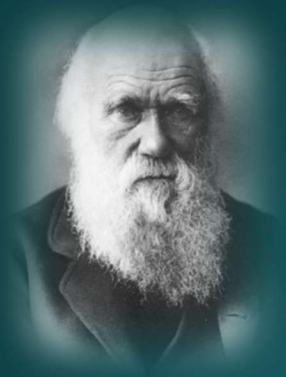
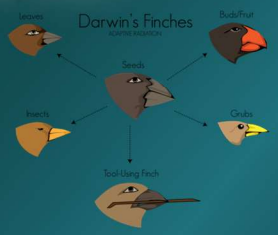




$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

Where:

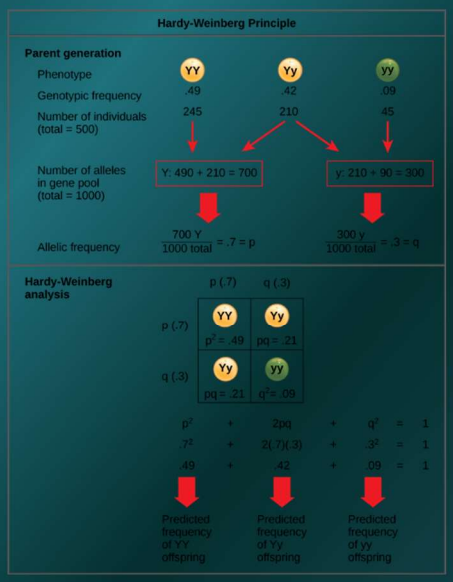
- p = the frequency of allele A
- q = the frequency of allele a
- p^2 = the frequency of individual AA
- q^2 = the frequency of individual aa
- $2pq$ = the frequency of individual Aa

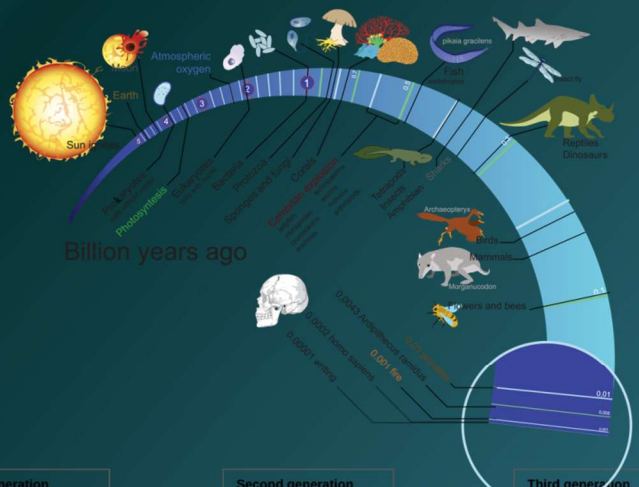
6.3. EVOLÚCIÓ

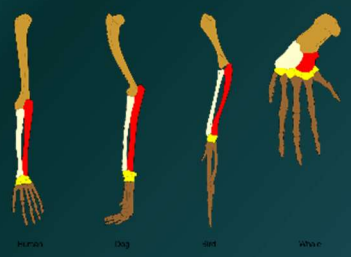
6.3.1. EVOLÚCIÓS FOLYAMATOK

6.3.2. FAJKÉPZŐDÉS ÉS AZ EVOLÚCIÓ BIZONYÍTÉKAI

Készítette: Vizkievicz András







Emelt szintű vizsgakövetelmények 2024

6.3. Evolúció

6.3.1. Evolúciós folyamatok

Kulcsfogalmak

- Darwin evolúciós elmélete, rátermettség, alkalmazkodás, faj, mutáció, rekombináció, szelekció (természetes, mesterséges, irányító, stabilizáló, szétválasztó), sodródás, génáramlás, adaptív és nem adaptív evolúció,
- evolúció jellemzői, horizontális génátadás, evolúciós változások mechanizmusai, ideális populáció, reális populáció, Hardy-Weinberg összefüggés, alapító hatás, kihalási küszöb, születési és halálozási ráta, populációsűrűség, beltenyészet, koevolúció, többszintű evolúció.

Gondolkodási művelet

- Ismertesse Darwin evolúciós elméletét, az elméletet megalapozó megfigyeléseket és következtetéseket, az elméletet alátámasztó fontosabb érveket.
- Érveljen az élőlények változatosságának fontossága mellett, ismertesse a változatosságot létrehozó és elterjesztő, valamint az azt csökkentő evolúciós folyamatokat.
- Magyarázza a populáció nagyságának természetvédelmi jelentőségét.
- Alkalmazza az élővilág különböző szerveződési szintjeire az evolúciós elméletet (koevolúció, többszintű evolúció).
- Értelmezze fogalmi szinten az evolúció jellemzőit (szaporodás, öröklődés, változatosság), magyarázza, hogy nem szükséges egy új típusnak, új tulajdonságnak megjelennie, hogy az evolúció történjen.
- Ismertessen adaptív és nem adaptív jellegű evolúciós.
- folyamatokat, illetve egy példa alapján ítélje meg, hogy a folyamat milyen típusba sorolható.
- Értelmezze példák alapján az irányító, a stabilizáló és a szétválasztó szelekció fogalmát, kapcsolja össze ezeket a fajkeletkezés elméletével.
- Mutassa be példákkal az evolúciós változások lehetséges mechanizmusait (mutáció – szelekció és együttműködés – szelekció).
- Lássa a matematikai modell és a megfigyelhető biológiai folyamatok összefüggését.
- Értelmezze az ideális populáció fogalmát, feltételeit.
- Értelmezze a Hardy-Weinberg összefüggést 1 gén 2 allélos számítások esetén.
- Értelmezze a születési és halálozási ráta fogalmát, ezek függését a populációsűrűségtől.
- Értelmezze a kihalási küszöb fogalmát, kapcsolatát a genetikai sodródással és a beltenyészet következtében föllépő leromlással. Magyarázza el ennek természetvédelmi vonatkozásait (fajmegőrzés).

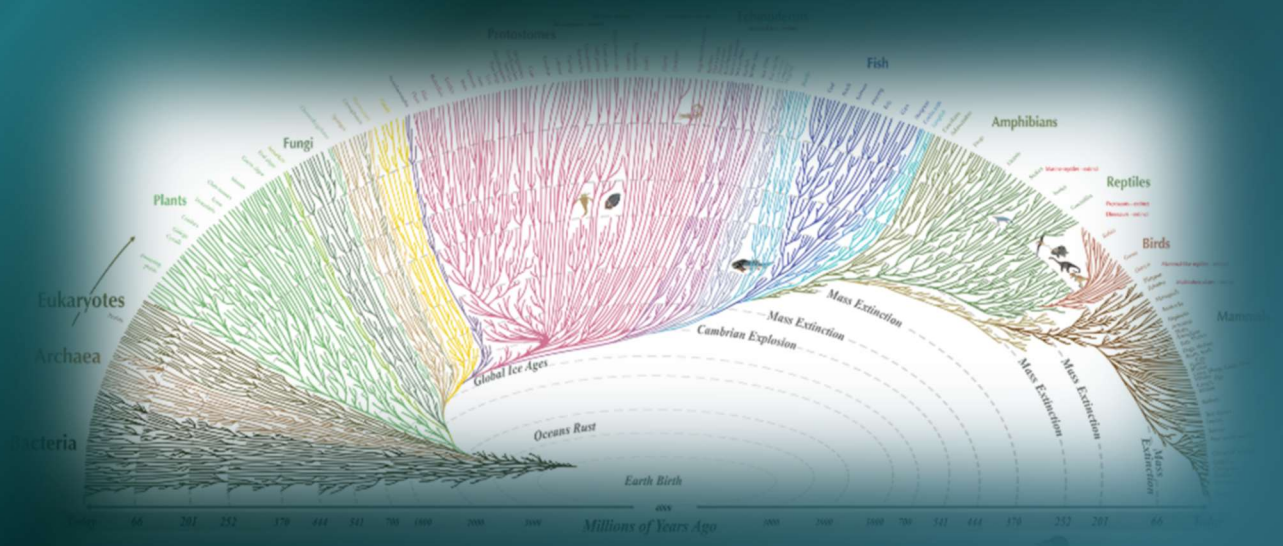
6.3.2. Fajképződés és az evolúció bizonyítékai

Kulcsfogalmak

- Evolúciós fa, homológia, analógia, konvergens és divergens fejlődés, evolúció közvetlen bizonyítékai, élő kövület,
- fajképződés, beltenyésztés, nem véletlenszerű párválasztás.

Gondolkodási művelet

- Értelmezzen egyszerű evolúciós (filogenetikai) fát.
- Értelmezze a homológia és az analógia fogalmát, a konvergens és divergens fejlődést, tudjon példaként
- ilyen fejlődésű szerveket, élőlényeket bemutatni.
- Említeni példákat az evolúció közvetlen bizonyítékaira (zárvány, kövületek, lenyomat, lerakódás).
- Értelmezze az élő kövület fogalmát, hozzon rá példát.
- Elemezze a fajképződés különféle folyamatait (földrajzi izoláció, földrajzi izoláció nélkül, adaptív radiáció).
- Értse a beltenyésztés és a nem véletlenszerű párválasztás biológiai hatásait.
- Ismertesse az evolúció közvetett bizonyítékait (DNS homológia, molekuláris törzsfák, genetikai kód, sejtes felépítés, homológ szervek, az embriók hasonlósága, funkciójukat vesztett szervek léte).
- *Elemezze a fajképződés különféle folyamatait (földrajzi izoláció, földrajzi izoláció nélkül, adaptív radiáció), értelmezzen ezekkel kapcsolatos esettanulmányokat.*
- *Elemezzen vagy készítsen megadott adatok alapján filogenetikai fát.*



6.3. Evolúció

Készítette: Vizkievicz András

A fejezet a követelményrendszer 6.3. pontja alapján készült.

Az evolúció fogalma

A biológiában evolúciónak, törzsfejlődésnek nevezzük az élővilág többnyire fokozatos és szüntelen történeti fejlődését. Ugyanakkor az evolúció fogalmát más szinteken is értelmezzük. Tágabb értelemben **az evolúció egy lassú, fokozatos, bizonyos irányba haladó változást jelent**. Az evolúció jelensége így akár az Univerzum fejlődésében, a társadalmi változásokban vagy a tudományos elméletek alakulásában is megjelenik.

A törzsfejlődés során a fajok öröklődő jellegei nemzedékről nemzedékre változnak, ami

- **a fajon – populáción - belül az egyes tulajdonságok gyakoriságának megváltozásában,**
- **ill. új tulajdonságok megjelenésében nyilvánul meg.**

A biológiai faj fogalma: mindazon egyedek egy fajba tartoznak, melyek:

- **lényeges külső és belső tulajdonságaikban nagymértékben hasonlóak,**
- **egymással szaporodni képesek,**
- **önmagukhoz hasonló, termékeny utódot hoznak létre.**

Az evolúció során a **fajok a változó környezeti feltételekhez folyamatosan alkalmazkodnak**, melynek során génállományuk, ezen keresztül tulajdonságaik szüntelenül változnak.

Történeti áttekintés

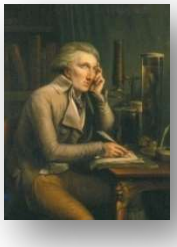
Az evolúció eszmerendszere ma teljes mértékben áthatja a természettudományos gondolkodást, megkérdőjelezhetetlen rendezőelvként van jelen.

Ez nem volt mindig így, az evolúció világnézeti rendszerének a kialakulása egy hosszú történeti folyamat eredménye, melynek legfontosabb állomásait tekintjük át az alábbiakban vázlatosan.

Egészen a 18. századig általánosan elfogadott vélekedés volt, hogy a világ minden részletében egyszeri eseményként, isteni teremtés eredménye. Néhány száz évvel ezelőtt a legpontosabb becslés a Föld korára kevesebb, mint hatezer évet adott. 1654-ben James Ussher anglikán érsek - az Ótestamentum történetein alapuló számításai alapján - az i. e. 4004. október 23-át jelölte meg a teremtés pontos időpontjaként. A természettudományos gondolkodásban a paradigmaváltást a felvilágosodás eszmerendszere indította el. (Paradigma: általánosan elfogadott nézetrendszer egy adott korszakban.)

A felvilágosodás eszmei irányzatát a természettudományos gondolatiság terén a következők jellemezték:

- megjelent az elfogulatlan és ésszerű vizsgálódás, a dogmák felülvizsgálatának vágya,
- az ész mindenhatóságába vetett hit.
- Merj gondolkodni (Sapere aude – Horatius felszólítása, amely a felvilágosodás jelmondata lett).
- A világ megismerhető. A tudás forrása a megfigyelés és a tapasztalat.



Az élővilág változatlanságával kapcsolatos nézetek megkérdőjeleződése akkor merült fel, amikor először kezdték tudományosan vizsgálni a különféle fosszíliákat. A fosszíliák vagy ősmaradványok az élőlények különbözőképpen megőrződött maradványai. Az ilyen irányú kutatások terén úttörőmunkát végzett **Georges de Cuvier** (1769 –1832) francia természettudós, akit ma az őslénytan atyjának tekintünk.

Megfigyelte, hogy a különböző földtani rétegekből előkerült fosszíliák különböznek egymástól, minél mélyebbről kerül elő egy maradvány, annál régebbi, ill. annál jobban különbözik a jelen élő képviselőktől. Nem hitt a folytonos változásokban, azt gondolta, hogy az állatfajok állandóak és nem változnak. Tapasztalatát katasztrófaelmélettel

magyarázta, mely szerint a kihalt élőlények katasztrófák során pusztultak el, s az új fajok a pusztulás után másként fejlődtek ki.

Cuvier katasztrófaelmélete szemben állt kortársa, Jean-Baptiste de Lamarck jövőbe mutató evolúciós elméletével.

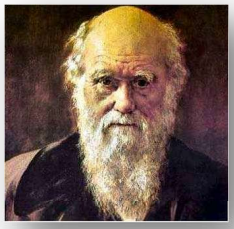
Jean-Baptiste Antoine de Lamarck, (1744-1829) francia orvos, Darwin előfutára. Először fogalmazta meg, hogy az élőlények nem állandóak. Ő használta először a biológia kifejezést.

Lamarck úgy gondolta, hogy az élőlények egy megváltozott környezetben új viselkedésformákat alakítanak ki, amelyek aztán felépítésbeli változásokat vonnak maguk után, amelyek átöröklődnek az utódaikra, azaz szerinte a szerzett tulajdonságok öröklődnek (lamarckizmus: a szerzett tulajdonságok örökölhetősége). Lamarck szemléletét később sokáig elvetették, azonban újabban az epigenetikai kutatások fejlődésével ismét a tudósok látókörébe került.

Lamarck szerint az életformák lépcsőzetes sort alkotnak a legegyszerűbbtől a legbonyolultabb élőlényekig a kialakulásuk sorrendjében. Úgy gondolta, hogy az élőlények mindig alkalmazkodnak a környezetükhöz, melynek eredményeként folyamatosan változnak, átalakulnak egymásba, új és új formáik jönnek létre. Munkáiban két "törvényt" állapít meg:

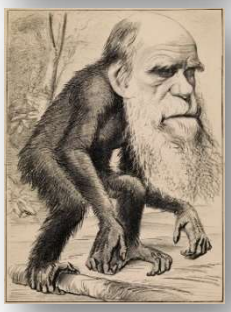
- Az első szerint, a szervek tökéletesednek az ismételt használat során, és gyengülnek akkor, ha nem használják őket.
- A második törvény szerint, a szervek környezet által meghatározott változása öröklődik, azaz megőrződik a szaporodás során, és átkerül az új egyedekbe is. Szerinte a zsiráf első lába és nyaka azért nyúlt meg, mert az állat folytonosan nyújtózkodott az élelemért. A megnyúlt nyakat az egyedek tovább örökítették.

Darwinizmus



Az **evolúcióelmélet kidolgozója és névadója Charles Darwin** (1809 – 1882) angol természettudós.

Nem Darwin fogalmazta meg az evolúció elméletét, jelentősége nem ebben áll, hanem **ő volt az, aki először megalkotott egy tudományosan kidolgozott mechanizmust az evolúció magyarázatára.**



A fajok átalakulását a tudósok jelentős hányada elfogadta Darwin előtt is, azonban meggyőző magyarázatot Darwin adott **A fajok eredete** (1859) című művében a fajok kialakulására, az élőlények sokféleségére. A mű fogadtatása a várakozásoknak megfelelően elutasító volt, de később a tudományosan megfogalmazott elmélet lassan elfogadottá vált. (A mű teljes címe: A fajok eredete természetes kiválasztás útján, vagyis az előnyös változatok fennmaradása a létért folyó küzdelemben.)

A 22 éves Darwin természettudományos gondolkodására óriási hatást gyakorolt Beagle nevű hajóján tett 5 évig tartó világkörüli tudományos expedíciója, melynek során jutott el a **Galápagosi-szigetcsoportra** is. Mire hazaért, már valóban biztos volt abban, hogy az evolúció létezik, de még nem találta meg működésének mechanizmusát.

Később, Lamarck gondolatait a természetes kiválasztódás, a természetes szelekció elméletével egészítette ki. Darwin **elmélete közvetlen megfigyelésen alapult**. Úgy vélte, hogy a **természetben több egyed születik, mint amennyi később életben maradhat**, mert a környezet erőforrásai végesek. Mivel **a fajon belül az egyedek nem egyformák**, Darwin szerint a **természetes szelekció (kiválogatódás) során a létért való küzdelemben az alkalmas változatok – a rátermettebbek - fennmaradnak, tulajdonságaikat tovább örökíthetik, míg a kevésbé alkalmasak elpusztulnak, kiszelektálódnak**.

A folyamatban az élőlények **öröklődő tulajdonságai közül az előnyös jellegek gyakorisága nő, az előnytelenek gyakorisága pedig csökken az egyes nemzedékek során**. Ha az előnyös ismertetőjegyek az öröklődés során átadódnak a következő nemzedéknek, akkor idővel túlsúlyra juthatnak a populáción belül, és a **változások új faj létrejöttét eredményezhetik**.

Az **élőlények ezáltal alkalmazkodnak – adaptálódnak - az adott környezethez**. **A környezeti tényezők megváltozása azonban új alkalmazkodási folyamatot igényel, melynek során előtérbe kerülhetnek korábban semleges vagy akár hátrányos tulajdonságok is a populációban.**

Tehát **az evolúció olyan folyamatos változások sorozata, melynek során a fajok egyes öröklődő jellegeinek gyakorisága nemzedékről nemzedékre változik**.

Az evolúció jellemzői tehát

- **a szaporodás,**
- **az öröklődés**
- **és a változatosság.**

A **Manchester környéki nyírfaaraszoló lepkéknek világos és sötét mintázatú változatai ismertek**. **A 18. század első felében e lepkének szinte csak a világos példányai fordultak elő**, mivel a nyírfák világos kérgén a sötét mintázatú egyedeket a madarak könnyen észrevették és elfogyasztották (kiszelektálták). **A sötét színű egyedek gyakoriságát a szelekció folyamatosan alacsonyan tartotta.** Az **ipari forradalom idején** sötét koromszennyezés borította be a fák kérgét, aminek köszönhetően a **világos egyedek váltak feltűnővé**, ezért néhány évtized alatt a környék nyírfaaraszoló **populációiban a sötét és világos példányok aránya megfordult**.

A fentiek szerint evolúciós változást eredményezhet az is, ha egy populáción belül folyamatosan változik az egyes tulajdonsággal jellemezhető egyedek aránya, gyakorisága, azaz a törzsfejlődéshez nem feltétlenül szükséges új tulajdonságok megjelenése.

Az élőlények csoportosítását **rendszerezésnek** nevezzük. A rendszerezés során az egyes elemeket halmazokba – csoportokba – soroljuk, majd az különféle halmazokat tovább csoportosítjuk egyfajta rendszerezőelv szerint.

Az élőlények csoportosításának, a rendszerezésnek célja az élővilág áttekinthetősége.

- Több mint 500 000 növényfaj (botanika),
- min. 1,5 millió állatfaj (zoológia),
- legalább 100 000 gombafaj (mikológia) ismert,
- a mikroszkopikus élőlény fajok – mikroorganizmusok - számát még megbecsülni is nehéz (mikrobiológia).

Alapvetően **kétféle elv szerinti rendszer** létezik.

- **Mesterséges**: **kiragadott, önkényesen választott bélyegek alapján rendszerez.**
- **Természetes**: a **fajok rokonsági viszonyait tükrözi**, alapja az élővilág törzsfejlődése, az evolúció.

Mesterséges rendszerek

Az első tudományos igényű rendszer megalkotója **Karl Linné** svéd orvos, természettudós (1707 – 1778). Fő műve:1735, Systema naturae.

Linné érdemei:

- Rendszerének alapegysége a faj.
- Megalkotta a rendszertani kategóriákat.
- Bevezette a kettős nevezéktant.

Linné a növényeket önkényesen pl. a porzók száma, portokok helyzete, párta alakja stb. alapján csoportosította.

A rendszerezés alapegysége a faj. Biológiai értelemben mindazon egyedek egy fajba (biológiai faj fogalma) tartoznak, melyek:

- **lényeges külső és belső tulajdonságaikban nagymértékben hasonlóak,**
- **egymással szaporodni képesek,**
- **önmagukhoz hasonló, termékeny utódot hoznak létre,**
- **(származásuk közös).**

A rendszertani kategóriák

Faj = Species	Homo sapiens – bölcs ember
Nemzettség = Genus	Homo - ember
Család = Familia	emberfélék
Rend = Ordo	főemlősök
Osztály = Classis	emlősök
Törzs = Phylum	gerincesek

Mindegyik kategóriának lehetnek alcsoportjai is, pl. alosztály, alrend stb.

A faj alatti rendszertani kategóriák

Alfaj:

Önálló földrajzi elterjedésű csoport, melynek egyedei jobban hasonlítanak egymáshoz, mint a faj többi egyedéhez (pl. emberi nagyrasszok).

Fajta:

Mesterségesen – nemesítéssel, tenyésztéssel - **létrehozott** faj alatti egység (kutyafajták).

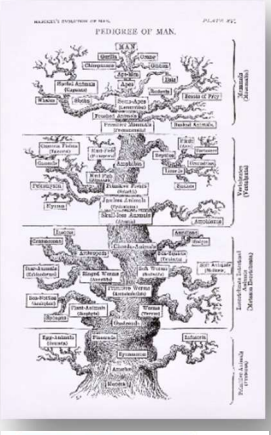
A kettős nevezéktan

Minden faj latin neve 2 névből áll:

1. név: nemzettség neve,
2. név: faji különbség.

Pl. Canis familiaris – házi kutya
Canis lupus – farkas
Canis aureus – sakál

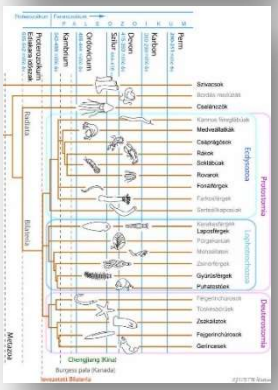
A latin név egyből felhívja a rokon fajokra a figyelmet, hiszen a leszármazási kapcsolatban lévő, egymással rokon fajok egy nemzettségbe tartoznak. Természetesen **Linné** nem az evolúciós viszonyok szerint, hanem **külsődleges jellegek alapján sorolta a hasonló fajokat egy nemzettségbe.**



A természetes (fejlődéstörténeti) rendszerek

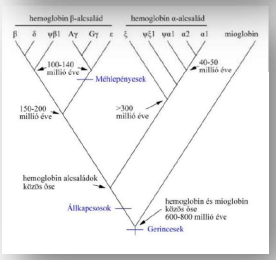
A fajok rokonsági viszonyait tükrözi. Alapja az élővilág törzsfejlődése, az evolúció. Darwin munkássága nyomán alakulnak ki a fejlődéstörténeti rendszerek, melyekben a csoportosítás alapjául a fajok leszármazási – rokonsági – viszonyai szolgálnak.

Régebben – a XX. század végéig – a különféle rendszerek az élőlények külső és belső megfigyelhető tulajdonságainak összehasonlításával próbálták a rokonsági viszonyokat megítélni (fenetika). Ez alapján ún. **törzsfákat** készítettek, melyek szemléletesen **tükrözik az egyes csoportok rokonsági kapcsolatait**.



A modern ún. **filogenetikai** – élőlények törzsfejlődésének történeti folyamatán alapuló - **rendszerek** készítésekor, már bizonyos **molekulák** – nukleinsavak (DNS), fehérjék - **szerkezetének az összehasonlításával következtetnek** a tudósok az **élőlények leszármazási kapcsolataira**. **Minél nagyobb a hasonlóság két faj adott molekulái** – pl. gerincesek esetén a hemoglobin aminosav-sorrendje – között, **annál közelebbi rokoni kapcsolatban állnak**.

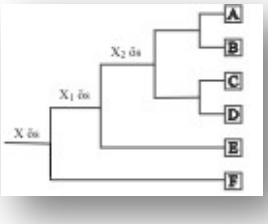
Ezek segítségével a kutatók ma már **molekuláris törzsfákat** készítenek. A DNS vizsgálatának óriási előnye, hogy matematikai módszerekkel is elemezhető, így sokkal pontosabb, mint az egyes önkényesen kijelölt, külsődleges jellegek értékelése alapján megbecsült leszármazási viszony.



Kladisztika, filogenetikai törzsfák

A kladisztika olyan rendszerezési eljárás, amelyben **az élőlényeket kládoknak nevezett rendszertani csoportokba osztják be az evolúciós leszármazási kapcsolataik alapján**. A rokonsági viszonyok elemzésénél a **különbségek számítanak**, tekintve, hogy a **fajok közti különbségek a törzsfejlődés során időben egymást követő hasadásokból keletkeztek**.

Az evolúciós leszármazást feltüntető diagram a **kladogram**; ez kettéágazó ágakból álló fára emlékeztető rendszer. Az **elágazások egy közös ősből – csomópont - kiinduló szétváló fejlődést mutatnak.** A leszármazási viszonyok ábrázolására szolgáló fastruktúra sokféle változata ismert. Pl.:



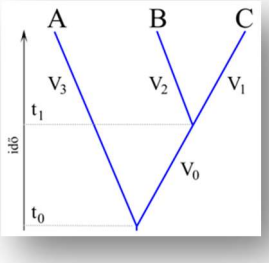
- **Az A-tól F-ig jelölt fajok alkotnak egy kládot, mivel van egy közös X ősük**;
- az A-tól D-ig tartó betűkkel jelölt fajok egy másik ranggal rendelkező kládot alkotnak, mivel a közös ősük az X_2.
- A C-től az F betűig jelölt fajok nem alkotnak kládot, mivel **egy kládnak a közös őstől eredő összes leszármazottat magába kell foglalnia.**

Tehát egy klád, egyetlen közös ősből leszármaztatható élőlények csoportja, mely magába kell, hogy foglalja a közös őstől levezethető összes csoportot.

Az előbbiek alapján a **biológiai faj fogalmát ki kell egészítenünk az evolúciós (filogenetikai, kladisztikus - faj fogalmával**: **egy fajba tartoznak mindazok az élőlények**, melyek a **közös ősre vezethetők vissza**, ill. melyek elkülönülve más egységektől**, önálló egységet alkotnak**.

A filogenetika a leszármazási kapcsolatok vizsgálatával foglalkozik, így a filogenetikai törzsfák tehát jól tükrözik az élőlénycsoportok evolúciós leszármazási kapcsolatait, rokonsági viszonyait.

Az ábra egy három egységből (A-C) – fajból - felépülő filogenetikai fát szemléltet.



A gyökér helyzetét itt egy vonal jelzi a fa alján. A fának a gyökér mellett egy további belső csomópontja és négy ága van, melyek hosszát v0, v1, v2 és v3 jelöli. A belső csomópont a B és C csoportok utolsó, kizárólagos közös ősének feleltethető meg, amely nem őse az A egységnek.

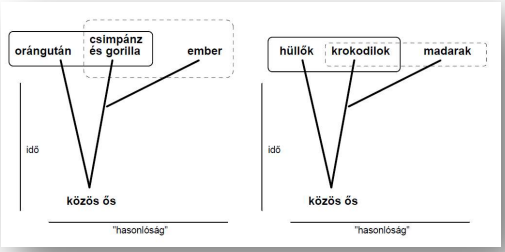
Egyes esetekben a csomópontokhoz idő is rendelhető, esetünkben t0 a közös őstől való elválás kezdetét, vagyis A, illetve B és C közös ősének szétválását, t1 pedig a B és C egységek később bekövetkező elkülönülésének kezdetét jelzi.

Mivel B és C egységek későbbi közös őssel rendelkeznek, közelebbi rokonai egymásnak, mint B az A vagy C az A egységnek.

Egy törzsfaj kettéhasadásakor két utódfaj keletkezik. Az egyik rendszerint megtartja ősi vonásait, a másik a megváltozott életkörülményekhez való alkalmazkodás során új vonásokat fejleszt ki. Ezek a testvércsoportok vagy testvérfajok. Ezeknek azonos kategóriaranggal kell rendelkezniük. A filogenetikai rokonság értelmében két faj csak akkor van szorosabb rokonságban egymással, mint egy harmadik fajjal, ha egy törzsfajból vezethetők le, amely ugyanakkor nem törzsfaja a harmadiknak is. A három faj közös törzsfajának tehát idősebbnek kell lennie, mint a két faj törzsfajának. A kladogram időbelileg egymásra következő elágazásai ily módon meghatározzák a kategóriák sorrendjét.

Fenetikus vs. kladisztikus osztályozás

Forrás: Korsós Zoltán



Külső hasonlóság alapján azt tartjuk, hogy az ember jól elkülönül az emberszabású majmoktól, csakúgy, mint a madarak a hüllőktől (beleértve a krokodilokat is); ez megfelel a hosszú idő óta elfogadott, közismert osztályozásnak (folytonos vonalú keret). Ezt a nagyobb különbséget mutatja az ábrán a vízszintes koordináta („hasonlóság”) mentén ábrázolt nagyobb távolság.

Egyes fosszilis adatok, majd újabb genetikai és biokémiai vizsgálatok azonban mindkét példánál a hagyományostól eltérő csoportosításhoz vezettek. Eszerint az elgondolás szerint az „ember” vonal időben később vált el a csimpánztól és a gorillától, mint azok az orángutántól; hasonlóképpen a madarak csak később különültek el a hüllőktől korán levált krokodiloktól (függőleges koordináta: „idő”).

A régebbi, tradicionális értelmezésben (fenetika) az osztályozás alapját a morfológiai hasonlóság képezi, és ez, ahogy a „törzsfa” mutatja, nem felel meg a valódi leszármazási kapcsolatnak; az újabb, evolúciós értelmezésben (kladisztika) viszont olyan bélyegeket választunk az osztályozás alapjául, amelyek jobban tükrözik a törzsfejlődést, ezért a rajtuk alapuló osztályozás a valódi leszármazási kapcsolatoknak felel meg. Az embert tehát a gorillával és a csimpánzzal, a madarakat pedig a krokodilokkal közös csoportba kell sorolni, ami érthető módon még ma is meglehetősen felkavarja a közvéleményt (szaggatott vonalú keret). Az „emberszabású majmok” és a „hüllők” csoportnevek pedig leszármazási értelemben nem léteznek.

Populációgenetika, evolúciógenetika

A populációk genetikai összetételének leírása

A Hardy-Weinberg modell

A **populációgenetika** tudománya a **populációk genetikai összetételével**, illetve a **genetikai összetételt változtató mechanizmusokkal** foglalkozik.

Genetikai értelemben egy populációba **egy faj azon egyedei** tartoznak, amelyek **tényleges szaporodási közösséget alkotnak**. A populáció génállományát a populációban lévő allélok összessége adja. A különböző allélok különböző gyakorisággal fordulnak elő.

Godfrey Harold Hardy (1877-1947) a Cambridge-i Egyetemen folytatott matematikai tanulmányokat, majd ezután ugyanitt dolgozott matematikusként. Ebben az időben Mendel munkájának újrafelfedezése számos kételyt ébresztett. Sok biológus nem értette, hogy a domináns tulajdonságok miért nem válnak generációról generációra gyakoribbá vagy másképpen fogalmazva a domináns allél kiszorítja-e a recesszív allélt a populációból? Reginald Punnett Hardyhoz fordult ezzel a kérdéssel, akivel együtt krikettezett. Hardy 1908-ban megjelent "Mendelian proportions in a mixed population" című cikkében adta meg a választ.

Tehát a kérdés az, hogy **megváltoznak-e az allélgyakoriságok** az egyes nemzedékekben?

A **populációgenetika statisztikai módszerekkel dolgozik**, ami szerint a statisztika a véletlen tömegjelenségekkel, ezek törvényeivel foglalkozik.

A relatív gyakoriság fogalma

A **relatív gyakoriság tapasztalati véletlen mennyiség**. Egy **érték relatív gyakoriságát** úgy kapjuk meg, hogy **abszolút gyakoriságának értékét elosztjuk a sokaság elemszámával**. A relatív gyakoriság azt mutatja meg, hogy egy adott érték az összes elem hányad részét alkotja.

Például egy kockadobálás eredményei a következők:

Dobókockával dobjunk 120-szor,

- a dobott számok: 1, 2, 3, 4, 5, 6,
- abszolút gyakoriságuk: 18, 23, 19, 22, 21, 17,
- **relatív gyakoriságuk**: 0,15 0,192 0,158 0,183 0,175 0,142

A relatív gyakoriság 0 és 1, illetve 0% és 100% közötti értékeket vehet fel. A relatív gyakoriságok összege mindig 1, illetve 100%.

Genotípus- és allélgyakoriságok, a populációk genetikai összetételének leírása

Egy populáció genetikai összetételét a populációban előforduló

- **allélek** (**A** és **a**), **relatív gyakoriságuk p** és **q** és
- **genotípusok** (**AA, Aa, aa**) **gyakoriságaival D, H, R** írhatjuk le.

Például egy 1958-ban végzett vizsgálat szerint egy japán faluban a lakosság az MN vércsoportra nézve a következő megoszlású volt:

- M vércsoportú 406 személy,
- MN vércsoportú 744 személy,
- N vércsoportú 332 személy.

1. Mennyi az egyes vércsoportok relatív gyakorisága?
2. Mennyi az egyes genotípusok relatív gyakorisága?
3. Mennyi az egyes allélok relatív gyakorisága?
4. Mennyi az M allélt hordozó ivarsejtek relatív gyakorisága?

1.

- M vércsoportúak relatív gyakorisága 406 : 1482 = 0,27 (D)
- MN vércsoportúak relatív gyakorisága 744 : 1482 = 0,50 (H)
- N vércsoportúak relatív gyakorisága 332 : 1482 = 0,23 (R)

2. Ugyanazok a gyakoriságok, hiszen ebben az esetben a genotípusok megegyeznek a fenotípusokkal.

3.

MM	MN	NN
↓	↙ ↘	↓
2 x 406 M	**744 M 744 N**	**2 x 332 N**

Az M allél relatív gyakorisága: $(p) = \frac{2 \cdot 406 + 744}{2 \cdot 1482} = 0{,}52$

Az N allél relatív gyakorisága: (q) = 0,48 (1-p)

4. <u>0,52</u>

<u>Általánosítva</u>; például egy **két alléllel rendelkező autoszómás gént** vizsgálva legyen

- az ***AA*** **genotípusú** egyedek **relatív gyakorisága** ***D***,
- az ***Aa*** genotípusúaké ***H***,
- az ***aa*** genotípusúaké pedig ***R***
- **(*D+H+R = 1*).**

A ***D, H, R*** **genotípus-gyakoriságok megállapításához** csak arra van szükség, hogy **minden egyednek** egyértelműen **meg tudjuk állapítani a genotípusát**.

- Intermedier vagy kodomináns öröklésmenet esetén ez nem jelent problémát.
- **Domináns-recesszív** öröklődésnél viszont a **heterozigótákat nem lehet megkülönböztetni a domináns homozigótáktól**, ezért a genotípus- és allélgyakoriságokat csak közvetve lehet meghatározni (lásd később).

A genotípus-gyakoriságok ismeretében könnyen kiszámolhatjuk az egyes allélek relatív gyakoriságait is.

Az ***A*** allélek az ***AA*** homozigótákban és a heterozigótákban fordulnak elő;

- az ***AA*** homozigóták minden allélja ***A***, *(p^2)*
- de a heterozigótákban csak az allélek fele ***A***. *(2pq/2)*

Ezért

- az ***A*** allél relatív gyakorisága **p = *D+H/2*;** *(= p^2 + 2pq/2)*
- az ***a*** allél relatív gyakorisága **q = *R+H/2*.** *(= q^2 + 2pq/2)*
- A két allél relatív gyakoriságának összege természetesen 1, vagyis **p+q = 1**.

Példa: egy populáció 100 egyedből áll,

- 25 homozigóta domináns AA, D = 25/100 = 0,25
- 50 heterozigóta Aa, H = 50/100 = 0,5
- 25 homozigóta recesszív aa. R = 25/100 = 0,25

Mennyi az A allél és az a allél relatív gyakorisága?

$$p = \mathbf{D+H/2} = \frac{25+50/2}{100} = 0{,}5 \qquad q = \mathbf{R+H/2} = \frac{25+50/2}{100} = 0{,}5$$

Mi a helyzet a következő generációban?

Tételezzük fel, hogy a vizsgált populáció ún. **ideális populáció,** ahol

- **nincs szelekció**, azaz az egyedek azonos eséllyel érik meg a felnőttkort,
- **nincs mutáció**,
- a szaporodás **csak ivaros úton** történhet,
- a **párosodás véletlenszerű**, **minden egyednek azonosak a szaporodási esélyeik,**
- **nincs migráció** (ki és bevándorlás) és
- a **populáció mérete nagy**, így **nincs** mintavételi hiba, ún. **genetikai sodródás.**

Ha a populációban a **párosodás véletlenszerű**, akkor az **allélgyakoriságok alapján megadhatjuk a genotípusok gyakoriságát a létrehozott zigóták között** (következő nemzedék).

***AA* zigóta** csak akkor jön létre, ha egy ***A* petesejtet** egy ***A* hímivarsejt** termékenyít meg. A **petesejtek p hányada *A*; a hímivarsejtek p hányada *A*,** mivel haploidok.

A keletkező zigótáknak tehát **p×p = p^2** hányada lesz ***AA* genotípusú**.

Heterozigóták létrejöhetnek úgy,

- hogy egy ***A* petesejtet** egy ***a* hímivarsejt** termékenyít meg (ez az összes zigóta **p×q** hányadában történik így),
- de úgy is, hogy egy ***a* petesejt** találkozik egy ***A* hímivarsejttel** (a zigóták ***q×p*** hányada). A heterozigóták gyakorisága ezért **p×q+q×p = 2pq** lesz.

Végül az ***aa* homozigóták *a* petesejtek** és ***a* hímivarsejtek** egyesüléséből jönnek létre, gyakoriságuk **q^2**

Tehát egy populációban a következő nemzedék genotípusok és allélok gyakoriságának a megoszlása:

p^2 + 2pq + q^2 = 1 amiből p = p^2 + 2pq/2 és **q** = q^2 + 2pq/2

p és q nem változik, megegyezik az előző nemzedék értékeivel.

$$\boxed{\mathbf{p^2}\ \mathrm{AA} + \mathbf{2pq}\ \mathrm{Aa} + \mathbf{q^2}\ \mathrm{aa} = \mathbf{1}}$$

Az egyenletben a p^2 a homozigóta dominánsok, a 2pq a heterozigóták, a q^2 a homozigóta recesszívek relatív gyakoriságát fejezi ki.

Másképp:

- A hímivarsejtek **p hányada *A*, q** hányada ***a*** genotípusú. Összesen p+q = 1
- A petesejteké szintén: **p hányada *A*, q** hányada ***a*** genotípusú. Összesen p+q = 1
- A párosodás véletlenszerű. Bármelyik hímivarsejt bármelyik petesejtet megtermékenyíthet. (p + q) x (p + q) = 1 azaz (A + a) x (A + a) = 1
- $\mathbf{p^2 + 2pq + q^2 = 1}$ amiből $\mathbf{p} = p^2 + 2pq/2$ és $\mathbf{q} = q^2 + 2pq/2$

Egy példa: Kiindulási populáció alléljeinek relatív gyakorisága:

- p (A) = **0.6**
- q (a) = **0.4**
- A **allélt tartalmazó hímivarsejtek gyakorisága p = 0.6**
- **a allélt tartalmazó hímivarsejtek gyakorisága q = 0.4**
- Összesen: 0.6A + 0.4a = 1
- A petesejteké szintén: 0.6A + 0.4a = 1
- A megtermékenyítés véletlenszerű: (0.6A+0.4a). (0.6A+0.4a) = 1
- A következő nemzedék tehát: 0.36AA + 0.48Aa + 0.16aa = 1
- Amiből A allél gyakorisága: (D+H/2) = 0.36 + 0.48/2 = 0.6 $p = p^2 + 2pq/2$

Ha a három genotípus gyakorisága megfelel az imént kapott $\boldsymbol{D = p^2}$, $\boldsymbol{H = 2pq}$, $\boldsymbol{R = q^2}$ **arányoknak, akkor a populáció ún. Hardy-Weinberg eloszlást mutat** (ideális populációban).

Hardy-Weinberg-szabály

Az ún. **ideális vagy zárt populációkra vonatkozó törvényszerűség**, amely kimondja, hogy az ilyen populációkban az **allélek relatív gyakorisága nemzedékről nemzedékre nem változik**.

Ha a párosodás véletlenszerű, akkor az utódnemzedék zigótái Hardy-Weinberg eloszlást követnek, allélgyakoriságuk pedig egy teljes generációváltás után változatlan.

A Hardy-Weinberg-szabály gyakorlati alkalmazása igen széles körű; a **fenotípusok megoszlásának ismeretében** bármely természetes populációban **meghatározható az allélek gyakorisága**, valamint a genotípus megoszlás is.

A **domináns-recesszív** öröklésmenetet mutató jellegeknél **nem lehet** közvetlen leszámolással **megállapítani a három genotípus gyakoriságát**, hiszen a domináns homozigótákat fenotípusuk alapján nem lehet megkülönböztetni a heterozigótáktól:

- **csak** az ***AA* és *Aa* genotípus együttes gyakoriságát (*D*+*H*),**
- illetve az **aa recesszív homozigóták *R* gyakoriságát** lehet megadni.

Ilyenkor feltételezzük, hogy a populáció Hardy-Weinberg eloszlású, és az $\boldsymbol{R = q^2}$ összefüggésből **határozzuk meg a *q* (illetve *p* = 1-*q*)** allélgyakoriságot.

A népesség 85 %-a Rh +. Milyenek a tulajdonságot meghatározó, egyes allél gyakoriságok? Hány % a heterozigóták és a homozigóta dominánsok aránya?

- $\mathbf{p^2 + 2pq + q^2} = 1$
- Az Rh-vércsoport a népesség 15 %-a, így dd relatív gyakorisága 0,15.
- $q^2 = 0{,}15$ ebből **q = 0,3872**
- **p =** 1- q = **0,6128,** ebből $p^2 = 0{,}3755$ azaz **37,5 %**
- a heterozigóták 2p.q = 0,475 azaz **47,5 %**

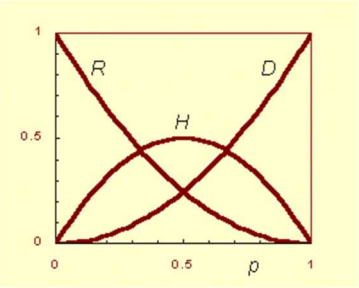
Ha ismerjük a domináns fenotípusú egyedek közül a heterozigóták arányát pl. 57%, akkor a

$$\frac{2pq}{p^2 + 2pq} = 0{,}57$$ és a p + q = 1 összefüggésekből kiszámolhatjuk p-t és q-t.

Egy populációban az Rh + egyedek aránya 79,75 %. Mekkora a valószínűsége egy Rh – gyerek születésének, ha mind a két szülő Rh +?

- Rh -: 20,25 %
- $q^2 = 0{,}2025$ $q = \underline{0{,}45}$
- $p = \underline{0{,}55}$
- $2\,pq = \underline{0{,}495}$
- a heterozigóták aránya az Rh + egyedek között: $\frac{2pq}{p^2 + 2pq} = \frac{0{,}495}{0{,}7975}$
- $\frac{0{,}495}{0{,}7975} \cdot \frac{0{,}495}{0{,}7975} \cdot 0{,}25 = \underline{\mathbf{0{,}096}}$

A Hardy-Weinberg eloszlás legfontosabb tulajdonságait leolvashatjuk, ha a **három genotípus** p^2**,** $2pq$**,** q^2 **gyakoriságát** ábrázoljuk az **allélgyakoriság függvényében**.



Ha az ***A*** **allél ritka** (**p kicsi**), akkor ***AA*** **homozigóták** ***nagyon*** **ritkán** fordulnak elő (**p^2 igen kicsi**): két eleve ritka allél nagyon ritkán kerül egy egyedbe. A ritka ***A*** allélek túlnyomó része ***a*** allélekkel találkozik, így **heterozigótákban** található.

Ugyanez igaz az ***a*** allélre, ha az ***a*** allél ***q*** gyakorisága **kicsi** (vagyis az ***A*** allél ***p = 1-q*** gyakorisága nagy).

Heterozigótákból akkor van sok, ha mindkét allél elég gyakori, az allélgyakoriságok ***p=0.5, q = 0.5.***

A mendeli öröklődés (meiózis és a gaméták véletlenszerű kombinációja) **az allélgyakoriságot nem változtatja meg (*Hardy-Weinberg törvény*).** Az allélgyakoriság akkor változhat meg, ha a fenti feltételek valamelyike nem áll fenn.

A domináns allél kiszorítja-e a recesszív allélt a populációból? **Nem**.

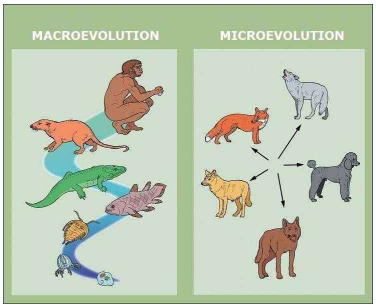
Egy **nagy létszámú populációban**, **ha nincs ki- és bevándorlás, szelekció, mutáció** stb. (ideális populáció) az **allélgyakoriság állandó.**

A Hardy-Weinberg eloszlástól való esetleges **eltérés, nem véletlenszerű párosodási rendszerre** hívja fel a figyelmet, ill. a **felnőtt egyedek** genotípus-gyakoriságai azonban pl. **szelekció** miatt is eltérhetnek a Hardy-Weinberg eloszlástól.

Evolúciós folyamatok

Az ideális populációkban az egyes allélok gyakorisága állandó, a **populáció genetikai egyensúlyban van.**

A **természetes** – **reális** – populációkra ez nem feltétlenül érvényes (ha mégis, akkor az ellentétes hatások kiegyenlítik egymást, a **populáció ekkor is genetikai egyensúlyban van**):



- Van **mutáció**.
- Az egyedek **ki és bevándorolhatnak**.
- Van **szelekció**; az egyedek rátermettsége, alkalmazkodó készsége eltérő.
- **Nem azonos az egyes genotípusok szaporodási esélye (nem véletlenszerű párválasztás,szexuális szelekció)**.
- A **populáció mérete** lehet **kicsi**.

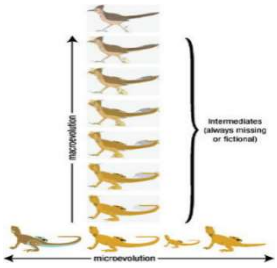
Az evolúciós folyamatok alapvetően két szintre oszthatók:

- **A mikroevolúció faj alatti szint**, ennek során egy adott faj különböző populációi eltérő fejlődésnek köszönhetően különbözővé válnak, ami új faj kialakulását eredményezheti. **Az evolúciós változások alapját a faj populációit alkotó egyedeinek genetikai változatossága biztosítja.**

- A **makroevolúció** a **faj szintje feletti** **változásokat jelenti**, azaz olyan **magasabb rendszertani egységek** – nemzetség, család stb. – **kialakulásának folyamata**, melyek már csak lazább rokonsági viszonyban állnak a kiindulási faj populációival. **A makroevolúció folyamatát**, a nagyobb rendszertani csoportok létrejöttét, az élőlénycsoportok leszármazási viszonyait megjelenítő **törzsfák** **készítésével lehet jellemezni** (amin jól látszik, hogy pl. a kétéltűek az ősi bojtosúszós halakból fejlődtek ki, tehát egy új faj kialakulása egy másik rendszertani csoport létrejöttéhez vezetett).

Mikroevolúció

A **mikroevolúció** **faj alatti szinten**, egy **populáción belül** **történő változásokat** foglalja magába. Ebbe a témakörbe tartoznak az alábbi jelenségek, ill. mechanizmusok:



- a **populációk változatossága (diverzitása)**,
- **alkalmazkodása**,
- a **fajképződés** felé mutató különféle mechanizmusok, mint pl.
  - **mutáció,**
  - **szelekció,**
  - **genetikai sodródás** stb.

A folyamatok fontos sajátsága, hogy **kis lépésekben és rövidebb időtávon zajlik**.

Már korábban megfogalmaztuk, hogy a törzsfejlődés hátterében olyan **folyamatos változások sorozata áll**, melynek során a **fajok öröklődő jellegei nemzedékről nemzedékre változnak**. Az evolúció során egy faj különböző populációiban **bizonyos tulajdonságok megritkulnak, mások gyakoribbá válnak**, ill. **új tulajdonságok jelenhetnek meg**. Ezáltal a faj populációi az idők során kisebb-nagyobb mértékben különbözőkké válnak. A változások halmozódásával a populációk egyedei oly mértékben eltérővé válhatnak elődeiktől, hogy már nem is tekinthetők egy fajba tartozóknak. A **klasszikus populációgenetika** a **génváltozatok (allélok) populációbeli arányának, ill. egyes allélok gyakoriságának megváltozását elemi evolúciós**

változásnak tekinti. **Ennek megfelelően a mikroevolúció; a populációk genetikai összetételének megváltozása az egymást követő nemzedékek során.** Tehát **az is evolúciós változást eredményezhet, ha változik az egyes fenotípusok gyakorisága, aránya, nem szükséges feltétlenül új tulajdonságok megjelenése.**

Változatosság, sokféleség, diverzitás

A **biodiverzitás biológiai sokféleség**. Az élet megjelenési formáinak gazdagságát, az élővilág változatosságát és változékonyságát kifejező fogalom. Összetettségénél fogva a biológiai szerveződés több szintjén értelmezhető. **Szintjei**:

- **genetikai diverzitás, lásd alább**,
- **faji diverzitás,** ami a **fajok számát** és egyedszám-arányait jelenti egy **társuláson belül,**
- az **ökológiai diverzitás**, ami az ökológiai **funkciók változatosságát,** a **táplálkozási kapcsolatok összetettségét**, az anyag- és energiaáramlás összetettségét jellemzi.

Genetikai diverzitás

A **genetikai diverzitásnak négy szintjét** különböztetjük meg:

- **fajok közötti diverzitás**, ami a különböző fajok eltérő génállományának, ill. fenotípusos megjelenésének a sokfélesége,

Populáció	0	A_1	A_2	B	A_1B	A_2B	Jellemzők
Dél-amerikai indián	100	0	0	0	0	0	Mindenki 0
Vietnámi	45	21	0	29	5	0	Nincs A_2, B több, mint A
Ausztrál	44	56	0	0	0	0	Nincs A_2 és B
Germán	43	33	9	11	3	1	
Bengál	22	22	2	38	15	1	B a leggyakoribb
Lapp	18	36	19	5	6	6	A_2 sok
Magyar	30	34	8	18	8	2	A a leggyakoribb

- **fajon belüli, populációk közötti diverzitás**, ami a faj egyes populációinak eltérő genetikai összetételét fejezi ki, hiszen **egy adott allél előfordulási gyakorisága eltérő lehet a különféle populációkban**, mint pl. az AB0 vércsoportot meghatározó allélgyakoriság eltérés az egyes emberi populációk között,
- **egy populáció egyedei közötti** genetikai sokféleség, ami a populáción belül fellelhető allélváltozatok egyedekben való előfordulásától függ, pl. az AB0 vércsoportrendszerben 4 féle vércsoportot különböztetünk meg, annak alapján, hogy a populáción belül a vércsoportokat meghatározó 3-féle allél – I^A, I^B, i – milyen párt alkotnak az egyedekben,
- **egy egyed DNS-ében fellelhető genetikai diverzitás**, ami a **genomon belül az egyes génpárokat alkotó allélok változatosságát jellemzi**, azaz az egyes génekre nézve mekkora arányban jelentkezik a heterozigóta genotípus (ha minden allélpár heterozigóta genotípusú, akkor szélsőségesen nagy, amennyiben minden allélpár homozigóta genotípusú, akkor szélsőségesen alacsony a diverzitás mértéke).

A faj fogalmának meghatározásánál már említettük, hogy a **közös génállomány révén**, az egy fajba tartozó **egyedek** külső és belső **felépítésükben nagymértékben hasonlóak**. **Ugyanakkor** a mikroevolúciós folyamatok szempontjából alapvetően fontos, hogy egy faj adott populációján belül az **egyedek nem teljesen egyformák**, tulajdonságaikban kisebb-nagyobb eltérés tapasztalható. Pl. két ember genetikai állománya 99,9 %-ban megegyező, de 0,1 %-ban eltérő.

A genetikai diverzitás jelentősége abban rejlik, hogy egy **nagyobb változatossággal rendelkező populáció sokkal nagyobb eséllyel képes alkalmazkodni az állandóan változó környezeti viszonyokhoz**, hiszen, ha megváltozik a környezet, a populáción belül mindig lesznek olyan egyedek, melyek az új környezetben **rátermettebbek** lesznek a többieknél. **A rátermettebb egyedek nagyobb eséllyel szaporodnak, nagyobb eséllyel örökítik át**

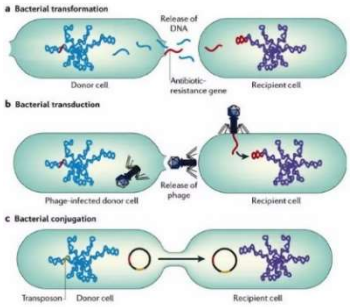
genetikai állományukat, így a következő generációkban tulajdonságaik egyre elterjedtebbek lesznek, aminek eredményeképpen a populáció lassan megváltozik (lásd Manchester környéki nyírfaaraszoló lepkék). Amennyiben a változást okozó tényezők hosszabb ideig egy irányba mutatnak, új faj kialakulására van lehetőség.

A populáción belül az egyedek genetikai diverzitásának az alapja az ivaros szaporodás mechanizmusa.

Az **ivaros szaporodás** során az alábbi események a véletlenszerű tulajdonságkombinációk „végtelen" lehetőségét biztosítják:

- az **ivarsejtek véletlenszerű találkozása**,
- az ivarsejtek keletkezésekor a meiózis során a **homológ kromoszómák kromatidái közötti szakasz kicserélődés (átkereszteződés, intrakromoszómális rekombináció)**,
- a meiózis első főszakaszának végén a **homológ kromoszómák véletlen szétválása**,
- illetőleg a DNS szerkezetében beálló változás, a **mutáció**.
- A **horizontális géntranszfer** az a folyamat, melynek során az élőlények genetikai információt adnak át egymásnak.

  Elsősorban **mikroorganizmusokra jellemző**, a génátadás legtöbbször vírusok vagy plazmidok közvetítésével zajlik, mint ahogyan azt láttuk a **baktérium transzformáció, transzdukció, ill. a konjugáció** során.



Továbbá a populáción belül az egyedek fenotípusos megjelenésének változatosságát több tényező befolyásolja. Az **élőlények tulajdonságait döntően a gének szabják meg** (az emberi zigótából nem lesz szamár, néhány kivételes esettől eltekintve). Ez a **genetikai determináltság**.

Ugyanakkor nincs egyértelmű viszony a genotípus (gének összessége), ill. a **fenotípus** (megjelenő tulajdonságok összessége) **között**, mivel az **egyes tulajdonságok kifejeződését számtalan egyéb tényező befolyásolja**, mint pl.

- az **egyes gének genetikai környezete**, azaz a **gének befolyásolják egymás hatásait**, **génkölcsönhatások** alakulnak ki, bizonyos jellegek – pl. mennyiségi jellegek – kifejeződésében akár több tucat gén is részt vehet. Ennek megfelelően érdemes **génhálózatok** működéséről beszélni.

- Másfelől **egy gén több tulajdonságot is befolyásolhat**.

- Harmadrészt bizonyos tulajdonságok kifejeződését a különféle **környezeti hatások** jelentős mértékben befolyásolhatják, mint láttuk már az **epigenetikus hatások** bemutatásánál.

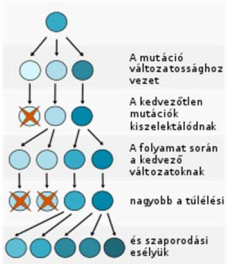
Tehát, mint már korábban tárgyaltuk az egyedek közötti különbségeket (pl. testmagasság, testsúly, vér koleszterinszint, Alzheimer-kórra való hajlam), ill. az **egyes betegségekre való hajlamot** **környezeti – pl. epigenetikai hatások - és genetikai különbségek** **összessége okozza.**

Elméletileg két azonos genotípusú egyed fejlődhet különbözőképpen eltérő környezetben, illetve két eltérő genotípus fejlődhet azonos módon is a környezettől függően. A valóságban az egyedek általában sem génjeikben, sem környezetükben nem egyeznek teljes mértékben.

A populációk genetikai összetételét módosító hatások

A populációk genetika összetételének változása átalakítja a populációt genetikailag, amely tehát evolúciós átalakulást eredményezhet.

Diverzitást növelő tényezők	Diverzitást csökkentő tényezők
mutáció	szelekció
rekombináció	genetikai sodródás, beltenyészet
génáramlás-bevándorlás	génáramlás-elvándorlás



Véletlenszerű, előre nem látható, genetikai diverzitást növelő tényezők, nem adaptív evolúciós folyamatok

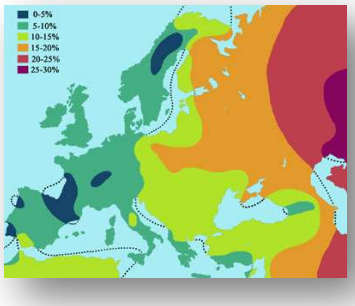
1. Mutáció

Az evolúció során az **egyes allélváltozatok mutációval jöttek** létre. **Ma az élőlények az evolúció során felhalmozódott kedvező mutációkat hordozzák.**

2. Rekombináció

A rekombináció során a tulajdonságokat kialakító genetikai tényezők újrarendeződnek, így új génkombinációk a szülőktől eltérő fenotípusokat eredményeznek.

3. Génáramlás-bevándorlás

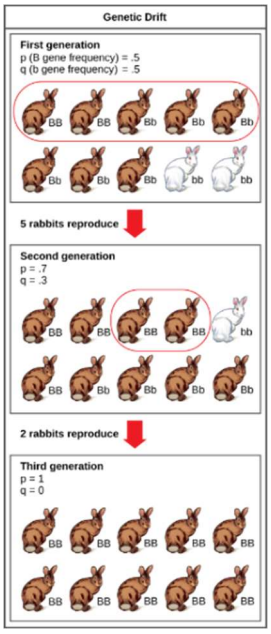


Az egymás mellett élő populációk között az **egyedek vándorolhatnak**. A bevándorlás megváltoztatja a populáció genetikai összetételét, hiszen a jövevény egyedek új allélokat hozhatnak magukkal, így megváltoztatják az eredeti allélgyakoriságokat.

Például a **B vércsoport elterjedése Európában** a tatárjárásnak „köszönhető”.

Véletlenszerű, genetikai diverzitást csökkentő tényezők, nem adaptív evolúciós folyamatok

1. Genetikai sodródás



Általában **kis létszámú, elszigetelt populációkra** jellemző. Ha egy populációban az egyedek száma lecsökken, **megváltoznak az allélgyakoriságok**, elveszhetnek hasznos, fontos allélek, ezért többnyire csökken a populáció élet- és szaporodóképessége. Az elméletileg **várt hasadási arányok nem tapasztalhatók, egyes genotípusok kiveszhetnek a populációból. Általában lerontja a populáció tulajdonságait, ugyanakkor a fajképződés egyik lehetséges útja** (pl. endemikus fajok kialakulása)**.**

A **kihalási küszöb** az a kritikus populációnagyság, ami alatt a populáció már nem szaporodóképes.

A populációk optimális nagyságának óriási a természetvédelmi – fajmegőrzési - jelentősége, ugyanis **minél kisebb az egyedszám, annál nagyobb a beltenyésztés, ill. a genetikai sodródás veszélye**, melyek a populációk genetikai leromlását eredményezik.

A genetikai sodródás szélsőséges példája az **alapítóelv**. Ilyenkor **egy nagy létszámú populáció kis egyedszámú része elkülönül**, például egy szigetre való betelepülés során vagy valamilyen katasztrófa révén. Az alapító egyedek genetikai állománya eltérhet az eredeti populáció átlagától.

Az **észak-amerikai indiánok** többsége 0 vércsoportú, míg B vércsoport nem fordul elő közöttük, ami azért meglepő, mert Amerika benépesítése Ázsia felől történt meg, ahol pedig a B vércsoport a leggyakoribb vércsoport. Korábbi elképzelés szerint egy apró, alig száz fős csoport kivált az ázsiai őslakók közül és a befagyott Bering-szoroson keresztül átvándorolt Észak-Amerikába. (Újabban kétségbe vonják ezt, több hullámban történő benépesítést valószínűsítenek.)

2. Beltenyészet

A rokonok közötti szaporodást beltenyésztésnek nevezzük, melynek során a homozigóták aránya egyre nő. A rokon egyedek nagyobb mennyiségben hordoznak hasonló allélokat, emiatt a **recesszív allélok találkozásának esélyei is megnövekednek**. A recesszív allélok leggyakrabban hátrányos jellegeket – betegségeket - alakítanak ki homozigóta formában.

Szélsőséges esete az önmegtermékenyítés, ekkor minden generációban felére csökken a heterozigóták aránya.

3. Elvándorlás

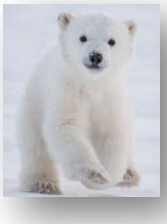
Nem véletlenszerű, genetikai diverzitást csökkentő tényezők, adaptív evolúció

Szelekció (kiválogatódás)

A **szelekció** során az **élőlények nemzedékeinek váltakozásával az öröklődő tulajdonságok közül az előnyös jellegek gyakorisága nő, az előnytelenek gyakorisága pedig csökken**. **A szelekció előfeltétele a változatosság.**

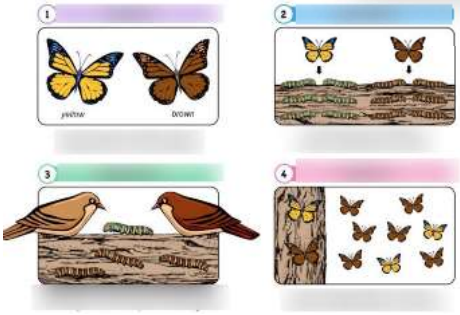
Formái a **természetes** és a **mesterséges szelekció**.

A **természetes szelekció** a **létért való küzdelemben** a **legrátermettebb genotípusok elterjedését és a kevésbé rátermett egyedek kiküszöbölődését jelenti.** A **szelekcióval a populáció – nem az egyedek - alkalmazkodik** – **adaptálódik** – az adott környezethez. A folyamatot **adaptív evolúciónak** tekintjük.



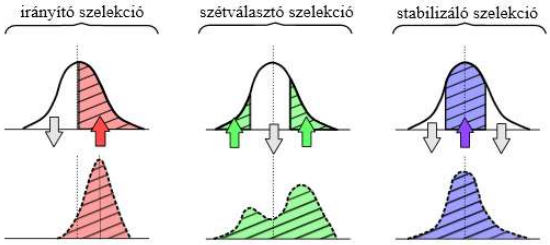
Például a **jegesmedve** nem albinó állat. Képes az emlősökre jellemző festékanyag, a melanin előállítására, szeme és bőre erősen pigmentált. A pigmentanyag azonban a szőrszálakba nem rakódik be, így annak színe fehér. Kialakulása a barna szőrű medvékből kiindulva adaptáció révén valósult meg.

A populáció egyedei – egyes genotípusai – különbözők, **eltérőek a túlélési, szaporodási esélyeik. Az egyes genotípusok túlélése, szaporodási képessége, az utódnemzedékekben való megjelenése genetikai rátermettség**étől függ. A rátermettség (fitness) egy adott genotípus megjelenésének a valószínűsége az utódnemzedékben. Ez a tényező képezi a természetes szelekció alapját.



A szelekció iránya, a mennyiségi jellegek szelekció típusai

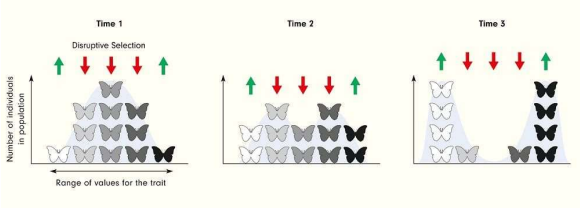
1. Irányító szelekció



- A **jelleg átlagától** valamilyen irányban **eltérő tulajdonságnak** kedvez.
- A **szélsőségeket részesíti előnyben**.
- Pl. száraz környezetben a keskenylevelű fűfajok a rátermettebbek.
- **Mesterséges szelekciónál** (nemesítésnél, állattenyésztésben, növénytermesztésben) **gyakran alkalmazott módszer**.

A **mesterséges szelekció** az ember tervszerű tevékenysége, amely révén **a számára megfelelő tulajdonságokat nemzedékről nemzedékre gyarapítja a kiválasztott élőlények csoportjaiban.**

2. Szétválasztó szelekció



- **A szélsőértékek kerülnek szelekciós előnybe az átlaggal szemben.**

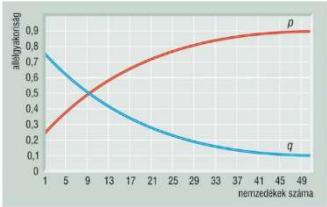
3. Stabilizáló szelekció

- **Az átlagértékek kerülnek szelekciós előnybe.**
- Természetben a leggyakoribb.
- Pázsitfűfélék levelének szélessége átlagos környezetben. A széleslevelűek könnyen kiszáradnak, a keskenylevelűek kevésbé hatékonyan fotoszintetizálnak.

Teljes és részleges szelekció, mutáció-szelekció

Ha valamely genotípus fitness értéke 0, akkor **teljes szelekcióról** beszélünk, ekkor az egyedek az ivarérettség elérése előtt elpusztulnak.

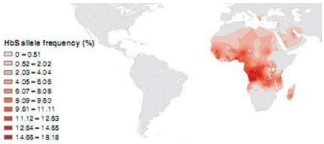
- **Domináns letális allél esetén a szelekció rögtön megvalósul**. Ugyanakkor a hibás allél a mutációs rátájának megfelelően újraképződhet.
- **Recesszív letális allél esetén csak a homozigóták (aa) szelektálódnak ki rögtön**, a heterozigótákban tovább lappanghat az allél. A nemzedékek során az allél gyakorisága csökken, előfordulási valószínűsége közelít a 0-hoz.

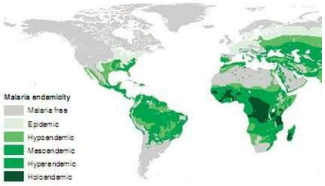


Ugyanakkor ismertek olyan speciális esetek, amikor a recesszív allél homozigóta formában letális, azonban heterozigótákban szelekciós előnyt biztosít a hordozójának. A jeleséget **heterozigóta fölénynek** nevezzük. Erre példa a **sarlósejtes vérszegénységre nézve heterozigóták gyakori előfordulása Afrikának azon területein, ahol a malária pusztít**.

Sarlósejtes anémia hátterében egy, a **hemoglobin β-lánc** génjében bekövetkezett **pontmutáció** áll, aminek következtében a **hemoglobin molekulák összecsapódnak, kikristályosodnak, oxigénkötő képességük jelentősen csökken és vörösvértestek sarló alakúvá válnak.** Mivel a károsodott sejtek szétesnek, vérszegénység, vérkeringési zavar és csökkent oxigén-ellátottság jelentkezik.

A tünetek **homozigóta egyéneknél súlyosak**, hiszen bennük kizárólag hibás hemoglobin található. A **heterozigóták esetében** a hemoglobin molekulák egy része normális, így az **összecsapódási hajlam is kisebb, így ők tünetmentesek**. **Náluk csak oxigénhiány miatt jelentkezhetnek a tünetek**, pl. magas hegyi tartózkodás, vagy erősebb fizikai terhelés esetén.





- A **homozigóta recesszívek sarlósejtes vérszegénységben halnak meg,**
- **a homozigóta dominánsok pedig malériában**.
- **Heterozigótákban** a kóros hemoglobin védelmet biztosít a malária kórokozójával szemben, így **ők nem betegednek meg sem malériában, sem sarlósejtes vérszegénységben**.

Részleges szelekció esetében az utódok életképesek, de valamiért különböző mértékű szaporodási hátrányban vannak.

A szelekció – evolúció – szintjei, többszintű evolúció

A biológiai szerveződés többszintűsége egyúttal magával hozza a szelekció, illetve az evolúciós mechanizmusok többszintűségét.

1. A **génközpontú** evolúciófelfogás szerint a **szelekció alapegységei** a tulajdonságokat meghatározó **gének**. Ennek megfelelően az evolúciót a gén szempontjából kell értelmezni, hogy egy allél másolata nagyobb eséllyel megy tovább a következő generációba, mint egy másik. **A szelekció a gének, ill. az allélok között zajlik**. A **testek egyszerűen csak helyet biztosítanak a géneknek** és elősegítik a gének továbbadását, az élőlények túlélőgépek, a gének túlélőgépei. Ezért az **"önző gén" csupán a saját túlélésében érdekelt**, nem pedig az egyedében, amelynek részét képezi.

   A természetes szelekció tehát azoknak a géneknek kedvez, melyek jól tudnak túlélőgépeket "építeni". Ebben az esetben a **szelekció az egymással versengő gének között zajlik**, és az élettartamuk, termékenységük és másolási megbízhatóságuk szerint válogat köztük. Az evolúcióban azok a gének, allélok voltak sikeresek, azok maradhattak fent, amelyek sikeresen tudták átörökíteni magukat a múltban.

2. Az **egyed szintű szelekció** a populáción belül a legfontosabb, eddig alapvetően ezzel foglalkoztunk, az eltérő fitnesz hátterében genotípus, illetve öröklődő fenotípus különbségek állnak.

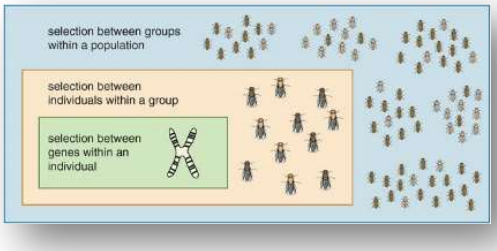
3. **Populáció szintű szelekció** során **a populációk alkalmazkodnak a környezetükhöz**. Egy **nagyobb genetikai változatossággal rendelkező populáció** – ahol egy-egy génnek igen sok alléja fordulhat elő - sokkal **nagyobb eséllyel képes alkalmazkodni** az állandóan változó környezeti viszonyokhoz. Ki kell emelni, hogy a **populáció alkalmazkodóképességének a javulása nem az egyedek valamiféle genetikai megváltozása**, **hanem a populáció genetikai összetételének megváltozása** révén következik be, aminek **mozgató rugója az egyedek közötti természetes szelekció**. A kiválogatódás során a populáció gyengébb fitneszű egyedei kisebb-nagyobb számban elpusztulnak, amely a populáció genetikai összetételének, általában allélgyakoriságának változását eredményezi (mikroevolúció).

A populáció szintű szelekció kapcsán említést kell tennünk a **koevolúció** jelenségéről. A koevolúció a biológiában **két faj egymással kölcsönhatásban történő evolúcióját jelenti**. A koevolúció során **egy populáció génállománya a természetes szelekciónak köszönhetően egy másik populáció hatására megváltozik**. A koevolúcióra számos példa ismert:

- A virágok és az őket beporzó rovarok kapcsolata.
- A paraziták és a gazdaszervezetek kölcsönhatásai.
- A ragadozók és a prédaállatok felépítése és viselkedése.
- Növények és növényevők együttes fejlődése.
- Szimbióta szervezetek alkalmazkodása.
- A lombfakadás és a lombfogyasztó rovarok megjelenésének összehangoltsága.
- Stb.

4. Szelekció az ökológiai rendszerek szintjén is zajlik. Az **ökoszisztémák** a társulások és az élőhelyek együttesei, rendszerei, **magukba foglalják az élőlények és élettelen környezetük teljes kapcsolatrendszerét**. Amennyiben **változnak az élőhely környezeti tényezői** – hőmérséklet, csapadékviszonyok stb. -, úgy **változás indul be az élő rendszerek működésében és összetételében**. Nagymértékű változás esetén **fajok halhatnak ki, új fajok jönnek létre**, miáltal megváltozik az ökoszisztémákat alkotó társulások faji összetétele, struktúrája. **Erre példa lehet a jégkorszakok ciklikus klímaváltozásai** és az ezeket követő átalakulások az ökológiai rendszerekben.

   Az **alkalmazkodóképesség kulcsa a diverzitásban**, a szervezetek, fajok, gének sokféleségében **keresendő**.



A **szelekció** tehát **több szinten zajlik egyszerre**: gének, egyedek, populáción belüli csoportok, populációk, fajok és ökoszisztémák szintjén egyszerre. Az adaptáció tehát bármely szinten működhet, a génektől az ökoszisztémákig.

A természetes szelekció speciális esetei

Önzetlen magatartás (altruizmus)

Az etológiában azt értjük **önzetlenség** alatt, amikor **egy állat tevékenysége valamelyik fajtársának, rokonának életben maradási, szaporodási sikerét növeli, azon az áron, hogy saját maga hátrányba kerül. Önzetlen magatartás akkor van, ha a segítségnyújtó egyed hátrányát meghaladja a megsegített egyed előnye**. Ez a magatartás is a populáció fennmaradásának esélyét javítja.

Olyan viselkedések, mint az altruizmus, azért alakulnak ki, mert segítik a rokonokat a túlélésben és a szaporodásban, amivel tulajdonképpen az **egyedek saját génjeik fennmaradását segítik mások testében (közös génállomány révén).**

Rokonszelekció

Minél közelebbi a családtag, annál nagyobb az önzetlenség, annál valószínűbb, hogy a génállomány közös, ezért az altruista egyed önfeláldozása nem hiábavaló.

Az ürgék és a mormoták egyes fajai – például az olimpiai mormota – füttyentenek, ha ellenséget vesznek észre. A füttyentő példány segíti a többiek életben maradását, de fölhívja a figyelmet saját magára, így valamivel nagyobb eséllyel esik áldozatul a támadónak, mint ha „önző módon” azonnal beugrott volna üregébe. Az olimpiai mormoták kolóniáiban az egymás közelében élő egyedek génkészlete részben azonos, mert rokonok, ezért a füttyentést megszabó génváltozat akkor is elterjedhet a populációban, ha egy-egy füttyentő egyed áldozatul esik a ragadozóknak.

A hangyák, méhek és darazsak egyaránt társas életet élnek, szaporodásuk rendkívül speciális:

- csak a királynő hoz létre utódokat, a dolgozók nem.
- A királynő életében egy rövid időszakban párzik, mégpedig csak egy hímmel. (A hímivarsejteket azonban élete végéig tárolja és beosztja. A királynő dönti el, hogy egy adott új petéjét megtermékenyít-e hímivarsejttel, vagy nem.)
- Ha nem, akkor a petesejtből **haploid, hím rovar** fejlődik (amelynek minden hímivarsejtje genetikailag azonos, mitózissal hozza létre a hímivarsejtjeit),
- ha igen, akkor diploid nősténydolgozó lesz. (A királynő nem más, mint speciálisan táplált nőstény.)
- Királynő - dolgozó rokonság ½ (hiszen a királynő egyik homológ kromoszómáját örökli csak).
- **Dolgozó - dolgozó rokonság: 3/4!**
    - **(az apai gének azonosak (100%),**
    - **az anyai gének azonosságának esélye ½ (50 %),**
    - **azaz génállományuk 50 %-ában azonosak (apai gének),**
    - **génállományuk másik 50 %-ában 50 %-ban (25 %) azonosak, az összesen 75 %.).**
- A dolgozók tehát egymással közelebbi rokonok, mint a saját utódaikkal lennének, ezért a dolgozónak érdekük a fejlődő peték - azaz saját testvéreik - ápolása.

Csoportszelekció-együttműködés

Olyan szelekciós folyamat, amelynek **egysége** nem az egyed, hanem **a csoport**. Az **egyedek csoportjainak növeli meg a szaporodási sikerét, életképességét**. Mivel azonban a csoport egyedekből áll, a **csoportszelekció közvetve egyedek közötti szelekció is**. **Annak a csoportnak az egyedei maradnak életben**, **amelyek** a legjobban tökéletesítették a munkamegosztást, az utódok gondozását, a védekezést és a támadást, amelyek tehát az **egyedek együttműködése révén legmagasabb szintre tudta emelni a csoport működését**.

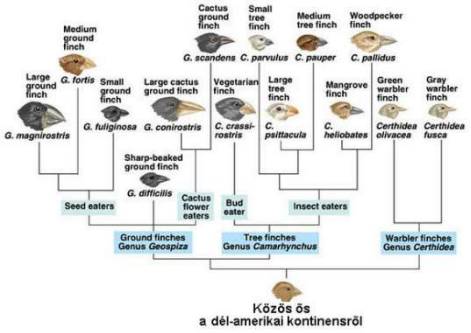
Pl. egyes csoportokban élő trópusi madarak kevesebb tojást raknak, mint amennyit fel tudnának nevelni. Ez az egyed szempontjából előnytelen, a csoport szempontjából viszont előnyös, hiszen a szűkös táplálékforrásokat így meg tudják osztani. Ha a madár nem lenne ilyen módon önzetlen, akkor minden madárnak sok utóda lenne, ami a túlnépesedés miatt a csoport létét veszélyeztetné (pl. a táplálékhiány miatt a legyengült egyedek között könnyebben pusztítana járvány).

Együttműködés-szelekcióval alakultak ki az evolúció során az egyre magasabb szerveződési szintek, mint pl. az egysejtűekből a többsejtűek, a telepes élőlényekből a szövetesek stb.

Fajok keletkezése

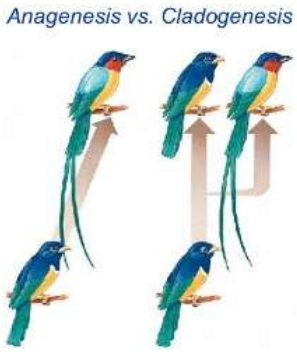
A biológiai **evolúció során** a **populációk öröklődő tulajdonságai maradandóan megváltoznak** és ennek eredményeképpen **új fajok jöhetnek létre**.

A fajképződés folyamata során egy faj különböző populációi olyan mértékben megváltoznak, hogy az őket alkotó egyedek már nem tudnak egymással szaporodni.



A genetikai összetételt megváltoztató mechanizmusok lehetnek

- **nem adaptív jellegűek**, melyek sokszor **hirtelen, véletlenszerűen, előre nem látható módon következnek be**, mint pl. a **mutáció, genetikai sodródás, migráció**,
- ill. a változás hátterében **adaptív folyamatok** is állhatnak, melynek során a populációk – nem az egyedek! - **szelekciós folyamatok következtében** lassan, fokozatosan **alkalmazkodnak a környezetükhöz.**



Filogenetikai szempontból a fajképződés történhet úgy, hogy

- **egy faj átalakul** (anagenezis, nem jön létre új elágazás)**,**
- **ill. egy fajból szétválással több képződik** (kladogenezis, új elágazás jön létre, ahol az egyik faj megtarja eredeti vonásait)**.**

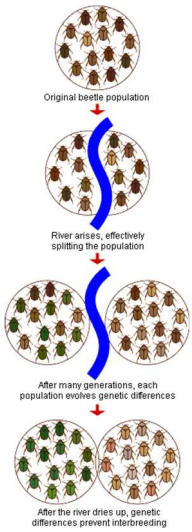
A kérdés az, hogy milyen események válthatják ki a fent említett genetikai összetételbeli változást eredményező mechanizmusokat?

1. Fokozatos evolúció

Többnyire lassú, sok generáción keresztül valósul meg.

Izoláció

A fajok térben többé-kevésbé elhatárolódó populációkból állnak. Az **izoláció során egy faj különböző populációi, ill. egy populáció egyes részei elkülönülnek egymástól**, aminek eredményeképpen az elkülönülő részek között lehetetlenné válik az egyedek vándorlása. Amennyiben a szétváló csoportok környezete megváltozik, az **elkülönülő populációk** az **adaptáció vagy a genetikai sodródás révén** sajátos – eltérő - úton fejlődhetnek.



Izoláció oka lehet:

- **Földrajzi** (Allopatrikus fajképződés)
  - Ebben az esetben a **véletlenszerű szétválás miatt** elsősorban a **genetikai sodródás hatására képződnek új fajok**.
  - Ilyen izoláció például a kontinensek vándorlása, a folyók kialakulása, ill. az egymással kapcsolatban nem álló édesvízi tavak vagy az óceáni szigetek élővilágának kialakulása során ment végbe.

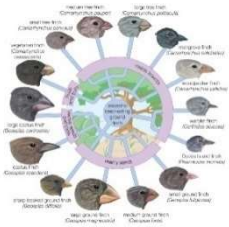
- **Szaporodási**
  - Pl. a földrajzi izoláció következtében alakulhat ki.
  - Eltérővé válhat a szaporodási időszak.
  - A szaporodási szokások megváltozhatnak.
- **Ökológiai** (Szimpatrikus fajképződés)
  - A fajok populációi ugyanazon földrajzi területen különböző élőhelyeket foglalnak el, és így általában nem találkoznak egymással. **Az eltérő ökológiai környezethez való alkalmazkodás eredményeképpen az elkülönülő populációrészek egyedei sajátos úton fejlődhetnek.**

  - Példa lehet erre a vöröshasú és a sárgahasú unka hazai előfordulása. A sárgahasú unka főleg a hegyvidékek, míg a vöröshasú a síkvidékek lakója (eltérő ökológiai környezet).

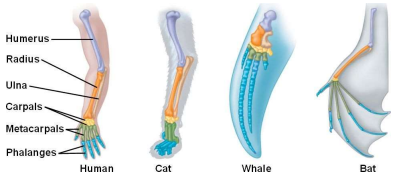
Az ökológiai fajképződés egy jellemző példája az adaptív szétterjedés (radiáció)

Előfordul, hogy a populációk egyedei a **túlnépesedés** miatt kiszorulnak eredeti élőhelyükről. Az **új élőhelyen a megváltozott körülményekhez a populációk alkalmazkodnak** (adaptálódtak), melynek során az arra alkalmas genotípusok kiválogatódnak.

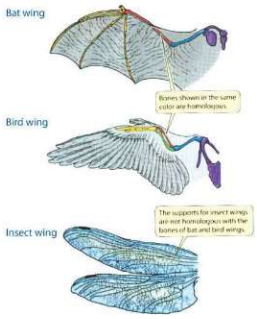
Ilyen a Galápagos-szigeteken élő pintyek példája.



- Vulkanikus szigetek, melyekre néhány egyed véletlenül vetődött.
- Először azokat az élőhelyeket foglalhatták el, mint a kontinensen,
- majd mikor azok telítődtek, új, üres élőhelyeket népesítettek be versengés nélkül.
- Ma 14 pintyfaj él a szigeteken az eredeti magevőkön kívül - virágevő, rovarevő -, melyek alkalmazkodtak az új környezethez, amit az eltérő csőrszerkezetük mutat.



Adaptív radiációval magyarázhatjuk pl. a **szárazföldi gerinces állatok különböző végtagtípusait**. Minden végtagtípus az ötujjú típusra vezethető vissza. Az ilyen hasonló eredetű, alapszabásában megegyező szerkezetű, azonban az eltérő környezethez való alkalmazkodás miatt a különböző megjelenésű szerveket **homológ szerveknek** nevezzük. Az eltérő fejlődés a **divergencia**, melynek során az élőlények egyes szerveinek a felépítése alkalmazkodik a különféle környezeti körülményekhez.



A divergenciával ellentétes fejlődés a **konvergencia**, melynek során a **törzsfejlődéstanilag eltérő eredetű és szerkezetű szervek** a hasonló környezethez való alkalmazkodás miatt **hasonlóvá válhatnak**.

A konvergens fejlődés eredményeként létrejövő hasonló szerveket **analóg szerveknek** nevezzük. Ilyen pl.

- a **rovarok és a gerincesek szárnya**,
- a vakond és a lótücsök ásólába,
- a **halak és a cetek úszói** stb.

2. Az ugrásszerű evolúció

Rövid idő – egy-két nemzedék - alatt végbemenő evolúciós változás. Néhány egyedre terjed csak ki, amelyekből új faj keletkezhet. **Módjai**:

a) Génáramlással, genetikai sodródással

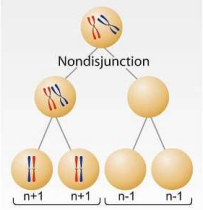
A genetikai sodródás kisméretű, elszigetelt populációkban akkor is megváltoztatja az allélgyakoriságokat, ha a környezet állandó, azonban, ha változik a környezet, a szelekció-adaptáció ráerősíthet a fajképződés folyamatára.

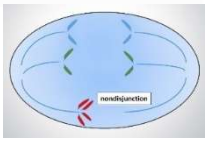
b) Génmutációval, kromoszóma-mutációval

Génmutációval új génváltozatok – allélok - alakulnak ki, melyek egy környezetváltozás során hasznossá válhatnak.

Kromoszóma-mutációval új gének, ill. allélok ugyan nem jelennek meg, de **új fenotípusok jönnek létre.**

A **poliploidizáció** (genom sokszorozódás) is hasonló eredményt hoz, ami úgy jön létre, hogy az osztódások során a **kromoszómák valamilyen módon megsokszorozódnak**, pl.





- **nem válnak szét a meiózis során**, így ugyanabba az ivarsejtbe kerül mindkét homológ kromoszóma, vagy
- megkezdik a sejtek a mitózisukat, azonban a **szétváló kromatidák ugyanabba a sejtbe kerülnek.**

A búza nemzetség tagjai közül a **21 pár kromoszómát** tartalmazó **tönkölybúza** kialakulása a kutatók szerint valószínűleg úgy történt, hogy két ősi faj, a **7 pár kromoszómát** tartalmazó **kecskebúza** és az ugyancsak **7 pár kromoszómás alakor búza** kereszteződött. Az így létrejövő hibrid előnyös tulajdonságú (nagyobb szemű), azonban a kísérletek tanúsága szerint többnyire **terméketlen**, mert a két faj kromoszómái különböző alakúak.

Nem megy végbe a meiózis, mivel a homológ kromoszómapárok összetapadása / párképzése nem lehetséges. / Nem alakulnak ki homológ párok.

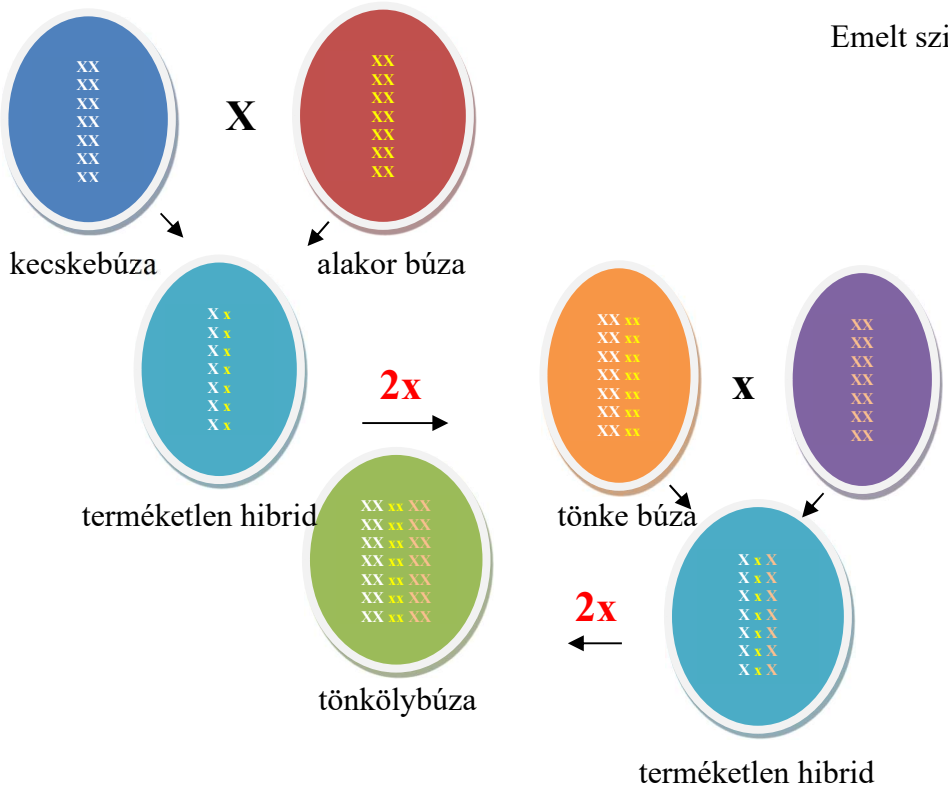
Szerencsés véletlen folytán azonban a hibrid búza összes kromoszómája megkettőződött, így már nem volt akadálya a meiózisnak: létrejött a **14 kromoszómapáros tönke búza**.

A tönke búzából az előző lépéshez hasonló módon, újabb szerencsés kereszteződés eredményeként jött létre a ma ismert tönkölybúza.

A termékeny tönkölybúza létrejöttéhez az alábbi két lépésnek kellett bekövetkeznie:

- egy másik, 7 pár kromoszómát tartalmazó fajjal való kereszteződés.
- Az így létrejött teljes kromoszómaszám (21 db (3x7)) megkettőződése (21 pár).

Emelt szintű érettségi 2010



Összefoglalva az evolúció mechanizmusai

- **Mutáció,**
- **genetikai sodródás,**
- **génáramlás,**
- **szelekció.**

Az evolúció jellemzői tehát

- **a szaporodás,**
- **az öröklődés**
- **és a változatosság.**

Az evolúciós folyamatoknak két szakasza van:

- **a változatosság kialakulása (pl. mutáció),**
- **és a terjedése (szelekció, genetikai sodródás, génáramlás).**

Az evolúció során nem szükséges új tulajdonságoknak a megjelenése, elég a meglévő típusok gyakoriságának a megváltozása.

Beltenyésztés

A rokonok közötti szaporodást beltenyésztésnek nevezzük. A párosodó egyedek nagyobb mennyiségben hordoznak hasonló allélokat, emiatt a hátrányos tulajdonságot hordozó recesszív allélok találkozásának esélyei megnövekednek, **a homozigóták aránya egyre nő**. Szélsőséges esete az önmegtermékenyítés, ekkor minden generációban felére csökken a heterozigóták aránya. Például induljunk ki egy homozigóta szülői nemzedékből:

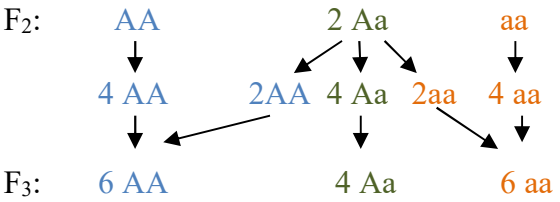
P: AA x aa a szülői nemzedékben nincs heterozigóta

P nemzedék nem beltenyésztés, hanem **hibridizáció**, mivel különböző genotípusú egyedeket keresztezünk, ekkor nő a heterozigóták aránya:

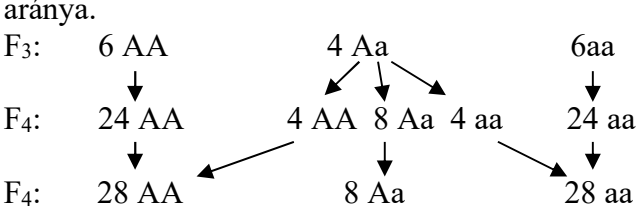
F_1: Aa mind heterozigóta 100 %

F_2: AA Aa Aa aa az F_2 nemzedékben 50 % a heterozigóták aránya
1 : 2 : 1

Önmegtermékenyítéssel **csak az azonos genotípusú egyedeket keresztezzük egymással**.



Összesen 16 egyed abból 4 heterozigóta tehát 4/16 = ¼ azaz 25% az F_3 -ban a heterozigóták aránya.



Összesen 64 egyed, amiből 8 heterozigóta, tehát 8/64 azaz **1/8** az F_4-ben a heterozigóták aránya.

Tehát a populációk optimális nagyságának óriási a természetvédelmi – fajmegőrzési - jelentősége, ugyanis minél kisebb az egyedszám, annál nagyobb a beltenyésztés, ill. a genetikai sodródás veszélye, melyek a populáció genetikai leromlását eredményezik.

Az evolúció közvetlen bizonyítékai

Az evolúció közvetlen bizonyítékaiként az **egykor élt élőlények maradványai** szolgálnak.

Fosszíliák, az élőlények különbözőképpen megőrződött maradványai, amelyek lehetnek:

- **kövületek**: valamikor élt élőlények **megkövesedett** maradványai,
- **lenyomatok**: az egykor élt élőlények testének lenyomatai (archeopteryx),
- **borostyánkövekben** (megkövesedett gyanta) **zárványként** főleg ízeltlábúak maradványai,
- **hideg által konzervált ősmaradványok** (mamutok, Ötzi).
- **Élőkövületek**, olyan **élőlények**, amelyek **túlélték azt az időszakot, amelyben virágkorukat élték** (bojtosúszós hal, hidasgyík, páfrányfenyők stb.).

Az **ősmaradvánnyá válás egyik feltétele** a **szilárd váz** megléte, mert a lágy részek kivételes esetektől eltekintve, elbomlanak. A fosszilizáció **másik feltétele** a gyors **betemetődés**, amely megvédi az elhalt szervezetet a pusztulástól. Ez a feltétel ott biztosított, ahol a **lerakódó** üledék magába zárja és megóvja az elpusztult élőlények maradványait. A fosszíliák nagyrészt a tengeri üledékes kőzetekben találhatók.

A megkövesedés során a betemetődött szervezet üregei ásványokban gazdag talajvízzel töltődnek meg, amelyből később az ásványok kiválnak, megszilárdulnak és kitöltik az üregeket, aminek köszönhetően kirajzolódik a maradvány formája.

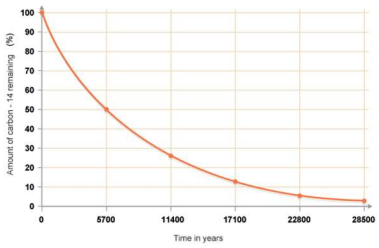
1. Abszolút (radiometrikus) kormeghatározás

A kőzetekben található **radioaktív elemek segítségével** történő kormeghatározás. A módszer alapjául a radioaktív **elemek lebomlási ideje** szolgál. A **radioaktív és a stabil anyag arányából** következtetni lehet az anyag korára.

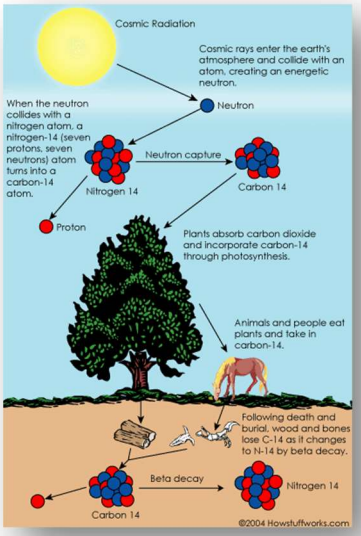
Radiokarbon módszer

A természetben a **stabil szén-12** és a **radioaktív szén-14 izotóp aránya meghatározott** és **állandónak** vett. Az élőlényekbe az egyes elemek természetes arányukban épülnek be az életük során. Ha azonban elpusztulnak, akkor további ^{14}C beépítésére nincs lehetőség, így a stabil

szénatom, a C-12 és a radioaktív szén 14-es számú izotóp aránya a radioaktív bomlás miatt változik, ezért a **^{14}C koncentrációja** a felezési időnek megfelelően exponenciálisan **csökken**. **Tehát a vizsgálandó leletben a ^{14}C és a ^{12}C arányát kell meghatározni,** amiből a felezési idő ismeretében következtetni lehet a fosszília korára**.**



A C-14-es izotóp felezési ideje **5730** év. Ennek az ismeretében a régészeti leletek kora kielégítő pontossággal meghatározható (kb. **70.000** évig visszamenőleg, 100 év eltéréssel).



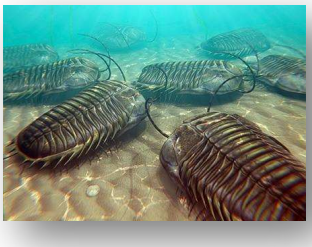
$$^{14}_{7}\mathrm{N} + ^{1}_{0}\mathrm{n} \rightarrow ^{14}_{6}\mathrm{C}^{*} + ^{1}_{1}\mathrm{p} \qquad ^{14}_{6}\mathrm{C}^{*} \rightarrow ^{14}_{7}\mathrm{N}^{*} + ^{0}_{-1}\mathrm{e}^{-}$$

A **kálium-argon** módszer is nagyon elterjedt, mert a kálium nagyon sok kőzetalkotó ásványban előfordul. Az egészen fiataltól a legidősebb **kőzetek vizsgálatára** is felhasználható. Kálium 1,3 milliárd év alatt feleződik.

2. Relatív kormeghatározás

Akkor használatos, ha **nincs lehetőség abszolút kormeghatározásra**. Az egymásra települt kőzetek alulról felfelé haladva egyre fiatalabbak. A relatív kormeghatározás legmegbízhatóbb, legpraktikusabb módszere az üledékes kőzetekben talált ismert korú **ősmaradványok** felhasználása. Az egy szintben elhelyezkedő fosszíliák azonos korúnak tekinthetők. **Ősmaradványok**:

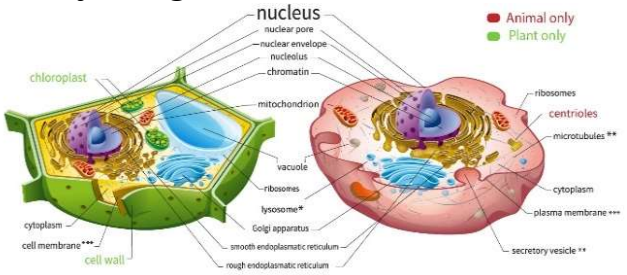
- **Trilobita**: háromkaréjú ősrák. A földtörténeti **óidő** fontos vezérkövülete.
- **Ammoniteszek**: a jura elején éltek, a földtörténeti **középkor** szintjelzői. Vezérkövületek. Akadt közöttük 1/2 cm-es törpe és 3 méteres óriás is.



Az evolúció közvetett bizonyítékai

Közvetett bizonyítékokkal a **ma élő élőlények tulajdonságaiból következtetünk** az evolúció folyamatára:

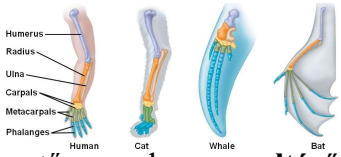
1. **morfológiai,**
2. **biokémiai.**



1. Morfológiai bizonyítékok

- **Sejttani**
  - Pl. a **növényi és állati sejtek azonosságai**, ill.
  - a **genetikai kód egyetemessége közös ősre** utalnak.

- **Embrionális**
  - **Biogenetikai alaptörvény, az embriók hasonlósága**.



- **Homológ szervek**
  - A hasonló eredetű, alapszabásában megegyező szerkezetű, azonban **az eltérő környezethez való alkalmazkodás miatt a különböző megjelenésű szerveket homológ szerveknek** nevezzük. Az eltérő fejlődést **divergenciának** hívjuk.
  - Ilyen a gerinces állatok ötujjú végtagtípusa.

- **Analóg szervek**
  - Az analóg szervek **törzsfejlődéstanilag eltérő eredetű és szerkezetű szervek,** melyek a hasonló környezethez való alkalmazkodás miatt **hasonlóvá válhatnak**.
  - Erre példa a vakond és a lótücsök ásólába.

- **Csökevényes, funkciót vesztett szervek** a környezethez való alkalmazkodás példái.
  - Futómadarak szárnycsontjai,
  - kígyók lába.

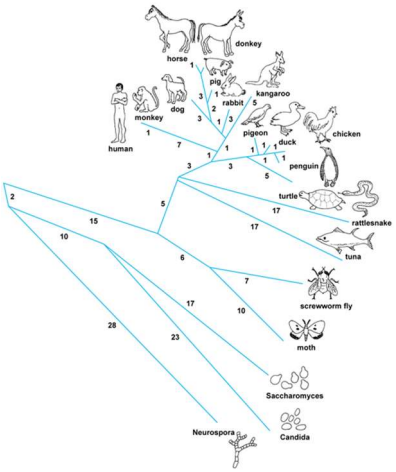
- **Atavizmus**: ősi, letűnt jellegek visszatérései.
  - Hátsó végtag megjelenése bálnáknál, kígyóknál,
  - emberi farok kialakulása,
  - vagy a 3 ujjú ló.

2. Biokémiai

Az adott vegyületek – **fehérjék, nukleinsavak** - összetételének hasonlósága, ill. különbözőségei alapján meg tudjuk határozni, hogy két faj törzsfejlődése mikor válhatott szét, mivel általánosságban elmondható, hogy minél távolabbi rokonságban áll egymással két élőlény, annál kisebb a hasonlóság, annál nagyobb a különbség a megfelelő molekuláik között.

DNS-homológia: a **DNS bázissorrendjének hasonlósága alapján** következtetnek a **közös evolúciós eredetre**, mely alapján **molekuláris törzsfa** szerkeszthető. A leszármazási viszonyok megállapításához használhatjuk a sejtmag, az Y-kromoszóma és a mitokondrium DNS-eit. Az összehasonlítás alapját képezheti a teljes genom, ill. egy-egy kiragadott gén, mint pl. a homeotikus gének, röviden **Hox-gének** szekvenciája.

A homeózis az a jelenség, amikor egyes szervek nem a megfelelő testtájakon alakulnak ki, melynek hátterében a DNS mutációja áll. A mutációt szenvedett gének az ún. Homeotikus, röviden Hox gének. A Hox gének normál esetben az állatok egyedfejlődése során a testmintázat, testtájak, végtagok kialakításában játszanak szerepet, legkisebb változásuk is drámai következményeket okozhatnak az élőlények fejlődésében.



Vagy pl. a citokróm-c enzim **aminosav-szekvencia átlagos eltérései**:

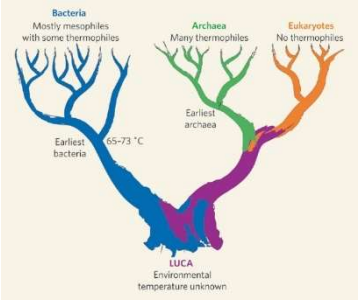
- emlős—élesztő 43—49
- emlős—hal 20
- emlős—madár 10—5

A törzsfán a vonalak mentén lévő egyes számok megfelelnek az egyes elágazások közötti mutációk számával, azaz ennyi aminosavban van eltérés.

Továbbá **alapvető biokémiai folyamatok nagyfokú hasonlóságot mutatnak**, mint pl. a biológiai oxidáció, a replikáció, az átírás az élővilágban, a fotoszintézis a növényeknél.

Az élőlények főbb csoportjai – hat ország elmélet

Az élővilág rendkívüli sokszínűségének, az élőlények szinte végtelen változatosságának ellenére, **a különféle élő rendszerek felépítése és működése alapjaiban számos közös sajátossággal bír**. Ez nem meglepő, hiszen a mai **élőlények egy hosszú törzsfejlődési folyamat eredményeként jöttek létre, aminek kiindulópontja egyetlen közös ős volt**. Tehát a ma élő összes élőlény erre a **kb. 3,8 milliárd** éve **létezett** ún. **egyetemes közös ősre** (Last Universal Common Ancestor, **LUCA**) vezethető vissza.



Az élőlényeket a sejtek felépítése alapján – később - 2 nagy birodalomba soroljuk:

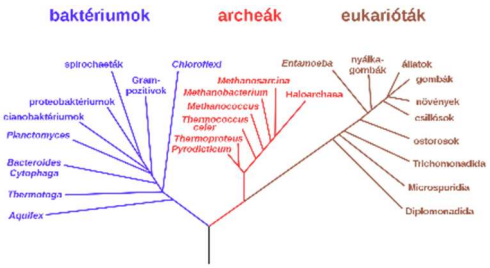
1. **prokarióták**
2. **eukarióták**

A prokariótákhoz első megközelítésben

- az **ősbaktériumok** és az
- **eubaktériumok** tartoznak.

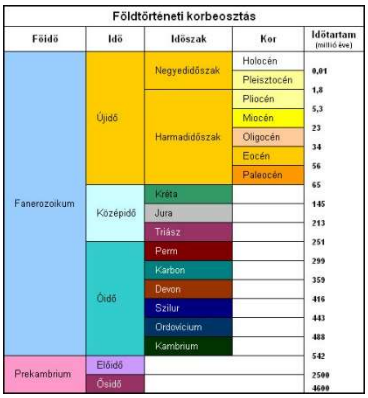
Az eukariótákat az anyagcseréjük, táplálkozásuk, szerveződésük alapján további 4 nagy egységbe – országba – osztjuk.

1. **Egysejtű eukarióták,**
2. **többsejtű gombák,**
3. **többsejtű állatok,**
4. **többsejtű növények.**



Az élővilág főbb csoportjainak evolúciós újításai

Az élővilág kialakulásáról már volt szó korábban, a prokarióták megjelenésétől egészen a többsejtű eukarióták létrejöttéig. Az alábbiakban a többsejtű növények, ill. az állatok evolúciójának fontosabb állomásait tekintjük át.



Növények evolúciója

Az **első többsejtű növények moszatok** (algák) **voltak**, melyek a korai óidő tengereiben jelenhettek meg. A magasabb rendű szárazföldi növények kialakulásának szempontjából az algák közül a **legfontosabbak az ősi zöldmoszatok voltak**. A szárazföldön egészen addig nem jelenhetett meg az élet, amíg az oxigénszint el nem érte kb. a mai értéket, aminek köszönhetően az ózonréteg vastagodása miatt a halálos UV sugarak elnyelése

olyan mértékű lett, hogy a szárazföldön megjelenő élőlényeket már nem károsította. Ez nagyjából a szilur időszak végén, kb. **400 millió évvel ezelőtt** következett be, s így a tengerek árapály zónájában élő **ősi zöldmoszatokból kialakulhattak egymással párhuzamosan a mohák és a harasztok**. Ezzel kezdetét vette a szárazföld meghódítása.

A **mohák fejlett teleptestes szerveződésűek, a szövetes szerveződési formát nem érték el.** Az **evolúció egyik zsákutcáját** képviselik, **fejlődésük megrekedt**, a magasabb rendű növények felé semmiféle kapcsolatot nem mutatnak.

A **harasztok** megjelenése az evolúció történetében merőben új fejezetet jelentett, amennyiben a **harasztok voltak az első valódi szövetes és az első valódi hajtásos – valódi szervekkel rendelkező – növények (a hajtás a leveles szár).**

A **valódi szövetek, a növényi szervek kialakulását a szárazföldi életmódra való áttérés indukálta.**

Amíg a növény vízben élt

- **nem volt szüksége gyökérre**, hiszen benne élt a tápoldatban, a **tápanyagok felszívását egész testfelületen végezte**, ennek következtében
- **szállító szöveteket sem tartalmazott**,
- **nem volt kitéve a kiszáradás veszélyének** sem, így a bőrszövetek kialakulása sem következett be,
- **mechanikai szövetek sem alakultak ki**, hiszen nem kellett a növényi testet tartani.

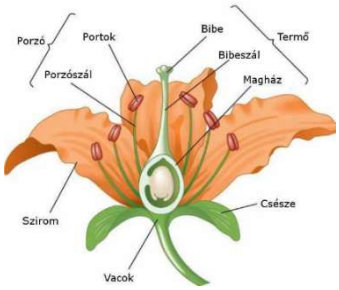
A harasztok első képviselői virágkorukat a karbonban élték, hiszen az akkori meleg, csapadékos klíma kedvezett elterjedésüknek (hiszen szaporodásukhoz víz kell), majd e korszak vége felé, a Föld klímájának szárazabbra fordulása miatt hanyatlásnak indultak, fajaik többsége kihalt.

A harasztok ősi képviselői nagytermetű, fás szárú növények voltak, törzsük átmérője a 2 m-t, magasságuk a 30 m-t is elérte. Óriási **mocsárerdőket** alkottak. Ide tartoztak a **pikkelyfák** és a **pecsétfák**, melyek nevüket a levelek lehullása után a törzsön visszamaradó jellegzetes alakú levélcsonkokról kapták. E növények maradványaiból alakultak ki a mai **kőszéntelepek anaerob bomlás** eredményeképpen, továbbá óriási jelentőségük, hogy ugrásszerűen **megnövelték a légkör oxigén tartalmát**.

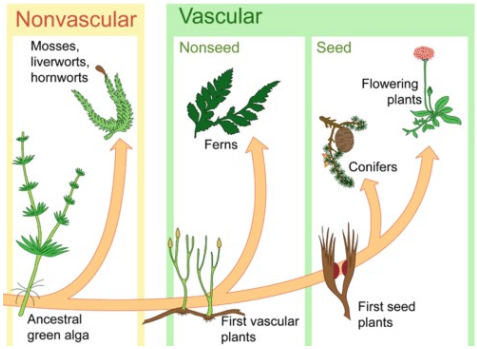
A következő nagy evolúciós ugrás a **virág és a mag megjelenése** volt, aminek köszönhetően a **megtermékenyítéshez már nem volt szükség vízre**. A földtörténet során **elsőként megjelenő virágos, magvas növények a nyitvatermők** voltak, melyek kb. **250 millió évvel ezelőtt** alakultak ki ősi harasztokból.

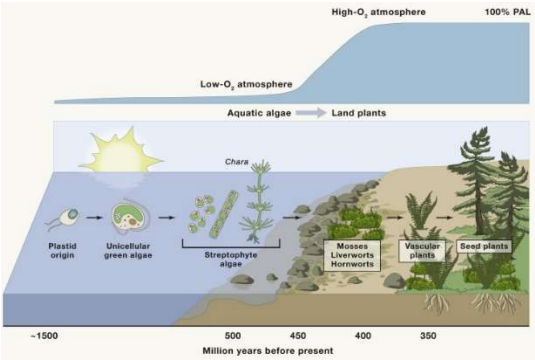
Mivel a szaporodásuk függetlenné vált a víztől, továbbá **viaszos leveleik** miatt kiválóan szabályozták vízháztartásukat, így a növények közül **elsőként hódították meg a szárazföldeket**. Mivel jól bírták a vízhiányt, a földtörténeti középkor meleg, száraz klímája kedvezett elterjedésüknek.

A ma élő legfejlettebb növények a **zárvatermők, ősi nyitvatermőkből jöttek létre**. Első képviselőik a **kréta** korban jelentek meg, kb. **120 millió éve**. A törzs a nevét a **zárt termőről** kapta.



A zárvatermőknél megjelenő evolúciós újítások: virágtakarólevelek, termő, zárt magház, termés, szállítócsövek, gyökérszőrök.

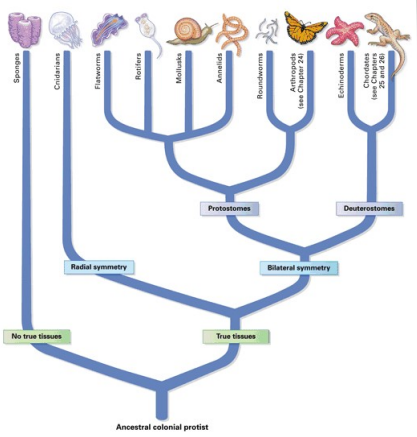




Az állatok evolúciójának fontosabb állomásai

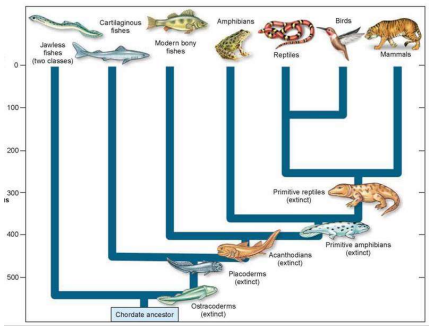
A legelső többsejtű állatok a **szivacsok** voltak, melyek azonban nem érték el a szövetes szerveződési szintet, **álszövetesek** maradtak. Első képviselőik kb. **550-580 millió éve jelentek meg**. A szivacsok **nem fejlődtek tovább**, így a fejlettebb állatok evolúciójában nem játszottak szerepet, kialakulásuk **zsákutcának** tekinthető.

A **legelső szövetes állatok** a sugaras szimmetriájú **csalánozók** voltak.



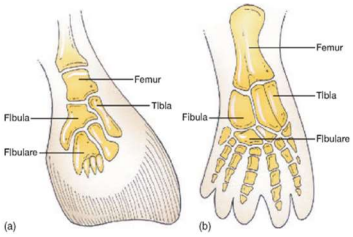
Ősi **bordásmedúzákból** jöttek létre azok az ősi **férgek**, ahol **megjelentek a testtájak** (hasi-, ill. hátioldal, a feji és a farki vég), továbbá **kialakult a kétoldali szimmetria** (bal, ill. a jobb oldal). Ezeknél az **ősi férgeknél az állatok törzsfejlődése két nagy ágra vált szét**, megindult az **ősszájú állatok** – férgek, ízeltlábúak, puhatestűek - és az **újszájú állatok** – tüskésbőrűek, gerinchúrosok, gerincesek - evolúciója.

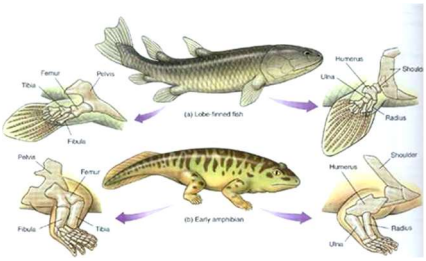
Az első szárazföldi növények – mohák, harasztok – kb. 400 millió évvel ezelőtti megjelenése lehetővé tette az állatok térhódítását a szárazföldeken. Legelsőként az **ízeltlábúak** képviselői – ezerlábúak, pókszabásúak ősei – hagyták el ebben az időszakban a tengereket.



A legegyszerűbb, **állkapocs nélküli,** halszerű **gerincesek** mintegy **500 millió** éve alakultak ki. A legprimitívebb **állkapcsos gerincesek kb. 420 millió éve jelentek meg.** A legősibb csoportjukat a későbbiekben teljesen kihalt **páncélos őshalak** alkották, melyeknek kezdetleges formáikból indulhatott ki az egyik ágon a porcos vázú – ráják, cápák -, a másik ágon a csontos vázú halak fejlődése.

A **szárazföldi négylábú gerincesek** törzsfejlődése az **ősi bojtosúszójú halak** ágától vált le, kb. **350 millió** évvel ezelőtt. A kövületek alapján az ősi bojtosúszójúak páros úszóinak belső, csontos felépítése megegyezik a magasabb rendű gerincesek végtagvázának alapszabásával, ezért a halaktól a kétéltűekhez vezető átmeneti formának tartják őket. **Páros úszóik** a szárazföldi **ötujjú végtagtípus előfutárai**, mert minden irányban **izmokkal mozgatható**, **belső csontos vázzal** rendelkeztek.





Video

https://drive.google.com/file/d/0B15KJwYa2uMFak5IS1pqWWk1MzQ/view?usp=sharing

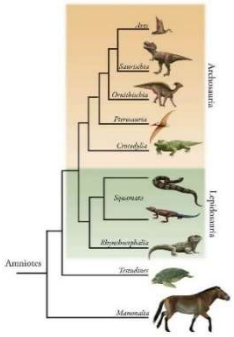
https://drive.google.com/file/d/0B15KJwYa2uMFMHB5NEpsLVlfTVE/view?usp=sharing

https://drive.google.com/file/d/0B15KJwYa2uMFRXZySGVwUEFRYjQ/view?usp=sharing

Az **első szárazföldi gerincesek kétéltűek** voltak. A **szárazföldi életmódra való áttérés** szükségessé tette:

- a szárazföldön való mozgáshoz az **ötujjú végtagtípus** kialakulását,
- a kiszáradás ellen a **bőr hámrétegének elszarusodását**,
- a légköri levegőből a gázcsere lebonyolítását végző **tüdő** kialakulását.

A kétéltűek a két világ – víz és szárazföld - határán élnek, idejük legnagyobb részét a szárazföldön töltik, ugyanakkor **testfelépítésük és főleg szaporodásuk miatt életük vízhez, nedvességhez kötött.**



Mintegy 320 millió évvel ezelőtt ősi kétéltűekből kialakultak az első **magzatburkos gerincesek,** a **hüllők**. A **hüllőkön kívül** a **madarak** és az **emlősök** tartoznak még ebbe a rendszertani csoportba. A **magzatburkok az embrió védelmét és táplálását biztosító képződmények**, **megvédik a fejlődő embriót a kiszáradástól** és így **lehetővé teszik a szaporodás, egyedfejlődés víztől történő elszakadását**.

A három csoport közös sajátsága a **szárazföldi életmódhoz való tökéletes alkalmazkodás**, az elsődleges vízi életmódtól való teljes elszakadás, amely egyrészt

- a **kültakaró hámrétegének erőteljes elszarusodásának** (amely gátolja a kiszáradást),
- másrészt a **szaporodás víztől függetlenné válásának** köszönhető (**magzatburkok (pl. tojás), belső megtermékenyítés**).

A **hüllők** virágkorukat kb. 200 millió évvel ezelőtt a **jura** időszakban élték, az egész Földet meghódították a szárazföldektől a vizeken át a levegőig. **Legsikeresebb csoportjuk** a **dinoszauruszok** voltak, amelyek kb. 65 millió évvel ezelőtt a kréta időszakban máig vitatott körülmények között – legvalószínűbb elképzelés szerint egy meteorit Földdel való ütközése miatti klímaváltozás következtében – kipusztultak.

Video

https://drive.google.com/file/d/0B15KJwYa2uMFOC14X2pSZS1RMFU/view?usp=sharing

A **tollas dinoszauruszokból alakult ki a legkorábbi ismert madár**, a **jura**kori (150 millió éve), galamb nagyságú **Archaeopteryx. Testfelépítése átmenetet mutat a mai madarak és az egykori hüllők között**, mindkét csoportra jellemző sajátságokat mutat (egyesek szerint a madarak a hüllők egyik csoportja, másképp, a túlélő dínók egy csoportja).

A madarak testfelépítése jól tükrözi a repülő életmódhoz való alkalmazkodást:

- mellső végtagjaik **szárnyakká** módosultak, farkuk elcsökevényesedett,
- **csontjaik üregesek**, **légzsákokat** tartalmaznak, könnyűek,
- testüket **tolltakaró** borítja,
- az állatvilág **legfejlettebb tüdejével** rendelkeznek,
- **nagy**, **négyüregű szívük**, **szeparált két vérkörük** van, ezért **testhőmérsékletük** viszonylag **magas** és **állandó.**

Ezenkívül jellemzően **fejlett az ivadékgondozásuk.**

Az állatvilág legfejlettebb képviselői az **emlősök**, melyek ősei ősi **emlősszerű hüllők** voltak. Az **emlősszerű hüllők** (pl. a Dimetrodon) kialakulása mintegy **300 millió évvel ezelőtt, a karbonkor végén** vette kezdetét.

A **legelső ismert emlősök** mintegy **200 millió évvel ezelőtt** jelentek meg, többségük **apró termetű**, valószínűleg **éjjel aktív, ragadozó** (rovarevő) életmódot folytató, rágcsálószerű állat lehetett.

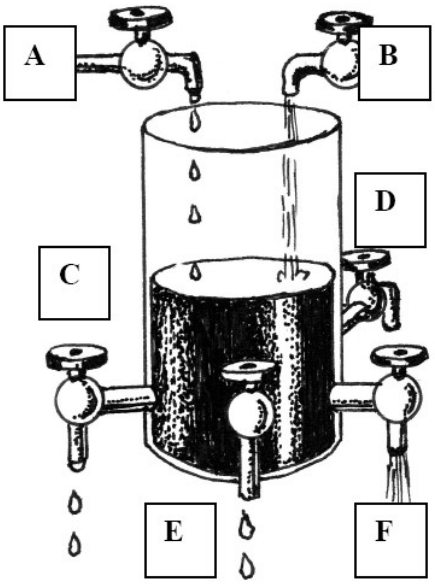
Bár földrajzi elterjedésük széles volt, csak kevés életteret töltöttek be, hiszen ebben az időszakban a hüllők számítottak az uralkodó életformának. A tömeges fajpusztulás, az ún. kréta esemény következtében a korai emlősök életlehetőségei számottevően növekedtek, mivel számos olyan élettér, amelyet korábban hüllők töltöttek be, megüresedett.

A fentiek következtében a kréta kor végétől az emlősök szinte az összes életteret és kontinenst meghódították. Az **eltérő környezethez való alkalmazkodás következtében óriási változatosságra** tettek szert (adaptív radiáció, divergencia).

Az emlősök legfontosabb megkülönböztető jellegzetességei:

- Testüket **szőr** borítja.
- Kültakarójuk számos **bőrmirigyet** tartalmaz (**verejtékmirigy, faggyúmirigy, tejmirigy, illatmirigyek**).
- Vérkeringésüket **két vérkörbe** kapcsolt **négyüregű szív,** valamint a fánk alakú, **mag nélküli vörösvértestek** jellemzik.
- **Testhőmérsékletük** szűk határok között **állandó** (kivétel: téli álmot alvók esetében).
- **Elevenszülők, anyatejjel táplálják az utódaikat, fejlett az ivadékgondozásuk.**
- **Az állatvilág legfejlettebb idegrendszerével rendelkeznek.**

Emelt szintű érettségi gyakorló feladatok



IX. A genetikai változatosság szabályozói 10 pont

Az ábrán látható szerkezet genetikai modellt szemléltet. A tartályban levő víz a populáció genetikai változatosságát (a különböző allélok számát) jelképezi, a csapok a genetikai változatosságot növelő, illetve csökkentő tényezők. Két tényező nevét megadtuk.

A leírás alapján azonosítsa a betűkkel jelölt további négy tényezőt, és írja nevüket a pontozott vonalakra!

1. **A:** Ezen folyamat eredményeként hasonló funkciójú, de eltérő aminosav-sorrendű fehérjék jelennek meg a populációban.
A folyamat neve: ……

B: Bevándorlás.

2. **C:** Ez a folyamat kis méretű populációkban erősödik fel.: ……..

3. **D**: A populációból egyedek távoznak. A folyamat neve:……..

4. **E**: Az azonos funkciójú, de eltérő aminosav-sorrendű fehérjéket hordozó egyedek szaporodásának valószínűsége eltérő. A folyamat neve:……

F: Szelektív párválasztás (az egyes ivarsejtek találkozási esélye nem azonos).

Miután azonosította a folyamatokat, adja meg néhány további jellemzőjüket! *Az ábra megfelelő betűjeleit írja az üres négyzetekbe!*

5.	Erősödő ultraibolya sugárzás hatására e folyamatok sebessége nő (föltételezzük, hogy a létszám eközben közel állandó marad).		
6.	A populáció genetikai változatosságát véletlenszerűen, kiszámíthatatlanul csökkentheti.		
7.	E folyamat eredményeként csökken az adott környezethez kevésbé alkalmas egyedek aránya a populációban.		
8.	E folyamat *csak* a szexuális úton szaporodó populációkban léphet föl.		
9.	Szigetek élővilágát összehasonlítva megállapítható, hogy minél távolabb fekszik egy sziget a kontinenstől, e folyamatok sebessége annál kisebb.		

Megoldás

1. A: mutáció
2. C: drift / genetikai sodródás
3. D: kivándorlás
4. E: szelekció / kiválogatódás
5. A és E
6. C és D
7. E
8. F
9. B és D

VII. A Ngorongoro oroszlánjai 8 pont

A Ngorongoro Nemzeti Park Tanzániának az UNESCO által a Világörökség részét is képező, kiemelt jelentőségű természetvédelmi területe. Déli és nyugati része vulkanikus hegyvidék, az itt található híres Ngorongoro-kráter kiemelkedően nagy számú őshonos fajnak ad otthont. Oroszlán-populációja azonban a 20. század második felében drasztikus változáson ment keresztül: az 1962-ig 60–70 egyedből álló populáció egy betegség hatására 10 (1 hím és 9 nőstény) egyedre csökkent. 1964-ben 7 hím vándorolt be, azóta a populáció elszigetelődött, ezt követően létszáma lassan helyreállt. A populáció szaporodóképessége azonban 1964 után is csak lassan állt helyre, a populációban – más területekhez képest – gyakoribb örökletes hímivarsejt-rendellenességek miatt.

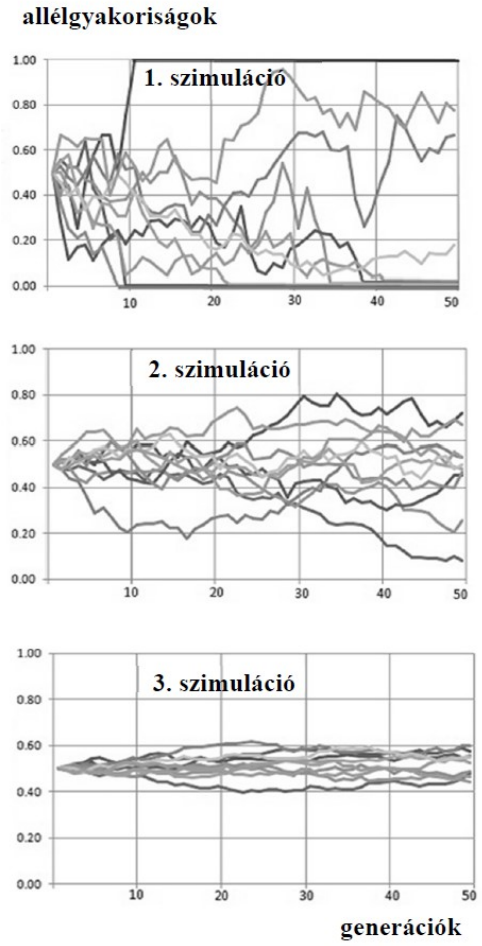
1. Milyen evolúciós változáson ment keresztül a populáció 1962-ig? A helyes válaszok betűjeleit írja a négyzetekbe! (2 pont)

   A) Adaptív
   B) Nem adaptív
   C) Génáramlás
   D) Genetikai sodródás
   E) Mutáció

2. Mi lehet a gyakoribb ivarsejt-rendellenességek magyarázata? (2 pont)

   A) Az allélgyakoriság véletlen megváltozása.
   B) A mutációk gyakoriságának megemelkedése.
   C) A beltenyésztés hatásának fokozódása.
   D) A genetikai diverzitás túlságosan gyors megemelkedése.
   E) A bevándorolt hímek által hozott fertőző betegség.

A populációkban előforduló allélok gyakorisága folyamatosan változik, aminek egyik lehetséges vizsgálati módszere a számítógépes szimuláció. A grafikonokon három számítógépes szimuláció eredményeit látja. Egy két alléllal rendelkező gén egyik alléljának a gyakoriságát követhetjük 50 generáción keresztül, három különböző szimulációs helyzetben. Az allél soron következő generációban megfigyelt arányát csak véletlen hatások módosítják. Minden szimulációt többször megismételtek, ezért lát több görbét minden szimulációnál.



3. Hat-e szelekció ezekben a szimulált esetekben?

   A) Csak irányító szelekció hat az allélokra.
   B) Csak szétválasztó szelekció hat az allélokra.
   C) Csak nem adaptív szelekció hat az allélokra.
   D) A környezethez történő alkalmazkodás hatása módosítja az allélgyakoriságot.
   E) A feltételek alapján nem hat szelekció az allélokra. ☐

A három szimulációban csak egyetlen tényezőben tértek el egymástól a populációk.

4. Mi volt ez a paraméter és hogyan változott az egyes szimulációk során?

   A) A populáció egyedszáma, ami az 1. szimuláció esetén volt a legnagyobb, a 3. szimuláció esetén a legkisebb.
   B) A populáció egyedeinek szaporodási üteme, ami az 1. szimuláció esetén volt a legnagyobb, a 3. szimuláció esetén a legkisebb.
   C) A populáció egyedeinek élettartama, ami az 1. szimuláció esetén volt a legrövidebb, a 3. szimuláció esetén a leghosszabb.
   D) A populáció egyedszáma, ami az 1. szimuláció esetén volt a legkisebb, a 3. szimuláció esetén a legnagyobb.
   E) A populáció egyedeinek élettartama, ami az 1. szimuláció esetén volt a leghosszabb, a 3. szimuláció esetén a legrövidebb. ☐

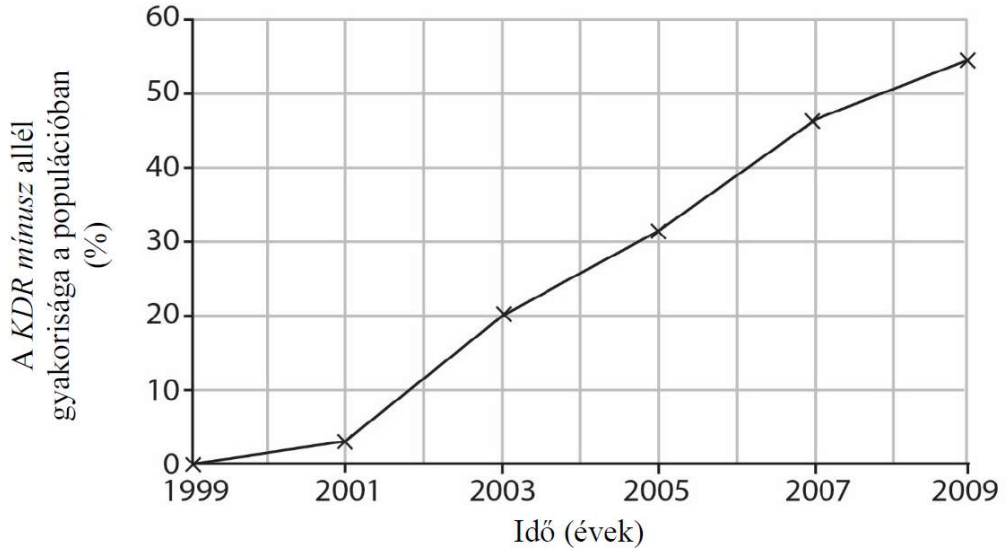
Megoldás

1.	B és D	1+1 = 2 pont
2.	A és C	1+1 = 2 pont
3.	E	1 pont
4.	D	1 pont

II. DDT-rezisztens szúnyogok 11 pont

A malária kórokozói élősködő egysejtűek (Plasmodium-fajok), melyeket a malériaszúnyogok nőstényei terjesztenek. Afrika malériával fertőzött területein sokszor még ma is a DDT nevű rovarirtóval próbálják féken tartani a szúnyog terjedését.

A szúnyogoknak ismert az úgynevezett KDR génje. A szúnyogok között megjelentek olyanok, melyek a KDR gén mutált, *KDR mínusz* alléljét hordozzák, ami heterozigóta formában is ellenállóvá (rezisztenssé) teszi őket a DDT-vel szemben. A vad típusú KDR (*KDR plusz*) allél nem biztosít rezisztenciát a rovarirtóval szemben.
A kutatók 10 éven keresztül követték nyomon a *KDR mínusz* allél gyakoriságának változását egy szúnyogpopulációban. Az eredményt az 1. grafikon szemlélteti.



1. grafikon

1. A grafikon adatai alapján számolja ki, hogy 2003-ban az (ideálisnak tekintett) szúnyogpopuláció hányad része volt rezisztens a DDT-vel szemben! Írja le a számítás menetét is! (2 pont)

2. Adjon magyarázatot a grafikonon megfigyelhető eredményre!

.....

.....

.....

3. Bár a vizsgált szúnyogpopuláció igen nagy, valójában nem tekinthető ideálisnak. Indokolja, hogy miért nem!

.....

A *KDR plusz* allél az idegsejtek membránjában található nátriumion-csatornát alkotó fehérjemolekulát kódolja. A DDT a nátriumion-csatorna fehérjemolekulájához kötődik, melynek hatására a csatorna nyitott állapotban marad (nem tud bezáródni).

4. A DDT fent részletezett hatásmechanizmusa alapján az alábbi magyarázatok közül melyek adnak helyes választ arra, hogy a DDT hatására miért pusztul el a rovar? A helyes válaszok betűjeit írja a négyzetekbe! (3 pont)

   A) Az idegsejt folyamatosan depolarizált állapotban marad.
   B) Az idegsejt nem tud depolarizálódni.
   C) Az idegsejt nem tud repolarizálódni.
   D) Az idegsejt képtelenné válik az akciós potenciál vezetésére.
   E) Az idegsejt nem tud ATP-t szintetizálni.
   F) Az idegsejt folyamatosan hiperpolarizált állapotban marad.

Az alábbi szöveg magyarázatot ad arra, hogy a *KDR mínusz* allél hogyan alakít ki rezisztenciát a DDT-vel szemben. Egészítse ki a magyarázat hiányzó részeit a megfelelő kifejezésekkel!

A KDR gén mutációja megváltoztatta a(z) (5)…….. molekula bázissorrendjét, amiről hibás (6) …… molekula íródott át. Ennek következtében a szintetizálódó nátriumion-csatorna fehérjének a(z) (7) ……. megváltozik, ami miatt módosul a fehérje (8) ……. is. Emiatt a DDT nem tud kapcsolódni az ioncsatorna-fehérjéhez.

Megoldás

II. DDT-rezisztens szúnyogok — 11 pont

A feladat a részletes követelményrendszer 4.8.1 és 6.1.2 pontjai alapján készült.

1.	*KDR mínusz* allél gyakorisága q=0,2	1 pont
	A KDR mínusz allélre heterozigóta (2pq) és homozigóta (q^2) egyedek rezisztensek a DDT-re:	
	$2pq+q^2=0,32+0,04=0,36$ / 36%-a rezisztens a populációnak.	1 pont
	A két allél más betűkkel is jelölhető.	
2.	DDT jelenlétében a KDR mínusz allélt hordozó egyedek szaporodási / szelekciós előnyt élveztek, ezért a KDR mínusz allél nagyobb arányban / nagyobb valószínűséggel jutott a következő nemzedékekbe (ami az allél gyakoriságának folyamatos növekedését eredményezte a populációban.)	1 pont
3.	A folyamatos szelekció miatt. / az allélok alkalmassága nem azonos / az allélgyakoriságok változnak.	1 pont
4.	A, C, D	1+1+1 =3 pont
5.	DNS	1 pont
6.	mRNS	1 pont
7.	aminosavsorrendje / elsődleges szerkezete	1 pont
8.	térszerkezete / konformációja	1 pont

Kihalási küszöb **9 pont**

Az alábbi szöveg a kis létszámú populációkat fenyegető veszélyekről szól. Egészítse ki a szöveget az odaillő kifejezésekkel!

Csökkenő létszámú populációkban előbb-utóbb szükségképpen föllép a közeli rokonságban álló egyedek párosodása, a(z) (1)…….…… és a génváltozatok véletlenszerű kiesése, a(z) (2)…….…… A rokonok párosodása az egyes egyedek biológiai alkalmasságát (fitnessét) csökkenti, a genetikai változatosság csökkenése miatt az egész populáció alkalmazkodóképessége is csökken. Az ilyen populációban a halandóság (3)……..…….., az egy egyedre jutó születések száma (a születési ráta) (4)…… Ezért a populáció még kisebbé válik, és a felgyorsuló folyamat kihalásához is vezethet.

5. Indokolja, miért vezet a közeli rokonok párosodása az utódok biológiai alkalmasságának (fitnessének) várható csökkenéséhez! (2 pont)

   ……

   ……

   ……

   ……

6. Magyarázza meg, hogy a genetikai változatosság csökkenése miért csökkenti az adott populáció alkalmazkodóképességét! (2 pont)

   ……

   ……

   ……

   ……

7. Nevezzen meg egy tényezőt, amely a populáció genetikai változatosságát növelheti, miközben az egyedek átlagos biológiai alkalmassága (fitnesse) sem csökken!

   ……

Megoldás

Kihalási küszöb **(9 pont)**

1. beltenyésztés 1 pont
2. genetikai sodródás/ drift 1 pont
3. nő 1 pont
4. csökken 1 pont

5.

- A betegséget / rendellenességet / pusztulást okozó allélok többnyire recesszívek (ezért heterozigóta formában hatásuk nem jelentkezik), 1 pont
- közeli rokonok génállománya hasonló, ezért utódaik közt megnő a homozigóta recesszívek / beteg, rendellenes egyedek valószínűsége. 1 pont

6.

- A populáció alkalmazkodása az előnyösebb fenotípusú / tulajdonságú egyedek arányának növekedése (másképp is megfogalmazható), 1 pont
- ha folyamat kezdetén kicsi a változatosság, nincs miből válogatni a szelekciónak. (Másképp is megfogalmazható). 1 pont

7. bevándorlás / mutáció 1 pont

VIII. Hemoglobin és malária 8 pont

A hemoglobin összetett fehérje, melynek 4 alegységét 2 alfa és 2 béta lánc alkotja. A sarlósejtes vérszegénységet egyetlen bázis cseréjét okozó pontmutáció okozza a béta alegységet kódoló génben. A DNS átíródó szálának helyes és mutáns bázissorendje:

Helyes						Mutáns					
		C	T	T				C	A	T	

1. Írja fel a fenti DNS-szakaszokról átíródó mRNS bázissorrendjét! (1 pont)

Helyes						Mutáns					
mRNS						mRNS					

2. A kodonszótár segítségével határozza meg a helyes és a mutáció következtében beépült aminosavak nevét (rövidítését)!

Helyes aminosav:…… Mutáció következtében beépült aminosav: ……..…..

A kodon második betűje

A kodon első betűje (5' végen)	U		C		A		G	
U	UU**U**	Phe	UC**U**	Ser	UA**U**	Tyr	UG**U**	Cys
	UU**C**	Phe	UC**C**	Ser	UA**C**	Tyr	UG**C**	Cys
	UU**A**	Leu	UC**A**	Ser	UA**A**	Stop	UG**A**	Stop
	UU**G**	Leu	UC**G**	Ser	UA**G**	Stop	UG**G**	Trp
C	CU**U**	Leu	CC**U**	Pro	CA**U**	His	CG**U**	Arg
	CU**C**	Leu	CC**C**	Pro	CA**C**	His	CG**C**	Arg
	CU**A**	Leu	CC**A**	Pro	CA**A**	Gln	CG**A**	Arg
	CU**G**	Leu	CC**G**	Pro	CA**G**	Gln	CG**G**	Arg
A	AU**U**	Ile	AC**U**	Thr	AA**U**	Asn	AG**U**	Ser
	AU**C**	Ile	AC**C**	Thr	AA**C**	Asn	AG**C**	Ser
	AU**A**	Ile	AC**A**	Thr	AA**A**	Lys	AG**A**	Arg
	AU**G**	Met	AC**G**	Thr	AA**G**	Lys	AG**G**	Arg
G	GU**U**	Val	GC**U**	Ala	GA**U**	Asp	GG**U**	Gly
	GU**C**	Val	GC**C**	Ala	GA**C**	Asp	GG**C**	Gly
	GU**A**	Val	GC**A**	Ala	GA**A**	Glu	GG**A**	Gly
	GU**G**	Val	GC**G**	Ala	GA**G**	Glu	GG**G**	Gly

A sarlósejtes vérszegénység testi kromoszómához kötött recesszív tulajdonság. A betegség élettani tünetei feltűnő mértékben csak homozigóta állapotban jelennek meg. A heterozigóták hétköznapi körülmények között nem mutatják a betegség tüneteit és feladatunkban egészségesnek tekinthetők. A mutáns gén szokatlanul nagy arányban fordul elő az afro-amerikai emberek körében, ahol minden 655-dik emberre jut egy beteg.

3. Adja meg, mekkora a sarlósejtesség alléljának gyakorisága ebben a populációban! (A számolás során csak a végeredmény megadásakor kerekítsen négy tizedesjegy pontosságra!)

4. Milyen valószínűséggel születik beteg gyermeke annak a párnak, akikről tudjuk, hogy mindketten heterozigóták a sarlósejtes vérszegénység jellegre?

5. Adja meg, milyen valószínűséggel születik beteg gyermeke két egészséges fenotípusú szülőnek a fent leírt közösségben, ha nem ismerjük egyik szülő genotípusát sem! Írja le a számítás gondolatmenetét is! (2 pont)

6. A megfigyelések szerint a sarlósejtességet hordozó személyek védettek a malériaszúnyog által terjesztett trópusi betegség, a malária ellen. Fogalmazza meg, a kétféle, egymás ellen ható szelekció lényegét! Érvelésében használja a "homozigóta domináns", a „homozigóta recesszív" és a "heterozigóta" kifejezéseket! (2 pont)

……

Megoldás

VIII. Hemoglobin és malária 8 pont

A feladat a részletes követelményrendszer 4.6.1.és 6.1.1. pontja alapján készült

1.
Helyes

mRNS		G	A	A	

Mutáns

mRNS		G	U	A	

Mindkét bázishármas helyes megadása esetén: 1 pont

2.
Helyes aminosav: Glu (Glutaminsav)
Hibás aminosav: Val (Valin). Mindkét elnevezés / rövidítés megadása esetén: 1 pont

3. A homozigóták gyakorisága q^2 = 1/655= 0,001527, ezért
q = 0,0391 (=3,9 %) 1 pont

4. 0,25 / 25% 1 pont

5.
- Egészségesek között a heterozigóták aránya:
  $2pq/(p^2+2pq) = 0{,}0750/(0{,}923+0{,}075) = 0{,}075$ 1 pont

- Beteg gyermek születésének valószínűsége:
  $0{,}075 \cdot 0{,}075 \cdot 0{,}25 = 0{,}0014$ (0,14%) 1 pont

Elvileg helyes megoldás és számolási hiba estén: 1 pont.
Ha a 3. kérdésre téves választ adott, de a kapott eredménnyel az 5. feladatban elvileg helyesen számolt a vizsgázó, akkor az 5. feladatra adott válaszát el kell fogadni.

6.
- A homozigóta domináns genotípusú emberek a malária kockázata, a homozigóta recesszívek a sarlósejtes vérszegénység miatt kerülnek hátrányba, 1 pont
- míg a heterozigóták mindkét hatástól védettek. 1 pont

(Másként is megfogalmazható, de a három kifejezésnek helyes jelentéssel szerepelnie kell.)

VII. Sarlósejtes vérszegénység 13 pont

A sarlósejtes vérszegénységet a hemoglobinmolekula megváltozása okozza. Leggyakoribb formájában az egészséges és a beteg ember hemoglobinja egyetlen aminosavban különbözik egymástól.

1. Az emberi vér melyik alkotójában található a hemoglobin molekulák döntő többsége?
A helyes válasz betűjelét írja a négyzetbe!

A. A vérplazmában
B. A vörösvértestekben
C. A fehérvérsejtekben
D. A vérlemezkékben
E. A sejt közötti állományban

A normál hemoglobin egy szakaszának aminosavsorrendje:
Leucin –Treonin – Prolin – Glutaminsav – Glutaminsav – Lizin - Szerin

Sarlósejtes vérszegénységben szenvedő beteg hemoglobinjának ugyanazon szakasza:
Leucin –Treonin – Prolin – Valin – Glutaminsav – Lizin - Szerin

Az egészséges hemoglobint kódoló mRNS- szakasz bázissorrendje:
CUG ACU CCU GAG GAG AAG UCU

2. Írja föl az egészséges hemoglobint kódoló értelmes DNS-szál bázissorrendjét!

……

3. A genetikai kódszótár segítségével adja meg a sarlósejtes vérszegénységben szenvedő beteg adott mRNS-szakaszának bázissorrendjét! Tételezzük fel, hogy a lehető legkisebb számú nukleotid változott meg!

……

Az mRNS bázishármasa					
1. bázis	2. bázis				3. bázis
	U	C	A	G	
U	fenilalanin	szerin	tirozin	cisztein	U
	fenilalanin	szerin	tirozin	cisztein	C
	leucin	szerin	STOP	STOP	A
	leucin	szerin	STOP	triptofán	G
C	leucin	prolin	hisztidin	arginin	U
	leucin	prolin	hisztidin	arginin	C
	leucin	prolin	glutamin	arginin	A
	leucin	prolin	glutamin	arginin	G
A	izoleucin	treonin	aszparagin	szerin	U
	izoleucin	treonin	aszparagin	szerin	C
	izoleucin	treonin	lizin	arginin	A
	metionin lánckezdő	treonin	lizin	arginin	G
G	valin	alanin	aszparaginsav	glicin	U
	valin	alanin	aszparaginsav	glicin	C
	valin	alanin	glutaminsav	glicin	A
	valin	alanin	glutaminsav	glicin	G

4. Milyen típusú mutáció okozza a betegséget? *A helyes válaszok betűjelét írja a négyzetekbe!*

A. Genom mutáció
B. Kromoszóma-mutáció
C. Génmutáció
D. Csendes mutáció
E. Pontmutáció

5. Milyen típusú mutáció okozza a betegséget?

A. A mutáció következtében STOP kodon épült be, leáll a fehérje szintézise
B. Báziskiesés miatt eltolódott a leolvasási keret
C. Bázisbetoldás miatt eltolódott a leolvasási keret
D. Báziscsere miatt megváltozott a kódolt aminosav
E. Báziscsere történt, de a lötyögő bázis miatt nem változott az aminosavsorrend

A betegséget okozó hibás (mutált) gén a 11. (testi) kromoszómán található. Súlyos tüneteit az erre a jellegre homozigóták mutatják.

6. Írja fel szokásos jelöléssel annak a szülőpárnak a genotípusát, akik súlyos tüneteket nem mutatnak, gyermekük azonban sarlósejtes vérszegénység súlyos formájában szenved! (Tételezze fel, hogy a betegség szempontjából új mutáció nem történt!) A jelöléshez olyan betűt válasszon, melynél az írott kis- és nagybetű jól megkülönböztethető.

Az apa genotípusa:…… Az anya genotípusa:……

A sarlósejtes vérszegénység súlyos formája sokszor korai halállal végződik. A heterozigóták azonban ellenállók malériával szemben.

Egészítse ki az alábbi szöveget!

A sarlósejtes vérszegénységre (7)…….genotípusúak túlélő- és szaporodóképessége jóval kisebb, mint a többi genotípusé. A recesszív allél gyakoriságát csökkenti a (8)……. Az allél mégsem vész ki a malériával fertőzött területeken, mert ott a heterozigóták rátermettsége (9)……, mint a homozigótáké. Afrikában ezért magas a hibás hemoglobint kódoló allél gyakorisága. Az Egyesült Államokban élő afroamerikaiak (afrikai eredetűek) között is gyakoribb a sarlósejtes vérszegénység, mint a fehér népességben, bár ott nincs malária. Az afroamerikaiak és a fehérek közötti gyakoribb házasságok miatt az allélgyakoriságoknak ez a különbsége várhatóan (10)……..

11. Az USA-ban egy populációban minden 330. ember szenved sarlósejtes vérszegénység súlyos változatában. Számolja ki, mennyi ebben a populációban az allélok gyakorisága! A populáció hány százaléka heterozigóta erre a jellegre nézve? Számításait is írja le! (3 pont)

Megoldás

VII. Sarlósejtes vérszegénység 13 pont

A feladat a követelményrendszer 6.1.1., 6.1.2., és 6.2.1. fejezetein alapul.
A sarlósejtes fotó forrása:
http://www.nlm.nih.gov/medlineplus/ency/imagepages/1494.htm

1. B	1 pont
2. GAC TGA GGA CTC CTC TTC AGA	1 pont
3. CUG ACU CCU GUG GAG AAG UCU	1 pont
4. C E	1 pont
5. D	1 pont
6. Bb x Bb *(más betűjel is elfogadható, ha a kis-és nagybetű egyértelműen megkülönböztethető)*	1 pont
7. homozigóta (recesszív) / genotípus jelöléssel is elfogadható	1 pont
8. (természetes) szelekció / korai halál	1 pont
9. nagyobb	1 pont
10. csökkenni fog / kiegyenlítődik	1 pont
11. $q^2 = 1/330 = 0{,}003$	1 pont
$q = 0{,}055$ $p = 0{,}945$	1 pont
heterozigóták: $2pq = 0{,}104$, azaz 10,4%	1 pont

VII. A cisztás fibrózis 7 pont

A cisztás fibrózis örökletes genetikai betegség. Hazánkban négyezer emberből 1–2 beteg, míg 4–5 százalékunk hordozza a betegséget. A betegség hátterében álló kóros gént 1986-ban találták meg a 7. kromoszóma hosszú karján.
A betegség testi kromoszómához kötött, recesszív módon öröklődik. A betegség "lényege" az, hogy a génkárosodás miatt a kloridion és a víz a mirigyekbe nem vagy alig jut át, így a képződött váladék besűrűsödik, ezáltal a szervekből nem tud rendesen kiürülni, mintegy dugót képez.…
…Erre a betegségre a csecsemőkor második felétől egyre gyakoribb felső és alsó légúti fertőzések (hörghurut, tüdőgyulladás) hívják fel az orvos figyelmét. A légutakban termelődő nyák sűrű, nehezen tud távozni, a nyákon a baktériumok könnyen elszaporodnak, így állandó gyulladást hozva így létre… A másik gond a hasnyálmirigyben a váladék besűrűsödése.

http://www.webbeteg.hu alapján

1. Mely állítások igazak a cisztás fibrózisról? A helyes válaszok betűjeleit írja a négyzetekbe! (3 pont)

   A) A beteg székletében emésztetlen táplálék található.
   B) Tünet lehet kisgyermekeknél a növekedésben való elmaradás.
   C) A beteg kórosan elhízik.
   D) Hazánkban kb. 7–8000 ezer beteg él.
   E) A betegnek szüksége lehet gyakori és hosszú ideig tartó antibiotikum-szedésre.
   F) A légutakban elszaporodó baktériumok okozzák.

2. Egy egyensúlyinak tekinthető populációban 1:1700 a betegség előfordulásának gyakorisága.
   a) Mekkora itt az egészséges és a hibás allél gyakorisága?

   b) Hány % valószínűséggel születik ebben a populációban két egészséges embernek beteg gyermeke? *Válaszai csak a levezetéssel, számolással együtt fogadhatók el!* (2 pont)

3. A tapasztalat szerint a cisztás fibrózist hordozók nagyobb eséllyel élnek túl súlyos hasmenésekkel járó járványokat. Ha a populációban hosszabb időn keresztül tartó kolera – súlyos hasmenéssel járó betegség – járvány lépne fel, hogyan változna meg a recesszív allél gyakorisága?

   .....

Megoldás

VII. A cisztás fibrózis 7 pont

A feladat az érettségi követelmények 3.2., 4.4.2., 6.2.1., 6.3. pontjai alapján készült

Forrás: www.webbeteg.hu/cikkek/genetikai_betegseg/939/cisztas-fibrozis

1. A, B, E 1+1+1 = 3 pont
2.
   a) a betegség előfordulásának gyakorisága: $q^2 = 1/1700$
   a recesszív allél gyakorisága: **q=0,024**
   a domináns allél gyakorisága: **p= 1-q = 0,976** 1 pont

   b) Egészséges szülők esetén beteg gyermek csak heterozigóta pártól születhet.
   Az egészséges szülőpár heterozigóta genotípusának valószínűsége:
   $(2pq / p^2 + 2pq)^2 = 0{,}0022$ 1 pont

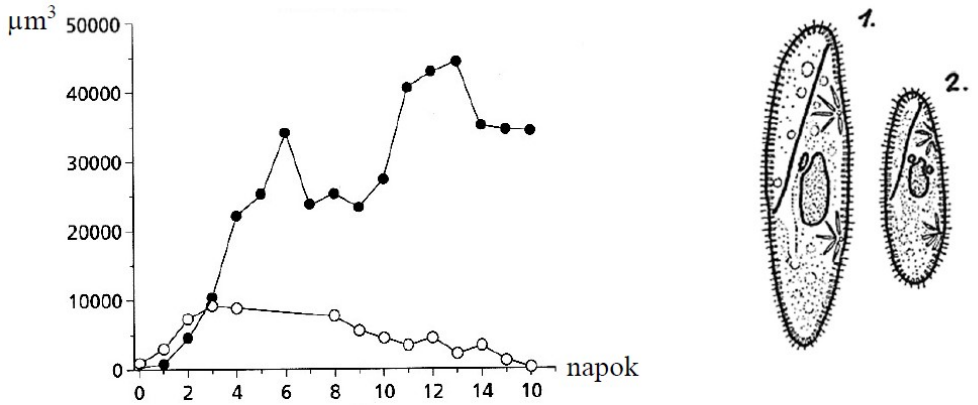
   Két heterozigóta egyén gyermeke ¼ valószínűséggel lesz beteg. Ennek alapján 0,0022*0,25=0,00055. Vagyis <u>0,055%-os valószínűséggel</u> születik ebben a populációban két egészséges embernek cisztás fibrózisban szenvedő gyermeke. 1 pont
3. **nőne** a recesszív allél gyakorisága 1 pont

III. Csillósok egymás közt 11 pont

G. F. Gause orosz kutató híres kísérletsorozatában két, közös élettérben élő papucsállatka faj egyedszámának változását követte nyomon 1934-ben. Más papucsállatkákhoz hasonlóan e fajok is főként baktériumokkal táplálkoznak. Gause minden nap azonos mennyiségű, baktériumokban gazdag oldat adagolásával biztosította ellátásukat.

1. Hasonlítsa össze a papucsállatka, és az általa fogyasztott baktériumok tulajdonságait! A helyes állítás betűjelét írja a négyzetbe!

   A) Mindkettő sejtmagját membrán határolja.
   B) Mindkettő tartalmaz mitokondriumokat.
   C) Mindkettőben vannak riboszómák.
   D) Mindkettő mitózissal osztódik.
   E) Mindkettő külső emésztéssel bontja le a tápanyagokat.



1. ábra A Paramecium caudatum (1. rajz, a diagramon fehér pontok) és a Paramecium aurelia (2. rajz, a diagramon fekete pontok) populációk térfogatának változása közös tenyészetben Gause kísérletében

2. Gause kísérletének eredményét az 1. ábra mutatja. A függőleges tengelyen nem a két népesség egyedszámát, hanem a két populáció egyedeinek össztérfogatát ábrázolta Gause (μm^3-ben). Indokolja, hogy miért volt ez előnyösebb jelölés az egyedszámok feltüntetése helyett!

   .....

3. A két populáció közti melyik kölcsönhatás-típus magyarázza a kapott eredményt?

   A) alkalmazkodás (adaptáció)
   B) mutáció
   C) versengés (kompetíció)
   D) fogyasztás (predáció)
   E) szimbiózis (mutualizmus)

4. Gause kísérletét Violle és csoportja folytatta, több mint 60 évvel később. Ők 10 különböző csillós egysejtű együttélésének lehetőségét próbálták ki, páronként vizsgálva minden lehetőséget. Adja meg, hogy összesen hányféle kombinációt vizsgáltak!

.....

Violle arra volt kíváncsi, hogy a különböző fajok rokonsági foka hogyan befolyásolja együttélésük időtartamát. E célból molekuláris genetikai módszerrel hasonlították össze a vizsgált 10 csillós faj azon génszakaszát, mely a riboszomális RNS-re vonatkozó információ egy részét tartalmazta.

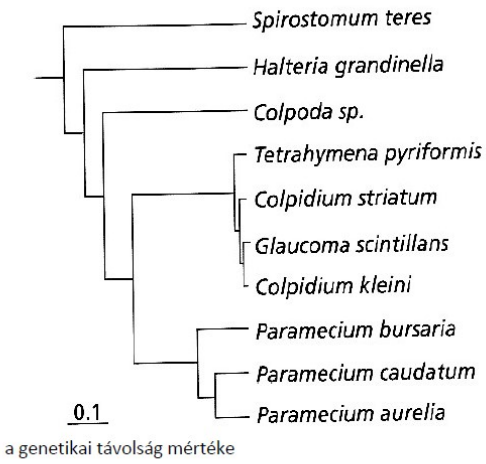
5. Mit hasonlítottak össze a kutatók?

A) a vizsgált génszakasz funkcióját
B) az aminosavsorrendet
C) az aminosavakat
D) a bázissorrendet
E) a bázisokat

6. A rokonsági fokra vonatkozóan mi a molekuláris törzsfakészítés hátterében álló feltételezés? Egészítse ki a hiányos mondatot!

Minél több ponton eltér egymástól két faj egy-egy azonos funkciójú génszakasza, annál…

.....

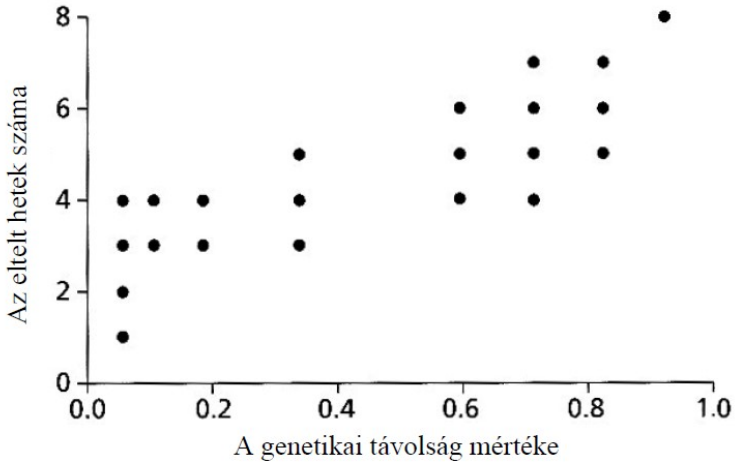


2. ábra A 10 csillós egysejtű molekuláris törzsfája

7. A kész molekuláris törzsfát a 2. ábra mutatja. Ennek alapján melyik két faj a legközelebbi rokon a vizsgált tíz közül? A két latin nevet adja meg!

A …… és a ……

A Violle kísérletsorozatában szereplő csillósok mindegyike szívesen fogyaszt baktériumokat, de nem mind azonosakat, vagy nem mindet azonos mértékben. A kutató ezért egy fajgazdag (sokféle baktériumot tartalmazó) tápoldattal etette őket minden nap. Ilyen körülmények között a vegyes egysejtűtenyészetek egy részében a két csillós faj tartósan fennmaradt egymás társaságában. Más kombinációk esetén az egyik faj populációja hosszabb-rövidebb időn belül kihalt.



3. ábra Az egyik populáció eltűnéséig eltelt idő a genetikai rokonság függvényében

A 3. ábra fekete pontjai azt mutatják, hogy a kihalás mennyi idő múlva következett be. Minden pont különböző tenyészetet jelöl.

8. Adott körülmények között a lehetséges kombinációk hány százaléka eredményezett tartós (kihalással nem járó) együttélést a két faj között? Egész számra kerekítve adja meg az eredményt! A számolás menetét is írja le!

9. A kísérletsorozattal a kutatók egy régi feltevést kívántak alátámasztani. Eszerint minél közelebbi rokon egymással két faj, annál erőteljesebb populációik közt a versengés. Ha ez a feltevés igaz, mit kellett tapasztalniuk a kutatóknak, amikor a tartósan közös élőhelyen élő rokon populációk megfelelő génszakaszait hasonlították össze? Fogalmazza meg egy mondatban, a „mint" szó felhasználásával!

.....

.....

10. A kutatók eredménye csak akkor bizonyító erejű, ha a hátterében álló néhány előfeltevés is igaz. Melyek ezek az előfeltevések? Betűjelüket írja a négyzetekbe! (2 pont)

A) A mutációk múltbeli valószínűsége a vizsgált szakaszokon mindegyik faj fejlődése során azonos volt.
B) A vizsgált fajokról fel kell tételeznünk, hogy egymás leszármazottai.
C) A vizsgált genetikai különbségek nem befolyásolták a fehérjék működését.
D) Ezen génszakaszokon kívül más, életfontosságú szakaszokon is hasonló arányú eltérések vannak a vizsgált fajok között.
E) Ezek a közeli rokon fajok a természetben sem fordulnak elő azonos élőhelyen.

Megoldás

1.	C	1 pont
2.	A két faj testmérete / térfogata erősen eltér.	1 pont
3.	C	1 pont
4.	45 (45 = 9+8+7+6+5+4+3+2+1. *A számítást nem kell feltüntetni.*)	1 pont
5.	D	1 pont
6.	…távolabbi rokonai egymásnak / …régebben vált el egymástól fejlődésük útja. *Másképpen megfogalmazott helyes válasz is elfogadható.*	1 pont
7.	Glaucoma scintillans és Colpidium kleini	1 pont
8.	23/45 = 0,5111, kerekítve 51%. *(45 helyett a 4. részfeladat eltérő megoldásával végzett számolás eredménye is elfogadható.)*	1 pont
9.	A (tartósan közös élőhelyen élők) távolabbi rokonai egymásnak, mint azok, amelyek nem élnek meg közös élőhelyen. *Más megfogalmazás is elfogadható.*	1 pont
10.	A, C	1+1 = 2 pont