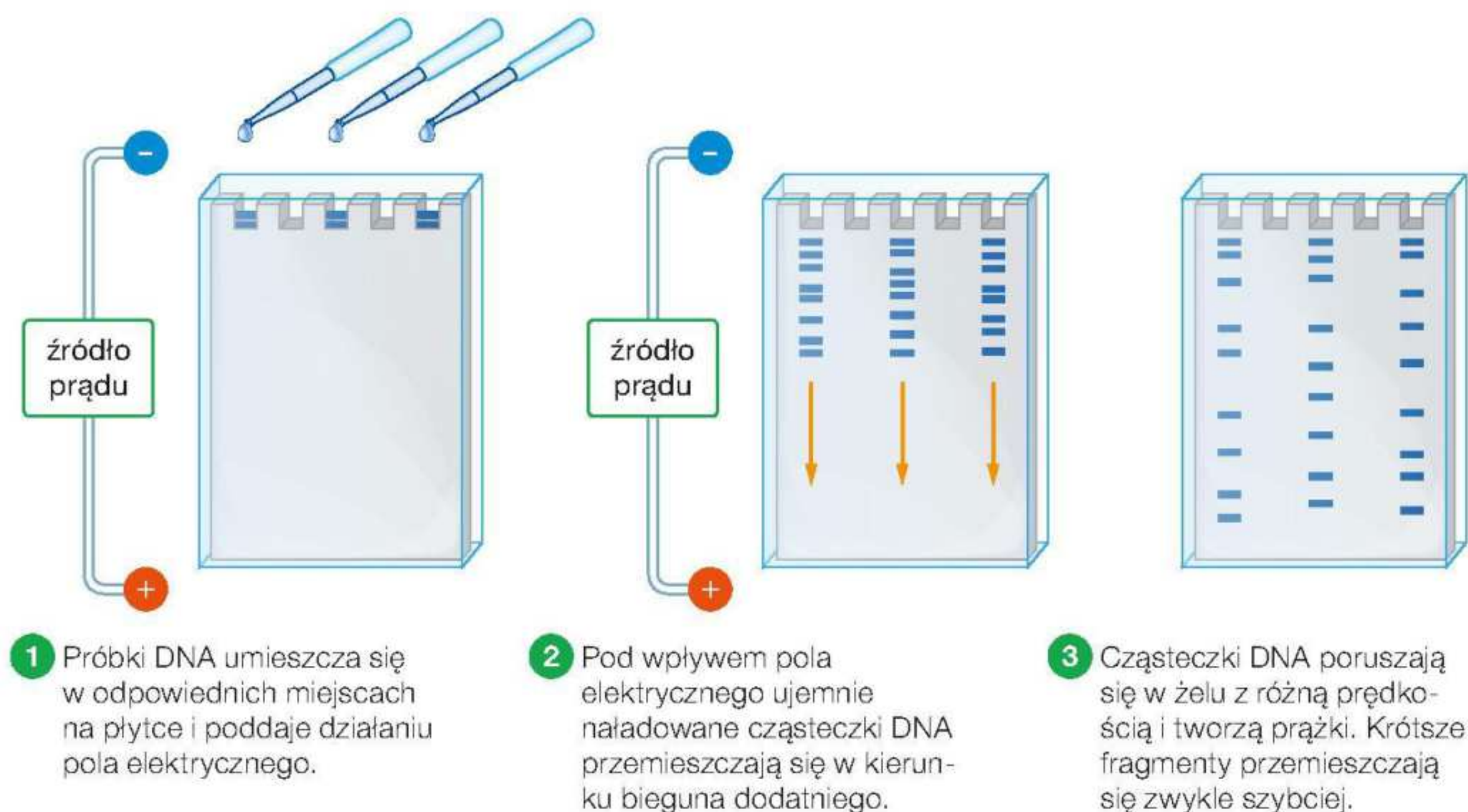
PCR przeprowadza się w urządzeniach nazywanych termocyklerami, które umożliwiają szybkie zmiany temperatury. Technika ta jest wykorzystywana w diagnostyce wielu chorób.

■ Elektroforeza DNA

Elektroforeza DNA to metoda, która umożliwia rozdzielenie fragmentów DNA w polu elektrycznym. W tym celu mieszaninę fragmentów DNA umieszcza się na płytce ze specjalnego żelu, który następnie poddaje się działaniu pola elektrycznego. DNA ma ładunek ujemny, więc jego cząsteczki w polu elektrycznym przemieszczają się w kierunku bieguna dodatniego. Szybkość przemieszczania się cząsteczek DNA w żelu zależy od ich długości oraz budowy. Dlatego poszczególne fragmenty DNA przemieszczają się z różną szybkością, przez co na płytce tworzą się charakterystyczne prążki. Są one widoczne np. po wybarwieniu DNA specjalnym barwnikiem.

Elektroforezę DNA wykorzystuje się m.in. do tworzenia **profilu genetycznych**, czyli do ustalania długości określonych fragmentów DNA danej osoby. Zwykle do tworzenia profilu genetycznych wybierane są odcinki pozagenowe, które u różnych osób mają odmienną długość. Profil genetyczny uzyskany na podstawie analizy wielu takich odcinków DNA jest jak odcisk palca – niepowtarzalny dla nikogo innego.

Przebieg elektroforezy DNA



Aparat do elektroforezy żelowej zawiera elektrody, dzięki którym – po podłączeniu aparatu do źródła prądu – wytwarza się pole elektryczne.



Profil genetyczny wykonuje się np. w celu ustalenia ojcostwa, identyfikacji ofiar wypadków lub przestępców.



Zastosowanie technik inżynierii genetycznej

Techniki inżynierii genetycznej znajdują zastosowanie m.in. w medycynie sądowej, kryminalistyce i diagnostyce wielu chorób.

■ Medycyna sądowa

Techniki inżynierii genetycznej wykorzystuje się m.in. do ustalania ojcostwa lub pokrewieństwa, np. w przypadku niektórych spraw spadkowych. Pozwalają one także na identyfikację zmarłych nawet po wielu latach od ich śmierci.



■ Kryminalistyka

Na podstawie DNA pobranego z miejsca przestępstwa tworzy się profile genetyczne, dzięki którym można ustalić tożsamość ofiar i sprawców przestępstw. Wystarczą do tego nawet śladowe ilości materiału genetycznego, np. pozostawionego w odciskach palców.



■ Diagnostyka chorób

Techniki inżynierii genetycznej stosuje się m.in. w diagnostyce chorób. Dzięki nim można ustalić sekwencję DNA pacjenta i określić, czy jest on nosicielem mutacji odpowiedzialnej za rozwój określonej choroby, lub wykryć materiał genetyczny patogenu powodującego chorobę.



W skrócie

- **Inżynieria genetyczna** to dziedzina nauki, która zajmuje się opracowywaniem technik i metod umożliwiających wprowadzanie zmian w materiale genetycznym organizmów oraz wirusów.
- ✂ • Do podstawowych technik inżynierii genetycznej należą: **sekwencjonowanie DNA** – określanie kolejności nukleotydów w DNA, **PCR** – powielanie materiału genetycznego, **elektroforeza DNA** – rozdzielanie fragmentów DNA w polu elektrycznym.
- Techniki inżynierii genetycznej wykorzystuje się m.in. w medycynie sądowej, kryminalistyce i diagnostyce chorób.

Polecenia kontrolne

- ✂ 1. Na podstawie dostępnych źródeł wiedzy podaj przykład znaczenia znajomości sekwencji kwasów nukleinowych patogenów w diagnostyce chorób zakaźnych.
2. Opisz możliwe zastosowania PCR w kryminalistyce.
3. Podaj trzy sytuacje, w których można wykorzystać profile genetyczne.

3.3.

Organizmy zmodyfikowane genetycznie

Zwróć uwagę na:

- definicje GMO i organizmów transgenicznych,
- przykłady produktów otrzymywanych z wykorzystaniem GMO,
- sposoby otrzymywania organizmów transgenicznych,
- korzyści i zagrożenia wynikające z zastosowania GMO.

W sklepie spożywczym czy w drogerii na niektórych artykułach możesz znaleźć oznaczenia „bez GMO” lub „wyprodukowane bez stosowania GMO”. Dzięki nim wiemy, które produkty powstały bez wykorzystania organizmów zmodyfikowanych genetycznie. Czy wiesz, czym są takie organizmy?

■ Czym jest GMO?

GMO (ang. *genetically modified organism*) to organizm zmodyfikowany genetycznie, czyli taki, którego materiał genetyczny został zmieniony za pomocą technik inżynierii genetycznej.

Organizmy zmodyfikowane genetycznie otrzymuje się przez:

- ▶ zmianę aktywności genu naturalnie występującego w genomie. Oznacza to, że

aktywuje się lub wycisza jeden z genów organizmu, co skutkuje obecnością lub brakiem wybranej cechy;

- ▶ zwielokrotnienie genu naturalnie występującego w genomie. W efekcie w materiale genetycznym organizmu występują dodatkowe kopie jednego z jego genów. Powstaje wtedy większa ilość kodowanego przez ten gen białka, co nasila wybraną cechę;
- ▶ wprowadzenie do genomu organizmu genu pochodzącego od osobnika innego gatunku. W konsekwencji organizm zaczyna produkować zupełnie nowe białko, dzięki czemu nabywa nową cechę. Organizm, który zawiera w swoim genomie obcy materiał genetyczny, nazywamy **organizmem transgenicznym**.

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 bakterii *E. coli*.



Soja zmodyfikowana genetycznie zawiera w swoim DNA gen bakterii, który powoduje odporność na środki chwastobójcze.



Fioletowe goździki zawierają w swoim DNA gen niebieskiego barwnika, pochodzący od petunii i wyżłinu.

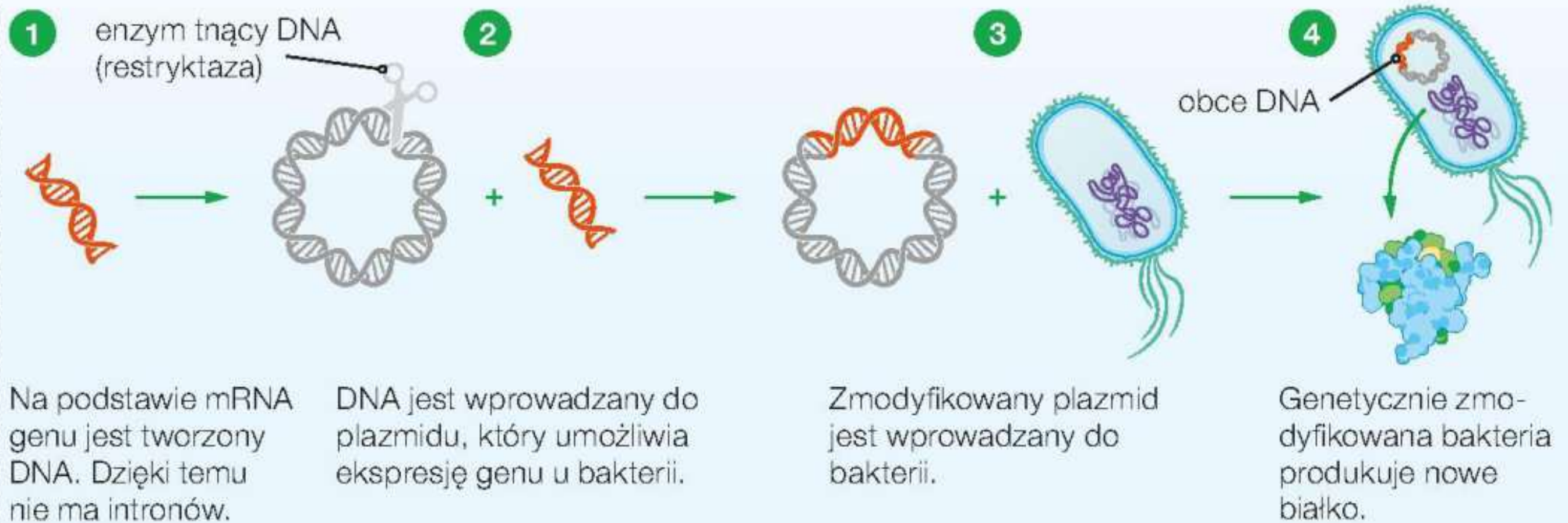


Jak powstają organizmy transgeniczne?

Sposób uzyskiwania organizmów transgenicznych zależy od tego, jaki organizm jest modyfikowany – mikroorganizm, roślina czy zwierzę.

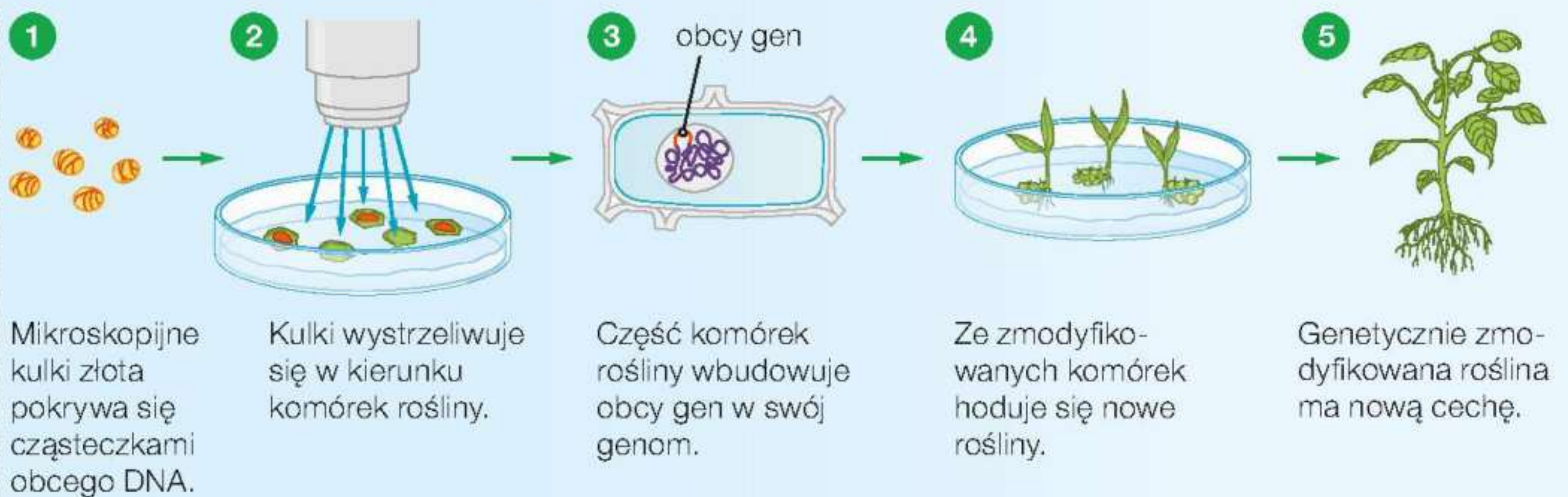
Transgeniczne bakterie

Transgeniczne bakterie tworzy się najczęściej z wykorzystaniem wektorów, np. plazmidów – małych, kolistych cząsteczek DNA, zdolnych do powielania się.



Transgeniczne rośliny

Rośliny transgeniczne uzyskuje się m.in. metodą mikrowstrzeliwania. Polega ona na bombardowaniu tkanek rośliny kulkami złota pokrytymi obcym DNA.



Transgeniczne zwierzęta

Do wytworzenia transgenicznych zwierząt, np. myszy, wykorzystuje się komórki zarodkowe.



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 zagrożenia.

■ GMO – korzyści

Walka z niedożywieniem na świecie

Dzięki modyfikacji DNA roślin uprawnych mogą powstawać 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 kukurydzy i bakterii, dzięki którym jego nasiona są bogate w prowitaminę A. Spożywanie tego ryżu może przeciwdziałać m.in. ślepecie.

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 uzyskujemy 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 wykorzystuje się głównie genetycznie zmodyfikowane mikroorganizmy, które produkują m.in. enzymy, witaminy czy aromaty. Przykładowo do produkcji serów wykorzystuje się podpuszczkę – enzym trawienny wytwarzany przez zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy.

Podpuszczka pierwotnie była pozyskiwana z cielęcych żołądków. Obecnie jest produkowana przez 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.

Niektóre tworzywa biodegradowalne są produkowane m.in. przez zmodyfikowane genetycznie bakterie i rośliny.



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 pracują także nad tworzeniem zmodyfikowanych świń, od których można będzie uzyskiwać narządy do przeszczepów dla 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, być przyczyną chorób jelit i nowotworów. Dotychczas nie zostało to jednak udowodnione naukowo. Innym możliwym zagrożeniem jest zanieczyszczenie żywności zawierającej GMO chemicznymi środkami chwastobójczymi. Środki te mogą być przez rolników stosowane w nadmiarze przy uprawie odpornych na nie roślin.

Osoby protestujące przeciwko GMO wyrażają swój sprzeciw w różny sposób, np. na muralach. Zdjęcie przedstawia mural z Bytomia.

Wpływ

na bioróżnorodność

Całkowita kontrola nad uprawami roślin GMO może być niemożliwa, a zmodyfikowane rośliny mogą rozsiać się w środowisku naturalnym i wyprzeć rodzime gatunki. Ponadto w efekcie krzyżowania się zmodyfikowanych genetycznie roślin ze spokrewnionymi roślinami może dojść do powstawania chwastów o zwiększonej odporności.

Wpływ na rolnictwo

Po uprawianiu GMO w glebie mogą znajdować się m.in. nasiona zmodyfikowanych roślin, dlatego rolnicy nie mogą od razu wrócić do uprawiania niezmodyfikowanych odmian. Może to prowadzić do uzależnienia gospodarstw rolnych od koncernów biotechnologicznych. Dodatkowo pobliskie uprawy ekologiczne mogą zostać zanieczyszczone roślinami GMO, co może wiązać się z bankructwem gospodarstw ekologicznych i wyparciem rodzimych odmian roślin.



O tym się mówi!

Czy żywność zawierająca GMO jest bezpieczna?

Zdania dotyczące bezpieczeństwa spożywania produktów wytworzonych z GMO są podzielone.

1

„Opinia WHO dotycząca ryzyka zdrowotnego żywności genetycznie modyfikowanej stwierdza, że żywność ta nie jest bardziej niebezpieczna dla zdrowia ludzkiego niż żywność konwencjonalna. Badania przeprowadzone w Polsce pod kątem bezpieczeństwa stosowania roślin genetycznie modyfikowanych w żywieniu zwierząt nie wykazały negatywnego wpływu tych roślin na ich funkcjonowanie i rozwój. Metaanaliza z 2018 roku, w której wykorzystano wyniki ponad 6 tysięcy badań nad GMO (badania dotyczyły jedynie kukurydzy), prowadzonych przez ostatnie 20 lat, wskazuje, że żywność modyfikowana genetycznie nie stanowi zagrożenia dla ludzi. Występują nieliczne badania, wykazujące działania niepożądane i szkodliwość GMO”.

E. Pietraś, E. Matczuk; *GMO – z czym to się je?*, ABC Żywienia. Fakty i mity, <https://ncez.pzh.gov.pl/abc-zywienia/gmo-z-czym-to-sie-je/>

2

„Do tej pory nie udało się w badaniach naukowych stwierdzić negatywnego wpływu genetycznie zmodyfikowanej żywności na organizm ludzki, ale również nie udało się udowodnić, że jest ona nieszkodliwa. Nadal nieznane są skutki, jakie może wywołać długotrwałe spożywanie produktów GM [zmodyfikowanych genetycznie – red.]. Istotne w tym przypadku są względy rynkowe i ekonomiczne. Rośliny GMO odznaczają się bowiem często lepszym smakiem i są bardziej dorodne, co może skłaniać konsumenta do ich zakupu. Z tego powodu producenci, upowszechniając stosowanie GMO w żywności, korzystają z wolności gospodarczej zagwarantowanej w regulacjach prawa międzynarodowego”.

I. Wrześniewska-Wal, *Bezpieczeństwo upraw GMO i żywności GM na podstawie nowych regulacji prawnych na poziomie międzynarodowym i krajowym*, „Żywność. Nauka. Technologia. Jakość” 2018, 25, 4(117), s. 14, <http://yadda.icm.edu.pl/yadda/element/bwmeta1.element.ekon-element-000171546719>

3

„Genetycznie modyfikowana [...] żywność stanowi ewidentne zagrożenie dla zdrowia konsumentów. Wbrew zapewnieniom biotechnologów DNA transgenicznych roślin nie jest stabilny, tym samym możliwa jest synteza obcych, alergennych białek. Z powodu wysokiej zawartości inhibitora trypsyny GMO żywność jest znacznie wolniej trawiona, co podobnie jak obecność toksyny Bt zwiększa prawdopodobieństwo chorób układu pokarmowego. Kolejne zagrożenia stanowią fitoestrogeny oraz pozostałości Roundupu [środek chwastobójczy – przyp. red.], które poprzez zaburzenia gospodarki hormonalnej mogą ograniczać rozrodczość, a nawet prowadzić do transformacji nowotworowej”.

G. Cichosz, S.K. Wiąckowski, *Żywność genetycznie modyfikowana – wielka niewiadoma*, „Polski Merkuriusz Lekarski” 2012, XXXIII, 194, s. 59, <http://www.uwm.edu.pl/kmizj/wp-content/uploads/2012/04/012.pdf>

1 Jakie jest Twoje stanowisko wobec spożywania żywności zawierającej GMO? Uzasadnij swoją odpowiedź.

2 Który argument „za” stosowaniem lub „przeciw” stosowaniu produktów spożywczych zawierających GMO uważasz za najważniejszy i dlaczego?



Czy wiesz, co jesz?

Bliżej życia

W sklepach spożywczych możemy znaleźć produkty bez GMO, zawierające śladowe ilości GMO lub takie, które w swoim składzie zawierają powyżej 0,9% GMO. Jak możemy je odróżnić?

Produkty wolne od GMO

Produkty wyprodukowane bez użycia organizmów zmodyfikowanych genetycznie są oznaczone jako „bez GMO” lub „wyprodukowano bez stosowania GMO”.

Produkty zawierające śladowe ilości GMO

Produkty zawierające śladowe ilości GMO (do 0,9% ich składu) zgodnie z prawem nie muszą być oznaczone.

Produkty zawierające GMO

Żywność zawierająca w swoim składzie powyżej 0,9% składników GMO musi być oznakowana jako wyprodukowana z wykorzystaniem GMO.



? Pomyśl

Wyszukaj w dostępnych źródłach, do jakich typów produktów stosuje się oznaczenia przedstawione na ilustracjach.

W skrócie

- **Organizm zmodyfikowany genetycznie (GMO)** to organizm, którego materiał genetyczny został zmieniony przez człowieka za pomocą technik inżynierii genetycznej.
- **Organizm transgeniczny** to organizm, do którego genomu za pomocą technik inżynierii genetycznej został wprowadzony obcy materiał genetyczny.
- Do korzyści związanych ze stosowaniem GMO należą: tworzenie nowych odmian roślin i ras zwierząt o korzystnych dla człowieka cechach, wykorzystywanie GMO do produkcji białek człowieka i szczepionek, produkcja żywności – w tym serów, pieczywa i piw, możliwość prowadzenia na zwierzętach badań nad chorobami człowieka, produkcja biodegradowalnych polimerów oraz wykorzystanie zmodyfikowanych genetycznie mikroorganizmów do oczyszczania środowiska.
- Do ewentualnych zagrożeń związanych ze stosowaniem GMO należą: możliwy negatywny wpływ na zdrowie człowieka, zmniejszenie bioróżnorodności, uzależnienie rolników od koncernów biotechnologicznych, bankructwo gospodarstw ekologicznych.

Polecenia kontrolne

1. Określ, czy wyrazy: „GMO” i „organizm transgeniczny” to synonimy. Odpowiedź uzasadnij.
2. Wyjaśnij, czym są i jaką funkcję pełnią wektory wykorzystywane w tworzeniu organizmów transgenicznych.
3. Na podstawie dostępnych źródeł informacji podaj trzy przykłady organizmów zmodyfikowanych genetycznie, które wykorzystuje się w medycynie.



3.4.

Biotechnologia molekularna – szanse i zagrożenia

Zwróć uwagę na:

- sposoby klonowania organizmów oraz znaczenie klonowania,
- sposoby otrzymywania i pozyskiwania komórek macierzystych oraz zastosowanie tych komórek w medycynie,
- istotę terapii genowej,
- znaczenie poradnictwa genetycznego,
- szanse i zagrożenia związane z zastosowaniem biotechnologii molekularnej,
- problemy społeczne i etyczne związane z rozwojem inżynierii genetycznej.

Biotechnologia molekularna umożliwia rozwój np. medycyny, przemysłu czy kryminalistyki. Jednak wykorzystanie osiągnięć tej nauki budzi wiele obaw. W tej lekcji poznasz istotę najważniejszych osiągnięć biotechnologii molekularnej, którymi są: klonowanie, wykorzystywanie komórek macierzystych i terapia genowa, oraz korzyści i zagrożenia wynikające z ich stosowania.

■ Klonowanie

Klonowanie to uzyskiwanie genetycznych kopii organizmów, pojedynczych komórek lub cząsteczek DNA. Genetyczne kopie organizmów nazywamy **klonami**.

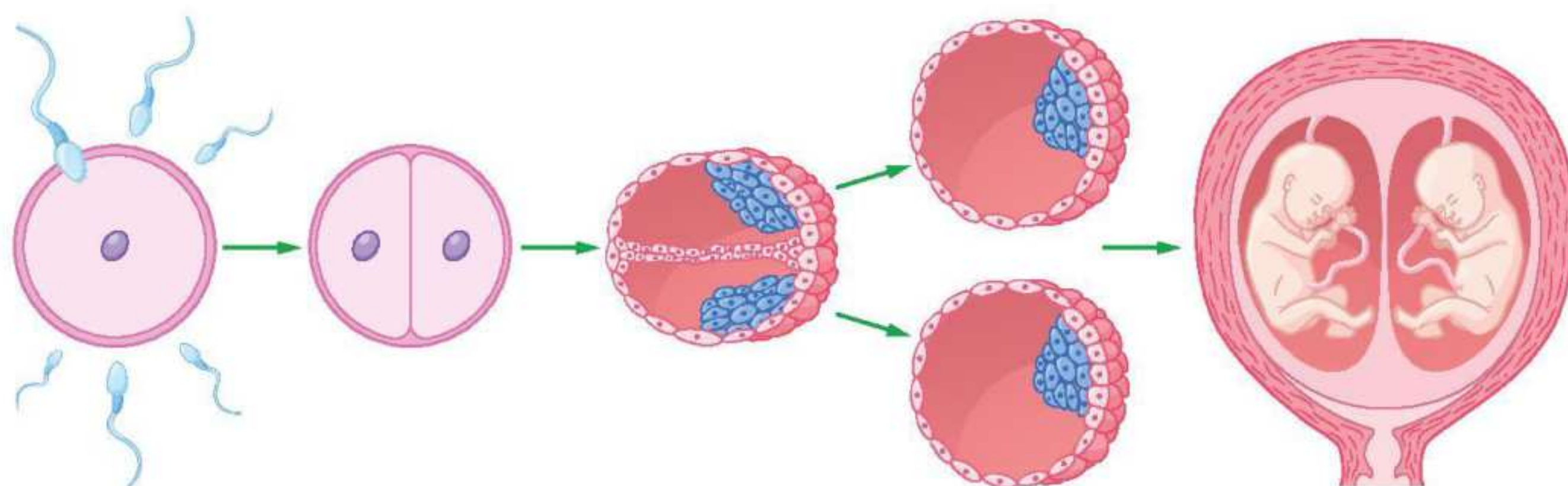
Klonowanie może zachodzić w przyrodzie naturalnie lub może być procesem sztucznym, przeprowadzanym przez człowieka.

✂ Naturalne sposoby klonowania organizmów

U organizmów jednokomórkowych klonowanie ma miejsce za każdym razem, gdy podczas podziału komórki dochodzi do dokładnego skopiowania jej materiału genetycznego. Z kolei u roślin proces ten zachodzi podczas rozmnażania bezpłciowego, np. przez rozłogi czy kłącza.

U zwierząt bezkręgowych, takich jak dżdżownica czy rozgwiazda, klonowanie może odbywać się przez fragmentację ciała, gdy z oderwanego fragmentu odtwarza się cały organizm. U ssaków do naturalnego klonowania może dojść na wczesnym etapie rozwoju zarodkowego, jeśli zarodek podzieli się na dwie odrębne części. W taki sposób powstają bliźnięta jednojajowe.

✂ 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.

Bliźnięta jednojajowe z genetycznego punktu widzenia są swoimi klonami.



Jednobarwne tulipany zwykle uzyskuje się dzięki rozmnażaniu bezpłciowemu. Każdy osobnik jest klonem rośliny macierzystej.

Sztuczne sposoby klonowania organizmów

Sztuczne klonowanie przeprowadza się w celu uzyskania wielu osobników o takiej samej informacji genetycznej. Sposoby otrzymywania klonów zależą od tego, jaki organizm jest poddawany klonowaniu.

Klonowanie roślin jest stosunkowo proste dzięki zdolności tych organizmów do rozmnażania wegetatywnego. Aby sklonować roślinę, należy np. pobrać fragmenty jej tkanek i umieścić je na płytce ze specjalnym podłożem. Zawiera ono hormony roślinne, które pobudzają komórki rośliny do wykształcenia tkanki twórczej, zdolnej do przekształcania się w różne typy tkanek. Z tkanki tej można odtworzyć cały organizm,



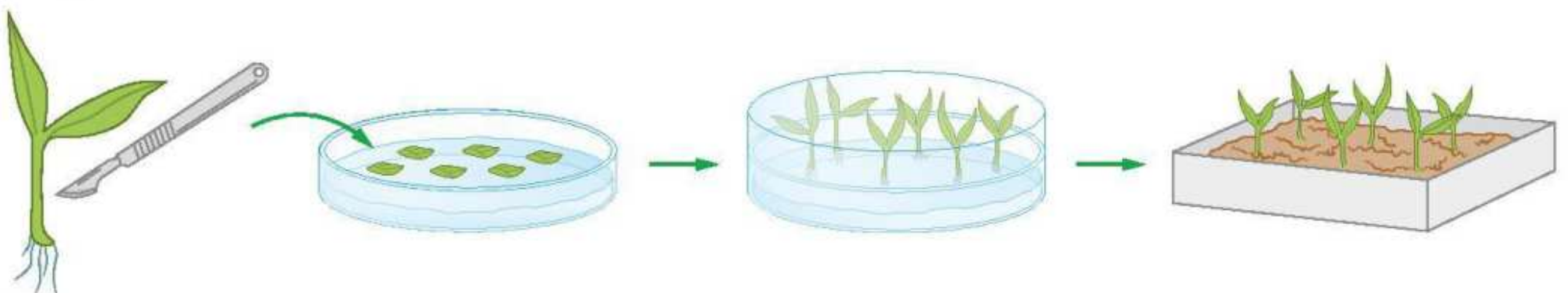
Owca Dolly była pierwszym klonem dorosłego ssaka. Więcej na jej temat dowiesz się na następnych stronach.

a jego materiał genetyczny będzie identyczny z materiałem genetycznym rośliny macierzystej.

Klonowanie roślin wykorzystuje się głównie w rolnictwie i ogrodnictwie, a także w badaniach naukowych.

Klonowanie zwierząt, zwłaszcza kręgowców, jest znacznie trudniejsze niż klonowanie mikroorganizmów i roślin. Zróżnicowane komórki zwierzęce często nie mają bowiem zdolności do podziałów, a nawet jeśli ją zachowują, to nie tworzą w hodowli tkanek nowego organizmu. Opracowane przez biotechnologów metody klonowania zwierząt dają nadzieję m.in. na zachowanie przy życiu gatunków zwierząt zagrożonych wyginięciem.

Etapy klonowania roślin



1 Z rośliny macierzystej pobiera się fragmenty tkanek.

2 Fragmenty tkanek umieszcza się na pożywce stymulującej rozwój tkanki twórczej.

3 Z tkanki twórczej wyrastają małe sadzonki.

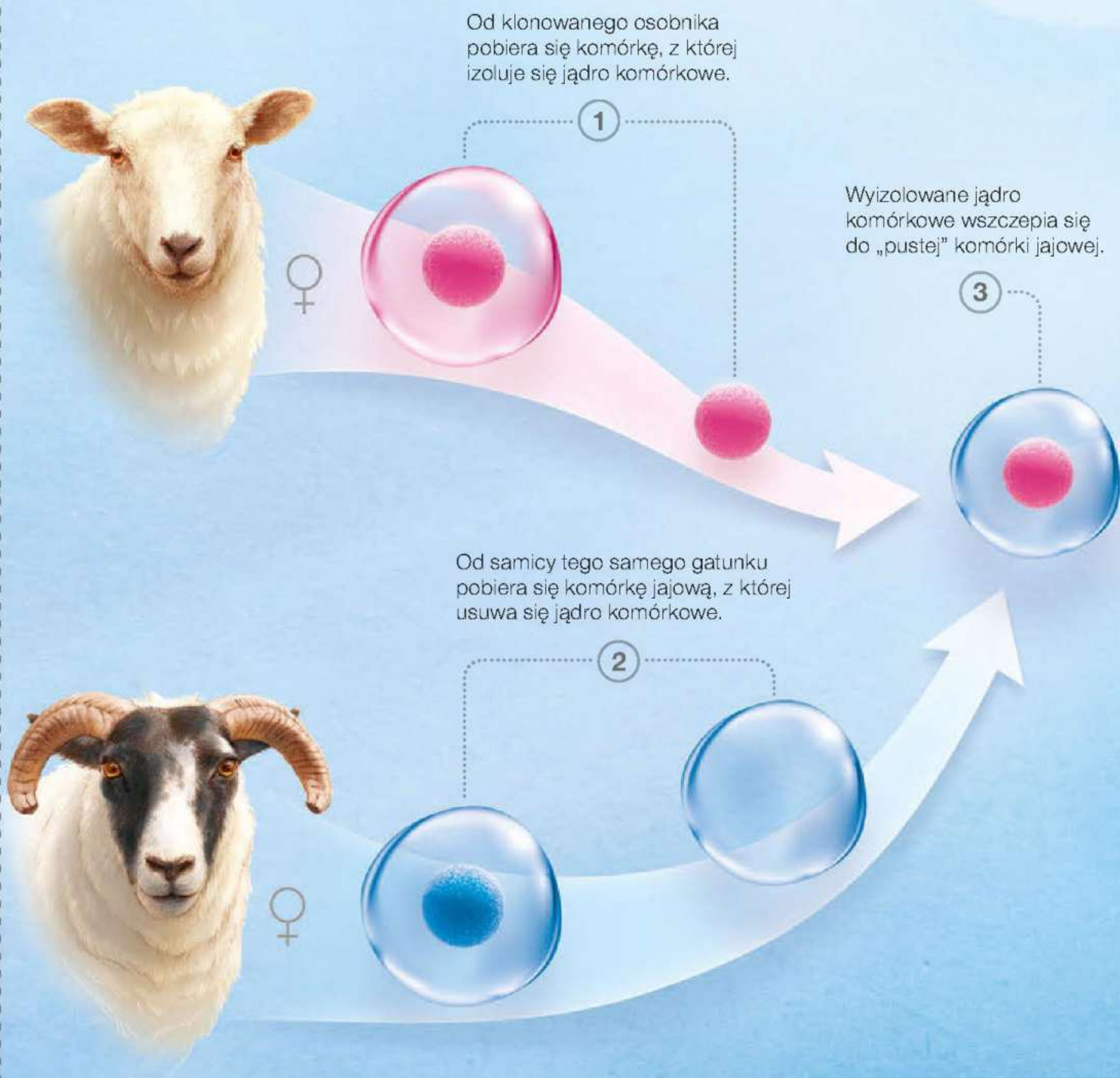
4 Sadzonki umieszcza się w glebie, gdzie wyrastają z nich młode rośliny – klony rośliny macierzystej.



Klonowanie zwierząt

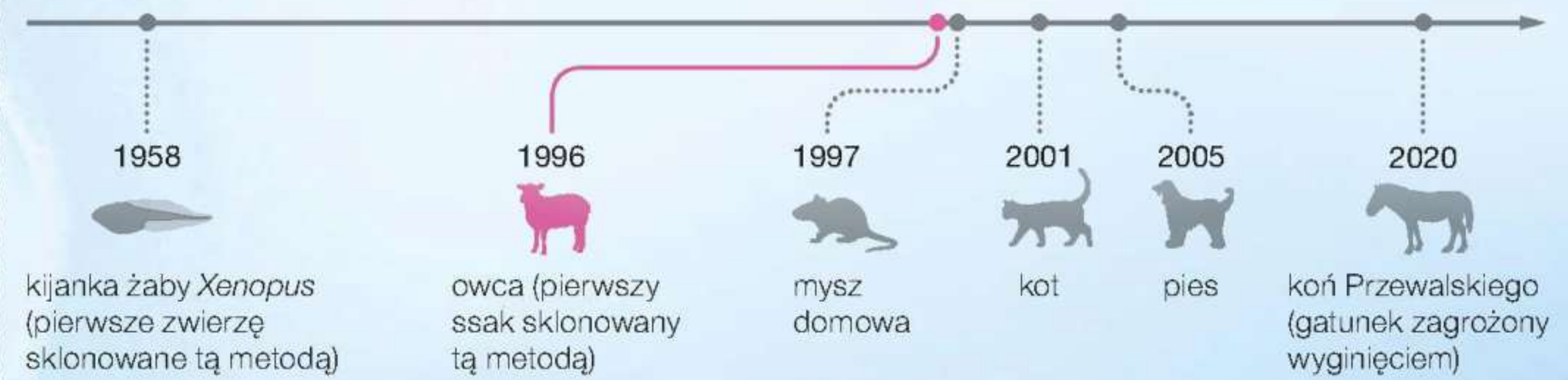
Pierwsze klony zwierząt uzyskiwano przez rozdzielanie komórek zarodka. W taki sposób z jednego zarodka można było uzyskać wiele osobników identycznych pod względem genetycznym, ale nie można było klonować dorosłych zwierząt. Dopiero w drugiej połowie XX w. opracowano metodę transplantacji jąder komórkowych, 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

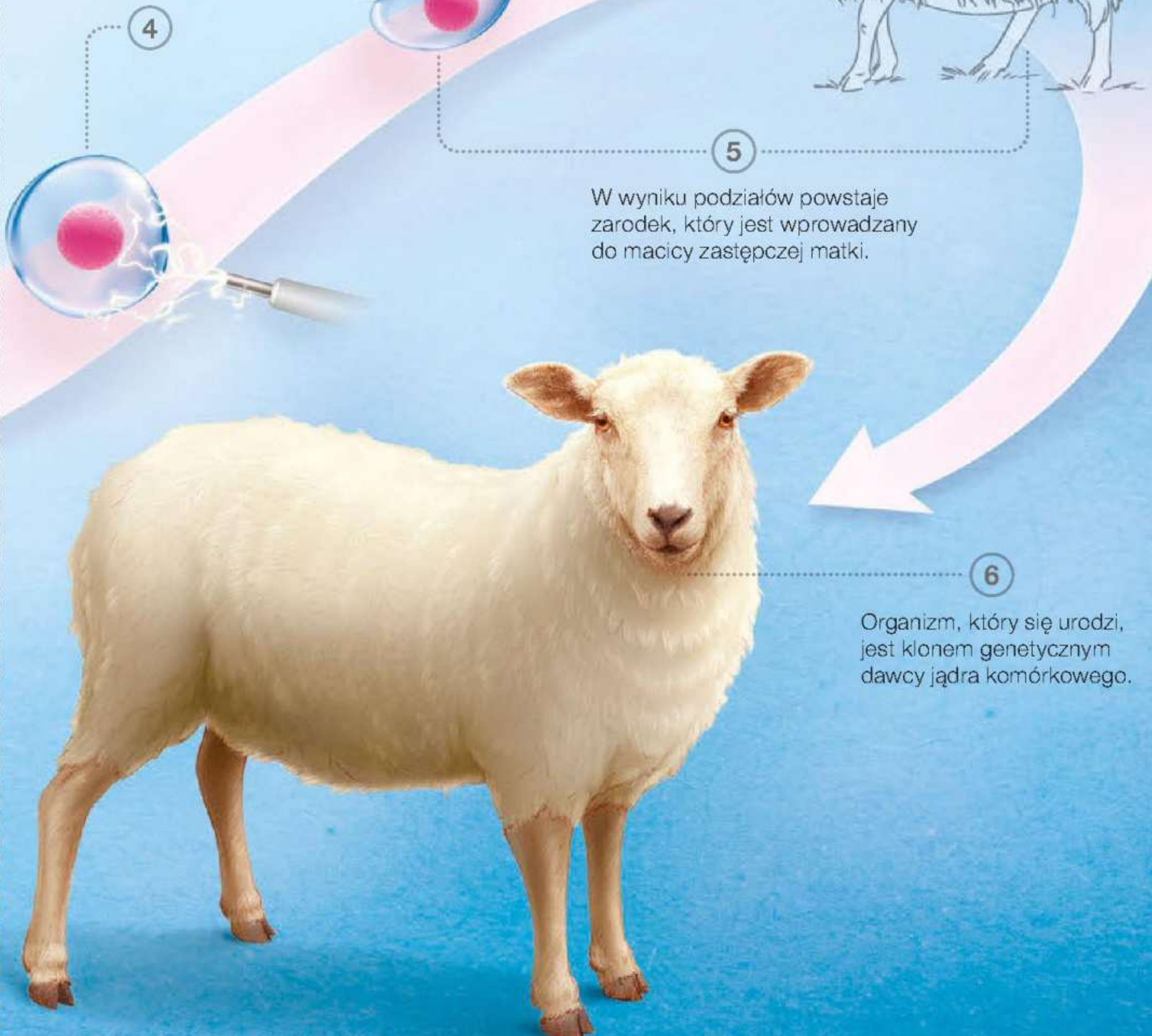




Przykłady zwierząt sklonowanych metodą transplantacji jąder komórkowych



Komórkę jajową pobudza się do podziałów za pomocą impulsu elektrycznego.





■ Czym są komórki macierzyste?

Komórki macierzyste to komórki, które mogą się dzielić i różnicować w inne typy komórek. Ze względu na pochodzenie wyróżniamy zarodkowe komórki macierzyste i komórki macierzyste pochodzące od osób dorosłych.

Zarodkowe komórki macierzyste mogą się różnicować we wszystkie typy komórek. Jednak wykorzystywanie komórek zarodkowych człowieka jest zabronione, ponieważ wiąże się m.in. z uszkodzeniem zarodka. Dlatego w praktyce wykorzystuje się komórki macierzyste pobrane od osób dorosłych, np. ze szpiku kostnego czy skóry. Możliwości ich specjalizacji są ograniczone do kilku typów lub jednego typu komórek.

Komórki macierzyste wykorzystuje się m.in. do przeszczepów skóry (komórki macierzyste skóry) czy leczenia chorób, np. białaczek (komórki macierzyste szpiku kostnego).

■ Terapia genowa

Terapia genowa to metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych (głównie DNA) do komórek ciała pacjenta w celu uzyskania określonego efektu terapeutycznego.



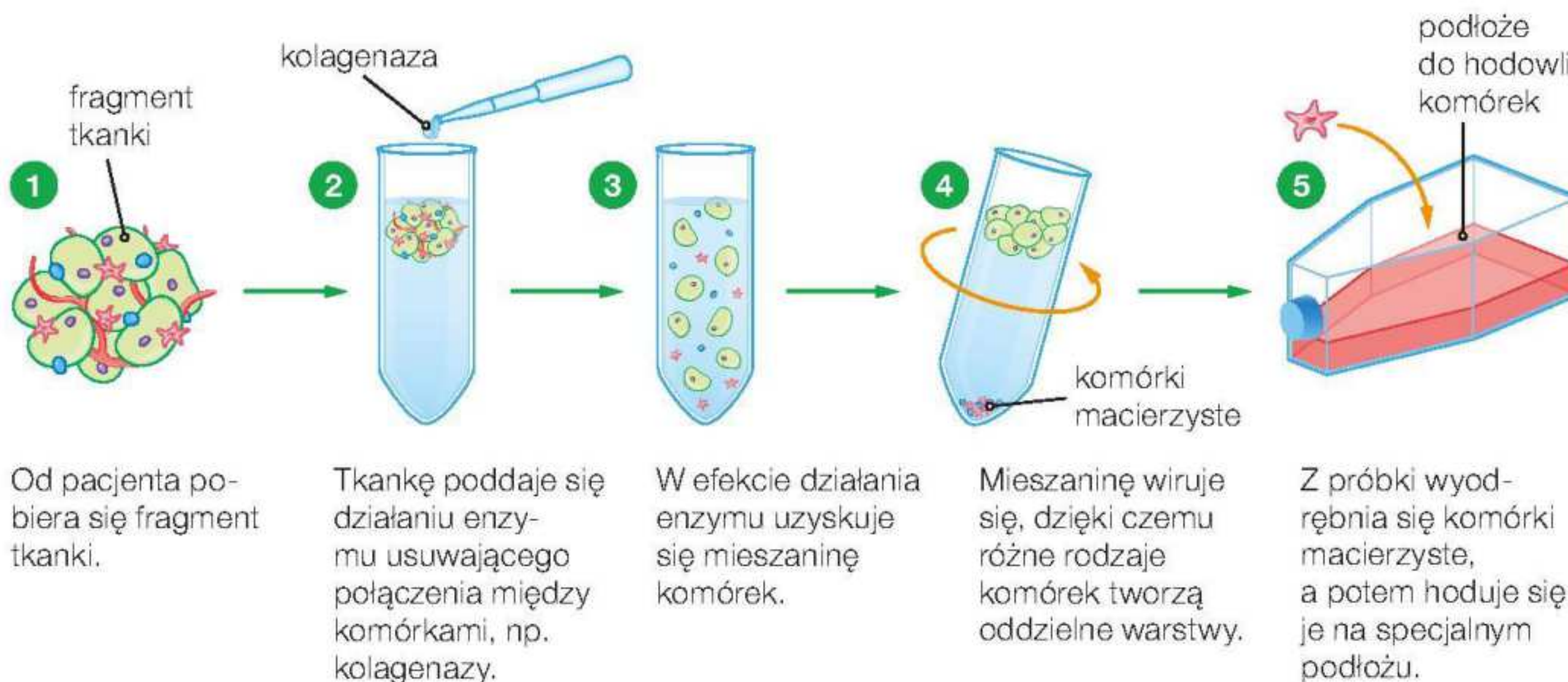
Komórki macierzyste można hodować w specjalnych pojemnikach przypominających butelkę, w których znajduje się pożywka zawierająca m.in. substancje odżywcze.

Celem terapii genowej może być m.in.:

- ▶ dostarczenie komórkom poprawnej wersji genu,
- ▶ wyciszenie aktywności wadliwej wersji genu,
- ▶ skierowanie komórek na drogę apoptozy (śmierci).

Terapia genowa jest stosunkowo nową metodą leczenia, dlatego pełne możliwości jej wykorzystania są jeszcze badane. Obecnie metodę tę stosuje się m.in. w przypadku chorób genetycznych jednogenowych, takich jak rzadka wrodzona ślepota czy beta-talosemia (choroba polegająca na zaburzeniu syntezy jednego z białkowych łańcuchów hemoglobiny).

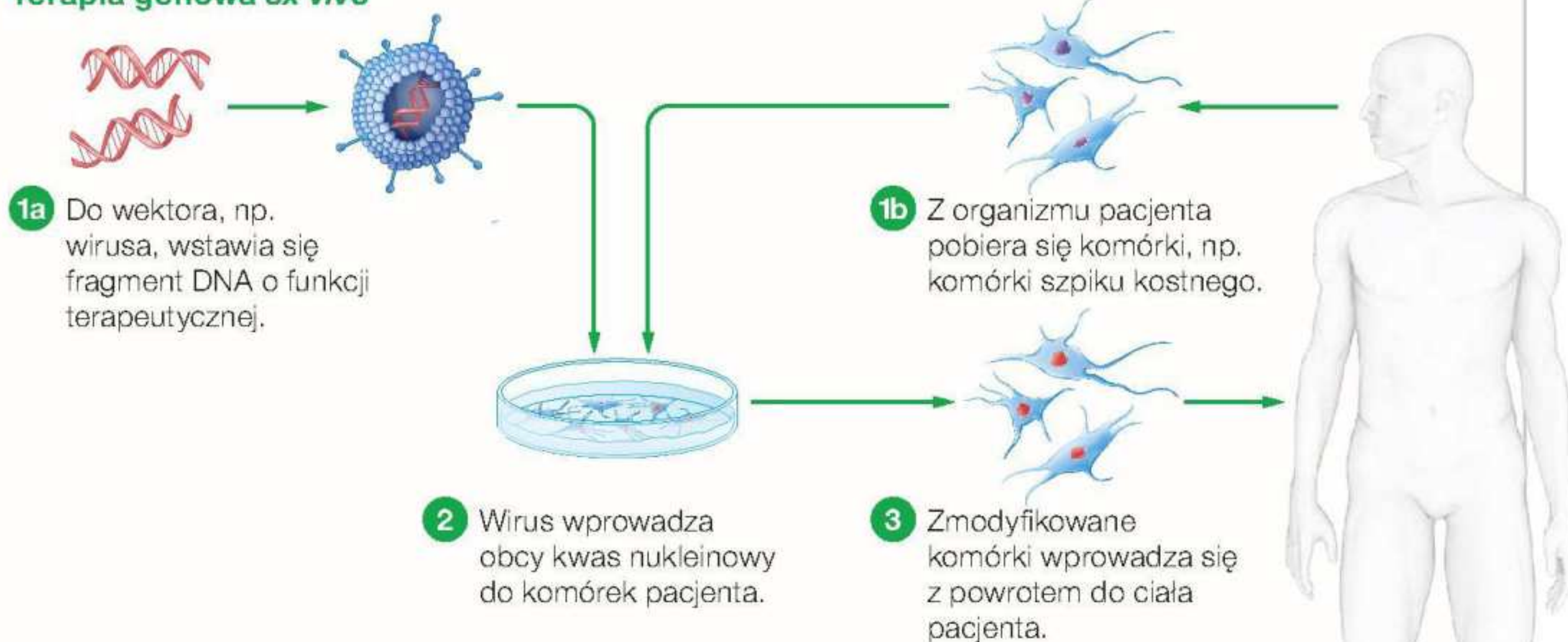
✂ Pozyskiwanie komórek macierzystych z tkanki



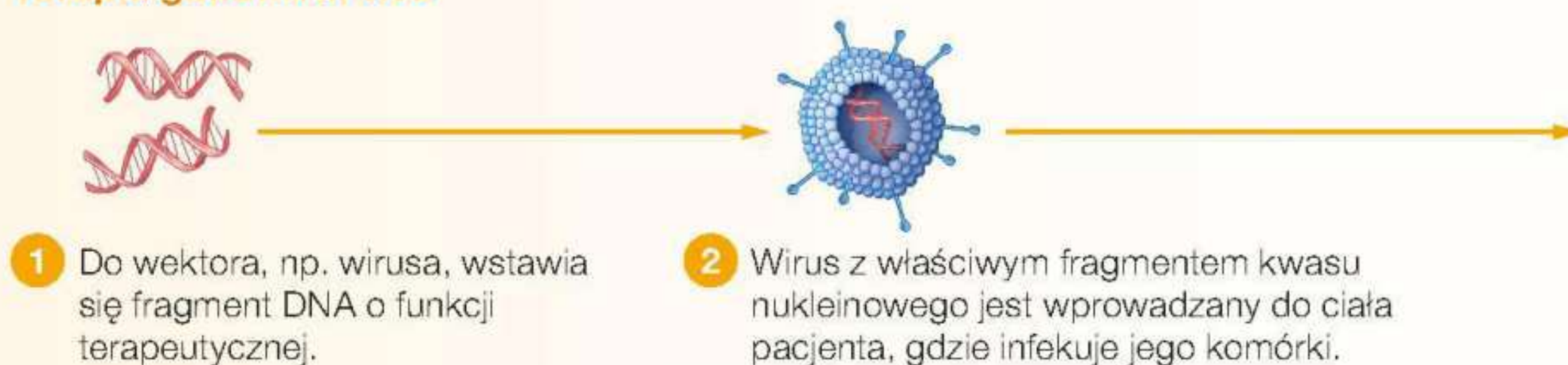
Główne metody terapii genowej

Wprowadzenie obcych fragmentów DNA do komórek pacjenta może odbywać się *ex vivo*, czyli poza ciałem pacjenta, lub *in vivo*, czyli wewnątrz ciała pacjenta.

Terapia genowa *ex vivo*



Terapia genowa *in vivo*

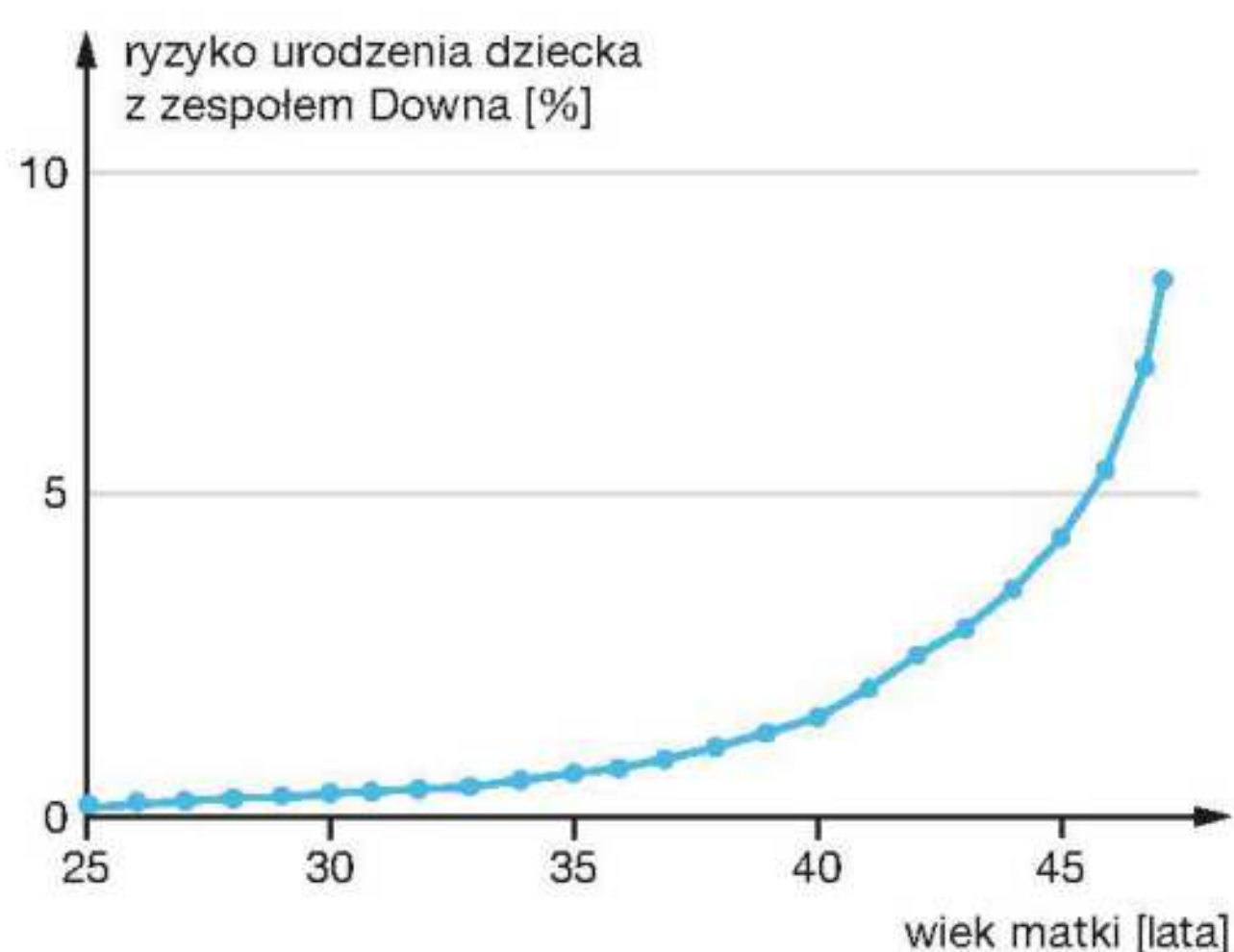


■ Poradnictwo genetyczne

Poradnictwo genetyczne to forma profesjonalnej pomocy kierowanej do osób chorych na choroby genetyczne oraz ich rodzin. Przeznaczone jest ono także dla par, które planują mieć potomstwo, a w których rodzinie występowały choroby genetyczne, lub par, w których kobiety ukończyły 35. rok życia.

W poradni genetycznej można otrzymać specjalistyczne informacje dotyczące zdiagnozowanych chorób, m.in. o tym, w jaki sposób dana choroba genetyczna jest dziedziczona, jakie jest ryzyko urodzenia dziecka z tą chorobą, jak należy opiekować się osobą chorą oraz jakie są możliwości leczenia osoby chorej lub otrzymania innego rodzaju pomocy, np. finansowej.

Zależność między wiekiem matki a ryzykiem urodzenia dziecka z zespołem Downa



Wraz z wiekiem matki wzrasta ryzyko urodzenia dziecka z zespołem Downa.

Biotechnologia molekularna – szanse i zagrożenia

Zwolennicy biotechnologii zwracają uwagę na możliwe do osiągnięcia dzięki niej korzyści, natomiast przeciwnicy – na zagrożenia wynikające z wykorzystania jej technik. Jakie szanse i jakie zagrożenia niesie ze sobą rozwój biotechnologii molekularnej?



Szanse

■ Rozwój nowoczesnego rolnictwa i walka z niedożywieniem na świecie

Biotechnologia molekularna umożliwia tworzenie nowych odmian roślin uprawnych i ras zwierząt hodowlanych o cechach niemożliwych do uzyskania w sposób naturalny, takich jak odporność na określone choroby, zwiększona masa ciała i produkcja substancji leczniczych. Biotechnologia pozwala też na zwiększenie produkcji żywności.

■ Rozwój medycyny – nowe sposoby leczenia i diagnozowania chorób

Dzięki osiągnięciom biotechnologii produkuje się wiele leków, hormonów i szczepionek. Trwają też prace nad wytwarzaniem organów do przeszczepów oraz zastosowaniem terapii genowych w leczeniu wielu chorób. Nowoczesna diagnostyka opiera się m.in. na sekwencjonowaniu DNA w celu odnalezienia mutacji odpowiedzialnych za rozwój danej choroby.

■ Ochrona środowiska

Zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy i rośliny są wykorzystywane do oczyszczania m.in. gleby z zanieczyszczeń metalami ciężkimi oraz do wytwarzania materiałów biodegradowalnych.

■ Rozwój przemysłu

Osiągnięcia biotechnologii molekularnej wykorzystuje się głównie w przemyśle farmaceutycznym, spożywczym i do produkcji biopaliw. Zmodyfikowane genetycznie mikroorganizmy wytwarzają m.in. niektóre antybiotyki, słodzik, aromaty i detergenty.



Zagrożenia

■ Możliwy negatywny wpływ na ekosystemy i zdrowie ludzi

Organizmy wyprodukowane metodami biotechnologii molekularnej mogą spowodować nieodwracalne zmiany w ekosystemach, m.in. wyprzeć naturalnie występujące w nich gatunki czy spowodować pojawienie się superchwastów. Ponadto nie ma pewności, czy spożycie takich organizmów jest bezpieczne dla zdrowia.

■ Możliwe skutki uboczne i nadużycia

Nowe metody leczenia człowieka, np. terapia genowa, mogą powodować nieznane jeszcze skutki uboczne. Ponadto możliwość poznania sekwencji DNA, a tym samym – wszelkich uwarunkowań genetycznych danej osoby, rodzi obawy dotyczące możliwych dyskryminacji na tle genetycznym. Dodatkowo możliwość ingerencji w DNA komórek niesie ryzyko „wytwarzania” dzieci o wybranych cechach, co jest uznawane za nieetyczne.

■ Zanieczyszczenie środowiska

Uprawa roślin odpornych na chemiczne środki chwastobójcze może zachęcać rolników do zwiększenia intensywności oprysków, co zwiększy zanieczyszczenie środowiska.

■ Zagrożenie biologiczne

Łatwość wytwarzania mikroorganizmów oraz wirusów o zmienionym materiale genetycznym stwarza niebezpieczeństwo wytworzenia broni biologicznej o nieznanych cechach, którą trudno będzie zneutralizować.



O tym się mówi!

Inżynieria genetyczna – skrzynia ze skarbami czy puszka Pandory?

Wiele osób uważa, że nie powinniśmy korzystać z technik inżynierii genetycznej, zwłaszcza tych związanych z manipulacjami genetycznymi. Stawiają oni pytanie: Czy ingerowanie we własne geny i geny innych organizmów jest bezpieczne?

1

„Inżynieria genetyczna wpłynęła na poprawę życia milionów ludzi. I tak na przykład cukrzyków leczy się insuliną produkowaną metodami inżynierii genetycznej [...]. Modyfikowane genetycznie rośliny uprawne, które dają wyższe plony i są odporne na szkodniki, zajmują coraz więcej miejsca w rolnictwie światowym. [...] Materiał genetyczny komórek macierzystych pobranych od osób cierpiących np. na hemofilię będzie można poza organizmem redagować w celu skorygowania wady genetycznej, będącej przyczyną choroby, a następnie takie naprawione komórki wszczepić pacjentowi, by rozmnożyły się w jego krwiobiegu”.

M. Specter, *Czy wolno nam bawić się w bogów? Rewolucja DNA*, „National Geographic Polska”,
<https://www.national-geographic.pl/nauka/czy-wolno-nam-bawic-sie-w-bogow-rewolucja-dna?page=5#article-content>

2

„Eksperymenty na myszach są obiecujące, ale nie jesteśmy myszami. Żyjemy dużo dłużej, w naszych organizmach zachodzą bardziej złożone interakcje. Nie potrafimy przewidzieć konsekwencji takich zmian dla całego organizmu. [...] Naukowcy zwracali uwagę na to, że technika pozwalająca na precyzyjne modyfikowanie genów jest bez wątpienia wspaniała, ale zastanówmy się, czy i w jakichkolwiek okolicznościach można zastosować ją do modyfikowania genomu ludzkiego w formie przekazywanej z pokolenia na pokolenie. Dlatego środowisko naukowe jest dość zgodne, że takich rzeczy nie należy robić na tym etapie wiedzy”.

M. Stelmach, E. Bartnik, *Wyścigu w nauce nie wygrywa się, robiąc rzeczy nieetyczne*,
<https://weekend.gazeta.pl/weekend/1,152121,24417349,prof-ewa-bartnik-wyścigu-w-nauce-nie-wygrywa-sie-robic-rzeczy.html>

3

„Ton, w którym media opisują dziś biohakerów, wskazuje na zaniepokojenie. Nic dziwnego – ingerowanie we własne geny metodami, które nie zostały sprawdzone, jest bardzo niebezpieczne. [...] Zastosowanie terapii genowej może np. pobudzić komórki do przekształcenia się w nowotworowe. Niektórzy obserwatorzy zaczęli jednak bić na trwogę także z innego powodu. Skoro narzędzia inżynierii genetycznej już znajdują się w rękach biohakerów – mówią – to może za chwilę zostaną wykorzystane także przez bioterrorystów. W styczniu na łamach czasopisma naukowego „PLOS ONE” ukazała się praca badaczy z kanadyjskiego University of Alberta, którzy w pół roku za ok. 100 tys. dol. z otrzymanych pocztą fragmentów DNA [...] poskładali niebezpiecznego dla koni bliskiego krewnego wirusa czarnej ospy”.

M. Rotkiewicz, *Amatorskie grzebanie w genach*, „Polityka” 2018, nr 34(3174),
<https://www.polityka.pl/tygodnikpolityka/nauka/1760444,1,amatorskie-grzebanie-w-genach.read>

- 1 Na podstawie zdobytej wiedzy dotyczącej korzyści i zagrożeń wynikających ze stosowania technik inżynierii genetycznej sformułuj własną odpowiedź na pytanie zawarte we wstępie.



Czy można sklonować wymarłe gatunki?

Bliżej życia

Do sklonowania osobnika wymarłego gatunku potrzebne są: jego kompletny materiał genetyczny, komórka jajowa pobrana od osobnika blisko spokrewnionego oraz matka zastępcza. Obecnie nie istnieje np. możliwość klonowania dinozaurów, ponieważ nie ma żywych, blisko spokrewnionych z nimi gatunków. Z kolei w przypadku np. mamutów próba klonowania może się powieść, ponieważ można wykorzystać do tego słonie, które są z nimi wystarczająco blisko spokrewnione.



Na początku XXI w. naukowcy podjęli próbę sklonowania ostatniej samicy wymarłego podgatunku koziorożca pirenejskiego. Niestety, klon przeżył tylko kilka minut.



Najlepiej zachowane szczątki mamuta pochodzą z Syberii. Naukowcy liczą na to, że uda im się z nich pozyskać kompletny materiał genetyczny potrzebny do klonowania.

W skrócie

- ✂️ • **Klonowanie** to uzyskiwanie genetycznych kopii organizmów, pojedynczych komórek lub cząsteczek DNA. Genetyczne kopie organizmów nazywamy **klonami**.
- Do klonowania zwierząt wykorzystuje się m.in. metodę transferu jądra komórkowego.
- **Komórki macierzyste** to takie komórki, które mogą się dzielić i różnicować w inne typy komórek. Uzyskuje się je głównie ze szpiku kostnego lub skóry i wykorzystuje m.in. do leczenia białaczek (komórki macierzyste szpiku kostnego) lub przy przeszczepach skóry po rozległych poparzeniach (komórki macierzyste skóry).
- **Terapia genowa** to metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych (głównie DNA) do komórek ciała pacjenta w celu uzyskania określonego efektu terapeutycznego. Terapię genową najczęściej stosuje się do leczenia chorób genetycznych.
- **Poradnictwo genetyczne** jest formą pomocy kierowaną do osób chorych na choroby genetyczne, a także par, które planują mieć potomstwo, a w których rodzinie występowały choroby genetyczne, lub par, w których kobiety ukończyły 35. rok życia.

Polecenia kontrolne

- ✂️ 1. Opisz etapy klonowania zwierząt metodą transferu jąder komórkowych.
2. Na podstawie dostępnych źródeł informacji podaj trzy przykłady chorób, do których leczenia stosuje się komórki macierzyste.
3. Wymień trzy korzyści i trzy zagrożenia wynikające ze stosowania osiągnięć biotechnologii molekularnej.

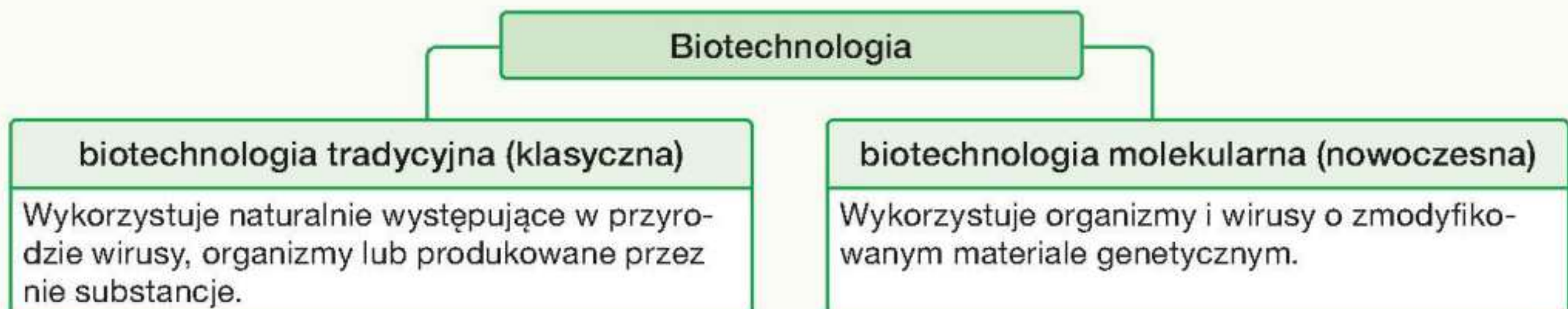


Podsumowanie



1 Definicja i podział biotechnologii

Biotechnologia – dyscyplina naukowa, zajmująca się wykorzystywaniem organizmów, wirusów lub ich składników do celów praktycznych.



2 Wykorzystanie metod biotechnologii tradycyjnej

Dziedziny	Przykłady zastosowań
Przemysł farmaceutyczny	Produkcja surowców odpornościowych, np. przeciwko jadowi żmii, i antybiotyków, np. penicyliny.
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 kiszonek warzyw.

3 Inżynieria genetyczna – dziedzina nauki, która zajmuje się opracowywaniem technik i metod umożliwiających wprowadzanie zmian w materiale genetycznym organizmów oraz wirusów.

4 Przykłady technik stosowanych w inżynierii genetycznej:

- **sekwencjonowanie DNA** – ustalanie kolejności poszczególnych rodzajów nukleotydów w wybranym odcinku kwasu nukleinowego lub w całym genomie,
- **PCR**, łańcuchowa reakcja polimerazy – kopiowanie wybranego fragmentu DNA,
- **elektroforeza DNA** – rozdzielanie fragmentów DNA na płytce żelowej w polu elektrycznym.

5 Przykłady zastosowania technik inżynierii genetycznej

Dziedziny	Przykłady zastosowań
Medycyna sądowa	Ustalanie pokrewieństwa, identyfikacja zmarłych.
Kryminalistyka	Tworzenie profili genetycznych, ustalanie tożsamości ofiar i przestępców.
Diagnostyka chorób	Wykrywanie sekwencji genetycznych odpowiedzialnych za rozwój chorób genetycznych, wykrywanie materiału genetycznego patogenu.

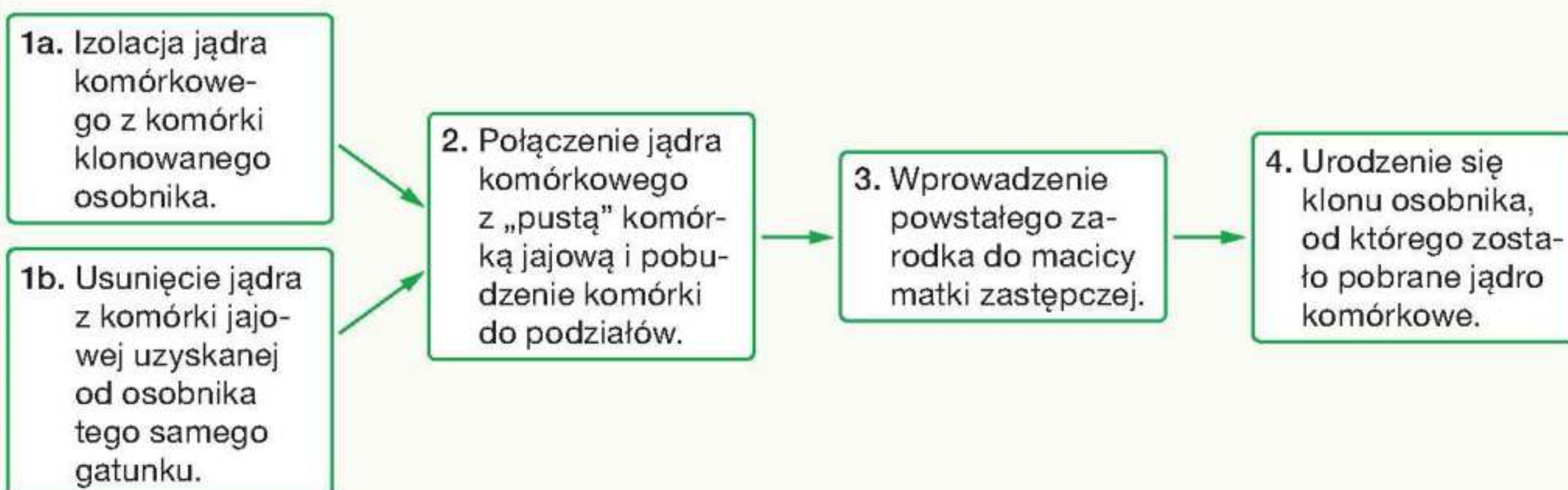


6 GMO (ang. *genetically modified organism*) – organizm, którego materiał genetyczny został zmieniony za pomocą technik inżynierii genetycznej.

7 Klonowanie – proces, który prowadzi do uzyskania genetycznych kopii organizmów, pojedynczych komórek lub cząsteczek DNA.

Klon – genetyczna kopia organizmu.

8 Etapy klonowania metodą transplantacji jąder komórkowych:



9 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.

10 Terapia genowa – metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych (głównie DNA) do komórek ciała pacjenta w celu uzyskania określonego efektu terapeutycznego. Terapię genową stosuje się m.in. w przypadku niektórych chorób genetycznych jednogenowych.

11 Poradnictwo genetyczne – forma profesjonalnej pomocy kierowanej do osób chorych na choroby genetyczne oraz ich rodzin. W poradni genetycznej można otrzymać specjalistyczne informacje dotyczące m.in. sposobu dziedziczenia określonej choroby genetycznej, ryzyka urodzenia dziecka z tą chorobą czy możliwej terapii osób chorych.

12 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 o witaminy • rozwój medycyny, np. przez opracowywanie nowych metod diagnozowania i leczenia chorób (terapia genowa, wykorzystanie komórek macierzystych) • produkcja żywności, np. serów, aromatów • oczyszczanie środowiska, np. przez tworzenie tworzyw biodegradowalnych	• 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 nowych broni biologicznych



Sprawdź, czy już umiesz!

WYKONAJ W ZESZYCIE



- 1** Przyporządkuj rodzajom biotechnologii (A i B) odpowiednie przykłady ich zastosowania (1–4). Odpowiedź zapisz w zeszycie.

(2 p.)

A. Biotechnologia tradycyjna.

B. Biotechnologia molekularna.

1. Produkcja insuliny dzięki bakteriom zawierającym gen człowieka.
2. Wytwarzanie surowicy odpornościowej dzięki wprowadzeniu toksyny do organizmu konia.
3. Uzyskiwanie silniejszych sadzonek drzew owocowych dzięki szczepieniu ich korzeni strzępkami grzybni symbiotycznej.
4. Tworzenie nowej odmiany rośliny uprawnej odpornej na środki chwastobójcze przez wprowadzenie do jej genomu genu bakterii.

- 2** Podaj dwa przykłady zastosowania w przemyśle spożywczym procesu, którego przebieg przedstawiono na poniższym schemacie. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

(1 p.)



- 3** Przyporządkuj podane techniki inżynierii genetycznej (A i B) do odpowiednich przykładów ich zastosowania wybranych spośród podanych (1–3). Odpowiedź zapisz w zeszycie.

(2 p.)

A. Elektroforeza żelowa.

B. Sekwencjonowanie DNA.

1. Ustalanie kolejności nukleotydów w genomie w celu wykrycia mutacji genetycznej odpowiedzialnej za rozwój określonej choroby.
2. Powielanie bardzo małej ilości DNA znalezionej na miejscu przestępstwa w celu ustalenia tożsamości sprawcy.
3. Rozdzielanie fragmentów DNA w celu uzyskania profilu genetycznego.

- 4** Sporządzono profile genetyczne czterech osób – mężczyzny, kobiety i dwójki dzieci. Na podstawie analizy profili ustal, które z dzieci – 1 czy 2 – jest dzieckiem tej pary. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie.

(1 p.)





- 5** U pewnej odmiany truskawki zablokowano gen, który odpowiada za produkcję enzymu powodującego szybkie dojrzewanie owoców. (1 p.)

Wybierz właściwe dokończenie zdania – 1, 2 lub 3 – i jego uzasadnienie – A, B lub C. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

Opisana odmiana truskawki jest odmianą

1.	zmodyfikowaną genetycznie,	ponieważ	A.	do jej uzyskania nie były potrzebne zmiany genetyczne.
2.	transgeniczną,		B.	zmieniono aktywność jednego z obecnych w genomie truskawki genów.
3.	naturalną,		C.	do genomu tej odmiany wprowadzono gen pochodzący od innego gatunku.

- 6** Na podstawie dostępnych źródeł informacji podaj po trzy przykłady korzyści i zagrożeń wynikających z zastosowania GMO. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (3 p.)

- 7** Uporządkuj zdania tak, aby przedstawić w odpowiedniej kolejności etapy klonowania zwierząt metodą transferu jąder komórkowych. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

- Wprowadzenie wyizolowanego jądra komórkowego do pozbawionej jądra komórki jajowej.
- Pobudzenie komórki do podziałów za pomocą impulsu elektrycznego.
- Urodzenie się osobnika, który jest genetycznym klonem dawcy materiału genetycznego.
- Wyizolowanie jądra komórkowego z komórki ciała dorosłego osobnika oraz uzyskanie pozbawionej jądra komórkowego komórki jajowej pobranej od samicy tego samego gatunku.
- Wprowadzenie rozwijającego się zarodka do macicy matki zastępczej.

- 8** Określ, czy przedstawiony na rysunku sposób uzyskiwania sadzonek roślinnych z jednego osobnika można nazwać klonowaniem. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie. (1 p.)



- 9** Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących terapii genowej. Wybierz P, jeśli stwierdzenie jest prawdziwe, lub F, jeśli jest fałszywe. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (3 p.)

1.	Terapię genową stosuje się m.in. w przypadku rzadkiej wrodzonej ślepoty.	P	F
2.	Celem terapii genowej może być m.in. wyciszenie lub regulacja aktywności wadliwej wersji genu.	P	F
3.	Terapia genowa ex vivo polega na wprowadzeniu do ciała pacjenta wirusa zmodyfikowanego genetycznie.	P	F



4. Ewolucja organizmów

To było w szkole podstawowej!

- ✓ **Ewolucja** – proces stopniowych, ciągłych zmian organizmów prowadzący do powstania nowych gatunków. Ewolucję potwierdzają **dowody bezpośrednie** oraz **dowody pośrednie**.



- ✓ Głównym mechanizmem ewolucji, zgodnie z teorią Karola Darwina, jest **dobór naturalny**.
- ✓ Człowiek należy do królestwa zwierząt. Ma wiele cech wspólnych ze zwierzętami zaliczanymi do **nadrodziny człowiekowatych**. Różnice między człowiekiem a innymi człowiekowatymi to m.in.: dwunożność, wyprostowana postawa ciała, umiejętność mowy i większy mózg.



4.1. Źródła wiedzy o ewolucji

Zwróć uwagę na:

- bezpośrednie i pośrednie dowody ewolucji,
- porównanie konwergencji z dywergencją,
- określanie pokrewieństwa gatunków na podstawie drzewa filogenetycznego.

Kiedy używamy terminu „ewolucja”, mamy często na myśli stopniowe zmiany. Mówimy np. o ewolucji poglądów lub mody. Czy ewolucja biologiczna polega na tym samym?

■ Czym jest ewolucja biologiczna?

Ewolucja biologiczna to proces stopniowych i nieodwracalnych zmian grup organizmów. W jej wyniku powstają nowe gatunki, które

są zwykle lepiej przystosowane do środowiska. Ewolucja nie jest związana z rozwojem pojedynczego osobnika. Dotyczy ona zmian zachodzących w kolejnych pokoleniach osobników danego gatunku.

Badaniem mechanizmów ewolucji zajmuje się dziedzina nauki nazywana **ewolucjonizmem**. To nauka interdyscyplinarna, która łączy odkrycia różnych dziedzin naukowych.

Historyczne koncepcje na temat ewolucji

Od starożytności aż do XIX w. panował pogląd, że gatunki zostały stworzone jednocześnie, a ich budowa i liczba nie zmieniają się w czasie. W spojrzeniu na rozwój życia na Ziemi przełomowa była teoria Karola Darwina.

Czynniki wpływające na rozwój koncepcji ewolucji

XIX-wieczne odkrycia geologiczne i rozwój paleontologii skłoniły uczonych ku tezie, że życie na Ziemi zmienia się dynamicznie i jest o wiele starsze, niż przypuszczali.



W XX w. rozwój różnych dziedzin nauki, w tym przede wszystkim genetyki i biologii molekularnej, doprowadził do rozwinięcia i uzupełnienia koncepcji Darwina.

XIX w.

od XX w.

Lamarckizm

Jean-Baptiste Lamarck [wym. żan baptist lamark] jako pierwszy opisał mechanizmy ewolucji. Błędnie zakładał jednak, że dziedziczeniu podlegają cechy uzyskane w życiu osobniczym. Na przykład jego zdaniem szyja żyraf wydłuża się w kolejnych pokoleniach w wyniku sięgania przez osobniki do rosnących wysoko liści.



Teoria Darwina

Karol Darwin sformułował teorię, zgodnie z którą ewolucja jest możliwa dzięki zmienności organizmów. Głównym mechanizmem przemian ewolucyjnych jest dobór naturalny oparty na konkurencji między organizmami nazwanej walką o byt.



Syntetyczna teoria ewolucji

Twórcy tej teorii uzupełnili koncepcję doboru naturalnego o zmienność genetyczną, która wynika z rekombinacji i mutacji. Dziedziczeniu podlegają cechy przodków zapisane w genach, a nie cechy uzyskane przez osobnika w ciągu jego życia.



■ Źródła wiedzy o przebiegu ewolucji

Wiedzę o przebiegu ewolucji i jej mechanizmach czerpiemy z dowodów bezpośrednich i dowodów pośrednich.

Dowody bezpośrednie pochodzą z obserwacji współcześnie żyjących gatunków oraz analizy zapisu kopalnego. Do **dowodów pośrednich** należą dane z zakresu biogeografii, biochemii, biologii molekularnej, genetyki oraz anatomii porównawczej i embriologii. Dzięki nim można m.in. porównać budowę i funkcjonowanie organizmów.

■ Bezpośrednie dowody ewolucji

Bezpośrednie dowody ewolucji wynikają z **obserwacji zmian**, które zachodzą u współcześnie żyjących organizmów. Ewolucji nie można jednak obserwować w jednym

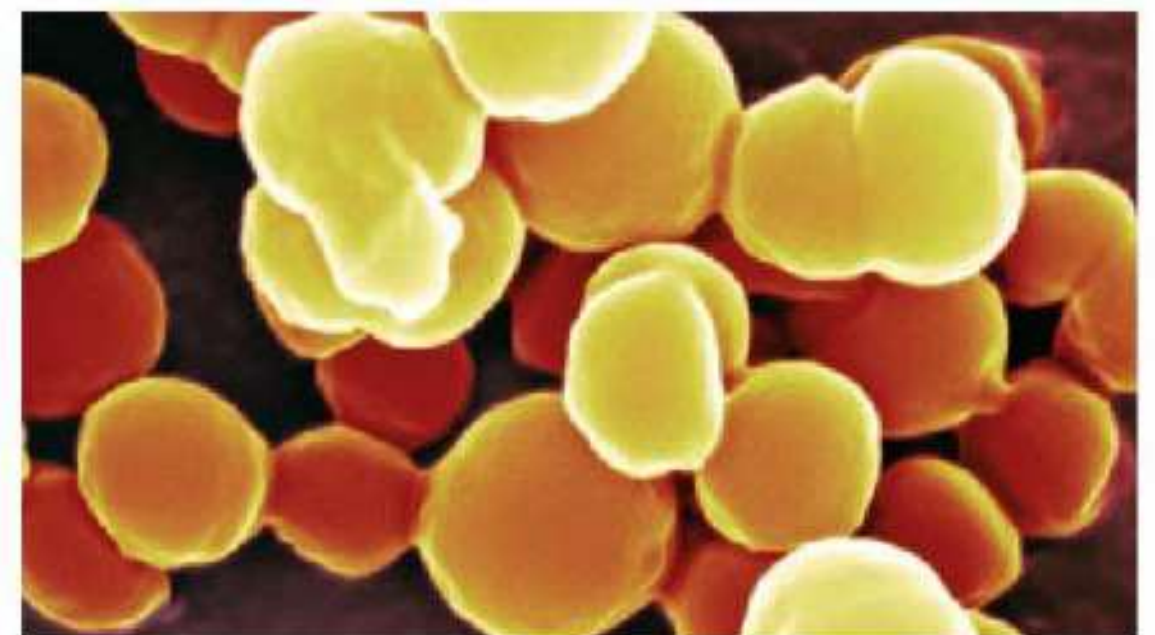
pokoleniu, dlatego trudno jest na podstawie tych dowodów analizować jej mechanizmy. Pewnych danych dostarczają obserwacje np. owadów lub mikroorganizmów, ponieważ szybko się one rozmnażają, dzięki czemu w krótkim czasie można zaobserwować zmiany zachodzące u wielu pokoleń. Przykładem są badania dotyczące wykształcania **antybiotykooporności** u bakterii.

Wielu informacji dotyczących ewolucji dostarcza paleontologia. Dzięki analizie **zapisu kopalnego** w postaci skamieniałości, odcisków, zachowanych (np. w lodzie czy bursztynie) całych organizmów lub ich szczątków można m.in. poznać budowę wymarłych gatunków, a także, za pomocą datowania, określić, kiedy nastąpiły istotne zmiany ewolucyjne.

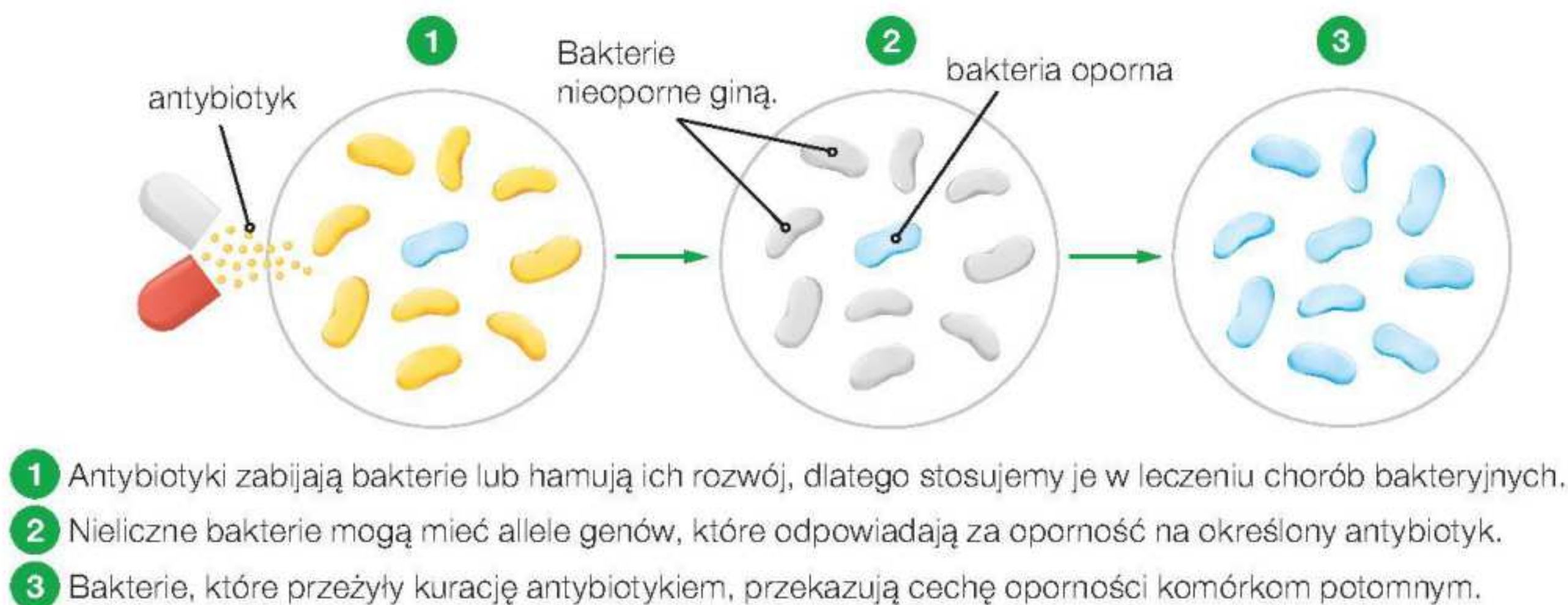
Jak wykształca się antybiotykooporność?

Antybiotykooporność wykształca się u bakterii zwalczanych za pomocą antybiotyków.

Po pewnym czasie stosowania tych leków pojawiają się niewielkie grupy bakterii, które przetrwały leczenie. Swoją cechę – oporność na lek – przekazują one kolejnym pokoleniom. W ten sposób powstają szczepy bakterii niewrażliwe na dany typ antybiotyku. Lek nie powoduje jednak wykształcenia nowej cechy u bakterii, ale selekcję osobników opornych na leczenie, już występujących w populacji.



Antybiotyk o nazwie metycylina wpłynął na powstanie opornego na niego szczepu bakterii gronkowca złocistego, nazwanego MRSA.



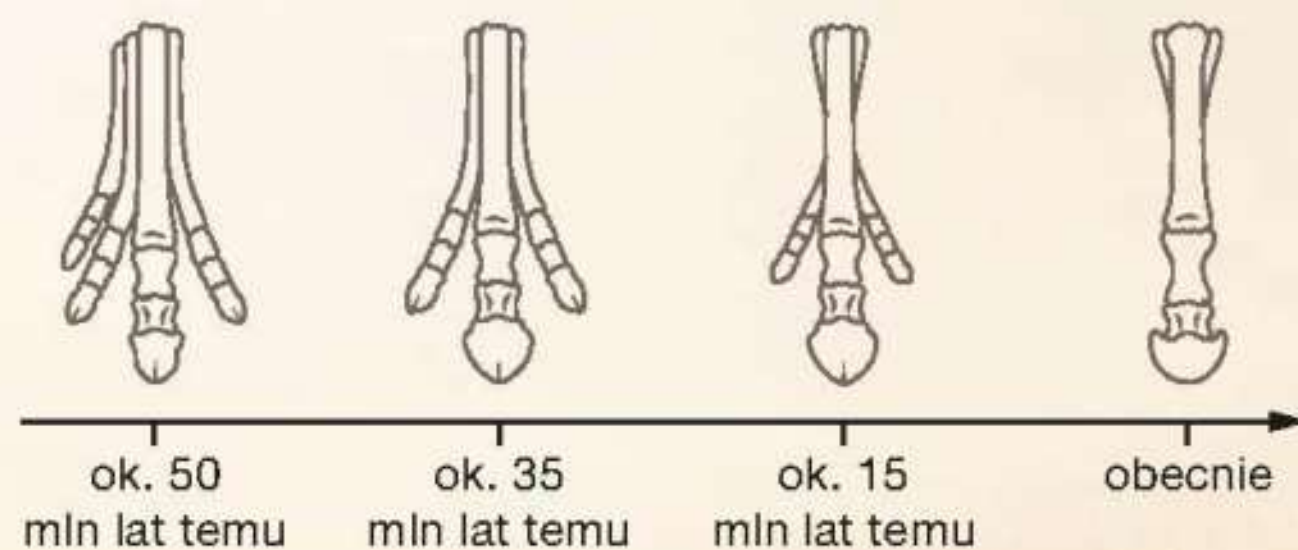
Przykłady bezpośrednich dowodów ewolucji

Do bezpośrednich dowodów ewolucji zaliczamy m.in. skamieniałości kopalne i żywe skamieniałości.

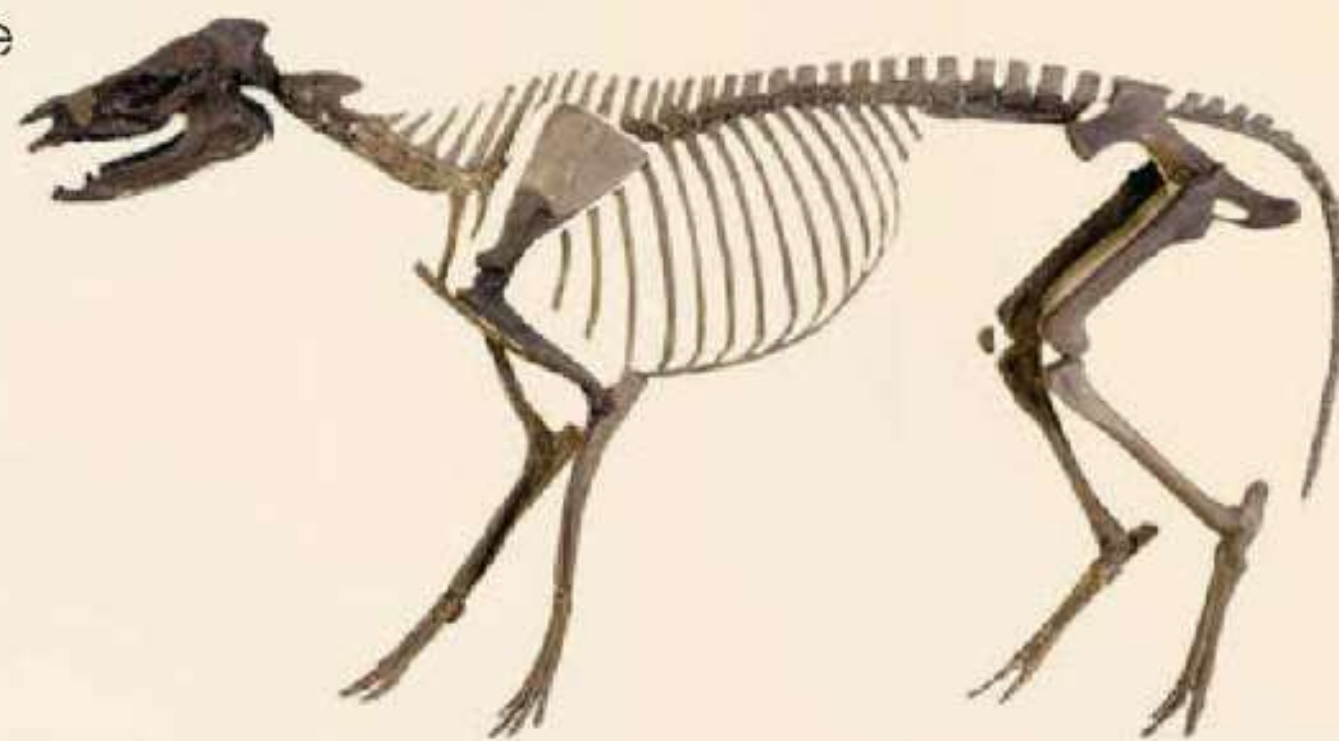
■ Skamieniałości

Analiza zapisu kopalnego pozwala m.in. 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.



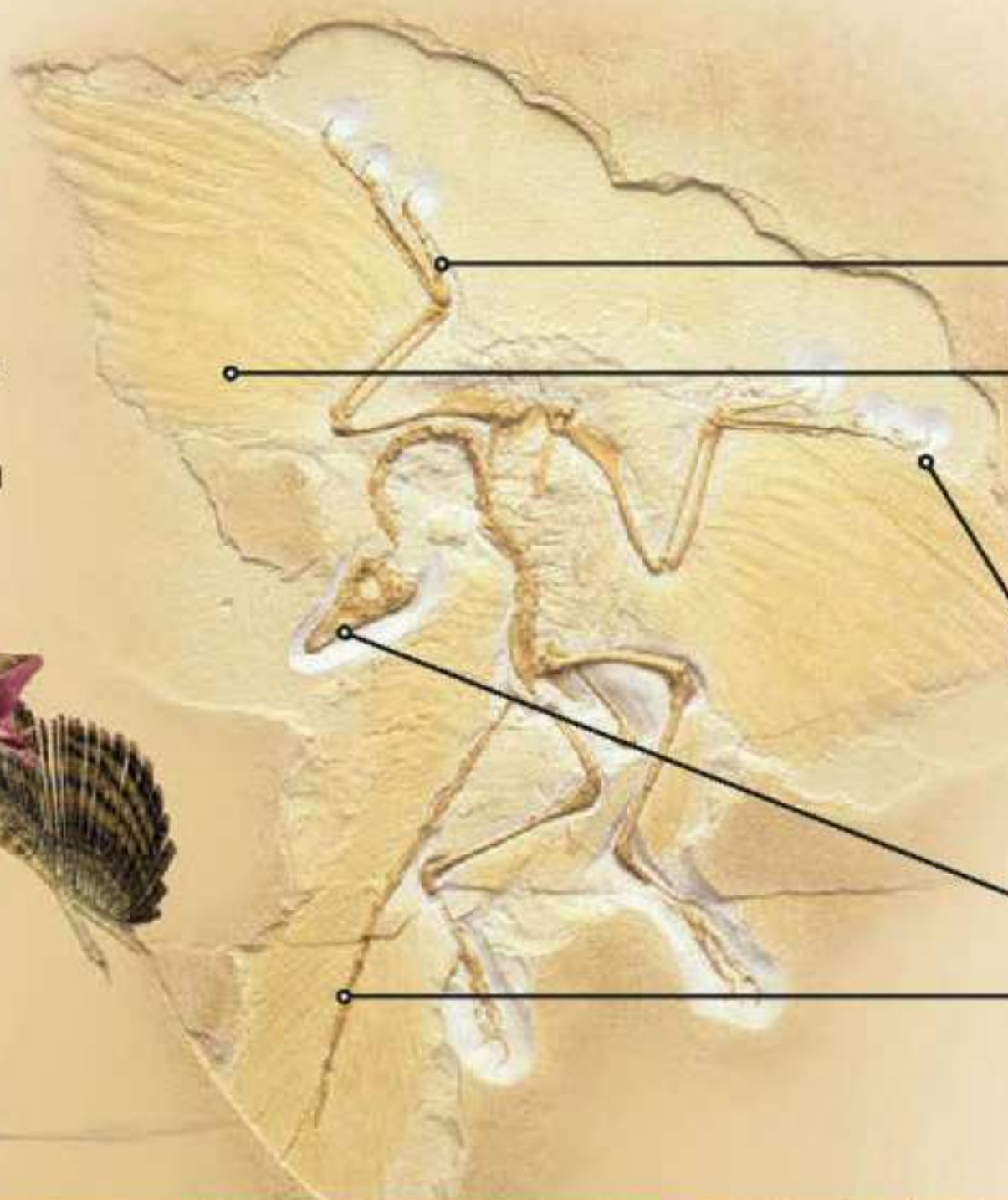
Zmiany budowy kończyny przedniej koniowatych.



Żyjący ok. 50 mln lat temu przodek konia (*Hyracotherium*) miał wielkość psa. Jego kończyny przednie były czteropalczaste, a tylne – trójpalczaste.

Formy pośrednie

Formy 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.

■ Żywe skamieniałości

Żywymi skamieniaściami nazywamy gatunki, które w prawie niezmienionej formie przetrwały wiele milionów lat do czasów obecnych. Dzięki obserwacji ich budowy i trybu życia możemy uzyskać wiedzę o blisko spokrewnionych z nimi gatunkach, które już dawno wymarły. Dodatkowo porównanie np. sekwencji genetycznych żywych skamieniałości z sekwencjami genetycznymi ich wymarłych krewnych pozwala m.in. wnioskować o tempie ewolucji.

Australijski dziobak to ssak, którego samice składają jaja i karmią młode mlekiem.



■ Pośrednie dowody ewolucji

Wnioski na temat ewolucji można wyciągnąć także dzięki porównaniu grup organizmów pod względem występowania, budowy i funkcjonowania. Na przykład analiza różnic genetycznych lub anatomicznych pomiędzy spokrewnionymi grupami organizmów pozwala na prześledzenie historii wykształcenia przystosowań prowadzących do różnicowania się tych grup.

Biogeografia

Dowody z zakresu biogeografii dotyczą różnic w rozmieszczeniu gatunków na Ziemi. Są one również związane z występowaniem gatunków charakterystycznych jedynie dla danego obszaru, czyli **endemitów**, takich jak australijski koala.

Z kolei **analiza zmian zasięgów występowania** organizmów w różnych epokach geologicznych pozwala wyjaśnić wpływ czynników środowiska, np. zlodowaceń na ewolucję gatunków (zob. s. 116).

Biochemia, biologia molekularna i genetyka

Biochemia, biologia molekularna i genetyka zajmują się analizą budowy biochemicznej organizmów oraz dziedziczeniem cech.

Dowodami ewolucji dostarczany przez te nauki są m.in.:

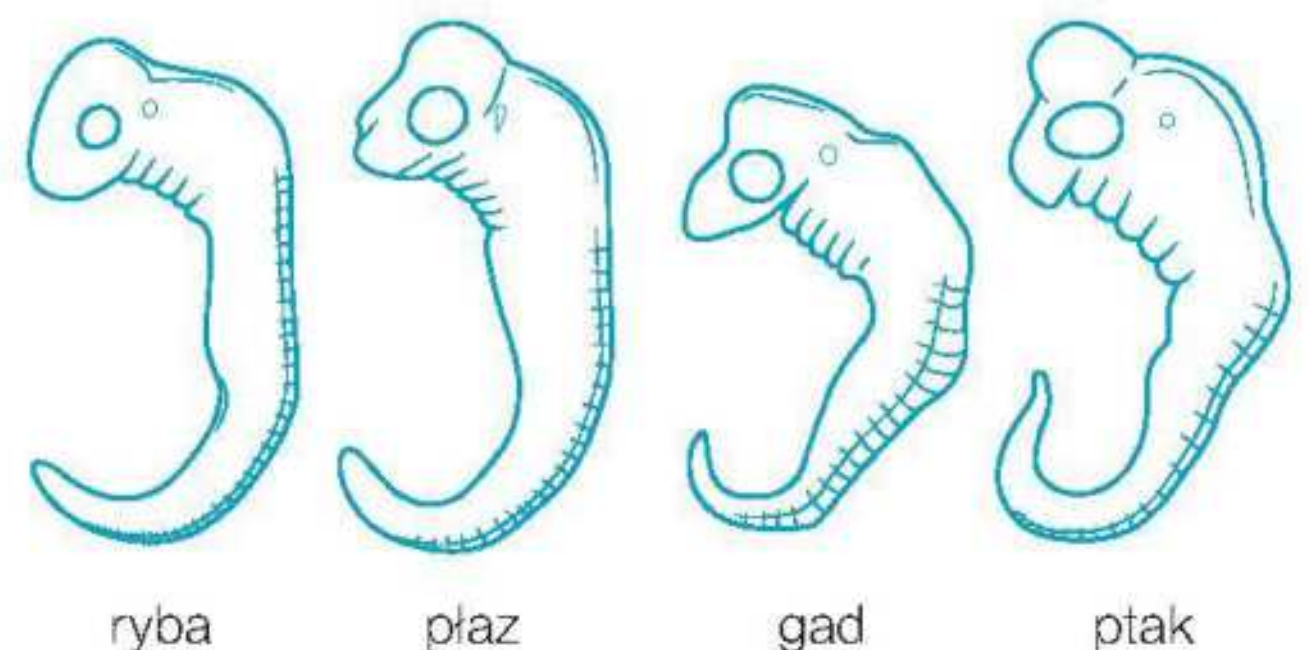
- ▶ wspólne: budowa i funkcje cząsteczek,
- ▶ podobieństwa sekwencji aminokwasów w białkach i nukleotydów w DNA,
- ▶ wspólny kod genetyczny organizmów.

Anatomia porównawcza i embriologia

Anatomia porównawcza dostarcza dowodów dotyczących podobieństw i różnic w budowie organizmów. Należą do nich m.in.:

- ▶ wspólny plan budowy organizmów w obrębie tych samych grup systematycznych,
- ▶ występowanie narządów analogicznych i homologicznych,
- ▶ obecność narządów szczątkowych i cech atawistycznych.

Embriologia dostarcza dowodów wynikających z podobieństwa wczesnych faz rozwojowych spokrewnionych organizmów.



Wczesne stadia rozwoju zarodkowego kręgowców.

Narządy szczątkowe oraz atawizmy

Narządami szczątkowymi nazywamy narządy, które uległy uwstecznieniu u współcześnie żyjących organizmów. Przykładowo u człowieka są to kość ogonowa, będąca pozostałością po kręgach ogonowych, oraz zęby mądrości.

Cechy atawistyczne to cechy nietypowe, występujące wyłącznie u niektórych osobników, ale charakterystyczne dla przodków. U człowieka są to np. bardzo silne owłosienie ciała, dodatkowe brodawki sutkowe czy zbyt mocno rozwinięte kły.



Kość ogonowa jest przykładem narządu szczątkowego. Występujący u niektórych osób krótki ogon jest cechą atawistyczną.

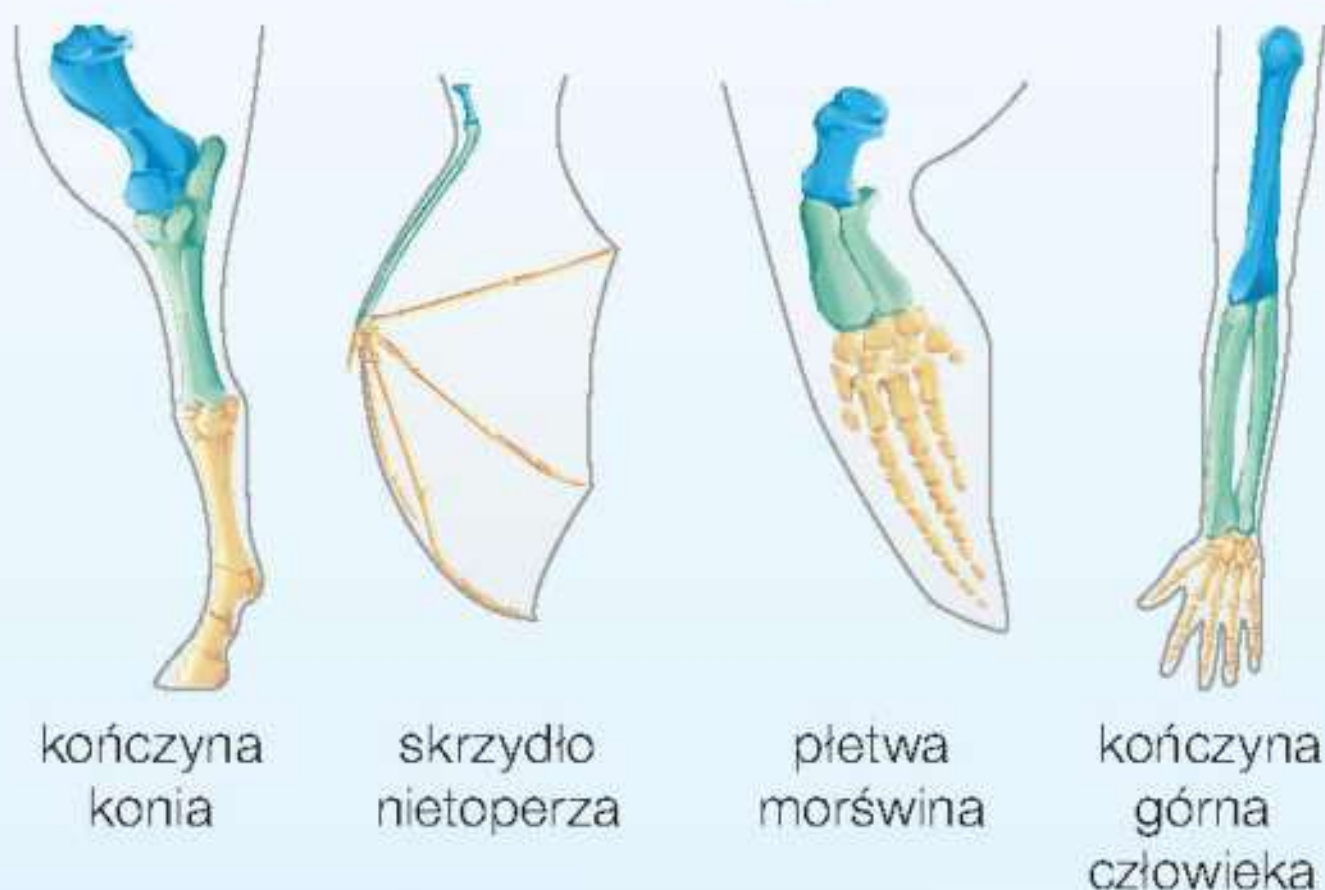
Dywergencja i konwergencja

Głównym czynnikiem powodującym ewolucję są warunki środowiska, w których występuje dana grupa organizmów. Pod ich wpływem dochodzi do **dywergencji** lub **konwergencji**.

■ Dywergencja – ewolucja rozbieżna

W wyniku dywergencji organizmy o wspólnym pochodzeniu znacząco różnią się między sobą. Jednak ich plan budowy ma pewne cechy wspólne. Podobieństwa wynikające ze wspólnego pochodzenia nazywamy **homologiami**, a narządy o wspólnym pochodzeniu określamy mianem **narządów homologicznych**. Przykładem narządów homologicznych są kończyny przednie ssaków, które składają się z takich samych elementów niezależnie od ich przystosowania do pełnionych funkcji.

Przykłady narządów homologicznych



■ Konwergencja – ewolucja zbieżna

Konwergencja polega na tym, że organizmy żyjące w podobnych środowiskach wykształcają podobne przystosowania nazywane **analogiami**. Dotyczą one sposobu życia oraz takich cech, jak kształt ciała czy wygląd określonych narządów. Narządy odpowiadające sobie wyglądem, ale o różnym pochodzeniu, nazywamy **narządami analogicznymi**. Przykładami narządów analogicznych są skrzydła ptaków i owadów.

Przykłady narządów analogicznych



Rusztowaniem skrzydeł owadów są drobne rurki, tzw. tchawki.



Rusztowaniem skrzydeł ptaków są kości.

Skrzydła ptaków to przekształcone kończyny przednie, natomiast skrzydła owadów to zmodyfikowane fałdy powłoki ciała.

Porównując orkę (ssak) z rekinem (ryba), można zaobserwować analogię dotyczącą kształtu ciała oraz występowanie narządów analogicznych – płetw.



orka



rekin

■ Graficzne przedstawienie rozwoju rodowego

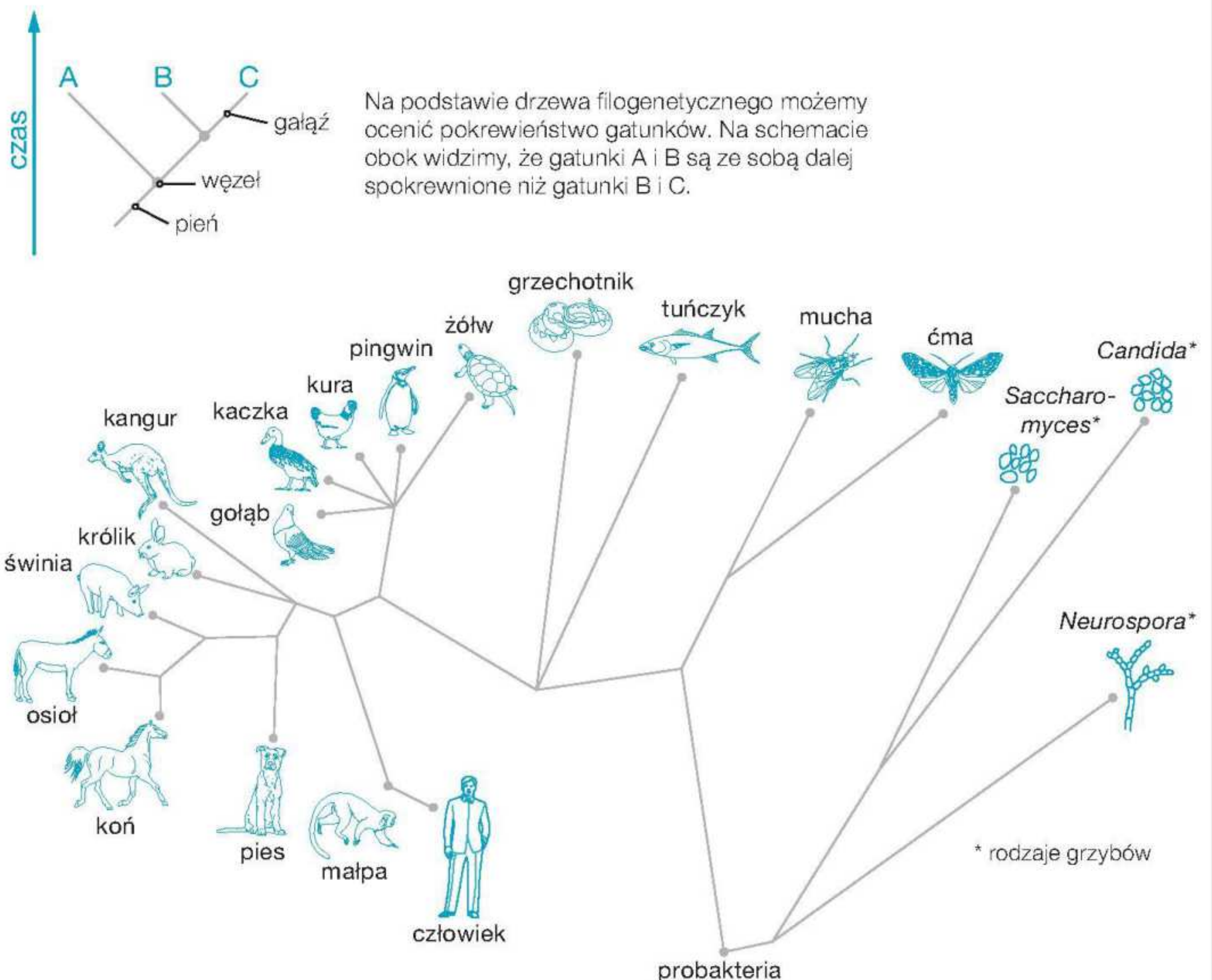
Rozwój rodowy organizmów nazywamy **filogenezą**. Przebieg filogenezy ustala się na podstawie dowodów ewolucji. Można go przedstawić graficznie w postaci **drzewa filogenetycznego (rodowego)**.

Drzewo filogenetyczne, podobnie jak drzewo genealogiczne, ma obrazować pokrewieństwo. Różnica polega przede wszystkim

na tym, że pokrewieństwo to dotyczy grup organizmów, a nie poszczególnych osobników. Początkowo było ono wyznaczane na podstawie obserwacji podobieństwa w budowie (analogii lub homologii), przy czym pod uwagę były brane głównie te cechy, które pojawiały się po raz pierwszy w danej grupie. Obecnie duże znaczenie w odtwarzaniu filogenezy ma analiza sekwencji aminokwasów w białkach oraz sekwencji nukleotydów DNA.

Jak wygląda drzewo filogenetyczne?

Pień drzewa filogenetycznego odnosi się do wspólnego przodka, a **gałęzie** oznaczają powstawanie nowych grup rozwojowych. Miejsca rozdzielenia gałęzi nazywamy **węzłami**. Oznaczają one ostatniego wspólnego przodka danych grup organizmów.



Drzewo filogenetyczne skonstruowane na podstawie danych dotyczących podobieństwa budowy cytochromu c – białka uczestniczącego w oddychaniu tlenowym.

Krok po kroku

Tworzenie drzewa filogenetycznego

Skonstruuj drzewo filogenetyczne obrazujące wzajemne pokrewieństwo między karpem, ropuchą, żółwiem a tygrysem, wiedząc, że:

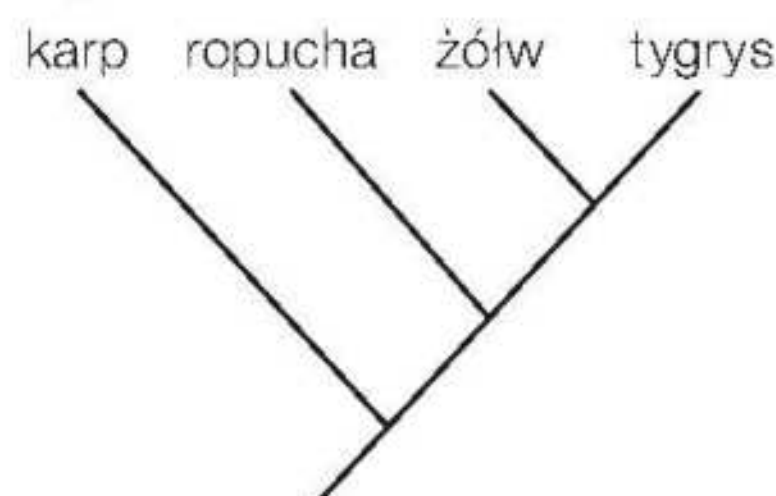
- wszystkie wymienione zwierzęta mają szkielet wewnętrzny z główną osią – kręgosłupem,
- ropucha, żółw i tygrys są czworonożne,
- w rozwoju zarodkowym żółwia i tygrysa pojawiają się błony płodowe,
- tygrys, jedyny przedstawiciel ssaków, karmi młode mlekiem.

- 1 Skonstruuj tabelę, w której porównasz charakterystyczne cechy podanych zwierząt.

Organizm	Cechy charakterystyczne			
	kręgosłup	czworonożność	błony płodowe	karmienie młodych mlekiem
Karp	+	–	–	–
Ropucha	+	+	–	–
Żółw	+	+	+	–
Tygrys	+	+	+	+

Uwaga: Powyższy przykład został specjalnie uproszczony, aby pokazać wyłącznie zasadę tworzenia drzewa filogenetycznego.

- 2 Narysuj drzewo filogenetyczne. Pamiętaj, że każda grupa organizmów tworzy osobną gałąź, a wspólne cechy tworzą węzły oznaczające wspólnego przodka. Im więcej cech wspólnych, tym później rozdzieliły się dane grupy organizmów.



W skrócie

- Ewolucja biologiczna** to proces stopniowych i nieodwracalnych zmian grup organizmów. W jej wyniku powstają nowe gatunki.
- Dywergencja**, czyli ewolucja rozbieżna, prowadzi do zróżnicowania się spokrewnionych organizmów w wyniku przystosowania do odmiennych warunków środowiska. W jej efekcie powstają **narządy homologiczne**, które mają wspólne pochodzenie i plan budowy – są przykładem **homologii**. Narządy te mogą różnić się wyglądem w wyniku przystosowania do pełnienia różnych funkcji.
- Konwergencja**, czyli ewolucja zbieżna, prowadzi do powstania podobieństw – **analogii** – pomiędzy niespokrewnionymi organizmami. Przykładem są **narządy analogiczne**, które mają różne pochodzenie, ale są podobne, ponieważ pełnią takie same funkcje.
- Drzewo filogenetyczne** jest graficznym przedstawieniem rozwoju rodowego – **filogenezy**.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, dlaczego badanie tzw. form pośrednich ma duże znaczenie dla ustalania przebiegu ewolucji.
2. Korzystając z dostępnych źródeł, podaj po dwa przykłady konwergencji i dywergencji inne niż wymienione w lekcji.
3. Wyjaśnij, w jakim celu tworzy się drzewa filogenetyczne.

4.2.

Dobór naturalny – główny mechanizm ewolucji

Zwróć uwagę na:

- mechanizm działania, rodzaje i przykłady doboru naturalnego,
- znaczenie doboru naturalnego.

W XIX w. angielski przyrodnik Karol Darwin podczas podróży dookoła Ziemi zbadał mało znane wówczas zakątki świata, m.in. wyspy Galapagos. Na podstawie swoich odkryć sformułował teorię ewolucji, w której za najważniejszy mechanizm ewolucji uznał dobór naturalny.

■ Na czym polega dobór naturalny?

Dobór naturalny (selekcja naturalna) jest mechanizmem, który polega na tym, że największe szanse na przeżycie i wydanie na świat potomstwa ma ten osobnik, który jest najlepiej przystosowany do określonych

warunków środowiska. Darwin, opisując ten mechanizm, inspirował się sposobem działania doboru sztucznego, który jest wykorzystywany przez człowieka w hodowli zwierząt i uprawie roślin.

■ Jak działa dobór naturalny?

Zdaniem Darwina, dobór naturalny może funkcjonować, ponieważ:

- ▶ osobniki cechuje **nadmierna rozrodczość**,
- ▶ pomiędzy osobnikami jednego gatunku występuje **zmienność**,
- ▶ osobniki **konkurują** ze sobą o ograniczone zasoby środowiska.

To było w szkole podstawowej!

■ Porównanie doboru naturalnego z doborem sztucznym



Nadmierna rozrodczość

Osobniki zwykle mają więcej potomstwa, niż może przetrwać w środowisku o ograniczonych zasobach. Do okresu rozrodczego przeżywają jedynie nieliczne osobniki, które przekazują swoje cechy (geny) potomstwu. Na przykład żaba trawna składa do 4 tys. jaj. Jednak większość z jej potomstwa ginie przed przystąpieniem do rozrodu.

Zmienność

Osobniki należące do jednego gatunku różnią się między sobą. Mówimy, że występuje między nimi **zmienność**. W ewolucji znaczenie ma **zmienność genetyczna**, która wynika z mutacji oraz rekombinacji w czasie tworzenia się gamet i łączenia się ich podczas rozmnażania płciowego.

Dzięki zmienności genetycznej osobniki są w różny sposób przystosowane do środowiska. Te osobniki, które mają korzystne cechy w danych warunkach, mają większe szanse na przeżycie i przekazanie ich potomstwu. Jeżeli jednak warunki środowiska ulegną zmianie i korzystne będą inne cechy, wtedy dzięki występowaniu zmienności genetycznej gatunek będzie miał szansę na przetrwanie. Rodzaje zmienności organizmów omówiliśmy dokładniej w rozdziale 2.

Konkurencja

Organizmy konkurują ze sobą o ograniczone zasoby środowiska, takie jak pożywienie czy schronienie. Darwin nazywał tę konkurencję **walką o byt**.

Walka o byt ma miejsce zarówno w obrębie jednego gatunku, jak i pomiędzy gatunkami. Największe szanse na jej wygranie mają osobniki, których cechy zapewniają im przewagę nad innymi. Na przykład szybsze drapieżniki łatwiej zdobędą pożywienie, kamuflaż pozwoli ofiarom ukryć się w otoczeniu, a kolce czy parzące włoski zapewnią roślinom ochronę przed roślinożercami. Takie cechy pozwalają osobnikom nie tylko

przetrwać, lecz także przekazać swoje geny potomstwu. Więcej na temat konkurencji dowiesz się w rozdziale 5.

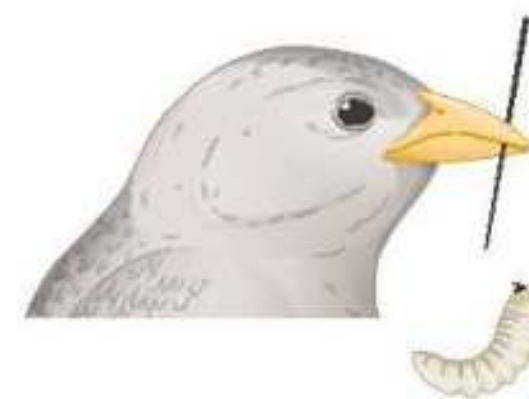
■ Znaczenie doboru naturalnego

Dobór naturalny prowadzi do utrwalenia tych cech, które są korzystne w danych warunkach środowiska, czyli tzw. cech adaptacyjnych. Allele odpowiadające za te cechy mogą już występować w populacji lub mogą powstać w wyniku mutacji.

W wyniku przystosowania organizmów do różnych warunków środowiska i utrwalania różnych cech adaptacyjnych z jednego wyjściowego gatunku mogą powstawać nowe gatunki. Przykładem są tzw. zięby Darwina – grupa kilkunastu gatunków ptaków występujących na wyspach Galapagos. Miały one wspólnego przodka pochodzącego z Ameryki Południowej i odżywiającego się nasionami. W nowym środowisku dostępnych było dużo różnych rodzajów pokarmu i występowało niewiele gatunków ptaków, z którymi zięby Darwina musiały konkurować. Dzięki temu, w wyniku przystosowania do zdobywania różnego rodzaju pokarmu, powstały nowe gatunki zięb różniące się kształtami dziobów.



Darwinka wielkodzioba
żywi się nasionami o twardych łupinach – ma masywny dziób.



Kłowacz kaktusowy
żywi się larwami, które wydobywa spod kory drzew za pomocą cierni kaktusów trzymanych w dziobie.



Darwinka kaktusowa
żywi się kwiatami i owocami kaktusów – ma długi i ostry dziób.

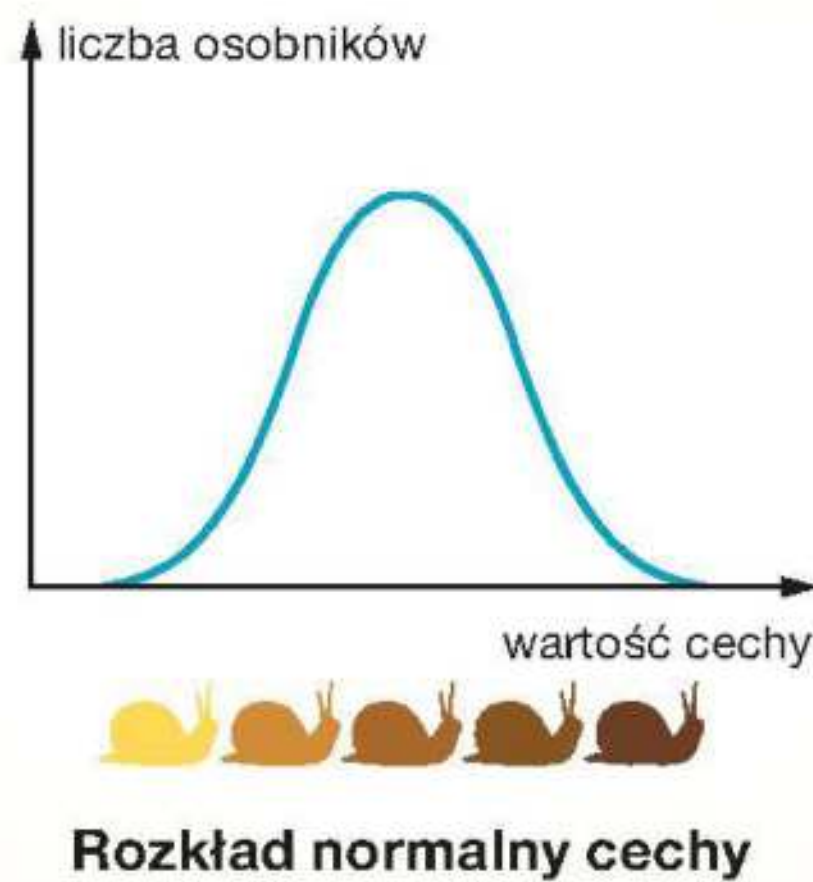


Kłowacz wegetariański
żywi się pąkami, młodymi liśćmi i nasionami – ma krótki i gruby dziób.

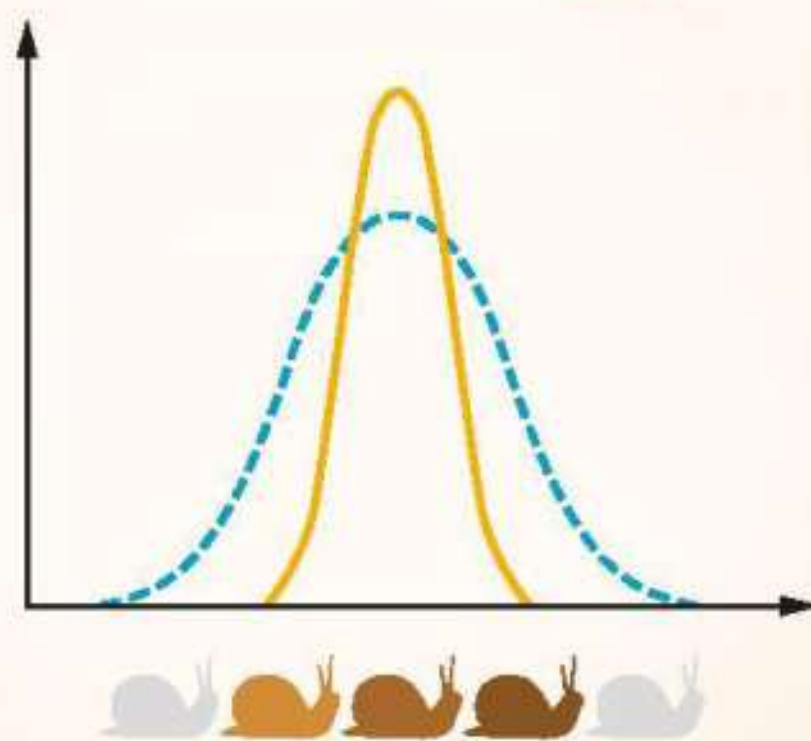
Rodzaje doboru naturalnego

Trzy główne rodzaje doboru naturalnego to: **dobór stabilizujący**, **dobór kierunkowy** i **dobór różnicujący**.

Aby zobrazować poszczególne rodzaje doboru naturalnego, posłużymy się przykładem barwy muszli ślimaka. W sytuacji modelowej (gdy nie działa dobór naturalny) cecha ta ma rozkład normalny. Najczęściej występuje jej wartość pośrednia. Zobacz, jak zmienia się rozkład cechy, gdy działają poszczególne rodzaje doboru naturalnego.



Dobór stabilizujący

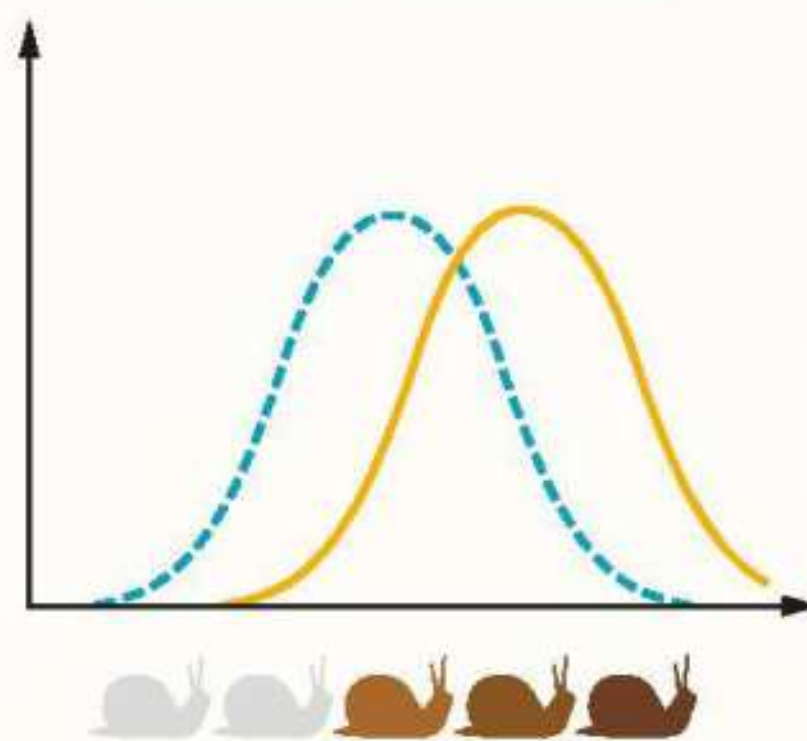


Dobór stabilizujący prowadzi do utrwalenia w populacji cech pośrednich.



Przykładem jest masa ciała noworodków człowieka. Najczęściej wynosi ona 3–3,5 kg. Mniejsza masa ciała może oznaczać trudności w rozwoju, a większa – komplikacje podczas porodu.

Dobór kierunkowy

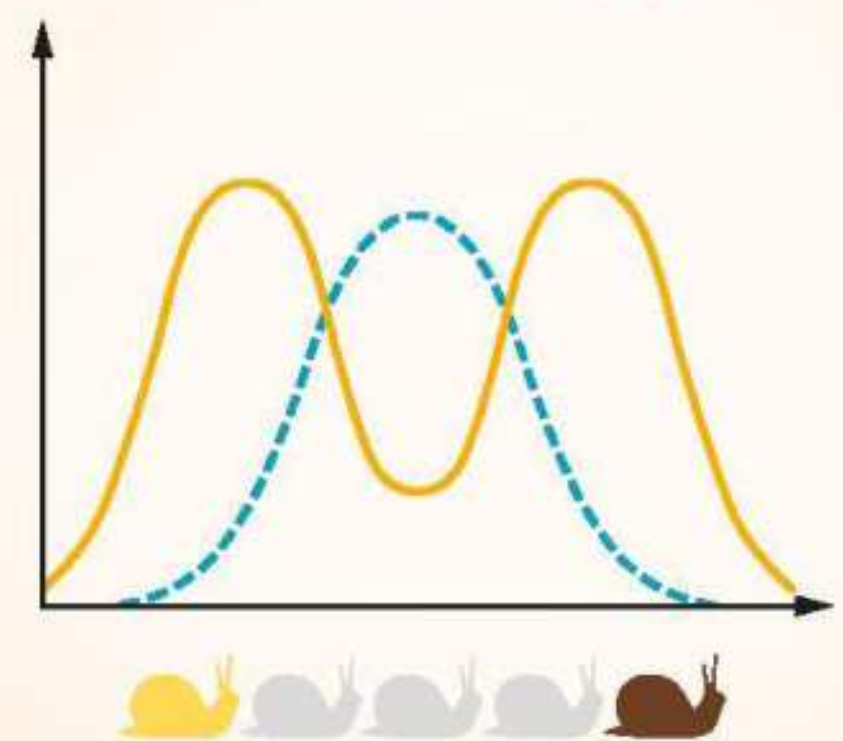


Dobór kierunkowy prowadzi do utrwalenia w populacji jednej skrajnej wartości cechy.



Dobór kierunkowy często wiąże się ze stałym nasilaniem się cechy zwiększającej szanse na przeżycie osobników. Na przykład orły tym lepiej polują, im lepszy mają wzrok.

Dobór różnicujący



Dobór różnicujący prowadzi do wyeliminowania z populacji osobników o średniej wartości cechy.



Przykładem jest zróżnicowanie koloru muszli wstężyka. Drapieżniki najszybciej uczą się rozpoznawać osobniki typowe, dlatego większe szanse na przeżycie mają osobniki o ubarwieniu nietypowym.

■ Obserwacja doboru naturalnego – melanizm przemysłowy

Melanizmem przemysłowym nazywamy zjawisko zwiększenia częstości występowania ciemnych form barwnych danego gatunku w zanieczyszczonym środowisku. Jest to przykład **doboru naturalnego kierunkowego**. Zaobserwowano go podczas badań zmian ubarwienia ćmy o nazwie krępak nabrzozak. Istnieją dwie formy barwne tego owada – ciemna i jasna. Na terenach przemysłowych w Anglii początkowo dominowała forma jasna, niewidoczna na korze drzew porośniętej jasnymi porostami. Jednak na przełomie XIX i XX w. tereny te zostały bardzo zanieczyszczone z powodu szybkiego rozwoju przemysłu. W efekcie porosty zanikły, a kora

drzew stała się ciemniejsza. Dlatego u ciem utrwałała się ciemna barwa, lepiej maskująca je przed drapieżnikami. Gdy powietrze stało się czystsze, znowu zaczęły przeważać jasne formy ćmy.



Na ciemnej korze drzew bardziej widoczna jest jasna forma ćmy.

Inne rodzaje doboru naturalnego

Szczególnymi przypadkami doboru naturalnego są dobór krewniaczy i dobór płciowy.

Dobór krewniaczy

Ten rodzaj doboru opiera się na zachowaniach altruistycznych, czyli przynoszących korzyść innym osobnikom, nawet własnym kosztem. Niektóre osobniki pomagają swoim krewnym, z którymi mają wspólne geny. W ten sposób zwiększają szansę na ich przeżycie i na przekazanie genów potomstwu. Odbywa się to kosztem zmniejszenia własnej szansy na posiadanie potomstwa. Najczęściej dobór krewniaczy występuje u **owadów społecznych**.



Robotnice bronią potomstwa królowej nawet z narażeniem własnego życia.

Dobór płciowy

To przykład doboru, w którym selekcjonerem są osobniki jednej z płci, najczęściej samice. Prowadzi on do **dymorfizmu płciowego** (różnic w wyglądzie samców i samic) i przejawia się dużą konkurencją, najczęściej samców o samice. Samce rywalizują ze sobą, walcząc lub prezentując swoje atuty, np. śpiew, barwne upierzenie czy zachowania godowe. Niekiedy dobór płciowy prowadzi do rozwoju cech kosztownych dla osobnika, m.in. zwiększających ryzyko złapania go przez drapieżniki.



Kolorowy ogon pawia ułatwia mu zdobycie samicy, ale też wyróżnia go w otoczeniu.

Koewolucja – ewolucja wiążąca dwa gatunki

Koewolucja to wspólna ewolucja dwóch gatunków powiązanych ze sobą zależnościami, takimi jak drapieżnictwo, pasożytnictwo czy mutualizm (zależność korzystna dla obu gatunków).

Na przykład koewolucja drapieżników i ich ofiar przypomina ewolucyjny wyścig zbrojeń – coraz doskonalsze sposoby łapania zdobyczy powodują wykształcanie się coraz doskonalszych metod unikania drapieżników. W wyniku koewolucji może również dojść do zacieśnienia zależności mutualistycznych między gatunkami. Przykładem są wzajemnie przystosowania kwiatów i owadów zapylających. Niekiedy prowadzi to do sytuacji, że dany gatunek rośliny może być zapylany tylko przez jeden gatunek owada, a wyginięcie jednego gatunku oznacza wymarcie drugiego gatunku.

Storczyki z długą ostrogą zawierającą nektar muszą być zapylane przez ćmy o długich ssawkach.



Bliżej życia

W skrócie

- **Dobór naturalny** (selekcja naturalna) to mechanizm ewolucji polegający na tym, że przetrwać mogą te osobniki, które są najlepiej przystosowane do środowiska. To one mają szansę na przekazanie swoich cech osobnikom potomnym.
- Dobór naturalny dzielimy na:
 - **dobór stabilizujący** – prowadzi do utrwalenia średniej wartości cechy,
 - **dobór kierunkowy** – prowadzi do utrwalenia jednej, skrajnej wartości cechy,
 - **dobór różnicujący** – prowadzi do wyeliminowania osobników o średniej wartości cechy.
- W ewolucji duże znaczenie mają także:
 - **dobór krewniaczy**, który polega na pomocy osobnikom blisko spokrewnionym (mającym wspólne geny),
 - **dobór płciowy**, w którym selekjonerem jest osobnik jednej płci, zwykle samica. Prowadzi on do konkurencji między osobnikami tego samego gatunku o partnera do rozrodu.

Polecenia kontrolne

1. Opisz mechanizm działania doboru naturalnego.
2. Wymień i porównaj rodzaje doboru naturalnego.
3. Wyjaśnij, jakie znaczenie dla działania doboru naturalnego ma zmienność genetyczna.
4. Oceń poprawność sformułowania: „Dobór naturalny prowadzi do powstawania nowych cech organizmów, dzięki czemu jest głównym mechanizmem ewolucji”. Odpowiedź uzasadnij.



4.3.

Ewolucja na poziomie populacji. Specjacja

Zwróć uwagę na:

- pojęcie gatunku jako izolowanej puli genowej,
- dryf genetyczny i jego mechanizmy,
- utrzymywanie się alleli warunkujących choroby genetyczne mimo doboru naturalnego,
- specjację jako mechanizm powstawania gatunków.

Dobór naturalny działa na osobniki, jednak, aby zaobserwować zmiany ewolucyjne, konieczne jest przyjrzenie się grupie osobników na przestrzeni wielu pokoleń. Czy przypadkowe zmiany w tej grupie mogą prowadzić do powstawania nowych gatunków?

■ Gatunek i jego pula genowa

Gatunek to grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa. Ewolucję gatunku obserwujemy zwykle na poziomie **populacji**, czyli grupy osobników danego gatunku żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie.

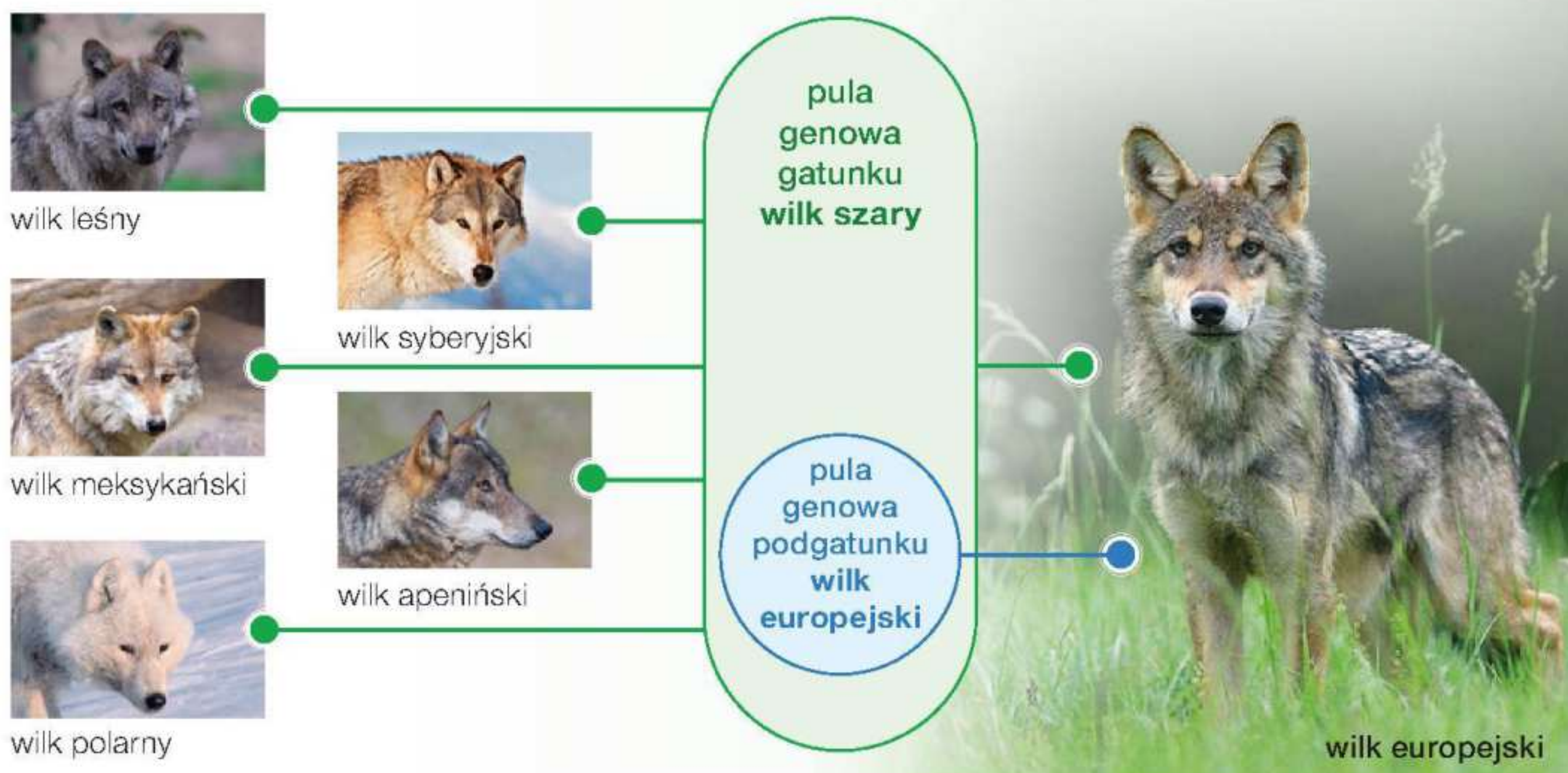
Osobniki wchodzące w skład danej populacji różnią się wieloma cechami – występuje między nimi zmienność genetyczna, wynikająca z obecności wielu różnych alleli genów.

Sumę wszystkich możliwych alleli genów osobników danej populacji nazywamy **pulą genową 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), możemy powiedzieć, że gatunek to **izolowana pula genowa**.

Pula genowa gatunku na przykładzie wilka szarego

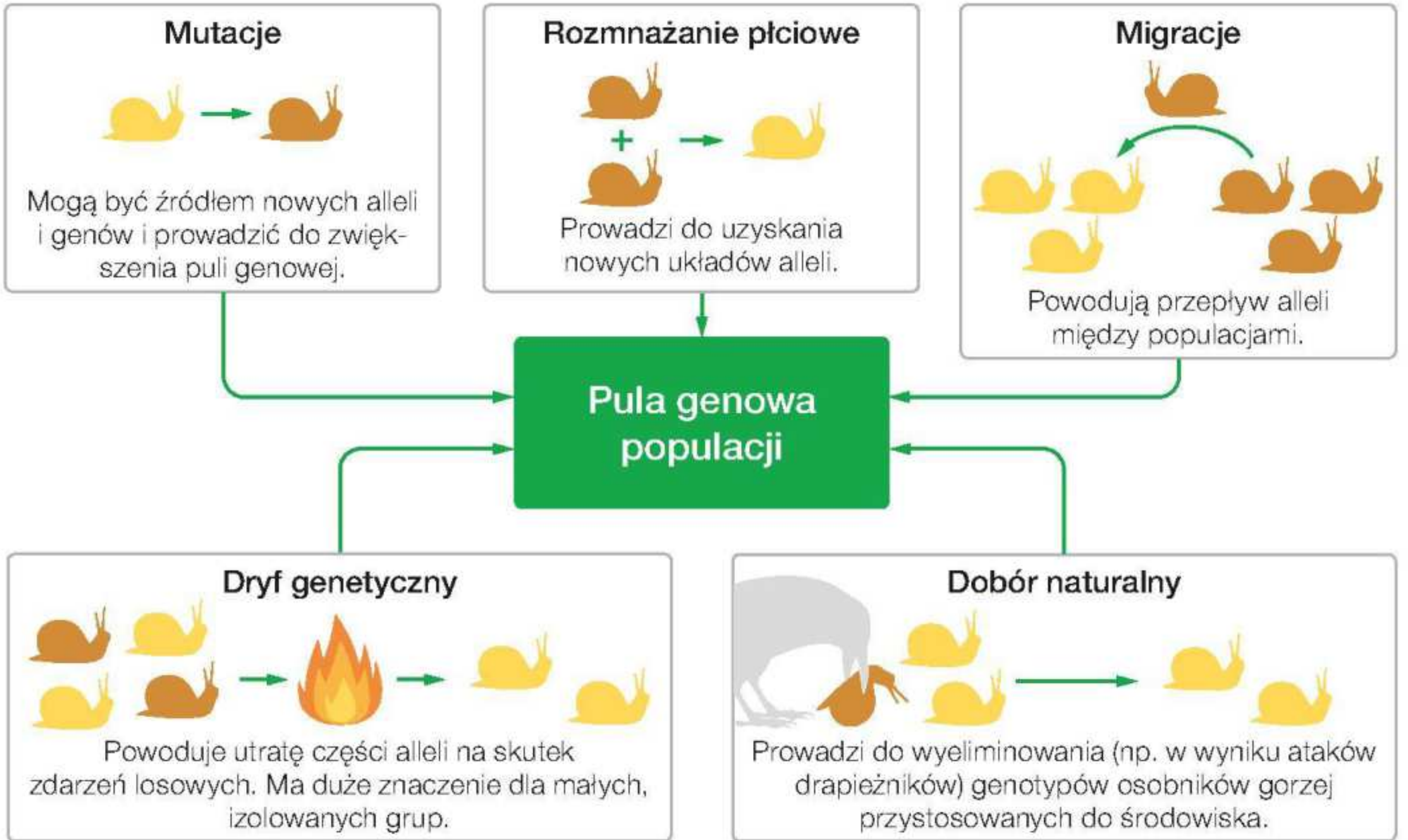
Wilk szary jest gatunkiem, u którego wyróżnia się wiele podgatunków. Pula genowa każdego podgatunku zawiera warianty genów odpowiadające za cechy, dzięki którym jest on lepiej przystosowany do danego środowiska. Razem tworzą one **pulę genową gatunku**.





Przyczyny zmian częstości występowania alleli w populacji

Ewolucję możemy zaobserwować dzięki badaniu zmian częstości występowania alleli w puli genowej populacji na przestrzeni wielu pokoleń. Najważniejsze przyczyny tych zmian przedstawiliśmy poniżej.

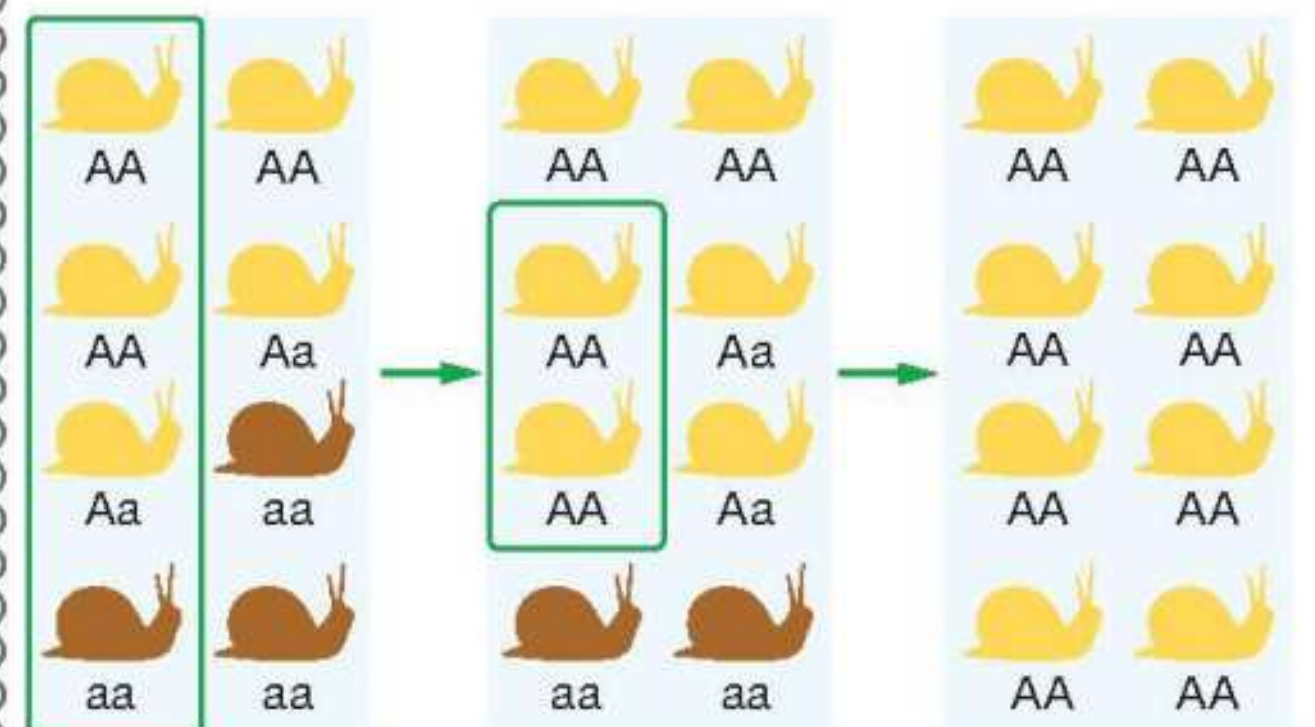


■ Dryf genetyczny

Dryfem genetycznym nazywamy przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej populacji. To zjawisko losowe, które ma największe znaczenie dla małych, izolowanych od innych populacji. W takich grupach o tym, które osobniki przeżyją i przekażą swoje geny potomstwu, często decyduje szczęśliwy traf. Jest to związane z tym, że małe populacje w szczególny sposób są narażone na oddziaływanie różnych czynników środowiska. W takich populacjach wyeliminowanie nawet kilku osobników może doprowadzić do zubożenia ich puli genowej.

W populacjach dużych i różnorodnych zdarzenia losowe, takie jak śmierć jednego osobnika, nie odgrywają dużej roli. Dlatego wpływ dryfu genetycznego jest w nich mniej zauważalny.

✂ W odróżnieniu od doboru naturalnego dryf genetyczny nie prowadzi do zwiększenia przystosowania osobników danej populacji do środowiska. Zmiany zachodzące w wyniku jego działania są całkowicie losowe – mogą być korzystne lub niekorzystne.



✂ Częstość występowania alleli genów w pokoleniach potomnych zależy od tego, które osobniki przystąpiły do rozrodu. Na ilustracji osobniki rozmnażające się oznaczyliśmy zieloną ramką.

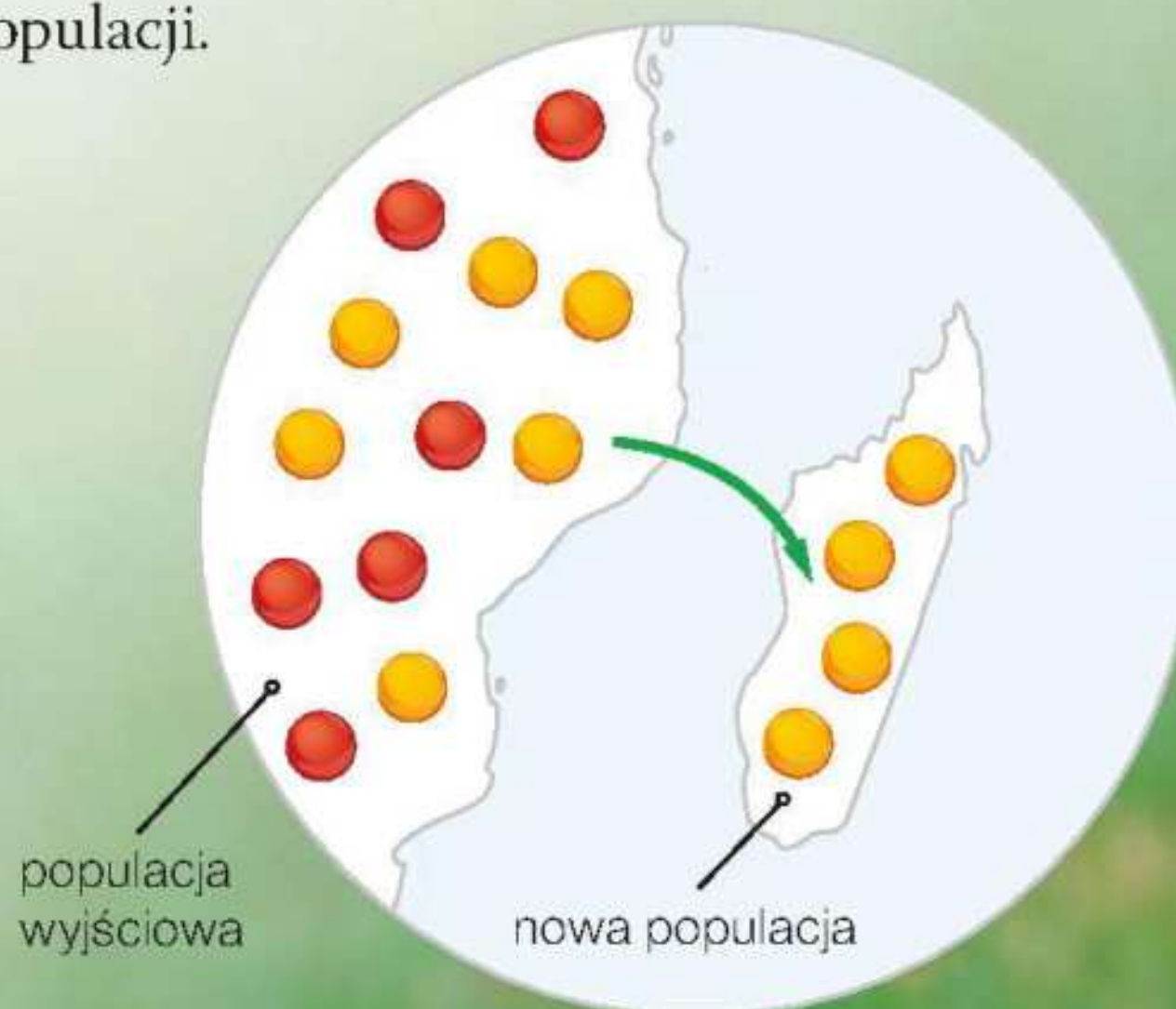


Dryf genetyczny w działaniu

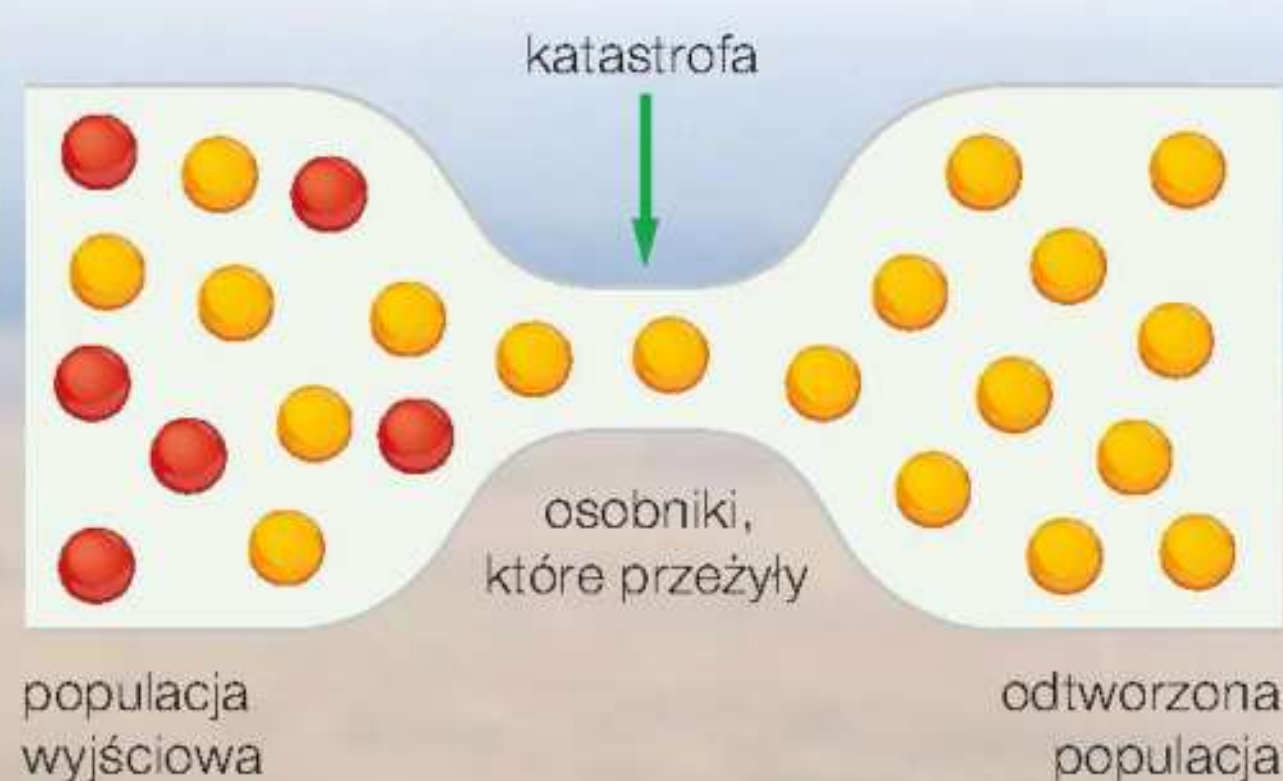
Do najbardziej znanych przykładów obrazujących działanie dryfu genetycznego należą **efekt założyciela** i **efekt wąskiego gardła**. Prowadzą one do zubożenia puli genowej populacji.

■ Efekt założyciela

Efekt założyciela może wystąpić wtedy, gdy mała grupa osobników zasiedli nowy teren, np. wyspę, i zostanie odizolowana od wyjściowej populacji. Pula genowa tej grupy zależęć będzie wtedy jedynie od alleli genów jej założycieli. Dodatkowo mogą na nią znacząco wpłynąć zdarzenia losowe, m.in. śmierć jednego osobnika. Dlatego w takiej populacji obserwuje się np. zwiększenie częstości występowania alleli rzadkich w wyjściowej populacji.



Populacja jeży zachodnich w Nowej Zelandii powstała w wyniku przewiezienia tam z Europy niewielkiej grupy osobników tego gatunku. Zaobserwowano, że często występuje w niej rzadki na terenie Europy allel powodujący nieprawidłowe uzębienie.



■ Efekt wąskiego gardła

Efekt wąskiego gardła występuje najczęściej w populacji dotkniętej katastrofą, np. pożarem, suszą lub chorobą zakaźną. Katastrofę przeżywają tylko nieliczne osobniki, które odtwarzają populację. Pula genowa tej populacji jest jednak zubożona – nie występują w niej wszystkie allele obecne przed zdarzeniem. Różnorodność genetyczna się zmniejsza, dlatego gatunek jest bardziej narażony na wyginiecie, np. w wyniku zmian warunków środowiska.

Wyniki badań genetycznych wskazują, że w populacji gepardów dwukrotnie zadziałał efekt wąskiego gardła. Pierwszy raz ok. 10 tys. lat temu podczas ochłodzenia klimatu, a drugi raz – w ciągu ostatnich stu lat na skutek zmniejszenia się ich naturalnego środowiska i polowań.





■ Dobór naturalny a choroby genetyczne

Zgodnie z zasadami doboru naturalnego cechy niekorzystne są eliminowane z populacji. Dlaczego więc w pulach genowych populacji ciągle występują allele powodujące choroby genetyczne? Dzieje się tak głównie dlatego, że większość chorób genetycznych jest powodowana przez **allele recesywne**. Nie są one eliminowane w wyniku działania doboru naturalnego, ponieważ ujawniają się wyłącznie u homozygot recesywnych. Heterozygoty są zdrowe, nie wykazują objawów choroby, ale mogą przekazać wadliwy allel swoim dzieciom. Do chorób człowieka warunkowanych

przez allele recesywne należą m.in. fenyloketonuria i mukowiscydoza.

Nieprawidłowe **allele dominujące** zwykle są eliminowane przez dobór naturalny. Mogą jednak pozostać w populacji, jeżeli objawy choroby ujawniają się późno, już po wydaniu na świat potomstwa. Przykładem choroby człowieka warunkowanej przez allel dominujący jest choroba Huntingtona.

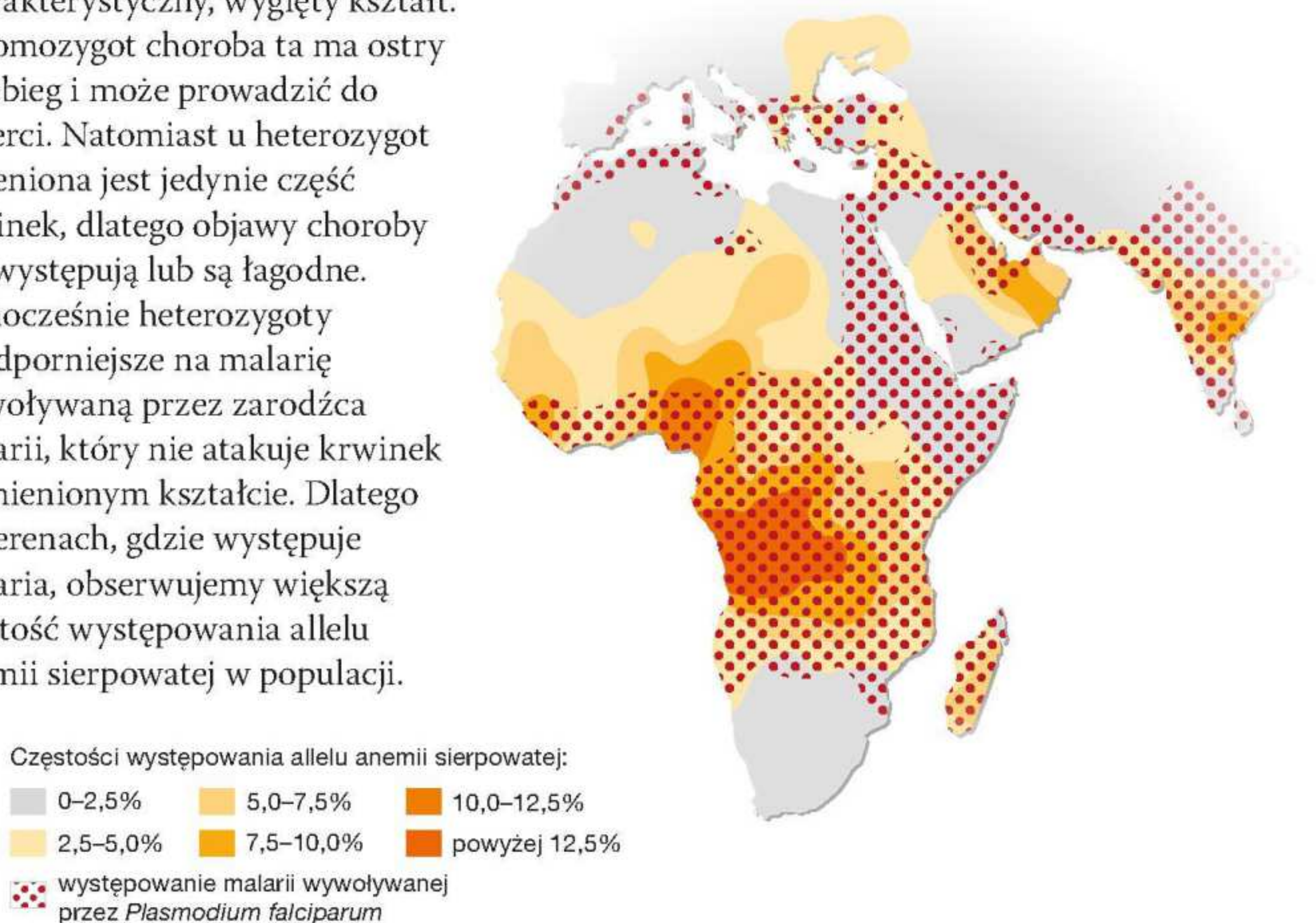
Czasem zdarza się również, że heterozygotyczne osobniki mające jeden allel warunkujący chorobę wykazują lepsze przystosowanie do środowiska. Mówimy wtedy o **przewadze heterozygot**. Zjawisko to zachodzi w przypadku **anemii sierpowatej**.

Związek między anemią sierpowatą a malarią

Anemia sierpowata jest chorobą dziedziczną recesywnie.

Warunkujący ją nieprawidłowy allel powoduje, że erytrocyty mają charakterystyczny, wygięty kształt. U homozygot choroba ta ma ostry przebieg i może prowadzić do śmierci. Natomiast u heterozygot zmieniona jest jedynie część krwinek, dlatego objawy choroby nie występują lub są łagodne. Jednocześnie heterozygoty są odporniejsze na malarię wywoływaną przez zarodźca malarii, który nie atakuje krwinek o zmienionym kształcie. Dlatego na terenach, gdzie występuje malaria, obserwujemy większą częstość występowania allelu anemii sierpowatej w populacji.

Zależność częstości występowania allelu anemii sierpowatej od zasięgu występowania malarii



■ Specjacja, czyli jak powstają nowe gatunki

Ewolucja może mieć różną skalę. Czasami dotyczy małych zmian, które zaszły w kilku pokoleniach i doprowadziły do powstania różnic w obrębie gatunku. Jest to tzw. **mikroewolucja** związana ze zmianami częstości występowania alleli w populacjach. Czasem jednak zmiany trwają dłużej, kumulują się i zachodzą na większą skalę. Wtedy pomiędzy populacjami powstają różnice wynikające z pojawiania się nowych alleli, lepiej przystosowujących organizmy do warunków środowiska. Powoli wytwarza się zespół cech odróżniających osobniki danej populacji od osobników innych populacji – powstaje odrębny gatunek. Taki proces prowadzący do powstania nowego gatunku nazywamy **specjacją**.

Specjacja jest wzmacniana przez **mechanizmy izolacji rozrodczej**, które uniemożliwiają wymianę genów między populacjami. Przykładami takich mechanizmów są:

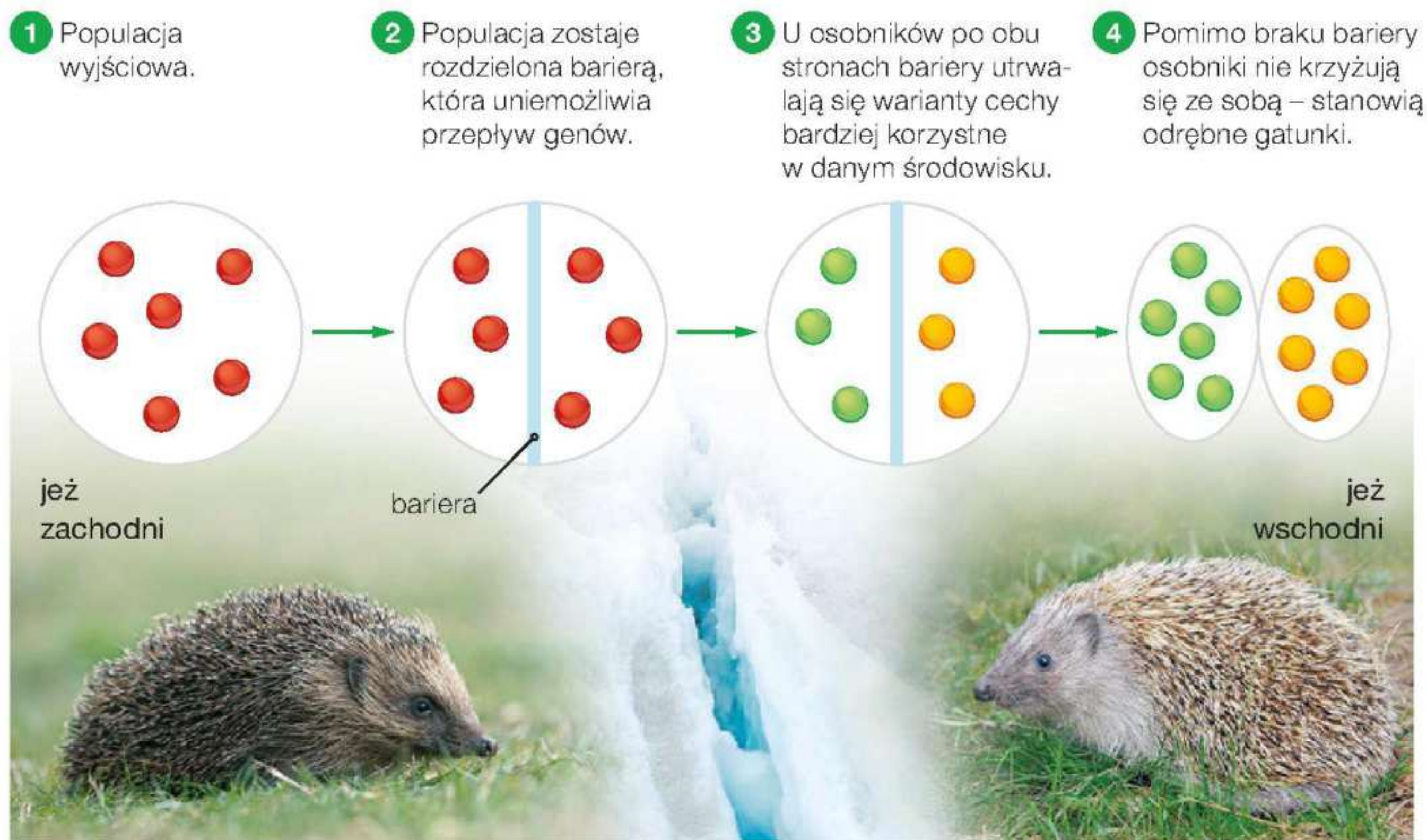
bezpłodność mieszańców, odmienne zachowania godowe i zmiany w budowie narządów rozrodczych uniemożliwiające krzyżowanie się osobników rozdzielonych populacji.

Wykształcenie się mechanizmów izolacji rozrodczej najczęściej jest związane z pojawieniem się barier geograficznych.

Specjacja dzięki barierom geograficznym

Ten rodzaj specjacji polega na rozdzieleniu populacji na grupy przez barierę geograficzną, np. lodowiec, górę czy morze. Bariera uniemożliwia wymianę genów pomiędzy grupami, a każda grupa jest przystosowana do innego środowiska i tworzy oddzielną populację. U osobników należących do rozdzielonych populacji zachodzą losowe mutacje, które wpływają na powstawanie różnic między populacjami. Po pewnym czasie różnice te są na tyle duże, że osobniki rozdzielonych populacji nie mogą się już ze sobą krzyżować.

Specjacja spowodowana barierą geograficzną



Przykładem tego typu specjacji jest powstanie dwóch gatunków jeża w Europie. Gatunki te powstały z populacji wyjściowej rozdzielonej przez lodowiec. Po ustąpieniu lodowca nie mogły się już ze sobą krzyżować mimo występowania na tym samym terenie.



Specjacja bez barier geograficznych

Ten rodzaj specjacji polega na podziale populacji na kilka grup bez obecności bariery geograficznej. Podział może być spowodowany

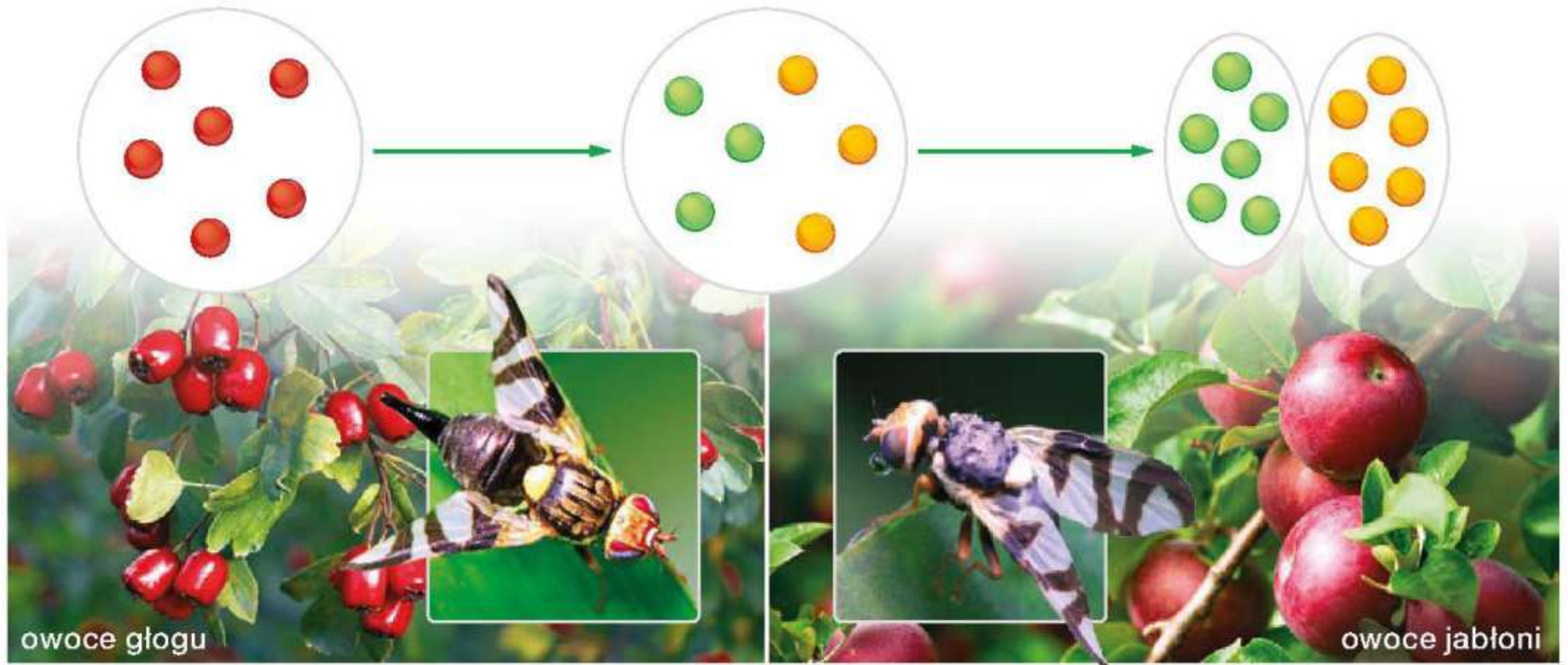
np. przyczynami ekologicznymi, takimi jak różne zachowania godowe lub inne siedliska. W wyniku różnic osobniki rozdzielonych grup nie mogą się ze sobą krzyżować.

Specjacja zachodząca bez bariery geograficznej

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 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 i w takich grupach zwykle się krzyżują.

W skrócie

- **Gatunek** to grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa.
- **Pulą genową populacji** nazywamy zbiór alleli wszystkich genów, które znajdują się u wszystkich osobników danej populacji. Suma puli genowych wszystkich populacji danego gatunku tworzy pulę genową tego gatunku.
- **Dryf genetyczny** to proces przypadkowych zmian częstości występowania alleli w populacji, widoczny zwłaszcza w małych, izolowanych populacjach. Przykładami działania dryfu genetycznego są **efekt założyciela** oraz **efekt wąskiego gardła**.
- **Specjacja** to proces powstawania nowych gatunków.

Polecenia kontrolne

1. Wyjaśnij, czym różni się pula genowa populacji od puli genowej gatunku.
2. Porównaj znaczenie dryfu genetycznego dla małej i dużej populacji.
3. Wyjaśnij, w jaki sposób zjawisko przewagi heterozygot wpływa na występowanie alleli powodujących choroby w populacji.



4.4. Historia życia na Ziemi

Zwróć uwagę na:

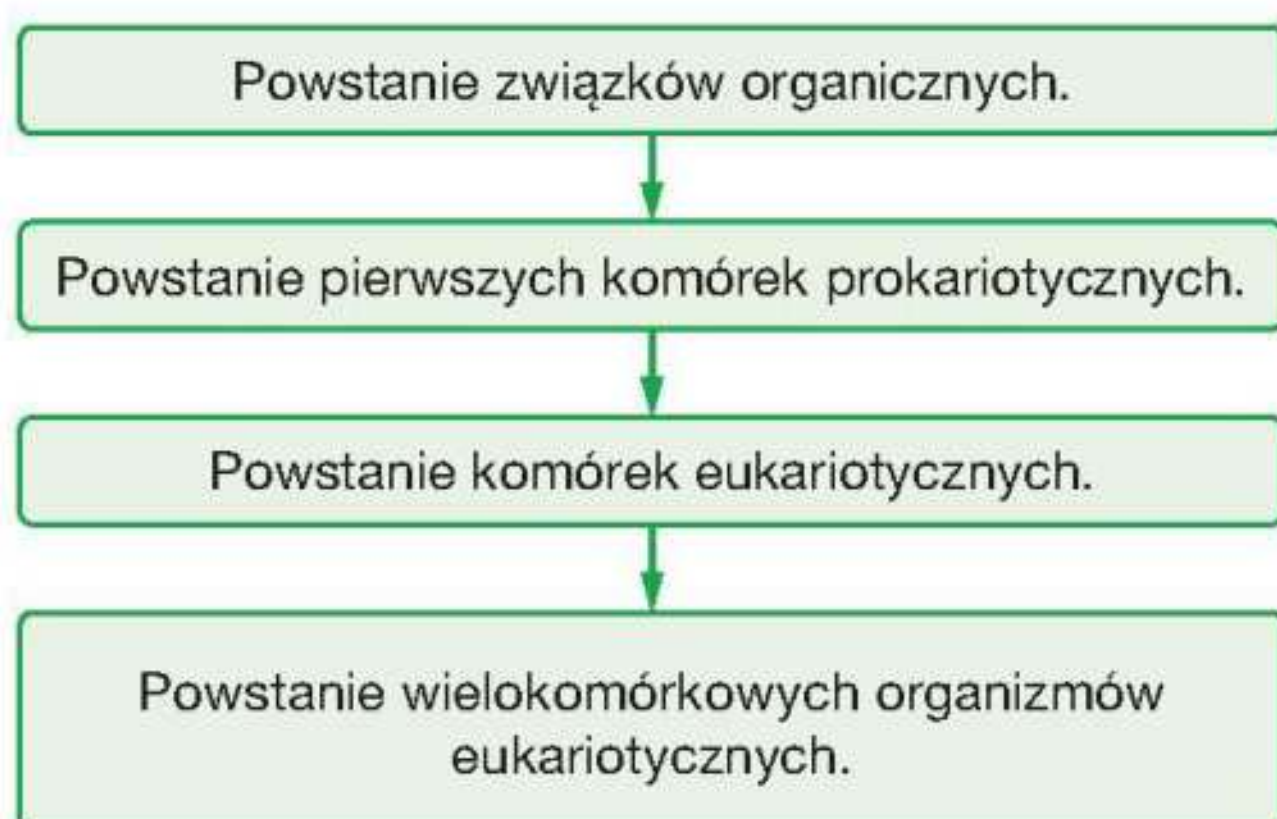
- hipotezy wyjaśniające najważniejsze etapy biogenezy,
- wpływ zmian warunków środowiskowych na przebieg ewolucji,
- chronologiczne przedstawianie wydarzeń z historii życia na Ziemi.

Historia Ziemi liczy ok. 4,6 mld lat. Przy odtwarzaniu jej przebiegu współpracują ze sobą naukowcy z różnych dziedzin nauki. Dzięki tej współpracy powstają hipotezy, które pomagają nam zrozumieć, w jaki sposób na Ziemi mogło powstać życie i jakie procesy doprowadziły do rozwoju obecnie występujących organizmów.

■ Początki życia

Na podstawie badań naukowców możemy odtworzyć prawdopodobne warunki panujące na Ziemi na początku jej istnienia. Atmosfera naszej planety była wówczas pozbawiona tlenu, a zawierała wodór, metan, siarkowodór, tlenki węgla i azotu oraz amoniak. Większość powierzchni Ziemi pokrywał praocean. Panowała wysoka temperatura, częste były erupcje wulkanów i silne wyładowania elektryczne. Brak warstwy ozonowej sprzyjał przenikaniu do powierzchni Ziemi promieniowania ultrafioletowego. W takich warunkach zachodziła **biogeneza**, czyli procesy, które doprowadziły do powstania życia.

Wybrane etapy biogenezy



■ Związki organiczne

W jaki sposób powstały pierwsze związki organiczne? Aby odpowiedzieć na to pytanie, naukowcy w warunkach laboratoryjnych odtwarzali skład pierwotnej atmosfery ziemskiej oraz procesy, którym ona podlegała. Podczas tych badań powstawały proste związki organiczne, takie jak aminokwasy, cukry proste czy zasady azotowe. Oznacza to, że ze składników nieorganicznych mogą powstawać podstawowe składniki organiczne organizmów.

Po pewnym czasie proste związki organiczne zaczęły się prawdopodobnie łączyć w większe cząsteczki. Doprowadziło to do powstania białek, kwasów nukleinowych czy lipidów. Naukowcy przypuszczają, że procesy te zachodziły w wodach praoceanu.



Jedna z hipotez zakłada, że związki organiczne, a następnie pierwsze organizmy powstały w pobliżu kominów hydrotermalnych. Są to szczeliny w dnie oceanów, przez które wypływa gorąca woda.

Pierwsze komórki prokariotyczne

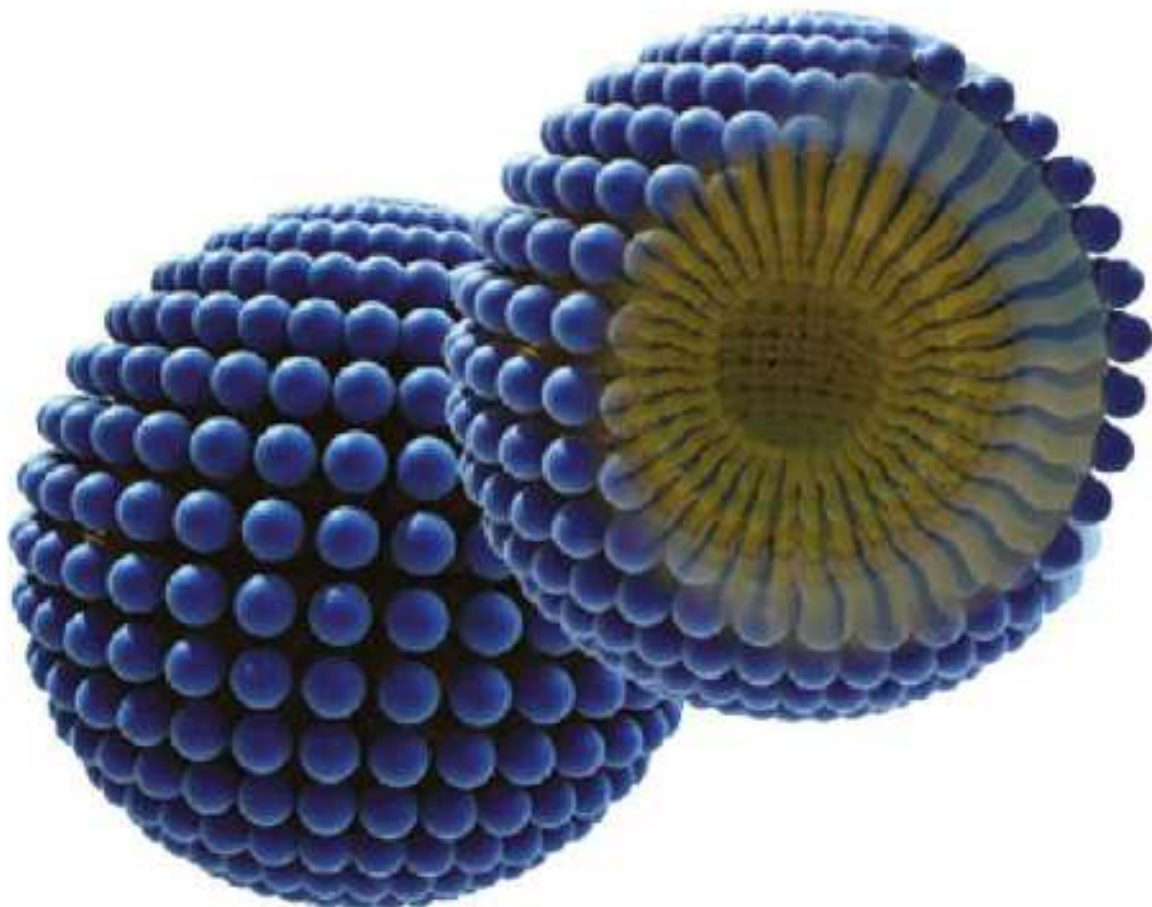
Każda komórka jest otoczona białkowo-lipidową błoną, a wewnątrz zawiera materiał genetyczny, dzięki któremu wytwarza białka konieczne do jej funkcjonowania. Czy związki organiczne mogły połączyć się w takie struktury? Jak wynika z badań, lipidy w środowisku wodnym spontanicznie tworzą pęcherzyki (micele) zbudowane z jednej lub dwóch warstw. Jeżeli wewnątrz takiego pęcherzyka zostałby zamknięty materiał genetyczny, mogłaby powstać pierwsza pracomórka.

Czy wiesz, że...

Obecnie materiałem genetycznym organizmów jest DNA. Jednak część badaczy uważa, że pierwszym materiałem genetycznym był RNA. Niektóre cząsteczki RNA mają bowiem właściwości enzymatyczne i mogą się replikować bez udziału białek. Hipotetyczny okres w historii Ziemi, w którym to RNA był materiałem genetycznym, nazywamy „światem RNA”.

Dzięki śladom kopalnym wiemy, że **pierwsze organizmy jednokomórkowe** pojawiły się ok. 3,8–3,5 mld lat temu w praoceanie. Prawdopodobnie były to **cudzożywne, bez-tlenowe organizmy prokariotyczne**. Praocean zawierał związki organiczne, które mogły być pobierane przez organizmy bezpośrednio z otoczenia.

Kolejnym etapem rozwoju życia było powstanie **organizmów samożywnych**.



Model miceli tworzonych przez lipidy.

Najpierw powstały organizmy przeprowadzające **chemosyntezę**, a następnie – organizmy zdolne do **fotosyntezy**. Był to przełomowy moment, ponieważ produktem ubocznym fotosyntezy jest tlen. Wzrost poziomu tlenu w atmosferze umożliwił rozwój organizmów oddychających tlenowo, stanowiących większość współcześnie znanych nam gatunków.

Pierwsze organizmy fotosyntetyzujące prawdopodobnie przypominały dzisiejsze sinice (samożywne bakterie). Świadczą o tym badania stromatolitów, czyli formacji skalnych utworzonych z węglanu wapnia w wyniku działania sinic. Najstarsze ze zbadanych stromatolitów mają ponad 3,5 mld lat.

Pierwsze komórki eukariotyczne

Bardzo ważnym etapem w rozwoju życia na Ziemi było pojawienie się ok. 1,5 mld lat temu **komórek eukariotycznych**. Komórki te mają jądro komórkowe oraz inne wyspecjalizowane struktury, np. mitochondria odpowiadające za oddychanie komórkowe czy – komórki roślinne – chloroplasty, które biorą udział w fotosyntezie. Z komórek eukariotycznych jest zbudowana większość współcześnie istniejących organizmów.

To, w jaki sposób z prostych komórek prokariotycznych mogły powstać komórki eukariotyczne, stara się wyjaśnić **teoria endosymbiozy**.

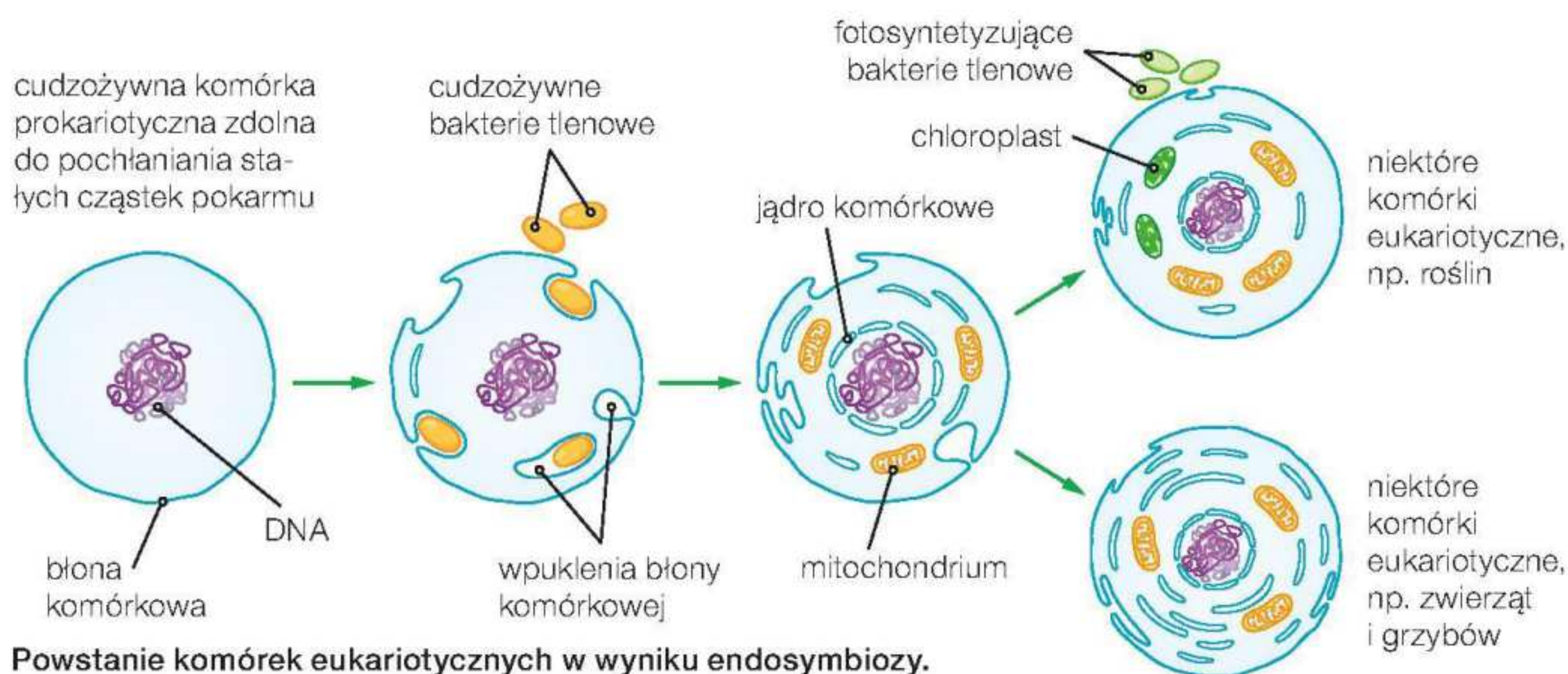


Stromatolity u wybrzeży Australii.



Teoria endosymbiozy

Teoria endosymbiozy zakłada, że komórki eukariotyczne powstały w wyniku pochlónięcia małych komórek bakterii przez inne cudzożywne komórki prokariotyczne. Pochłonięte bakterie nie zostały jednak strawione. Pomiedzy nimi a komórką gospodarza powstała symbioza i stały się one organellami komórkowymi. Cudzożywne bakterie tlenowe przekształciły się w mitochondria, a bakterie fotosyntetyzujące – w chloroplasty. Dowodem potwierdzającym tę teorię jest m.in. obecność w mitochondriach i chloroplastach kolistego DNA przypominającego chromosom bakteryjny oraz rybosomów podobnych do rybosomów bakteryjnych.



Organizmy wielokomórkowe

Organizmy wielokomórkowe pojawiły się na Ziemi ok. 700 mln lat temu. Budowa wielokomórkowa umożliwiła im zwiększenie rozmiarów oraz wytworzenie skomplikowanych układów narządów. Dzięki temu organizmy mogły przystosować się do różnych środowisk, co prowadziło do ich ogromnego zróżnicowania.

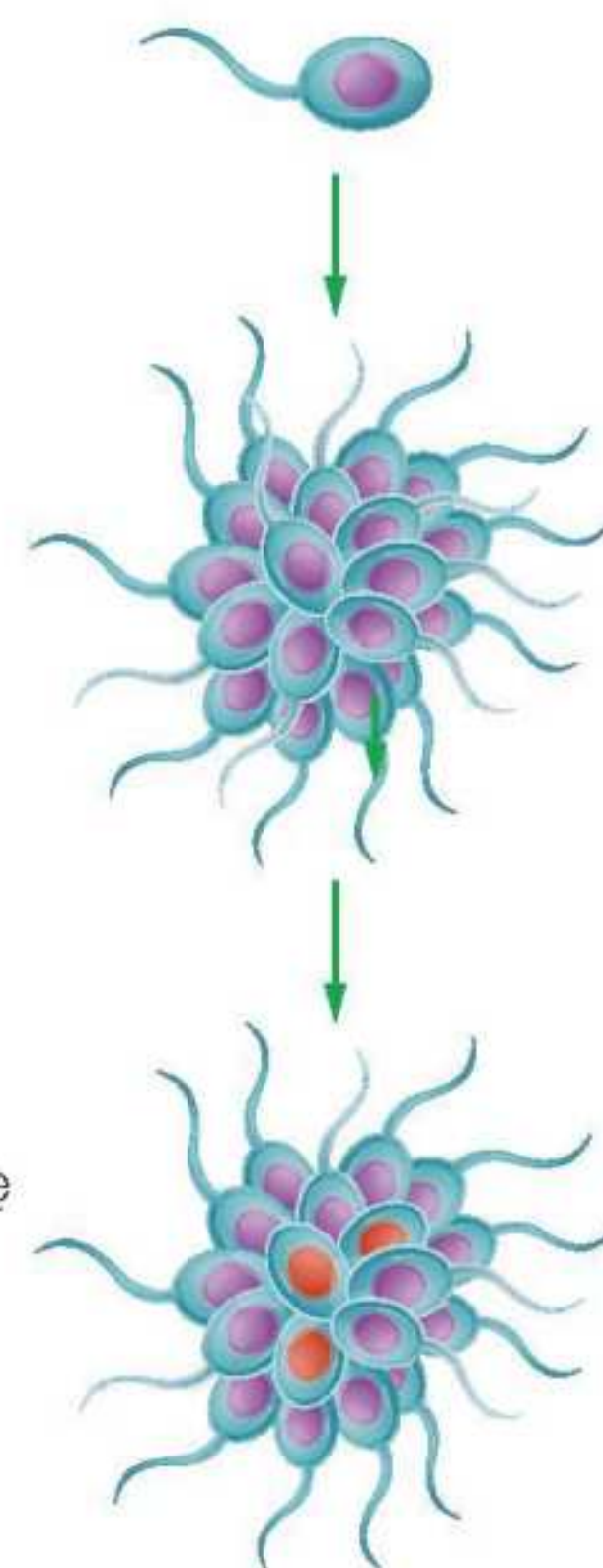
W jaki sposób powstawały organizmy wielokomórkowe? Prawdopodobnie pojedyncze komórki eukariotyczne zaczęły łączyć się w kolonie. Wewnątrz kolonii komórki specjalizowały się do pełnionej funkcji. Stopniowo uzależniły się od siebie, co doprowadziło do powstania tkanek, narządów i układów narządów. Wymagało to m.in. ewolucji mechanizmów kontrolowania ekspresji genów tak, by mimo tego samego DNA komórki mogły np. produkować różne białka.

Powstanie organizmów wielokomórkowych

1 Samodzielna, pojedyncza komórka.

2 Komórki tworzą kolonię – żyją w grupie, ale zachowują odrębność.

3 Komórki specjalizują się – ich przeżycie jest uzależnione od innych komórek.



■ Środowisko a ewolucja

Na przebieg biogenezy wpływały warunki środowiskowe. Na przykład warunki panujące na początku istnienia Ziemi umożliwiły powstanie związków organicznych i pierwszych organizmów.

Część zmian środowiskowych była efektem rozwoju kolejnych form życia. Powstanie organizmów fotosyntetyzujących wzbogaciło atmosferę w tlen. Spowodowało to całkowitą zmianę warunków życia – dominujące dotąd organizmy beztlenowe zostały w dużym stopniu zastąpione przez organizmy tlenowe. Oddychanie tlenowe dostarcza znacznie więcej energii, dlatego organizmy wielokomórkowe mogły się bardzo szybko rozwijać.

Dużym ewolucyjnym wyzwaniem było dla organizmów **opanowanie środowiska lądowego**, ponieważ warunki panujące na lądzie różnią się od warunków panujących w wodzie. Było to możliwe dzięki powstaniu wielu przystosowań, takich jak tkanka przewodząca wodę (dREWNO) u roślin i odnóża kroczone czy układy oddechowe umożliwiające oddychanie tlenem atmosferycznym u zwierząt.

Dryf kontynentów

Na ewolucję i występowanie organizmów na kuli ziemskiej wpłynął również dryf kontynentów. Podczas przemieszczania się lądów dochodziło m.in. do wypiętrzania się gór,



Skamieniały szkielet sejmurii – wymarłego gatunku, który wykazywał cechy przejściowe między płazami a gadami.

rozdzielania terenów wodami oceanów oraz zmian klimatycznych. Wiele organizmów dotychczas występujących na tym samym terenie zostało rozdzielonych na grupy. Dzięki temu w wyniku specjacji powstawały nowe gatunki.

Wulkanizm i zlodowacenia

Jednym z istotnych czynników wpływających na ewolucję organizmów był **wulkanizm**. Dzięki niemu utworzyły się m.in. archipelagi, które mogły zostać zasiedlone przez organizmy. Wybuchy wulkanów prowadziły też do wyginięcia żyjących w ich pobliżu populacji.

Zmiany ewolucyjne były również powodowane przez ochłodzenie się klimatu i **okresy zlodowaceń**. W efekcie przystosowania się do nowych warunków środowiska powstały takie gatunki, jak mamut włochaty i nosorożec włochaty.

■ Wielkie wymierania gatunków

W historii naszej planety miały miejsce różne katastrofy, m.in. uderzenia w powierzchnię Ziemi meteorytów lub asteroid, wzmożona aktywność wulkanów, zmiany klimatu. Każda katastrofa powodowała wielkie wymieranie gatunków. W miejsce wymarłych gatunków pojawiały się jednak nowe gatunki. Przykładowo po wymarciu dinozaurów 65 mln lat temu zwolniły się miejsca zajmowane przez nie w ekosystemach, co z kolei umożliwiło ssakom rozprzestrzenianie się.

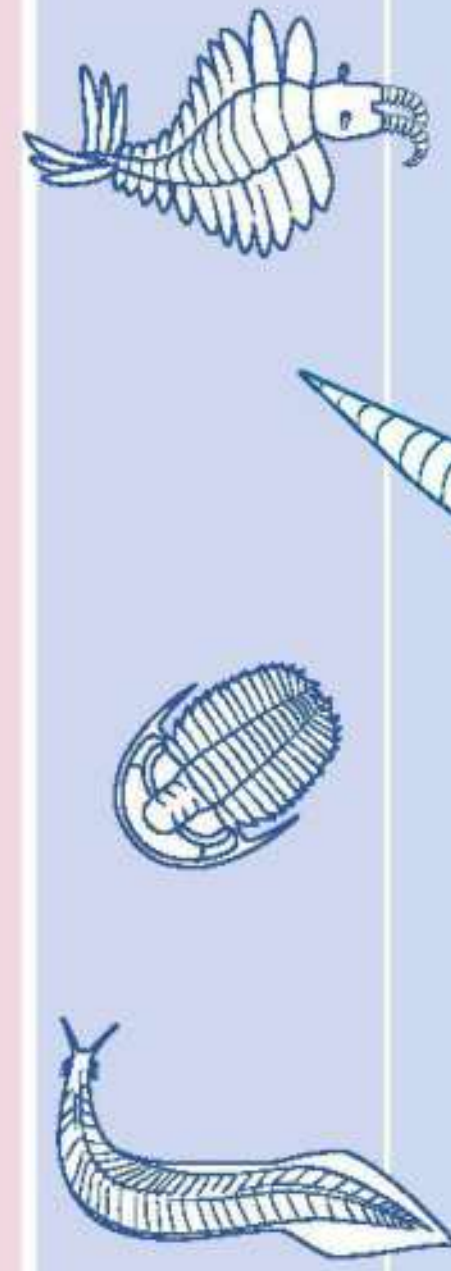
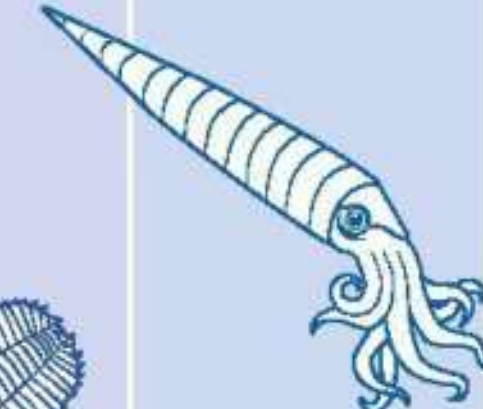
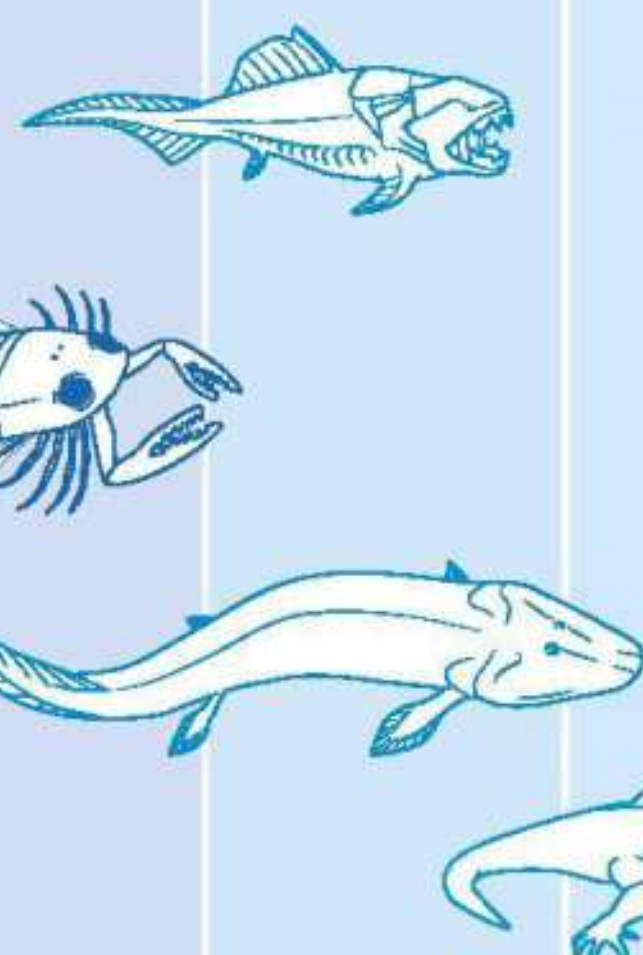


Obecnie obserwujemy kolejne wymieranie gatunków związane m.in. ze zmianami klimatycznym. Gatunkiem zagrożonym wyginięciem jest np. niedźwiedź polarny.



Etapy rozwoju organizmów na Ziemi

Historię życia na Ziemi dzielimy na trzy główne okresy nazywane eonami. Ostatni eon składa się z kilku er. Analizując tabelę, zwróć uwagę na kolejność pojawiania się poszczególnych grup organizmów.

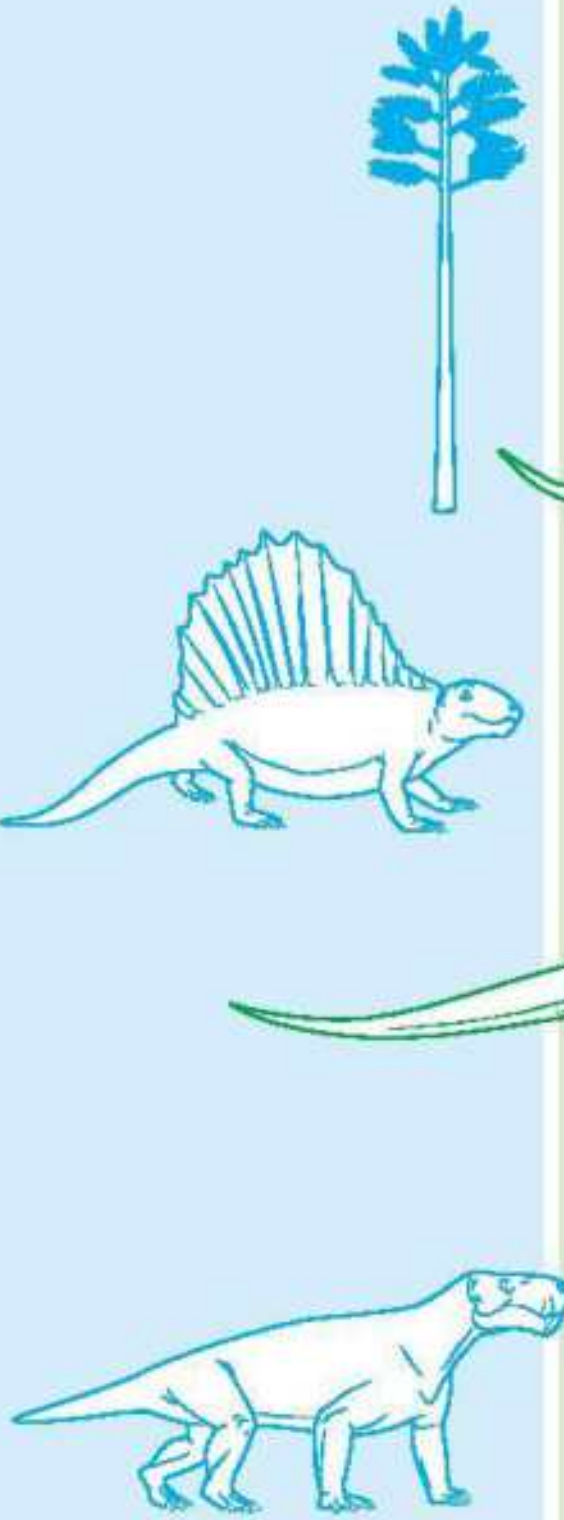
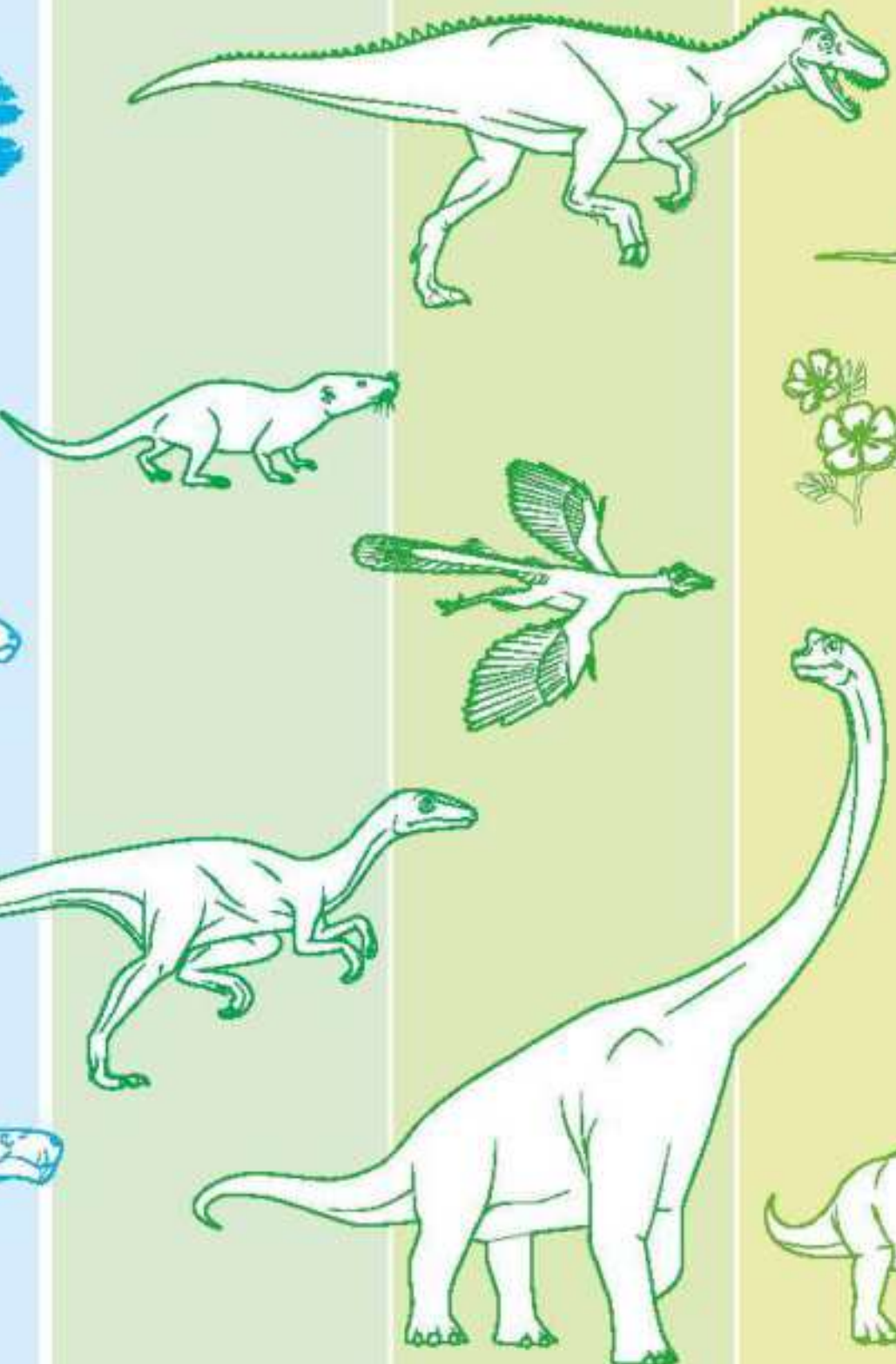
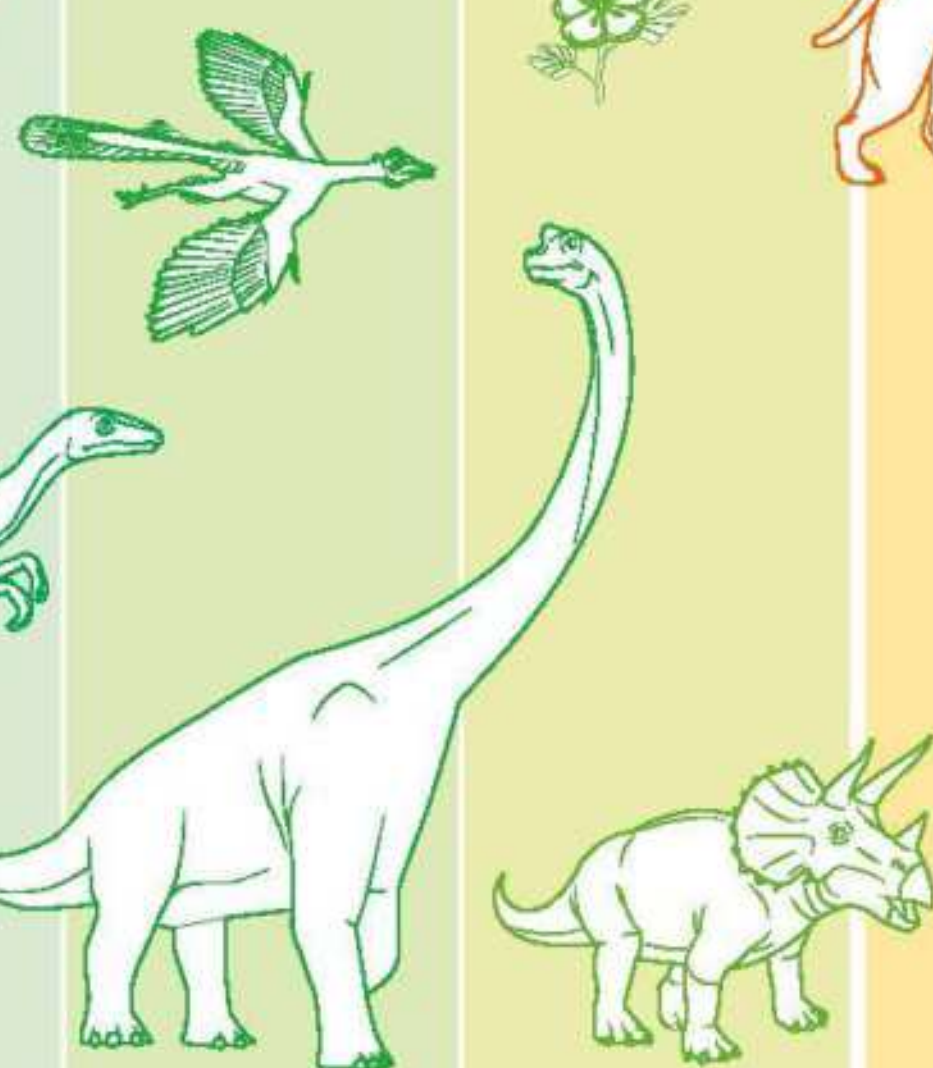
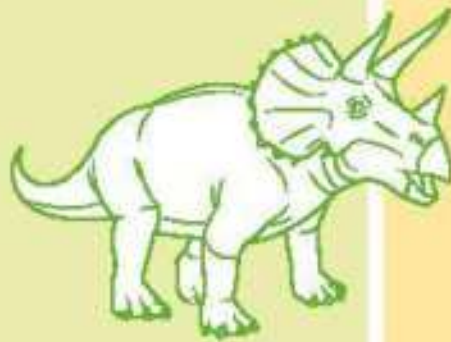
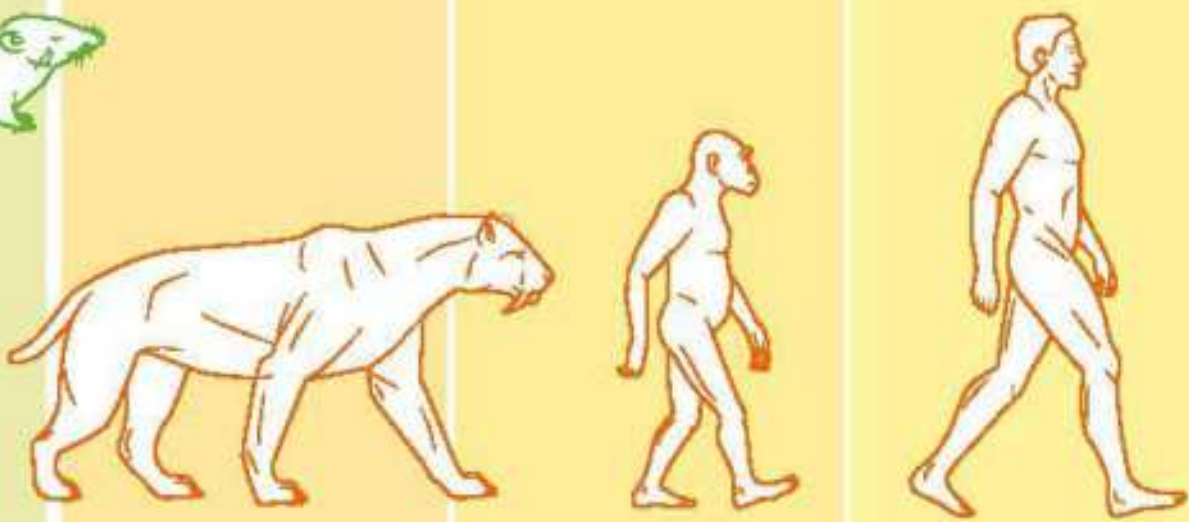
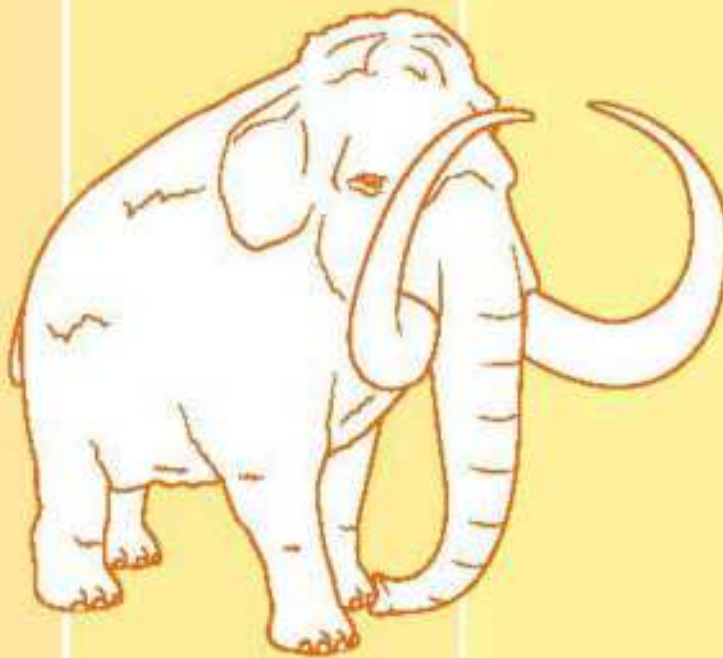
Eon	ARCHAIK	PROTEROZOIK					
Era			paleozoik				
Okres			kambr	ordowik	sylur	dewon	karbon
Czas [mln lat temu]	2500–4600	542–2500	488–542	444–488	416–444	359–416	299–359
Najważniejsze wydarzenia biologiczne	- okres biogenezy - powstanie pierwotnych form życia 	- powstanie pierwszych eukariontów - rozwój morskich organizmów wielokomórkowych - pojawienie się zwierząt tkankowych 	- różnicowanie się organizmów morskich - powstanie większości współczesnych typów zwierząt 	- dominacja glonów i bezkręgowców - pod koniec wielkie wymieranie organizmów 	- pierwsze lądowe rośliny (ryniofity) i zwierzęta (stawonogi) - rozwój ryb 	- rozwój roślin lądowych (m.in. mchów, paprotników, nagonasiennych) - panowanie ryb - pojawienie się pierwszych płazów - pod koniec wielkie wymieranie organizmów 	- szczyt rozwoju paprotników - rozwój płazów - pojawienie się pierwszych gadów i uskrzydłonych owadów 



? Pomyśl

Dlaczego życie wcześniej pojawiło się w wodzie niż na lądzie?

FANEROZOIK

	mezozoik			kenozoik		
perm	trias	jura	kreda	paleogen	neogen	czwartorzęd
251–299	200–251	146–200	66–146	23–66	2,5–23	obecnie – 2,5
• rozwój nagonasiennych • rozwój gadów, w tym gadów ssakokształtnych • dalszy rozwój owadów • pod koniec okresu wielkie wymieranie organizmów	• dominacja nagonasiennych • dalsze różnicowanie się gadów • pojawienie się pierwszych ssaków • pod koniec wielkie wymieranie organizmów	• dalsza dominacja nagonasiennych • dominacja gadów i owadów na lądach • początek ewolucji ssaków • pierwsze ptaki	• powstanie pierwszych okrytonasiennych • szczyt rozwoju gadów • rozwój ssaków i ptaków • pod koniec wielkie wymieranie organizmów	• rozwój okrytonasiennych • dynamiczny rozwój ptaków i ssaków	• na lądach panowanie ssaków, głównie łozyskowych • powstanie hominidów	• pojawienie się, rozwój i rozprzestrzenianie się człowieka rozumnego
						



Z powrotem do morza!

Bliżej życia

Jak powiedzieliśmy w tej lekcji, życie prawdopodobnie powstało w wodzie. Część grup organizmów, np. ryby czy niektóre bezkręgowce, przez cały swój rozwój ewolucyjny pozostała w tym środowisku.

Ląd został zasiedlony dopiero w sylurze. Wtedy pojawiły się na nim rośliny i pierwsze zwierzęta – stawonogi, a w dewonie – płazy. Gadam udało się uniezależnić od środowiska wodnego, a ssakom – opanować różne typy środowisk lądowych. Niektóre grupy kręgowców jednak wtórnie przystosowały się do środowiska wodnego. Dotyczy to np. należących do ssaków waleni. Trudno sobie wyobrazić przodków wielorybów i delfinów żyjących na lądzie, ale dzięki rozwojowi genetyki i biologii molekularnej wiemy, że współcześnie najbliższ spokrewnione z waleniami są hipopotamy. To zwierzęta lądowe, które większość dnia spędzają w wodzie.



W skrócie

- **Biogeneza** nazywamy procesy ewolucyjne, które doprowadziły do powstania życia na Ziemi. W etapach biogenezy powstawały kolejno: związki organiczne, komórki prokariotyczne, komórki eukariotyczne, wielokomórkowe organizmy eukariotyczne.
- Zgodnie z **teorią endosymbiozy** komórki eukariotyczne powstały w wyniku wykształcenia symbiotycznej zależności pomiędzy komórkami gospodarza a bakteriami, które zostały przez niego pochłonięte. Pochłonięte bakterie przekształciły się w organelle komórkowe – mitochondria i chloroplasty.
- Na ewolucję organizmów występujących na Ziemi duży wpływ miały: przekształcanie warunków środowiska przez nowe grupy organizmów, możliwość zasiedlania lądu, wędrówka kontynentów oraz katastrofy prowadzące do wielkich wymierań.

Polecenia kontrolne

1. Oceń, czy używane potocznie stwierdzenie: „Życie wyszło z wody” jest uzasadnione w kontekście ewolucyjnym. Podaj dwa argumenty potwierdzające Twoją ocenę.
2. Opisz, jaką rolę odegrały jednokomórkowe organizmy fotosyntetyzujące w tworzeniu się atmosfery ziemskiej i ewolucji organizmów.
3. Przedstaw, w jaki sposób zgodnie z teorią endosymbiozy doszło do powstania organizmów eukariotycznych.
4. Na podstawie dostępnych źródeł informacji podaj trzy przykłady przystosowań organizmów do środowiska lądowego.



4.5. Antropogeneza

Zwróć uwagę na:

- pokrewieństwo człowieka z innymi zwierzętami,
- podobieństwa i różnice między człowiekiem a innymi naczelnymi,
- ✂ • formy kopalne człowiekowatych i ich cechy charakterystyczne.

Nasze pokrewieństwo z innymi gatunkami zawsze budziło zaciekawienie naukowców. Które cechy mamy wspólne, a które – różne? Z każdym nowym odkryciem, wynikającym

np. z badań skamieniałości czy sekwencjonowania DNA, badacze dokładają kolejny brakujący fragment do historii ewolucji człowieka.

Pokrewieństwo człowieka z innymi naczelnymi

Człowiek należy do królestwa zwierząt, do rzędu naczelnych. Gdy spojrzysz na drzewo filogenetyczne, zobaczysz, że małpy należące do człekokształtnych są znacznie bliżej spokrewnione z nami niż z innymi naczelnymi. Potwierdzają to badania genetyczne – różnica między genomem człowieka a genomem szympansa wynosi zaledwie ok. 1,2%.

RZĄD: naczelne – dobrze rozwinięty zmysł wzroku, zwykle chwytne ogon, przynajmniej jedna para kończyn chwytnych, silnie rozwinięte zachowania społeczne.

Podrząd:
niższe naczelne



lemury wyraki

Podrząd: wyższe naczelne

Nadrodzina:
małpy wąskonose



mandryle

Nadrodzina:
małpy szerokonose



wyjce

Nadrodzina: człekokształtne – zredukowany ogon, przeciwny kciuk, długie opiekowanie się potomstwem.

Rodzina:
gibonowate



gibony

Rodzina: człowiekowate – dobrze rozwinięty mózg, zdolność do używania narzędzi, złożone zachowania społeczne.



orangutany

goryle



szympansy



człowiek

wspólny przodek

Rodzaj: człowiek – wyprostowana postawa ciała, dwunożny chód, dłonie zdolne do precyzyjnego chwytu.

Gatunek: człowiek rozumny – zredukowane owłosienie, zdolność abstrakcyjnego myślenia i posługiwania się mową.

✓ Porównanie człowieka z innymi człokształnymi

Na podstawie różnych cech z zakresu m.in. morfologii, anatomii porównawczej oraz genetyki człowieka klasyfikuje się do nadrodziny człokształnych, do której należą również gibony, orangutany, szympansy oraz goryle.

Podobieństwa między człowiekiem a innymi człokształnymi

- Brak ogona. Szczętkowe kręgi ogonowe zrosnięte w kość guziczną.
- Dłgie 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 potrafią wyrażać emocje w podobny sposób jak ludzie.



Różnice między człowiekiem a innymi człokształnymi

Tylko człowiek ma zdolność mowy i bardzo duże możliwości intelektualne. W porównaniu z innymi człokształnymi ma również większe zdolności manualne, potrafi też tworzyć dobra kultury (np. muzykę, obrazy, literaturę) oraz posługuje się rozbudowanym systemem wartości.



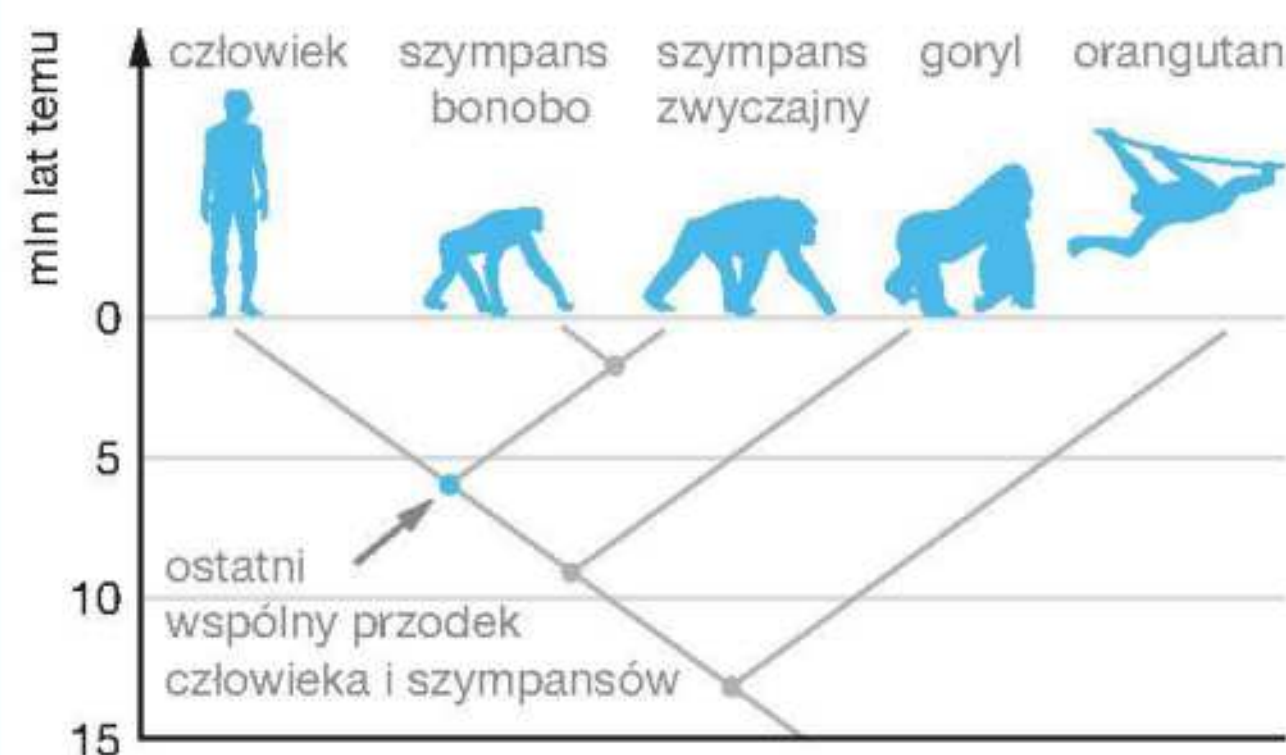
Porównanie budowy człowieka z budową szympansa.



Krok po kroku

Określanie pokrewieństwa człowieka z innymi zwierzętami

Schemat przedstawia fragment drzewa filogenetycznego.



Przykład 1.

Określ, które z podanych na schemacie gatunków są najbliższymi spokrewnionymi z człowiekiem. Uzasadnij swój wybór.

- 1 Zwróć uwagę na linię czasu widoczną na schemacie, a także na węzły, które pokazują ostatniego wspólnego przodka.

Odpowiedź: Najbliżej spokrewnione z człowiekiem są szympansy: w takim samym stopniu szimpans bonobo jak szimpans zwyczajny. Linie rozwojowe człowieka i szimpansa rozeszły się najpóźniej w stosunku do linii innych gatunków małp.

Przykład 2.

Na podstawie schematu określ, czy poprawne jest stwierdzenie, że człowiek rozumny ewolucyjnie pochodzi od szimpansa zwyczajnego.

- 1 Zwróć uwagę na miejsce rozejścia się linii ewolucyjnych.

Odpowiedź: Stwierdzenie jest fałszywe. Ze schematu wynika, że szimpans zwyczajny nie jest przodkiem człowieka. Są to oddzielne linie rozwojowe pochodzące od wspólnego przodka, żyjącego ok. 6 mln lat temu.

Badania ewolucji człowieka

Badaniem **antropogenezy**, czyli pochodzenia człowieka oraz procesów ewolucyjnych, w których wyniku powstał człowiek rozumny, zajmują się naukowcy z różnych dziedzin, m.in. antropologii, paleontologii, archeologii i biologii molekularnej. Ważnych informacji na ten temat dostarczają im skamieniałości **hominidów**, czyli gatunków, które są bliżej spokrewnione z człowiekiem niż z innymi człowiekowatymi. Na podstawie analizy budowy poszczególnych hominidów można zaobserwować tendencje zmian ewolucyjnych. Do najważniejszych z nich należą:

- ▶ coraz bardziej wyprostowana postawa ciała związana z dwunożnością,
- ▶ osiąganie coraz wyższego wzrostu,
- ▶ stopniowe zwiększanie się puszeki mózgowej, a co za tym idzie – mózgu.

W odkrywaniu pokrewieństwa między gatunkami hominidów istotną rolę odgrywa

też analiza DNA. Dzięki niej ustalono m.in., że człowiek rozumny i neandertalczyk krzyżowali się ze sobą. Świadczy o tym obecność genów charakterystycznych dla neandertalczyków u współcześnie żyjących ludzi.

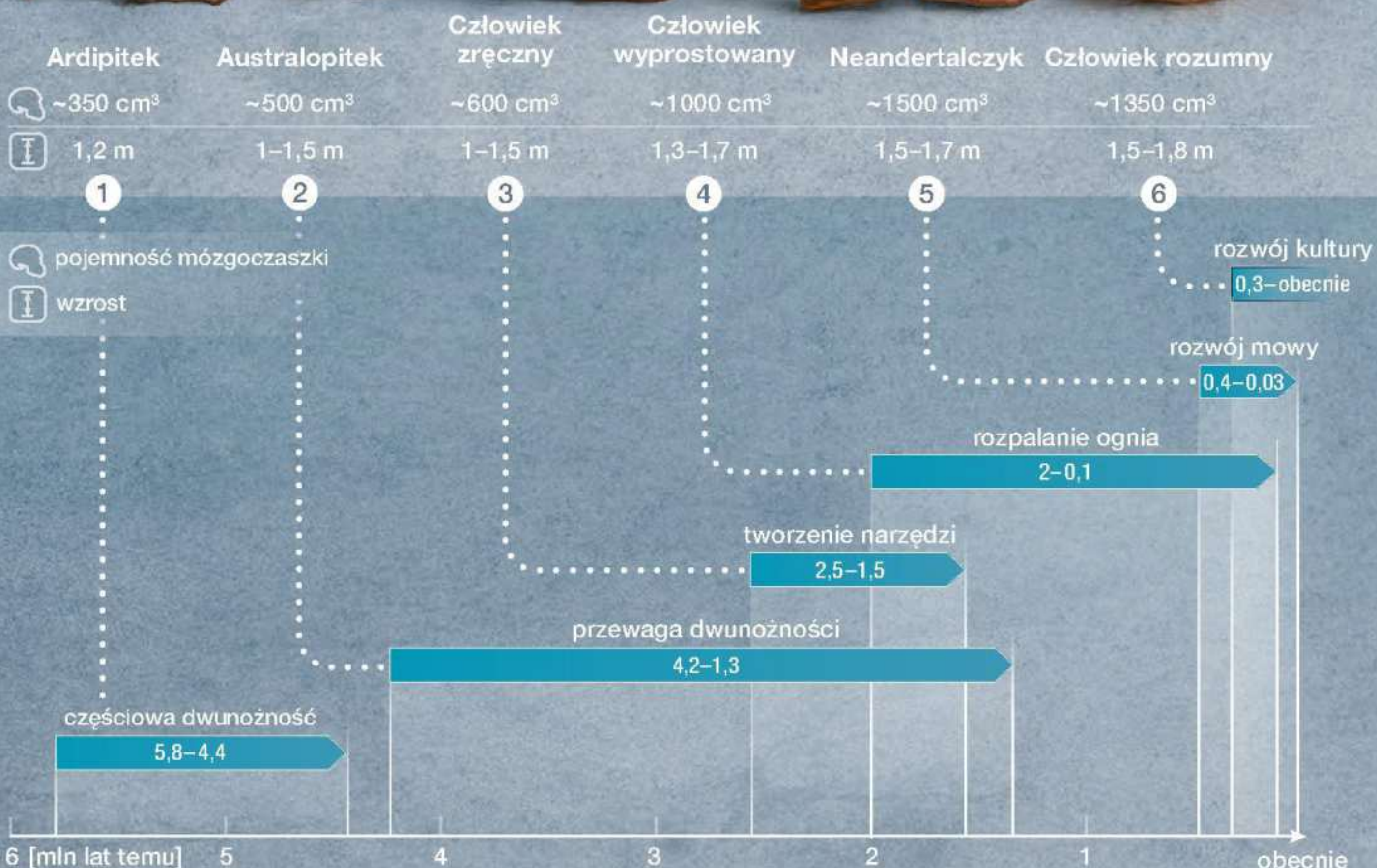
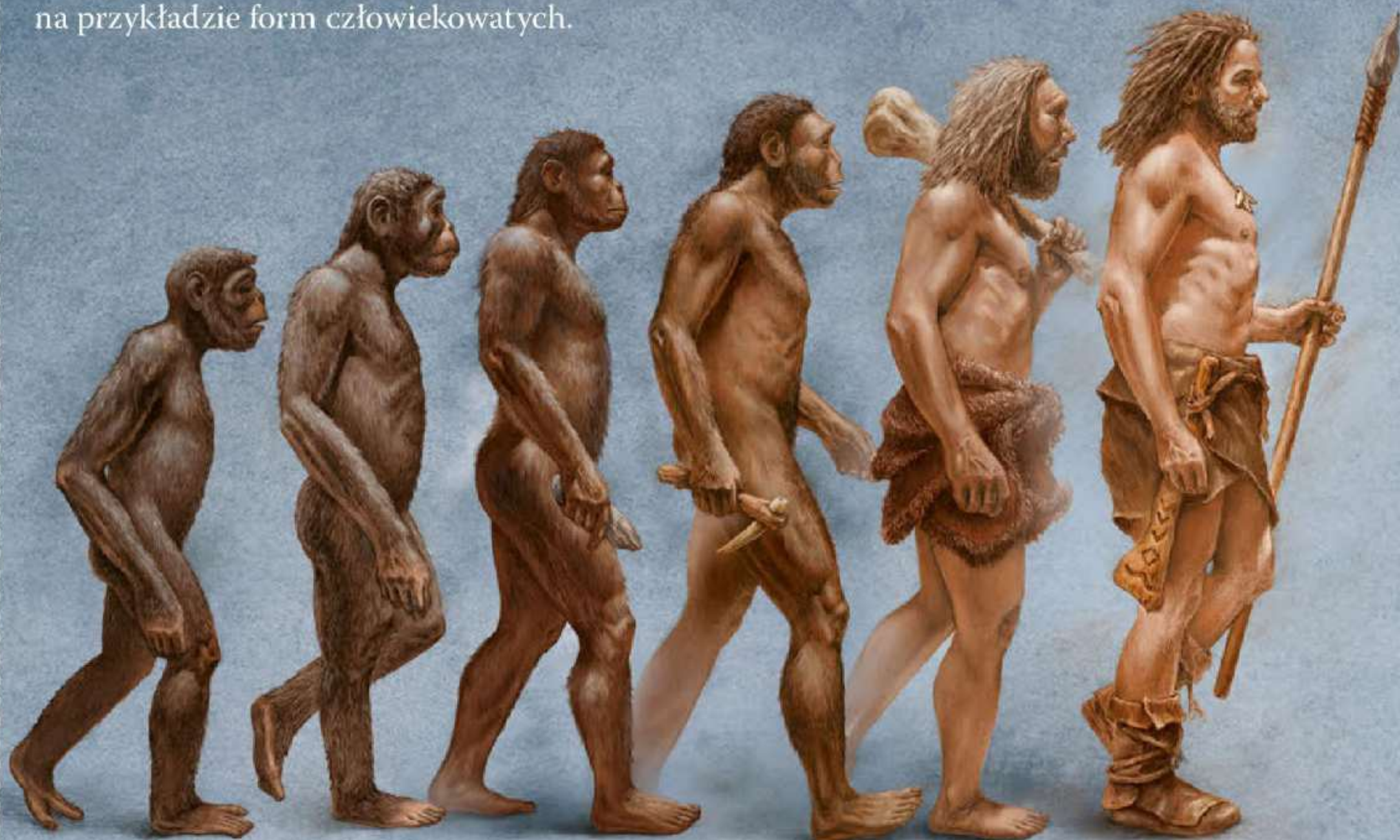


Czaszka sahelantropa – jednego z naszych najdawniejszych przodków. Żył on ok. 7 mln lat temu i prawdopodobnie potrafił poruszać się na dwóch nogach.



Ewolucja człowieka

Odtworzenie ewolucji człowieka jest trudne, ponieważ nie zachodziła ona liniowo – w tym samym czasie często występowało wiele gatunków, na które działał dobór naturalny. Naukowcy ciągle dokonują nowych odkryć, ale udało im się ustalić kierunki zmian ewolucyjnych. Możesz je prześledzić na przykładzie form człowiekowatych.





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



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.

3 Człowiek zręczny



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.

4 Człowiek wyprostowany



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.

5 Neandertalczyk



Miał szeroką twarz, niskie czoło i wydatne wały nadoczodołowe. Przystosował się do życia w warunkach zlodowceń: miał krępe ciało i krótsze kończyny niż człowiek rozumny. Używał odzieży, tworzył różne narzędzia, zajmował się łowiectwem, rybołówstwem i zbieractwem.

O tym się mówi!

Zapisane w kościach

Przez kilkadziesiąt tysięcy lat neandertalczyk i człowiek rozumny występowały jednocześnie i prawdopodobnie krzyżowali się ze sobą. Skąd o tym wiemy? Jakie są źródła informacji o naszych przodkach?

1

„Pierwszym, który postanowił zastosować bardziej współczesne metody do badań neandertalczyka, był słynny dziś prof. Svante Pääbo z Instytutu Maxa Plancka w Lipsku. Postawił [on – przyp. red.] sobie za cel odczytanie DNA naszego kuzyna. [...] Do wstępnej analizy materiału genetycznego Pääbo wykorzystał trzy szkielety neandertalskich kobiet żyjących w chorwackiej jaskini Vindija 38 tys. lat temu. [...] Tak stary materiał genetyczny jest bardzo zniszczony. Trzeba go nie tylko wyizolować z próbki, ale przede wszystkim nie dopuścić do skażenia innym DNA. [...] To bardzo ważne w sytuacji, gdy my i neandertalczyki mamy wspólne aż 99,7 proc. genomu. [...] Uczeni określili, że każdy człowiek żyjący dziś na Ziemi ma średnio około 2 proc. neandertalskiego DNA. Każdy oprócz rdzennej ludności Afryki Subsaharyjskiej”.

M. Kossobudzka, *Obudź w sobie neandertalczyka. Jego geny ma każdy z nas*,
https://wyborcza.pl/1,145452,18080421,Obudz_w_sobie_neandertalczyka__Jego_geny_ma_kazdy.html

2

„Izotopowe badania składu kości neandertalczyków, a także biochemiczne i genetyczne analizy kamienia nazębnego (nazywanego też tartarem), wskazują na zróżnicowaną dietę: obok pokarmu roślinnego było to mięso dużych roślinożernych ssaków, jak nosorożce włochate i mamuty [...], a także małże, skorupiaki, ryby i ptaki [...]. Szczegółowa analiza [...] wykazała, że 50 tys. lat temu neandertalczyki uzupełniali swoje posiłki grzybami, mchem oraz orzeszkami sosnowymi. W tartarze kilku osobników zidentyfikowano ponadto związki chemiczne wskazujące na spożywanie krwawnika i rumianku, a u osobnika cierpiącego z powodu stanu zapalnego zęba również topoli kalifornijskiej zawierającej kwas salicylowy (który stanowi główny składnik aspiryny) oraz pleśni »produkującej« penicylinę”.

W. Nowaczewska, *Kim byłeś, neandertalczyku?*,
<https://www.tygodnikpowszechny.pl/kim-byles-neandertalczyku-160951>

3

„Neandertalczyki byli autorami części malowideł znanych z europejskich jaskiń – wynika z badań naukowców. [...] Ich celem było określenie wieku malowideł z trzech jaskiń na terenie Hiszpanii. [...] Przedstawiają [one – przyp. red.] sylwetki zwierząt, figury geometryczne czy obrysy dłoni. Oprócz malowideł są też ryty naskalne. [...] Zdaniem badaczy ich wykonanie wymagało wyrafinowanego planowania – określenia miejsca wykonania przedstawień, doboru źródła światła w czasie pracy wewnątrz jaskini czy znajomości mieszania pigmentu [...]. [...] Badacze zastosowali do określenia wieku malowideł metodę uranowo-torową, która opiera się na pomiarze rozpadu promieniotwórczego izotopów [...]”.

S. Zdziebłowski, *Neandertalczyk tworzył sztukę naskalną ponad 64 tys. lat temu*, <http://naukawpolsce.pap.pl/aktualnosci/news%2C28414%2Cneandertalczyk-tworzyl-sztuke-naskalna-ponad-64-tys-lat-temu.html>

1 Na podstawie tekstów wymień trzy źródła informacji o ewolucji hominidów.

2 Podaj argument świadczący o bliskim pokrewieństwie człowieka z neandertalczykiem.



■ Przełomowe zmiany w ewolucji człowieka

Do najważniejszych zmian w ewolucji człowieka należą:

- ▶ przyjęcie dwunożnej postawy ciała,
- ▶ wykształcenie umiejętności wytwarzania narzędzi,
- ▶ opanowanie umiejętności rozniecenia ognia,
- ▶ rozwój mózgowia i związanej z nim inteligencji oraz zdolności abstrakcyjnego myślenia.

Przyjęcie dwunożnej postawy ciała sprawiło, że człowiek mógł prowadzić naziemny tryb życia i zasiedlić środowiska pozbawione drzew. Za pomocą górnych kończyn mógł transportować zdobyte pożywienie, dziecko lub różne przedmioty. Taka postawa ciała wymusiła również inne zmiany w szkielecie, np. esowate wygięcie kręgosłupa.

Wolne dłonie mogły służyć człowiekowi także do produkcji narzędzi. Początkowo były to obłupywane kamienie lub ich ostre fragmenty, służące do cięcia. Z biegiem czasu narzędzia stawały się coraz precyzyjniejsze.

Zdobycie umiejętności rozniecania ognia zwiększyło różnorodność źródeł pożywienia. Pokarm roślinny dzięki gotowaniu stał się lepiej przyswajalny i stanowił dobre źródło energii dla coraz bardziej rozwijającego się mózgowia. Częstsze wykorzystywanie pokarmu roślinnego było podstawą do rozpoczęcia uprawiania roślin.

Dzięki rozwojowi inteligencji i zdolności abstrakcyjnego myślenia człowiek zaczął tworzyć kulturę oraz złożone społeczeństwa. O rozwoju kultury świadczą m.in. malowidła naskalne czy ozdoby z miejsc pochówków.



Rzeźba konia wykonana z kości mamuta, pochodząca sprzed ok. 30 tys. lat.

W skrócie

- Człowiek należy do królestwa zwierząt, do **rzędu naczelnych**.
- Wspólne cechy człowieka z innymi naczelnymi to: dobrze rozwinięty zmysł wzroku, przynajmniej jedna para kończyn chwytnych oraz silnie rozwinięte zachowania społeczne.
- Najbliższe pokrewieństwo spośród naczelnych łączy człowieka z innymi przedstawicielami nadrodziny człokształtnych. Do różnic między człowiekiem a innymi człokształtnymi należą: dwunożność, wyprostowana postawa ciała, posługiwanie się mową i większy mózg.
- **Antropogeneza** to procesy ewolucyjne prowadzące do powstania gatunku człowieka rozumnego. Do hominidów ważnych w ewolucji człowieka rozumnego należą m.in.: ardipitek, australopitek, człowiek zręczny, człowiek wyprostowany oraz neandertalczyk.

Polecenia kontrolne

1. Podaj trzy przykłady cech wspólnych człowieka i innych człokształtnych.
2. Wybierz trzy przykłady hominidów (form kopalnych człowiekowatych) i utwórz w zeszycie tabelę porównującą ich trzy wybrane cechy.
3. Na podstawie różnych źródeł informacji podaj inny niż w podręczniku przykład gatunku należącego do hominidów. Scharakteryzuj krótko ten gatunek.



1 Ewolucja biologiczna – stopniowe i nieodwracalne zmiany grup organizmów. W wyniku ewolucji powstają nowe gatunki.

2 Dowody ewolucji

Rodzaj dowodu	Charakterystyka	Przykłady
dowody bezpośrednie		
Bezpośrednie obserwacje	Wnioski z bezpośrednich obserwacji zmian zachodzących u współcześnie żyjących organizmów.	antybiotykooporność bakterii
Dowody z zakresu paleontologii	Skamieniałości – zachowane szczątki kopalne oraz ślady działalności organizmów.	skamieniałe kości, odlewy muszli, odciski tropów zwierząt
Żywe skamieniałości	Gatunki, które przetrwały wiele milionów lat do czasów współczesnych w prawie niezmienionej formie.	dziobak
dowody pośrednie		
Anatomia porównawcza	Jedność budowy i funkcjonowania organizmów.	wspólny plan budowy organizmów
	Narządy analogiczne (o różnym pochodzeniu i podobnej budowie), które powstały w wyniku konwergencji (ewolucji zbieżnej).	skrzydło ptaka i skrzydło ważki
	Narządy homologiczne (o wspólnym pochodzeniu i różnej budowie), które powstały w wyniku dywergencji (ewolucji rozbieżnej).	kończyna przednia człowieka i kończyna przednia nietoperza
	Narządy szczątkowe i atawizmy.	kość ogonowa (narząd szczątkowy) i silne owłosienie (atawizm) u człowieka
Embriologia	Podobieństwo wczesnych faz rozwojowych spokrewnionych organizmów.	podobieństwo rozwoju embrionalnego kręgowców
Biochemia, biologia molekularna i genetyka	Podobieństwo biochemiczne organizmów.	badanie zgodności sekwencji aminokwasów i nukleotydów
Biogeografia	Zmiany zasięgów występowania organizmów w różnych epokach geologicznych.	obecność relikтів i endemitów

3 Dobór naturalny i jego rodzaje

Dobór naturalny (selekcja naturalna) – mechanizm ewolucji polegający na tym, że osobnik, który jest najlepiej przystosowany do środowiska, ma największe szanse na przeżycie i wydanie na świat potomstwa.

Dobór stabilizujący – eliminuje osobniki o skrajnej wartości cechy.

Dobór kierunkowy – utrwała w populacji jedną skrajną wartość cechy.

Dobór różnicujący – eliminuje osobniki o średniej wartości cechy.



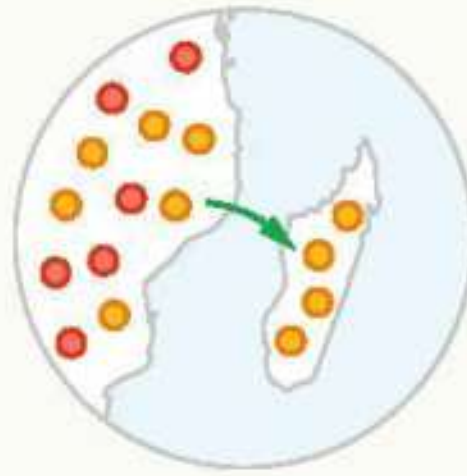
4 Gatunek – grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa.

5 Pula genowa populacji – suma wszystkich możliwych alleli genów osobników danej populacji. Suma puli genowych wszystkich populacji danego gatunku tworzy **pulę genową gatunku**.

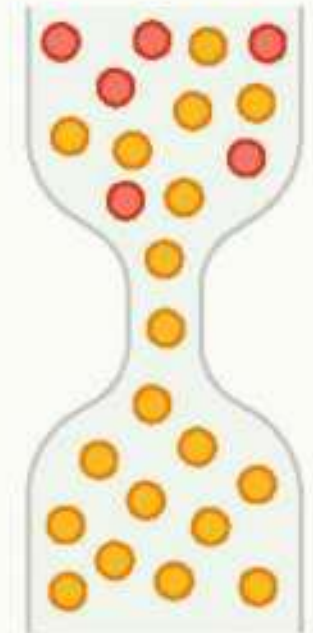
6 Dryf genetyczny – przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej populacji.

7 Przykłady działania dryfu genetycznego

Efekt założyciela – występuje, gdy mała grupa osobników jednej populacji zasiedla nowy teren i zostaje odizolowana od wyjściowej populacji. Pula genowa nowej populacji zawiera tylko allele genów założycieli.



Efekt wąskiego gardła – występuje w populacji dotkniętej katastrofą. Katastrofę przeżywają nieliczne osobniki i to one odtwarzają populację, dlatego jej pula genowa jest zubożona.



8 Specjacja i jej rodzaje

Specjacja – proces prowadzący do powstania nowego gatunku.

Specjacja spowodowana barierą geograficzną polega na rozdzieleniu populacji przez lodowiec, górę czy morze. Bariera uniemożliwia wymianę genów między populacjami, co prowadzi do ich różnicowania się.

Specjacja bez bariery geograficznej polega na podziale populacji na kilka grup, które nie mogą się ze sobą krzyżować, np. ze względu na zajmowanie innych siedlisk czy też różne zachowania godowe.

9 Biogeneza – procesy ewolucyjne, które doprowadziły do powstania życia na Ziemi.

10 Antropogeneza – procesy ewolucyjne prowadzące do powstania gatunku człowieka rozumnego.

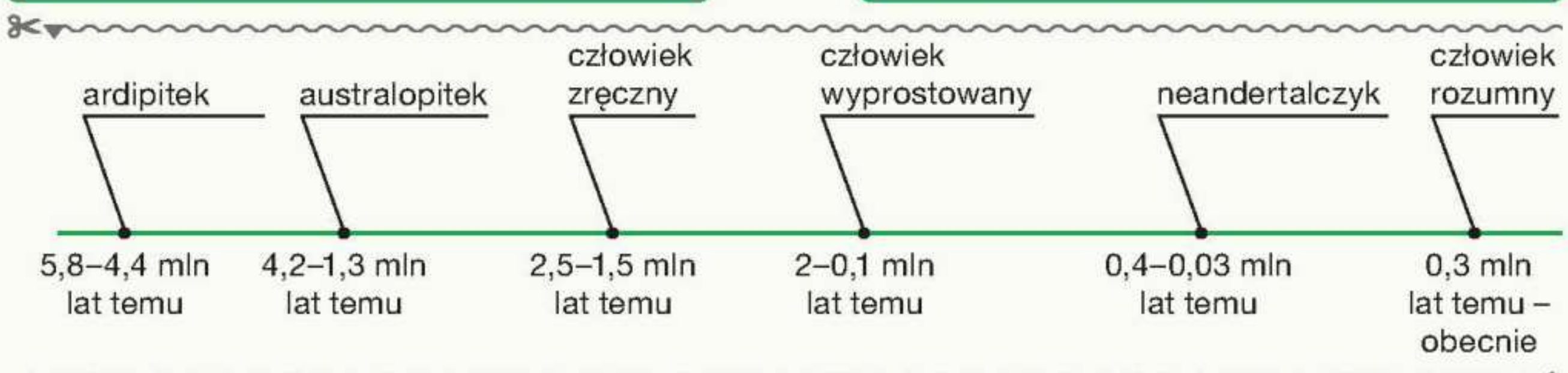
Cechy człowieka

wspólne z innymi człokształtymi

- 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

specyficzne dla człowieka rozumnego

- pionizacja ciała i dwunożność
- zredukowane owłosienie
- wysoki stopień rozwoju mózgu i zdolności intelektualnych
- posługiwanie się mową
- większe zdolności manualne, umiejętność tworzenia dóbr kultury i posługiwania się złożonymi narzędziami





Sprawdź, czy już umiesz!

WYKONAJ W ZESZYCIE



- 1 Wybierz punkt zawierający nieprawdziwe stwierdzenie dotyczące koncepcji ewolucji. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

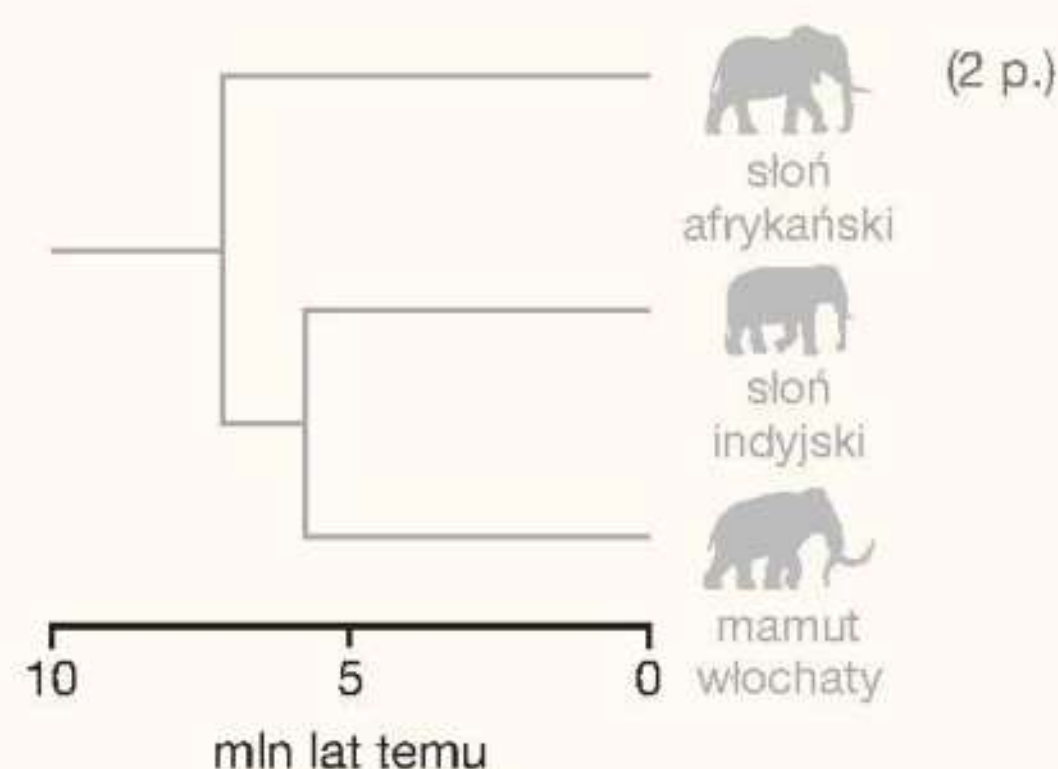
A. Syntetyczna teoria ewolucji uzupełnia teorię Darwina o zmienność genetyczną.
B. Głównym mechanizmem ewolucji według teorii Darwina jest dobór naturalny.
C. Zgodnie z teorią ewolucji Lamarcka cechy nabyte nie są dziedziczone.
D. Dobór naturalny opiera się na konkurencji między organizmami.

- 2 Liście roślin okrytozalążkowych mogą ulegać różnym modyfikacjom w zależności od pełnionych funkcji. Przykładem są liście pułapkowe rosiczki oraz wąsy czepne grochu. (1 p.)

Określ, czy jest to przykład konwergencji, czy dywergencji. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie.

- 3 Porównano DNA dwóch gatunków słoń żyjących obecnie (słonia afrykańskiego i słonia indyjskiego) z DNA mamuta włochatego, który wymarł ok. 10 tys. lat temu. Ilustracja przedstawia prawdopodobne drzewo rodowe tych trzech gatunków.

Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących pokrewieństwa opisanych gatunków. Wybierz P, jeśli stwierdzenie jest prawdziwe, lub F, jeśli jest fałszywe.



1.	Słoń afrykański, słoń indyjski i mamut włochaty mają wspólnego przodka.	P	F
2.	Słoń afrykański jest bliżej spokrewniony z mamutem włochatym niż słoń indyjski.	P	F

- 4 Samce łuszczaków lazurowych mogą mieć barwę od niebieskiej po brązową. Największy sukces rozrodczy osiągają samce o niebieskiej barwie. Osobniki brązowe są uznawane przez starsze samce za niegroźną konkurencję. Młode osobniki o barwach pośrednich są zwalczane przez dorosłe samce i nie zdobywają terytorium do lęgu. (1 p.)

Określ, który rodzaj doboru działa w przypadku łuszczaków: dobór kierunkowy, dobór różnicujący czy dobór stabilizujący. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 5 Wśród Aborygenów – rdzennej ludności Australii – nie występują grupy krwi B i AB. Przypuszcza się, że powodem może być brak alleli odpowiedzialnych za te grupy krwi w puli genowej grupy ludności, która pojawiła się pierwsza na tym kontynencie. (1 p.)

Podaj, który z mechanizmów wpływających na pulę genową populacji wystąpił w opisanym przypadku. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

- 6 Uporządkuj etapy biogenezy. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (1 p.)

A. Powstanie komórek prokariotycznych.
B. Powstanie wielokomórkowych organizmów eukariotycznych.
C. Powstanie związków organicznych.
D. Powstanie komórek eukariotycznych.



5. Ekologia i różnorodność biologiczna

To było w szkole podstawowej!

- ✓ **Populacja** – grupa osobników tego samego gatunku, żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie.



- ✓ **Ekosystem** – obszar złożony z biocenozy (elementów ożywionych) i biotopu (elementów nieożywionych), które wzajemnie na siebie oddziałują.





5.1.

Organizm w środowisku. Tolerancja ekologiczna

Zwróć uwagę na:

- definicję ekologii,
- czynniki biotyczne i abiotyczne oddziałujące na organizmy,
- pojęcia: nisza ekologiczna, siedlisko, tolerancja ekologiczna,
- znaczenie organizmów o wąskim zakresie tolerancji ekologicznej w bioindykacji,
- ✂ • doświadczenie mające na celu zbadanie zakresu tolerancji w odniesieniu do wybranego czynnika środowiska.

W życiu codziennym często używamy pojęć „ekologia” i „ekologiczny”. Ekologiczne mogą być żywność, moda, a nawet styl życia. Określenie to kojarzy się nam z czymś naturalnym, co chroni nasze zdrowie i przyrodę. Jednak w naukowym ujęciu ekologia oznacza coś zupełnie innego.

■ Czym jest ekologia?

Ekologia to nauka o strukturze i funkcjonowaniu przyrody. Zajmuje się ona badaniem zależności pomiędzy organizmami oraz pomiędzy organizmami a środowiskiem ich życia.

■ Środowisko i jego czynniki

Środowiskiem nazywamy ogół czynników ożywionych i nieożywionych występujących na danym obszarze, powstałych naturalnie oraz w wyniku działalności człowieka. Elementy środowiska wpływają na żyjące w nim organizmy, m.in. na ich liczebność, rozmieszczenie i aktywność życiową.

Czynniki środowiska dzielimy na:

- ▶ **czynniki biotyczne** (ożywione) – zwierzęta, rośliny, grzyby, protisty i bakterie;
- ▶ **czynniki abiotyczne** (nieożywione) – takie jak temperatura i wilgotność powietrza, pH gleby czy zasolenie wód.

Wpływ czynników środowiska na organizmy na przykładzie orzesznicy leszczynowej

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.



Orzesznica leszczynowa jest gryzoniem występującym w wielu krajach Europy, w tym w Polsce.

■ Nisza ekologiczna a siedlisko

Nisza ekologiczna i siedlisko to dwa ważne pojęcia w ekologii, które są często mylone.

Nisza ekologiczna to wszystkie wymagania życiowe organizmu lub gatunku względem środowiska. Dotyczą one:

- ▶ warunków środowiska, np. temperatury powietrza, składu mineralnego gleby czy kwasowości wód,
- ▶ zasobów środowiska, np. pokarmu, miejsc lęgowych, kryjówek,
- ▶ powiązań organizmu z innymi organizmami, np. liczebności drapieżników i pasożytów.

Siedlisko to miejsce występowania organizmu, charakteryzujące się określonymi czynnikami abiotycznymi (m.in. geograficznymi, klimatycznymi i glebowymi). Siedliskami mogą być np.: podmokła łąka, las liściasty, las deszczowy, jezioro, rzeka lub ocean.

W jednym siedlisku może występować wiele różnych organizmów, z których każdy ma własną, charakterystyczną dla siebie niszę ekologiczną. Przykładowo zawisak tawulec i rusałka żałobnik to motyle żyjące w jednym siedlisku, którym jest las liściasty. Są one jednak aktywne o innej porze doby i żywią się innym pokarmem. Mają więc różne nisze ekologiczne.



Zawisak tawulec to motyl nocny. Jego dorosłe osobniki żywią się nektarem kwiatów, np. lilaka pospolitego. Gąsienice żerują na liściach m.in. lilaka i jaśminowca.

■ Tolerancja ekologiczna

Środowisko, w którym żyją organizmy, stale się zmienia. Zmieniają się np. pory roku, a wraz z nimi m.in. – temperatura powietrza, dostęp do pokarmu i wody, napowietrzenie gleby czy natlenienie wód. Organizmy są w stanie funkcjonować w zmieniającym się środowisku, o ile poszczególne jego czynniki nie przekroczą określonych wartości. Zdolność przystosowywania się organizmu do zmian zachodzących w środowisku bez szkody dla jego życia i rozwoju nazywamy **tolerancją ekologiczną**.

Czy gatunki różnią się tolerancją ekologiczną?

Każdy gatunek może inaczej reagować na zmiany natężenia czynników środowiska, czyli może wykazywać inną tolerancję ekologiczną względem określonego czynnika. Przykładowo fenki pustynne to lisy, które znakomicie przystosowały się do życia na Saharze. Wytrzymują dobowe wahania temperatury w zakresie 0–40°C. Nie byłyby jednak w stanie przetrwać w Arktyce. Tam żyje inny gatunek lisa – lis polarny. Lisy polarne mogą przetrwać w temperaturze poniżej –40°C, natomiast nie byłyby w stanie żyć na Saharze, ponieważ temperatura powietrza byłaby tam dla nich za wysoka.



Rusałka żałobnik jest motylem aktywnym w ciągu dnia. Dorosłe osobniki żywią się głównie sokiem z brzoź, a gąsienice żerują na liściach brzoź i wierzb.

■ Czym jest zakres tolerancji ekologicznej?

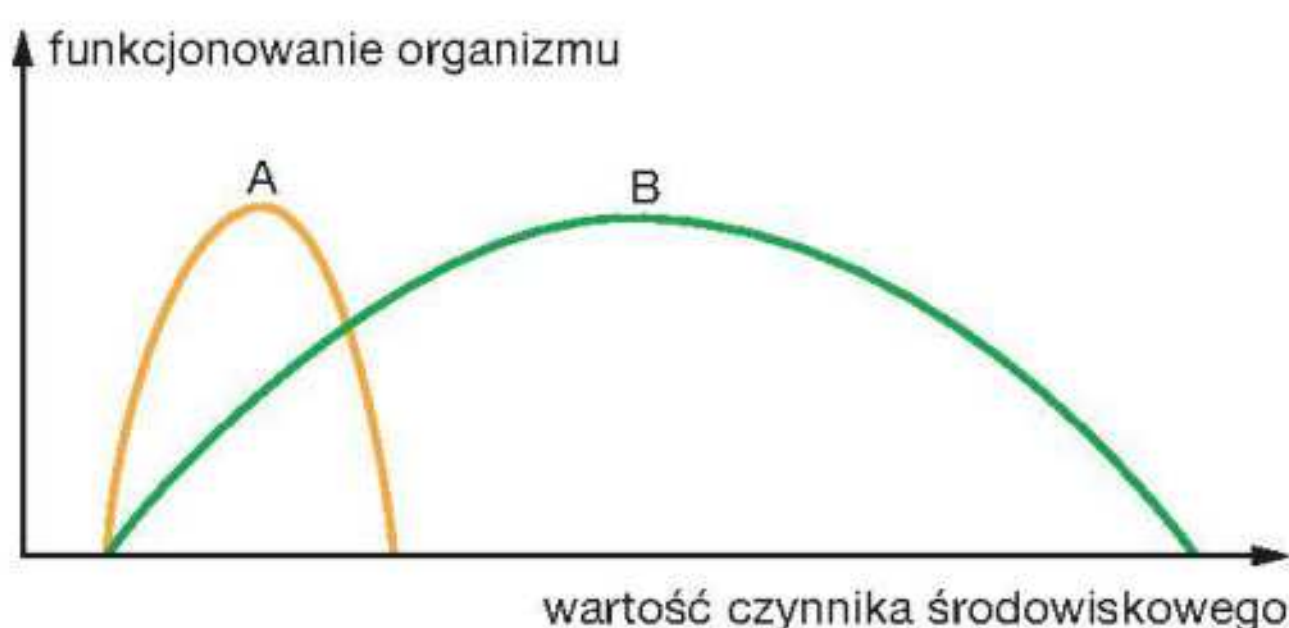
Zakres tolerancji ekologicznej to przedział wartości określonego czynnika, w którym dany organizm może przetrwać. Granice tego zakresu są wyznaczone przez minimalne i maksymalne wartości czynnika, przy których organizm jest w stanie funkcjonować.

Organizm najlepiej rozwija się wtedy, gdy wartość czynnika mieści się w tzw. **optimum**. Funkcjonowanie organizmu przy niemal minimalnej lub maksymalnej wartości czynnika jest możliwe, jednak może przebiegać nieprawidłowo. Jeśli wartość czynnika spadnie poniżej wartości minimalnej lub wzrośnie powyżej wartości maksymalnej, to organizm umrze. Zależności te możesz prześledzić na poniższej ilustracji.

Szeroki i wąski zakres tolerancji ekologicznej

Organizm może mieć szeroki lub wąski zakres tolerancji ekologicznej względem określonego czynnika. Szeroki zakres tolerancji oznacza, że organizm może przetrwać przy bardzo różnych wartościach tego czynnika. Natomiast wąski zakres tolerancji oznacza,

Porównanie zakresów tolerancji ekologicznej dwóch gatunków A i B

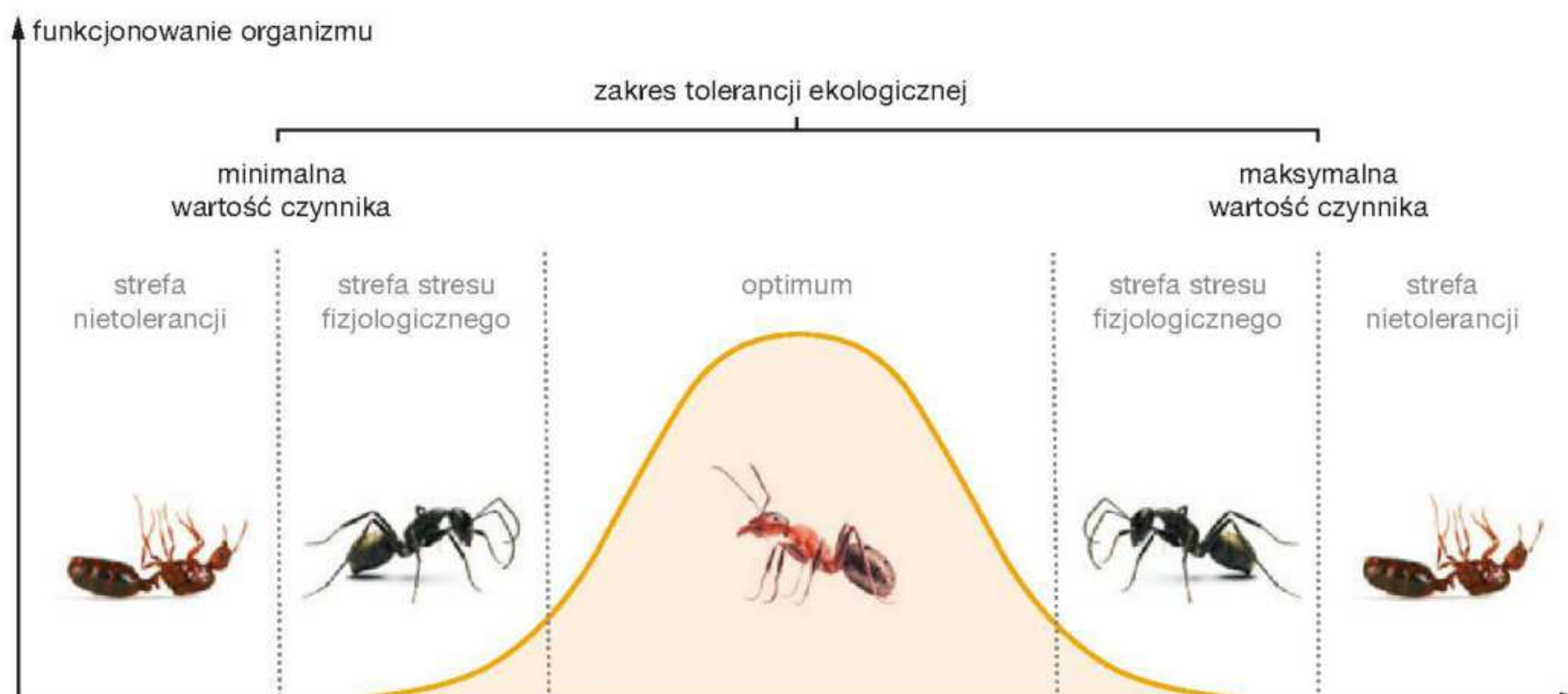


że organizm może przetrwać tylko przy niewielkich odchyleniach wartości czynnika od zakresu optimum.

Ten sam organizm może mieć inne zakresy tolerancji względem różnych czynników, np. może funkcjonować w wąskim zakresie temperatur, ale przy różnym nasłonecznieniu.

Zakresy tolerancji ekologicznej można też wyznaczać dla poszczególnych gatunków. Gatunki o szerokim zakresie tolerancji względem wielu czynników występują powszechnie na kuli ziemskiej. Z kolei gatunki o wąskim zakresie tolerancji względem jednego lub kilku czynników są obecne jedynie na niewielkim obszarze. Gatunki te często wykorzystuje się w bioindykacji.

Krzywa zakresu tolerancji ekologicznej



Czym jest bioindykacja?

Bioindykacja to metoda oceny stanu środowiska w określonym miejscu na podstawie obserwacji żyjących tam gatunków. Wykorzystuje się w niej **bioindykatory**, czyli organizmy, które mają wąski zakres tolerancji ekologicznej względem określonego czynnika środowiska, np. stężenia azotu w glebie, zasolenia wód lub stężenia zanieczyszczeń w powietrzu. Obecność bioindykatorów na jakimś terenie świadczy więc o tym, że ma on określone parametry, np. obecność słonolubnych roślin świadczy o dużym stężeniu soli w podłożu.

Przykłady bioindykatorów



Pstrąg potokowy zamieszkuje zimne, czyste i dobrze natlenione wody.



Solanka kolczysta jest rośliną występująca na glebach zasolonych.

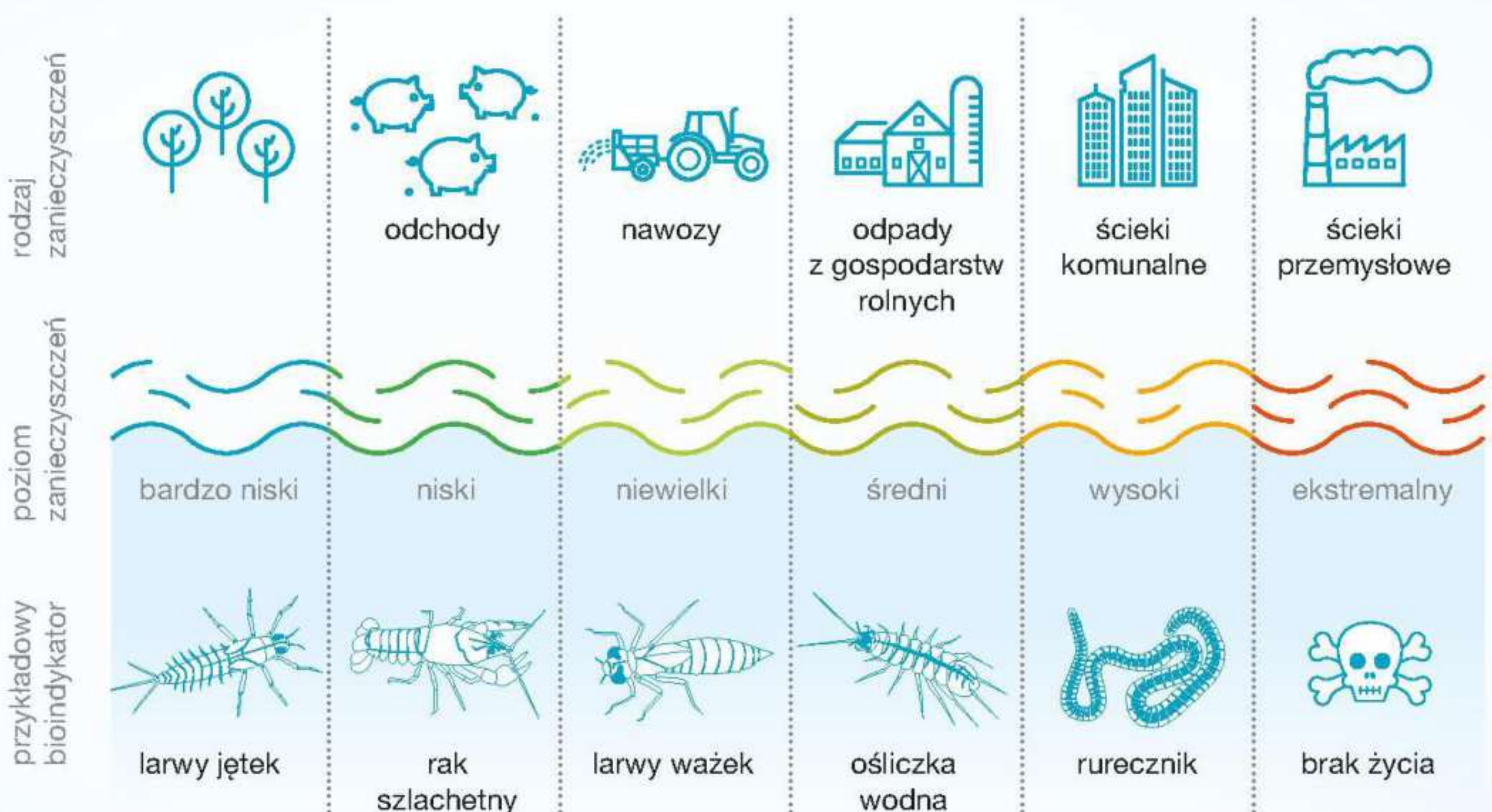


Milek wiosenny występuje zwykle na glebach bogatych w wapń.

Bioindykacja w praktyce, czyli jak sprawdzić, czy rzeka jest czysta?

Do oceny czystości rzek może posłużyć identyfikacja występujących w nich wodnych bezkręgowców. Część z nich, np. larwy jętek, występuje jedynie w bardzo czystych wodach. Inne, np. rureczniki i ośliczki wodne, żyją także w wodach zanieczyszczonych.

Wpływ stopnia zanieczyszczenia rzeki na skład gatunkowy wodnych bezkręgowców

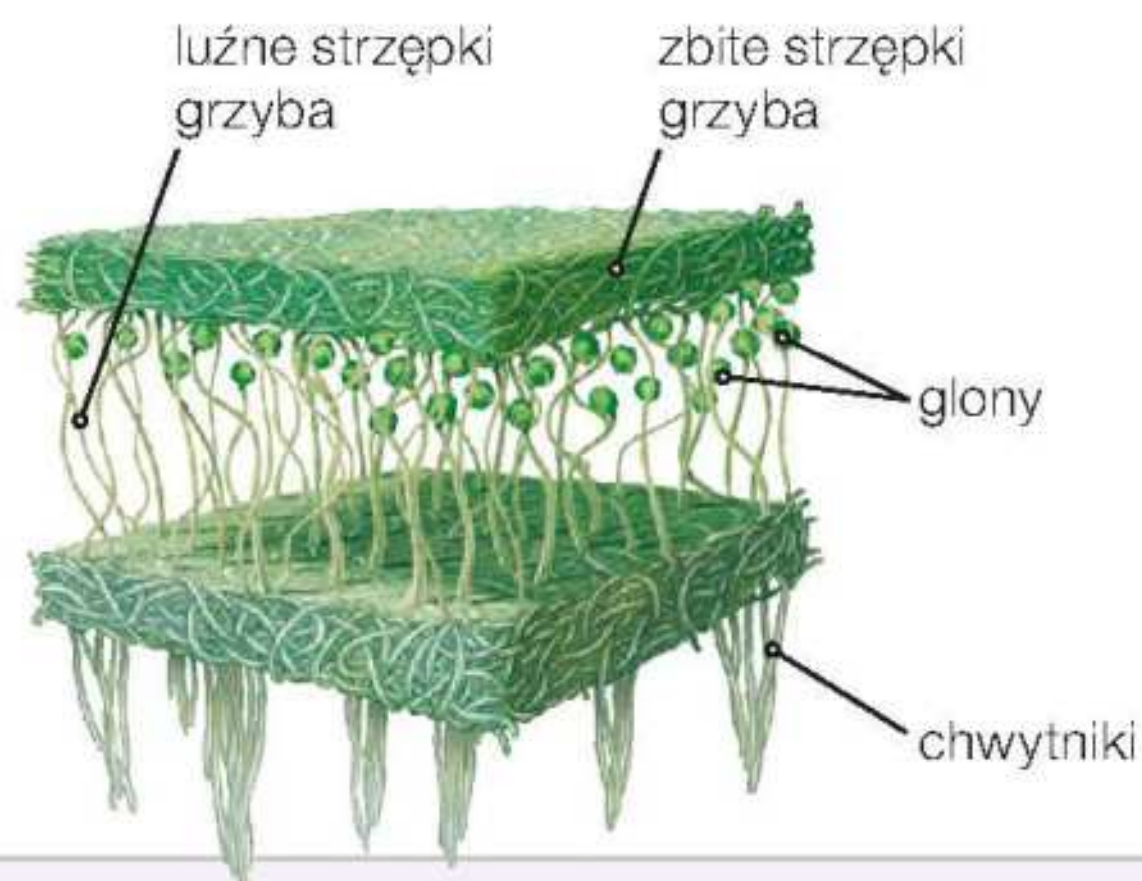


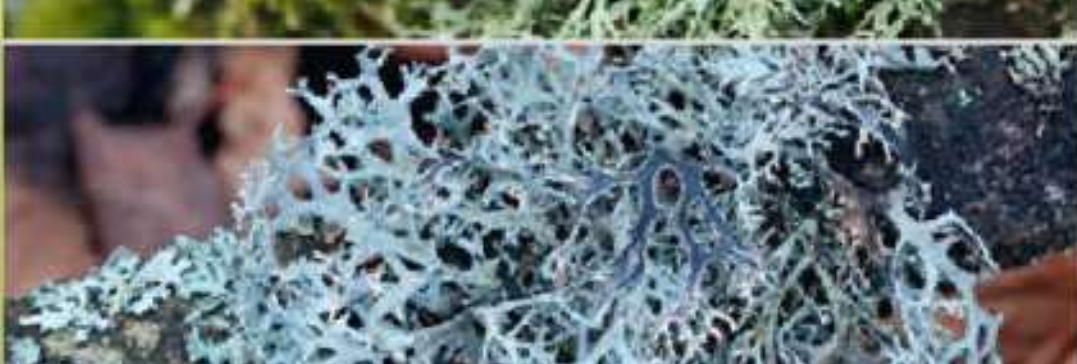
To było w szkole podstawowej!

✓ Skala porostowa

Porosty nadrzewne są wrażliwe na zanieczyszczenie powietrza tlenkiem siarki(IV) – SO_2 . Dlatego zestawienie poszczególnych ich gatunków od najmniej do najbardziej wrażliwych na SO_2 pozwala uzyskać tzw. **skalę porostową**. Skalę tę wykorzystuje się do oceny stopnia zanieczyszczenia powietrza na danym terenie.

Porosty to organizmy symbiotyczne składające się z glonu i grzyba.



Strefa 1		Typowe porosty: brak porostów (pustynia porostowa). Występowanie: silnie skażone tereny przemysłowe. Stężenie SO_2 w powietrzu: 170 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ i więcej.
Strefa 2		Typowe porosty: formy skorupiate, np. misecznica proskowata. Występowanie: miasta i obszary przemysłowe. Stężenie SO_2 w powietrzu: 169–100 $\mu\text{g}/\text{m}^3$.
Strefa 3		Typowe porosty: formy skorupiate i nieliczne listkowate, np. pustułka pęcherzykowata. Występowanie: tereny zadrzewione na obrzeżach dużych miast. Stężenie SO_2 w powietrzu: 99–70 $\mu\text{g}/\text{m}^3$.
Strefa 4		Typowe porosty: formy listkowate i listkowato-krzaczkowate, np. mąkla tarniowa. Występowanie: lasy w pobliżu dużych miast i obszarów przemysłowych. Stężenie SO_2 w powietrzu: 69–50 $\mu\text{g}/\text{m}^3$.
Strefa 5		Typowe porosty: formy listkowate i nieliczne krzaczkowate, np. mąklik otrębiasty. Występowanie: duże obszary leśne. Stężenie SO_2 w powietrzu: 49–40 $\mu\text{g}/\text{m}^3$.
Strefa 6		Typowe porosty: formy listkowate i krzaczkowate, np. brodaczka nadobna. Występowanie: rozległe naturalne kompleksy leśne. Stężenie SO_2 w powietrzu: 39–30 $\mu\text{g}/\text{m}^3$.
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 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ i mniej.



Badanie zakresu tolerancji pieprzycy siewnej na zasolenie wody, którą są podlewane siewki

- **Problem badawczy:** Jaki jest zakres tolerancji ekologicznej pieprzycy siewnej na zasolenie wody, którą są podlewane siewki?
- **Hipoteza:** Zakres tolerancji ekologicznej pieprzycy siewnej na zasolenie wody jest wąski.
- **Przebieg doświadczenia**

Przygotuj: sześć jednakowych doniczek, w których znajdować się będzie po 20 siewek pieprzycy siewnej o podobnej wielkości, wodę wodociągową, pięć roztworów soli kuchennej o stężeniu: 0,5% NaCl, 1% NaCl, 2% NaCl, 3% NaCl i 4% NaCl*.

Podczas całego badania doniczki powinny być jednakowo oświetlone.

 1. Zapisz średnią długość siewek w każdej z doniczek.
 2. Przez tydzień podlewaj codziennie siewki pieprzycy siewnej taką samą objętością wody lub roztworu soli kuchennej. Pierwszą doniczkę podlewaj zawsze tylko wodą. Drugą doniczkę podlewaj tylko roztworem NaCl o stężeniu 0,5%, trzecią – o stężeniu 1%, czwartą – o stężeniu 2%, piątą – o stężeniu 3%, szóstą – o stężeniu 4%.
 3. Po tygodniu sprawdź długość siewek w doniczkach. Sporządź tabelę, w której porównasz średnie długości i wygląd siewek przed badaniem i po zakończeniu badania.
- **Wynik doświadczenia:** Długość siewek była największa w doniczce pierwszej (kontrolnej). W doniczkach: czwartej, piątej i szóstej siewki zaczęły obumierać.
- **Wniosek:** Zakres tolerancji ekologicznej siewek pieprzycy siewnej na zasolenie wody jest wąski.

* Aby przygotować roztwór 0,5% NaCl, rozpuść 0,5 g soli kuchennej w 99,5 g wody. Podobnie, aby przygotować roztwór 1% NaCl, rozpuść 1 g soli kuchennej w 99 g wody. Pozostałe roztwory przygotuj w analogiczny sposób. Do odważenia soli oraz wody możesz użyć wagi kuchennej.

W skrócie

- **Ekologia** to nauka o strukturze i funkcjonowaniu przyrody.
- **Nisza ekologiczna** to ogół wymagań życiowych organizmu lub gatunku, natomiast **siedlisko** – przestrzeń fizyczna, w której występuje dany organizm.
- **Tolerancją ekologiczną** nazywamy zdolność przystosowania się organizmu do zmieniających się warunków środowiska.
- **Zakres tolerancji ekologicznej** to przedział wartości czynnika środowiskowego, w którym organizm przeżywa i może funkcjonować.
- **Bioindykatory** to organizmy o wąskim zakresie tolerancji w stosunku do określonego czynnika środowiska, pomocne w ocenie stanu środowiska w danym miejscu.

Polecenia kontrolne

1. Na podstawie dostępnych źródeł informacji porównaj siedliska oraz nisze ekologiczne jastrzębia zwyczajnego i sowy uszatki.
2. Na podstawie dostępnych źródeł informacji podaj trzy przykłady bioindykatorów przydatnych w ocenie pH gleby.



5.2. Cechy populacji

Zwróć uwagę na:

- cechy populacji: liczebność, zagęszczenie i strukturę (przestrzenną, wiekową, płciową),
- modele wzrostu liczebności populacji,
- przewidywanie zmian liczebności populacji na podstawie danych dotyczących rozrodczości, śmiertelności i migracji osobników.

Osobniki jednego gatunku żyjące na tym samym terenie są ze sobą powiązane różnymi zależnościami. Konkuruje ze sobą o zasoby środowiska, takie jak pokarm czy schronienie, albo współpracują ze sobą w stadach czy grupach rodzinnych. Niezależnie od łączących je relacji tworzą populację – społeczność, której cechy możemy scharakteryzować.

■ Czym jest populacja?

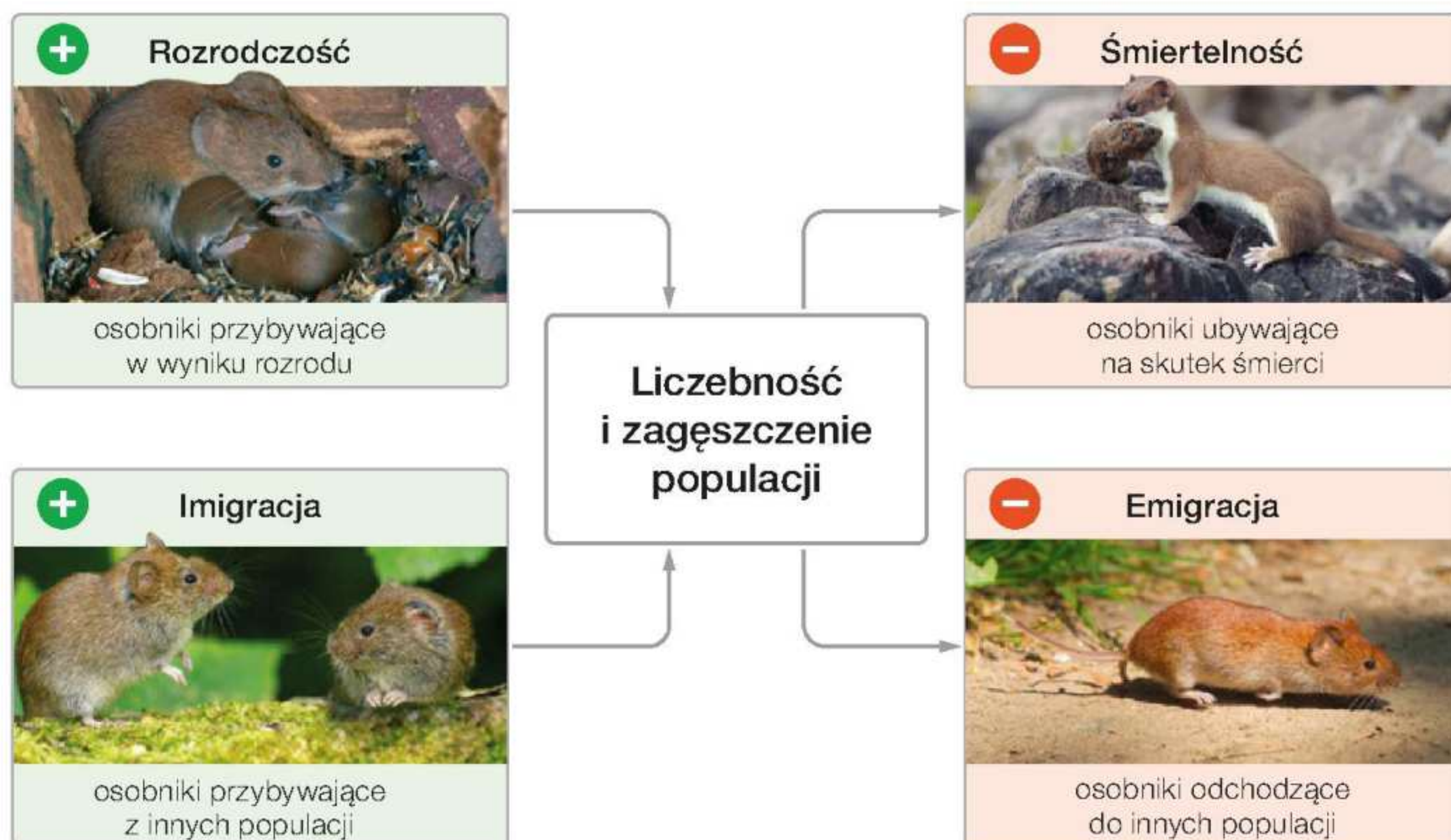
Populacja to grupa osobników tego samego gatunku, żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie. Populację tworzą np. żubry zamieszkujące Puszcę Białowieską czy biedronki występujące w ogrodzie.

Populację możemy opisać na podstawie jej charakterystycznych cech, do których należą: liczebność, zagęszczenie, struktura przestrzenna, struktura wiekowa oraz struktura płciowa.

■ Liczebność i zagęszczenie populacji

Liczebność populacji to liczba tworzących ją osobników. Populacje zajmują obszary o różnych powierzchniach (gatunki lądowe) lub różnej objętości (gatunki wodne). Liczbę osobników przypadającą na jednostkę powierzchni (np. 1 m^2) lub objętości (np. 1 m^3) nazywamy **zagęszczeniem populacji**.

Czynniki wpływające na liczebność i zagęszczenie populacji





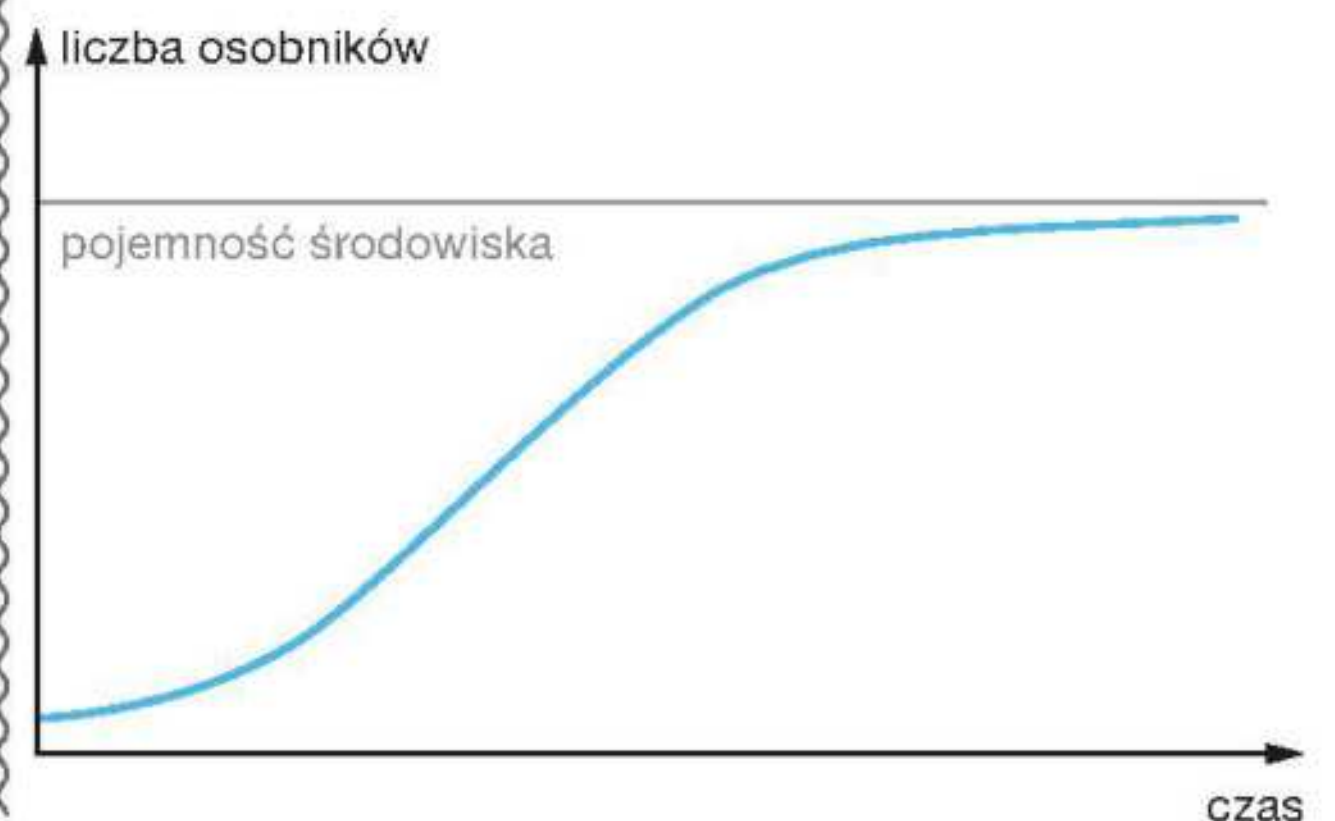
Modele wzrostu liczebności populacji

Jeśli osobniki danej populacji mają dostęp do niezbędnych im zasobów środowiska, wtedy liczebność tej populacji będzie się zwiększać. Wzrost liczebności populacji może się odbywać według dwóch modeli. Pierwszy model zakłada, że ilość zasobów w środowisku jest nieograniczona. W takiej sytuacji liczba osobników populacji będzie wzrastać wykładniczo w stałym tempie. W warunkach naturalnych rozwój populacji wg tego modelu zachodzi bardzo rzadko, np. po wprowadzeniu populacji do nowego środowiska. Częściej rozwój taki ma miejsce np. w przypadku hodowli laboratoryjnych.

W środowisku naturalnym wzrost liczebności populacji odbywa się przeważnie według modelu, który uwzględnia **pojemność środowiska**, czyli ilość dostępnych w nim zasobów. W modelu tym rozwój

populacji początkowo odbywa się bardzo szybko, jednak kiedy liczba osobników zbliża się do granicy pojemności środowiska, wzrost liczebności populacji zostaje zahamowany. Przykładami populacji o takim modelu wzrostu są populacje gatunków, które mają ograniczony teren rozrodu, np. foki i pingwiny na wybrzeżach wysp.

Model wzrostu liczebności populacji uwzględniający pojemność środowiska



Struktura przestrzenna populacji

Struktura przestrzenna populacji to sposób, w jaki osobniki są rozmieszczone na zajmowanym obszarze. Wpływają na nią warunki środowiska: czynniki fizyczne oraz stosunki między populacjami. Często określone rozmieszczenie osobników jest charakterystyczne dla danego gatunku. Rodzaje rozmieszczenia osobników w populacji przedstawiliśmy poniżej.

Rozmieszczenie równomierne



W rozmieszczeniu tym odległości między osobnikami lub ich terytoriami są jednakowe. Występuje ono np. w okresie lęgowym u gatunków kolonijnych, takich jak głuptaki.

Rozmieszczenie skupiskowe



W rozmieszczeniu tym osobniki są zebrane w grupach. Występuje ono m.in. u gatunków, których osobniki żyją w stadach, np. u wilków.

Rozmieszczenie losowe



W rozmieszczeniu tym układ osobników jest przypadkowy. Występuje ono m.in. u roślin, których nasiona są rozsiewane przez wiatr, np. u klonu.

Struktura wiekowa i struktura płciowa populacji

Osobniki w populacji możemy podzielić na grupy według wieku oraz według płci.

Struktura wiekowa populacji

Struktura wiekowa populacji to udział w populacji różnych grup wiekowych. Osobniki możemy podzielić na trzy główne grupy: **osobniki w wieku przedrodzonym** (osobniki młodociane), **osobniki w wieku rozrodczym** (osobniki dojrzałe) oraz **osobniki w wieku porozrodczym** (osobniki starsze). Analiza struktury wiekowej populacji pozwala prognozować losy populacji w przyszłości – czy będzie się ona rozwijać, czy raczej – grozi jej wymarcie. Strukturę wiekową populacji możemy przedstawić w formie graficznej w postaci piramidy wieku.

Piramidy wieku populacji



Populacja rozwijająca się

W populacji rozwijającej się występuje dużo osobników młodocianych, które dominują liczebnie nad osobnikami dojrzałymi. Liczebność takiej populacji będzie rosła.

Populacja ustabilizowana

W populacji ustabilizowanej liczba osobników w poszczególnych grupach wiekowych jest zbliżona, przy czym osobników starzejących się jest najmniej. Liczebność takiej populacji będzie się utrzymywać na stałym poziomie.

Populacja wymierająca

W populacji wymierającej osobniki w wieku rozrodczym i porozrodczym dominują liczebnie nad osobnikami młodocianymi. Liczebność takiej populacji będzie malała.

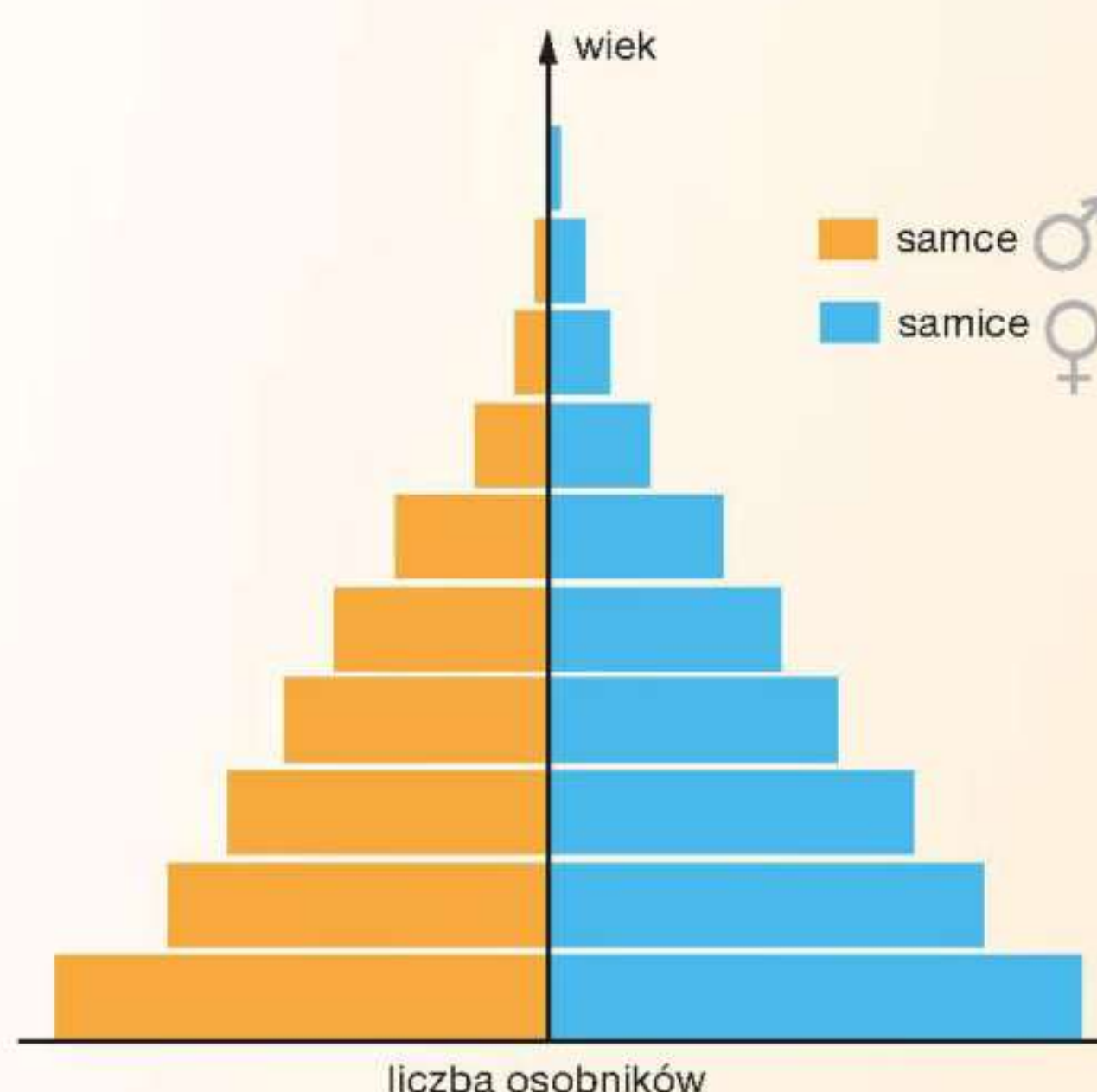
Struktura płciowa populacji

Struktura płciowa populacji to stosunek liczby osobników żeńskich do liczby osobników męskich. Właściwe proporcje liczby osobników poszczególnych płci pozwalają populacji się rozwijać. Zwykle w populacjach rozwijających się i ustabilizowanych liczba osobników żeńskich i męskich jest zbliżona.

Struktury: wiekową i płciową możemy przedstawić graficznie na wspólnym wykresie, nazywanym **piramidą wieku i płci**.

Piramida wieku i płci pozwala na dokładniejsze prognozowanie dalszych losów populacji niż piramida przedstawiająca jedynie podział na klasy wiekowe. Niedobór osobników jednej z płci może bowiem stanowić czynnik ograniczający rozwój populacji.

Piramida wieku i płci populacji





Krok po kroku

Jak możemy przewidzieć zmiany liczebności populacji?

Zmiany liczebności populacji możemy przewidzieć na podstawie danych dotyczących obecnej liczebności populacji, jej rozrodczości, śmiertelności i migracji osobników.

Przykład 1.

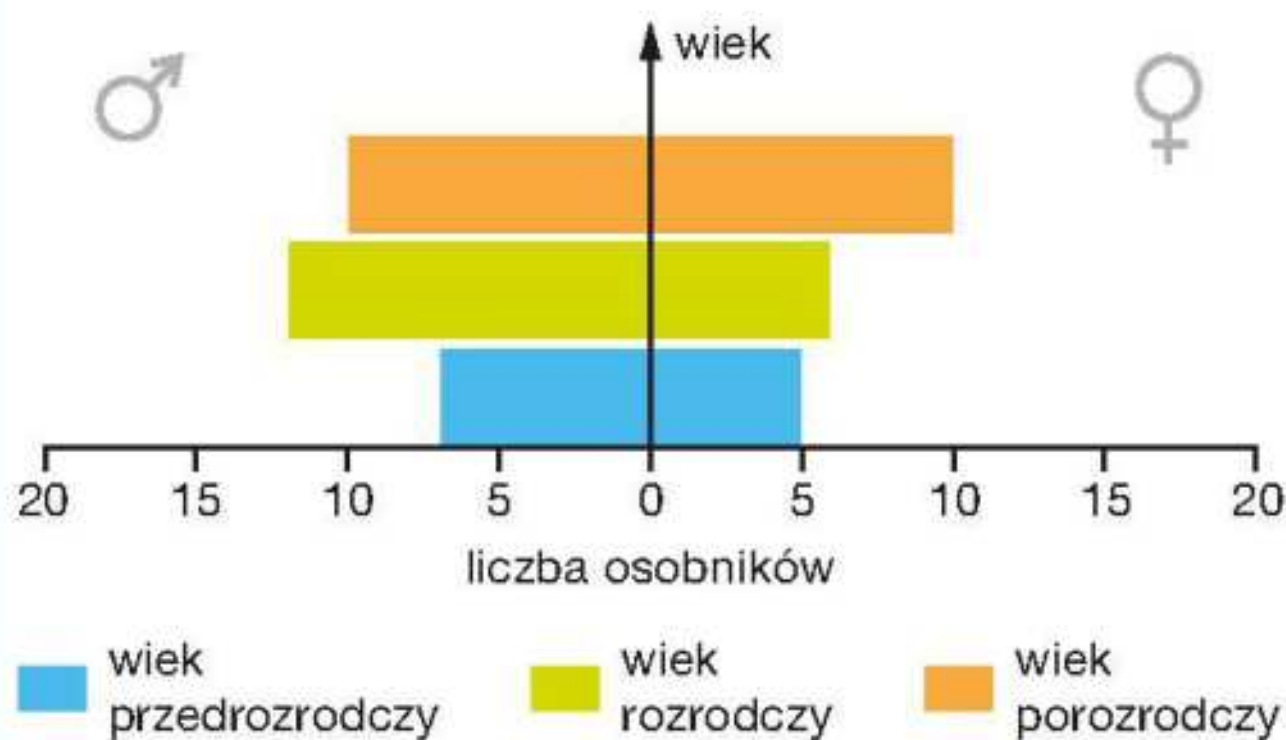
W pewnym lesie żyje populacja łosi licząca 50 osobników. Wśród nich w wieku przedrodzonym jest 12 osobników, z czego 7 osobników to samce. W wieku rozrodczym jest 18 osobników, z czego 12 to samce, a w wieku porozrodzonym – 20 osobników, z czego połowa to samce.

Określ, jak zmieni się liczebność tej populacji w przyszłości.

1 Uporządkuj dane, najlepiej w formie tabeli.

Klasy wieku	Samce	Samice	Suma
Wiek przedrodzyczny	7	5	12
Wiek rozrodczy	12	6	18
Wiek porozrodzyczny	10	10	20

2 Narysuj piramidę wieku i płci.



3 Na podstawie piramidy określ, czy populacja jest populacją rozwijającą się, ustabilizowaną czy wymierającą.

W opisanej populacji liczba osobników młodocianych jest mniejsza niż liczby osobników w pozostałych klasach wiekowych. Dlatego przedstawiona populacja jest populacją wymierającą – jej liczebność będzie maleć.

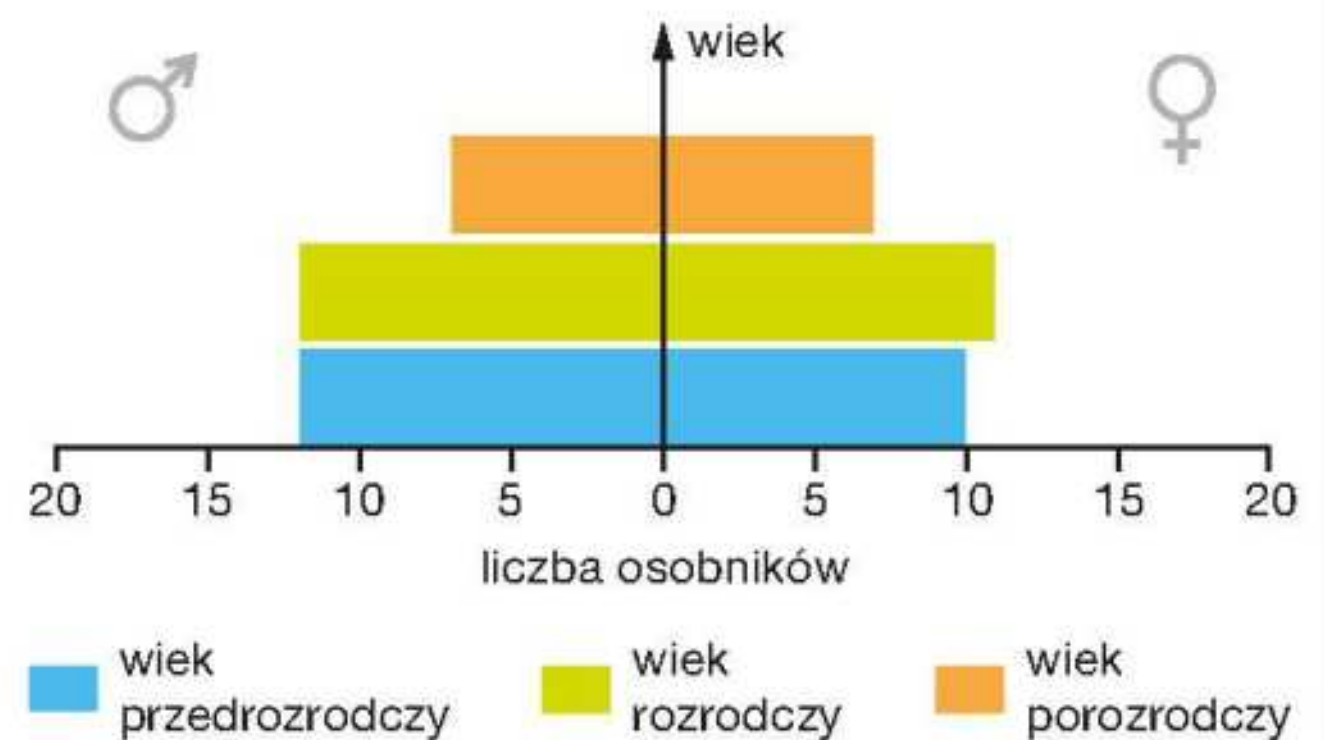
Przykład 2.

W ciągu roku w populacji łosi, o której była mowa w przykładzie 1., urodziły się 2 samce, a zmarło 6 osobników w wieku porozrodzonym – 3 samce i 3 samice. Ponadto do populacji tej dołączyła grupa osobników z sąsiedniego terenu. Było to 5 samic w wieku rozrodczym wraz z 8 młodymi – 3 samcami i 5 samicami. Określ, jak zmieni się liczebność tej populacji.

1 Uporządkuj dane, najlepiej w formie tabeli.

Klasy wieku	Samce	Samice	Suma
Wiek przedrodzyczny	12	10	22
Wiek rozrodczy	12	11	23
Wiek porozrodzyczny	7	7	14

2 Narysuj piramidę wieku i płci.

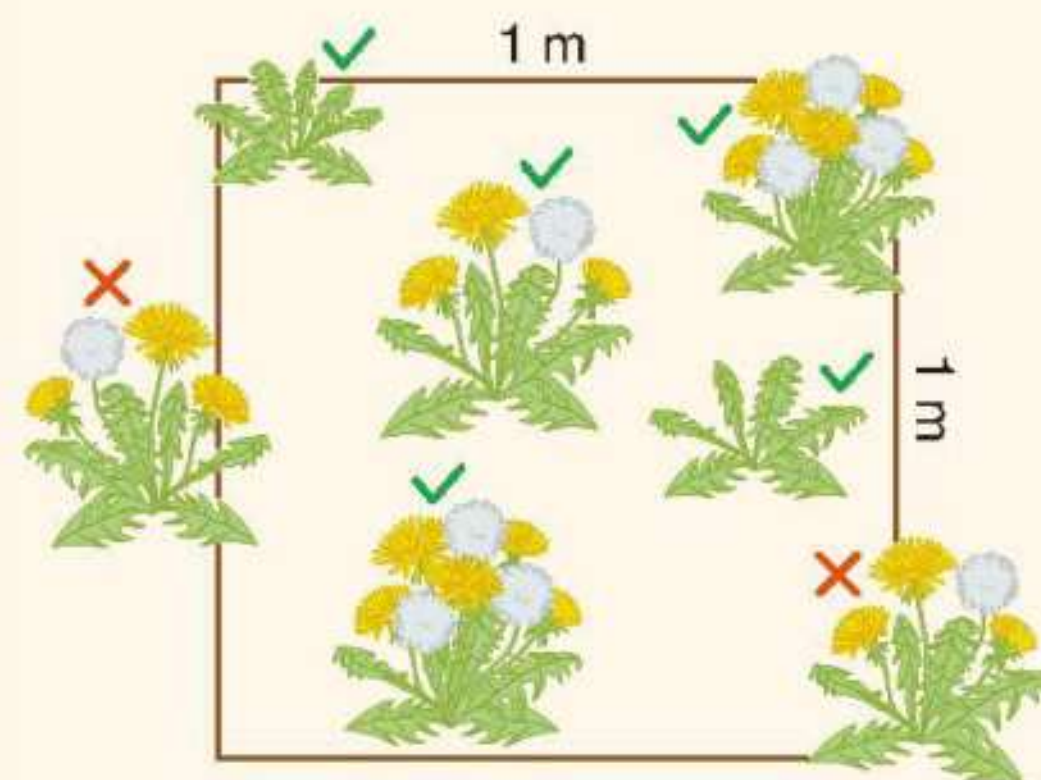


3 Na podstawie piramidy określ, czy populacja jest populacją rozwijającą się, ustabilizowaną czy wymierającą.

Liczba osobników młodocianych w opisanej populacji jest prawie równa liczbie osobników w okresie rozrodczym. Liczba osobników w okresie porozrodzonym jest najmniejsza. Populacja jest populacją ustabilizowaną – jej liczebność będzie utrzymywać się na stałym poziomie.

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 możemy 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.

■ Przebieg obserwacji

1. Wyznacz w ogrodzie lub 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 postaci tabeli.

	Kwadrat 1	Kwadrat 2	Kwadrat 3	Suma
Osobniki tegoroczne	?	?	?	?
Osobniki kilkuletnie	?	?	?	?
Liczba wszystkich osobników w kwadratach				?

4. Określ zagęszczenie osobników w populacji – w tym przypadku średnią liczbę osobników przypadającą na 1 m². W tym celu podziel sumę wszystkich osobników w kwadratach przez liczbę kwadratów.
5. Oszacuj liczebność populacji mniszka lekarskiego na badanym terenie – określ szacunkowo wielkość powierzchni trawnika w metrach kwadratowych, a następnie pomnóż uzyskaną wartość przez średnią liczbę osobników przypadającą na 1 m².
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.



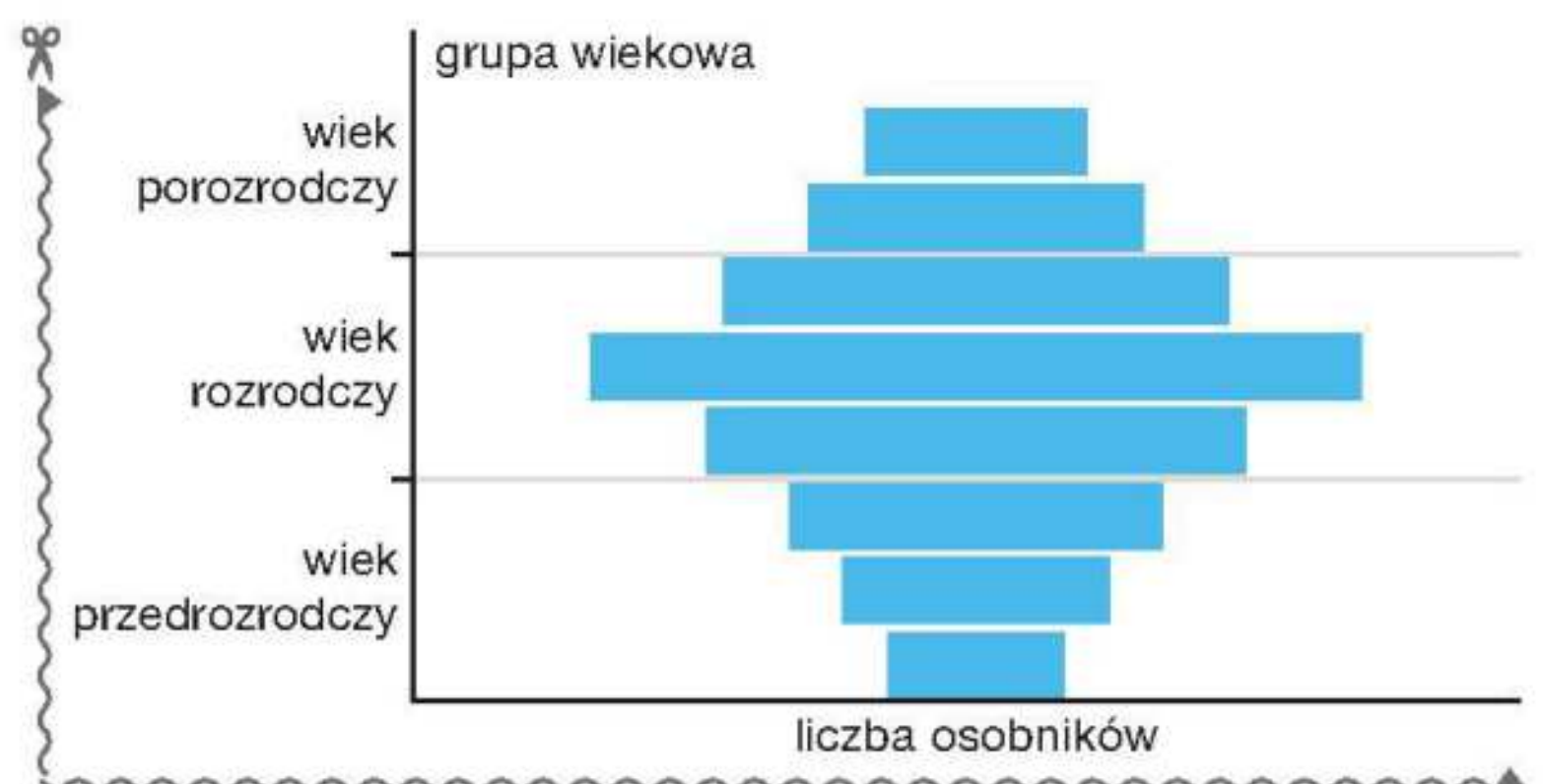
mniszek lekarski

**W skrócie**

- **Populacją** nazywamy grupę osobników tego samego gatunku, żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie.
- **Liczebność populacji** to liczba tworzących ją osobników.
- **Zagęszczenie populacji** to liczba osobników w przeliczeniu na jednostkę powierzchni.
- Na liczebność i zagęszczenie osobników w populacji wpływają: rozrodczość, śmiertelność i migracje.
- **Struktura przestrzenna populacji** to sposób, w jaki jej osobniki są rozmieszczone na zajmowanym obszarze. Wyróżniamy trzy rodzaje rozmieszczenia osobników populacji w przestrzeni: rozmieszczenie równomierne, skupiskowe i losowe.
- **Strukturą wiekową populacji** nazywamy udział w populacji osobników w poszczególnych okresach rozwojowych.
- **Struktura płciowa populacji** to stosunek liczby osobników żeńskich do liczby osobników męskich.

Polecenia kontrolne

1. Opisz, w jaki sposób migracje wpływają na liczebność populacji.
2. Wyjaśnij, w jaki sposób pojemność środowiska wpływa na sposób wzrostu liczebności populacji.
3. Korzystając z różnych źródeł informacji, podaj dwa przykłady gatunków, które reprezentują różne typy rozmieszczenia populacji.
- ✂ 4. Określ, jakie będą zmiany liczebności populacji, której strukturę wiekową przedstawiono na poniższej ilustracji. Odpowiedź uzasadnij.



5. Przeprowadź obserwację liczebności i zagęszczenia oraz określ strukturę przestrzenną populacji babki lancetowatej na wybranym przez siebie trawniku. Zastosuj metodę kwadratu.

	Kwadrat 1	Kwadrat 2	Kwadrat 3
Liczba osobników	?	?	?
Liczba wszystkich osobników w kwadratach	?		
Zagęszczenie osobników w populacji	?		



5.3.

Rodzaje oddziaływań między organizmami

Zwróć uwagę na:

- znaczenie oraz przykłady zależności nieantagonistycznych i antagonistycznych w ekosystemie,
- zmiany liczebności populacji w układzie zjadający–zjadany,
- skutki konkurencji wewnątrzgatunkowej i międzygatunkowej,
- adaptacje roślinożerców, drapieżników i pasożytów do zdobywania pokarmu,
- adaptacje obronne zjadanych roślin, ofiar drapieżników i żywicieli pasożytów.

W jednym siedlisku żyją populacje wielu gatunków. Należące do nich osobniki są ze sobą powiązane różnorodnymi zależnościami. Przykładowo rosnąca na trawniku koniczyna biała konkuruje z innymi roślinami o wodę, światło słoneczne, przestrzeń oraz owady zapylające. Na jej liściach żerują m.in. mszyce, które są zjadane przez biedronki. Niektóre interakcje z innymi gatunkami przynoszą koniecznie straty, a inne – zyski. W dalszej części tekstu poznasz dokładniej te i inne zależności między organizmami.

Rodzaje zależności pomiędzy organizmami

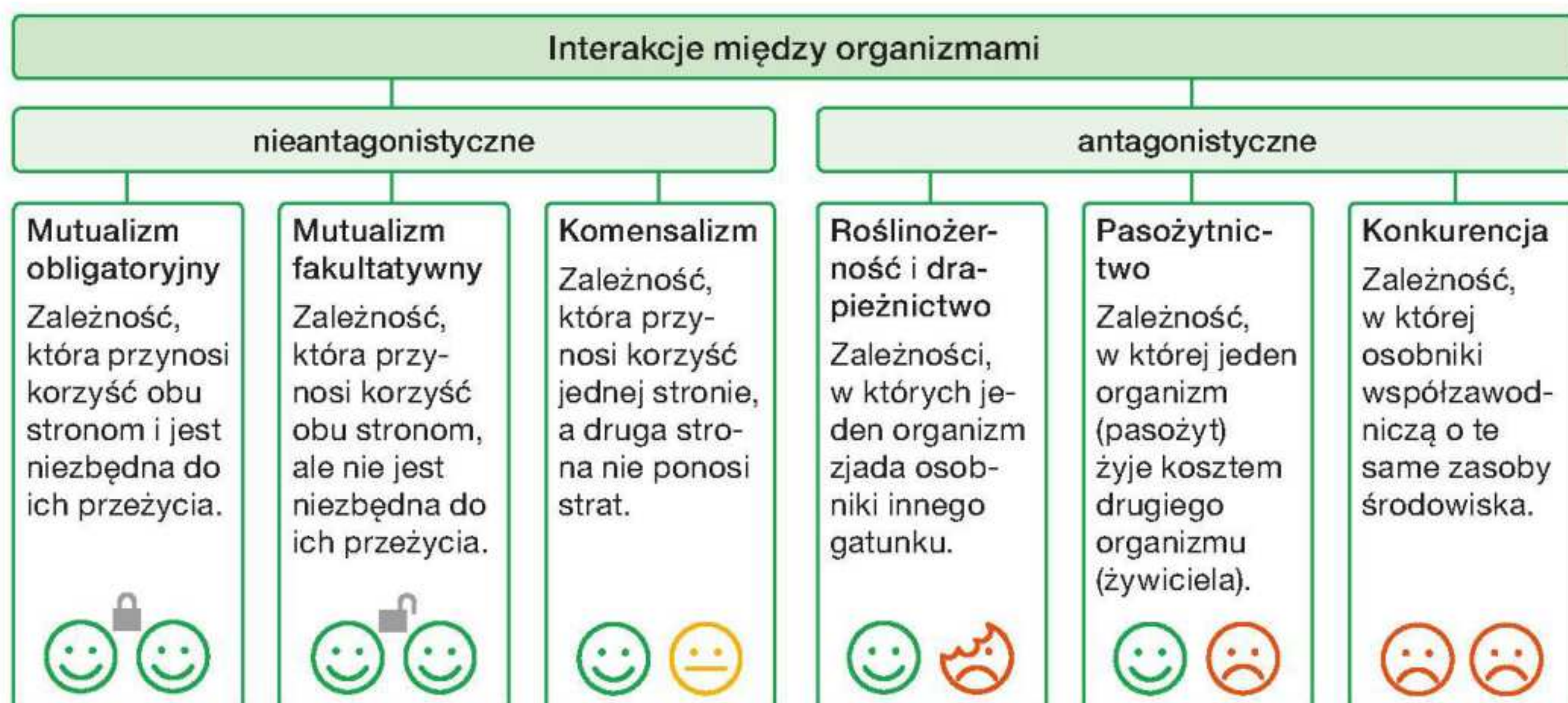
Między organizmami mogą występować zależności nieantagonistyczne lub zależności antagonistyczne.

Zależności nieantagonistyczne to zależności, w których przynajmniej jedna ze stron odnosi korzyści i żadna ze stron nie ponosi strat. Zaliczamy do nich: mutualizm obligatoryjny, mutualizm fakultatywny oraz komensalizm.

Zależności antagonistyczne to takie zależności, w których przynajmniej jedna ze stron ponosi straty. Do oddziaływań tych zaliczamy: roślinożerność, drapieżnictwo, pasożytnictwo i konkurencję.

Zależności między organizmami możemy rozpatrywać na poziomie osobników, populacji lub całych gatunków. Niektóre z nich dotyczą również osobników tego samego gatunku. Taką zależnością spośród interakcji opisanych w dalszej części tekstu jest konkurencja.

Rodzaje interakcji pomiędzy organizmami



Zależności nieantagonistyczne

Zależności nieantagonistyczne przynoszą korzyści przynajmniej jednej ze stron i żadna ze stron nie ponosi strat.

■ Mutualizm obligatoryjny



Mutualizm obligatoryjny jest zależnością nieantagonistyczną, w której obie strony uzyskują korzyści. To zależność tak ścisła, że żaden z zaangażowanych w nią organizmów nie jest w stanie przeżyć samodzielnie.



Glony żyjące w tkankach wielu koralowców dostarczają tym zwierzętom substancji pokarmowych. W zamian otrzymują schronienie i sole mineralne.



Symbiotyczne mikroorganizmy występujące w układzie pokarmowym przeżuwaczy rozkładają celulozę, co umożliwia zwierzętom odżywanie się roślinami.

■ Mutualizm fakultatywny



Mutualizm fakultatywny to zależność nieantagonistyczna, w której oba organizmy odnoszą korzyści. Zależność ta nie jest jednak niezbędna żadnej ze stron do przeżycia i ma zwykle charakter czasowy.



Krewetki czyszczą skórę ryb z pasożytów i martwej tkanki. W relacji tej krewetki zyskują pożywienie, a ryby – pielęgnację skóry.

Ptaki, np. jemioluszki, żywią się owocami jarzębiny, dzięki czemu zyskują pożywienie. Jednocześnie pomagają jarzębinie się rozsiewać, ponieważ nie trawią jej nasion.



■ Komensalizm



Komensalizm jest zależnością nieantagonistyczną, w której jedna strona odnosi korzyści, a druga strona nic nie zyskuje, ale też nie ponosi żadnych strat.



Storczyki rosną na drzewach, dzięki czemu zyskują lepszy dostęp do światła. Nie są jednak pasożytami, dlatego ich obecność jest dla drzew obojętna.



Różanki składają jaja do wnętrza małży jak do inkubatorów. Małe rybki opuszczają małże po wylęgu, nie wyrządzając im krzywdy, więc dla małży związek ten jest obojętny.

■ Zależności antagonistyczne

Zależności antagonistyczne przynoszą straty przynajmniej jednej ze stron.

Roślinożerność i drapieżnictwo



Roślinożerność i drapieżnictwo to interakcje antagonistyczne, w których jeden organizm zjada drugi organizm. Roślinożercy i drapieżniki odnoszą z tych relacji korzyści, natomiast zjadane przez roślinożerców rośliny i ofiary drapieżników ponoszą straty.

Zjadając inne organizmy, roślinożercy i drapieżniki regulują ich liczebność w środowisku. Roślinożercy zwykle zjadają tylko niektóre części roślin. Nadgryzione rośliny są jednak bardziej narażone na ataki pasożytów lub mogą zginąć w wyniku uszkodzeń. Drapieżniki z kolei zwykle zabijają i zjadają osobniki słabe lub chore.

Gdy w wyniku intensywnego żerowania spada liczebność roślin, roślinożercom trudniej jest zdobyć pokarm, dlatego ich

Zjadający kontra zjadani

Ciała roślinożerców i drapieżników są tak zbudowane, aby umożliwić im zdobywanie pokarmu. Drapieżniki zdobywają go również, stosując różne strategie polowań.

■ Przystosowania roślinożerców do zjadania roślin

Roślinożercy mają szereg przystosowań anatomicznych, które umożliwiają im odżywanie się pokarmem roślinnym.



Bobry mają długie, twarde, stale rosnące siekacze, dzięki którym mogą przegryźć m.in. zdrewniałe elementy roślin.



Zwierzęta przeżuwające mają czterokomorowy żołądek i bardzo długie jelita, dzięki czemu mogą trawić pokarm roślinny.

■ Mechanizmy obronne roślin

Rośliny w obronie przed zjedzeniem wytwarzają m.in. kolce, ciernie lub trujące albo nieprzyjemne w smaku związki. Niektóre upodabniają się też do otoczenia lub do gatunków unikanych przez roślinożerców.



Pokrzywa ma parzące włoski, które zawierają substancje drażniące skórę.

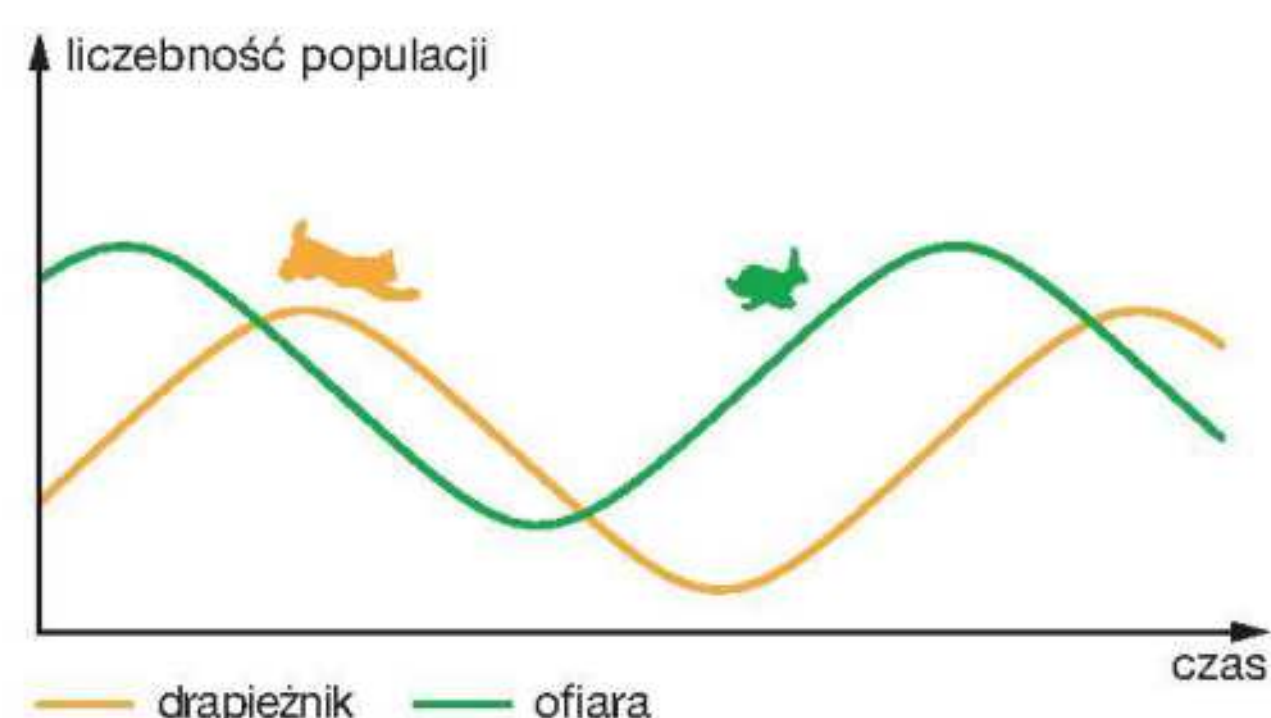
Jasnota wyglądem przypomina pokrzywę, ale nie ma parzących włosków.



liczebność także maleje. W efekcie spadku liczby roślinożerców wzrasta liczba roślin, co z kolei skutkuje wzrostem liczby roślinożerców. W podobny sposób jest od siebie uzależniona liczebność drapieżników i liczebność ich ofiar.

Taką relację, w której zmiana liczebności gatunku zjadanego pociąga za sobą zmianę liczebności gatunku zjadającego, nazywamy **układem zjadający–zjadany**.

Model zmian liczebności populacji w układzie zjadający–zjadany



■ Przystosowania drapieżników do chwytania ofiar

Drapieżnikom w polowaniach pomagają np. bardzo rozbudowane mięśnie ułatwiające szybki atak czy związki chemiczne, które unieruchamiają ofiary.



Pajaki wytwarzają lepką sieć, w którą łapią swoje ofiary.

Lwy mają dobrze rozwinięte narządy zmysłów, dzięki którym lokalizują swoje ofiary. Ich ciało jest też silnie umięśnione, co umożliwia pogoń. Ostre kły i pazury służą im do zabijania zdobyczy.



Antylopy mają dobrze rozwinięte narządy zmysłów, dzięki czemu mogą szybko dostrzec zagrożenie. Ich ciało jest umięśnione i smukłe, co umożliwia im ucieczkę.

■ Mechanizmy obronne ofiar drapieżników

Ofiary drapieżników, takie jak antylopy, najczęściej bronią się ucieczką. Niektóre z nich stosują maskujący kamuflaż. Czasami ofiary odstraszały drapieżniki bronią chemiczną, np. jadem.



Drzewołazy wydzielają przez skórę toksyczne substancje.

Gekon *Uroplatus phantasticus* wyglądem przypomina uschły liść.



Pasożytnictwo 😊 😞

Pasożytnictwo jest interakcją antagonistyczną, w której jeden organizm – pasożyt – odżywia się kosztem innego organizmu, zwanego żywicielem lub gospodarzem. W zależności tej pasożyt odnosi korzyści, natomiast żywiciel ponosi straty. W odróżnieniu od omówionych wcześniej interakcji celem pasożyta nie jest zabicie żywiciela, tylko jak najdłuższe jego wykorzystywanie. Obecność

pasożyta osłabia jednak organizm żywiciela, co może doprowadzić do jego śmierci. Pasożyty pełnią więc tę samą funkcję w środowisku, co drapieżniki i roślinożercy – redukują liczbę osobników gatunków, na których pasożytują.

W zależności od lokalizacji pasożyta wyróżniamy pasożyty wewnętrzne (żyją we wnętrzu ciała żywiciela) i pasożyty zewnętrzne (żyją na powierzchni ciała żywiciela).

Pasożyty kontra ich żywiele

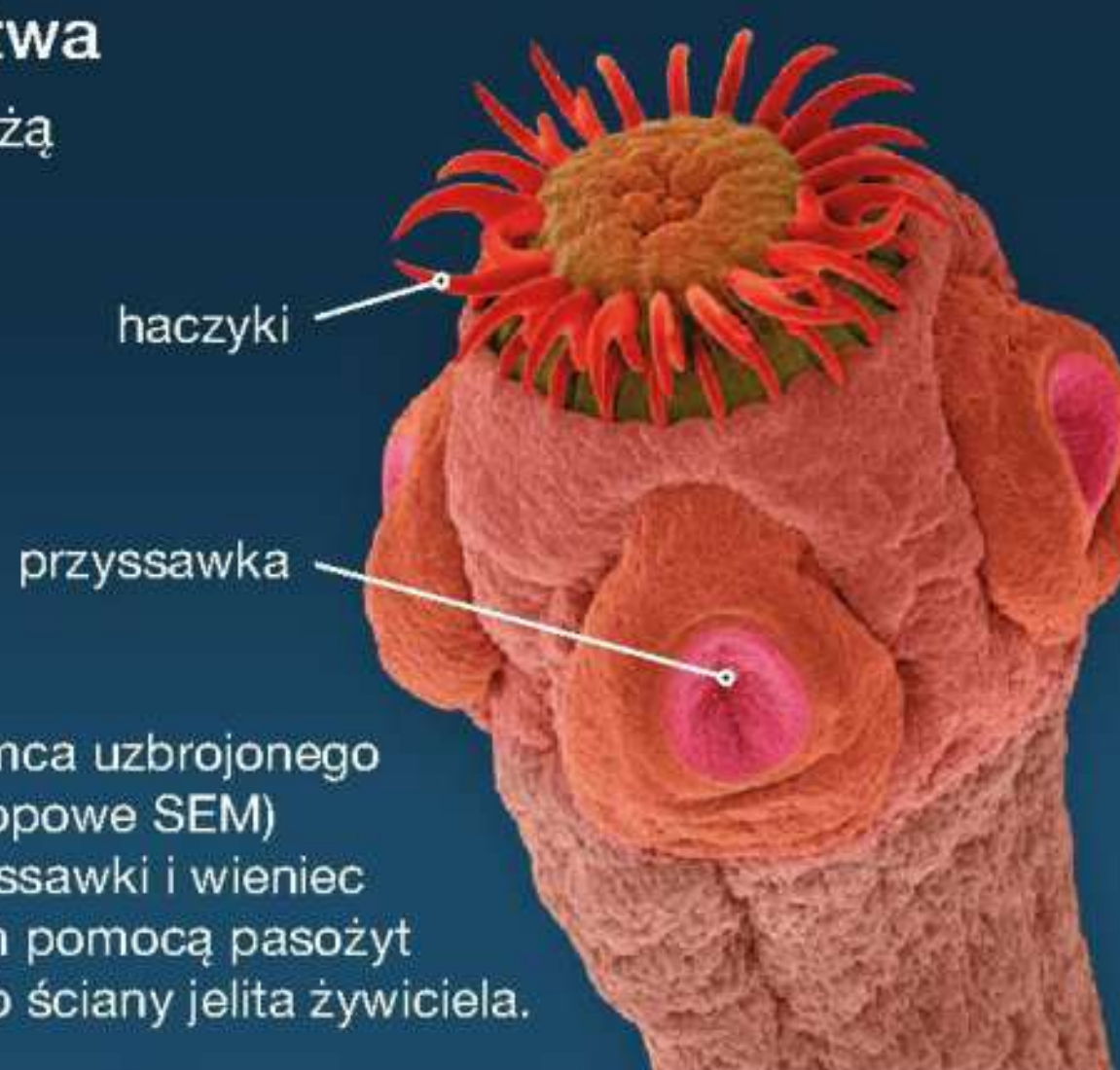
Pasożyty są przystosowane do jak najwydajniejszego wykorzystywania swoich żywicieli i to w taki sposób, aby uniknąć wykrycia. Żywiele bronią się przed przyczepieniem się do nich pasożytów zewnętrznych lub wnikięciem pasożytów wewnętrznych do ich ciał.

■ Przystosowania pasożytów do pasożytnictwa

Przystosowania pasożytów do wykorzystywania żywicieli zależą od tego, czy są to pasożyty zewnętrzne, czy wewnętrzne.



Komar ma aparat gębowy, dzięki któremu może przekłuć się przez powłokę ciała kręgowców.

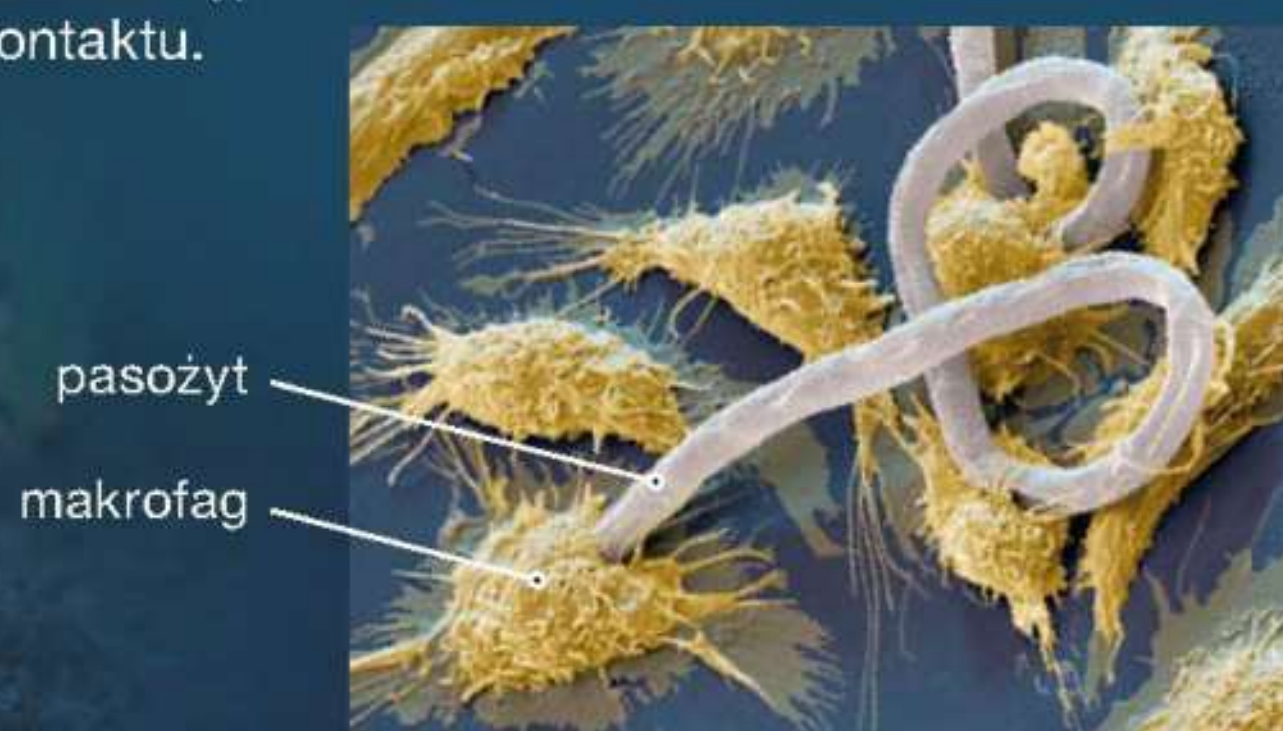


Na główce tasiemca uzbrojonego (zdjęcie mikroskopowe SEM) znajdują się przyssawki i wieniec haczyków. Za ich pomocą pasożyt przyczepia się do ściany jelita żywiciela.

■ Przystosowania żywicieli do unikania pasożytów

Organizmy starają się odstraszyć pasożyty, utrudnić im dostęp do powierzchni ciała lub usunąć je, jeśli dojdzie do kontaktu.

Niektóre rośliny, np. cebula i czosnek, wydzielają związki, które odstraszałyby pasożyty.



Układ odpornościowy zwierząt reaguje na obecność pasożytów wewnętrznych.

Konkurencja ☹️☹️

Konkurencja to zależność antagonistyczna, w której organizmy współzawodniczą ze sobą o te same zasoby środowiska. W przypadku tej zależności oba zaangażowane w nią organizmy ponoszą straty. Wyróżniamy dwa rodzaje konkurencji: wewnątrzgatunkową i międzygatunkową.

Konkurencja wewnątrzgatunkowa występuje między osobnikami tego samego gatunku, tworzącymi jedną populację. Jednym z jej efektów jest selekcja osobników w wyniku działania doboru naturalnego. Osobnik, który jest lepiej przystosowany do warunków środowiska, ma większą szansę na przeżycie i wydanie na świat potomstwa. Pozwala to utrzymać liczebność populacji na optymalnym poziomie.

Konkurencja wewnątrzgatunkowa doprowadza również do wydzielenia terytoriów dla poszczególnych osobników populacji lub grup osobników. Silniejsze osobniki zajmują

większe i bogatsze w zasoby środowiska terytoria. U zwierząt żyjących w grupach, np. stadach, ten typ konkurencji prowadzi do wytworzenia się hierarchii społecznej, polegającej na podziale populacji na grupy lub klasy społeczne, w których osobniki silniejsze zajmują wyższe pozycje.

Konkurencja międzygatunkowa występuje między osobnikami należącymi do różnych gatunków. Dochodzi do niej wtedy, gdy dwa gatunki występujące na jednym terenie mają zbliżone nisze ekologiczne i korzystają z tych samych zasobów środowiska. Efektem konkurencji międzygatunkowej może być wyparcie jednego gatunku przez inny gatunek, który jest lepiej przystosowany do życia w danym środowisku.

Innym możliwym efektem konkurencji międzygatunkowej jest ograniczenie niszy ekologicznej jednego z konkurujących gatunków. W takiej sytuacji słabszy gatunek np. zmienia pokarm lub miejsce schronienia.

Konkurencja – o co i w jaki sposób walczą organizmy?

Zwierzęta najczęściej konkurują ze sobą o pokarm, terytorium czy partnera do rozrodu. Rośliny konkurują zwykle o dostęp do światła, wodę z solami mineralnymi i zwierzęta zapylające kwiaty lub rozsiewające nasiona.



Rośliny zapylane przez zwierzęta zwabiają do siebie zapylaczy barwą, zapachem i słodkim nektarem.

Hieny i sępy występują na tym samym terytorium. Często między ich populacjami dochodzi do walki o padlinę pozostawioną np. przez lwy.





Wpływ konkurencji wewnątrzgatunkowej na masę marchwi

- **Problem badawczy:** Czy konkurencja wewnątrzgatunkowa wpływa na masę marchwi?
- **Hipoteza:** Konkurencja wewnątrzgatunkowa powoduje zmniejszenie masy marchwi.
- **Przebieg doświadczenia**

Przygotuj: sześć doniczek wypełnionych glebą ogrodową i nasiona marchwi.

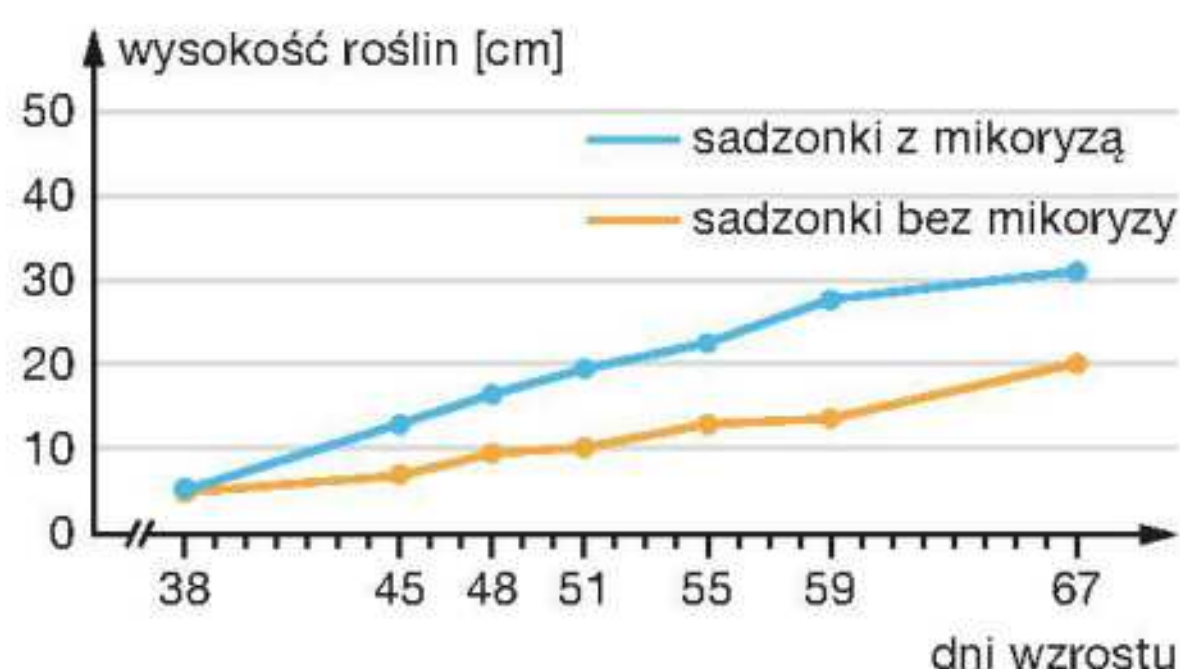
 - Do trzech doniczek wysiej w równych odstępach po 10 nasion marchwi, do kolejnych trzech doniczek – po 20 nasion marchwi. Odstaw wszystkie doniczki na parapet i zraszaj systematycznie.
 - Po trzech miesiącach wyjmij z doniczek wyhodowane okazy marchwi. Porównaj ich wygląd (wysokość, grubość korzenia), a następnie zważ każdą z roślin oraz zapisz uzyskane wyniki w postaci tabeli. Oblicz średnią masę marchwi w obu próbach.
- **Wynik doświadczenia:** Większą średnią masę miały okazy marchwi w doniczkach, w których było 10 nasion marchwi. W doniczkach, w których zostało wysianych 20 nasion marchwi, okazy marchwi były wyższe, bardziej wiotkie, ale miały mniejszą masę.
- **Wniosek:** Konkurencja wewnątrzgatunkowa powoduje zmniejszenie masy marchwi.

W skrócie

- Zależności nieantagonistyczne to zależności, w których przynajmniej jedna ze stron odnosi korzyści, a żadna ze stron nie ponosi strat. Należą do nich:
 - **mutualizm obligatoryjny** – obopólnie korzystna interakcja, konieczna do przeżycia obu stron,
 - **mutualizm fakultatywny** – obopólnie korzystna interakcja niekonieczna żadnej stronie do przeżycia,
 - **komensalizm** – interakcja, w której jedna strona odnosi korzyści, a druga nic nie zyskuje i niczego nie traci.
- **Zależności antagonistyczne** to takie zależności, w których przynajmniej jedna ze stron ponosi straty. Należą do nich: **roślinożerność** i **drapieżnictwo** (interakcje, w których jeden organizm odżywia się drugim), **pasożytnictwo** (interakcja, w której jeden organizm żyje kosztem drugiego) i **konkurencja** (interakcja, w której osobniki współzawodniczą o zasoby środowiska).

Polecenia kontrolne

- Przeanalizuj wykres, a następnie sformułuj wniosek dotyczący wpływu mikoryzy na wzrost bazylii pospolitej. Wyjaśnij, jakie znaczenie ma mikoryza dla upraw leśnych.
- Wyjaśnij, czym różni się komensalizm od mutualizmu.
- Określ, jakie znaczenie dla środowiska mają zależności antagonistyczne.





5.4. Funkcjonowanie ekosystemu

Zwróć uwagę na:

- pojęcia: ekosystem, biotop, biocenoza,
- ✂ • rodzaje sukcesji ekologicznej,
- zależności pokarmowe w ekosystemie (sieć pokarmowa, łańcuch pokarmowy),
- przepływ energii i obieg materii w ekosystemie,
- ✂ • obieg węgla i azotu w przyrodzie.

Na jednym terenie w tym samym czasie żyje wiele różnych populacji. Na przykład w lesie rosną różne gatunki drzew, krzewów, mchów czy grzybów. Występują w nim także liczne gatunki zwierząt, takich jak mrówki, pająki, sarny i zające, a w leśnej glebie żyje m.in. wiele gatunków mikroorganizmów. Populacje te są ze sobą powiązane różnorodnymi zależnościami. Nie mogłyby jednak funkcjonować, gdyby nie otaczające je elementy przyrody nieożywionej, takie jak gleba, skały, woda, energia słoneczna i powietrze, które m.in. zapewniają im schronienie i dostarczają niezbędnych składników mineralnych. Wszystkie elementy ożywione i nieożywione tworzą jeden sprawnie działający system, który w ekologii nazywamy ekosystemem.

■ Czym jest ekosystem?

Ekosystem to podstawowa jednostka ekologiczna, która składa się z elementów ożywionych, czyli biocenozy, oraz elementów nieożywionych, czyli biotopu. **Biocenozę** tworzą populacje wszystkich gatunków żyjących na określonym terenie w tym samym czasie, powiązane ze sobą wzajemnymi zależnościami. **Biotop** to wszystkie nieożywione elementy środowiska.

Ekosystemy mogą zajmować obszary o różnej wielkości, a także wzajemnie się w sobie zawierać. Przykładowo pojedynczym ekosystemem może być niewielki staw oraz cały las, w którego obrębie ten staw się znajduje. Ponadto w ekosystemach zachodzą zmiany.

Podział ekosystemów

Rodzaje ekosystemów		
ekosystemy naturalne	ekosystemy półnaturalne	ekosystemy sztuczne
Powstają bez udziału człowieka. Ich przykładami są jeziora, morza, lasy i puszcze.	Powstają w wyniku przekształceń ekosystemów naturalnych przez człowieka. Ich przykładami są koszone łąki i pastwiska.	Są tworzone i zmieniane przez człowieka. Należą do nich m.in. pola uprawne, sady, stawy hodowlane i winnice.
		



Sukcesja, czyli przemiany ekosystemu

Sukcesja to proces ciągłych, kierunkowych zmian ekosystemu, które prowadzą do jego przekształcania się. Zmiany te zachodzą zarówno w obrębie biotopu (np. zmiany pH i składu chemicznego podłoża), jak i biocenozy (zmiany składu gatunkowego). Końcowym etapem sukcesji jest **klimaks**, czyli stan, w którym ekosystem osiąga względnie stały skład gatunkowy. Wyróżniamy dwa rodzaje sukcesji: sukcesję pierwotną i sukcesję wtórną.

■ Sukcesja pierwotna

Zachodzi na obszarach, na których wcześniej nie było biocenozy, np. na nagich skałach lub wydmach. Proces taki może trwać kilkaset lub kilka tysięcy lat.

Etapy sukcesji pierwotnej



■ Sukcesja wtórna

Zachodzi w miejscach zajmowanych wcześniej przez biocenozę, która uległa zniszczeniu np. wskutek pożaru czy powodzi, lub w efekcie działań człowieka. Ma miejsce również np. podczas zarastania jezior.

Etapy sukcesji wtórnej





■ Zależności pokarmowe w ekosystemie

Wiesz już, że obecne w ekosystemie gatunki wchodzi z sobą w różne interakcje. Jednym z rodzajów łączących je zależności są **zależności pokarmowe**, w których jedno organizmy są pokarmem dla innych organizmów. Na przykład liście dębu są pokarmem gąsienic motyli, takich jak omacnica dębowa, z kolei gąsienice są przysmakiem ptaków, m.in. kowalików. Jeśli wspomniane gatunki – dąb, omacnicę dębową i kowalika – ustawimy w kolejności od zjadanych do zjadających, otrzymamy **łańcuch pokarmowy** (łańcuch troficzny), czyli uporządkowany ciąg gatunków, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny.

Niektóre organizmy pozyskują pokarm w podobny sposób i zajmują zwykle to samo miejsce w łańcuchach pokarmowych. Przykładowo lipa i nagietek są roślinami zielonymi. Są samożywne, więc zajmują pierwsze miejsce w łańcuchach pokarmowych. Z kolei mszyce i zające odżywiają się roślinami, dlatego zajmują drugie miejsce w łańcuchach pokarmowych. Grupę organizmów o podobnym sposobie odżywiania się i zajmujących takie samo miejsce w łańcuchach pokarmowych nazywamy **poziomem troficznym**. Podstawowe poziomy troficzne to producenci i konsumenci.

Producenci

Producenci to organizmy samożywne, zdolne do wytwarzania związków organicznych z prostych związków nieorganicznych. Są nimi rośliny zielone oraz niektóre bakterie i protisty. Producenci stanowią pierwsze ogniwo łańcucha pokarmowego, który nazywamy **łańcuchem spasanania**.

Konsumenci

Konsumenci to organizmy cudzożywne, które uzyskują materię organiczną z innych organizmów. Należą do nich zwierzęta, pasożytnicze rośliny oraz niektóre grzyby, bakterie i protisty. W zależności od tego, które ogniwo łańcucha pokarmowego zajmuje dany organizm, wyróżniamy konsumentów I, II, III rzędu i kolejnych rzędów. Konsumentami I rzędu są roślinożercy oraz pasożyty roślin. Konsumenci II rzędu i kolejnych rzędów to mięsożercy oraz pasożyty zwierząt.

■ Destruenci

Destruenci to organizmy, które odżywiają się szczątkami i odchodami innych organizmów, dzięki czemu przyczyniają się do ich rozkładu. Do destruentów należą przede wszystkim bakterie oraz grzyby.

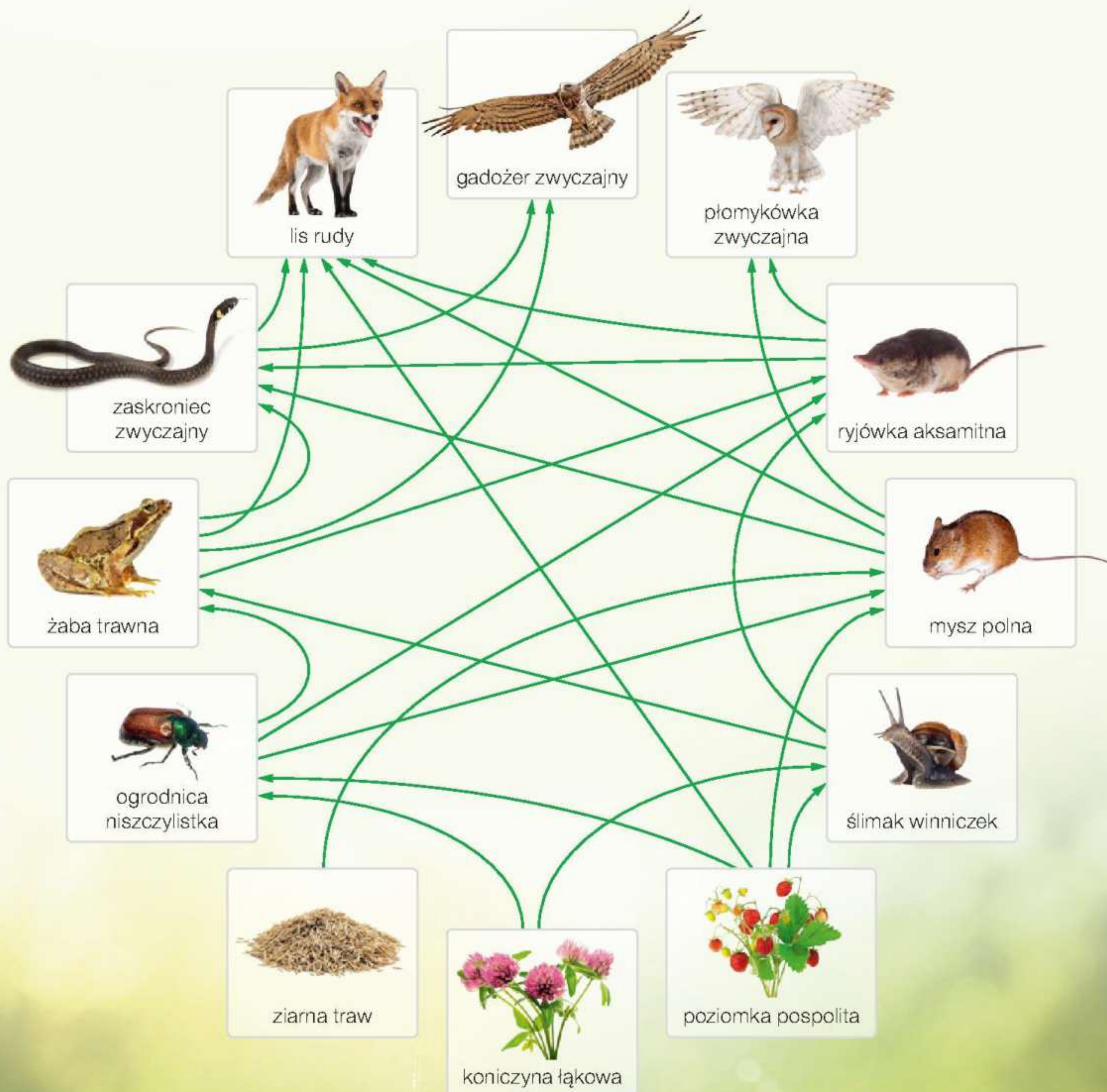
Destruenci mogą stanowić pierwsze ogniwo łańcucha pokarmowego. Taki łańcuch nazywamy **łańcuchem detrytusowym**.

Łańcuch spasanania



Sieć pokarmowa

Sieć pokarmowa (sieć 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. Sieć pokarmowa oddaje rzeczywiste zależności łączące poszczególne organizmy w ekosystemie i za jej pomocą możemy zobrazować, jak bardzo różnorodny jest pokarm konsumentów. Poniżej przedstawiliśmy fragment sieci pokarmowej występującej na leśnej polanie.

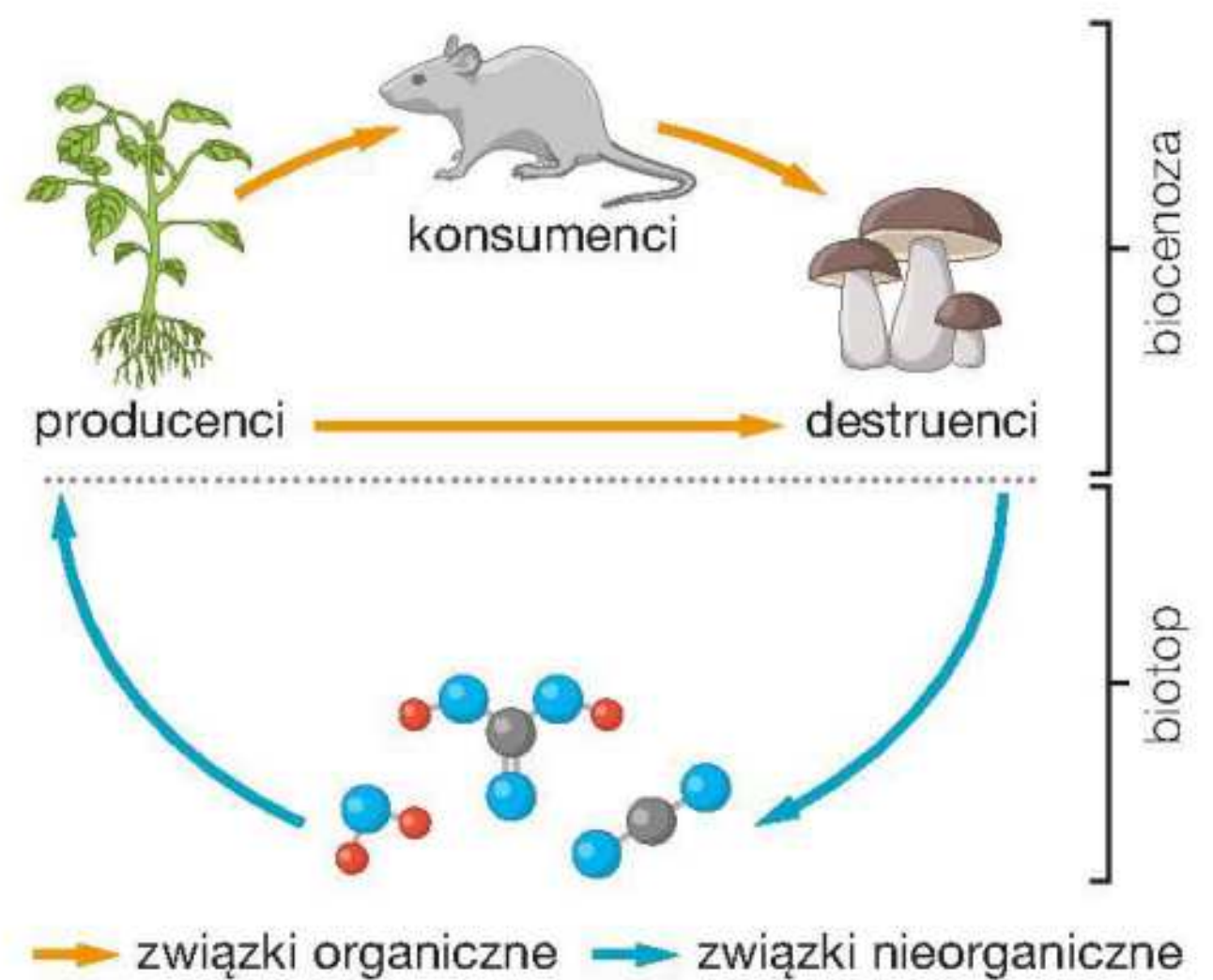


Jeżeli prześledzisz wybraną ścieżkę zależności pokarmowych od producenta do konsumenta ostatniego rzędu, to uzyskasz pojedynczy łańcuch pokarmowy występujący na leśnej polanie.

■ Obieg materii w ekosystemie

Obiegiem materii w ekosystemie nazywamy krążenie materii między biocenozą a biotopem. Biotop składa się głównie ze związków nieorganicznych, które są pobierane przez rośliny. Podczas fotosyntezy ze związków tych powstają związki organiczne wykorzystywane przez rośliny do budowy tkanek. Rośliny są zjadane przez roślinożerców, którzy pozyskane z nich związki wykorzystują do budowy własnych organizmów. Roślinożercy z kolei są zjadani przez mięsożerców. Ostatecznie pierwiastki budujące ciała wszystkich organizmów wracają do środowiska w postaci wydaliny, odchodów lub szczątków. Martwa materia organiczna jest rozkładana przez destruenci do związków nieorganicznych, które mogą ponownie zostać pobrane i wykorzystane przez rośliny.

Obieg materii

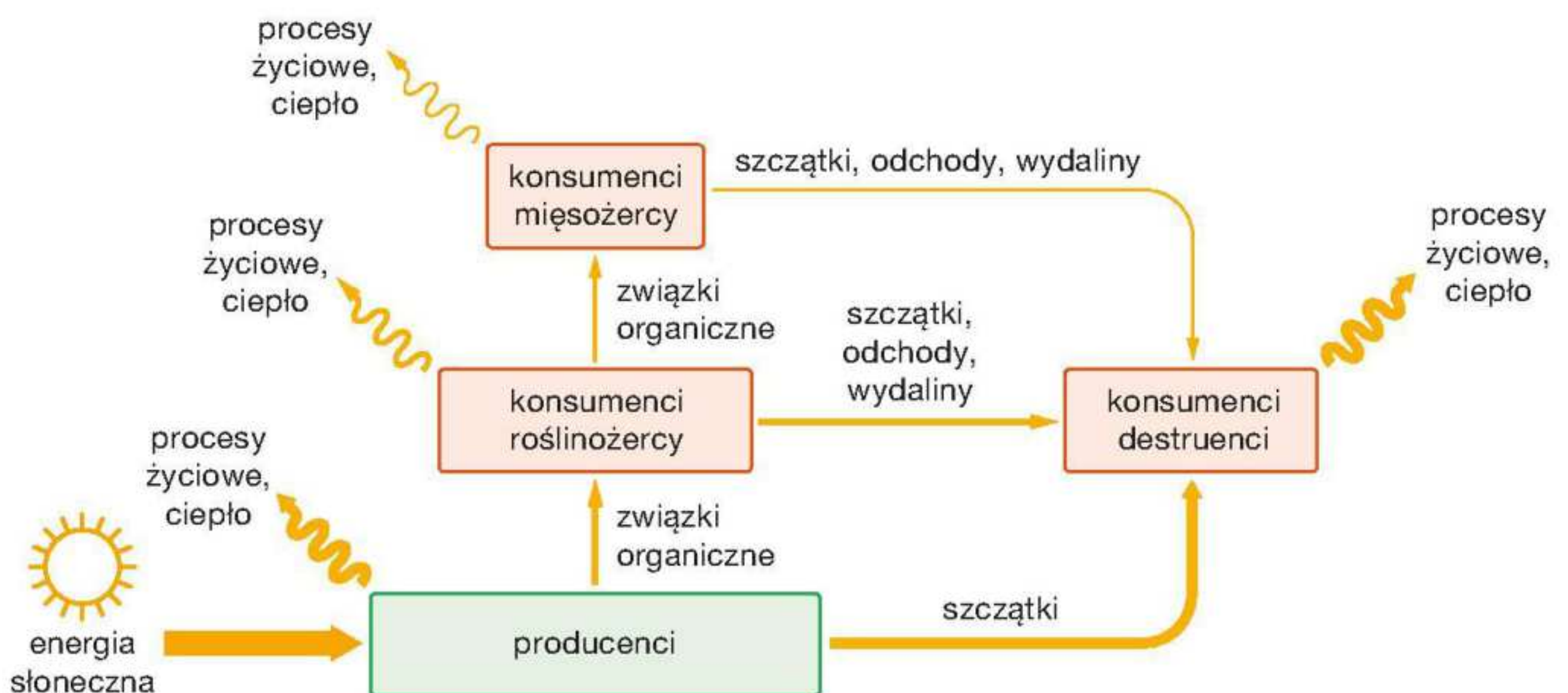


przez producentów w trakcie procesów życiowych oraz rozprasza się w postaci ciepła. Tylko ok. 10% występuje w związkach chemicznych budujących ciała producentów. Z energii tej korzystają roślinożercy, którzy zużywają ją głównie do przeprowadzania procesów życiowych. Pozostała energia pozyskana przez roślinożerców rozprasza się w postaci ciepła lub gromadzi się w związkach budujących ich ciała, z których korzystają drapieżniki. Drapieżniki wykorzystują energię podobnie jak poprzednie grupy organizmów. Ostatecznie energię zmagazynowaną w martwej materii organicznej wykorzystują destruenci.

■ Przepływ energii w ekosystemie

Energia nie krąży w ekosystemie, tylko przez niego przepływa. Przepływ ten rozpoczyna się od producentów. Wykorzystują oni energię słoneczną do fotosyntezy. Podczas tego procesu energia słoneczna jest przekształcana w energię wiązań chemicznych. Większość energii chemicznej jest zużywana

Przepływ energii



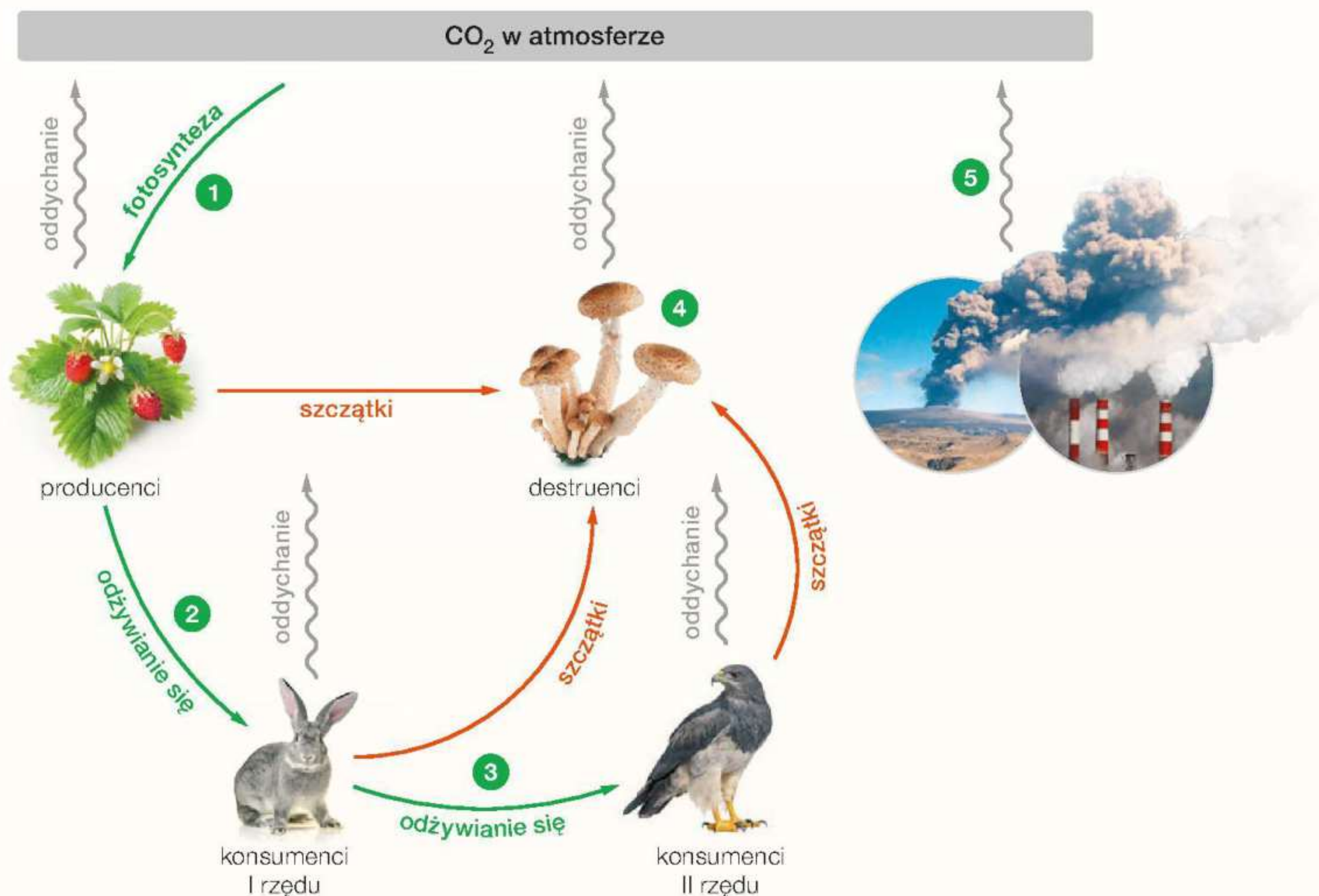


Obieg materii w przyrodzie na przykładzie obiegów węgla i azotu

Krążenie węgla i azotu w przyrodzie wynika przede wszystkim z przemian biochemicznych, które zachodzą w organizmach, a także z przemian geologicznych i chemicznych, które zachodzą w środowisku.

■ Obieg węgla w przyrodzie

Węgiel jest pierwiastkiem niezbędnym organizmom do życia, ponieważ wchodzi w skład wszystkich związków organicznych. W przyrodzie występuje m.in. w postaci dwutlenku węgla w atmosferze.



1 Producenci pobierają z atmosfery CO_2 , a następnie podczas 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 Konsumentci 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 Konsumentci 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, wydaliny 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 wybuchów wulkanów i spalania paliw kopalnych, np. węgla kamiennego lub ropy naftowej.

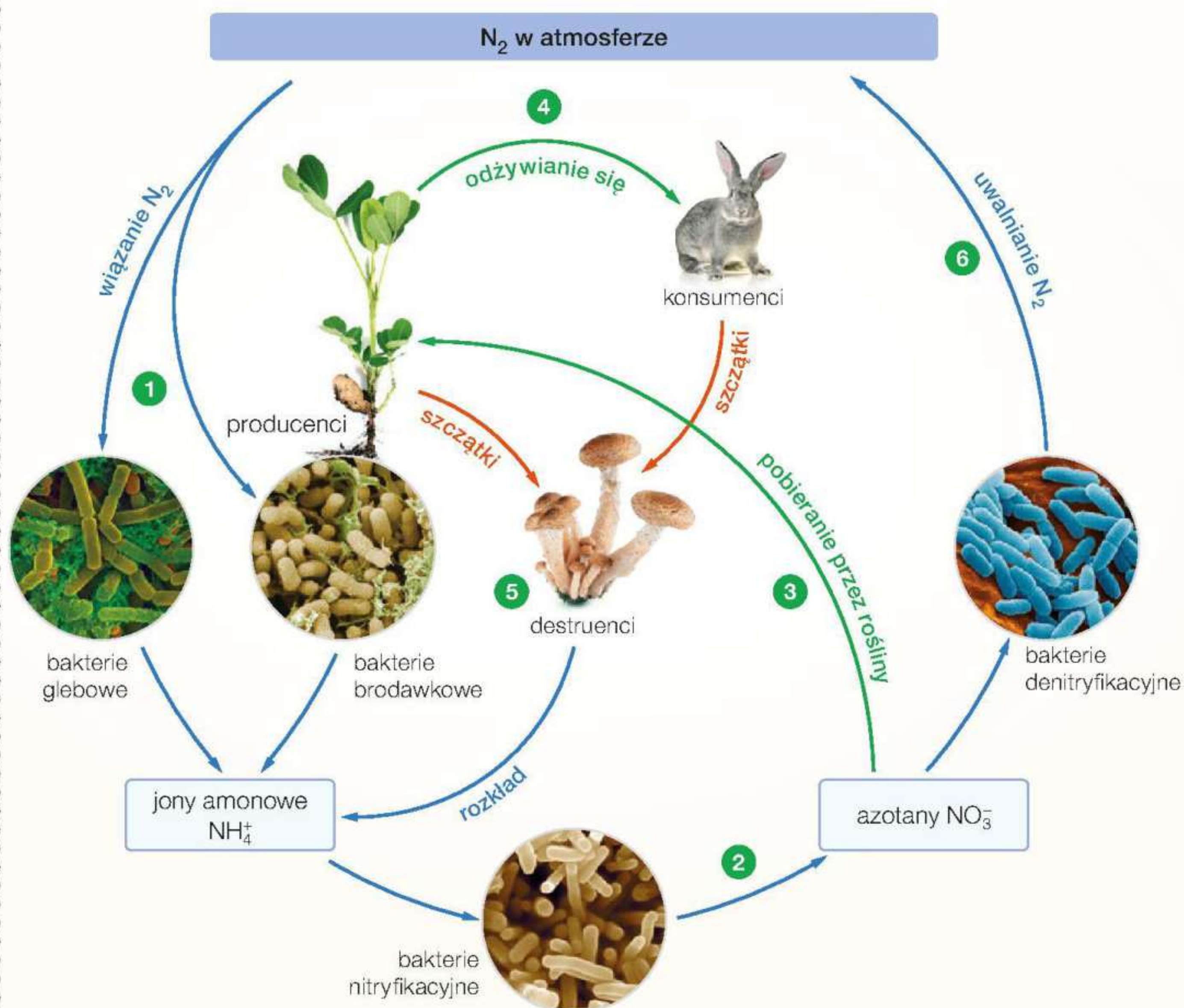


■ Obieg azotu w przyrodzie

Azot jest ważnym pierwiastkiem dla organizmów, ponieważ wchodzi m.in. w skład białek, DNA, RNA oraz niektórych witamin. Występuje on m.in. w atmosferze w postaci gazu – N_2 . W tej formie jest jednak przyswajalny jedynie przez niektóre bakterie, przekształcające azot atmosferyczny w związki dostępne dla roślin. Proces ten przebiega w dwóch etapach, podczas których następuje:

- **wiązanie azotu atmosferycznego i przekształcanie go w jony amonowe NH_4^+** – proces ten przeprowadzają m.in. niektóre wolnożyjące bakterie glebowe i bakterie brodawkowe, które wchodzi w symbiozę z korzeniami roślin bobowatych, takich jak koniczyna, groszek lub łubin,
- **przekształcanie jonów amonowych do azotanów NO_3^-** , czyli związków najlepiej przyswajalnych przez rośliny – proces ten przeprowadzają samożywne, glebowe bakterie nitryfikacyjne.

Azot powraca do atmosfery dzięki działalności bakterii denitryfikacyjnych, które przekształcają azotany do azotu atmosferycznego (N_2).



1 Bakterie glebowe i bakterie brodawkowe wiążą N_2 z atmosfery i przekształcają go do jonów amonowych NH_4^+ .

2 Bakterie nitryfikacyjne przekształcają jony amonowe do azotanów NO_3^- .

3 Azotany są przyswajane przez rośliny i stanowią dla nich główne źródło azotu.

4 Konsumenci pozyskują związki azotu dzięki odżywianiu się innymi organizmami.

5 Destruenci pozyskują związki azotu ze szczątków, odchodów i wydaliny innych organizmów. Następnie rozkładają organiczne związki azotu do jonów amonowych.

6 Azotany mogą być przekształcane przez bakterie denitryfikacyjne do azotu atmosferycznego.

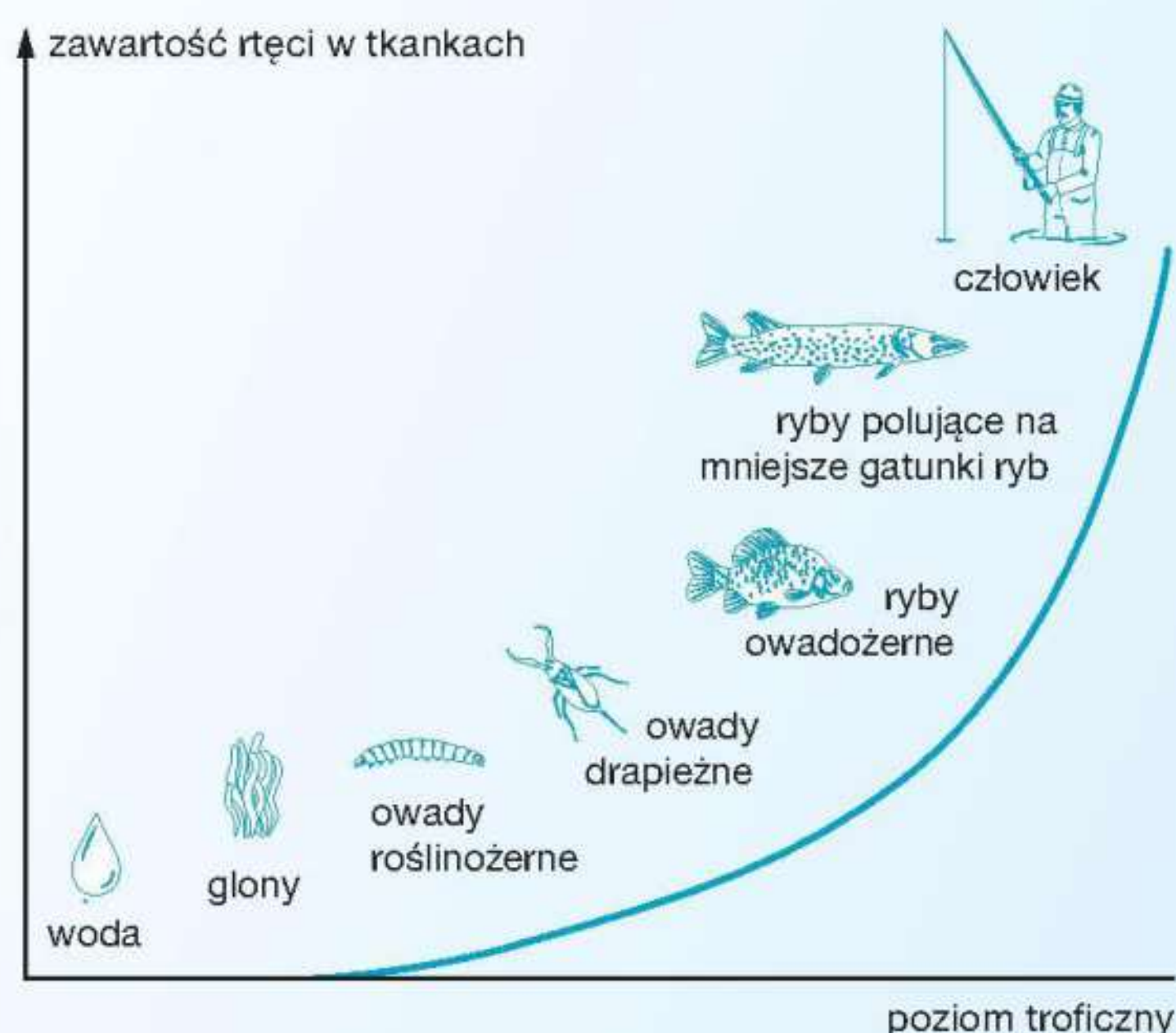


Kumulacja związków toksycznych w łańcuchu pokarmowym

Bliżej życia

W środowisku występuje wiele substancji toksycznych, np. metali ciężkich, takich jak rtęć. Są one pobierane przez producentów i gromadzone w ich tkankach. Konsumenty przyswajają toksyczne substancje wraz z pokarmem i również kumulują je w swoich ciałach. Stężenie toksycznych substancji wzrasta w kolejnych ogniwach łańcucha pokarmowego, dlatego organizmy będące na końcu łańcuchów pokarmowych gromadzą ich największą ilość. Jednym z takich organizmów jest człowiek.

Kumulacja rtęci w łańcuchu pokarmowym sprawia, że człowiek, odżywiając się drapieżnymi rybami, przyswaja największą ilość tego pierwiastka.



W skrócie

- **Ekosystem** to podstawowa jednostka ekologiczna, która składa się z elementów ożywionych, czyli biocenozy, oraz elementów nieożywionych, czyli biotopu.
- ✂️ • **Sukcesją** nazywamy proces ciągłych, kierunkowych zmian ekosystemu, które prowadzą do jego przekształcania się.
- **Łańcuch pokarmowy** to uporządkowany ciąg gatunków, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny. W ekosystemie łańcuchy pokarmowe, łącząc się ze sobą i krzyżując, tworzą **sieć pokarmową**.
- **Obiegiem materii** nazywamy krążenie materii między biocenozą a biotopem.
- Energia przepływa przez ekosystem. Na każdym poziomie troficznym większość energii jest zużywana do przeprowadzania czynności życiowych i rozprasza się w postaci ciepła.

Polecenia kontrolne

1. Oceń, która biocenoza będzie bardziej odporna na zmiany gatunkowe – uboga w gatunki czy różnorodna. Uzasadnij swoją odpowiedź.
2. Korzystając z dostępnych źródeł informacji, utwórz łańcuch pokarmowy dowolnego ekosystemu wodnego.
3. Wyjaśnij, dlaczego materia krąży w ekosystemie, a energia przez niego przepływa.
- ✂️ 4. Na podstawie schematu obiegu węgla w przyrodzie podaj przykłady dwóch działań człowieka, które mogą spowodować zmniejszenie ilości dwutlenku węgla w atmosferze.



5.5.

Czym jest różnorodność biologiczna?

Zwróć uwagę na:

- pojęcie oraz typy różnorodności biologicznej,
- czynniki geograficzne kształtujące różnorodność gatunkową i ekosystemową Ziemi,
- związek pomiędzy rozmieszczeniem biomów a warunkami klimatycznymi na kuli ziemskiej,
- ✂ • wpływ działalności człowieka na różnorodność biologiczną.

Wiele osób lubi spędzać wolny czas na łonie natury – w lesie, w górach czy nad morzem. W każdym z tych miejsc jest inny krajobraz i występują inne gatunki organizmów. To dzięki bogactwu różnorodnych form życia miejsca te są wyjątkowe.

■ Różnorodność biologiczna

Różnorodnością biologiczną (bioróżnorodnością) nazywamy bogactwo form życia na Ziemi. Wyróżniamy różnorodność genetyczną, gatunkową oraz ekosystemową.

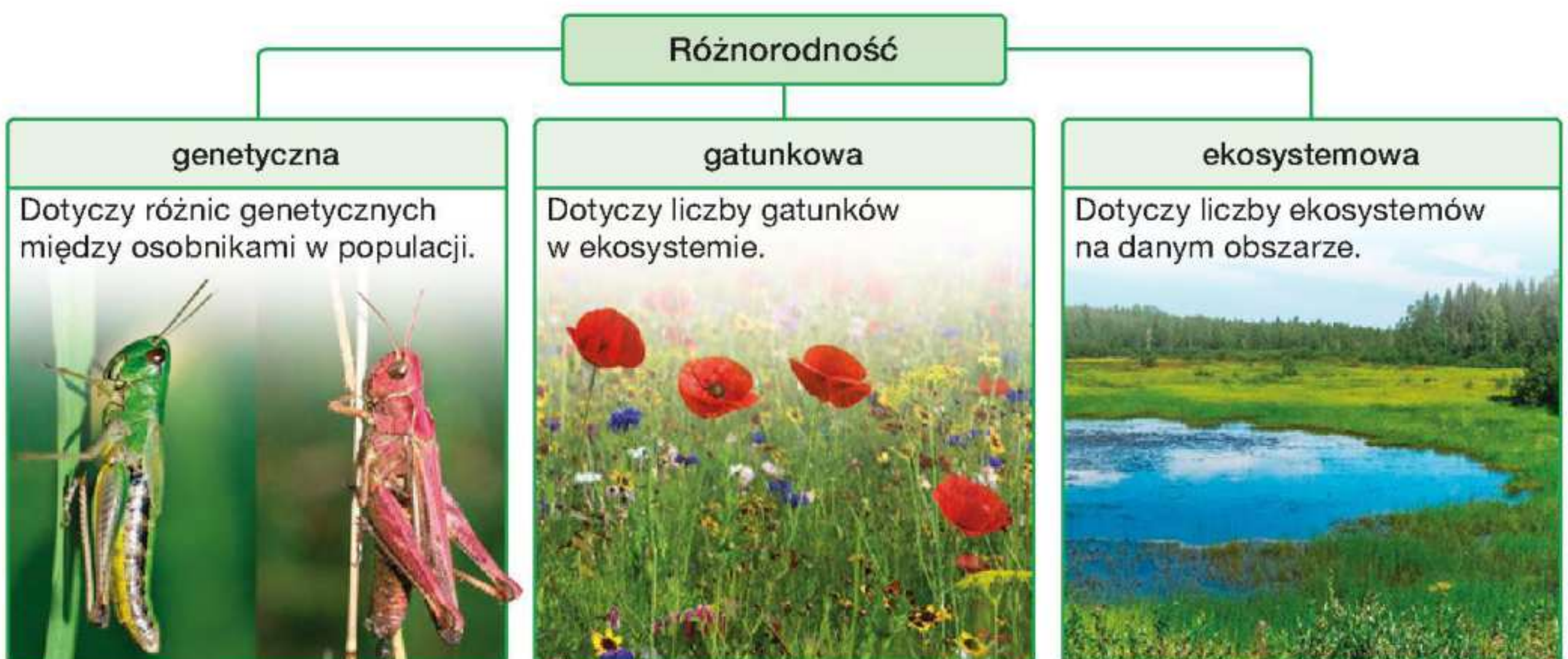
Różnorodność genetyczna dotyczy osobników należących do jednej populacji i wynika z obecności w niej różnych wersji (alleli) genów, które warunkują występowanie u poszczególnych osobników odmiennych cech. Dzięki niej osobniki różnią się np. wyglądem. Populacje o dużej różnorodności

genetycznej są lepiej przystosowane do zmian zachodzących w środowisku, ponieważ mają większą szansę na pojawienie się osobników o korzystnym zestawie cech.

Różnorodność gatunkowa to mnogość gatunków występujących w danym ekosystemie. Im ekosystem jest bogatszy gatunkowo, tym jego równowaga gatunkowa jest trwalsza. Dzieje się tak m.in. dlatego, że w bogatym gatunkowo ekosystemie wiele gatunków zajmuje te same poziomy troficzne. W razie wyginięcia jednego gatunku inne gatunki mogą zająć jego miejsca w łańcuchach troficznych. W przypadku ekosystemów ubogich gatunkowo szansa na to jest mniejsza.

Różnorodność ekosystemowa to bogactwo ekosystemów występujących na danym obszarze, np. lasów, łąk, rzek i jezior.

Typy różnorodności biologicznej



Najbogatsze ekosystemy

Wśród ekosystemów występują takie, które są ubogie w gatunki, np. pustynie i wydmy, oraz takie, które są w nie niezwykle bogate. Przykłady ekosystemów bogatych gatunkowo przedstawiliśmy poniżej.



W Polsce duża liczba gatunków żyje w lasach. Jest tak dlatego, że każda warstwa lasu charakteryzuje się innym składem gatunkowym.



Dużej bioróżnorodności sprzyja wilgotny i gorący klimat, dlatego najczęściej gatunków występuje w lasach tropikalnych.



Ogromna liczba gatunków żyje na rafach koralowych, gdzie dzięki czystemu wodom fotosynteza zachodzi nawet na dużych głębokościach.

■ Naturalne czynniki kształtujące różnorodność biologiczną

Do naturalnych czynników kształtujących bioróżnorodność należą głównie: klimat, ukształtowanie powierzchni Ziemi oraz prądy morskie.

Klimat

Klimat wpływa na bioróżnorodność przez wiele swoich elementów, z których najważniejsze to **temperatura powietrza** oraz **roczna suma opadów atmosferycznych**. Największą różnorodnością biologiczną odznaczają się obszary o wysokiej średniej rocznej temperaturze powietrza i dużej rocznej sumie opadów. Z tego względu niezwykle bogatymi ekosystemami są lasy tropikalne.

Na różnorodność biologiczną wpływają też zmiany klimatu. W historii naszej planety wielokrotnie występowały okresy ochłodzenia, w których dochodziło do zlodowaceń, oraz następujące po nich okresy ocieplenia klimatu. Prowadziły one do gwałtownych zmian bioróżnorodności. Dzięki temu, że zmiany klimatu zachodziły przez tysiące

lat, wiele gatunków mogło się przystosować do nowych warunków. Gatunki o wąskim zakresie tolerancji względem temperatury powietrza wymierały lub migrowały na inne tereny.

Ukształtowanie powierzchni Ziemi

Zróznicowane ukształtowanie powierzchni terenu sprzyja rozwojowi bioróżnorodności, ponieważ wiąże się z bogactwem siedlisk. Im więcej siedlisk występuje na danym obszarze, tym więcej gatunków może znaleźć dogodne dla siebie warunki życia. Zróznicowana topografia terenu powoduje także występowanie barier geograficznych pomiędzy populacjami, co sprzyja specjacji.

Wynikające ze zmian ukształtowania powierzchni Ziemi spadki i wzrosty bioróżnorodności odbywały się na dużą skalę w okresie wędrówki kontynentów. Dochodziło wówczas do tworzenia się nowych barier geograficznych, np. wskutek wypiętrzania się gór, oraz do zaniku części barier już istniejących, np. wskutek łączenia się kontynentów.

Madagaskar – ognisko bioróżnorodności

Ogniska bioróżnorodności to obszary, które cechują się szczególnym bogactwem gatunkowym. Jednym z nich jest Madagaskar – wyspa położona u wybrzeży Afryki. Dzięki temu, że wcześniej oddzieliła się ona od kontynentu i występowały na niej odpowiednie warunki klimatyczne, ok. 90% żyjących tam obecnie gatunków roślin i zwierząt to endemity.

Do endemitów żyjących na Madagaskarze należą m.in. lemury katta.



Prądy morskie

Ciepłe prądy morskie podnoszą temperaturę wód, a zimne prądy morskie ją obniżają. Dzięki temu w obrębie oceanów tworzą się strefy o odmiennych warunkach termicznych, umożliwiające rozwój różnych gatunków. Prądy morskie powodują również mieszanie się mas wód o różnej temperaturze, zasoleniu oraz zasobności w związki organiczne. Duża zawartość związków organicznych w wodzie sprzyja rozwojowi planktonu, który stanowi pokarm dla innych organizmów. Efektem są sezonowe migracje wielu gatunków ryb oraz



Długopłetwiec latem migruje w rejony okołobiegunowe. W wyniku działania prądów morskich woda jest tam bogata w związki odżywcze, sprzyjające rozwojowi planktonu oraz drobnych skorupiaków (np. kryla), będących pokarmem długopłetwca.

ptaków i ssaków morskich w poszukiwaniu pokarmu.

Prądy morskie wpływają także na klimat niektórych obszarów Ziemi. Ciepłe prądy morskie ogrzewają powietrze i sprawiają, że jest ono wilgotniejsze, co sprzyja opadom. Z kolei zimne prądy morskie ochładzają i osuszają powietrze.

■ Czym są biomy?

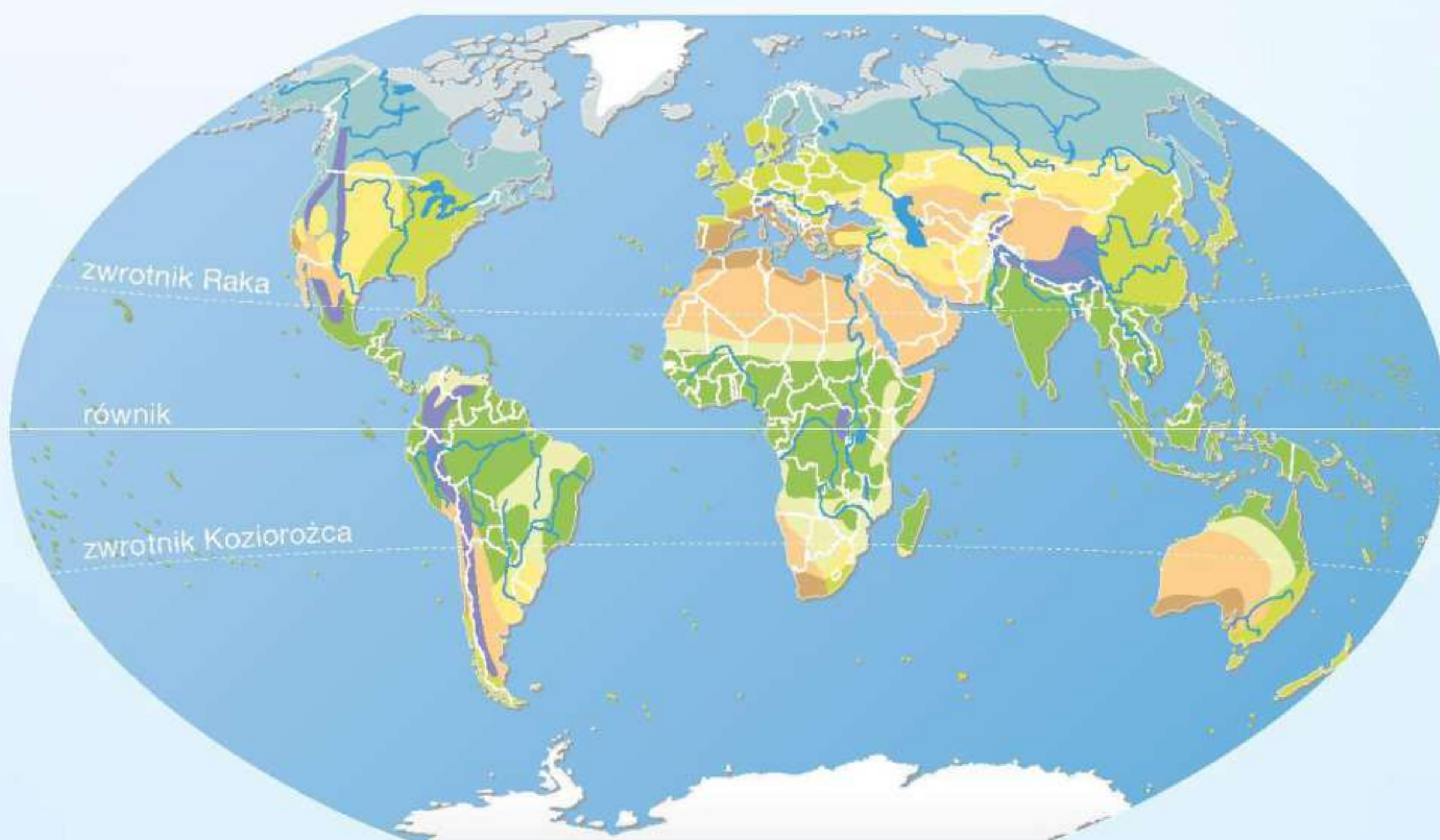
Aby zrozumieć, czym są biomy, musimy najpierw wyjaśnić pojęcie biosfery. **Biosfera** to obszar kuli ziemskiej zamieszkały przez organizmy. Jej elementami są więc: dolna część atmosfery, górna część litosfery oraz cała hydrosfera.

Biom obejmuje duży fragment biosfery, który charakteryzuje się określonymi warunkami klimatycznymi oraz występowaniem gatunków, głównie roślin i zwierząt, o zbliżonych cechach. Podobieństwo gatunków w obrębie biomu dotyczy funkcjonowania tych organizmów, a nie ich pokrewieństwa. Oznacza to, że w obrębie jednego biomu na oddalonych od siebie terenach mogą występować gatunki niespokrewnione ze sobą, ale wykazujące podobne przystosowania do życia w warunkach panujących w biomie.

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



pustynia lodowa	las liściasty strefy umiarkowanej	pustynia
tundra	lasy i zarośla twarde	wilgotny las równikowy
tajga	step	sawanna
		obszar gór wysokich

■ Charakterystyka biomów

Biomy różnią się krajobrazem, warunkami glebowymi oraz klimatycznymi. Większość nazw biomów pochodzi od dominującej w nich roślinności.

Pustynia lodowa

Klimat: Około biegunowy. 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: Około biegunowy. Zima jest długa i ostra, a lato – bardzo krótkie i chłodne. Panują tu niskie temperatury, występują silne wiatry, a roczne sumy opadów są niewielkie.

Charakterystyczne rośliny: Wzrost i rozwój roślin są ograniczone przez niskie temperatury i wieloletnią zmarzlinę. Występują tu głównie niskie rośliny zielne, krzewinki oraz pojedyncze karłowate brzozy i wierzby.

Charakterystyczne zwierzęta: Występują tu przede wszystkim gatunki wytrzymałe na chłód, takie jak renifery, niedźwiedzie polarne i sowy polarne.



Tajga – las północny iglasty

Klimat: Umiarkowany chłodny. Zima jest długa i ostra, a lato – krótkie i dość ciepłe. Występują tu niewielkie sumy opadów.

Charakterystyczne rośliny: Rosną tu głównie drzewa iglaste, 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, niedźwiedzie brunatne). Większość ptaków to gatunki migrujące (np. gile, jemioluszki) i żywiące się nasionami drzew (np. krzyżodzioby).



Lasy liściaste strefy umiarkowanej

Klimat: Umiarkowany ciepły. Występują tu cztery pory roku. Zima jest łagodna, a lato – dość ciepłe. Opady są raczej obfite i rozłożone równomiernie w ciągu roku.

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 twardeolistne

Klimat: Podzwrotnikowy. Lato jest gorące i suche, a zima – łagodna i wilgotna.

Charakterystyczne rośliny: Rosną tu drzewa i krzewy przystosowane do niedoboru wody i gorąca, np. o twardych, skórzastych liściach, m.in. dąb korkowy, oliwki, wawrzyny, eukaliptusy, cyprysy.

Charakterystyczne zwierzęta: Żyją tu np. nietoperze, daniela, 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, bizona, antylopy widłorogie i bawoły.



Wilgotny las równikowy

Klimat: Równikowy bardzo wilgotny. Cały rok panuje tu wysoka temperatura, a opady deszczu są obfite i częste.

Charakterystyczne rośliny: Ze względu na trwający cały rok okres wegetacyjny 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 trawoziemne 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, zebry) oraz drapieżne (np. lwy, gepardy, szakale). Żyje tu wiele ptaków (np. strusie, sępy, marabuty), a także gadów (jaszczurki i węże) oraz owadów (np. szarańcza, termity).



Pustynia

Klimat: Zwrotnikowy suchy. W dzień panuje tu wysoka temperatura, a w nocy – niska. Roczne sumy opadów są bardzo małe.

Charakterystyczne rośliny: Z powodu niedostatku wody roślinność jest tu bardzo uboga. Przeważają gatunki przystosowane do oszczędnej gospodarki wodnej (agawy, aloesy, kaktusy).

Charakterystyczne zwierzęta: Zwierzęta są przystosowane do małej ilości wody. Często mają niewielkie rozmiary i prowadzą nocny tryb życia (m.in. feniki, wielbłądy, kojoty, jaszczurki, węże).



Charakterystyka wybranych środowisk wodnych

Środowisk wodnych nie dzielimy ze względu na strefy klimatyczne, w których się one znajdują, lecz ze względu na stężenie występującej w nich soli (NaCl). Na tej podstawie wyróżniamy **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 oraz występuje warstwowy układ temperatur. W jeziorach występują m.in.: trzciny, rzęsa wodna, brunatnice i krasnorosty, traszki, szczupaki, okonie, raki i małże.



Strumienie i rzeki

To wody słodkie płynące. W górnym biegu woda jest zwykle zimna, bogata w tlen i zawiera niewiele substancji organicznych, natomiast bliżej ujścia jest cieplejsza, uboższa w tlen i zawiera znaczną ilość substancji organicznych. Występują tu m.in.: rośliny wodne wytrzymujące silny nurt, pstrągi i larwy węzek.



NaCl
3%

■ Środowiska morskie

Strefy pływów

To tereny przy wybrzeżach morskich okresowo zalewane wodą w czasie przyptywów 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%

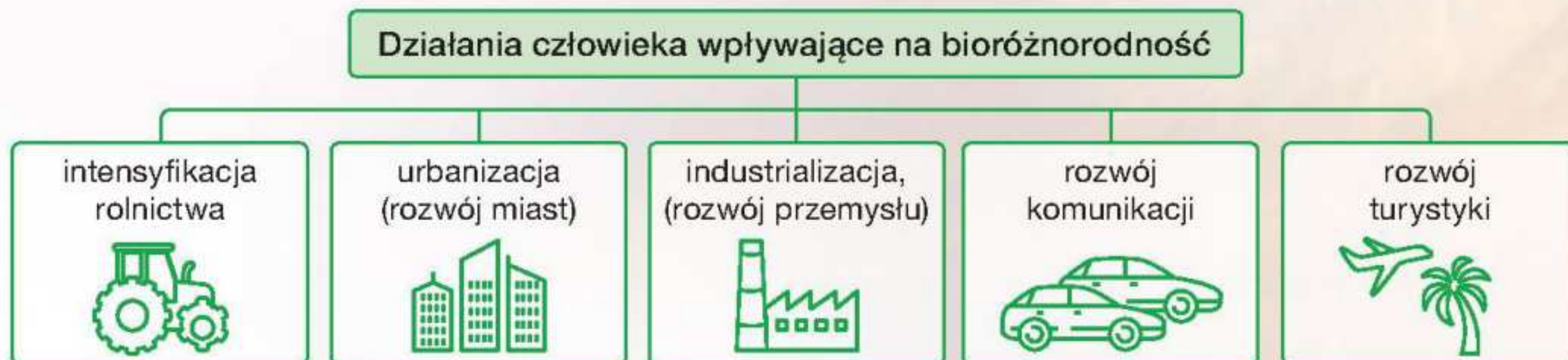
■ Estuaria

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.



Wpływ człowieka na różnorodność biologiczną

W ostatnich latach obserwujemy drastyczny spadek bioróżnorodności. Wynika on głównie z działań człowieka, które prowadzą m.in. do likwidacji naturalnych siedlisk oraz korytarzy ekologicznych (obszarów umożliwiających organizmom przemieszczanie się pomiędzy siedliskami), zmian klimatycznych i zanieczyszczeń środowiska.



■ Likwidacja naturalnych siedlisk

Likwidacja naturalnych siedlisk jest związana m.in. z rozwojem miast, przemysłu, rolnictwa i komunikacji:

- aby pozyskać ziemię uprawną lub grunty pod budowę np. domów i autostrad, wycina się lasy i zadrzewienia śródpolne oraz osusza się tereny podmokłe. W konsekwencji występujące na tych terenach gatunki tracą miejsca do życia oraz rozrodu i stają się zagrożone wyginięciem;
- drogi często wytycza się przez naturalne siedliska (np. lasy). Uniemożliwia to migracje osobników, co prowadzi do ograniczenia przepływu genów między populacjami. Mała różnorodność genetyczna może skutkować wyginięciem populacji (np. w wyniku chorób).

Siedliska są niszczone też w wyniku rozwoju turystyki, ponieważ często najpiękniejsze i najbardziej wartościowe przyrodniczo tereny wykorzystuje się pod budowę hoteli i ośrodków turystycznych.

Lasy tropikalne są siedliskiem dla ponad połowy gatunków zwierząt i roślin na Ziemi, dlatego ich wycinanie znacząco przyczynia się do spadku bioróżnorodności.

■ Zmiany klimatyczne

Zmiany klimatyczne następują m.in. w efekcie zwiększonej emisji do atmosfery gazów cieplarnianych – głównie dwutlenku węgla, a także metanu i pary wodnej. Powstają one m.in. w wyniku spalania paliw kopalnych – węgla kamiennego i ropy naftowej – używanych np. do ogrzewania budynków czy w transporcie. Zwiększona emisja gazów cieplarnianych powoduje tzw. **globalne ocieplenie**, czyli wzrost średniej temperatury powierzchni Ziemi.

Skutki globalnego ocieplenia to m.in.:

- topnienie lodowców, w wyniku którego następuje podniesienie poziomu mórz i oceanów. W konsekwencji niektóre gatunki arktyczne i nadmorskie są zmuszone do szukania innych siedlisk lub grozi im wyginięcie;
- ekstremalne zjawiska pogodowe, np. huragany, sztormy, powodzie i susze, które stanowią zagrożenie dla życia wielu organizmów.

W wyniku topnienia lodowców zagrożone wyginięciem są m.in. gatunki żyjące w Arktyce, np. nerpa (foka) obrączkowana.





■ Zanieczyszczenia środowiska

Zanieczyszczenie środowiska wynika z przedostawania się do niego wielu szkodliwych substancji pochodzących m.in. z gospodarstw domowych, hoteli, fabryk, rolnictwa i transportu. Ma to groźne następstwa w postaci smogu, kwaśnych opadów i zanieczyszczeń wód. Problemem jest również wytwarzanie ogromnej ilości odpadów komunalnych i przemysłowych.

Kwaśne opady

W wyniku spalania paliw kopalnych w zakładach przemysłowych, domach lub samochodach do atmosfery przedostają się m.in. tlenki siarki oraz tlenki azotu. Reagują one z wodą zawartą w powietrzu i tworzą kwasy. W ten sposób powstają kwaśne opady, które zakwaszają wody i gleby, co stanowi zagrożenie dla zdrowia i życia wielu organizmów. Szczególnie wrażliwe na działanie kwaśnych opadów są lasy iglaste.

Smog

Smog to gęsta mgła, która powstaje w wyniku mieszaniny się pary wodnej z zanieczyszczeniami uwalnianymi głównie przez samochody, zakłady przemysłowe oraz domy i mieszkania ogrzewane piecami. Toksyczne substancje występujące w smogu stanowią zagrożenie dla życia organizmów. Mogą np. uszkadzać ich tkanki i prowadzić do rozwoju nowotworów.

Zanieczyszczenie wód

Wody są zanieczyszczane m.in. przez:

- ścieki przemysłowe zawierające sole metali ciężkich, np. rtęci i ołowiu. Skażenie wód tymi związkami prowadzi do poważnych chorób organizmów;
- ścieki komunalne, a także nawozy rolnicze, które przedostają się z pól do wód gruntowych i zbiorników wodnych, w wyniku czego w zbiornikach dochodzi do nadmiernego rozwoju mikroorganizmów (np. glonów). To z kolei ogranicza dopływ światła, przez co rośliny wodne nie mogą przeprowadzać fotosyntezy. W konsekwencji zmniejsza się ilość tlenu w wodzie, co prowadzi do wymarcia wielu organizmów, np. ryb.

Zanieczyszczenie ekosystemów odpadami

Gospodarstwa domowe, zakłady przemysłowe oraz gospodarstwa rolne produkują ogromne ilości odpadów, które:

- zajmują ogromne obszary, przez co organizmy tracą pierwotne miejsca występowania;
- w przypadku niewłaściwego przetwarzania zagrażają życiu i zdrowiu organizmów (spalanie śmieci przyczynia się do zanieczyszczenia powietrza, a w wyniku składowania odpadów do gleb i wód przedostają się toksyczne substancje).

Do zanieczyszczenia ekosystemów przyczynia się też rozwój turystyki. Śmieci pozostawiane przez turystów na plażach czy w lasach są przyczyną chorób i urazów organizmów.



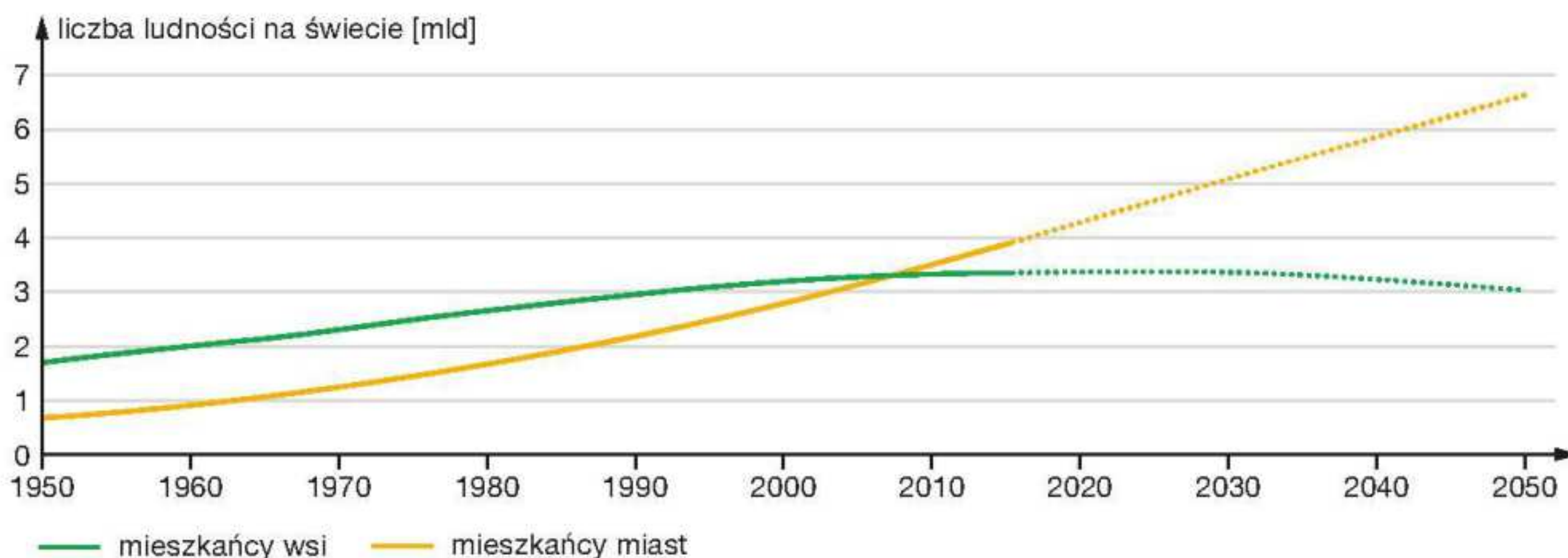


W skrócie

- **Różnorodność biologiczna** (bioróżnorodność) to bogactwo form życia na Ziemi.
- Wyróżniamy trzy typy różnorodności biologicznej:
 - **różnorodność genetyczną**, która dotyczy różnic genetycznych między osobnikami w danej populacji,
 - **różnorodność gatunkową**, która dotyczy liczby gatunków w ekosystemie,
 - **różnorodność ekosystemową**, która dotyczy mnogości ekosystemów na danym obszarze.
- Do naturalnych czynników kształtujących bioróżnorodność należą głównie: klimat, ukształtowanie powierzchni Ziemi oraz prądy morskie.
- **Biosfera** to obszar kuli ziemskiej zamieszkały przez organizmy.
- **Biomem** nazywamy duży fragment biosfery, który charakteryzuje się określonymi warunkami klimatycznymi oraz występowaniem podobnych gatunków organizmów, głównie roślin i zwierząt.
- Do **biomów** należą: pustynie lodowe, tundra, tajga, lasy liściaste klimatu umiarkowanego, step, sawanna, pustynia, wilgotny las równikowy, lasy i zarośla twardeolistne oraz obszary gór wysokich. Rozmieszczenie biomów lądowych na Ziemi w znacznym stopniu pokrywa się z układem stref klimatycznych.
- Środowiska wodne dzielimy na: środowiska słodkowodne (np. jeziora, rzeki), środowiska morskie (np. strefy pływów, rafy koralowe) oraz estuaria, czyli strefy przejściowe między rzeką a morzem.
- ✂ • Działania człowieka, które w największym stopniu przyczyniają się do spadku różnorodności biologicznej, to: intensyfikacja rolnictwa, urbanizacja, industrializacja oraz rozwój turystyki i komunikacji.

Polecenia kontrolne

1. Scharakteryzuj typy różnorodności biologicznej.
2. Wyjaśnij, jakie czynniki środowiskowe sprzyjają występowaniu ekosystemów o dużej różnorodności gatunkowej.
- ✂ 3. Oceń, które działania człowieka uważasz za największe zagrożenie dla bioróżnorodności. Uzasadnij swój wybór.
4. Na podstawie wykresu podaj prognozy zmian liczby mieszkańców miast i wsi po roku 2020 i ich prawdopodobne konsekwencje dla bioróżnorodności.



5.6.

Ochrona różnorodności biologicznej

Zwróć uwagę na:

- znaczenie tradycyjnych odmian roślin i ras zwierząt,
- formy ochrony przyrody w Polsce,
- znaczenie i przykłady restytucji i reintrodukcji gatunków,
- międzynarodowe umowy i traktaty dotyczące ochrony przyrody,
- znaczenie zrównoważonego rozwoju.

Przyroda jest źródłem niezbędnych nam do życia surowców. Jednak nadmierna eksploatacja jej zasobów prowadzi do niszczenia ekosystemów i spadku bioróżnorodności, co może mieć katastrofalne konsekwencje dla całej biosfery.

■ Dlaczego zachowanie różnorodności biologicznej jest ważne?

Różnorodność biologiczna umożliwia istnienie życia na Ziemi. Dzięki bogactwu gatunków i ekosystemów w przyrodzie m.in. zachodzi obieg materii i przepływ energii, następuje produkcja tlenu czy oczyszczanie powietrza i wód z zanieczyszczeń. Niestety, w wyniku nadmiernej eksploatacji zasobów naturalnych przez człowieka obserwujemy bardzo duży spadek bioróżnorodności. Jest to groźne zjawisko, ponieważ utrata nawet jednego

gatunku może mieć bardzo poważne skutki dla całej biosfery.

Przykładowo ocieplenie klimatu wiąże się ze wzrostem temperatury wód w oceanach i morzach. Wraz ze wzrostem temperatury spada zawartość tlenu w wodzie, a zwiększa się jej kwasowość (rozpuszcza się w niej więcej dwutlenku węgla). Skutkuje to wymieraniem fitoplanktonu (mikroskopijnych organizmów wodnych, należących do producentów), który jest odpowiedzialny za wytwarzanie większości tlenu obecnego w atmosferze.

■ Bioróżnorodność a życie człowieka

Przyroda jest dla człowieka źródłem m.in.:

- ▶ **żywności** – z ekosystemów wodnych pozyskujemy ryby i owoce morza, a z ekosystemów lądowych – m.in. zboża, owoce i warzywa,
- ▶ **wiedzy** – np. badania nad dzikimi odmianami roślin uprawnych umożliwiają wyhodowanie ich nowych odmian, m.in. bardziej odpornych na choroby czy zmiany środowiska,
- ▶ **substancji leczniczych** – wiele substancji leczniczych pozyskujemy z roślin lub mikroorganizmów,
- ▶ **miejsc do odpoczynku** – piękne przyrodniczo obszary są chętnie odwiedzane przez turystów.

Przyroda ma dla nas także wartość niematerialną oraz stanowi część naszego dziedzictwa kulturowego.



Ocieplenie klimatu prowadzi do wymierania glonów żyjących w symbiozie z koralowcami. Efektem tego jest obumieranie raf koralowych.



Dlaczego warto zachowywać tradycyjne rasy zwierząt i odmiany roślin?

Dawne rasy zwierząt i odmiany roślin często mają korzystne cechy, które nie występują u nowych ras i odmian (np. odporność na niektóre choroby). Ponadto zwierzęta rodzimych ras cechują się zwykle dobrą żywotnością i wysoką płodnością, a tradycyjne odmiany roślin mają często mniejsze wymagania, co pozwala ograniczyć stosowanie nawozów i środków ochrony roślin. Dodatkowo analiza genów warunkujących korzystne cechy tradycyjnych ras zwierząt i odmian roślin jest cennym źródłem informacji dla naukowców.



Papierówka jest tradycyjną odmianą jabłoni, pochodzącą z rejonów nadbałtyckich. Dobrze znosi mrozy. Jest też odporna m.in. na mączniaka jabłoni.



Czerwona rasa bydła jest najstarszą polską rasą. Odznacza się ona długowiecznością i dużą odpornością na choroby. Mleko krów tej rasy ma wysoką jakość.

■ Formy ochrony przyrody w Polsce

Ochrona przyrody to ogół działań mających na celu zachowanie ożywionych i nieożywionych elementów przyrody w stanie niezmiennym lub takim, który umożliwia optymalne funkcjonowanie ekosystemów oraz w miarę możliwości przywracanie utraconych wartości przyrodniczych. Przy różnieniu form ochrony przyrody bierze się pod uwagę różne kryteria.

Z uwagi na stopień ingerencji człowieka w ekosystem wyróżniamy bierną ochronę przyrody i czynną ochronę przyrody.

Bierna ochrona przyrody polega na zabezpieczeniu terenu i nieingerowaniu w procesy przyrodnicze. Przykładem tej formy ochrony jest tworzenie stref ochronnych wokół siedlisk rzadkich gatunków.

Czynna ochrona przyrody polega na stosowaniu specjalnych zabiegów ochronnych. Przykładami tej formy ochrony są restytucja i reintrodukcja, o których będzie mowa w dalszej części tekstu.

Ze względu na obiekt obejmowany ochroną wyróżniamy:

- ▶ **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.

Formy ochrony obszarowej w Polsce

Do najważniejszych form ochrony obszarowej w Polsce należą parki narodowe, rezerваты przyrody, parki krajobrazowe i obszary chronionego krajobrazu.

■ Parki narodowe

Parki narodowe to obszary o powierzchni co najmniej 1000 ha (10 km²), na których środowisko jest zachowane w stanie niezmienionym lub mało zmienionym przez człowieka. Są one otoczone tzw. **otuliną**, która stanowi strefę przejściową pomiędzy 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 km², co stanowi ok. 1% powierzchni kraju.



■ Rezerваты przyrody

Rezerваты 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 dla ochrony wyjątkowych fragmentów lasu i 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. wyręb drzew, jeżeli nie wpływa znacząco na ekosystem. Parki krajobrazowe pełnią też funkcję rekreacyjną.

W Parku Krajobrazowym Orlich Gniazd ochroną są objęte pozostałości zamków oraz niezwykle krajobraz wapiennych skał Jury Krakowsko-Częstochowskiej.



■ Obszary chronionego krajobrazu

Obszary chronionego krajobrazu to tereny wyróżniające się krajobrazowo, o zróżnicowanych ekosystemach lub będące korytarzami ekologicznymi. Są przeznaczone do wypoczynku i rekreacji.

Obszar Chronionego Krajobrazu Doliny Drwęczy został utworzony m.in. w celu ochrony terenów stanowiących korytarz ekologiczny o znaczeniu krajowym.



■ Ochrona gatunkowa

W Polsce ochroną gatunkową obejmuje się rzadkie, endemiczne lub zagrożone wyginięciem gatunki roślin, zwierząt i grzybów wraz z ich siedliskami. 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 za granicę lub umyślnego wprowadzania przedstawicieli chronionych gatunków do środowiska naturalnego.

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. **Ochrona częściowa** dopuszcza gospodarcze wykorzystanie chronionych gatunków w określony przepisami sposób. Przykładowo ślimaki winniczki o muszlach większych niż 30 mm można zbierać w celach konsumpcyjnych od 20 kwietnia do końca maja.

Restytucja i reintrodukcja – czynna ochrona gatunkowa

Restytucja i reintrodukcja to przykłady czynnej ochrony gatunków zagrożonych wyginięciem. **Restytucją** nazywamy 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.



W Polsce od 1929 r. prowadzi się restytucję żubra. Początkowo stado hodowlane liczyło kilkanaście sztuk. Obecnie na wolności żyje ponad 2000 osobników.



W celu restytucji foki szarej w fokarium na Helu założono specjalną hodowlę. Odhodowane przez matki młode foki są uwalniane do wód Bałtyku.



Suszel morełowany 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 wyróżniamy: pomniki przyrody, stanowiska dokumentacyjne, użytki ekologiczne i zespoły przyrodniczo-krajobrazowe.

■ Pomniki przyrody

Pomniki przyrody to pojedyncze, szczególnie cenne pod względem przyrodniczym, naukowym, kulturowym, historycznym albo krajobrazowym, twory przyrody ożywionej lub nieożywionej. 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 ważne dla zachowania różnorodności biologicznej, np.: zadrzewienia śródpolne, oczka wodne, bagna, łąki czy wydmy.

Węsków Bagna [jęz. kaszubski; wym.: wesków bagna] to użytk ekologiczny utworzony na terenie Wdzydzkiego Parku Krajobrazowego w celu ochrony śródleśnego oczka wodnego.



■ Zespoły przyrodniczo-krajobrazowe

Zespoły przyrodniczo-krajobrazowe to fragmenty krajobrazu naturalnego i kulturowego chronione ze względu na ich walory estetyczne lub widokowe, np. fragmenty dolin rzecznych lub pozostałości dawnych parków przypałacowych.

Zespół Przyrodniczo-Krajobrazowy „Dolina Grabi” utworzono w celu ochrony malowniczych terenów wokół koryta rzeki Grabi.



Czym jest 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. Zasady zrównoważonego rozwoju zostały opisane w dokumencie pt. *Agenda 21*.



■ Znaczenie międzynarodowej współpracy na rzecz ochrony przyrody

Przyroda nie dostosowuje się do granic państw wyznaczanych przez ludzi. Wiele zagrożonych wyginięciem gatunków ma swoje siedliska w różnych krajach, np. żubry w stanie wolnym żyją m.in. w Polsce, Rosji, Słowacji, na Litwie, Białorusi i Ukrainie. Tak samo jest w przypadku zanieczyszczeń środowiska. Przykładowo zanieczyszczenia powietrza powodowane przez jeden kraj są przenoszone przez wiatr nad obszary innych państw. Z tego powodu w zakresie ochrony przyrody jest konieczna współpraca międzynarodowa. Polska jest stroną wielu międzynarodowych porozumień i traktatów dotyczących ochrony przyrody. Najważniejsze z nich poznasz w dalszej części lekcji.



Żbik europejski jest objęty ochroną gatunkową w wielu krajach Europy, w tym w Polsce.

■ 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 przedstawiciele rządów 172 państw, w tym Polski, oraz przedstawiciele ok. 2400 organizacji pozarządowych. W trakcie konferencji dyskutowano o tym, że rządy wszystkich krajów powinny przestrzegać zasad chroniących przyrodę przed zniszczeniem wynikającym z działalności człowieka. 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 i gospodarowaniu odpadami.

■ 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. Wprowadza ona 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.

■ Program „Człowiek i Biosfera”

Program „Człowiek i Biosfera” (ang. Man and Biosphere – MaB) ma na celu tworzenie zrównoważonych relacji między ludźmi a biosferą, czyli między rozwojem gospodarczym i kulturowym społeczeństw a ochroną bioróżnorodności. W ramach tego programu jest tworzona **sieć rezerwatów biosfery**, które mają na celu:

- ▶ ochronę krajobrazów, ekosystemów, zróżnicowania gatunkowego i genetycznego,
- ▶ sprzyjanie zrównoważonym formom rozwoju gospodarczego i kulturowego,
- ▶ edukację ekologiczną i wspieranie badań naukowych.

W Polsce w 2020 r. było 11 rezerwatów biosfery.



Transgraniczny Rezerwat Biosfery „Roztocze” tworzą obszary położone na terenie dwóch państw: Polski i Ukrainy.



Ara hiacyntowa jest objęta ochroną na podstawie konwencji waszyngtońskiej.

■ 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.



W ramach sieci Natura 2000 w położonym na Mazowszu obszarze „Bagno Pulwy” chroni się m.in. kulika wielkiego.

Ekologiczny odcisk stopy

Kiedy podróżujemy, korzystamy z urządzeń elektrycznych czy wytwarzamy śmieci, wpływamy w określony sposób na naszą planetę. Wielkość tego wpływu można oszacować przez pomiar ekologicznego odcisku stopy (śladu ekologicznego). Ślad ekologiczny jest wskaźnikiem tego, jak dużo zasobów Ziemi zużywamy w porównaniu z możliwościami ich regeneracji przez naszą planetę. Wartość śladu ekologicznego podaje się w globalnych hektarach (gha), czyli hektarach lądu i wód potrzebnych do wytworzenia wykorzystywanych przez nas zasobów i przetworzenia wyprodukowanych śmieci. Z obliczeń wynika, że na każdego mieszkańca Ziemi przypada średnio ok. 2 gha. Jednak mieszkańcy wielu krajów swoim stylem życia przekraczają tę wartość. Przykładowo w 2007 r. ślad ekologiczny mieszkańca USA wynosił średnio ok. 8 gha, a mieszkańca Polski – 3,3 gha.

Nasz wpływ na Ziemię zwiększa się z roku na rok. Obecnie zużywamy tyle jej zasobów i produkujemy tyle śmieci, że aby to zrekompensować, potrzebowalibyśmy ponad półtora powierzchni naszej planety.

Bliżej życia



W skrócie

- Przyrodę chroni się **w sposób czynny** (przyzwolenie na ingerencję w procesy przyrodnicze w celu ochrony ekosystemu lub gatunku) lub **bierny** (zakaz ingerencji w procesy przyrodnicze).
- Ze względu na przedmiot ochrony wyróżniamy **ochronę obszarową, ochronę indywidualną i ochronę gatunkową**.
- Czynna ochrona gatunkowa obejmuje m.in. restytucję i reintrodukcję. **Restytucja** to wszelkie działania mające na celu odtworzenie właściwej liczebności populacji gatunku zagrożonego wyginięciem. **Reintrodukcja** to powtórne wprowadzenie osobników chronionego gatunku na tereny, na których gatunek ten wyginął.
- **Zrównoważony rozwój** to taki rodzaj rozwoju, który pozwala na zaspokajanie aktualnych potrzeb ludzi w sposób, który nie utrudni przyszłym pokoleniom zaspokajania ich potrzeb.
- Międzynarodowa współpraca na rzecz ochrony przyrody w Polsce obejmuje m.in. przestrzeganie postanowień zawartych w *Konwencji o różnorodności biologicznej*, konwencji waszyngtońskiej i *Agendzie 21* oraz tworzenie rezerwatów biosfery i obszarów Natura 2000.

Polecenia kontrolne

1. Wymień i omów trzy motywy ochrony przyrody.
2. Na podstawie dostępnych źródeł informacji opisz walory przyrodnicze wybranego parku narodowego lub krajobrazowego, stanowiące podstawę do ochrony tego obszaru.
3. Wyjaśnij, na czym polega zrównoważony rozwój.
4. Podaj trzy przykłady działań, które możemy podjąć w codziennym życiu w celu ochrony przyrody i bioróżnorodności.

Podsumowanie



1 Ekologia – nauka o strukturze i funkcjonowaniu przyrody. Zajmuje się zależnościami między organizmami oraz między organizmami a środowiskiem ich życia.

2 Środowisko – ogół czynników występujących na danym obszarze, powstałych naturalnie oraz w wyniku działalności człowieka.



3 Porównanie niszy ekologicznej z siedliskiem

Nisza ekologiczna	Siedlisko
Wszystkie wymagania istotne dla życia, wzrostu i rozmnażania się osobnika.	Fizyczna przestrzeń, w której występuje dany osobnik.

4 Tolerancja ekologiczna – zdolność organizmu do przystosowywania się do zmian czynników środowiska bez szkody dla jego rozwoju.

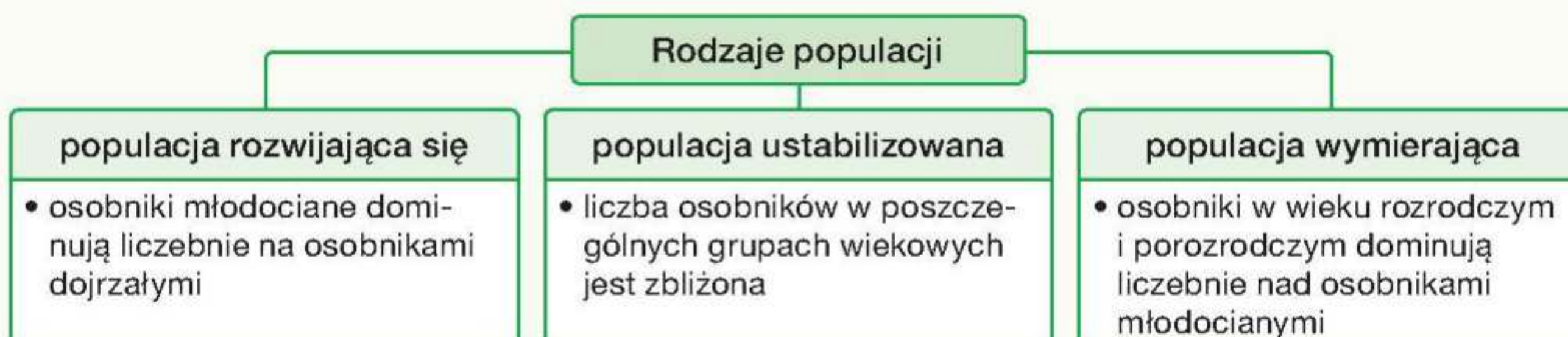
Zakres tolerancji ekologicznej – przedział wartości określonego czynnika, w którym dany organizm może przetrwać.

5 Populacja – grupa osobników tego samego gatunku, występująca na danym terenie w tym samym czasie.

6 Cechy populacji:

- **liczebność** – liczba osobników tworzących populację;
- **zagęszczenie** – liczba osobników przypadających na jednostkę powierzchni (np. 1 m²) lub objętości (np. 1 m³);
- **struktura przestrzenna** – sposób, w jaki osobniki w populacji są rozmieszczone na zajmowanym obszarze. Wyróżniamy rozmieszczenie: równomierne, skupiskowe i losowe;
- **struktura wiekowa** – udział w populacji różnych grup wiekowych.

7 Rodzaje populacji w zależności od ich struktur wiekowych



8 Interakcje między organizmami

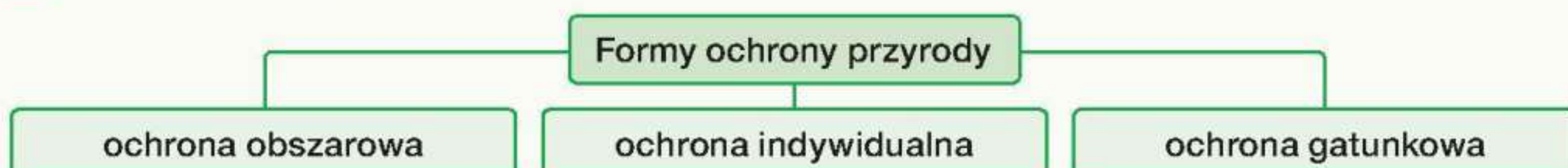
Typ interakcji	Charakterystyka
Interakcje nieantagonistyczne	
Mutualizm obligatoryjny	Zależność, która przynosi korzyść obu stronom i jest niezbędna do ich przeżycia.
Mutualizm fakultatywny	Zależność, która przynosi korzyść obu stronom, ale nie jest niezbędna do ich przeżycia.
Komensalizm	Zależność, która przynosi korzyść jednej stronie, a druga strona nie ponosi strat.
Interakcje antagonistyczne	
Roślinożerność i drapieżnictwo	Zależności, w których jeden organizm zjada osobniki innego gatunku.
Pasożytnictwo	Zależność, w której jeden organizm (pasożyt) żyje kosztem drugiego organizmu (żywiciela).
Konkurencja	Zależność, w której osobniki współzawodniczą o te same zasoby środowiska.

9 Ekosystem – podstawowa jednostka ekologiczna, która składa się z elementów ożywionych, czyli biocenozy, oraz elementów nieożywionych, czyli biotopu.

10 Łańcuch pokarmowy – uporządkowany ciąg gatunków, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny. W ekosystemie łańcuchy pokarmowe łączą się ze sobą w **sieci pokarmowe**.

11 Poziomy troficzne w ekosystemie

Poziom troficzny	Opis
Producenci	Organizmy samożywne produkujące materię organiczną. Należą do nich rośliny zielone, niektóre bakterie i protisty.
Konsumenci	Organizmy cudzożywne, które uzyskują materię organiczną z innych organizmów. Należą do nich zwierzęta, pasożytnicze rośliny, niektóre grzyby, bakterie i protisty.

12 Typy różnorodności biologicznej**13 Formy ochrony przyrody**

Sprawdź, czy już umiesz!

WYKONAJ W ZESZYCIE



- 1** Lasówki to małe owadożerne ptaki żyjące w lesie. Poszczególne ich gatunki żerują na różnej wysokości drzew. Lasówka rudogłowa woli szczytowe partie drzew, lasówka kasztanowata – środkowe partie drzew, a lasówka pstra – partie dolne.

(1 p.)

Wybierz poprawne dokończenie zdania. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

Trzy opisane wyżej gatunki lasówek

- A. mają wspólne siedlisko i wspólną niszę ekologiczną.
- B. mają wspólne siedlisko, ale różne nisze ekologiczne.
- C. mają wspólną niszę ekologiczną, ale zajmują różne siedliska.
- D. nie mają wspólnego siedliska ani wspólnej niszy ekologicznej.

- 2** W tabeli przedstawiono, jaki odsetek nasion wybranych warzyw wykiełkował w różnych temperaturach.

(1 p.)

Określ, który z gatunków wymienionych w tabeli ma najszerszy, a który – najwęższy zakres tolerancji ekologicznej na temperaturę kiełkowania. Odpowiedź zapisz w zeszycie.

Gatunek	Temperatura								
	0°C	5°C	10°C	15°C	20°C	25°C	30°C	35°C	40°C
Marchew	0	48	93	95	96	96	95	74	0
Seler	0	72	70	40	97	65	0	0	0
Ogórek	0	0	0	95	99	99	99	99	49
Bakłażan	0	0	0	0	21	53	60	0	0
Salata	98	98	98	99	99	99	12	0	0
Cebula	90	98	98	98	99	97	91	73	2

- 3** W tabeli przedstawiono wyniki badań stopnia zanieczyszczenia powietrza na czterech stanowiskach (A–D). Stanowiska te były zlokalizowane w różnej odległości od dużych ośrodków przemysłowych. Badania przeprowadzono za pomocą skali porostowej.

	Stanowisko A	Stanowisko B	Stanowisko C	Stanowisko D
Dominujący gatunek porostów	mąklik otrębiasty	misecznica proszkowata	pustułka pęcherzykowata	brodaczką nadobną
Poziom stężenia SO ₂ w powietrzu	?	?	?	?

- a)** Przerysuj tabelę do zeszytu i uzupełnij ją. Na podstawie skali porostowej zamieszczonej w podręczniku na s. 140 określ poziom stężenia SO₂ w powietrzu na poszczególnych stanowiskach.

(4 p.)

- b)** Określ, które stanowisko jest położone najdalej od ośrodków przemysłowych, a które jest położone najbliżej nich. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie.

(2 p.)



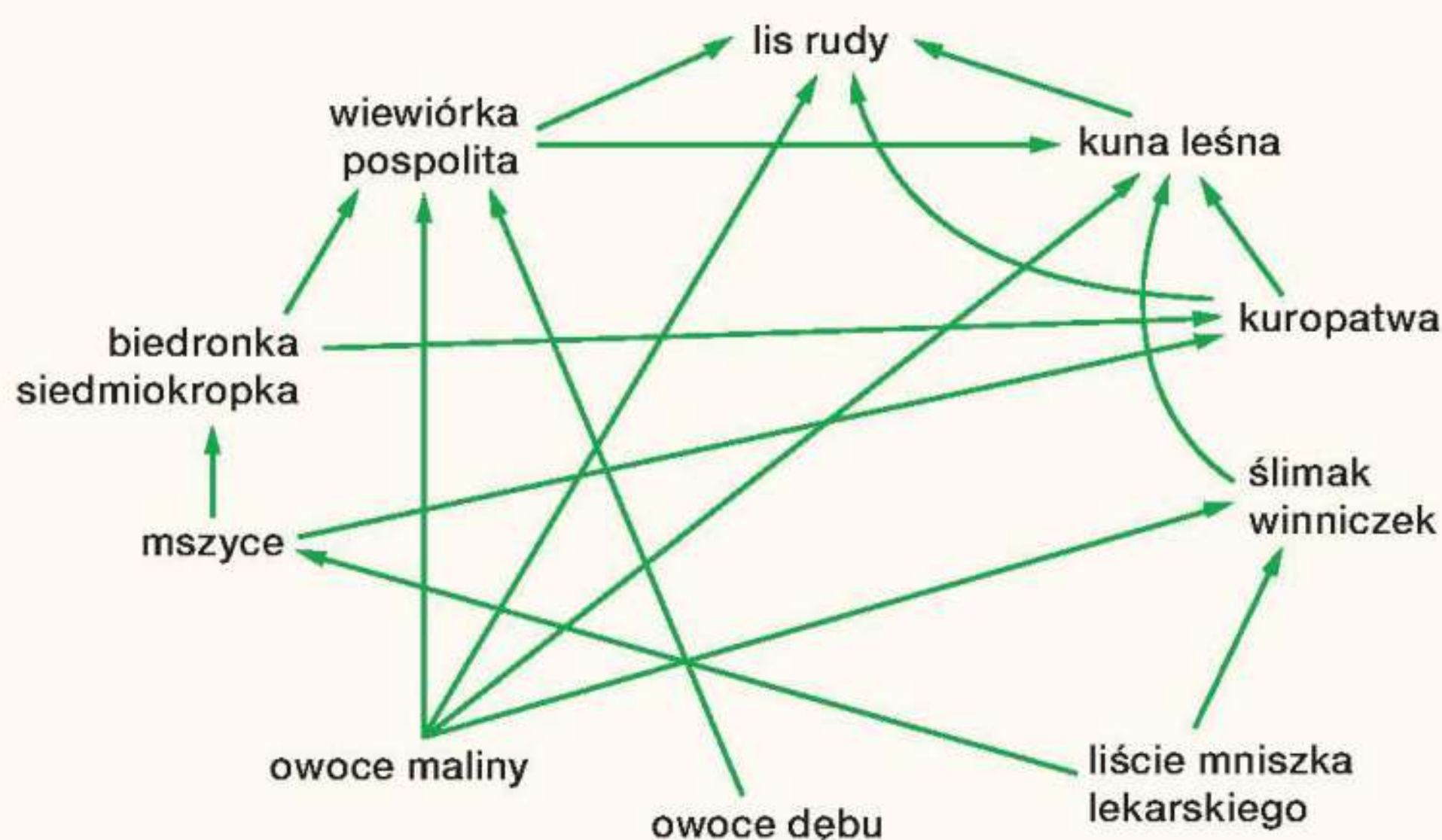
- 4** W pewnym lesie żyje populacja saren licząca 330 osobników. Wśród nich w wieku przedrodzicznym jest 180 osobników, z czego 100 to samice, w wieku rozrodczym jest 110 osobników, z czego 60 to samice, a w wieku porozrodczym jest tylko 40 samic.

a) Na podstawie danych z zadania narysuj piramidę wieku i płci opisanej populacji saren i określ, czy jest to populacja rozwijająca się, ustabilizowana czy wymierająca. Zadanie wykonaj w zeszycie. (2 p.)

b) W lesie, w którym mieszka opisana populacja saren, wybuchł pożar. W jego efekcie w populacji pozostało 190 osobników. W wieku przedrodzicznym zostało 90 osobników, z czego 60 to samice, w wieku rozrodczym – 80 osobników, z czego 50 to samice, a w wieku porozrodczym zostało tylko 20 samic.

Narysuj piramidę wieku i płci populacji po zmianach liczebności i określ, czy jest to populacja rozwijająca się, ustabilizowana czy wymierająca. Oceń również, jak będzie zmieniać się liczebność tej populacji w przyszłości. Zadanie wykonaj w zeszycie. (2 p.)

- 5** Schemat obrazuje fragment sieci troficznej pewnego ekosystemu.



a) Na podstawie zamieszczonego schematu skonstruuj dwa łańcuchy pokarmowe, w których jednym z konsumentów będzie kuna leśna. W pierwszym łańcuchu pokarmowym kuna leśna powinna zajmować drugie ogniwo łańcucha, natomiast w drugim łańcuchu pokarmowym – czwarte ogniwo. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (2 p.)

b) Podaj przykład ekosystemu, do którego może należeć fragment sieci pokarmowej przedstawionej w zadaniu. Odpowiedź wraz z uzasadnieniem zapisz w zeszycie. (1 p.)

- 6** Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących obiegu węgla i azotu w przyrodzie. Wybierz P, jeśli stwierdzenie jest prawdziwe, lub F, jeśli jest fałszywe. Odpowiedź zapisz w zeszycie. (3 p.)

1.	Konsumenci I rzędu zjadają ciała producentów, dzięki czemu pozyskują związki organiczne zawierające węgiel i azot.	P	F
2.	Producenci (rośliny) pobierają CO ₂ z atmosfery i wykorzystują go w procesie fotosyntezy.	P	F
3.	Destruenci rozkładają szczątki organizmów, co powoduje wzbogacenie gleby w związki azotu przyswajalne dla roślin.	P	F



Sprawdź, czy już umiesz! – klucz odpowiedzi



Rozdział 1

1. P, P
2. 104
3. C
 $34\% (A) + 34\% (T) = 68\% (A + T)$
 $100\% (A + T + C + G) - 68\% (A + T) = 32\% (C + G)$
 $32\% : 2 = 16\% (G)$
4. W nukleotydzie DNA reszta kwasu fosforowego łączy się z cukrem pięciowęglowym – deoksyrybozą. Jedną z zasad azotowych może być tymina. Cząsteczka tego kwasu nukleinowego składa się z dwóch łańcuchów.
5. Wiązanie wodorowe – łączy ono komplementarne nukleotydy w cząsteczce DNA.
6. B, D, A, E, C
7. a) UUUAGCUAUUGCGGGCAUAAA
 b) Przykładowe odpowiedzi: Dzięki modyfikacjom potranskrypcyjnym z pre-mRNA powstaje cząsteczka mRNA, która jest matrycą do syntezy białka. / Modyfikacje potranskrypcyjne polegają na wycięciu sekwencji niekodujących (intronów), a następnie złożeniu eksonów. Dzięki nim powstaje cząsteczka mRNA, na której podstawie jest syntetyzowane białko.
8. a) A – replikacja DNA, B – transkrypcja, C – translacja
 b) Przykładowa odpowiedź: W jądrze komórkowym zachodzą procesy A i B / replikacja DNA i transkrypcja.
9. B
10. metionina – leucyna – arginina – kwas asparaginowy – arginina – izoleucyna
11. a) np. AUGGCUUCUGGUAAAGUUUAA
 b) TACCGAAGACCATTTCAAATT
12. B – jednoznaczność, C – zdegenerowanie

Rozdział 2

1. A – brak albinizmu, a – albinizm
 1. Matka jest nosicielką albinizmu
 P: Aa x Aa

Jeżeli matka jest nosicielką albinizmu, to genotypy potomstwa są następujące: 50% Aa, 25% AA i 25% aa. Z kolei fenotypy – 75% brak albinizmu, 25% albinizm.

2. Matka nie jest nosicielką albinizmu
 P: AA x Aa
 Jeżeli matka nie jest nosicielką albinizmu, to genotypy potomstwa to 50% AA i 50% Aa, a fenotyp – brak albinizmu.

2. 1 – AB
 2 – AB, Ab
 3 – AB, Ab, aB, ab

3. Rolnik może przeprowadzić krzyżówkę testową, tzn. skrzyżować badaną roślinę z homozygotą recesywną.

1. Jeżeli badana roślina jest homozygotą, to:
 P: AA x aa
 F₁:

♀ \ ♂	a	a
A	Aa żółte nasiona	Aa żółte nasiona
A	Aa żółte nasiona	Aa żółte nasiona

2. Jeżeli badana roślina jest heterozygotą, to:
 P: Aa x aa
 F₁:

♀ \ ♂	a	a
A	Aa żółte nasiona	Aa żółte nasiona
a	aa zielone nasiona	aa zielone nasiona

4. A – kręcone włosy, a – proste włosy
 B – orli nos, b – prosty nos
 P: AABB x aabb
 F₁:

♀ \ ♂	ab
AB	AaBb kręcone włosy, orli nos

Dzieci będą miały kręcone włosy i orli nos.



Sprawdź, czy już umiesz! – klucz odpowiedzi

5. A – czarne futro, a – białe futro; B – krótki włos, b – długi włos

P: Aabb x aaBb

F₁:

♀ \ ♂	aB	ab
Ab	AaBb czarne, krótkowłose	Aabb czarne, długowłose
ab	aaBb białe, krótkowłose	aabb białe, długowłose

Stosunek fenotypów potomstwa: 1:1:1:1.

6. A – I^BI^B
B – ii, I^Ai, I^AI^A
C – I^AI^A, I^BI^B, I^AI^B
D – ii, I^BI^B, I^Bi

7. Dominacja niepełna (niezuppełna).

Stosunek fenotypów: 75:150:75 = 1:2:1

A – czerwone kwiaty, a – białe kwiaty

P: Aa x Aa

F₁:

♀ \ ♂	A	a
A	AA czerwone kwiaty	Aa różowe kwiaty
a	Aa różowe kwiaty	aa białe kwiaty

8. X^D – brak daltonizmu, X^d – daltonizm

P: X^DX^d x X^DY

F₁:

♀ \ ♂	X ^D	Y
X ^D	X ^D X ^D zdrowa córka	X ^D Y zdrowy syn
X ^d	X ^D X ^d córka, nosicielka daltonizmu	X ^d Y syn, daltonista

a) 50%

b) 25%

9. Przykładowa odpowiedź: Nukleotyd z cytozyną (C). Trójce nukleotydów TCC odpowiada kodon mRNA AGG, który koduje ten sam aminokwas,

co kodon AGA, czyli argininę. Mutacja ta nie spowoduje więc zmiany w sekwencji aminokwasów w białku.

10. a) 1. delecja, 2. duplikacja

b) Przykładowa odpowiedź:



11. A – 4, 7; B – 2; C – 1, 5, 6; D – 3

12. D

Rozdział 3

1. A – 2, 3; B – 1, 4

2. Przykładowe odpowiedzi: do produkcji pieczywa, ciast, piwa, wina, napojów alkoholowych.

3. A – 3, B – 1

4. Przykładowa odpowiedź: Dzieckiem tej pary jest dziecko nr 1, ponieważ prążki na jego profilu genetycznym znajdują się na tej samej wysokości, co odpowiadające im prążki ojca lub matki / ponieważ jego profil genetyczny wykazuje podobieństwo do profili ojca i matki.

5. 1B

6. Przykładowe odpowiedzi:

Korzyści: walka z niedożywieniem przez tworzenie nowych odmian roślin wzbogaconych o cenne substancje odżywcze, produkcja substancji leczniczych, produkcja żywności, np. serów, aromatów, oczyszczanie środowiska, np. przez tworzenie tworzyw biodegradowalnych.

Zagrożenia: niebezpieczeństwo zniszczenia naturalnych ekosystemów np. wskutek rozprzestrzeniania się roślin GMO i stosowania dużej ilości chemicznych środków ochrony roślin, możliwy negatywny wpływ żywności GMO na zdrowie człowieka, możliwość wytworzenia nowych broni biologicznych.

7. D, A, B, E, C

8. Przykładowa odpowiedź: Tak, jest to klonowanie, ponieważ dzięki przedstawionej metodzie uzyskuje się genetyczną kopię organizmu.

9. P, P, F



Rozdział 4

1. C

2. Przykładowa odpowiedź: Jest to przykład dywergencji, ponieważ w wyniku przystosowania do różnych funkcji organy roślinne o tym samym pochodzeniu różnią się wyglądem.

3. P, F

4. Dobór różnicujący.

5. Dryf genetyczny – efekt założyciela.

6. C, A, D, B

Rozdział 5

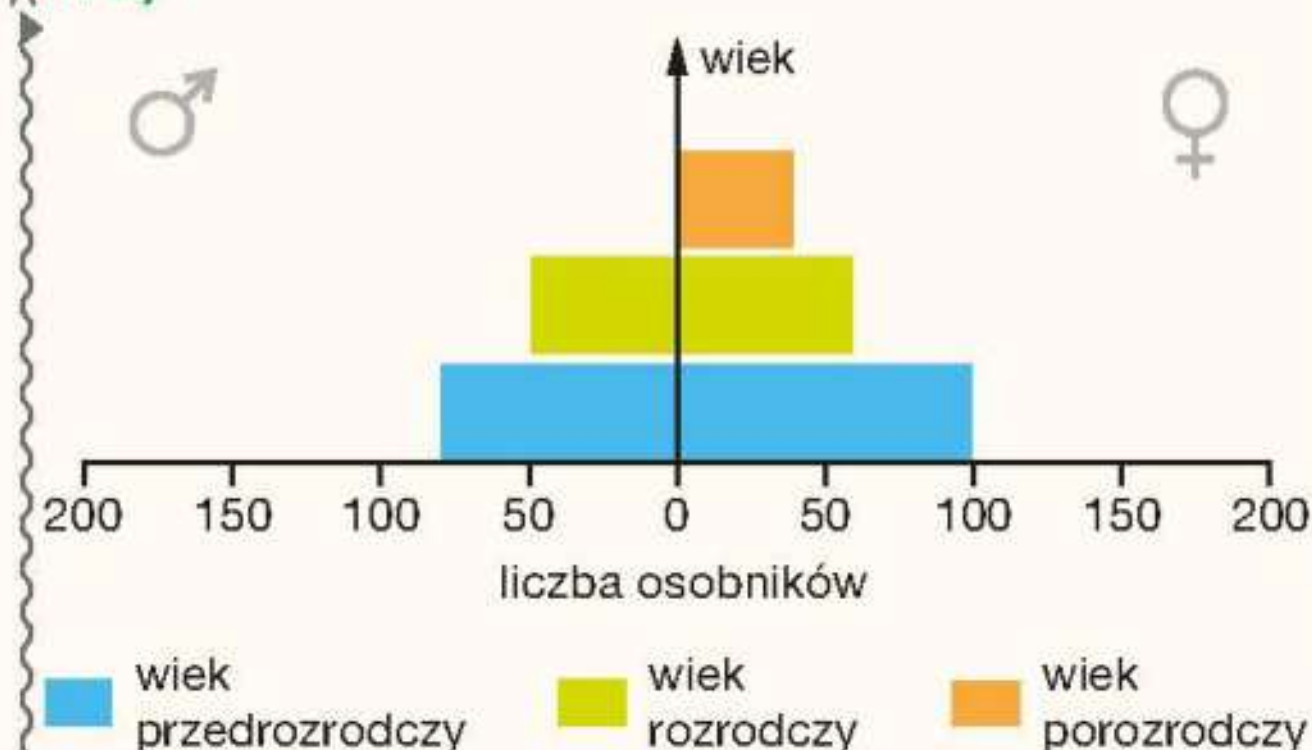
1. B

2. Najszerszy zakres tolerancji ekologicznej na temperaturę kiełkowania ma cebula, a najwęższy – bakłazan.

3. a) Stanowisko A – 49–40 $\mu\text{g}/\text{m}^3$
 Stanowisko B – 169–100 $\mu\text{g}/\text{m}^3$
 Stanowisko C – 99–70 $\mu\text{g}/\text{m}^3$
 Stanowisko D – 39–30 $\mu\text{g}/\text{m}^3$

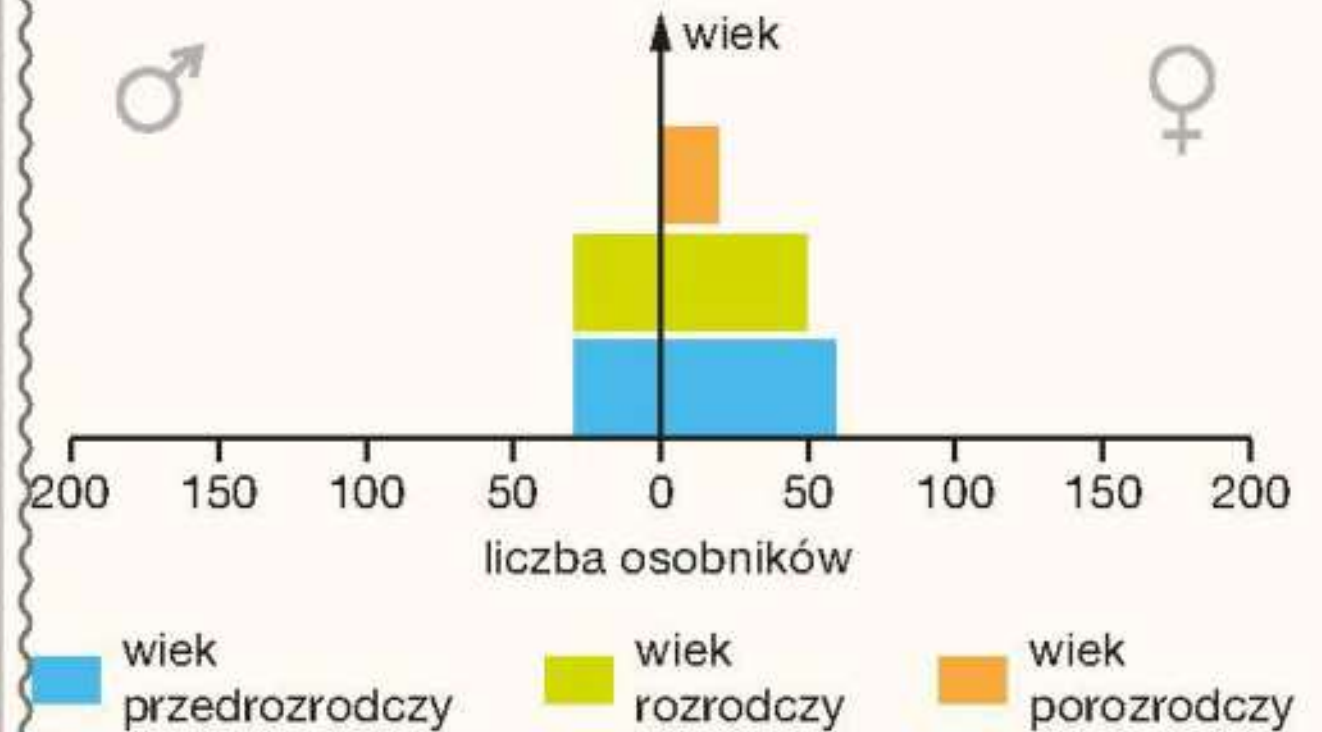
b) Najdalej położone od dużych ośrodków przemysłowych jest stanowisko D, ponieważ stężenie SO_2 w powietrzu jest w nim najmniejsze. Najbliżej dużych ośrodków przemysłowych znajduje się stanowisko B, ponieważ występuje tam najwyższe stężenie SO_2 w powietrzu.

4. a)



Opisana populacja jest populacją rozwijającą się, ponieważ liczba osobników młodocianych dominuje w niej nad liczbą osobników w innych grupach wiekowych.

b)



Opisana populacja jest populacją ustabilizowaną. Jej liczebność będzie się utrzymywała na stałym poziomie.

5. a) Przykładowe odpowiedzi:

- owoce maliny → kuna leśna → lis rudy
- liście mniszka lekarskiego → mszyce → kuropatwa → kuna leśna → lis rudy

b) Sieć pokarmowa, której fragment przedstawiono w zadaniu, może występować np. na przyleśnej łące, ponieważ łąka taka stanowi typowe siedlisko m.in. kuropatwy.

6. P, P, F



Przydatne terminy

aberracje chromosomowe – nieprawidłowości spowodowane mutacjami związanymi ze strukturą lub liczbą chromosomów.

allel – jedna z wersji danego genu.

analogia – podobieństwo w budowie narządów, które występuje u dwóch niespokrewnionych ze sobą gatunków i wynika z przystosowania się ich do podobnych warunków środowiska.

antropogeneza – procesy ewolucyjne prowadzące do powstania gatunku człowieka rozumnego.

biocenoza – populacje wszystkich gatunków żyjących na określonym terenie w tym samym czasie, powiązane ze sobą wzajemnymi zależnościami.

biogeneza – procesy ewolucyjne, które doprowadziły do powstania życia na Ziemi.

bioindykacja – metoda oceny stanu środowiska w określonym miejscu na podstawie obserwacji żyjących tam gatunków.

biom – duży fragment biosfery, który charakteryzuje się określonymi warunkami klimatycznymi oraz występowaniem gatunków o zbliżonych cechach.

biotechnologia – dyscyplina naukowa, która zajmuje się wykorzystywaniem organizmów i wirusów lub ich składników do celów praktycznych.

biotop – wszystkie nieożywione elementy środowiska.

cechy atawistyczne – cechy nietypowe, występujące wyłącznie u niektórych osobników, ale charakterystyczne dla przodków.

cechy sprzężone z płcią – cechy, które są warunkowane przez geny znajdujące się na chromosomach płci.

chromosom – pojedyncza cząsteczka DNA.

chromosomy homologiczne – pary chromosomów, z których jeden pochodzi od matki, a drugi – od ojca. Znajdują się na nich geny warunkujące te same cechy.

crossing-over – proces polegający na wymianie odcinków chromatyd pomiędzy chromosomami homologicznymi.

dobór naturalny (selekcja naturalna) – mechanizm ewolucji polegający na tym, że przetrwać mogą te osobniki, które są najlepiej przystosowane do środowiska.

dominacja niepełna (niezupełna) – rodzaj dziedziczenia, w którym żaden allel nie dominuje w pełni nad drugim, a heterozygoty wykazują cechy pośrednie pomiędzy homozygotą dominującą a homozygotą recesywną.

dominacja pełna (zupełna) – rodzaj dziedziczenia, w którym jeden allel (dominujący) wyraźnie dominuje nad drugim allelem (recesywnym), a heterozygoty wykazują cechy homozygoty dominującej.

 **dryf genetyczny** – przypadkowe zmiany częstości występowania alleli w puli genowej populacji.

dywergencja (ewolucja rozbieżna) – proces ewolucyjny, który prowadzi do różnicowania się spokrewnionych organizmów w wyniku przystosowania się ich do odmiennych warunków środowiska.

dziedziczenie jednogenowe – rodzaj dziedziczenia, w którym wykształcenie jednej cechy zależy od jednego genu.

dziedziczenie wielogenowe – rodzaj dziedziczenia, w którym za wykształcenie jednej cechy odpowiada kilka genów współdziałających ze sobą.

ekosystem – podstawowa jednostka ekologiczna, która składa się z elementów ożywionych (biocenozy) i nieożywionych (biotopu).

ekson – fragment genu, który zawiera informację o kolejności ułożenia aminokwasów w białku lub o budowie RNA.

ekspresja genów – proces odczytywania informacji genetycznej i syntezy na jej podstawie odpowiednich cząsteczek białka lub RNA.

elektroforeza DNA – metoda, która umożliwia rozdzielenie fragmentów DNA w polu elektrycznym.

endemit – gatunek występujący jedynie na ograniczonym obszarze.

ewolucja biologiczna – proces stopniowych i nieodwracalnych zmian grup organizmów. W jej wyniku powstają nowe gatunki.

fenotyp – ogół cech organizmu warunkowanych przez genotyp oraz czynniki środowiska; również: określenie pojedynczej cechy.

gatunek – grupa osobników zdolnych do krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa.

gen – fragment DNA, który zawiera informację dotyczącą budowy białka lub cząsteczki RNA.

 **genom** – kompletna informacja genetyczna komórki lub organizmu.

genotyp – zespół wszystkich genów danego organizmu lub zapis alleli pojedynczego genu.

geny dopełniające się – dwa różne geny niezbędne do wykształcenia jednej cechy.

geny kumulatywne – geny odpowiadające za wykształcenie danej cechy, których efekt działania się sumuje.

geny sprzężone – geny znajdujące się na jednym chromosomie.

heterozygota – organizm, który ma dwa różne allele danego genu.

homologia – podobieństwo w budowie narządów, które występuje u dwóch spokrewnionych ze sobą gatunków i wynika z ich wspólnego pochodzenia.

homozygota – organizm, który ma dwa identyczne allele danego genu.

intron – fragment genu, który nie zawiera informacji dotyczących budowy białek ani RNA.

inżynieria genetyczna – dziedzina nauki zajmująca się opracowywaniem technik i metod, które umożliwiają wprowadzanie zmian w materiale genetycznym organizmów i wirusów.



kariotyp – kompletny zestaw chromosomów charakterystyczny dla danego gatunku.

klonowanie – uzyskiwanie genetycznych kopii organizmów, pojedynczych komórek lub cząsteczek DNA.

kod genetyczny – sposób zapisu informacji o budowie białek w sekwencji kwasów nukleinowych (DNA lub mRNA).

kodon – sekwencja trzech kolejnych nukleotydów w mRNA lub DNA kodujących jeden aminokwas w białku.

kodominacja – sposób dziedziczenia, w którym dwa allele danego genu są równorzędne wobec siebie, a heterozygoty wykazują cechy determinowane przez oba allele.

komórki macierzyste – komórki, które mogą się dzielić i różnicować w inne typy komórek.

konwergencja (ewolucja zbieżna) – proces ewolucyjny, który prowadzi do powstania podobieństw (analogii) pomiędzy niespokrewnionymi organizmami, w wyniku przystosowania się ich do podobnych warunków środowiska.

łańcuch pokarmowy (łańcuch troficzny) – uporządkowany ciąg organizmów, w którym każdy organizm jest zjadany przez następny.

łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR) – metoda, która pozwala na uzyskanie w krótkim czasie dużej ilości kopii dowolnego fragmentu DNA.

modyfikacje potranskrypcyjne – procesy, podczas których dochodzi m.in. do wycięcia intronów i scalenia eksonów w cząsteczce pre-mRNA, w efekcie czego powstaje cząsteczka mRNA.

modyfikacje potranslacyjne – procesy polegające na nadaniu polipeptydowi odpowiedniej struktury przez usunięcie niektórych fragmentów łańcucha polipeptydowego lub dołączenie do niego innych związków chemicznych, dzięki czemu powstaje białko aktywne biologicznie.

mutacja – trwała, nagła zmiana w materiale genetycznym.

narządy szczątkowe – narządy, które uległy uwstecznieniu u współcześnie żyjących organizmów.

nisza ekologiczna – wszystkie wymagania życiowe organizmu lub gatunku względem środowiska.

ochrona przyrody – ogół działań mających na celu zachowanieżywionych i nieożywionych elementów przyrody w stanie niezmiennym lub takim, który umożliwia optymalne funkcjonowanie ekosystemów oraz w miarę możliwości przywracanie utraconych wartości przyrodniczych.

organizm transgeniczny – organizm, który zawiera w swoim genomie obcy materiał genetyczny.

organizm zmodyfikowany genetycznie (GMO) – organizm, którego materiał genetyczny został zmieniony za pomocą technik inżynierii genetycznej.

populacja – grupa osobników tego samego gatunku, żyjących na określonym obszarze w tym samym czasie.

poziom troficzny – grupa organizmów o podobnym sposobie odżywiania się i zajmujących takie samo miejsce w łańcuchach pokarmowych.

reintrodukcja – powtórne wprowadzenie osobników chronionego gatunku na tereny, na których gatunek ten już wyginął.

rekombinacja – proces prowadzący do uzyskania różnorodnych układów alleli genów tworzących genotypy.

replikacja DNA – proces prowadzący do podwojenia ilości DNA w jądrze komórkowym.

restytucja – wszelkie działania mające na celu odtworzenie właściwej liczebności populacji chronionego gatunku.

różnorodność biologiczna (bioróżnorodność) – bogactwo form życia na Ziemi.

sekwencja DNA – kolejność ułożenia nukleotydów w cząsteczce DNA.

sekwencjonowanie DNA – metoda, która umożliwia ustalanie kolejności występowania poszczególnych rodzajów nukleotydów w wybranym odcinku DNA.

siedlisko – miejsce występowania organizmu, charakteryzujące się określonymi czynnikami abiotycznymi.

specjacja – stopniowy proces prowadzący do powstania nowego gatunku.

środowisko – ogół czynnikówżywionych (biotycznych) i nieożywionych (abiotycznych) występujących na danym obszarze, powstałych naturalnie oraz w wyniku działalności człowieka.

terapia genowa – metoda leczenia polegająca na wprowadzeniu obcych kwasów nukleinowych (głównie DNA) do komórek ciała pacjenta w celu uzyskania określonego efektu terapeutycznego.

tolerancja ekologiczna – zdolność przystosowywania się organizmu do zmian zachodzących w środowisku bez szkody dla jego życia i rozwoju.

transformacja nowotworowa – przemiana prawidłowych komórek ciała w komórki nowotworowe.

transkrypcja – synteza cząsteczki mRNA na podstawie informacji genetycznej zawartej w DNA.

translacja – synteza białka na podstawie informacji zawartej w mRNA.

zakres tolerancji ekologicznej – przedział wartości określonego czynnika, w którym dany organizm może przetrwać.

zależności antagonistyczne – zależności, w których przynajmniej jedna ze stron ponosi straty.

zależności nieantagonistyczne – zależności, w których przynajmniej jedna ze stron odnosi korzyści i żadna ze stron nie ponosi strat.

zmienność organizmów – występowanie różnic pomiędzy osobnikami należącymi do jednego gatunku.

zrównoważony rozwój – rodzaj rozwoju gospodarczego społeczeństw, który pozwala na zaspokajanie aktualnych potrzeb ludzi i nie utrudnia przyszłym pokoleniom zaspokajania ich potrzeb.

żywe skamieniałości – gatunki, które w prawie niezmiennym formie przetrwały wiele milionów lat do czasów obecnych.

Indeks

A

aberracje chromosomowe, p. mutacje chromosomowe
adenina 9, 11, 12, 21
Agenda 21 178
albinizm 61, 64
allele 26, 32, 65
– dominujące 26, 27, 32, 37, 38, 65, 115
– recesywne 26, 27, 32, 37, 38, 65, 115
– wielokrotne 38
alternatywne składanie mRNA 20
anemia sierpowata 61, 64, 115
antropogeneza 125, 127, 131, 133, 188
antybiotykooporność 101, 132
antykodon 11
atawizm 103, 132
australopitek 128, 129, 131, 133
autosomy 48, 52, 59, 65

B

bakterie
– brodawkowe 161
– denitryfikacyjne 161
– nitryfikacyjne 161
białko histonowe 7, 21, 43
biocenoza 155, 156, 159, 162, 188
biodegradacja 70
biogaz 73
biogazownia 73
biogeneza 118, 122, 124, 133, 188
bioindykacja 138, 139, 188
bioindykator 139, 141
biom(y) 165, 166, 172, 188
bioróżnorodność, p. różnorodność biologiczna
biosfera 165, 172, 179
biosynteza białka 11, 17, 18
biotechnologia 70, 75, 95, 188
– klasyczna (tradycyjna) 70, 71–75, 95
– molekularna (nowoczesna) 70, 75, 86, 92, 95, 96
biotop 135, 155, 159, 162, 188

C

cechy
– adaptacyjne 108
– atawistyczne 103, 188
– dominujące 26, 27, 30, 33
– kodu genetycznego 14, 16
– populacji 142–147
– recesywne 34, 36, 52
– sprzężone z płcią 48, 49, 52, 188

centromer 7, 21
choroba Huntingtona (pląsawica Huntingtona) 61, 64, 66
choroby
– dominujące 59, 61
– jednogenowe 59, 60, 64, 66
– niesprężone z płcią 59, 61
– recesywne 59, 60
– sprzężone z płcią 59, 60, 63–64
chromatyda 7, 21, 47
chromatyna 7, 21
chromosom 7
– homologiczny 43, 47, 66, 188
– płci 48, 52, 59
chromosomowa teoria dziedziczenia 43, 47, 66
crossing-over 46, 47, 66, 188
cytozyna 9, 11, 12,
część genu
– regulatorowa 7, 21
– strukturalna 7, 21
człowiek
– wyprostowany 128, 129, 131, 133
– zręczny 128, 129, 131, 133
człowiekowate 99, 125
czynnik(i)
– abiotyczne 136, 181
– biotyczne 136, 181
– mutagenne 55
– środowiska 53
czysta linia 28, 33

D

daltonizm 50, 51, 52, 59, 60, 64
delecja 56, 57, 58, 66
deoksyryboza 9, 12, 21
destruenci 157, 159, 160
DNA (kwas deoksyrybonukleinowy) 5–7, 9–10, 12, 17, 21–22, 76–78, 94–95
dobór
– kierunkowy 109, 110, 111, 132
– krewniaczy 110, 111
– naturalny 107–111, 115, 132, 188
– płciowy 110, 111
– różnicujący 109, 111, 132
– stabilizujący 109, 111, 132
– sztuczny 107
dominacja
– niepełna (niezupełna) 37, 42, 65, 188
– pełna (zupełna) 37, 38, 42, 65, 188
dowody ewolucji
– bezpośrednie 99, 101, 132

– pośrednie 99, 103, 132
drapieżnictwo 72, 148, 150, 154, 182
dryf
– genetyczny 113, 114, 117, 133, 188
– kontynentów 121
drzewo filogenetyczne (rodowe) 105, 106
duplikacja 57
dymorfizm płciowy 110
dystrofia mięśniowa Duchenne'a 60, 64, 66
dywergencja 104, 106, 132, 188
dziedziczenie
– płci 48, 49,
– wielogenowe 40, 42, 65

E

efekt
– wąskiego gardła 114, 117, 133
– założyciela 114, 117, 133
ekologia 136, 141, 181
ekologiczny odcisk stopy 180
ekosystem 135, 155, 156, 159, 162, 171, 173, 182, 188
– naturalny 155
– półnaturalny 155
– sztuczny 155
ekson 7, 18, 20, 21, 188
ekspresja genu 17, 20, 22, 188
elektroforeza DNA 78, 79, 95, 188
emigracja 142
endemit 103, 165, 188
enzymy restrykcyjne 81
estuarius 169, 172
Europejska Sieć Ekologiczna Natura 2000, p. Natura 2000
ewolucja 99
– biologiczna 100, 132, 188
– rozbieżna, p. dywergencja
– zbieżna, p. konwergencja
ewolucjonizm 100

F

fenotyp 25, 26, 30, 32, 37, 41, 47, 53, 65, 188
fenyloketonuria 59, 64, 66
fermentacja 69
– alkoholowa 69, 74
– mleczanowa 69, 74
filogeneza 105, 106
fitoplankton 173

G

gatunek 112
gen(y)
– ciągłe 7
– dopełniające się 40–42, 188

- kumulatywne 40, 42, 54, 65, 188
- nieciągłe 7, 21
- sprężone 43, 45–47, 188

genom 8

- jądrowy 8
- mitochondrialny 8

genotyp 25, 26, 32, 38, 40, 45, 54, 65, 188

GMO, p. organizm zmodyfikowany genetycznie

guanina 9, 11, 21

H

hemofilia 52, 59, 64

heterozygota 27, 28, 30, 32, 34, 37, 40, 42, 61, 63, 65, 115, 188

hierarchia społeczna 153

histon 7

homozygota 27, 28, 32, 65, 188

- dominująca 27, 37, 42, 43, 63
- recesywna 27, 37, 42, 43, 63

I

imigracja 142

industrializacja 170, 172

insercja 56, 58

intensyfikacja rolnictwa 172

intron 7, 18, 21, 188

inwersja 57

inżynieria genetyczna 70, 75, 76

izolacja rozrodcza 116

K

kariotyp 48, 52, 62, 65, 189

klimaks 156

klon 86–88, 94, 96

klonowanie 86–88, 94, 96, 189

- naturalne 86
- organizmów jednokomórkowych 86
- roślin 87
- zwierząt 87, 88

kod genetyczny 13–16, 189

kodominacja 38, 42, 65, 189

kodon 13, 189

- START 13, 19
- STOP 13, 15, 19

koewolucja 111

komensalizm 148, 149, 154, 182

komórki macierzyste 90, 94, 96, 189

komplementarność zasad 9, 12, 18

kompost 73

konkurencja 153

- międzygatunkowa 153
- wewnątrzgatunkowa 153

konsumenci 135, 157–160, 182

konwencja

- o różnorodności biologicznej 178

– waszyngtońska (CITES) 179

konwergencja 104, 106, 132, 189

korytarz ekologiczny 170, 175

krzywica oporna na witaminę D₃ 59, 60, 64

krzyżówka

- dwugenowa 35, 36
- jednogenowa 31, 32
- testowa 26, 30, 32, 35

kwas

- deoksyrybonukleinowy, p. DNA
- rybonukleinowy, p. RNA

L

lamarkizm 100

liczebność populacji 142–144, 147, 151, 181

litosfera 165

Ł

łańcuch

- detrytusowy 157
- pokarmowy (troficzny) 157
- spasanja 157

łańcuchowa reakcja polimerazy, p. PCR

M

malaria 115

małpy człekokształtne 125, 126, 131, 133

mejoza 10, 47, 62

migracja 113, 147

mikoryza 72, 95

mikrowstrzeliwanie 81

mitoza 10

modele wzrostu liczebności populacji 143

modyfikacje

- potranskrypcyjne RNA 18, 20, 22, 189
- potranslacyjne białek 20, 22, 189

monosomia 57, 62

mRNA 11, 13, 15, 16, 18, 81

mukowiscydoza 59, 61, 66

mutacje 25, 66, 113

- chromosomowe (aberracje chromosomowe) 25, 57, 58
- liczbowe 57
- strukturalne 57
- genowe 25, 56, 58

mutualizm

- fakultatywny 148, 149, 154, 182
- obligatoryjny 148, 149, 154, 182

N

naczelne 125, 131

narządy

- analogiczne 99, 104, 106
- homologiczne 99, 104, 106
- szczątkowe 99, 103, 132, 189

Natura 2000 (Europejska Sieć Ekologiczna Natura 2000) 179, 180

neandertalczyk 127–130, 133

nić DNA

- kodująca 13, 18
- matrycowa 13, 18

nisza ekologiczna 137, 141, 181, 189

nukleotyd 5, 9, 11, 12, 15, 21, 25, 56

O

obieg

- azotu 155, 161
- materii 155, 159, 162
- węgla 155, 160

obszar chronionego krajobrazu 175

obszar gór wysokich 166, 172

ochrona

- bierna 174, 180
- częściowa 176
- czynna 174, 176, 180
- gatunkowa 174, 176, 180
- indywidualna 174, 177, 180
- przyrody 174
- ścisła 175, 176

ochrona przyrody 174

odcinek pozagenowy 8, 21, 78

ognisko bioróżnorodności 165

organizm

- transgeniczny 80, 81, 83, 85, 189
- zmodyfikowany genetycznie (GMO) 80, 82–85, 96, 189

P

park

- krajobrazowy 175
- narodowy 175

Pasożytnictwo 72, 148, 152, 154, 182

Pasożyt 72, 148, 152, 157

Patogen 75, 79, 95

PCR (łańcuchowa reakcja polimerazy) 77, 79, 95, 189

Penicylina 71, 95

Piramida

- wieku 144
- wieku i płci 144

Plasmid 81

Płazawica Huntingtona, p. choroba Huntingtona

Pleiotropia 42

Podwójna helisa 9, 21

Pojemność środowiska 143

Polimery biodegradowalne 73, 85

polimeraza
 – DNA 10, 22, 77
 – RNA 18, 22
 polipeptyd 6, 13, 22
 poliploidalność 57, 66
 pomnik przyrody 177
 populacja 113–117, 133, 135, 142–147, 189
 poradnictwo genetyczne 69, 91, 94, 96
 poziom troficzny 157, 162, 182, 189
 prawo(a)
 – I prawo Mendla (czystości gamet) 26, 28, 32, 64, 65
 – II prawo Mendla (niezależnej segregacji cech) 33, 36, 44, 64, 65
 producenci 135, 157, 159, 160, 182
 produkt bez GMO 85
 profil genetyczny 78, 95
 protokooperacja, p. mutualizm fakultatywny
 przepływ energii 155, 159
 pula genowa 112–113, 117

R

ramka odczytu 56
 regulacja ekspresji genów 20, 22
 reintrodukcja 176, 180, 189
 rekombinacja 55
 replikacja DNA 5, 10, 12, 22, 189
 restryktazy 81
 restytucja 176, 180, 189
 rezerwat
 – biosfery 179
 – przyrody 175
 RNA (kwas rybonukleinowy) 6, 11, 12
 – informacyjny, p. mRNA
 – rybosomowy, p. rRNA
 – transportujący, p. tRNA
 rRNA 11, 21
 rodowód genetyczny 63
 roślinożerność 148, 150, 154, 182
 rozmieszczenie
 – losowe 143, 147
 – równomierne 143, 147
 – skupiskowe 143, 147
 rozrodczość 107, 108, 142, 147
 różnorodność
 – biologiczna (bioróżnorodność) 83, 163, 164, 170, 172, 173, 178, 182
 – ekosystemowa 163, 172, 182
 – gatunkowa 163, 172, 182
 – genetyczna 163, 172, 182
 rybosom 11, 19
 ryboza 11, 21

S

sekwenator 76
 sekwencja
 – DNA 9, 13, 189
 – kodująca, p. ekson
 – komplementarna 17
 – niekodująca, p. intron
 sekwencjonowanie DNA 76, 79, 92, 95, 189
 selekcja
 – naturalna, p. dobór naturalny
 – sztuczna, p. dobór sztuczny
 sieć pokarmowa (troficzna) 158, 162
 siedlisko 137, 141, 170, 179, 181, 189
 skala porostowa 140
 skamieniałości 99, 102, 132
 składanie RNA 18, 20
 smog 171
 specjacja 112, 116–118, 133, 189
 stanowisko dokumentacyjne 177
 starter 77
 strefa pływów 169
 struktura
 – płciowa 142, 144, 147
 – przestrzenna 142, 143, 147, 181
 – wiekowa 142, 144, 147, 181
 substytucja 56, 58
 sukcesja ekologiczna 156
 – pierwotna 156
 – wtórna 156
 surowica odpornościowa 71
 symbioza 120, 161, 173
 szachownica Punnetta 29
 szczepienie drzew 75
 szczepionka
 – glebowa 72
 – mikoryzowa 72

Ś

śmiertelność 142
 środowisko 136, 178, 181, 189

T

teoria
 – Darwina 99, 100, 107
 – endosymbiozy 119, 120, 124
 – syntetyczna ewolucji 100
 terapia genowa 90, 91, 94, 96, 189
 termocykler 77
 tolerancja ekologiczna 136, 137, 141, 181, 189
 transformacja nowotworowa 58, 189
 transkrypcja 17, 18, 20, 22, 56, 189
 translacja 17–20, 22, 56, 189
 translokacja 57

transplantacja jąder komórkowych 88, 89, 96
 trisomia 57, 62
 tymina 9, 12

U

układ zjadający–zjadany 151
 uracyl 11
 urbanizacja 170
 użytek ekologiczny 177

W

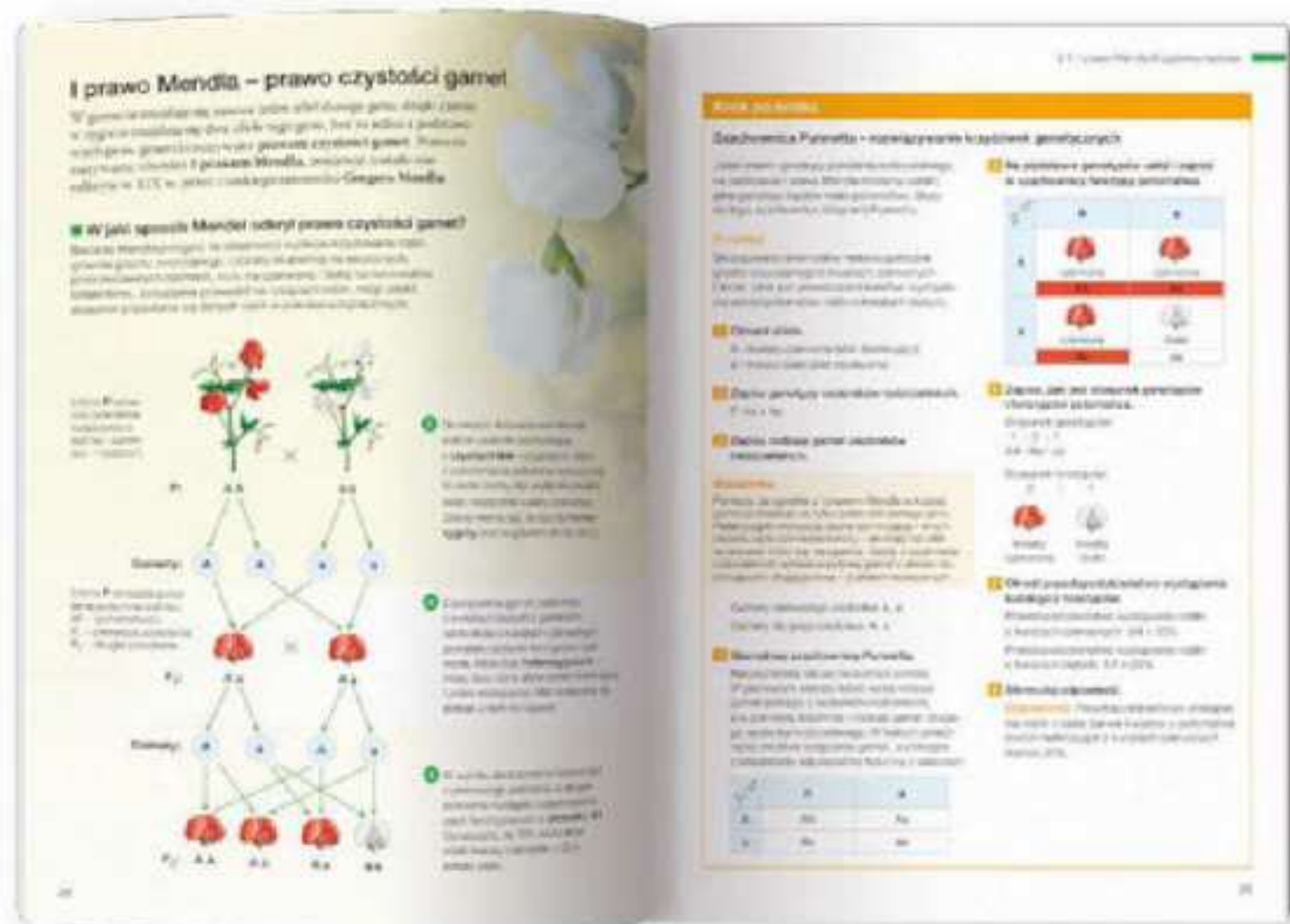
walka o byt 100, 108
 wektor 81, 91
 wiązanie
 – fosfodiesterowe 9
 – wodorowe 9
 wielkie wymierania 121
 włókno chromatyny 7

Z

zagęszczenie populacji 142, 147, 181
 zakres tolerancji ekologicznej 138, 141, 189
 zależności
 – antagonistyczne 135, 148, 150, 153, 154, 182, 189
 – nieantagonistyczne 135, 148, 149, 154, 182, 189
 – pokarmowe 157
 zapis kopalny 101, 102
 zasada
 – azotowa 5, 21
 – komplementarności 9, 12, 18
 zespół
 – Downa 62, 64, 91
 – Klinefeltera 62, 64
 – przyrodniczo-krajobrazowy 177
 – Turnera 62, 64
 zlodowacenia 121, 129
 zmienność
 – ciągła 54
 – genetyczna 53, 58, 66, 108
 – mutacyjna 55, 58
 – nieciągła 54
 – rekombinacyjna
 – środowiskowa 53, 58, 66
 zrównoważony rozwój 178, 180, 189
 żywa skamieniałość 102, 132, 189



Podręcznik *Biologia na czasie 3* do zakresu podstawowego zawiera treści dotyczące genetyki, biotechnologii, ewolucji organizmów, ekologii oraz różnorodności biologicznej.



Wiedza podana w przystępny sposób

Czytelne i uporządkowane przedstawienie ważnych procesów sprawia, że łatwo je zapamiętać i zrozumieć.

Sposób na rozwiązywanie zadań

Element *Krok po kroku* pomaga szybko i skutecznie nauczyć się rozwiązywania m.in. krzyżówek genetycznych.

W podręczniku znajdziesz oznaczenia treści, które od września 2024 r. nie są już wymagane.



Zielona ikona na górze strony wskazuje, że na tej stronie znajdują się treści, które nie są wymagane – oznaczono je szarą ikoną i falką.