



Федеральное государственное бюджетное образовательное  
учреждение высшего образования  
«Башкирский государственный аграрный университет»

Кафедра физиологии, биохимии и  
кормления животных

Б1.О.22 Биология

## МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ

к практическим занятиям

Раздел «Общая биология»

Направление 19.03.01 Биотехнология

Профиль:  
Биоинженерия живых систем

квалификация выпускника  
бакалавр

Уфа 2024

Рекомендовано к изданию методической комиссией факультета биотехнологий и ветеринарной медицины 25.01. 2024 г., протокол № 6.

Составители:

профессор кафедры физиологии,  
биохимии и кормления животных, д.б.н.

Мишуковская Г.С.

доцент кафедры физиологии,  
биохимии и кормления животных, к.б.н.

Сатаева Л.В.

Ответственный за выпуск: заведующий кафедрой  
физиологии, биохимии и кормления животных к.б.н., доцент Хабиров А.Ф.

.

г.Уфа, ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ, кафедра физиологии, биохимии и  
кормления животных

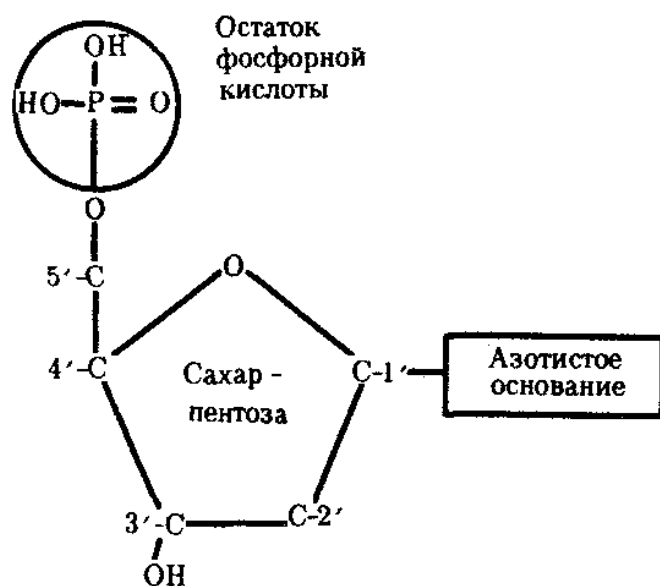
## Тема: Строение нуклеиновых кислот. Репликация ДНК

**Цель занятия.** Ознакомить студентов с особенностями строения молекул ДНК и РНК, механизмом репликации ДНК.

### Задания:

1. Дать определения, описать химический состав, функции ДНК и РНК.
2. Изучить строение и структуру ДНК.
3. Изучить механизм репликации ДНК
4. Зарисовать рисунки 1,3.

Носителями наследственной информации в клетке являются нуклеиновые кислоты. Существуют два типа нуклеиновых кислот: ДНК - дезоксирибонуклеиновая и РНК - рибонуклеиновая кислота, они отличаются химическим строением и биологическими свойствами. Нуклеиновые кислоты представляют собой нерегулярные биополимеры, мономерами которых служат нуклеотиды, состоящие из 3-х компонентов: 1) остатка молекулы фосфорной кислоты, 2) моносахарида - пентозы (рибоза или дезоксирибоза) 3) одного из азотистых оснований (пурина или пиримидина); аденин (А), гуанин (Г), цитозин (Ц), тимин (Т), урацил (У).



В состав ДНК входит моносахарид дезоксирибоза  $C_5H_{10}O_4$ , в РНК - рибоза  $C_5H_{10}O_5$  (с чем и связаны различия в наименовании нуклеиновых кислот) (рис.1)

Азотистые основания А, Г, Ц встречаются в ДНК и РНК, но тимин входит в состав только ДНК, а урацил - только в РНК.

Рисунок 1. Схема строения нуклеотида

Основные биологические функции ДНК:

- хранение наследственной информации. Порядок расположения нуклеотидных остатков в молекуле ДНК определяет последовательность аминокислот в молекуле белка. В молекуле ДНК зашифрована вся информация о признаках и свойствах организма;

- передача наследственной информации следующему поколению. Эта функция осуществляется, благодаря способности молекулы ДНК к самоудвоению – репликации.

Кроме того, ДНК обладает свойствами репарации (восстановления структуры ДНК), рекомбинации и мутации, обуславливающие наследственную изменчивость организмов.

Биологическая роль РНК связана преимущественно с синтезом белка, т.е. с реализацией наследственной информации. Именно м-РНК является посредником (матрицей) между ДНК, находящейся в ядре и строящейся белковой молекулой на полирибосоме в цитоплазме, р-РНК входит в состав рибосом, а т-РНК транспортирует аминокислоты к месту синтеза белка. По структуре различают двухцепочечные РНК, являющиеся хранителями генетической информации у вирусов растений и ряда вирусов животных, и одноцепочечные РНК. В цепочку РНК нуклеотиды соединяются путем образования связей между рибозой одного нуклеотида и остатком фосфорной кислоты другого.

Большую часть РНК составляет рибосомальная РНК - р-РНК (80%-90%), входящая в состав рибосом, расположенных в цитоплазме, она включает от 3 до 5 тысяч нуклеотидов. Молекулы информационной РНК (м – РНК) могут состоять из 300-3000 нуклеотидов, на ее долю, приходится до 5% всей РНК. Транспортные РНК (т-РНК) включают 75-95 нуклеотидов, их количество составляет 5-10 %. Если рибонуклеиновые кислоты преимущественно располагаются в цитоплазме (от 3 до 7% р-РНК содержится в ядрышке ядра), то ДНК локализована в ядре, в цитоплазме она находится в митохондриях и хлоропластах растений.

Способность ДНК к авторепродукции и способность ее быть носителем наследственной информации обусловлена особенностью ее строения (рис.1). Молекула ДНК по Д. Уотсону и Ф. Крику (1953 г.) представляет собой двойную спираль, состоящую из двух закрученных антипараллельных полинуклеотидных цепей вокруг собственной оси, соединенных водородными связями азотистых оснований. Спаривание оснований ДНК высоко специфично, адениловый нуклеотид комплементарен только тимидиловому (2-е водородные связи), а гуаниловый - цитидиловому (3-е водородные связи). Аденин и гуанин относятся к пуриновым азотистым основаниям, а тимин и цитозин к пиримидиновым, сумма пуриновых оснований  $\Sigma (A+G)$  равняется сумме пиримидиновых  $\Sigma (T+C)$ ,

$$\frac{(A+G)}{(T+C)} = 1; \quad \Sigma(A+G) = \Sigma(T+C) \quad \text{Правило Чаргаффа.}$$

Расстояние между нуклеотидами 0,34 нм, полный виток включает 10 нуклеотидов, его длина  $0,34 \text{ нм} \times 10 = 3,4 \text{ нм}$ , диаметр ДНК - 2 нм.

Остов цепи состоит из чередующихся молекул фосфата и сахара. В каждой отдельной цепи нуклеотиды соединяются между собой путем образований фосфодиэфирных связей между дезоксирибозой одного и остатком фосфорной кислоты последующего нуклеотида. Так как начало цепи всегда несет фосфатную группу в положении 5', а у третьего атома углерода С-3' имеется гидроксильная группа, это позволяет выделить в ней направление 5'-3' концы в данной цепи, в другой цепи ДНК фосфодиэфирная связь устанавливается в обратном направлении 3'→5'. Поскольку полинуклеотидные цепи антипараллельны 5' конец одной цепи соединяется с 3' концом другой, и

наоборот. Отношение  $\frac{(A+T)}{(G+C)}$  специфично для каждого вида организмов (коэффициент специфичности), у кишечной палочки он составляет 0,43; у эукариот 1,50.

В структурной организации молекулы ДНК можно выделить первичную структуру - одну полинуклеотидную цепь, вторичную - две комплементарные друг другу и антипаралельные полинуклеотидные цепи, соединенные водородными связями.

Такое состояние обеспечивает прочную и относительную стабильность ДНК, а также сохранение равного расположения между нуклеотидами на всем протяжении молекулы ДНК.

Третичная структура - трехмерная спираль ДНК. В одну молекулу ДНК может входить от  $10^6$  до  $10^8$  и более нуклеотидов, таким образом, ДНК - биополимер с очень большой молекулярной массой.

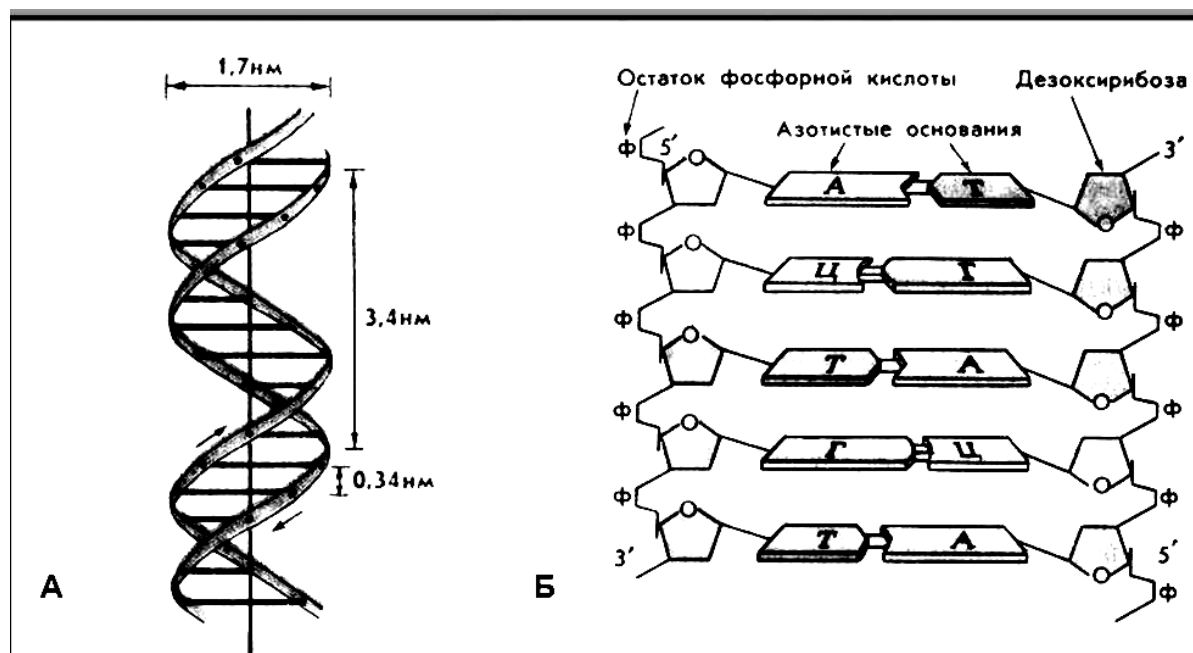


Рисунок 2. Строение молекулы ДНК: А – двухцепочечный участок ДНК, Б – образование комплементарных пар нуклеотидов

Как было отмечено выше, одним из свойств наследственного материала является его способность к самокопированию - репликации, или редупликации, что обусловлено особенностями химической организации молекулы ДНК, состоящей из двух комплементарных цепей. В этом процессе участвует множество ферментов. Фермент *топоизомераза* раскручивает двойную спираль ДНК. С помощью фермента *геликазы* двойная спираль расплетается и при участии фермента *ДНК - полимеразы* на каждой цепи материнской молекулы ДНК синтезируется комплементарная ей цепь. В итоге из одной двойной спирали ДНК образуются две идентичные двойные спирали, такой способ удвоения молекул, при котором каждая дочерняя молекула содержит одну материнскую и одну вновь синтезированную цепь, называют полуконсервативным.

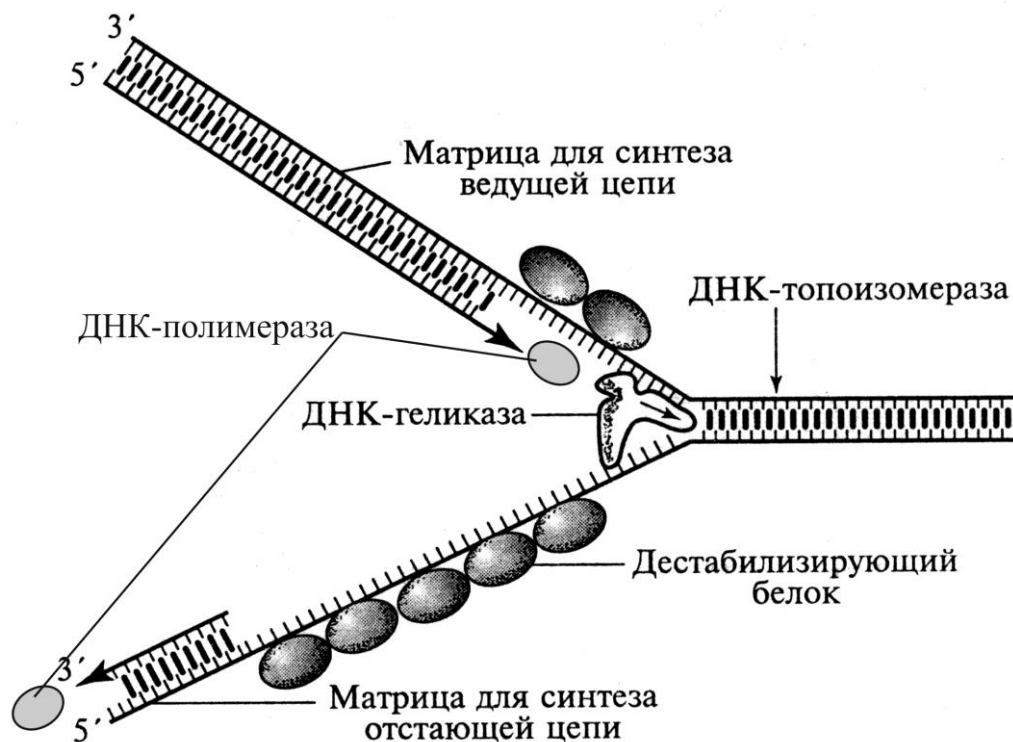


Рисунок 3. Схема репликации ДНК

В 1958 г. Ф. Крик сформулировал центральную догму молекулярной биологии, указав, что перенос информации протекает следующим образом: ДНК—РНК—белок. В 1970 г. была открыта обратная транскриптаза Х. Теминным и Д. Балтимором и догма приобрела следующий вид: ДНК—РНК—белок.

### Тема: Биосинтез белка

**Цель занятия.** Ознакомить студентов с особенностями процессов транскрипции и трансляции при синтезе белка.

#### Задания:

5. Изучить механизм транскрипции в процессе синтеза белка.
6. Изучить последовательность процессов трансляции при синтезе белка
7. Зарисовать рисунки схемы транскрипции и трансляции (рис. 4,5).

Многообразие свойств белковых молекул определяется их первичной структурой, т.е. последовательностью аминокислот. При биосинтезе белка в живых системах, в отличие от неживой природы, реализуется два ее фундаментальных принципа: 1) принцип комплементарности; 2) принцип матричности, который осуществляется при синтезе ДНК, всех видов РНК, при делении клеток, при биосинтезе белка.

Биосинтез белка делится на два этапа: транскрипцию и трансляцию.

**Транскрипция** - переписывание информации путем синтеза на одной из цепей молекулы ДНК молекулы м-РНК, последовательность нуклеотидов которой точно соответствует (комплементарна) последовательности нуклеотидов матрицы - полипептидной цепи ДНК. Стартовой площадкой для начала транскрипции является *ген промотор*. Промотор играет одну из ключевых ролей в процессе инициации транскрипции. Фермент *ДНК-зависимая РНК-полимераза* садится на *ген промотор*, раскручивает прилежащий виток спирали ДНК, две цепи ДНК в этом месте расходятся. В связи с тем, что РНК полимеразы способна собирать полинуклеотид только в одном направлении, а именно от 5' к 3'-концу, матрицей может служить только та цепь ДНК, которая обращена к ферменту своим 3'-концом. Такую цепь называют *матричной*

Другая, антипараллельная цепь ДНК, называется *кодогенной* или *смысловой*, т.к. последовательность нуклеотидов этой цепи полностью соответствует последовательности мРНК и читается в том же направлении, т.е. от 5' к 3'-концу.

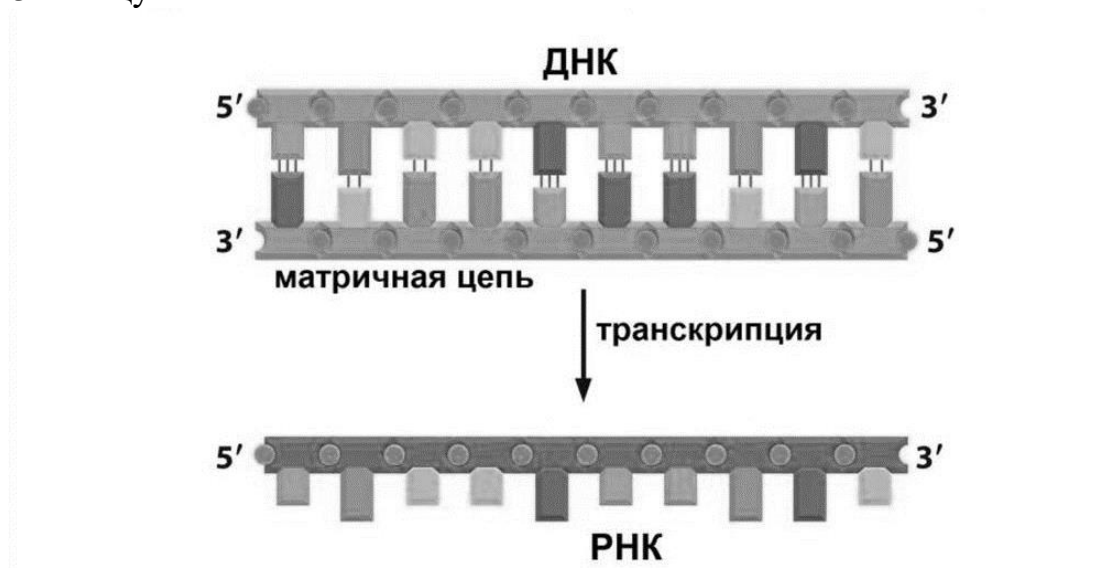


Рисунок 4 Схема процесса транскрипции

Исследования показали, что в процессе транскрипции синтезируется *про-м-РНК* — предшественник зрелой м-РНК, участвующий в транскрипции.

Про-м-РНК имеет значительно большие размеры и содержит фрагменты, не кодирующие синтез соответствующий полипептидной цепи.

В ДНК наряду с участками, кодирующими р-РНК, т-РНК и полипептиды, имеются фрагменты, не содержащие генетической информации. Они получили название *интронов* в отличие от кодирующих фрагментов, которые называются *экзонами*. Интроны обнаружены на многих участках молекул ДНК. Длина интрона бывает различной от 200 до 1000 пар нуклеотидов ДНК. Интроны считываются (транскрибируются) одновременно с экзонами, поэтому про-м-РНК значительно длиннее, чем зрелая м-РНК.

В ядре в про-м-РНК специальными ферментами вырезаются интроны, а

фрагменты экзона «сращиваются» между собой в строгом порядке. Этот процесс называется **сплайсингом** (англ. splice - сращивать).

В процессе сплайсинга образуется зрелая м-РНК, которая содержит только ту информацию, которая необходима для синтеза соответствующего полипептида т.е. информативную часть структурного гена.

Значение и функции интронов до сих пор еще не совсем выяснены, но установлено, что, если в ДНК считываются только участки экзонов, зрелая м-РНК не образуется.

Имеются и механизмы завершения транскрипции, точное переписывание идет до тех пор, пока РНК-полимераза не встречает **кодона-терминаторы** транскрипции: **УАА, УАГ, УГА** - стоп-кодона, к которым нет т-РНК. В этом участке РНК полимераза отделяется как от матрицы ДНК, которая восстанавливает двухцепочечную структуру, так и от вновь синтезированной м-РНК.

**Трансляция - передача или перевод информации, заключенной в последовательности нуклеотидов молекулы м-РНК в последовательность аминокислот полипептидной цепи.**

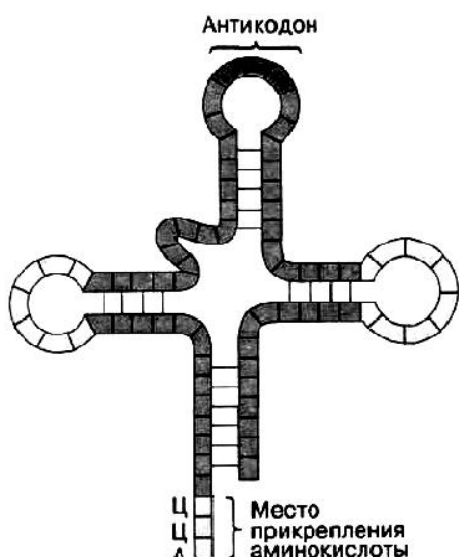


Рис. 3 Структура молекулы т-РНК

Транспортные РНК имеют вид клеверного листа (тройчатый сложный лист), на черешке листа - акцепторный участок, содержащий семь пар оснований, имеется и одноцепочечный участок, который заканчивается последовательностью ЦЦА у всех т-РНК (а всего т-РНК в клетке более 60 видов, в связи с вырожденностью генетического кода), со свободной ОН - группой, к этому концу присоединяется транспортируемая аминокислота. Противоположный участок акцептору черешку листа содержит в центре петли антикодон. **Антикодон** - это три нуклеотида, комплементарные кодону

м-РНК, который шифрует аминокислоту, доставляемую т-РНК к месту синтеза белка.

**Таким образом, с помощью системы т-РНК язык нуклеотидной последовательности м-РНК транслируется в язык аминокислотной последовательности пептида.**

Биосинтез белка происходит на полирибосомах. Рибосомы про- и эукариот очень сходны по структуре и функциям. Они состоят из 2-х субчастиц большой и малой. У эукариот малая субчастица образована одной молекулой р-РНК и 33 молекулами разных белков. Большая субчастица объединяет три молекулы р-РНК и около 40 белков. Прокариотические рибосомы и рибосомы митохондрий и пластид содержат меньше компонентов. Информационная матричная-РНК проходит по борозде (желобок) между двумя субчастицами рибосом.



Полирибосома представляет собой м-РНК с нанизанными на нее рибосомами.

Рибосомы формируются в ядрышке ядра, но обе субчастицы соединяются при участии катионов  $Mg^{++}$  только во время синтеза белка.

В рибосомах имеются две бороздки, в одной из них располагается м-РНК, в другой удерживается растущая полипептидная цепь. Кроме того, в рибосомах выделяют два участка, связывающих т-РНК: 1) А - участок аминоацильный, где размещается аминоацил - т-РНК, несущая определенную аминокислоту; 2) П - участок пептидильный, в котором происходит сборка аминокислот, соединенных пептидными связями.

Через одну рибосому в данный момент проходит сегмент м-РНК протяженностью 30 или более нуклеотидов, но считываются только два триплета двумя т-РНК, расположенными рядом с м-РНК. В ходе трансляции можно выделить три фазы:

- 1) инициация (начало синтеза пептида);
- 2) элонгация (наращивание полипептидной цепи);
- 3) терминация (завершение синтеза пептида).

Для инициации трансляции нужен *иницирующий кодон - АУГ*, несущий информацию об аминокислоте - *метионин*.

Соответственно антикодон т-РНК, несущий метионин к рибосоме, должен представлять собой УАЦ.

Антикодон инициаторный т-РНК (УАЦ) позволяет малой субчастице присоединиться к старт-кодону АУГ м-РНК, после чего происходит соединение большой и малой субчастиц и формируется функциональная рибосома. Затем молекула инициаторной т-РНК и связанный с ней метионин оказываются в П-пептидильном участке рибосомы. В А-участок рибосомы входит следующий кодон м-РНК (например УУУ). За счет комплементарного спаривания нуклеотидов кодона м-РНК - УУУ и антикодона т-РНК - ААА, аминокислота фенилаланин попадает в А-участок.

Таким образом, узнавание комплементарности кода м-РНК антикодону т-РНК происходит через малую субчастицу в ее А-участке. Посредством специального фермента, находящегося в рибосоме, карбоксильная группа метионина ( $-COOH$ ) присоединяется к аминогруппе фенилаланина ( $-NH_2$ ) и образуется дипептид метионин ( $CO-NH-$ ) фенилаланин, связанный с т-РНК фенилаланина. Затем кодон УУУ м-РНК переходит в П-участок, а А-участок освобождается для следующего кодона, рибосома прерывисто передвигается по м-РНК, т.е. делает один шаг после встраивания аминокислоты с т-РНК в полипептидную цепь (либо скользит прерывисто сама м-РНК). В освобожденный А-участок поступает следующий кодон, например ГУГ, несущий информацию об аминокислоте валин.

Снова происходит спаривание кодона ГУГ м-РНК с антикодоном т-РНК - ЦАЦ, т.е. их комплементарное взаимодействие, в случае комплементарности между фенилаланином и валином образуется пептидная связь, фенилаланин теряет связь со своей т-РНК, образуется трипептид с т-РНК валина, а рибосома делает прерывистый следующий шаг, соответствующий одному кодону. Теперь

следующий кодон м-РНК приходит в контакт с А-участком рибосомы, где он будет «опознан» специфически антикодоном т-РНК, с соответствующей здесь аминокислотой, таким образом считывается триплет за триплетом, т.е. происходит удлинение пептида, фаза элонгации. Она включает в себя реакции от момента образования первой пептидной связи до присоединения последней аминокислоты.

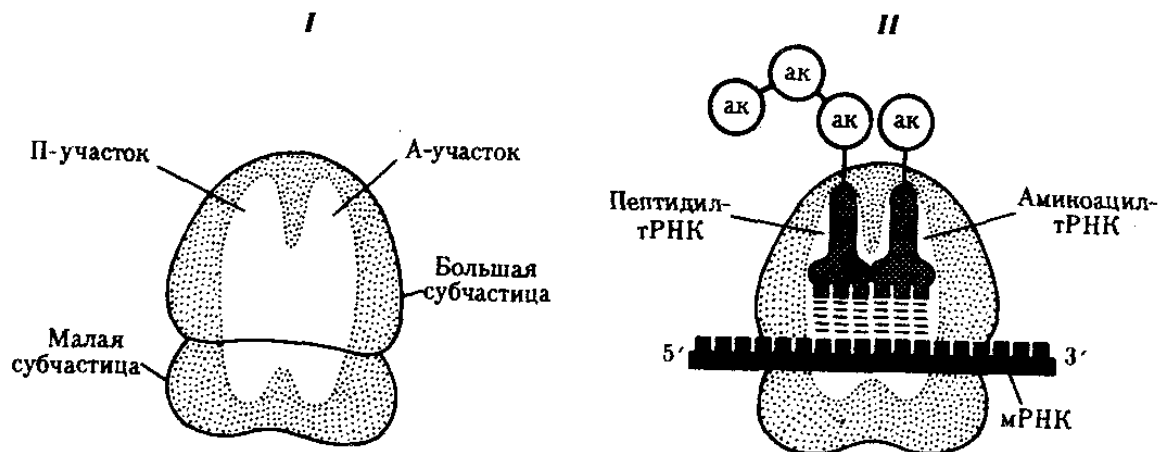


Рис. 5. Участки связывания молекул тРНК и рибосомы: I - ненагруженная рибосома, II - нагруженная рибосома; ак – аминокислота

Фаза терминации, или завершения синтеза полипептида прекращается когда в А-участок рибосомы входит один из стоп-кодонов (УАА, УАГ или УГА), как указывалось выше, к ним нет т-РНК. Особый белковый фактор освобождения связывается со стоп-кодоном, попавшим в А-участок рибосомы. При этом к последней аминокислоте в пептидной цепи присоединяется вода, и ее карбоксильный конец отделяется от т-РНК.

В результате завершения пептидная цепь теряет связь с рибосомой, которая распадается на две субчастицы. Таким образом, на рибосоме синтезируется первичная структура белковой молекулы, обусловленная пептидной или ковалентной взаимосвязью между аминокислотами. Для включения одной аминокислоты в полипептидную цепь необходимо 3 молекулы АТФ. Сборка пептидной цепи у бактерий осуществляется с большой скоростью, зависящей от температуры: при 37°C она выражается в добавлении к полипептиду от 12 до 17 аминокислот в 1 секунду, у эукариот эта скорость ниже и выражается в добавлении двух аминокислот в 1 секунду.

### Тема: Биосинтез белка. Генетический код

**Цель занятия.** Ознакомить студентов со свойствами генетического кода, схемой передачи наследственной информации от ДНК к м-РНК и к белку.

#### Задания:

1. Изучить свойства генетического кода.
2. Используя таблицу генетического кода, решить задачи №№ 1-10.

**Генетический код** - это система кодирования последовательности аминокислот белка в виде определенной последовательности нуклеотидов в ДНК и РНК.

Единица генетического кода (кодон) – это триплет нуклеотидов в ДНК или РНК, кодирующий одну аминокислоту.

Всего генетический код включает 64 кодона, из них 61 кодирующий и 3 неcodирующих (кодона-терминаторы, свидетельствующие об окончании процесса трансляции).

Кодоны-терминаторы в и-РНК: УАА, УАГ, УГА, в ДНК: АТТ, АТЦ, АЦТ.

Начало процесса трансляции определяет кодон-инициатор (АУГ, в ДНК – ТАЦ), кодирующий аминокислоту метионин. Этот кодон первым входит в рибосому. Впоследствии метионин, если он не предусмотрен в качестве первой аминокислоты данного белка, отщепляется.

Генетический код обладает характерными свойствами.

1. Универсальность – код одинаков для всех организмов. Один и тот же триплет (кодон) в любом организме кодирует одну и ту же аминокислоту.

2. Специфичность – каждый кодон шифрует только одну аминокислоту.

3. Вырожденность – большинство аминокислот могут кодироваться несколькими кодонами. Исключение составляют 2 аминокислоты – метионин и триптофан, имеющие лишь по одному варианту кодона.

4. Между генами имеются «знаки препинания» – три специальных триплета (УАА, УАГ, УГА), каждый из которых обозначает прекращение синтеза полипептидной цепи.

5. Внутри гена «знаков препинания» нет.

#### **Схема передачи наследственной информации от ДНК к м-РНК и к белку**

ДНК (фрагмент)	АТГ     ТАЦ	ГГА        ЦЦТ	ТТТ     ААА	ГТГ         ЦАЦ	ЦГТ         ГЦА
М-РНК (фрагмент)	АУГ	ГГА	УУУ	ГУГ	ЦГУ
Антикодоны т-РНК	УАЦ	УУУ	ААА	УАЦ	ГЦА
Полипептид (фрагмент)	метионин	глицин	финил- аланин	валин	аргинин

#### **Задача 1**

Известно, что комплементарные цепи нуклеиновых кислот антипараллельны (5' концу одной цепи соответствует 3' конец другой цепи). Синтез нуклеиновых кислот начинается с 5' конца. Рибосома движется по иРНК в направлении от 5' к 3' концу. Ген имеет кодирующую и неcodирующую области. Кодирующая область гена называется открытой рамкой считывания.

Фрагмент конца гена имеет следующую последовательность нуклеотидов: (нижняя цепь матричная (транскрибируемая)): 5'-ТГЦГЦГТААЦТГЦГАТГТГАГЦТАТАЦЦ-3' 3'-АЦЦГЦАТТГАЦГЦТАЦАЦТЦГАТАТГГ-5' Определите верную открытую рамку считывания и найдите последовательность аминокислот во фрагменте конца полипептидной цепи. Известно, что итоговый полипептид, кодируемый этим геном, имеет длину более четырёх аминокислот. Объясните последовательность решения задачи. Для выполнения задания используйте таблицу генетического кода. При написании последовательностей нуклеиновых кислот указывайте направление цепи.

### Задача 2

Фрагмент молекулы белка миоглобина содержит аминокислоты, расположенные в следующем порядке: валин - аланин - глутаминовая кислота - тирозин - серин - глутамин.

Напишите структуру участка молекулы ДНК, кодирующего эту последовательность аминокислот?

### Задача 3

Известно, что комплементарные цепи нуклеиновых кислот антипараллельны (5' концу одной цепи соответствует 3' конец другой цепи). Синтез нуклеиновых кислот начинается с 5' конца. Рибосома движется по иРНК в направлении от 5' к 3' концу. Ген имеет кодирующую и не кодирующую области. Кодирующая область гена называется открытой рамкой считывания. Фрагмент конца гена имеет следующую последовательность нуклеотидов: (нижняя цепь матричная (транскрибируемая)):

5'-ЦАТГГЦАТГАТАТАЦГЦЦАГ-3'

3'-ГТАЦЦГТАЦТАТАТГЦГЦГГТЦ-5'

Определите верную открытую рамку считывания и найдите последовательность аминокислот во фрагменте начала полипептидной цепи. При ответе учитывайте, что полипептидная цепь начинается с аминокислоты мет. Известно, что итоговый полипептид, кодируемый этим геном, имеет длину более четырех аминокислот. Объясните последовательность решения задачи. Для выполнения задания используйте таблицу генетического кода. При написании последовательностей нуклеиновых кислот указывайте направление цепи.

### Задача 4

Белок состоит из 158 аминокислот. Какую длину имеет определяющий его ген, расстояние между двумя соседними нуклеотидами в молекуле ДНК (измеренное вдоль оси спирали) составляет 0,34 нм?

### Задача 5

В синтезе молекулы белка участвуют 240 т-РНК. а) из скольких аминокислот состоит синтезируемый белок? б) сколько триплетов содержится в ДНК? в) сколько нуклеотидов содержится в ДНК?

### Задача 6

Сколько содержится тимидиновых, адениновых и цитозиновых (в отдельности) нуклеотидов в фрагменте молекулы ДНК, если в нем обнаружено 88 гуаниновых нуклеотидов, которые составляют 22 % от общего количества нуклеотидов в этом фрагменте молекулы ДНК. Какова длина этого фрагмента ДНК?

### Таблица генетического кода

Кодоны матричной РНК					
Первое снование	Второе основание				Третье основание
	У	Ц	А	Г	
У	УУУ Фен	УЦУ Сер	УАУ Тир	УГУ Цис	У
	УУЦ Фен	УЦЦ Сер	УАЦ Тир	УГЦ Цис	Ц
	УУА Лей	УЦА Сер	УАА Стоп	УГА Стоп	А
	УУГ Лей	УЦГ Сер	УАГ Стоп	УГГ Три	Г
Ц	ЦУУ Лей	ЦЦУ Про	ЦАУ Гис	ЦГУ Арг	У
	ЦУЦ Лей	ЦЦЦ Про	ЦАЦ Гис	ЦГЦ Арг	Ц
	ЦУА Лей	ЦЦА Про	ЦАА Глн	ЦГА Арг	А
	ЦУГ Лей	ЦЦГ Про	ЦАГ Глн	ЦГГ Арг	Г
А	АУУ Иле	АЦУ Тре	ААУ Асн	АГУ Сер	У
	АУЦ Иле	АЦЦ Тре	ААЦ Асн	АГЦ Сер	Ц
	АУА Иле	АЦА Тре	ААА Лиз	АГА Арг	А
	АУГ Мет	АЦГ Тре	ААГ Лиз	АГГ Арг	Г
Г	ГУУ Вал	ГЦУ Ала	ГАУ Асп	ГГУ Гли	У
	ГУЦ Вал	ГЦЦ Ала	ГАЦ Асп	ГГЦ Гли	Ц
	ГУА Вал	ГЦА Ала	ГАА Глу	ГГА Гли	А
	ГУГ Вап	ГЦГ Ала	ГАГ Глу	ГГГ Гли	Г

### Задача 7

Средняя масса одной аминокислоты примерно 110 углеродных единиц (у.е.), а средняя масса нуклеотида – 300 у.е. Что тяжелее и во сколько раз: белок или кодирующий его ген?

### Задача 8

Известно, что все виды РНК синтезируются на ДНК-матрице. Фрагмент молекулы ДНК, на которой синтезируется участок центральной петли тРНК, имеет следующую последовательность нуклеотидов (верхняя цепь — смысловая, нижняя — транскрибируемая): 5' – ТГЦГЦТГЦАЦЦАГЦТ – 3' 3' – АЦГЦГАЦГТГГТЦГА – 5' Установите нуклеотидную последовательность участка тРНК, который синтезируется на данном фрагменте, обозначьте 5' и 3'

концы этого фрагмента и определите аминокислоту, которую будет переносить эта тРНК в процессе биосинтеза белка, если третий триплет с 5' конца соответствует антикодону тРНК.

### **Задача 9**

Фрагмент молекулы ДНК имеет следующую последовательность нуклеотидов (верхняя цепь — смысловая, нижняя — транскрибируемая): 5' – ГЦГГГЦТАТГАТЦТГ – 3' 3' – ЦГЦЦЦГАТАЦТАГАЦ – 5' В результате замены одного нуклеотида в ДНК третья аминокислота во фрагменте полипептида заменилась на аминокислоту Гис. Определите аминокислоту, которая кодировалась до мутации. Какие изменения произошли в ДНК, иРНК в результате замены одного нуклеотида? Благодаря какому свойству генетического кода одна и та же аминокислота у разных организмов кодируется одним и тем же триплетом?

### **Задача 10**

Молекулы тРНК, несущие соответствующие антикодоны, входят в рибосому в следующем порядке: ГУА, УАЦ, УГЦ, ГЦА. Определите последовательность нуклеотидов смысловой и транскрибируемой цепей ДНК, иРНК и аминокислот в молекуле синтезируемого фрагмента белка. При выполнении задания учитывайте, что антикодоны тРНК антипараллельны кодонам иРНК.

## **Тема: Палеонтологические, сравнительно-анатомические, эмбриологические доказательства эволюции**

**Цель занятия:** ознакомиться с научными фактами, доказывающими эволюционное развитие живой природы.

### **Задание:**

изучить:

- палеонтологические доказательства эволюции
- сравнительно-анатомические доказательства эволюции
- эмбриологические доказательства эволюции

Современная наука обладает множеством данных, доказывающих эволюционное развитие живой природы. Они свидетельствуют о происхождении всех живых существ от общих предков, позволяют устанавливать ход филогенеза — исторического развития различных групп организмов, как ныне существующих, так и вымерших, выявлять степень их эволюционного родства. На сегодняшний день доказательства эволюции накоплены в рамках целого ряда биологических дисциплин. Рассмотрим важнейшие из этих доказательств.

### **Палеонтологические доказательства эволюции**

Палеонтология занимается изучением ископаемых остатков вымерших организмов, восстановлением их облика, выявлением сходства и различий

древних и современных видов. Сопоставление палеонтологических находок, полученных из геологических пластов разных эпох, дает возможность проследить эволюцию органического мира во времени, установить связи вымерших форм с ныне существующими.

Важнейшими доказательствами эволюции, позволяющими выявить преемственность между различными систематическими группами организмов, являются ископаемые переходные формы. Так называются вымершие организмы, которые сочетали в себе признаки древних и исторически более молодых групп

### Задание 1.

- 1) Рассмотрите рисунок 1. Какие ископаемые формы организмов относятся к переходным? Определите, филогенез каких современных групп животных позволяет восстановить представленные переходные формы.



- 2) Рассмотрите рисунок 2. Объясните, как шло преобразование конечностей предков лошади в однопалые. Как изменялись пропорции тела лошади? С чем связаны эти изменения?

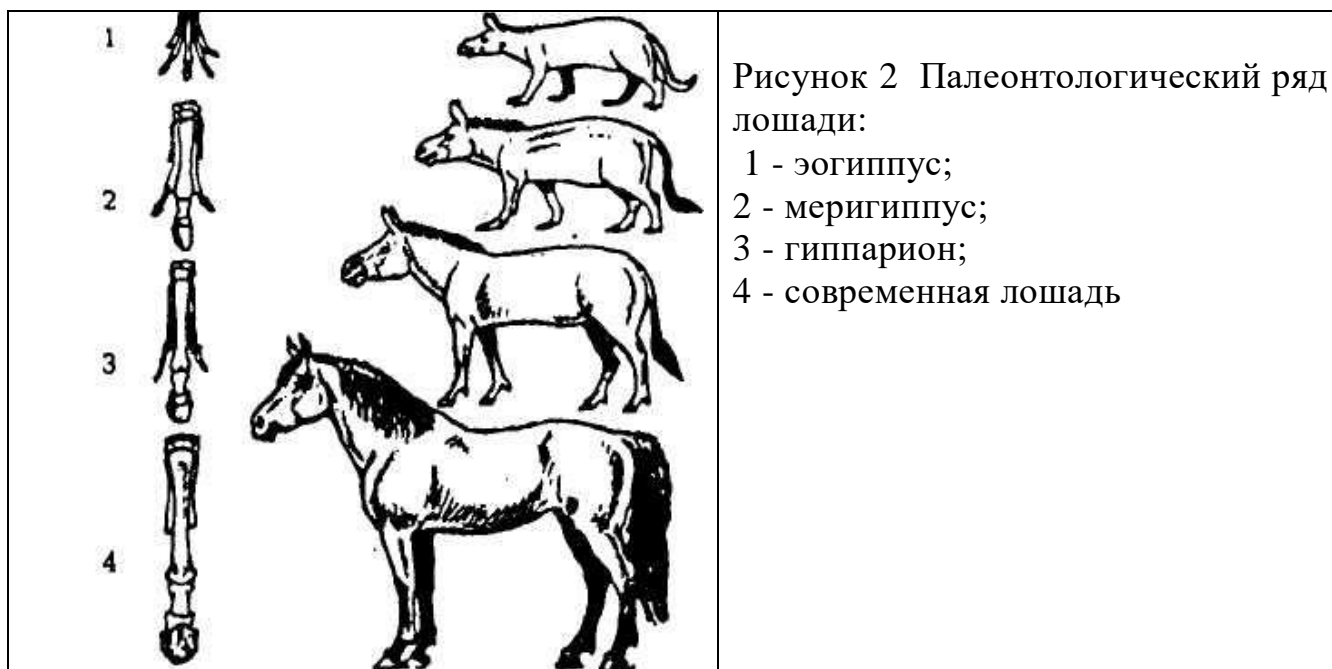


Рисунок 2 Палеонтологический ряд лошади:

- 1 - эогиппус;
- 2 - меригиппус;
- 3 - гиппарион;
- 4 - современная лошадь

### Сравнительно-анатомические доказательства эволюции

К сравнительно-анатомическим доказательствам эволюции относятся:

- сходный план строения организмов разных систематических групп;
- гомологичные органы;
- аналогичные органы;
- рудименты;
- атавизмы.

#### Задание 2.

1) Рассмотрите рисунок 3. Назовите гомологичные кости в конечностях животных. Отметьте, с чем связаны их различия. Как можно объяснить общность плана строения конечностей?

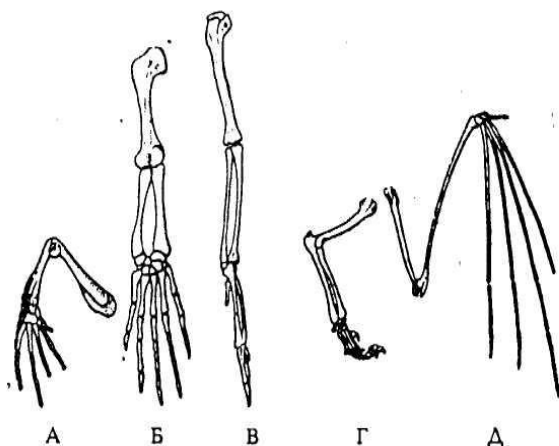
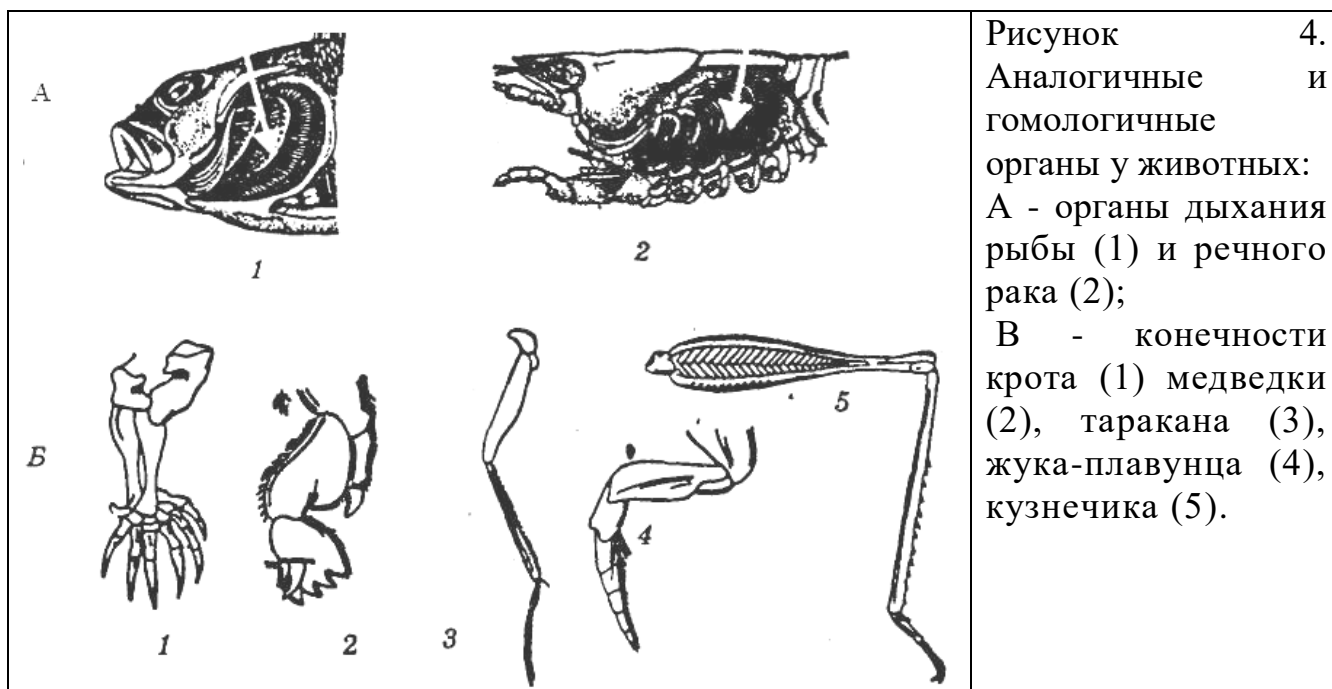


Рисунок 3. Конечности позвоночных животных:

- А - лягушки;
- Б - варана;
- В - крыло птицы;
- Г - кошки;
- Д - летучей мыши.

2) Рассмотрите рисунок 4. Определите, какие из представленных органов животных являются гомологичными или аналогичными. Чем объясняется их гомология или аналогия?





3) Приведите известные вам примеры гомологичных и аналогичных органов у растений и животных. Заполните таблицы 3 и 4.

Таблица 2 Гомология у животных и растений

Органы животных и растений	Функции	Происхождение

Таблица 3 Аналогия у животных и растений

Органы животных и растений	Функции	Происхождение

### Задание 3. Эмбриологические доказательства эволюции

В пользу эволюции органического мира говорят данные эмбриологии. Эмбриологами было обнаружено и изучено сходство начальных стадий эмбрионального развития животных. Все многоклеточные животные развиваются из одной оплодотворенной яйцеклетки. В процессе индивидуального развития они проходят стадии дробления, бластулы, гастролы, образования трехслойного зародыша, формирования органов из зародышевых листков. Сходство зародышевого развития животных свидетельствует о единстве их происхождения.

**Карл Бэр** сформулировал закон зародышевого сходства, который гласит, что на ранних стадиях развития зародыши позвоночных животных настолько похожи друг на друга, что практически неразличимы между собой. Это также указывает и подтверждает единство происхождения животного мира.

1) Перечислите общие признаки зародышей различных классов. Установите, когда начинается развитие отличительных признаков? Перечислите их. О чем они свидетельствуют? Заполните таблицу 2:

Таблица 4 Черты сходства и отличия эмбрионов позвоночных животных

Классы позвоночных животных	Черты сходства	Черты отличия

2) Сформулируйте биогенетический закон. Какие ученые его установили? Перечислите поправки и дополнения, которые были сделаны впоследствии к этому закону. Назовите факты, противоречащие биогенетическому закону.

### Контрольные вопросы

1. Можно ли с помощью методов молекулярной биологии изучать эволюционные процессы внутривидового масштаба?
2. Можно ли палеонтологическими методами изучать микроэволюцию?
3. Как доказать, что сравниваемые структуры гомологичные или аналогичные в случае их значительного внешнего сходства (например, вибриссы у млекопитающих и щетинки на теле насекомых, колючки у шиповника и колючки у барбариса)?
4. В чем принципиальное отличие рудиментов от атавизмов?

## Тема: Видообразование. Направления и пути макроэволюции

**Цель занятия:** изучить критерии вида, формы видообразования, элементарные факторы и главные направления эволюции.

Видообразование — процесс возникновения новых биологических видов и изменения их во времени. Существуют разнообразные теории, объясняющие механизмы видообразования, поскольку эмпирическая проверка очень сложна из-за долговременности изучаемого процесса.

Известно 2 формы видообразования: симпатрическое и аллопатрическое.

**Симпатрическое видообразование** характеризуется тем, что новый вид возникает внутри ареала исходного. Таким образом, новая форма образуется на основе первично возникшей изоляции. У растений часто возникает генетическая изоляция при спонтанном образовании полиплоидных форм, например при самоопылении. Симпатрически могут возникать виды гибридного происхождения, а также в связи с сезонной изоляцией (например, расы с различными сроками цветения не связаны друг с другом и фактически

изолированы). У животных генетическая изоляция чаще всего связана с хромосомными мутациями и с явлениями андро- и гиногенеза. Постепенно такие симпатрически образовавшиеся виды могут выходить за пределы ареала предковой группы, первоначально формируя накладывающиеся (частично или полностью) семисимпатрические пары ареалов.

**Аллопатрическое (географическое) видообразование** связано с пространственным разделением исходной популяции. Второй причиной этого процесса могут служить дальние миграции особей, интенсивное освоение новых территорий за пределами границ исходного ареала. В таких новых для представителей данного вида условиях, они неизбежно адаптируются к новому уровню влияния факторов среды, в результате чего возникают новые формы. В отличие от симпатрического пути, аллопатрическое видообразование в целом, более медленный процесс, протекающий в течение тысячелетий.

Задание 1. Дайте определение понятиям «естественный отбор» и «искусственный отбор». Заполните таблицу 1.

Таблица 1. Формы естественного отбора

Форма отбора	Краткая характеристика	Примеры

Дайте ответ на вопрос «В чем отличие филетической и дивергентной эволюции?». Приведите примеры.

Задание 2. Дайте определение понятию «вид». Перечислите критерии вида. Заполните таблицу 2.

Таблица 2. Формы видообразования

Форма видообразования	Краткая характеристика	Примеры

Задание 3. Заполните таблицу 3.

Таблица 3. Элементарные факторы эволюции

Фактор	Краткая характеристика	Роль в эволюции


Задание 4. Заполните таблицу 4.

Таблица 4. Главные направления эволюции

Направление	Критерий	Результат

Заполните таблицу 5.

Таблица 5. Способы достижения биологического прогресса

Способ	Суть процесса	Результат	Примеры

### Контрольные вопросы:

1. Можно ли с помощью методов молекулярной биологии изучать эволюционные процессы внутривидового масштаба?
2. Можно ли палеонтологическими методами изучать микроэволюцию? Какова разрешающая сила современных палеонтологических методов?
3. Как доказать, что сравниваемые структуры гомологичные или аналогичные в случае их значительного внешнего сходства (например, вибриссы у млекопитающих и щетинки на теле насекомых, колючки у шиповника и колючки у барбариса)?
4. В чем принципиальное отличие рудиментов от атавизмов?

### Библиографический список

1. Мамонтов, С. Г. Биология [Текст] : учебник для студ. вузов, обуч. по спец. "География" и "Экология" / С. Г. Мамонтов, В. Б. Захаров, Т. А. Козлова ; под ред. С. Г. Мамонтова. - М. : Академия, 2008. - 568 с.
2. Амосов, П. Н. Биология животных [Текст]: учебное пособие / П. Н. Амосов, Е. И. Чумасов. - Санкт-Петербург : Квадро, 2016. - 119 с.
3. Передельский, Л. В. Экология [Текст]: учебник / Л. В. Передельский, В. И. Коробин, О. Е. Приходченко. – М.: Проспект, 2009.

4. Юмагужин, Ф.Г. Практикум по курсу биология [Текст]: учебное пособие/ Ф. Г. Юмагужин, Л. В. Сатаева. - Уфа: Башкирский ГАУ, 2019. – 103
5. Нефедова, С.А. Биология с основами экологии [Электронный ресурс]: учебное пособие / С.А. Нефедова, А.А. Коровушкин, А.Н. Бачурин [и др.]. — СПб.: Лань, 2015. — 368 с. — Режим доступа: [http://e.lanbook.com/books/element.php?pl1\\_id=58167](http://e.lanbook.com/books/element.php?pl1_id=58167)