

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Molekularne spojrzenie na ewolucję



Zmiany w kodzie DNA są podstawą zmian ewolucyjnych. Uczestnicy europejskiego badania szukają małych zmian DNA, które nie powodują zmian w białkach, lecz mimo to są w jakiś sposób istotne w procesie selekcji.

Kodon to podstawowa jednostka kodująca pojedynczy aminokwas i zawierająca trzy nukleotydy. Tak zwana synonimiczna lub cicha substytucja w tej jednostce nie wpływa na kodowany aminokwas. Substytucja niesynonimiczna skutkuje za to zmianą aminokwasu i w związku z tym powinna być bardziej istotna z ewolucyjnego punktu widzenia.

Zespół projektu REALISTIC CODON MODE (Biologically-motivated probabilistic evolutionary models and their use for genomic analyses) pracował nad stworzeniem modelu ewolucyjnego. Celem zespołu było obalenie powszechnie przyjętego założenia, że tempo substytucji synonimicznej jest jednakowe we wszystkich miejscach sekwencjonowania.

Przy użyciu opracowanego modelu badacze mogą określić skutki selekcji na poziomie nukleotydowym. Oczekuje się, że połączenie biologii ewolucyjnej i genomiki pozwoli poszerzyć wiedzę o przystosowaniach gatunków w skali pojedynczych molekuł.

W pierwszej części projektu badacze zakończyli tworzenie ewolucyjnego modelu kodonu. Użycie modelu wykazało powszechną zmienność częstotliwości występowania zasad w substytucji zasad w DNA/RNA kodujących sekwencji u kręgowców. Jest to najprawdopodobniej wynikiem różnego stopnia selekcji na poziomie nukleotydowym.

Badacze z zespołu projektowego udoskonalili model kodonu i opracowali model mieszany, który identyfikuje obszary powiązane z analizowaną cechą. Na podstawie symulacji zbadali dokładność nowego modelu i odkryli, że dokładność wzrasta wraz z ilością dostępnych danych (np. dotyczących rozmiaru drzewa).

Model zastosowano do ewolucji genomu ludzkiego wirusa niedoboru odporności typu 1. Badacze stworzyli zwalidowane narzędzie do przewidywania funkcjonalnych regionów w materiale DNA zagnieżdżonych w regionach kodujących białka. Co więcej, analiza zachowawczych mutacji synonimicznych Ks potwierdziła, że istnieją regiony DNA, które nie mają przewidzianej funkcji, lecz podlegają presji selekcyjnej. Doświadczenia z zakresu mutagenyzy jednego z tych regionów genu pol nie wykazały wyraźnego wpływu na replikację wirusa.

W czasie trwania projektu REALISTIC CODON MODE 12 studentów studiów inżynierskich, pięcioro studentów studiów magisterskich i troje studentów studiów doktoranckich zdobyło doświadczenie w tej dziedzinie. Wyniki powiązanych badań prowadzonych na uniwersytecie w Tel Awiwie, w których wykorzystano te modele ewolucyjne oparte na prawdopodobieństwie, przedstawiono na kilku konferencjach międzynarodowych.

Źródło: www.cordis.europa.eu

<http://laboratoria.net/aktualnosci/25751.html>



26-02-2025

Czy historia epidemii wpływa na współczesne zachowania społeczne?

Historia epidemii może wpływać na współczesne zachowania społeczne.



21-02-2025

Dzień Nauki Polskiej

Święto upamiętniające dokonania polskich naukowców.



21-02-2025

Analiza DNA stolca źródłem bardziej wiarygodnych informacji o diecie

Informuje pismo „Nature Metabolism”.



21-02-2025

Przyjmowanie witaminy E w czasie ciąży

Może zmniejszyć ryzyko alergii na orzeszki ziemne u dzieci.



21-02-2025

Naukowcy bliżej naprawdę autonomicznej sztucznej inteligencji

Ma znaleźć zastosowanie w przeróżnych dziedzinach.



21-02-2025

Sonda Einsteina wykryła nietypową parę gwiazd

Rozbłysk promieni X pochodzący od niezwyklej dwójki gwiazd.



21-02-2025

Polski komputer LeopardISS przetestuje przetwarzania danych na orbicie

Przetwarzanie danych na orbicie to intensywnie rozwijający się sektor.



21-02-2025

Dwa nowe obiecujące leki przeciwko łysieniu

Powiedział lekarz trycholog dr Artur Kierlach.

Informacje dnia: [Czy historia epidemii wpływa na współczesne zachowania społeczne? Dzień Nauki Polskiej](#) [Analiza DNA stolca źródłem bardziej wiarygodnych informacji o diecie](#) [Przyjmowanie witaminy E w czasie ciąży](#) [Naukowcy bliżej naprawdę autonomicznej sztucznej inteligencji](#) [Sonda Einsteina wykryła nietypową parę gwiazd](#) [Czy historia epidemii wpływa na współczesne zachowania społeczne? Dzień Nauki Polskiej](#) [Analiza DNA stolca źródłem bardziej wiarygodnych informacji o diecie](#) [Przyjmowanie witaminy E w czasie ciąży](#) [Naukowcy bliżej naprawdę autonomicznej sztucznej inteligencji](#) [Sonda Einsteina wykryła nietypową parę gwiazd](#) [Czy historia epidemii wpływa na współczesne zachowania społeczne? Dzień Nauki Polskiej](#) [Analiza DNA stolca źródłem bardziej wiarygodnych informacji o diecie](#) [Przyjmowanie witaminy E w czasie ciąży](#) [Naukowcy bliżej naprawdę autonomicznej sztucznej inteligencji](#) [Sonda Einsteina wykryła nietypową parę gwiazd](#)

Partnerzy