



Tabela kodu genetycznego i jej odczytywanie

- Wprowadzenie
- Przeczytaj
- Symulacja interaktywna
- Sprawdź się
- Dla nauczyciela

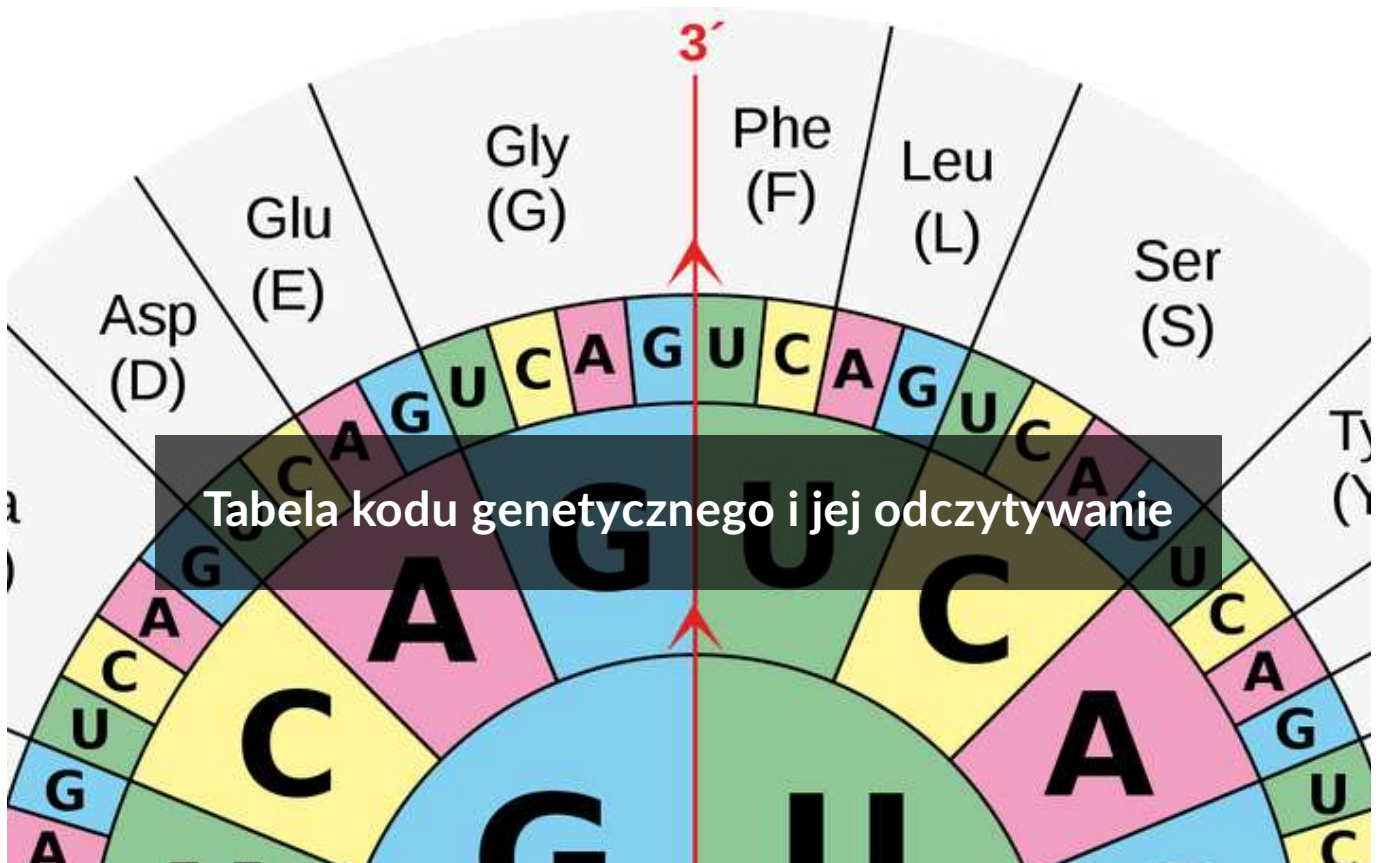


Tabela kodu genetycznego i jej odczytywanie

Tabela kodu genetycznego umożliwia szybkie sprawdzenie, które kodony kodują poszczególne aminokwasy, a także które kodony są sygnałem do rozpoczęcia lub zakończenia translacji.

Źródło: Mouagip, Wikimedia Commons, domena publiczna.

Informacja genetyczna w postaci DNA zapisana jest za pomocą czterech rodzajów nukleotydów: adeniny (A), tyminy (T), guaniny (G) i cytozyny (C). Po procesie transkrypcji w mRNA zamiast nukleotydu z tyminą występuje nukleotyd z uracylem. Jak zatem mRNA koduje informację o budowie białka składającego się z dwudziestu aminokwasów, mając do dyspozycji jedynie cztery rodzaje nukleotydów?

Twoje cele

- Wyjaśnisz, jak korzystać z tabeli kodu genetycznego.
- Określisz kolejność aminokwasów w peptydzie na podstawie kolejności nukleotydów w DNA i mRNA.
- Ustalisz kolejność nukleotydów w mRNA i DNA na podstawie kolejności aminokwasów w peptydzie.

Przeczytaj

Tabela kodu genetycznego

Rozszyfrowanie **kodu genetycznego** przez amerykańskich biochemików Marshalla W. Nirenberga, Roberta W. Holleya i Hara Gobinda Khorana pozwoliło stworzyć tabelę kodu genetycznego – umożliwia ona odczytanie sekwencji białka powstającego na podstawie mRNA. A także na podstawie sekwencji aminokwasów w białku można określić kolejność nukleotydów w kodującym go genie. Istnieją dwie podstawowe formy tabeli kodu genetycznego: kwadratowa oraz kolista.

Więcej informacji na temat kodu genetycznego możesz znaleźć w materiale: [Cechy kodu genetycznego](#).

Kwadratowa tabela kodu genetycznego

Kwadratowa tabela kodu genetycznego składa się z poziomych i pionowych kolumn. Odczytywanie zaczyna się zawsze od lewej strony, w pozycji „1 nukleotyd”. Występują tu cztery wiersze oznaczone: U (uracyl), C (cytozyna), A (adenina), G (guanina) – są to pierwsze litery **kodonu** odpowiadającego za dany aminokwas.

Drugi nukleotyd w kodonie znajduje się w górnej osi tabeli, oznaczonej jako „2 nukleotyd”. Wiersze z kolumny „1 nukleotyd” przecinają się z kolumnami zawierającymi drugi nukleotyd uszeregowanymi w kolejności: U, C, A, G, tworząc duży kwadrat z czterema różnymi sekwencjami.

Trzeci nukleotyd odczytywany jest z kolumny „3 nukleotyd”, gdzie nukleotydy ułożone są w kolejności U, C, A, G. Znalezienie trzeciego nukleotydu pozwala na skompletowanie wszystkich nukleotydów w kodonie i odczytanie przypisanego do danego kodonu aminokwasu bądź też sygnału START (dla kodonu AUG) lub STOP (dla kodonów UAA, UGA, UAG).

Kwadratowa tabela kodu genetycznego

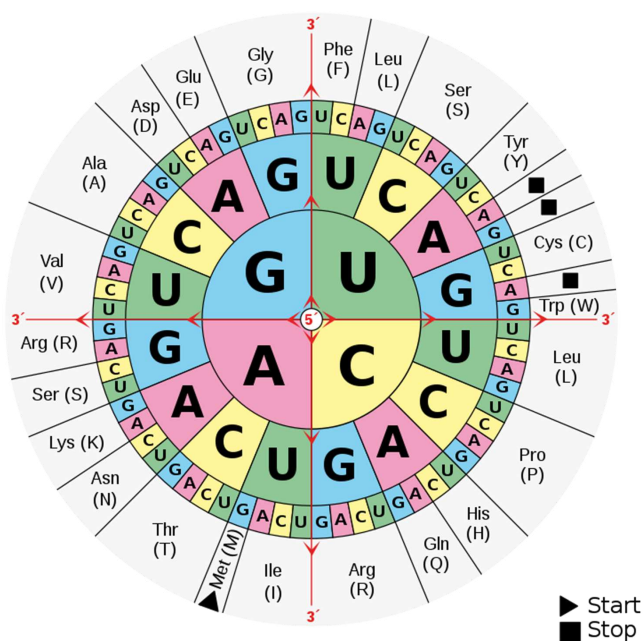
1	2 nukleotyd
---	-------------

pnukleotyd	nukleotyd		C		A		G
nukleotyd	U		C		A		G
U	UUU	(Phe/F)	UCU	(Ser/S)	UAU	(Tyr/Y)	UGU
	UUC	fenyloalanina	UCC		UAC	tyrozyna	UGC
	UUA		UCA		UAA	STOP	UGA
	UUG		UCG		UAG	STOP	UGG
C	CUU	(Leu/L)	CCU	(Pro/P)	CAU	(His/H)	CGU
	CUC	leucyna	CCC		CAC	histydyna	CGC
	CUA		CCA		CAA	(Gln/Q)	CGA
	CUG		CCG		CAG	glutamina	CGG
A	AUU	(Ile/I)	ACU	(Thr/T)	AAU	(Asn/N)	AGU
	AUC		ACC		AAC	asparagina	AGC
	AUA		ACA		AAA	(Lys/K) lizyna	AGA
	AUG	(Met/M)	ACG		AAG		AGG
G	GUU	(Val/V)	GCU	(Ala/A)	GAU	(Asp/D) kwas	GGU
	GUC		GCC		GAC	asparaginowy	GGC
	GUA		GCA		GAA	(Glu/E) kwas	GGA
	GUG		GCG		GAG	glutaminowy	GGG

Ważne!

W biologii i genetyce wykorzystuje się trzyliterowe i jednoliterowe nazwy skrótowe aminokwasów, które ułatwiają np. zapisanie całej sekwencji łańcucha polipeptydowego. Skróty te występują także w tabeli kodu genetycznego. Na przykład alanina może być zapisana w skrócie jako Ala lub A, a arginina jako Arg lub R.

Kolista tabela kodu genetycznego



Kolista tabela kodu genetycznego z oznaczeniami: G (niebieski) - nukleotyd z guaniną, C (żółty) - nukleotyd z cytozyną, A (różowy) - nukleotyd z adeniną oraz U (zielony) - nukleotyd z uracylem.

Źródło: Mouagip, Wikimedia Commons, domena publiczna.

Tabela kodu genetycznego w postaci koła ilustruje wszystkie możliwe kombinacje w kodonie oraz przypisane im aminokwasy. Cała struktura podzielona jest na cztery ćwiartki i zawiera cztery pierścienie współśrodkowe. Trzy pierścienie (zaczynając od środka) zawierają symbole nukleotydów, a czwarty pierścień zawiera symbole aminokwasów.

Kolistą tabelę kodu genetycznego odczytuje się od najbardziej wewnętrznego pierścienia, w którym znajdują się cztery nukleotydy: G, U, A i C. Kolejnym krokiem jest odczytanie drugiego nukleotydu w kodonie, umieszczonego na drugim pierścieniu. Do każdego pierwszego nukleotydu można dopasować jeden z czterech nukleotydów, ułożonych w kolejności: U, C, A, G. Trzeci nukleotyd odczytywany jest z najbardziej zewnętrznego pierścienia koła zawierającego nukleotydy. Do drugiego nukleotydu w kodonie można dopasować także jeden z czterech nukleotydów uszeregowanych w takiej kolejności jak nukleotydy w poprzednim pierścieniu. Aby ułatwić odczytywanie kolejnych nukleotydów kodonu zostały one zapisane czcionką o różnej wielkości: od największej przy nukleotydzie pierwszym do najmniejszej dla ostatniego nukleotydu z kodonu.

Dodatkowym ułatwieniem jest oznakowanie nukleotydów kolorami, co ułatwia szybką lokalizację nukleotydów, zwłaszcza w pozycji trzeciej.

Każdemu z 61 kodonów (trójek nukleotydów) przyporządkowano jeden aminokwas, którego symbol lub nazwę umieszczono na ostatnim, zewnętrznym pierścieniu koła. Trzy kodony to nonsensowne kodony STOP.

Kodon START oznaczony jest jako trójkąt, opatrzony także opisem „Met (M)”, ponieważ koduje aminokwas metioninę. Jest on pierwszym z aminokwasów w tworzonej sekwencji białka. Trzy z kodonów oznaczono za pomocą kwadratów. Są to kodony STOP i nie mają one przypisanych aminokwasów, gdyż stanowią sygnał dla rozpadu maszyny **translacyjnej**, poprzez przyłączenie czynnika uwalniającego zamiast aminokwasu.

Odczytywanie kodonów na mRNA podczas **translacji** rozpoczyna się od zlokalizowania kodonu START. Na podstawie kolejnych kodonów są dołączane odpowiednie aminokwasy. Synteza białka trwa do odczytania kodonu STOP. Odczytywanie kodonów w mRNA odbywa się od końca 5' do końca 3', które warunkują kolejność aminokwasów w polipeptydzie od N-końca pierwszego aminokwasu (metioniny) do C-końca ostatniego. Koniec N polipeptydu stanowi aminokwas z wolną grupą aminową, a koniec C – aminokwas z wolną grupą karboksylową.

Słownik

kod genetyczny

sposób zapisania informacji genetycznej (w postaci sekwencji nukleotydowej) o kolejności aminokwasów (sekwencji aminokwasowej) w cząsteczkach białek

kodon

sekwencja trzech nukleotydów występująca w DNA lub w mRNA, stanowiąca jednostkę kodującą określony aminokwas podczas syntezy białka; istnieją 64 kodony, z czego 61 to kodony określające 20 podstawowych aminokwasów białkowych, natomiast 3 pozostałe odpowiadają za zakończenie translacji

transkrypcja

(łac. *transcriptio* – przepisywanie) proces syntezy RNA, podczas którego na matrycy DNA syntetyzowana jest komplementarna nić mRNA

translacja

proces biosyntezy białka, podczas którego, na podstawie informacji zapisanej w nici mRNA, syntetyzowany jest polipeptyd

Symulacja interaktywna

Symulacja 1

Znajdź kodon START, aby przeprowadzić transkrypcję, a następnie, przy użyciu tabeli kodu genetycznego, poznać sekwencję zakodowanego w DNA peptydu.

Znajdź i zaznacz kodon start.






Zasób interaktywny dostępny pod adresem <https://zpe.gov.pl/a/DMN3EWRCZ>

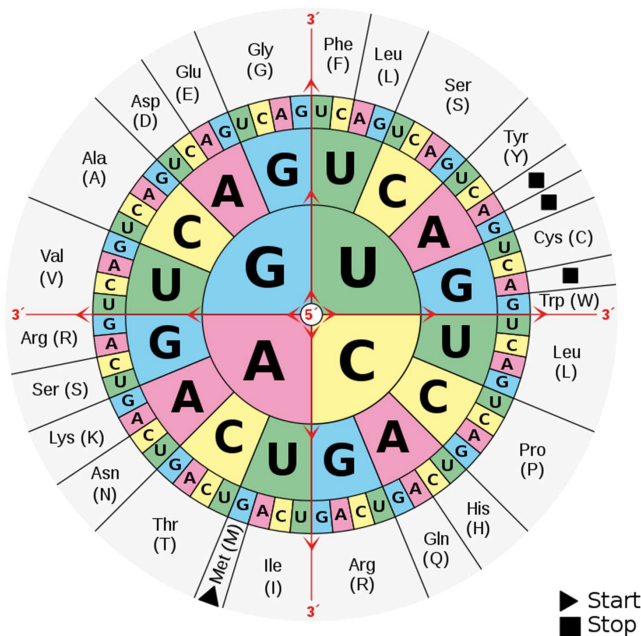
Tabela kodu genetycznego i jej odczytywanie.

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

Polecenie 1

Sprawdź się

Pokaż ćwiczenia:   



Kolista tabela kodu genetycznego.

Źródło: Mouagip, Wikimedia Commons, domena publiczna.

Ćwiczenie 1



Ćwiczenie 2



Ćwiczenie 3



Ćwiczenie 4



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

Ćwiczenie 5



3' TACTCA GATTGT CATAAC 5'

Ćwiczenie 6



Najmniejszy znany gen koduje mikrocyne C7 (MccC7) – heptapeptyd (peptyd złożony z siedmiu aminokwasów) występujący u bakterii z rodziny Enterobacteriaceae.

Sekwencja peptydu będącego bezpośrednim produktem translacji to

Met-Arg-Thr-Gly-Asn-Ala-Asp.

Na podstawie: José E. González-Pastor, José L. San Millán, Felipe Moreno, *The Smallest Known Gene*, „Nature” 1994; vol. 369, s. 281.*

Ćwiczenie 7



Ćwiczenie 8



Sekwencja DNA:

TAC ATG GAC CAT CCG TAA AGT

Sekwencja aminokwasowa łańcucha polipeptydowego:

MYLVGIS

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Tabela kodu genetycznego i jej odczytywanie

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, jak korzystać z tabeli kodu genetycznego.
- Określisz kolejność aminokwasów w peptydzie na podstawie kolejności nukleotydów w DNA i mRNA.
- Ustalisz kolejność nukleotydów w mRNA i DNA na podstawie kolejności aminokwasów w peptydzie.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;

- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- ćwiczenia interaktywne;
- symulacja.

Formy pracy:

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

Środki dydaktyczne:

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

Przed lekcją:

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

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla i odczytuje temat lekcji oraz zawarte w sekcji „Wprowadzenie” cele zajęć. Prosi uczniów lub wybraną osobę o sformułowanie kryteriów sukcesu.
2. **Rozmowa wprowadzająca.** Nauczyciel za pomocą dostępnego w panelu użytkownika raportu weryfikuje przygotowanie uczniów do lekcji. Prosi wybranego ucznia o przeczytanie pytania znajdującego się we wprowadzeniu: „Jak w mRNA zakodować informację o budowie białka składającego się z dwudziestu aminokwasów, mając do dyspozycji jedynie cztery rodzaje nukleotydów?” i rozpoczęcie rozmowy na podstawie przeczytanego przed lekcją tekstu.

Faza realizacyjna:

1. **Praca z tekstem.** Uczniowie indywidualnie zapisują w zeszycie minimum pięć pytań do tekstu. Uwaga: każde z pytań musi rozpoczynać się od słowa „dlaczego”. Następnie zadają swoje pytania dowolnie wybranej osobie i odpowiadają na pytania kolegi lub koleżanki.
2. **Praca z multimedium („Symulacja interaktywna”).** Nauczyciel wyświetla symulację interaktywną i wspólnie z uczniami dokonuje jej analizy. Prosi podopiecznych, by

pracując w parach, wykonali polecenie nr 1: „Na podstawie tabeli kodu genetycznego ustal kolejność aminokwasów w peptydzie kodowanym przez podane kodony”.

Następnie uczniowie konsultują swoje rozwiązania z inną, najbliższą siedzącą parą.

3. **Utrwalenie wiedzy i umiejętności.** Nauczyciel przechodzi do sekcji „Sprawdź się”.

Uczniowie wykonują indywidualnie ćwiczenie interaktywne nr 6 („Skorzystaj z tabeli kodu genetycznego i spośród poniższych wybierz sekwencję tej nici DNA, która mogła ulec transkrypcji, dając mRNA genu *MccC7*”), a następnie porównują swoje odpowiedzi z kolegą lub koleżanką.

4. Uczniowie wykonują w parach ćwiczenie nr 7 (w którym mają za zadanie wyjaśnić, dlaczego odpowiedź do ćwiczenia nr 6 nie jest jedyną poprawną), wyświetlone przez nauczyciela na tablicy. Podczas wspólnych dyskusji rozwiązują zadanie, następnie łączą się z inną parą i kontynuują swoją dyskusję, uzasadniając swój wybór.

5. Chętni uczniowie na forum klasy rozwiązują ćwiczenie nr 8 (w którym mają za zadanie, korzystając z tabeli kodu genetycznego, obliczyć, na ile sposobów można poprawnie odpowiedzieć na zadanie w ćwiczeniu nr 6).

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...”.

Praca domowa:

1. Wykonaj ćwiczenia od 1 do 6 z sekcji „Sprawdź się”.

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:

- Nauczyciel może wykorzystać medium zamieszczone w sekcji „Symulacja interaktywna” do podsumowania lekcji.