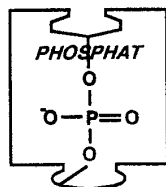
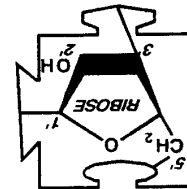
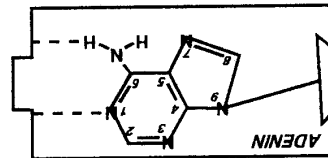
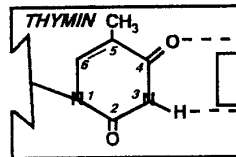
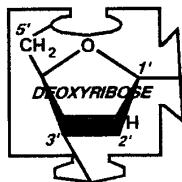
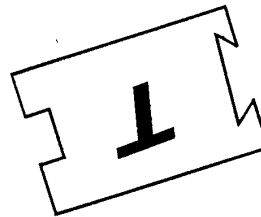
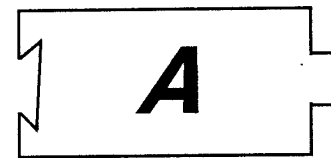
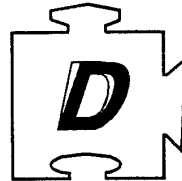
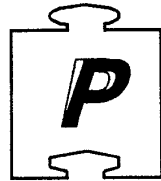
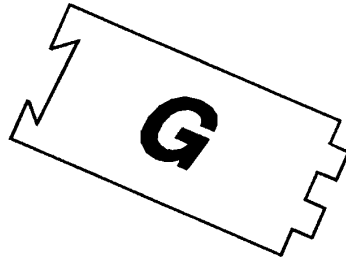
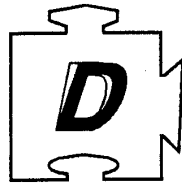
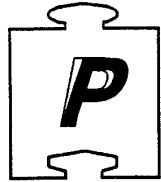
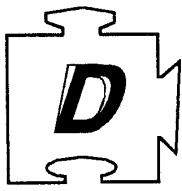


Model DNA

**Budowa
Replikacja
Transkrypcja**

PRZEWODNIK



**Pomysł i realizacja
J.W. Garvin**



Unilever



The Queen's University of Belfast



J.W. Garvin 1996.

Wilbert Garvin jest prawowitym wynalazcą i konstruktorem niniejszego modelu, zgodnie z prawem autorskim i "Designs and Patents Act" 1988, jak również jest autorem niniejszego przewodnika. Wszelkie prawa dotyczące projektu modelu są zastrzeżone. Niniejsza publikacja jest chroniona prawem autorskim.

Jednakże zezwala się nauczycielom na dokonywanie fotokopii instrukcji i poleceń oraz foliogramów do projektorów, na własny użytek, wewnątrz uczelni. To zezwolenie wyklucza sporządzanie kopii do zastosowania poza instrukcją, w której zostały wykonane, jak również sporządzanie kopii do wypożyczania w celach komercyjnych lub do sprzedaży.

Żadna z części niniejszej publikacji nie może być reprodukowana bez pisemnej zgody autora lub w inny sposób nie wolno jej przekazywać. Pierwsza publikacja autora w 1996 r.:

NICSB

The School of Education

The Queen's University of Belfast

BELFAST BT7 1NN

Northern Ireland

ISBN o 85389 622 4

Podziękowanie

Chciałbym szczególnie podziękować następującym osobom:

Profesorom Samowi Martinowi i Jerry Daviesowi ze "School of Biology and Biochemistry" w uniwersytecie Queen's University, za zachęcanie i sprawdzenie szczegółów. Panu Alastair Edwards za jego pomoc w opracowaniu graficznym oraz pani Barbarze McConnell za jej konstruktywną krytykę - Northern Ireland Education Support Unit, Queen's University.

Doktorowi Geraldine Schofield (Head of External and Regulatory Affairs, Unilever Research, Colworth Laboratory) i Alanowi George (Education Liaison Manager, National Personnel Departament, Unilever) za ich zainteresowanie i wsparcie.

Panu Denmour Boyd za jego konstruktywne sugestie.

Jigsaw Dimensions za ich gotowość do wdrożenia nowego projektu.

Panu Cliffordowi McCullough z Killyleagh Box Company za jego konstruktywne propozycje.

Personelowi "National Centre for Biotechnology Education" w Reading University za ich skwapliwe wsparcie.

Pani Heike Edinger za przetłumaczenie na język niemiecki.

Mojej żonie Betty za korektę.

Niniejszy model został wszechstronnie sprawdzony zwłaszcza przez nauczycieli w Irlandii Północnej, poza tym w Wielkiej Brytanii, Republice Irlandii i w wielu krajach europejskich. Chciałbym serdecznie podziękować wszystkim tym nauczycielom, wykładowcom, uczniom i studentom, którzy sprawdzili i wypróbowali prototyp.

Dziękuję sponsorom z Unilever jak również European Initiative for Biotechnology Education (EIBE), bez których pomocy finansowej model ten nie mógłby być produkowany.

Gdybyście mieli propozycje do niniejszego przewodnika, zwróćcie się do autora. Jego adres znajdziecie u góry na tej stronie. Numer telefonu i adres poczty elektronicznej:

telefon:	(w kraju)	01232245133 wew. 3919 lub 01232335123
	(w komunikacji z zagranicy):	+441232245133 wew. 3919 lub +441232335123
fax:	(w kraju):	01232331845
	(z zagranicy):	+441232331845
email:		w.garvin@qub.ac.uk

WSTĘP - dla nauczycieli

Słowo DNA spotykamy w mediach praktycznie codziennie. Ale czyż nie jest rzeczą niezwykłą dla substancji chemicznej o nazwie wyrażonej tylko skrótami, że jest ona na ustach wszystkich? Dlaczego zainteresowanie tą substancją jest tak duże? Czym jest DNA, na czym polega jego rola i dlaczego jest tak ważny?

Wszelkiego rodzaju życie, od prostej bakterii do roślin, zwierząt i ludzi opiera się na DNA.

Jedynie niektóre wirusy posługują się cząsteczką RNA, ale o tym później.

Czysta ciekawość doprowadziła amerykańskiego biologa Jamesa Watsona i angielskiego fizyka Francis Cricka, obydwaj pracujący w laboratorium Cavendish Uniwersytetu Cambridge, do tego, aby połączyć swe wysiłki dla wyjaśnienia struktury DNA i tym samym uzyskać informacje jak on funkcjonuje.

Nie prowadzili oni żadnych prac eksperymentalnych, lecz próbowali z wyników badań innych naukowców wydobyć tyle informacji o DNA, ile to możliwe. Gdy pozbiali wszystkie informacje stojące do dyspozycji, zaczęli sporządzać model DNA, aby pokazać wyraźniej jak zdobyte informacje dają się pogodzić ze strukturą. Na koniec udało im się wywnioskować taką strukturę, która pasowała do wszystkich zebranych danych i opublikowali ich model DNA w 1953 roku w *Nature*, bardzo poważnym czasopiśmie naukowym.

W 1962 roku przyznano im nagrodę Nobla, razem z Mauricem Wilkinsem, który odpowiedzialny był za decydujące analizy rentgenograficzne struktury.

DNA jest cząsteczką życia, jest ona źródłem informacji wszystkich żyjących istot. Dlatego musi ona być w stanie:

- magazynować informacje genetyczne i
- sama sporządzać swoje kopie, aby móc te informacje przekazywać zarówno przy podziałach komórki jak również z generacji na generację.

W wyniku rosnącej wiedzy w dziedzinie biologii molekularnej i genetyki w ostatnich latach stała się możliwa praca z DNA i pokrewnym mu RNA oraz wykorzystanie ich do naszych własnych celów. Ten proces znany jest jako inżynieria genetyczna i podstawa nowych biotechnologii. Inżynieria genetyczna zmienia wiele aspektów naszego życia i bez wątpienia w przyszłości będzie miała jeszcze większy wpływ. Ostatecznie badania już dzisiaj dają wyraźne punkty oparcia dla jej możliwych zastosowań.

Niniejszy zestaw do budowy modelu opracowany został po to, aby pomóc przy uczeniu się i zrozumieniu struktury DNA (i RNA). **Bez jakiegokolwiek wiedzy** uczeń konstruuje względnie prosty model DNA postępując krok po kroku według poleceń następujących jeden po drugim, przy czym na koniec odsłania się budowa i funkcja kwasu. Ponieważ części puzzla są ukształtowane i zabarwione w całkiem określony sposób, w proces uczenia się włączany jest zarówno zmysł wzroku jak i dotyku.

Na podstawie faktu, że większość programów nauczania i kursów nauki przyrody obejmuje najróżniejsze stopnie trudności poznawania struktury DNA, niniejszy model został pomyślany jako zestaw konstrukcyjny „dwa w jednym”.

Model dla początkujących ma nadruk dużymi literami (pierwsze litery nazwy cząsteczki) na jednej stronie części puzzla i nadaje się zwłaszcza dla stopnia gminajalnego I, ale również może być stosowany w starszych klasach szkoły podstawowej i w kursach nauczania nie ukierunkowanych przyrodniczo.

Model dla zaawansowanych nadrukowany jest na drugiej stronie części puzzla i pokazuje szczegóły struktury cząsteczki. Dlatego zestaw może być stosowany również w klasach maturalnych i w kursach wprowadzających w uniwersytetach i szkołach wyższych. Obydwa modele mogą być używane nawet jeden po drugim, aby w ten sposób wprowadzić uczniów z poziomu podstawowego do rozszerzonego stanu wiedzy - patrz ostatnia strona.

Niniejszy model DNA pomyślany jest jako pomoc naukowa, która może być zastosowana w Waszych kursach w wieloraki sposób, tak jak uznacie to za właściwe. Polecenia instruktażowe możecie dostosować do danych uczniów lub całkowicie zmienić tak jak chcecie. Zestaw nadaje się również do rozszerzenia na inne obszary genetyki. To całkowicie zależy od Waszej własnej kreatywności. Możliwymi samorzutnymi pomysłami byłyby takie tematy jak mutacja, enzymy restrykcyjne, hybrydyzacja, sondy, PCR itp. Jestem pewien, że istnieje jeszcze mnóstwo dalszych możliwości. Wkrótce osiągalny będzie dalej idący model biosyntezy białek.

ZAWARTOŚĆ ZESTAWU

Zestaw składa się ze 180 części puzzla, które uporządkowane są w 15 przegródkach opatrzonych odpowiednimi literami. Każda z tych przegródek zawiera 12 części - dlatego można je bardzo łatwo kontrolować, czy na końcu zabawy zwrócone zostały wszystkie elementy konstrukcyjne.

Detale uporządkowane są w sposób następujący:

litera	G	C	A	T	U
nazwa	guanina	cytozyna	adenina	tymina	uracyl
kolor	zielony	złoty	czerwony	jasnoniebieski	ciemnoniebieski
ilość	12	12	12	12	12
litera	D	D	P	P	R
nazwa	dezoksyryboza	dezoksyryboza	fosforan	fosforan	ryboza
ilość	12	12	12	12	12
litera	D	D	P	P	R
nazwa	szary	szary	zółty	zółty	czarny
ilość	12	12	12	12	12

Zatem całkowita ilość części puzzla wynosi:

dezoksyryboza $4 \times 12 = 48$

fosforan $4 \times 12 = 48$

ryboza $2 \times 12 = 24$

guanina 12

adenina 12

uracyl 12

cytozyna 12

tymina 12

Zestaw nadaje się do stosowania w klasie liczącej 24 uczniów. Jeśli długość modelu DNA ma mieć 6 par zasad, to można klasę podzielić na 4 grupy po 6 uczniów. Alternatywnie można również utworzyć 6 grup po 4 uczniów, tak że model zawierał będzie 4 pary zasad. Mniejsze grupy i/lub cząsteczki dłuższe są możliwe, pod warunkiem sięgnięcia po dalsze zestawy konstrukcyjne.

Pojedyncze elementy zestawu zostały zaopatrzone w nadruki po obu stronach. Na jednej stronie znajdują się litery (model dla początkujących), na drugiej wzory strukturalne (model dla zaawansowanych). W danym przypadku można pracować tylko z użyciem jednej strony. W razie zgubienia poszczególnych elementów lub ich uszkodzenia można je zamówić w NCBE. Cena zależy od ilości żądanych części.

Adres, numery telefonu, faxu i email:

National Centre for Biotechnology Education
The University of Reading
PO Box 228, Whiteknights
READING, RG 6 AJ
England

tel: (+44) 011 89 873 743
fax: (+44) 011 89 750 140
email: c.shearer@reading.ac.uk.
Patrz również strona [www](http://www.reading.ac.uk/NCBE):
<http://www.reading.ac.uk/NCBE>

Przewodnik zawiera polecenia z odpowiednimi pytaniami dla uczniów, informacje drugoplanowe i odpowiedzi dla nauczycieli, jak również odpowiadające im foliogramy. To wszystko zarówno dla początkujących jak i dla zaawansowanych. Instrukcje dla modelu dla początkujących i zaawansowanych łatwo można rozróżnić po tym, że u góry na każdej stronie znajduje się symbol, który pozwala poznać, czy ten model nadaje się dla początkujących czy dla zaawansowanych.

SPIS TREŚCI

	strona
WSTĘP	3
1. STRUKTURA DNA	
1.1. Model dla początkujących	
1.1.1. Polecenia dla uczniów	6
1.1.2. Informacje dla nauczycieli	7
1.1.3. Foliogram	8
1.2. Model dla zaawansowanych	
1.2.1. Polecenia dla uczniów	9
1.2.2. Informacje dla nauczycieli	11
1.2.3. Foliogram (2x)	13
2. REPLIKACJA DNA	
2.1. Model dla początkujących	
2.1.1. Polecenia dla uczniów	15
2.1.2. Informacje dla nauczycieli	16
2.1.3. Foliogram	17
2.2. Model dla zaawansowanych	
2.2.1. Polecenia dla uczniów	18
2.2.2. Informacje dla nauczycieli	19
2.2.3. Foliogram	20
3. TRANSKRYPCJA	
3.1. Model dla początkujących	
3.1.1. Polecenia dla uczniów	21
3.1.2. Informacje dla nauczycieli	22
3.1.3. Foliogram	23
3.2. Model dla zaawansowanych	
3.2.1. Polecenia dla uczniów	24
3.2.2. Informacje dla nauczycieli	25
3.2.3. Foliogram	26

1. BUDOWA DNA

1. Model dla początkujących



1. Polecenia

Prześledź dokładnie polecenia i odpowiedz na wszystkie pytania.

Rozłóż na swoim miejscu pracy wszystkie wydane Ci elementy konstrukcyjne, stroną zaopatrzoną w litery do góry. Każda część reprezentuje cząsteczkę.

F1 Sporządź zestawienie różnych pojedynczych elementów (cząsteczek).

Połącz elementy (cząsteczki) o tych samych literach (i tym samym kolorze) w grupy. Policz, ile jest części jednego rodzaju.

F2 Zanotuj daną ilość elementów konstrukcyjnych jednego rodzaju. Czy są typy elementów, które pod względem ilości są zgodne z innymi?

Obejrzyj dokładnie te elementy i znajdź części do siebie pasujące.

F3 Zanotuj, które elementy pasują do siebie.

Teraz połącz wszystkie elementy konstrukcyjne (cząsteczki) w bardzo dużą cząsteczkę (makrocząsteczkę). To co masz teraz przed sobą przedstawia mały odcinek kwasu dezoksyrybonukleinowego (w skrócie DNA).

F4 Wykonaj prosty rysunek Twojej cząsteczki DNA. Czy przy składaniu cząsteczki rzuciło Ci się w oczy coś niezwykłego? Opisz.

Porównaj Twoją cząsteczkę DNA z modelami innych uczniów.

F5 Pod jakim względem Twoja cząsteczka DNA jest taka sama jak modele innych uczniów? Pod jakim względem różni się od nich?

Gdy starannie obejrzyysz Twoją cząsteczkę DNA to stwierdzisz, że zbudowana jest z powtarzających się jednostek, z których każda składa się z trzech części.

F6 Co to są te trzy części (cząsteczki), z których zbudowana jest jedna z powtarzających się jednostek, zwana nukleotydem?

Model, który skonstruowałeś jest o wiele większy niż rzeczywista cząsteczka DNA. W rzeczywistości cząsteczka DNA ma średnicę ok. 2 nanometry (1 mm = 1 mln nanometrów).

F7 Ile razy większy jest Twój model w porównaniu z rzeczywistą cząsteczką DNA?

Jeżeli chciałbyś, to mógłbyś połączyć Twoją cząsteczkę DNA z cząsteczkami wykonanymi przez inne grupy, aby w ten sposób zbudować możliwie długą cząsteczkę. Ile par zasad zawiera ona? W rzeczywistości DNA nie jest płaski, lecz zwinięty jak spirala. Tę strukturę DNA nazywa się podwójną helisą. Obejrzyj rysunki lub modele, które przedstawiają tę trójwymiarową strukturę.

1. BUDOWA DNA

1. Model dla początkujących



2. Informacje dla nauczycieli

Ilość i rodzaj części składanki, które Pan/Pani wydajecie, zależą od wielkości klasy, liczby zestawów którymi dysponujecie jak również od ilości i wielkości grup uczniów, które chcecie utworzyć. Jeżeli Wasza klasa składa się np. z 24 uczniów i macie jeden zestaw, to możecie utworzyć 4 grupy po 6 uczniów lub 6 grup po 4 uczniów. Liczba elementów konstrukcyjnych na grupę wynosi wówczas:

4 grupy po 6 uczniów		6 grup po 4 uczniów	
2 grupy otrzymałyby wówczas	2 grupy otrzymałyby wówczas	3 grupy otrzymałyby wówczas	3 grupy otrzymałyby wówczas
D - 12	D - 12	D - 8	D - 8
P - 12	P - 12	P - 8	P - 8
A - 4	A - 2	A - 3	A - 1
T - 4	T - 2	T - 3	T - 1
G - 2	G - 4	G - 1	G - 3
C - 2	C - 4	C - 1	C - 3

Uwaga! Niezależnie od liczby i wielkości grup obowiązuje:

Liczba D-sów = liczba P-sów; liczba A-sów = liczba T-sów

liczba G-sów = liczba C-sów; liczba D-sów (lub P-sów) = liczba A-sów + T-sów + G-sów + C-sów

Ale: liczba A-sów i T-sów nie powinna odpowiadać liczbie G-sów i C-sów.

Jeżeli macie mniejszą klasę lub dysponujecie większą ilością zestawów to oczywiście możecie utworzyć mniejsze grupy.

F1 D, P, A, T, G i C.

F2 Ta odpowiedź zależy od tego, ile części wydano (patrz wyżej)

F3 D i P (lub P i D); A, T, G i C wiążą się z D; A z T (lub T z A); G z C (lub C z G).

F4 Istnieje tylko jedna możliwość prawidłowego dopasowania części. Przy tym połowa liter jest odwrócona. Sprawdźcie, czy uczniowie tak połączyli części, że cząsteczka wygląda jak drabina: D-sy i P-sy tworzą “belki wzdłużne” a A-sy, T-sy; G-sy i C-sy “szczeble”.

A tworzy parę tylko z T, G tylko z C.

Nazywa się to “regułą specyficznego tworzenia par zasad”. Cząsteczka dzieli się na dwie “połowy” lub łańcuchy, które biegą w przeciwnych kierunkach (przeciwniebieżne). Tutaj patrz również foliogram na następnej stronie.

F5 Wszystkie cząsteczki DNA stworzone przez Waszych uczniów pod względem ich ogólnej struktury zasadniczo są podobne. Jednakże dokładniejsze oględziny pokazują, że kolejność lub “sekwencja” zasad A, T, G i C są różne. Istnieje wiele możliwych wariacji tych sekwencji zasad. Informacja zgromadzona w DNA jest zakodowana sekwencją zasad. Trzy następujące po sobie zasady tworzą tak zwany kodon trypletowy.

F6 Nukleotyd (podstawowa jednostka cząsteczki DNA) składa się z D, P i jednej z zasad A, T, G lub C.

F7 To pytanie możecie pominąć, jeżeli uważacie je za zbyt trudne. Średnica modelu wynosi około 220 mm. Jeżeli 1 mm = 1 mln nanometrów, wówczas 220 mm = 220 mln nanometrów. Faktyczna cząsteczka ma średnicę 2 nanometry, a więc musimy pomnożyć 2 nanometry przez 110 milionów, aby otrzymać 220 mln nanometrów. Zatem model jest 110 milionów razy większy!

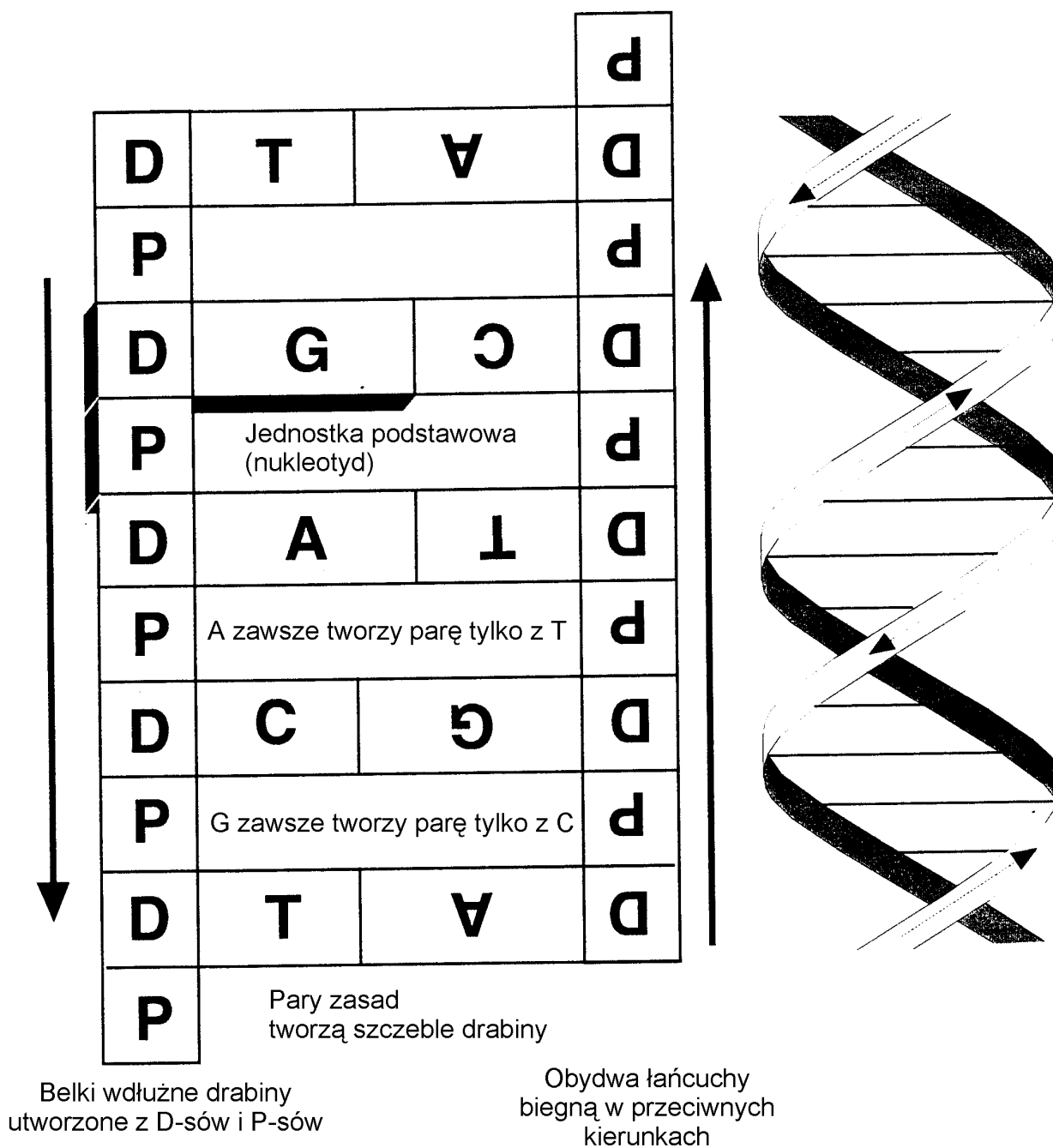
W publikacji **Mircobes and Molecules**, wydanej przez European Initiative for Biotechnology Education w pierwszym rozdziale na stronach 6 i 7 znajdziecie prosty papierowy model podwójnej helisy. Poprzez następującą stronę World Web możecie sobie skopiować ten model: <http://www.reading.ac.uk/NCBE> (Patrz również foliogram na następnej stronie).

1. BUDOWA DNA

1. Model dla początkujących



3. Foliogram



“drabina” DNA

“Podwójna helisa” DNA

1. BUDOWA DNA

2. Model dla zaawansowanych



1. Polecenia

Położcie wszystkie rozdane elementy konstrukcyjne na stole w taki sposób, aby wzory strukturalne (a nie duże litery) zwrócone były do góry.

F1 Sporządź listę z nazwami różnych rodzajów cząsteczek

Ułóż podobne cząsteczki w grupy. Zanotuj ilość części przypadających na jeden rodzaj cząsteczek.

F2 Czy potrafisz znaleźć zależność między liczbami cząstek każdego rodzaju?

Erwin Chargaff był pierwszym, który przy pomocy chromatografii bibułowej szczegółowo zbadał DNA, aby w ten sposób ustalić stosunek ilościowy czterech zasad. Niektóre z jego danych, które opublikowane zostały we wczesnych latach pięćdziesiątych, zestawione są w poniższej tabeli. Pokazuje ona ilości molowe zasad azotowych kwasu DNA, wyrażone w molach na 100 g atomów fosforu, z którymi są one związane.

Źródło	Puryna		Pirymidyna	
	adenina	guanina	cytozyna	tymina
człowiek	30,4	19,6	19,9	30,1
wół	29,0	21,2	21,2	28,7
sperma łososia	29,7	20,8	20,4	29,1
kiełki pszenicy	28,1	21,8	22,7	27,4
E. coli	26,0	24,9	25,2	23,9
wątroba barania	29,3	20,7	20,8	29,2

Prześledź wyniki badań Chargaffsa.

F3 Czy znajdziesz związek między ilościami molowymi różnych zasad?

F4 Oblicz stosunek molowej ilości adeniny do molowej ilości tyminy dla różnych gatunków.

Ile wynosi ten stosunek i jaki z tego da się wysnuć wniosek?

F5 Oblicz stosunek molowej ilości guaniny do cytozyny. Czy ujawnia się podobny stosunek jak dla adeniny i tyminy? Jakie wnioski możesz z tego wyciągnąć?

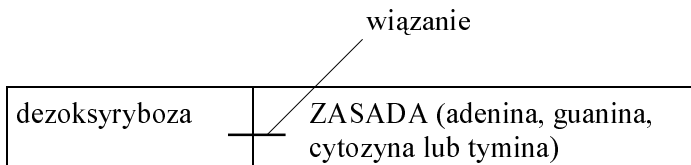
F6 Czy stosunek, który znalazłeś w pytaniu 2 odpowiada stosunkom obliczonym w pytaniach 4 i 5?

DNA zbudowany jest z powtarzających się jednostek. Chcielibyśmy teraz dokładniej omówić te jednostki. Wpierw wytwarza się wiązanie między zasadą azotową a cząsteczką cukru: dezoksyrybozą. Powstałą z tego jednostkę nazywa się NUKLEOZYDEM, wiązanie nazywa się wiązaniem β -N-glikozydowym.

Z będących do dyspozycji elementów skonstruuj tyle nukleozydów ile to możliwe.

Uwaga: Wprawdzie opuszczono atomy węgla, jednak są one ponumerowane.

Nukleozyd



F7 Między którymi ponumerowanymi atomami dezoksyrybozy i zasady tworzy się następujące wiązanie?

- a) z zasadami purynowymi
- b) z zasadami pirymidynowymi?

Oprócz tego tworzy się również wiązanie między dezoksyrybozą (cukrem) a cząsteczką fosforanu. To wiązanie nazywa się wiązaniem kowalencyjnym fosfodwuestrowym i tworzy NUKLEOTYD.

Nukleotyd	
dezoksy- ryboza	ZASADA (adenina, guanina, cytozyna lub tymina)
fosforan	wiązanie

- Z rozdanych elementów skonstruuuj tyle nukleotydów, ile to możliwe, dołączając fosforany do nukleozydów.

F8 Między którymi atomami tworzy się wiązanie fosfodwuestrowe?

Nukleotyd jest podstawowym elementem kwasu DNA. Połącz ze sobą dwa nukleotydy tworząc dalsze wiązanie fosfodwuestrowe.

F9 Między którymi atomami utworzone zostały te nowe wiązania? Teraz dołącz dwa dalsze nukleotydy, ale tym razem nie korzystaj z wiązań fosfodwuestrowych.

F10 Między którymi atomami utworzone zostały te nowe wiązania? Nazywa się je słabymi mostkami wodorowymi. Spróbuj je opisać możliwie dokładnie.

Dołączaj dalsze nukleotydy, aż wszystkie zostaną umieszczone. Korzystaj z wszystkich wiązań, które zostały opisane wyżej. Gdy skończysz, zbudowałeś bardzo krótki odcinek DNA.

F11 Opisz krótko Twoją cząsteczkę DNA.

F12 Notuj wszystkie niezwykle i szczególne rzeczy, które rzuciły Ci się w oczy.

Porównaj Twoją cząsteczkę DNA z modelami innych uczniów.

F13 Pod jakim względem są one podobne? Jak dalece twoja cząsteczka różni się od tamtych modeli?

Ten model, w porównaniu do rzeczywistej cząsteczki DNA jest oczywiście bardzo mocno powiększony. W rzeczywistości cząsteczka DNA jest szeroka na około 2 nanometry (1 mm = 1 milion nm).

F14 Ile razy większy jest Twój model w porównaniu z faktyczną cząsteczką DNA?

Model został tak sporządzony, że możesz z nim pracować na płaskim stole. W rzeczywistości DNA jest strukturą trójwymiarową, którą nazywa się PODWÓJNĄ HELISĄ. Obejrzyj przedstawienie graficzne trójwymiarowej struktury lub skonstruuuj prosty model z papieru, aby ją przedstawić naocznie.

Struktura DNA po raz pierwszy opisana została w 1953 roku w czasopiśmie Nature, przez Jamesa Watsona, biologa amerykańskiego i Francis Cricka, angielskiego fizyka.

1. BUDOWA DNA

2. Model dla zaawansowanych



2. Informacje dla nauczycieli

Ilość i rodzaj rozdanych przez Panią/Pana elementów konstrukcyjnych zależą od wielu różnych czynników. I tak np. od liczebności klasy, ilości zestawów pozostających do dyspozycji, ilości grup uczniowskich itp. Przyjmując, że macie klasę o 24 uczniach i jeden zestaw, wówczas moglibyście podzielić klasę na 4 grupy po 6 uczniów. Każda grupa miałaby wówczas model DNA z 6 parami zasad. Alternatywnie moglibyście również podzielić klasę na 6 grup po 4 uczniów, wówczas każda grupa miałaby model z 4 parami zasad. Ilość elementów konstrukcyjnych na grupę wyniesie wówczas:

Cząsteczka	4 grupy po 6 uczniów		6 grup po 4 uczniów	
	2 grupy otrzymałyby wówczas	2 grupy otrzymałyby wówczas	3 grupy otrzymałyby wówczas	3 grupy otrzymałyby wówczas
dezoksyryboza	12	12	8	8
fosforan	12	12	8	8
adenina	4	2	3	1
tymina	4	2	3	1
guanina	2	4	1	3
cytozyna	2	4	1	3

Uwaga! niezależnie od tego na jak duże grupy zdecydowaliście się **zawsze** obowiązuje:

Ilość D-sów = ilość P-sów

ilość A-sów = ilość T-sów

ilość G-sów = ilość C-sów

ilość D-sów (lub P-sów) = ilość A-sów + T-sów + G-sów + C-sów

Ale: ilość A-sów i T-sów nie powinna odpowiadać ilości G-sów i C-sów.

Jeżeli macie mniej liczebną klasę lub dysponujecie większą ilością zestawów to oczywiście możecie również utworzyć mniejsze grupy.

F1 Dezoksyryboza, fosforan, adenina, tymina, guanina i cytozyna.

F2 Odpowiedź na to pytanie zależy od tego, ile elementów konstrukcyjnych wydaliście (patrz wyżej).

F3 Ilości molowe adeniny i tyminy są mniej więcej takie same, tak samo jak ilości molowe guaniny i cytozyny. Natomiast inne porównania dają bardzo różne stosunki ilości.

F4 Stosunek adeniny do tyminy (lub T/A) wynosi w przybliżeniu 1. To skłania do wniosku, że adenina i tymina tworzą parę.

F5 Stosunek G/C (lub C/G) również wynosi w przybliżeniu 1. Guanina zatem tworzy parę z cytozyną.

F6 Tak - liczba i molowe ilości określonych rodzajów cząsteczek są równe.

F7 (a) między C1' dezoksyrybozy a N9 zasady purynowej (adenina lub guanina).

(b) między C1' dezoksyrybozy a N1 zasady pirymidynowej (tymina lub cytozyna).

F8 Między atomem C3' dezokserybozy a atomem tlenu fosforanu.

F9 Między atomem C5' dezokserybozy a atomem tlenu fosforanu.

Atomy węgla cukru: dezokserybozy (i rybozy) będą zaopatrywane w kreskę (np. 3'), aby móc je odróżnić od atomów, które tworzą pierścień zasad azotowych. Żaden ze wzorów strukturalnych cząsteczek nie pokazuje atomów węgla, gdyż byłoby to zbyt skomplikowane. Jeżeli brakuje symbolu atomu, który mimo to jest oznaczony numerem, i od którego wychodzą dokładnie 4 wiązania, to chodzi tu o atom węgla.

F10 Wiązania między zasadami są słabymi wiązaniami wodorowymi nazywanymi często mostkami wodorowymi - na modelu przedstawione linią kropkową. Między adeniną a tyminą tworzą się dwa mostki wodorowe (N1-H i H-0), między guaniną a cytozyną trzy (H-0, H-N i O-H). Mogą one zostać łatwiej rozerwane niż wiązanie glikozydowe i wiązanie fosfodwuestrowe - na modelu mogą one łatwo wyslizgiwać się z siebie. Są one zawsze mniej więcej tej samej długości, tak że pojedyncze elementy konstrukcyjne dokładnie do siebie pasują - patrz foliogram na następnej stronie.

F11 Model DNA wygląda jak drabina, której belki wzdłużne utworzone są przez cukry - dezokserybozy i fosforany. Zasady tworzą szczeble drabiny.

F12 Adenina może tworzyć mostki wodorowe tylko z tyminą, guanina tylko z cytozyną. Określa się ten fenomen jako specyficzne **parowanie zasad**, a zasady tworzące pary jako zasady **komplementarne**. Model jako całość składa się z dwóch połówek zwanych "łańcuchami". Przebiegają one w przeciwnych kierunkach, co określa się fachowym terminem jako "przeciwrownoległe" lub "dwukierunkowe".

Ponieważ uczniowie jedną połowę cząsteczki muszą całkowicie świadomie "postawić na głowie", aby dopasować do siebie zespoły konstrukcyjne modelu, gwarantuje się, że ta ważna właściwość obydwu łańcuchów pozostanie im w pamięci. W tym miejscu zwróćmy uwagę na to, że ten ciekawy sposób przedstawiania cząsteczki DNA spotyka się bardzo rzadko, jeżeli wogóle można go znaleźć na ilustracjach.

F13 Podstawowa struktura drabiny powinna być wszędzie podobna. Różnice będą jednakże występować w sekwencji, kolejności zasad, przez co istnieje możliwość prawie nieograniczonej zmienności DNA.

Uczniowie o zdolnościach matematycznych mogliby dokonać ciekawego obliczenia prawdopodobieństwa, ile różnych sekwencji zasad możliwych jest w cząsteczce, przyjmując 6 par zasad (4 pary A-T i 2 pary G-C). Nie wolno przy tym zapominać, że abstrahując od faktycznej sekwencji, pary zasad mogą być również dokładnie odwrotnie umieszczone. Długość cząsteczki DNA jest wyrażona jej ilością par zasad (w skrócie bp), na przykład długość 120 bp. Ponieważ liczba par zasad sięga od około 5000 bp przy najprostszym znanym wirusie, do mniej więcej 3 miliardów w 23 chromosomach człowieka, więc liczba możliwych kombinacji jest niemal astronomiczna. Dlatego kwas DNA jest idealnym objaśnieniem nadzwyczajnej różnorodności życia. Trwało to 7 lat, zanim w 1996 roku ustalono pełną sekwencję DNA drożdży piekarniczych. DNA drożdży zawiera 12,071 milionów par zasad i tworzy ok. 6000 genów.

F14 110 milionów razy większy. Zmierzona średnica helisy modelu wynosi około 220 mm. Ponieważ 1 mm = 1 milion nanometrów, to 220 mm = 220 milionów nm. Faktyczna cząsteczka DNA ma średnicę ok. 2 nm, a więc musimy tę wartość pomnożyć przez 110 milionów, aby otrzymać 220 milionów nm.

A więc model jest 110 milionów razy większy.

Odnosnie przestrzennej struktury kwasu DNA, to nie jest ona niezbędna dla zrozumienia podstawowej budowy DNA jak również zrozumienia związku między budową a funkcją. Mimo to uczniowie powinni wiedzieć, że chodzi tu o podwójną helisę. Większość podręczników pokazuje tę budowę w ten lub inny sposób - patrz foliogram na następnej stronie. Moglibyście również pokazać model trójwymiarowy lub wspólnie z uczniami zbudować własny, prosty przestrzenny model DNA. Dobry wzorzec do tego znajdziecie w pierwszym rozdziale książki "Microbes and Molecules", wydanej przez European Initiative for Biotechnology Education, strona 6 i 7. Może sobie również model ten skopiować poprzez następującą stronę World Wide Web: <http://www.eibe.rdg.ac.uk:8001/>

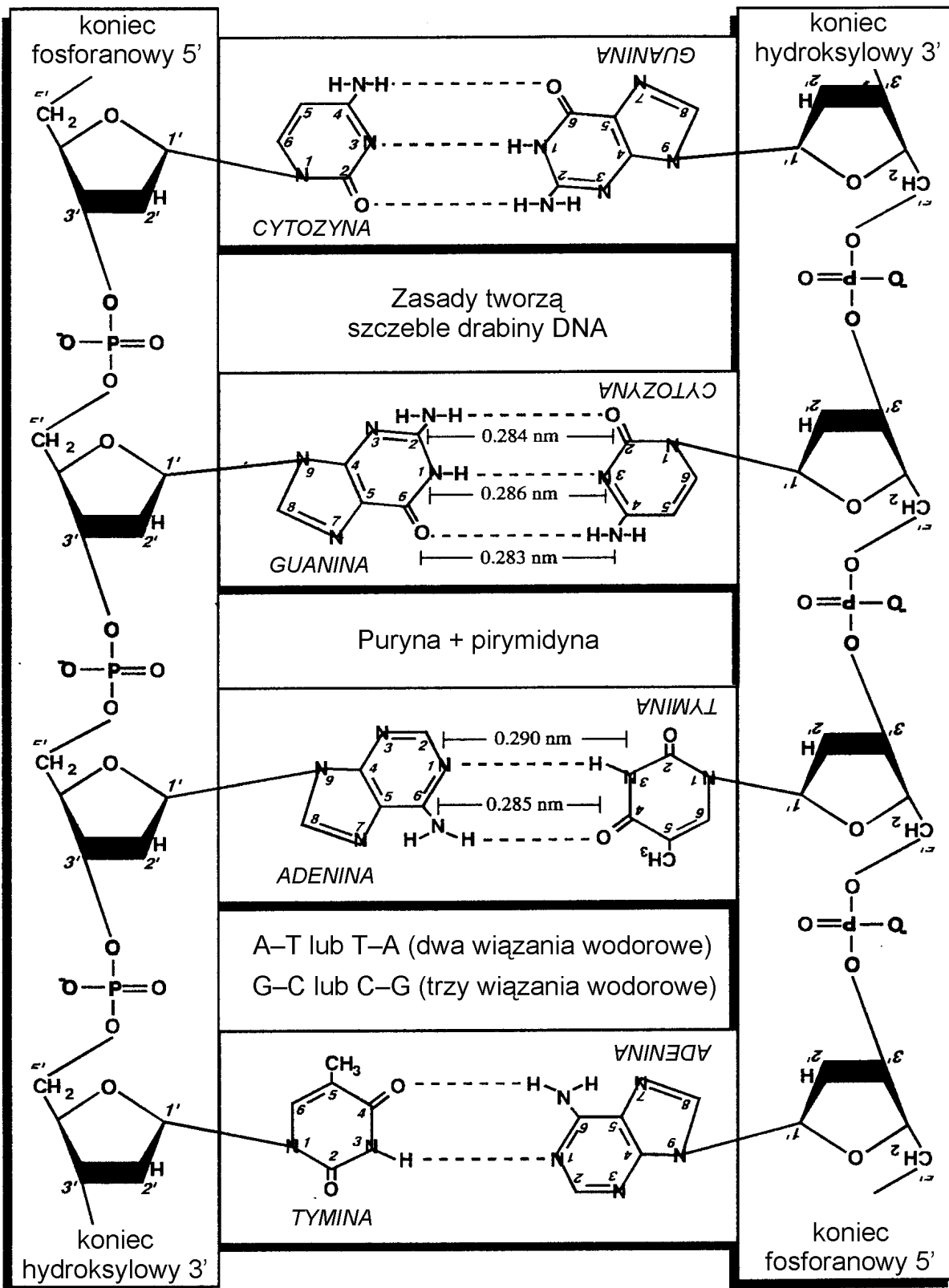
1. BUDOWA DNA

2. Model dla zaawansowanych



3. foliogram 1

Belki wzdłużne drabiny są łańcuchami z dezoksyrybozy i reszt kwasu fosforowego, które biegną w przeciwnych kierunkach



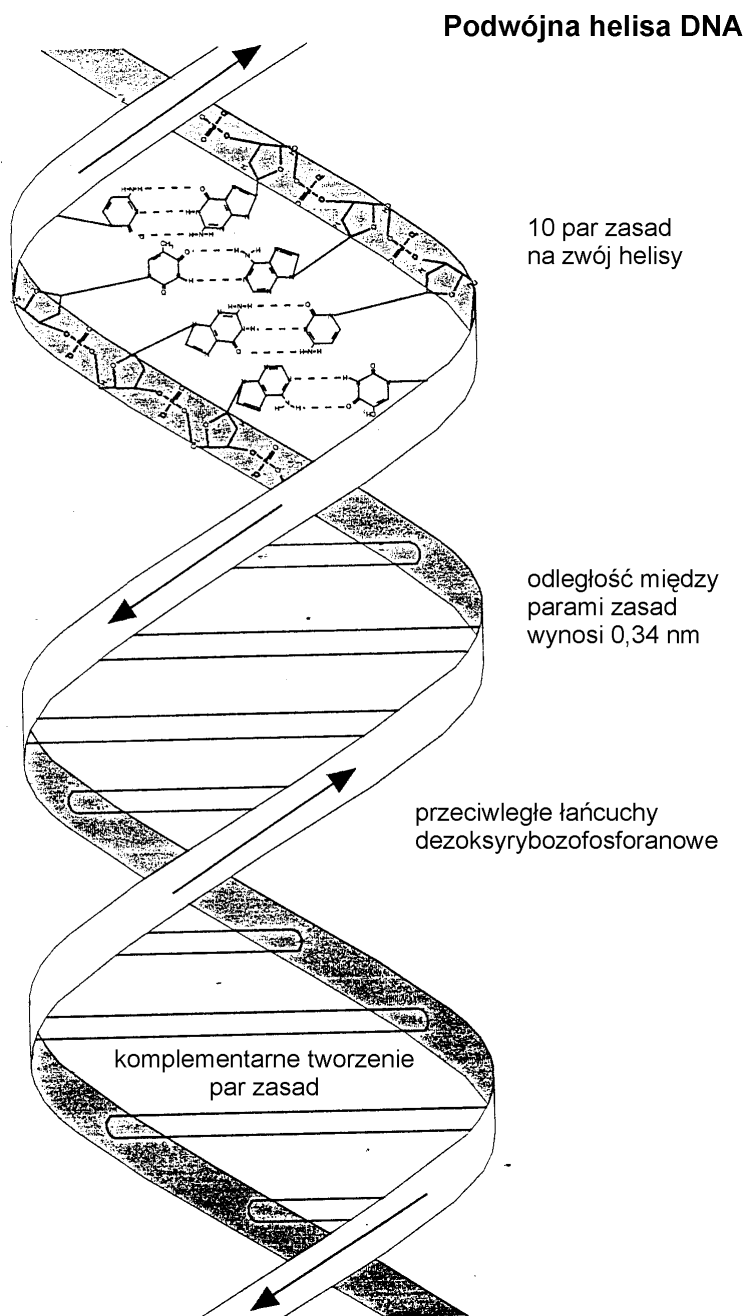
Belki wzdłużne drabiny są łańcuchami z dezoksyrybozy i reszt kwasu fosforowego, które biegną w przeciwnych kierunkach

1. BUDOWA DNA

2. Model dla zaawansowanych



3. foliogram 2



2. REPLIKACJA DNA

1. Model dla początkujących



1. Polecenia

Postępuj dokładnie według poleceń i odpowiedz na **wszystkie** pytania.

Połącz wszystkie wydane wam elementy modelu na stół, zwrócone dużymi literami do góry. Połącz wszystkie części w cząsteczkę DNA.

F1 Sporządź prosty rysunek Twojej cząsteczki i upewnij się, że kolejność zasad odzwierciedla się w szczeblach “drabiny”. Oznacza Twój rysunek jako “DNA rodzicielskie”.

Rozłącz obydwie nitki DNA rodzicielskiego ostrożnie wyciągając zasady z ich par, aż cząsteczka DNA zostanie rozłożona na dwie pojedyncze nici. Rozłączanie par zasad przez wyciąganie możesz sobie wyobrazić jako otwieranie zamka błyskawicznego. Teraz weź drugi komplet elementów konstrukcyjnych modelu, który został Wam wydany. Upewnij się, czy duże litery zawsze zwrócone są do góry i połącz razem te nukleotydy, które w danym przypadku obejmują trzy elementy.

Teraz wbuduj te nukleotydy w obydwa pojedyncze łańcuchy DNA w taki sposób by pasowały. Postępuj w ten sposób tak długo, aż umieszczone zostaną wszystkie nukleotydy, a tym samym wszystkie części.

Teraz powinieneś mieć dwie dwuniciowe cząsteczki DNA. Te cząsteczki będziemy nazywać “cząsteczkami potomnymi DNA”.

F2 Obejrzyj dokładnie obydwie cząsteczki potomne DNA. Co rzuca Ci się w oczy?

F3 Porównaj DNA potomne z rysunkiem DNA rodzicielskiego, który wykonałeś. Co stwierdzasz?

F4 Zapisz, jak cząsteczki DNA same sporządzają swoje dokładne kopie.

Ta właściwość DNA jest nadzwyczaj ważna, gdyż DNA podczas podziału komórki musi być dalej przekazywany z komórek “rodzicielskich” do komórek “potomnych”. W związku z tym DNA musi być w stanie wykonać swoje własne kopie.

To dokładne powielanie DNA nazywa się replikacją. DNA musi być tak samo dokładnie przekazany dalej z jednej generacji do następnej.

Zdolność DNA do powielania się wykorzystywana jest dzisiaj przez naukowców do różnych celów. W medycynie sądowej mogą być wykorzystywane skrajnie małe ilości DNA, jakie występują np. w niewielkich śladach krwi na miejscu przestępstwa. Pobrane DNA wielokrotnie podwaja się, w celu uzyskania ilości wystarczającej do analizy.

Wszystko, czego przy tym potrzeba, pomijając oryginalny DNA, to źródło nukleotydów, specjalny enzym i kilka innych określonych warunków i już DNA zaczyna się powielać w naczyniu reakcyjnym. Ten proces nazywany jest reakcją łańcuchową polimerazy (ang. Polymerase Chain Reaction, w skrócie PCR). A więc jeżeli do celów badawczych lub innej pracy naukowej potrzebuje się większej ilości określonego DNA, wówczas bez problemu można go zsintetyzować w ciągu niewielu godzin.

2. REPLIKACJA DNA

1. Model dla początkujących



2. Informacje dla nauczycieli

Każda grupa uczniów potrzebuje dwóch zestawów elementów konstrukcyjnych modelu. Dlatego albo trzeba zmniejszyć o połowę ilość grup, albo alternatywnie użyć większej liczby zestawów. Pierwszy zestaw dokładnie odpowiada zestawowi, który zastosowany został do polecenia 1.1.1. Dlatego, jeżeli chcielibyście, możecie po prostu kontynuować pracę z użyciem tego zestawu (patrz ostatnia strona).

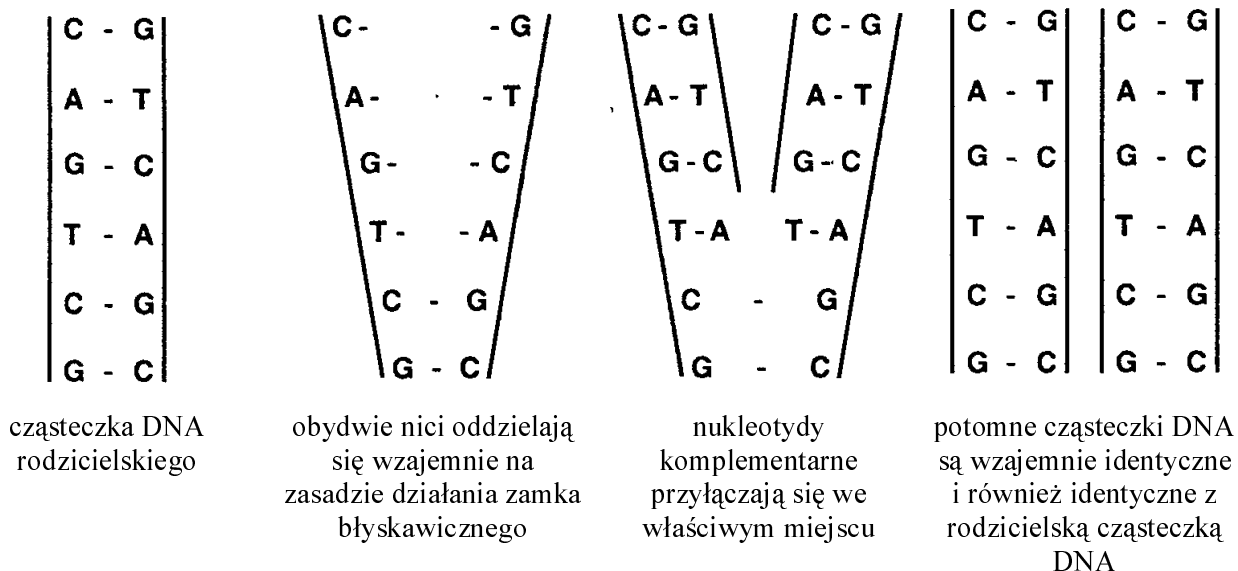
F1 Prosty rysunek, to jest wszystko, czego tutaj oczekuje się (patrz przykład u dołu).

Drugi zestaw, który wydany został wszystkim grupom, powinien być identyczny z pierwszym.

F2 Są one identyczne.

F3 Wszystkie one są dokładnie takie same. Sekwencja zasad została powielona wiernie z oryginałem na podstawie specyficznej reguły tworzenia par zasad (A-T lub T-A i G-C lub C-G).

Poniższy, prosty rysunek powinien to uwidocznić jeszcze raz:



Ten rodzaj powielania nazywa się replikacją semikonserwatywną, gdyż każda nić cząsteczki służy jako matryca lub wzorec dla obydwu nowych nici.

Meselson i Stahl w 1958 roku zaplanowali klasyczny eksperyment, aby przekonać się, czy replikacja faktycznie tak przebiega. Pozwolili oni na tak długotrwałe rozmnażanie się bakterii *E. coli* w medium, które zawierało ciężki izotop azotu N^{15} , aż wszystkie naturalne azoty DNA, a więc N^{14} , zastąpione zostały przez ciężki izotop. Następnie przeprowadzili bakterie do medium zawierającego azot N^{14} i z każdej generacji pobierali próbki, z których izolowali DNA i określali jego gęstość.

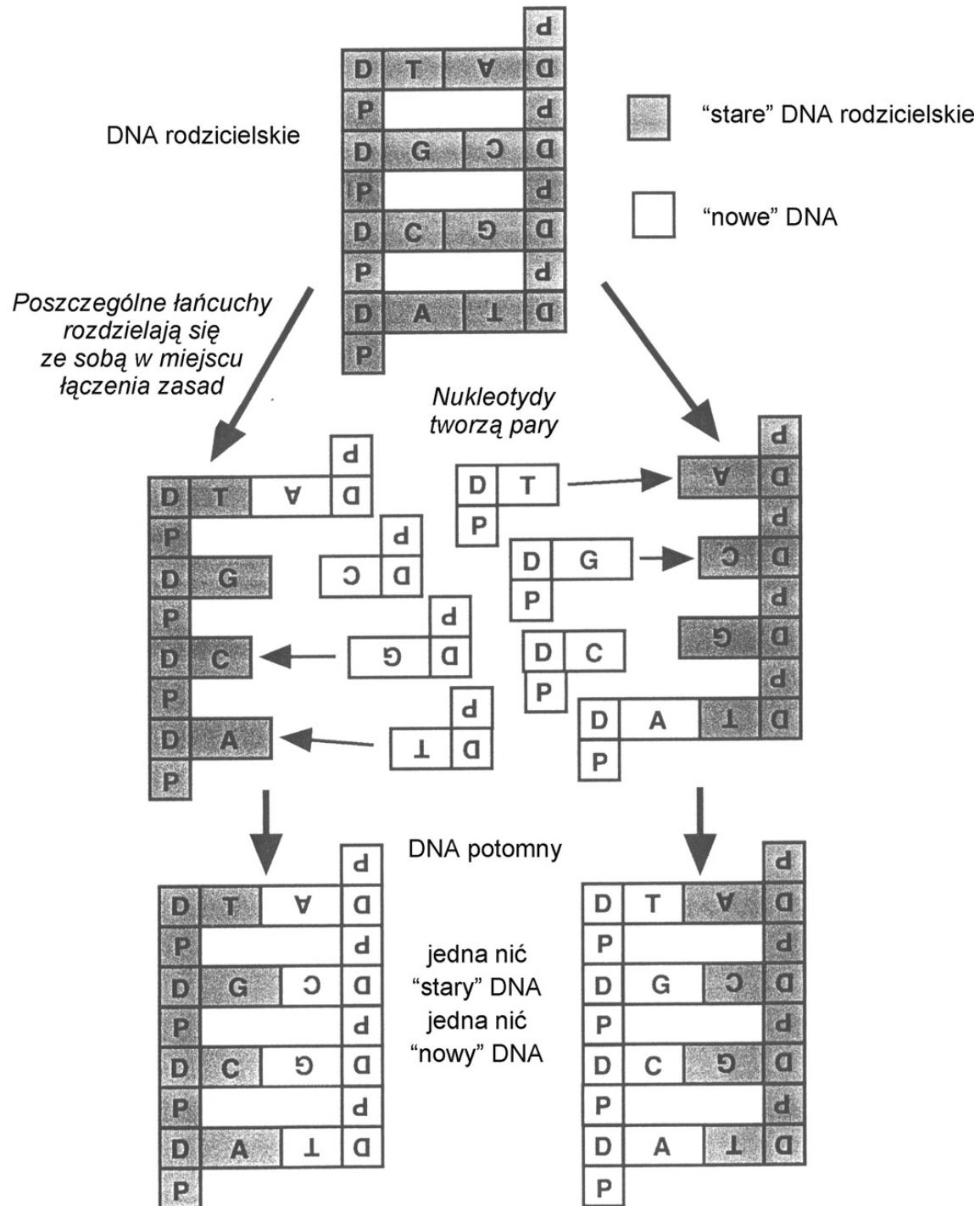
Wykryli oni, że gęstość DNA pierwszej generacji leży dokładnie między gęstością ciężkiego DNA rodzicielskiego a gęstością lekkiego "normalnego" DNA. Każde pokolenie zawierało coraz więcej lekkiego DNA - był to oczywisty dowód na to, że replikacja przebiega semikonserwatywnie i że model Watsona i Cricka był prawidłowy. DNA może być powielany również sztucznie - jest to proces, który po raz pierwszy opisany został przez Kary Mullisa i znany jest jako PCR (Polymerase Chain Reaction). Ten proces może być łatwo przeprowadzony przy pomocy specjalnych urządzeń. Jest on stosowany zawsze wtedy, gdy dysponuje się tylko bardzo niewielką ilością DNA, aby z niej zsyntetyzować do celów analitycznych dostateczną ilość danego DNA.

2. REPLIKACJA DNA

1. Model dla początkujących



3. Foliogram



2. REPLIKACJA DNA

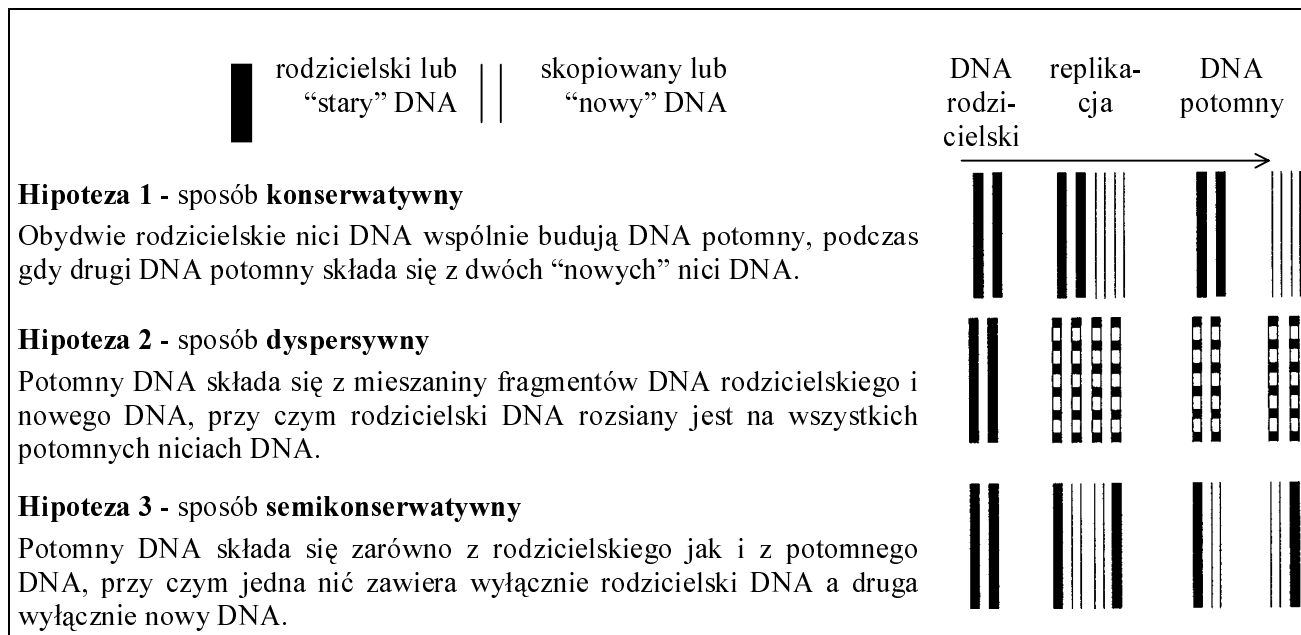
2. Model dla zaawansowanych



1. Polecenia

Drugi wymóg wobec DNA polega na tym, że powinien on sam sporządzać swoje kopie, aby móc przekazywać informacje genetyczne podczas podziału komórki.

Sporządzanie dokładnych kopii nazywa się replikacją. Teoretycznie mogłoby to przebiegać na jeden z poniższych sposobów:



Położ na stole wydane elementy konstrukcyjne modelu w taki sposób, aby zwrócone były do góry tylko wzorami strukturalnymi cząsteczki. Z tych elementów skonstruuuj krótki odcinek dwuniciowego DNA.

F1 Wykonaj prosty rysunek tej cząsteczki, w którym szczególnie wyróżnisz sekwencję zasad. Podpisz swój rysunek jako “DNA rodzicielski”.

Teraz rozdziel wzajemnie obydwie nici DNA, krok po kroku rozdzielając zasady, które one zawierają, w miejscach słabych mostków wodorowych. Możesz sobie to wyobrazić jako otwieranie zamka błyskawicznego. Kontynuuj pracę, aż będziesz miał dwie pojedyncze nici DNA. Uporządkuj drugi zestaw elementów modelu w taki sposób, aby były one zwrócone do góry wzorami strukturalnymi cząsteczek i następnie łącz je w nukleotydy. Teraz składaj nukleotydy tak, aby nowe przebiegały w kierunku 5' - 3' atomów węgla dezoksyrybozy. Składaj dalej, aż umieszczone zostaną wszystkie nukleotydy, a tym samym wszystkie części.

F2 Co otrzymałeś?

Tę cząsteczkę będziemy nazywać cząsteczką “potomną” DNA

F3 Starannie zbadaj DNA potomny. Co rzuca Ci się w oczy?

F4 Porównaj budowę cząsteczki potomnej DNA z Twoim rysunkiem rodzicielskiego DNA. Co stwierdzasz?

F5 Z czego składają się obydwie nici cząsteczki potomnej?

F6 Która z trzech wyżej opisanych hipotez jest prawdziwa?

2. REPLIKACJA DNA

2. Model dla zaawansowanych



2. Informacje dla nauczycieli

Watson i Crick w oryginalnym artykule w *Nature* (171 : 737; 1953) bardzo dobrze zdawali sobie sprawę z konieczności samoreplikacji DNA, kiedy sugerowali pisząc: “nie uszło naszej uwadze to, że specyficzne parowanie zasad DNA, które postulujemy, natychmiast sugeruje możliwy mechanizm kopiowania materiału genetycznego”.

Dla następnej operacji każda grupa potrzebuje dwóch identycznych zestawów, przy czym każdy zestaw musi zawierać pasujące części po to, aby skonstruować krótką, dwuniciową cząsteczkę DNA. Jeżeli macie czas, to wychodząc bezpośrednio z polecenia 1.2.1. (patrz ostatnia strona) możecie kontynuować lekcję i dalej stosować zbudowany tam kwas DNA.

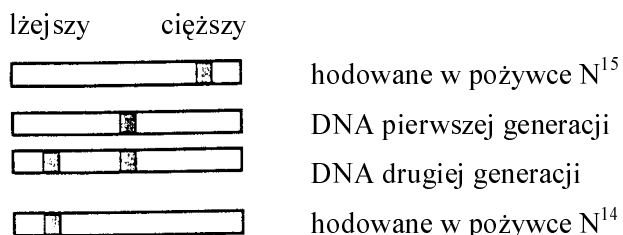
- F1** Rysunek “rodzicielskiego” DNA powinien być bardzo prosty i powinien koncentrować się na sekwencji zasad. W miejsce zasad powinno się jedynie stosować litery A, T, G i C.
- F2** Uczniowie powinni otrzymać dwuniciową “potomną” cząsteczkę DNA.
- F3** Obydwie cząsteczki potomne DNA są identyczne.
- F4** Każda potomna cząsteczka DNA jest identyczna z rodzicielską cząsteczką. A więc została powielona wiernie z oryginałem.
- F5** Zawiera ona jedną nić (matrycę) “rodzicielskiego” DNA i jedną nowoutworzoną nić.
- F6** Hipoteza 3 - replikacja semikonserwatywna (patrz foliogram na następnej stronie).

Ten rodzaj replikacji potwierdzony został w 1958 roku przez zaplanowany eksperyment Matthewa Meselona i Franklina Stahla w “California Institute of Technology”. Pozwolili oni na wzrost bakterii *E. coli* przez wiele generacji, w pożywce, która zawierała cały azot w postaci izotopu N^{15} (ciężki azot). Z czasem naturalna postać azotu (N^{14}) zastąpiona została przez ciężki izotop, tak że nowo zsyntetyzowany DNA miał większy ciężar cząsteczkowy i wyższą gęstość niż pierwotny DNA. Bakterie, które zawierały ciężki DNA, przeniesiono następnie do pożywki, która zawierała naturalny azot (N^{14}), tak że każdy nowy DNA mógł powstać w drodze replikacji tylko przy pomocy naturalnego azotu. Pozwolono na wzrost bakterii tak długo, aż DNA został jeden raz powielony, co dało się stwierdzić na podstawie podwojenia ilości komórek. DNA został wyekstrahowany i odwirowany w roztworze chlorku cezu, w wirówce o bardzo dużych obrotach.

Podczas ultrawierwienia roztwór chlorku cezu tworzy gradient gęstości tak, że cząsteczki zawarte w roztworze (np. DNA) tworzą pasemka w miejscu odpowiadającym ich gęstości pozornej. Gęstość DNA tej pierwszej generacji leżała dokładnie między gęstością ciężkiego rodzicielskiego DNA a gęstością normalnego, lekkiego DNA - dokładnie tak, jak należałoby tego oczekiwać, jeżeli każda cząsteczka zawierałaby starą (ciężką) nić i nową (lekką) nić, jak to również postulowali Watson i Crick.

Następnie pozwolono na powstanie dalszych generacji w czynniku zawierającym N^{14} i odwirowano DNA ponownie w ultrawirówce. Otrzymane z tego wyniki przedstawione są poniżej:

Podsumowanie eksperymentu Meselona i Stahla



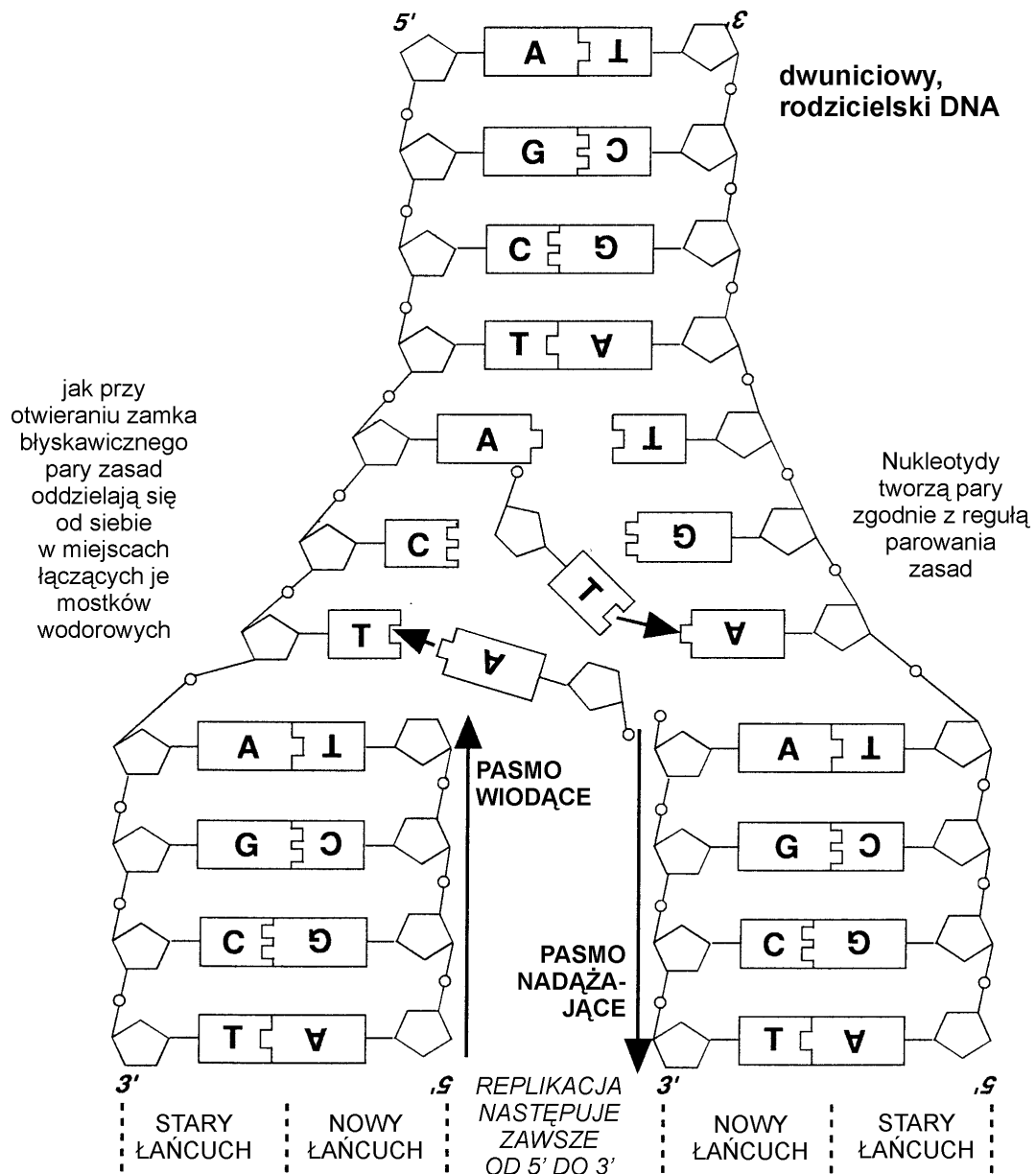
Te wyniki potwierdzają semikonserwatywny sposób replikacji.

2. REPLIKACJA DNA

2. Model dla zaawansowanych



3. Foliogram



DWUNICIOWY POTOMNY DNA
(identyczne wobec siebie i wobec rodzicielskiego DNA)

3. TRANSKRYPCJA DNA

1. Model dla początkujących



1. Polecenia dla uczniów

Postępuj dokładnie wg poleceń i odpowiedz na wszystkie pytania. Z wydanych Wam części skonstruuj jednoniciową cząsteczkę DNA (nie dwuniciową jak uprzednio). Duże litery powinny być zwrócone do góry.

F1 Z ilu zasad składa się cząsteczka DNA?

Zostaw twój jednołańcuchowy DNA w stanie złożonym, weź wydane ci elementy konstrukcyjne RNA (kwas rybonukleinowy, ang. **R**ibose **N**ucleic **A**cid) i powrótnaj je z elementami konstrukcyjnymi DNA.

F2 Jakie wspólne elementy i jakie różnice między elementami konstrukcyjnymi RNA i DNA możesz stwierdzić?

Sporządź wykaz, w którym przeciwstawisz sobie wspólne cechy i różnice.

Połącz wszystkie wydane ci elementy RNA w nukleotydy. Teraz zmontuj te nukleotydy RNA z pasmem DNA, które już skonstruowałeś. Nie powinny ci teraz pozostawać w nadmiarze żadne elementy. Pasma DNA pełni funkcję wzorca albo **matrycy**, przy pomocy których przepisana zostanie sekwencja zasad DNA na sekwencję zasad RNA.

Ten proces nazywa się **transkrypcją**.

F3 Zanotuj komplementarne pary zasad DNA i RNA

Twoja dwułańcuchowa cząsteczka powinna teraz składać się z jednego pasma RNA i DNA. Rozłącz pasma RNA i DNA rozdzielając zasady w miejscu, gdzie są one ze sobą połączone. Możesz to sobie wyobrazić jako otwieranie zamka błyskawicznego.

Oddzielony RNA nazywa się **informacyjnym (matrycowym) RNA**, w skrócie **mRNA** (z angielskiego **m**essenger **R**NA), ponieważ transportuje on informację genetyczną, która zakodowana jest w kolejności zasad, z jądra komórkowego do cytoplazmy komórki.

F4 Sporządź prosty rysunek twojego łańcucha mRNA

RNA informacyjny migruje z jądra komórki, przy czym niesie ze sobą informację genetyczną zakodowaną w kolejności jego zasad. Informacja ta ostatecznie przekłada się na długą serię **kodonów trypletowych** (sekwencja trzech leżących obok siebie zasad). Odbywa się to przy pomocy innej postaci RNA, **RNA transportującego** lub w skrócie tRNA. Przy tym wielokrotnym kopiowaniu (DNA wpierw na mRNA, następnie na tRNA) zachowana zostaje pierwotna kolejność zasad DNA - abstrahując od niewielkiej różnicy.

F5 Na czym polega ta różnica?

Jądro komórki zawiera dostatecznie dużo DNA, aby kodował on wszystkie białka danej komórki. Wszystkie syntetyzowane białka są więc ustalone przez pierwotną sekwencję zasad kwasu DNA. Kolejność zasad (w trójkowych grupach) poprzez tRNA z góry narzuca komórce, które białka ma ona produkować.

3. TRANSKRYPCJA DNA

1. Model dla początkujących



2. Informacja dla nauczycieli

Wydajcie dostateczną ilość elementów DNA każdej grupie uczniów, aby mogli skonstruować jednołańcuchową cząsteczkę DNA o długości ok. 6 zasad, a więc o połowę więcej elementów niż zwykle. Pomyślcie o tym, że możecie zastosować DNA skonstruowany w uprzednim etapie pracy (patrz ostatnia strona).

Gdy uczniowie skonstruują łańcuch DNA, wydajcie drugą część elementów konstrukcyjnych. Ten zestaw RNA powinien być komplementarny do zestawu DNA, z tą różnicą, że musi być zastosowane **R (biała litera na czerwonym tle) zamiast D i U (biała litera na ciemnoniebieskim tle) zamiast T**.

F2

	DNA	RNA
Wspólne elementy	P	P
	A	A
	G	G
	C	C
Różnice	D	R
	T	U

F3 Zależy to od tego, które zasady wydaliście.

Możecie również zakończyć na pytaniu 4, jeżeli uważacie, że następny etap pracy jest zbyt trudny. Następny rozdział informuje uczniów jedynie o znaczeniu kodu genetycznego jak również o tym, jak jest on wykorzystywany.

F5 W odniesieniu do zasad to U zastępuje T. Naturalnie R zastępuje również D. Prosimy zwrócić uwagę na to, że elementy konstrukcyjne RNA, w odróżnieniu do elementów DNA, mają nadruk białymi literami.

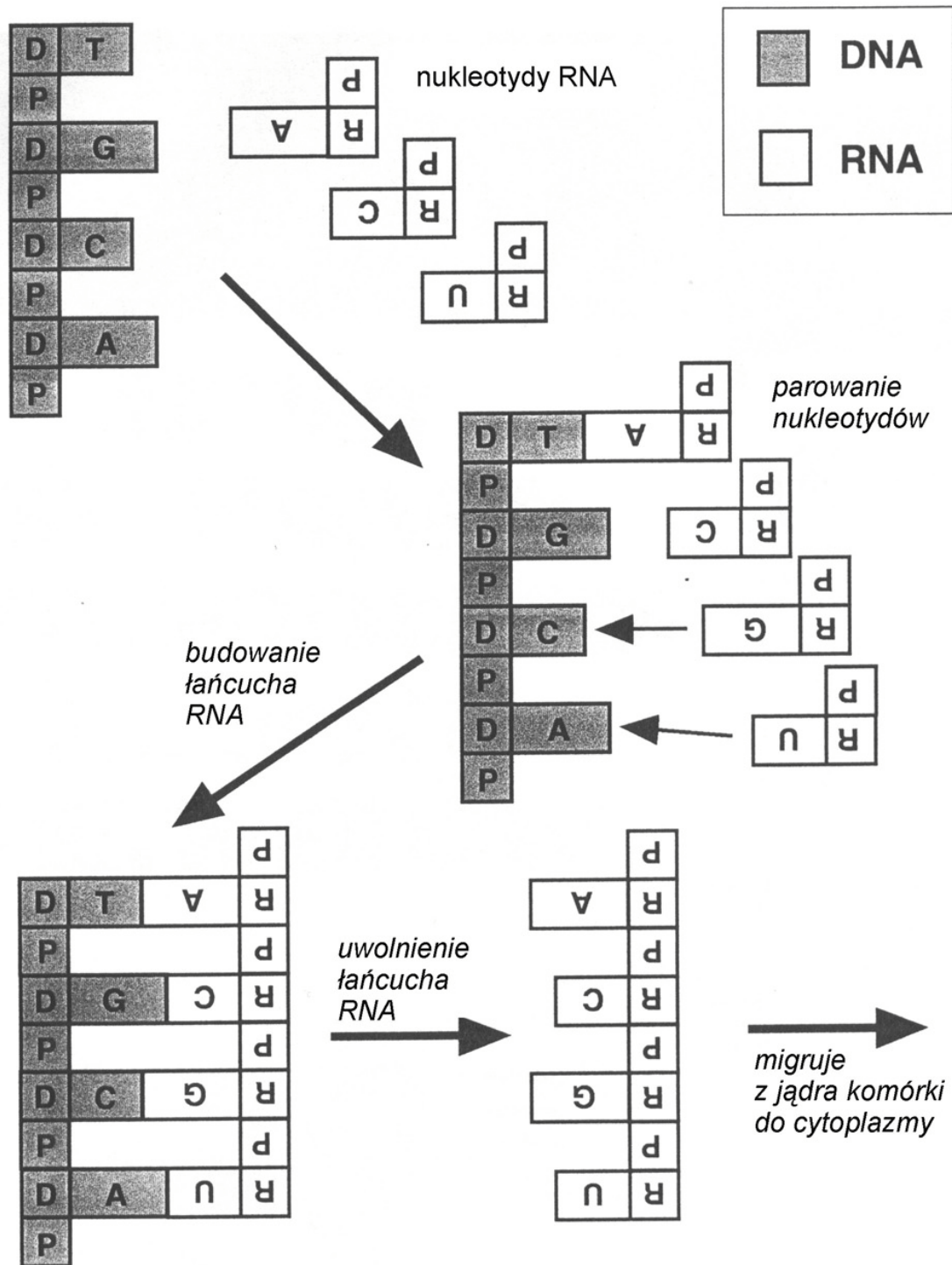
3. TRANSKRYPCJA DNA

1. Model dla początkujących



3. Foliogram

ŁAŃCUCH DNA



3. TRANSKRYPCJA DNA

2. Model dla zaawansowanych



1. Polecenia

Dowiedzieliśmy się teraz, że informacja genetyczna zakodowana jest przez sekwencję zasad kwasu DNA, i że ta sekwencja może być replikowana zgodnie z oryginałem. Ale w jaki sposób informacja genetyczna jest wykorzystywana? Komórki i organizmy różnią się zasadniczo swoimi białkami, a te znowu są wynikiem mnogości reakcji, które odbywają się w cytoplazmie komórki. Ta mnogość reakcji jest kontrolowana przez enzymy, które są białkami. Dlatego nasuwa się wniosek aby przyjąć, że informacja DNA koduje instrukcje, przy pomocy których mogą być syntetyzowane określone białka. Dlatego informacja genetyczna zawarta w DNA musi przedostawać się z jądra komórki do cytoplazmy.

Rozłóż wydane części na stole tak, aby zwrócone były do góry wzorami strukturalnymi.

Skonstruuj z tych części łańcuch DNA. Gdy skończysz, odłóż go na bok nie rozkładając go na części.

Teraz weź drugi zestaw z wydanych elementów konstrukcyjnych i również połóż na stół w taki sposób, aby zwrócony był do góry wzorami strukturalnymi.

F1 Obejrzyj dokładnie nowe elementy konstrukcyjne. Zanotuj wszystkie wspólne cechy i różnice między elementami konstrukcyjnymi DNA i nowymi częściami, które możesz znaleźć. Zwróć uwagę na podobieństwa i różnice w ich budowie chemicznej.

Złóż nowe elementy w nukleotydy. Następnie dołącz te nukleotydy do łańcucha DNA, który uprzednio skonstruowałeś. Łańcuch DNA służy jako matryca, tak że można utworzyć specyficzny łańcuch z nowych elementów konstrukcyjnych. Ten nowy łańcuch nazywa się kwasem rybonukleinowym (w skrócie RNA).

F2 Jak myślisz, dlaczego ten łańcuch nosi nazwę kwasu rybonukleinowego?

Proces, w którym łańcuch DNA przekłada się w łańcuch RNA nazywa się **transkrypcją**.

Oddziel łańcuch RNA od łańcucha DNA, otwierając jak zamek błyskawiczny mostki wodorowe przytrzymujące pary zasad. Pojedynczy łańcuch RNA nazywany jest **RNA informacyjnym**, w skrócie mRNA (z angielskiego messenger RNA), ponieważ może on wędrować do cytoplazmy przez pory w błonie otaczającej jądro. Przenosi on przy tym przepisaną sekwencję zasad i zakodowaną w niej informację.

Ponieważ informacja ta istnieje w postaci liniowej sekwencji zasad i ponieważ białka składają się z liniowego ułożenia aminokwasów, domyślano się związku między sekwencją zasad DNA a sekwencją aminokwasów białek. Odkryto, że określona sekwencja trzech zasad, nazwana **kodonom trypletowym**, koduje określony aminokwas.

Białka składają się tylko z 20 różnych aminokwasów. Ilość i rodzaj jak również zwłaszcza kolejność tych aminokwasów określają rodzaj białka. Dla 20 aminokwasów można było odszyfrować odpowiednie kodony. Dlatego długi odcinek mRNA zawiera dostateczną informację po to, by zakodować wszystkie aminokwasy białka i w ten sposób określić jego budowę.

W każdej komórce organizmu musi istnieć wystarczająca ilość mRNA, aby zakodować wszystkie białka, których ona potrzebuje. Aby to zagwarantować, konieczna jest istotna gęstość informacji.

3. TRANSKRYPCJA DNA

2. Model dla zaawansowanych



2. Informacje dla nauczycieli

Każdej grupie uczniów rozdaj dostateczną ilość elementów konstrukcyjnych DNA, tak żeby można było skonstruować jednołańcuchową cząsteczkę DNA. Jeżeli macie dosyć czasu, to uczniowie mogą wykorzystać również łańcuch DNA, który wykonali w uprzednim etapie pracy. Upewnijcie się, czy każda grupa dysponuje odpowiednią ilością pasujących elementów RNA, aby skonstruować komplementarny łańcuch.

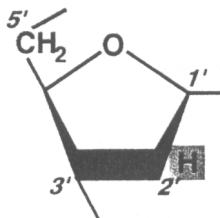
Po złożeniu przez uczniów pojedynczego łańcucha DNA rozdajcie elementy kwasu RNA.

F1 Wspólne elementy kwasu DNA i nowych elementów konstrukcyjnych:

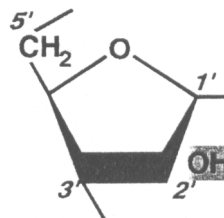
obydwa posiadają takie elementy konstrukcyjne jak fosforan, adenina, guanina i cytozyna.

Różnice: cukier kwasu DNA jest dezoksyrybozą, podczas gdy nowe części zawierają rybozę. Zwróćcie uwagę na to, że ryboza nadrukowana jest białym nadrukiem na czarnym tle. Nowe elementy konstrukcyjne zawierają zasadę uracyl w miejsce tyminy - a więc ciemnoniebieską w miejsce jasnoniebieskiej. Pismo nadruku jest również białe.

Przy dokładniejszym zapoznaniu się z rybozą i dezoksyrybozą widać, że jedyną różnicą między obydwooma cukrami jest obecność lub brak grupy - OH. Ryboza ma tę grupę przy C2', natomiast dezoksyryboza w tym miejscu ma jedynie atom H. Dlatego nosi nazwę kwasu dezoksy- (bez tlenu) rybonukleinowego

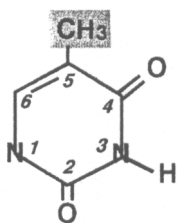


dezoksyryboza

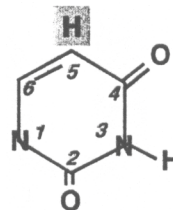


ryboza

Uracyl tym różni się od tyminy, że grupa CH₃ przy węglu C5 zastąpiona jest atomem wodoru



tymina



uracyl

F2 Ponieważ zawiera on rybozę zamiast dezoksyrybozy.

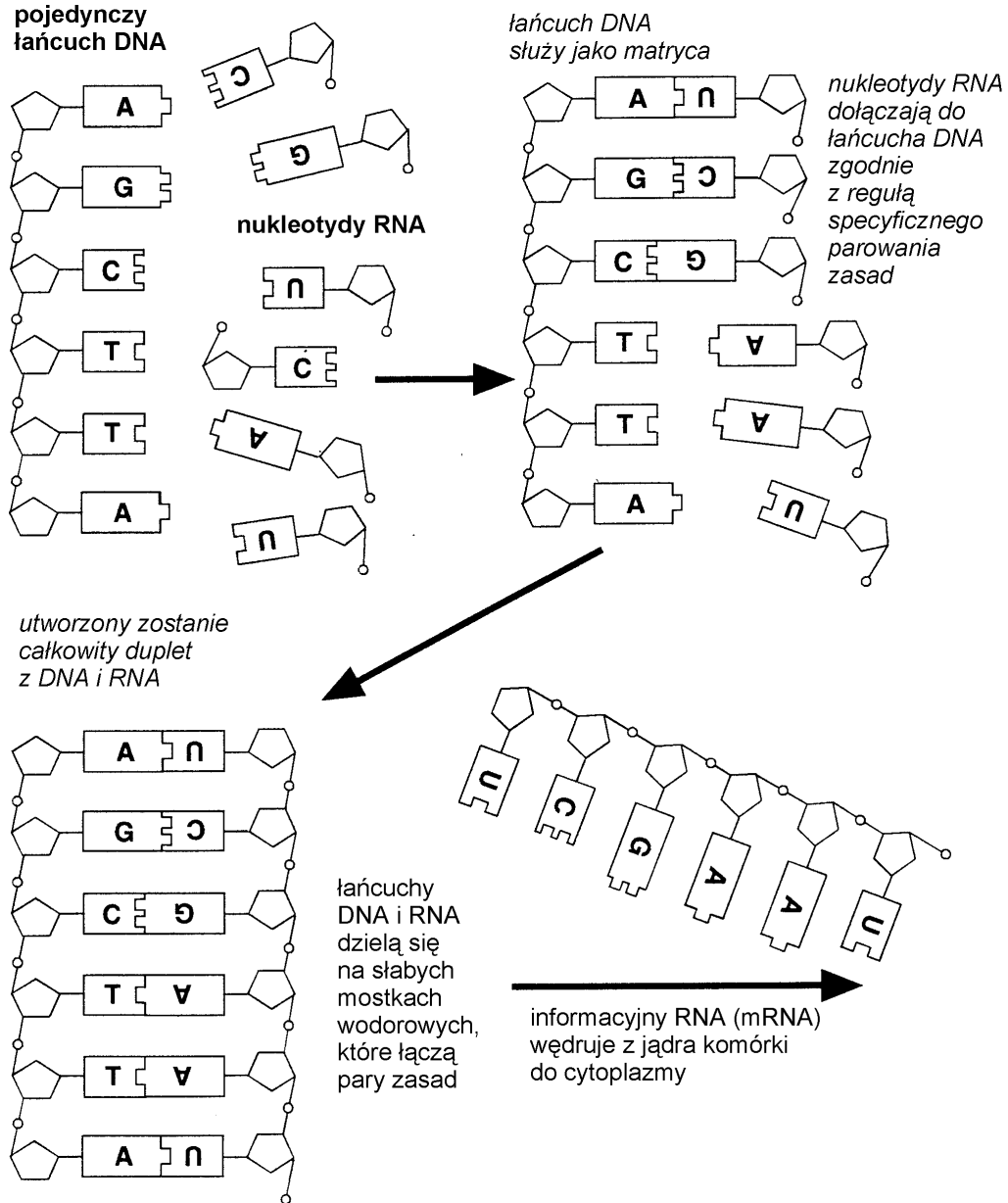
Nasz model DNA kończy się transkrypcją. Mimo to możecie kontynuować naukę i objaśnić, jak translacja kwasu mRNA prowadzi do biosyntezy białek, przy pomocy kodonów trypletowych. Taki model dla translacji i biosyntezy białek jest obecnie opracowywany.

3. TRANSKRYPCJA DNA

2. Model dla zaawansowanych



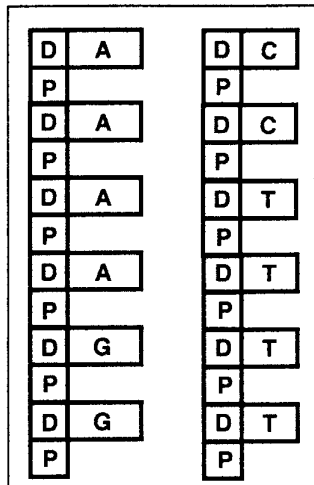
3. Foliogram



OKREŚLONA KOLEJNOŚĆ POLECEŃ DLA UCZNIÓW

Dane elementy konstrukcyjne modelu przeznaczone są dla jednej grupy. Częsteczka składa się z 6 par zasad.

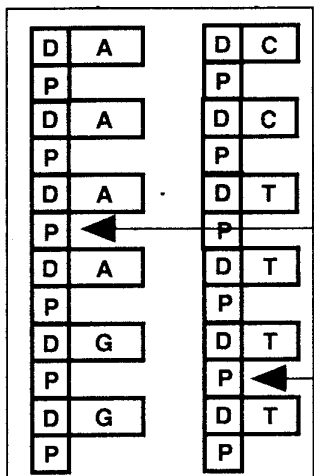
POLECENIA DLA UCZNIÓW - BUDOWA



Odpowiednia ilość elementów konstrukcyjnych, po to, by skonstruować dwułańcuchową cząsteczkę DNA o długości 6 par zasad.

Ta dwułańcuchowa cząsteczka DNA może następnie być stosowana do następnych etapów pracy.

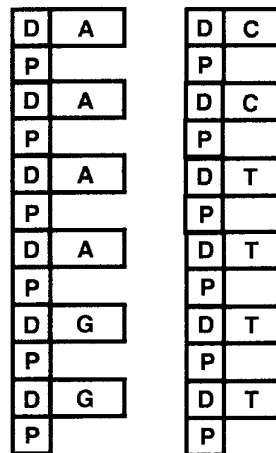
POLECENIA DLA UCZNIÓW - REPLIKACJA



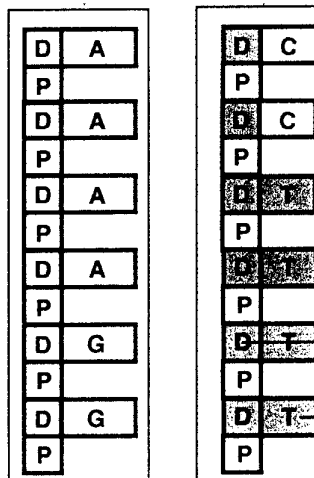
Każda grupa potrzebuje podwójnego zestawu elementów

Jeden łańcuch tego DNA może być stosowany do następnego etapu pracy

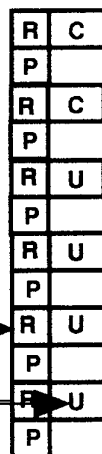
Drugi łańcuch szybko może być modyfikowany



POLECENIA DLA UCZNIÓW - TRANSKRYPCJA



Dezoksyrybozy drugiego łańcucha zastąpione są rybozami a tyminy zastąpione są uracylami



Gdy macie dostatecznie dużo czasu możecie zrealizować trzy etapy pracy na jednym odcinku łańcucha

Wilbert Garvin przez kilka lat pracował jako nauczyciel biologii. Obecnie pracuje on jako wykładowca pedagogiki (nauki biologiczne) w **Queen's University of Belfast**. Jest on dyrektorem **Northern Ireland Centre for School Biosciences** i członkiem - założycielem "European Initiative for Biotechnology Education".

W 1995 roku otrzymał on odznaczenie Unilever za swoją pracę "Teacher - Training in Biotechnology" w ramach projektu Partnership Award, który nagradza innowacje w dziedzinie nauczania w uniwersytetach.

Jest on autorem licznych książek, do których należą np. trzy tomy "Skills in Advanced Biology", wydane przez Stanley Thornes Ltd. of Cheltenham

- tom 1. Dealing with data
- tom 2 Observing, recording and interpreting
- tom 3 Investigating