

### [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://www.cordis.europa.eu)

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



01-06-2026

## [Gwałtowne przerwanie gry komputerowej w złości to ważny sygnał](#)

Sam czas spędzony przed ekranem nie jest najlepszą miarą ryzyka.



01-06-2026

## [Uniwersytet Wrocławski, PAP i Fundacja PAP podpisały umowę](#)

Dotyczy działań komunikacyjnych, edukacyjnych oraz popularyzatorskich.



01-06-2026

## [10 polskich zespołów w zawodach Shell Eco-marathon Poland 2026](#)

Między 24 a 28 czerwca zmierzą się z ponad 150 ekipami z 28 krajów.



01-06-2026

## **Prawie 1,2 mld ludzi na świecie cierpi na zaburzenia psychiczne**

W 2023 r. z tego powodu cierpiało prawie 1,2 mld ludzi na świecie.



01-06-2026

## **AGH uruchomiła laboratorium**

Ze źródłem promieniowania RTG dorównującym synchrotrono.



01-06-2026

## **UE Katowice i Śląski Uniwersytet Medyczny uruchamiają nowe kierunki**

Uczelnie zapowiedziały rozwój kształcenia praktycznego i cyfrowego.



01-06-2026

## [W poniedziałek rozpocznie się rekrutacja na Uniwersytet Jagielloński](#)

Najstarsza uczelnia w kraju ma w ofercie 13 nowych kierunków studiów.



01-06-2026

## [3 proc. PKB na naukę to nie jest radykalny postulat](#)

To nie jest radykalny cel, ale uniwersalny postulat, który bardzo by Polsce pomógł.

**Informacje dnia:** [Gwałtowne przerwanie gry komputerowej w złości to ważny sygnał Uniwersytet Wrocławski, PAP i Fundacja PAP podpisały umowę 10 polskich zespołów w zawodach Shell Eco-marathon Poland 2026](#) [Prawie 1,2 mld ludzi na świecie cierpi na zaburzenia psychiczne](#) [AGH uruchomiła laboratorium UE Katowice i Śląski Uniwersytet Medyczny uruchamiają nowe kierunki](#) [Gwałtowne przerwanie gry komputerowej w złości to ważny sygnał Uniwersytet Wrocławski, PAP i Fundacja PAP podpisały umowę 10 polskich zespołów w zawodach Shell Eco-marathon Poland 2026](#) [Prawie 1,2 mld ludzi na świecie cierpi na zaburzenia psychiczne](#) [AGH uruchomiła laboratorium UE Katowice i Śląski Uniwersytet Medyczny uruchamiają nowe kierunki](#) [Gwałtowne przerwanie gry komputerowej w złości to ważny sygnał Uniwersytet Wrocławski, PAP i Fundacja PAP podpisały umowę 10 polskich zespołów w zawodach Shell Eco-marathon Poland 2026](#) [Prawie 1,2 mld ludzi na świecie cierpi na zaburzenia psychiczne](#) [AGH uruchomiła laboratorium UE Katowice i Śląski Uniwersytet Medyczny uruchamiają nowe kierunki](#)

**Partnerzy**