



Złamanie kodu genetycznego

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Audiobook](#)
- [Animacja](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Złamanie kodu genetycznego

Kod genetyczny to sposób zapisu informacji genetycznej w kwasach nukleinowych (DNA lub RNA).

Źródło: Pixabay, domena publiczna.

Odszyfrowanie kodu genetycznego i jego roli w syntezie białek nastąpiło w latach 1961–1966. Dokonali tego Marshall Nirenberg, Robert William Holley i Har Gobind Khorana, za co w 1968 r. otrzymali Nagrodę Nobla w dziedzinie fizjologii lub medycyny. Rozszyfrowanie kodu genetycznego okazało się niezwykle istotne dla rozwoju genetyki, biologii i biotechnologii – pozwoliło m.in. na przygotowanie projektu poznania genomu człowieka, pogłębienie wiedzy na temat podstaw życia i zmienności genetycznej oraz zrozumienie procesów komórkowych.

Twoje cele

- Wyjaśnisz, czym jest kod genetyczny.
- Opisziesz, jak odkryto kod genetyczny.
- Wskażesz znaczenie złamania kodu genetycznego.

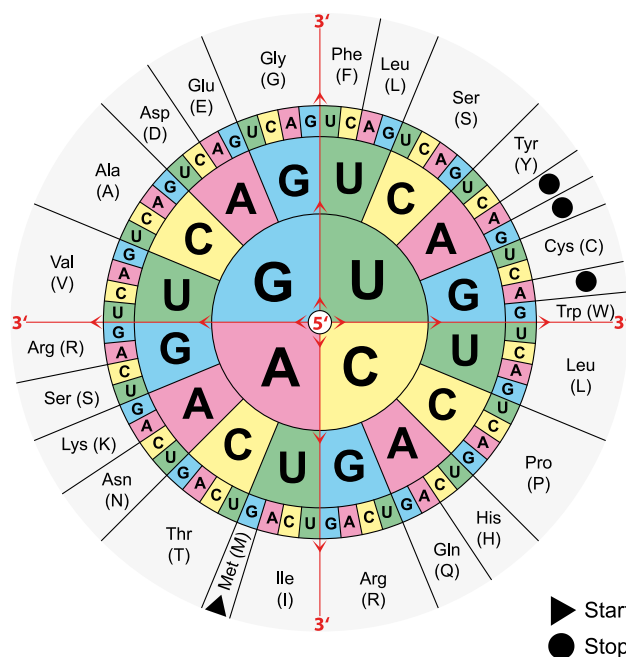
Przeczytaj

Czym jest kod genetyczny?

Kod genetyczny to sposób zapisu informacji genetycznej w kwasach nukleinowych (DNA lub RNA). Na podstawie informacji genetycznej syntetyzowane są wszystkie białka.

Odczytywanie informacji genetycznej przy syntezie białek nie odbywa się bezpośrednio na DNA. Sekwencje nukleotydowe DNA są najpierw kopiowane (przepisywane) na cząsteczki RNA w procesie nazywanym **transkrypcją**. Powstała w ten sposób sekwencja mRNA jest tłumaczona, czyli ulega **translacji** na sekwencję aminokwasów w białkach.

Elementarną jednostką kodującą w tym procesie jest **kodon**, czyli sekwencja trzech nukleotydów (triplet) występująca w mRNA. Kolejność ułożenia trzech nukleotydów w kodonie wyznacza dany aminokwas w białku, a sekwencja kodonów – ułożenie następujących po sobie aminokwasów.



Schemat kodu genetycznego. Kodony odczytuje się, zaczynając od jednej z czterech liter w środkowym pierścieniu, do której dołącza się po jednej literze z kolejnych pierścieni, np. kodonowi UGG w mRNA odpowiada tryptofan (Trp). Alaninę (Ala) kodują cztery kodony zaczynające się od GC i zawierające dowolny nukleotyd na trzeciej pozycji kodonu (A, C, G lub U). Kodon START jest sygnałem rozpoczęcia translacji – kodonem, do którego przyłączają się podjednostki rybosomu. Kodony STOP są sygnałem do odłączenia się rybosomów i zakończenia translacji. Podane kodony występują w RNA. Aby uzyskać ich postać typową dla nici kodującej w DNA, należy każdy U (uracyl) na tym schemacie zastąpić T (tyminą).

Źródło: Wikimedia Commons, domena publiczna.

Kodon

W DNA występują tylko cztery rodzaje nukleotydów różniące się rodzajem zasady azotowej (adenina, tymina, guanina lub cytozyna). Z czterech rodzajów nukleotydów mogą powstać $4^3=64$ różne kodony. Określony aminokwas może być zakodowany przez kilka różnych kodonów. W kodzie genetycznym, oprócz kodonów odpowiadających poszczególnym aminokwasom, istnieją znaki sygnalizujące początek i koniec zapisu danego białka. Kodon START to trójka nukleotydów AUG kodująca metioninę, początkowy aminokwas we wszystkich białkach, a kodony STOP to UAG, UAA, UGA.

Historia odkrycia kodu genetycznego

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., <https://wellcomeimages.org/indexplus/image/M0018311.html>, dostępny w internecie: : <https://www.colorado.edu/physics/events/outreach/george-gamow-memorial-lecture-series>, licencja: CC BY-SA 3.0.

Słownik

Crick Francis

brytyjski biolog molekularny i neurofizyk; w 1958 r. wraz z Jamesem Watsonem zaproponowali model cząsteczki DNA o strukturze podwójnej helisy, za co w 1962 r. otrzymali Nagrodę Nobla w dziedzinie fizjologii lub medycyny

Franklin Rosalind

angielska biofizyczka, specjalistka w dziedzinie rentgenografii strukturalnej, wykonała dokładny rentgenogram cząsteczki DNA, który był punktem wyjścia do modelu podwójnej helisy zaproponowanego przez Cricka i Watsona, jednak nie została uwzględniona przez Komitet Noblowski – zmarła, zanim przyznano Nagrodę Nobla za odkrycie struktury DNA

Gamow George

rosyjsko-amerykański fizyk teoretyczny i kosmolog; zaproponował, że trzy kolejne nukleotydy w DNA kodują jeden aminokwas; próbował rozszyfrować, w jaki sposób sekwencja czterech typów zasad azotowych w DNA i mRNA wpływa na sekwencje aminokwasów w peptydzie; jego założenia okazały się błędne, jednak przyczyniły się do opracowania późniejszych modeli degeneracji kodu genetycznego

Garrod Archibald

postać ważna w biologii molekularnej, pionier w dziedzinie dotyczącej wrodzonych błędów metabolicznych; odkrywca alkaptonurii, który opisał naturę recesywnego dziedziczenia większości defektów enzymów; rozszerzył swoje badania metaboliczne o cystynurię, pentozurię i albinizm – te trzy wrodzone błędy wraz z alkaptonurią są nazywane tetradą Garroda

Holley William Robert

amerykański biochemik; prowadził badania nad biosyntezą białek i kwasów nukleinowych; ustalił strukturę kwasu rybonukleinowego przenoszącego (tRNA); w 1968 otrzymał Nagrodę Nobla (wspólnie z M.W. Nirenbergiem i H.G. Khoraną) w dziedzinie fizjologii lub medycyny za wkład w wyjaśnienie kodu genetycznego i jego znaczenia w biosyntezie białka

Khorana Har Gobind

amerykański biolog molekularny; potwierdził odkrycie Nirenberga, że skład chemiczny i funkcja nowej komórki są określone przez sposób ułożenia nukleotydów w cząsteczce DNA; opracował metodę syntetyzowania łańcuchów deoksyrybonukleotydów o wyznaczonej z góry sekwencji i wprowadzał je do DNA bakterii, powodując tworzenie przez nią określonego białka; odtworzył syntetycznie wszystkie możliwe (64) triplety nukleotydowe

kodon

najkrótsza informacja genetyczna w postaci sekwencji nukleotydów na nici kodującej DNA, następnie przenoszona na mRNA, która wyznacza miejsce określonego aminokwasu w łańcuchu polipeptydowym; składa się z trzech sąsiadujących ze sobą nukleotydów noszących także nazwę tripletu kodującego; spośród 64 kodonów tworzonych przez 4 rodzaje nukleotydów ($4^3 = 64$), 61 koduje 20 aminokwasów występujących w białkach, a pozostałe 3 to kodony terminacyjne (kodony STOP): UGA, UAA i UAG, będące ostatnimi kodonami każdej sekwencji kodującej białko; termin wprowadzony w 1963 r. przez Francisa Cricka

Matthaei Heinrich Johannes

niemiecki biochemik, w maju 1961 r. rozwiązał kod genetyczny dzięki obserwacji, że sekwencja trzech uracyli w mRNA zawsze prowadzi do wstawienia fenyloalaniny w białku

Nirenberg Marshall Warren

amerykański biochemik i genetyk, w 1968 r. wraz z Khorana i Holley uchronowany Nagrodą Nobla w dziedzinie fizjologii i medycyny za złamanie kodu genetycznego i opisanie jego roli w syntezie białek

transkrypcja genetyczna

(łac. *transcriptio* – przepisywanie) proces syntezy RNA, podczas którego na matrycy DNA jest syntetyzowana komplementarna nić RNA; w zależności od rodzaju polimerazy w wyniku tego procesu mogą powstać różne rodzaje RNA: pre-mRNA, snRNA, rRNA, tRNA

translacja genetyczna

(łac. *translatio* – przeniesienie) zachodzący na rybosomach drugi etap biosyntezy białka, podczas którego na podstawie informacji zapisanej w postaci nici mRNA syntetyzowany jest polipeptyd zgodnie z regułą kodu genetycznego – sekwencja aminokwasów w łańcuchu peptydowym odpowiada sekwencji nukleotydów w mRNA;

Watson James

amerykański biolog molekularny, genetyk i zoolog; współautor pracy opisującej model struktury podwójnej helisy cząsteczki DNA, za którą wraz z Crickiem i Wilkinsem otrzymał w 1962 r. Nagrodę Nobla w dziedzinie fizjologii i medycyny

Wilkins Maurice

brytyjski biofizyk; prowadził badania rentgenograficzne nad DNA wraz z Franklin, których wyniki bez jej wiedzy przekazał Watsonowi oraz Crickowi, dzięki czemu opracowali oni model budowy cząsteczki DNA; wraz z Watsonem i Crickiem w 1962 r. otrzymał za to odkrycie Nagrodę Nobla w dziedzinie fizjologii lub medycyny

ZŁAMANIE KODU GENETYCZNEGO

W 1902 roku Archibald Garrod, brytyjski lekarz, postawił hipotezę, że białka, a konkretnie enzymy, są kodowane przez geny. Stwierdził, że prawa dziedziczenia ustalone przez Gregora Mendla odnoszą się również do człowieka. Nie znał jednak budowy cząsteczki kwasu deoksyrybonukleinowego, czyli DNA – nie mógł nawet podejrzewać, że to właśnie ten związek koduje cechy ludzkiego gatunku. Dopiero kolejne odkrycia z dziedziny genetyki, w tym określenie struktury kwasu nukleinowego, pozwoliły nadać pojęciu „gen” materialną postać.

Naukowcy zastanawiali się, w jaki sposób w cząsteczce DNA zakodowana jest informacja o budowie różnych białek. Składa się ona przecież z zaledwie czterech rodzajów nukleotydów zawierających odpowiednio następujące zasady azotowe: adeninę, tyminę, cytozynę, guaninę, a aminokwasów wchodzących w skład białek jest aż dwadzieścia! Wyjaśnienie tego zagadnienia przyniosło odkrycie kodu genetycznego. Informacja zawarta w DNA jest przepisywana na mRNA w procesie transkrypcji – produkcja białka zgodnie z kodem genetycznym zachodzi zatem bezpośrednio na podstawie sekwencji RNA. Kod genetyczny to sposób zapisu informacji o budowie białek w sekwencji DNA. Odpowiednia kolejność nukleotydów i sposób ich odczytu odpowiada kolejności aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym: sekwencja zasad w DNA jest współliniowa do sekwencji aminokwasów. Hipotezę tę postawił w latach 50. XX wieku George Gamow, amerykański fizyk. Był on współzałożycielem klubu naukowego znanego pod nazwą „The RNA Tie Club”, „Klub Krawatów RNA”, którego członkowie badali sposób zapisu informacji o białkach w DNA. Należało do niego dwudziestu naukowców – każdy nosił krawat oznaczony symbolem konkretnego aminokwasu. Badacze rozważali różne możliwości odczytu sekwencji nukleotydów w materiale genetycznym. Jasne było, że to nie dwa kolejne nukleotydy decydują o przyłączeniu aminokwasu: tych jest dwadzieścia, a cztery zasady podniesione do potęgi drugiej dają wynik szesnaście. Dlatego naukowcy uważali za prawdopodobną hipotezę Gamowa zakładającą, że to trzy kolejne nukleotydy niosą informację o aminokwasie, tworząc tak zwany triplet lub kodon. W czasach działalności „The RNA Tie Club” nie udało się jednak udowodnić tej hipotezy.

W liście do członków klubu w 1955 roku Francis Crick zasugerował istnienie adaptorowych cząstek RNA, których zadaniem byłoby odpowiednie łączenie aminokwasów na podstawie informacji zawartych w matrycy RNA. Trzy lata później cząsteczki te odkryli Paul Zamecnik i Mahlon Hoagland: były to tak zwane transferowe kwasy nukleinowe – tRNA. Kluczowe dowody na istnienie kodu genetycznego oraz sposobu syntezy białek dostarczyli inni naukowcy, niemieccy biolodzy Heinrich Matthaei i Marschall Nirenberg. W eksperymencie, który przeprowadzili 27 maja 1961 roku, wykazali, że triplet UUU koduje fenyloalaninę! Doświadczenie polegało na użyciu ekstraktu z komórek bakterii *Escherichia coli*, mieszaniny aminokwasów, ATP i syntetycznej matrycy w postaci cząsteczki RNA złożonej z nukleotydów zawierających tylko jeden rodzaj zasady azotowej – uracylu, Poli-U. Okazało się, że powstałe białko składało się wyłącznie z fenyloalaniny, co udowodniło jej kodowanie przez triplet UUU. Kolejne eksperymenty prowadzone przez Har Gobinda Khoranę i bazujące na systemie syntezy białka Nirenberga pozwoliły odkryć kolejne kodony oraz przypisane im aminokwasy. Do 1966 roku udało się zidentyfikować 64 kodony trójnukleotydowe – cząsteczka kwasu nukleinowego jest polimerem czterech różnych nukleotydów, a więc liczba możliwych kodonów wynosi właśnie 64 – cztery podniesione do trzeciej potęgi. Aż 61 tripletów odpowiada za przyłączenie określonego aminokwasu, a trzy stanowią informację o zakończeniu procesu syntezy – są to tak zwane kodony STOP: UAA, UAG, UGA. Nie kodują one żadnego aminokwasu, ale sygnalizują koniec syntezy polipeptydu. Nirenberg i jego współpracownicy zaproponowali wzór tabeli kodu genetycznego, w której każdy aminokwas przypisany jest do danego kodonu. Wykazali w nim, że większość aminokwasów kodowana jest przez więcej niż jeden kodon. Nirenberg stwierdził też, że kod genetyczny jest identyczny u wszystkich organizmów żywych i w taki sam sposób odczytywany. W 1968 roku otrzymał nagrodę Nobla z dziedziny fizjologii i medycyny, współdzieląc ją z Robertem Williamem Holleyem i Har Gobind Khoraną. Ciekawostką jest, że mitochondrialny kod genetyczny wykazuje pewne odstępstwa w stosunku do kodu jądrowego. Główna różnica polega na tym, że kodon UGA koduje w mitochondrium tryptofan. Ponadto w mitochondrium znajdują się tylko 22 rodzaje tRNA – w jądrze jest ich tyle, ile możliwości kodonów, a więc 64. Z przebiegu procesu translacji wiadomo, że każdy tRNA zawiera antykodon komplementarny do odpowiedniego kodonu na mRNA. W mitochondrium rozwiązaniem okazało się wstawienie uracylu na trzecim miejscu w antykodonie tRNA, a zatem za rozpoznanie kodonu odpowiedzialne są tylko dwie pierwsze zasady z trójki nukleotydów. U niektórych gatunków drożdży znaleziono jeszcze inną różnicę: kodon AUA odpowiada u nich za przyłączenie metioniny zamiast izoleucyny. Odkrycie kodu genetycznego było niezwykle ważne dla rozwoju genetyki i biotechnologii. Dzięki temu można określić, jakie sekwencje kodują dane białka, i wykorzystać tę wiedzę w inżynierii

genetycznej. Obecnie naukowcy nie tylko lokalizują poszczególne sekwencje genów w DNA, ale również – w warunkach laboratoryjnych – projektują odpowiednie sekwencje i za pomocą technik molekularnych wszczepiają je do komórek.

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

Polecenie 1

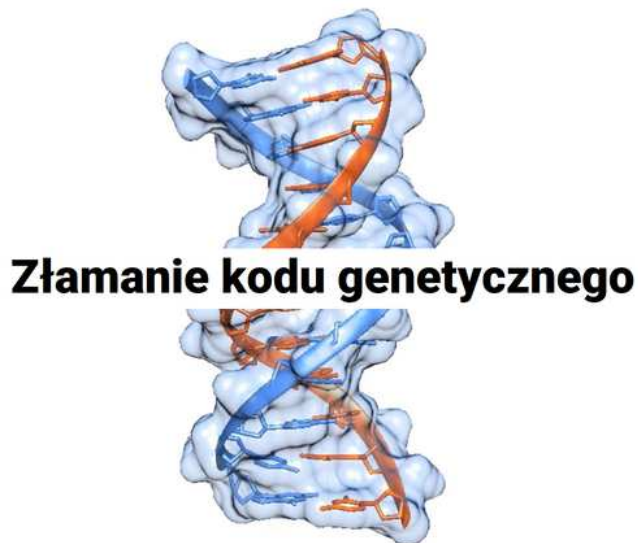
Na podstawie informacji z audiobooka wyjaśnij, czym jest kod genetyczny.

Polecenie 2

Na podstawie informacji z audiobooka wyjaśnij, na czym polegał eksperyment, który pozwolił odkryć fenyloalaninę.

Polecenie 3

Na podstawie informacji z audiobooka wyjaśnij, dlaczego zdanie: „Naukowcy odkryli kod genetyczny człowieka” jest błędne. Jak powinno ono brzmieć w poprawnej wersji?



Film dostępny pod adresem </preview/resource/RWACekQUXbL4I>

Złamanie kodu genetycznego.

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

Nagranie filmowe pod tytułem: Złamanie kodu genetycznego.

Polecenie 1

Wymień wydarzenia, które miały znaczący wpływ na złamanie kodu genetycznego.

Polecenie 2

Wyjaśnij, jakie znaczenie miało odkrycie kodu genetycznego dla rozwoju biologii i medycyny.

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Złamanie kodu genetycznego

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

Podstawa programowa:

Zakres podstawowy

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

VI. Ekspresja informacji genetycznej w komórkach człowieka. Uczeń:

4) przedstawia cechy kodu genetycznego;

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

XIII. Ekspresja informacji genetycznej. Uczeń:

5) przedstawia cechy kodu genetycznego;

Kształtowane kompetencje kluczowe:

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

Cele operacyjne (językiem ucznia):

- Wyjaśnisz, czym jest kod genetyczny.
- Opisziesz, jak odkryto kod genetyczny.
- Wskażesz znaczenie złamania kodu genetycznego.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- rozmowa kierowana;
- praca z audiobookiem;
- analiza animacji;
- gra dydaktyczna.

Formy pracy:

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

Środki dydaktyczne:

- komputery z głośnikami, słuchawkami i dostępem do internetu;
- tablica interaktywna/tablica, pisak/kreda;
- telefony z dostępem do internetu;
- zasoby multimedialne zawarte w e-materiale – audiobook.

Przed lekcją:

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

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji oraz cele zajęć, omawiając lub ustalając razem z uczniami kryteria sukcesu.

2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel zadaje pytania:

- Czym jest kod genetyczny?
- Z czego składa się kod genetyczny?

Uzupełnia wypowiedzi uczniów, koryguje ewentualne błędy. W przypadku błędnych odpowiedzi nauczyciel informuje, że na koniec lekcji uczniowie jeszcze raz udzielą odpowiedzi na pytania, które sprawiły im trudność.

Faza realizacyjna:

1. **Praca z multimedium („Audiobook”).** Uczniowie zapoznają się z audiobookiem. Klasa dzieli się na grupy. Każdy zespół opracowuje odpowiedzi do poleceń odnoszących się do multimedium (od 1 do 3). Po wyznaczonym przez nauczyciela czasie liderzy grup odczytują swoje propozycje. W przypadku błędnych odpowiedzi nauczyciel zadaje uczniom pytania naprowadzające.

2. **Praca z drugim multimedium („Animacja”).** Uczniowie zapoznają się z animacją wyświetloną przez nauczyciela. Następnie wykonują indywidualnie polecenie nr 1 („Wymień wydarzenia, które miały znaczący wpływ na złamanie kodu genetycznego”) i porównują swoje odpowiedzi w parach. Kolejne polecenie (nr 2: „Wyjaśnij, jakie znaczenie miało odkrycie kodu genetycznego dla rozwoju biologii i medycyny”) uczniowie wykonują w parach i porównują swoje odpowiedzi z innym zespołem. Wybrane osoby przedstawiają odpowiedzi na oba polecenia na forum klasy.
3. **Praca z tekstem.** Uczniowie na podstawie treści zawartych w e-materiale zapisują na kartkach minimum pięć pytań dotyczących tematu lekcji. Wybrana osoba zbiera pytania do urny. Uczniowie dzielą się na 5-osobowe grupy, losują pytania z puli i przygotowują odpowiedzi. Zespół, który jest gotowy, zgłasza się i przedstawia rezultaty swojej pracy. Pozostali uczniowie wraz z nauczycielem weryfikują poprawność odpowiedzi.

Faza podsumowująca:

1. Na koniec zajęć nauczyciel raz jeszcze wyświetla na tablicy interaktywnej lub przy użyciu rzutnika temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”. W kontekście wyświetlonych treści prosi uczniów o rozwinięcie zdania: „Na dzisiejszej lekcji nauczyłem/nauczyłam się...”.
2. Uczniowie uzupełniają odpowiedzi udzielone we wstępnej fazie lekcji.

Praca domowa:

1. Dla chętnych: Obejrzyj film „Jak sekwencjonuje się ludzki genom” (Mark J. Kiel), dostępny w internecie, i przygotuj jego recenzję.

Materiały pomocnicze:

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

Dodatkowe wskazówki metodyczne:

- Uczniowie mogą przed lekcją zapoznać się z materiałem w sekcji „Audiobook”, aby aktywnie uczestniczyć w zajęciach i pogłębić swoją wiedzę.