KURS

„ BIOLOGIA POD KLUCZ”

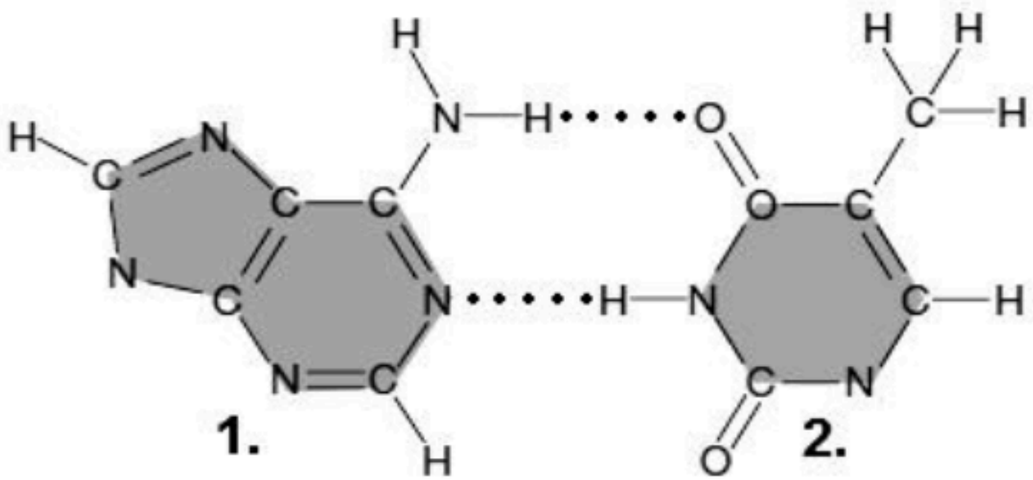
GENETYKA, CZ. I

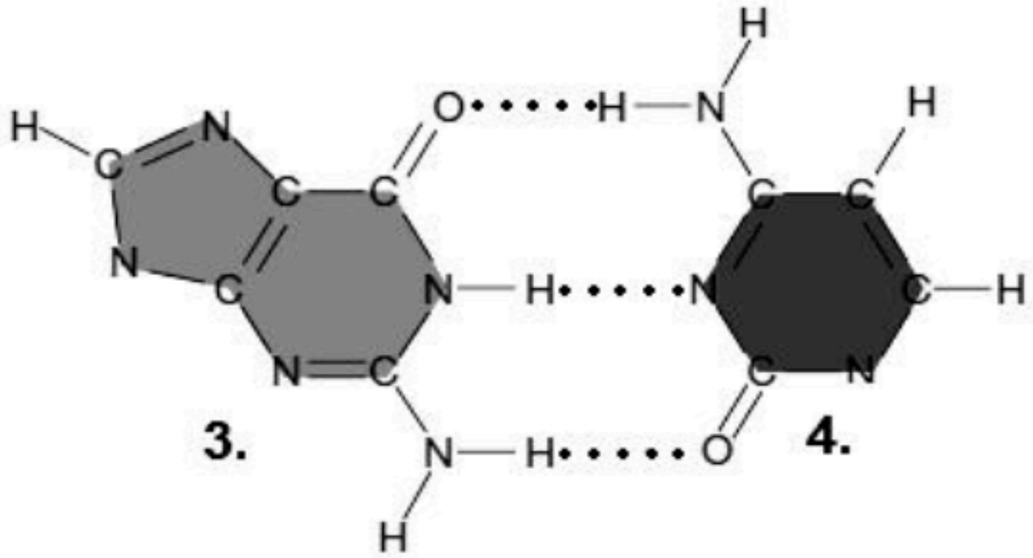
Prezentacja jest chroniona prawnie przed kopiowaniem bez pisemnej zgody autora i stanowi „utwór” i w myśl Ustawy z dnia 4 lutego 1994 r. o prawie autorskim i prawach pokrewnych (Dz. U. z 1994 r., Nr 24, poz. 83 z późn. zm.).

ZADANIE 1.

Zadanie 1.

W cząsteczce DNA komplementarne zasady azotowe łączą się ze sobą za pomocą dwóch lub trzech wiązań wodorowych. Zasada zbudowana z dwóch pierścieni łączy się zawsze z zasadą zbudowaną z jednego pierścienia. Na rysunku przedstawiono dwie pary komplementarnych zasad występujących w DNA.





ZADANIE 1.

Zadanie 1.1. (0-1)

Zaznacz w tabeli wiersz, w którym znajdują się właściwe nazwy zasad oznaczonych na rysunku numerami 1-4.

	1.	2.	3.	4.
A.	cytozyna	guanina	tymina	adenina
B.	tymina	adenina	cytozyna	guanina
C.	guanina	cytozyna	adenina	tymina
D.	adenina	tymina	guanina	cytozyna

ZADANIE 1.

Zadanie 1.2. (0-2)

Oceń, które cechy budowy cząsteczki DNA wynikają z komplementarności zasad w budujących ją nukleotydach. Zaznacz właściwe pola w tabeli.

	Cecha budowy cząsteczki DNA	TAK	NIE
1.	Każda nić nukleotydów w cząsteczce DNA ma koniec 3' i 5'.	**T**	**N**
2.	Odległość pomiędzy dwiema nićmi jest stała na całej długości cząsteczki.	**T**	**N**
3.	Sekwencja nukleotydów jednej nici wyznacza ich sekwencję w drugiej nici.	**T**	**N**

ZADANIE 2.

Zadanie 2. (0-1)

DNA zbudowany jest z czterech rodzajów nukleotydów różniących się jedynie zasadami azotowymi. Zasady — adenina (A) i tymina (T) oraz cytozyna (C) i guanina (G) — tworzą pary zasad komplementarnych.

Wybierz spośród A—D i zaznacz dwa prawidłowe stwierdzenia dotyczące zawartości zasad azotowych w prawidłowej dwuniciowej cząsteczce DNA organizmów eukariotycznych.

A. Cząsteczek adeniny i tyminy jest w cząsteczce DNA tyle samo, ile cząsteczek cytozyny i guaniny.

B. Łączna liczba cząsteczek adeniny i guaniny jest w cząsteczce DNA taka sama jak liczba cząsteczek tyminy i cytozyny.

C. W cząsteczce DNA liczba cząsteczek adeniny może być inna niż tyminy, a cytozyny — inna niż guaniny.

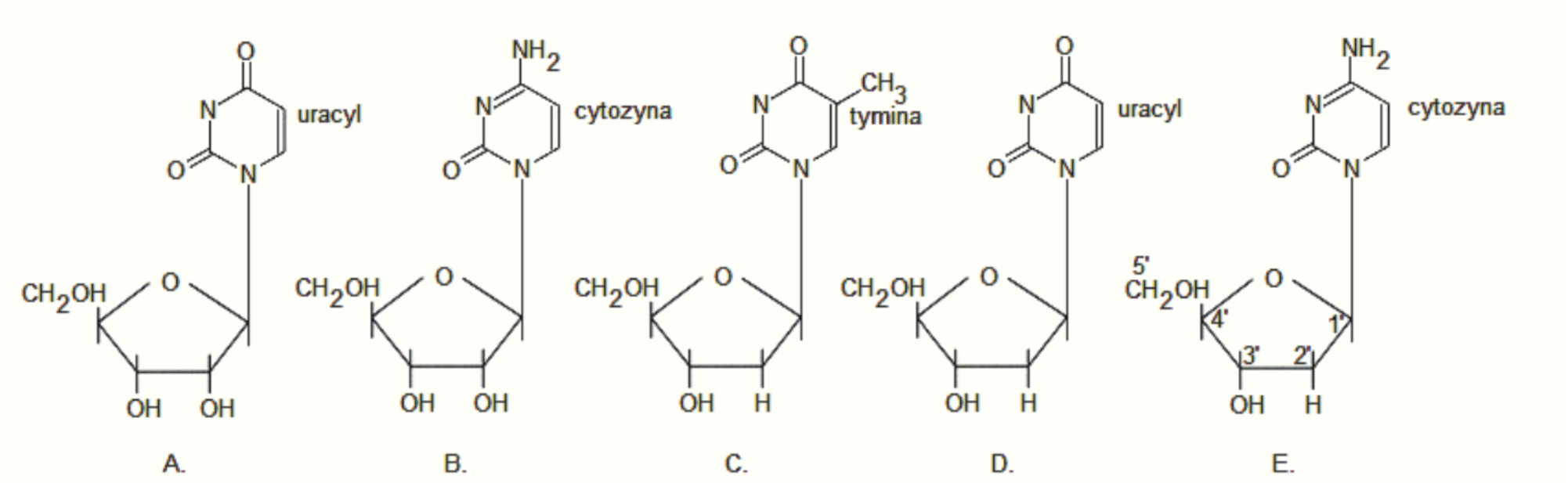
D. W cząsteczce DNA jest taka sama liczba cząsteczek adeniny jak liczba cząsteczek tyminy, a liczba cząsteczek cytozyny — taka sama jak guaniny.

ZADANIE 3.

Zadanie 3.

Nukleozydy są związkami, które powstają przez połączenie zasady azotowej purynowej lub pirymidynowej z cukrem. Natomiast nukleozydy, do których zostaje dołączona reszta kwasu fosforowego, to nukleotydy. W kwasach nukleinowych, których monomerami są nukleotydy, cukrem jest ryboza lub deoksyryboza.

Na schemacie przedstawiono nukleozydy z zasadami pirymidynowymi.



ZADANIE 3.

Zadanie 3.1. (0-1)

Podaj oznaczenie literowe nukleozydu, który w przedstawionej tu postaci nie występuje w kwasach nukleinowych organizmów żywych. Uzasadnij swój wybór.

D

Uzasadnienie: Występujący w nim cukier to deoksyryboza, a więc można uważać, że to nukleozyd kwasu DNA, jednak przyłączony do deoksyrybozy uracyl wskazuje, że to nieprawda, ponieważ ta zasada azotowa nie występuje w DNA.

Zadanie 3.2. (0-1)

Korzystając ze wzoru, w którym ponumerowano atomy węgla w cząsteczce cukru, określ, w którym miejscu i jakim wiązaniem może przyłączyć się do tej cząsteczki reszta kwasu fosforowego i utworzyć nukleotyd.

do grupy hydroksylowej przy węglu 5’ wiązaniem estrowym

ZADANIE 4.

Zadanie 4.

Pod wpływem ogrzewania struktura podwójnej helisy DNA ulega zniszczeniu i rozpada się na pojedyncze nici. Temperatura, w której dochodzi do utraty połowy helikalnej struktury tej cząsteczki, nazywana jest temperaturą denaturacji cząsteczki DNA. Wartość tej temperatury jest zależna od składu nukleotydów budujących cząsteczkę DNA. Denaturacja jest procesem odwracalnym (renaturacja).

Zadanie 4.1. (0-1)

Zaznacz poprawne dokończenie zdania.

Wartość temperatury denaturacji będzie najwyższa w przypadku fragmentu cząsteczki DNA, którego jedna z nici (1.— 4.) zawiera następującą sekwencję zasad:

1. TGA GAT CAT GAT
2. **CCC GGA GAT TTA**
3. AAT CGA TTC GTA
4. TAC CCT ATC GAT

ZADANIE 4.

Zadanie 4.2. (0-1)

Wyjaśnij, dlaczego wartość temperatury denaturacji cząsteczki DNA jest zależna od jej składu nukleotydowego.

1 p. – za poprawne wyjaśnienie uwzględniające: przyczynę - różnica w składzie nukleotydowym: dwa wiązania wodorowe w parach A-T i trzy wiązania wodorowe w parach G-C , mechanizm - większa liczba wiązań wodorowych do rozerwania i skutek - wyższa temperatura denaturacji cząsteczki DNA

- Pary komplementarnych nukleotydów A-T są połączone dwoma wiązaniami wodorowymi, natomiast pary komplementarnych nukleotydów G-C trzema wiązaniami wodorowymi, dlatego im więcej par C–G z trzema wiązaniami, tym więcej wiązań należy rozerwać, przez co temperatura denaturacji cząsteczki DNA jest wyższa.
- Jeżeli par C–G zawierających trzy wiązania wodorowe jest więcej niż par A–T zawierających dwa wiązania wodorowe, to temperatura denaturacji cząsteczki DNA jest wyższa, gdyż jest więcej wiązań wodorowych do rozerwania.

ZADANIE 4.

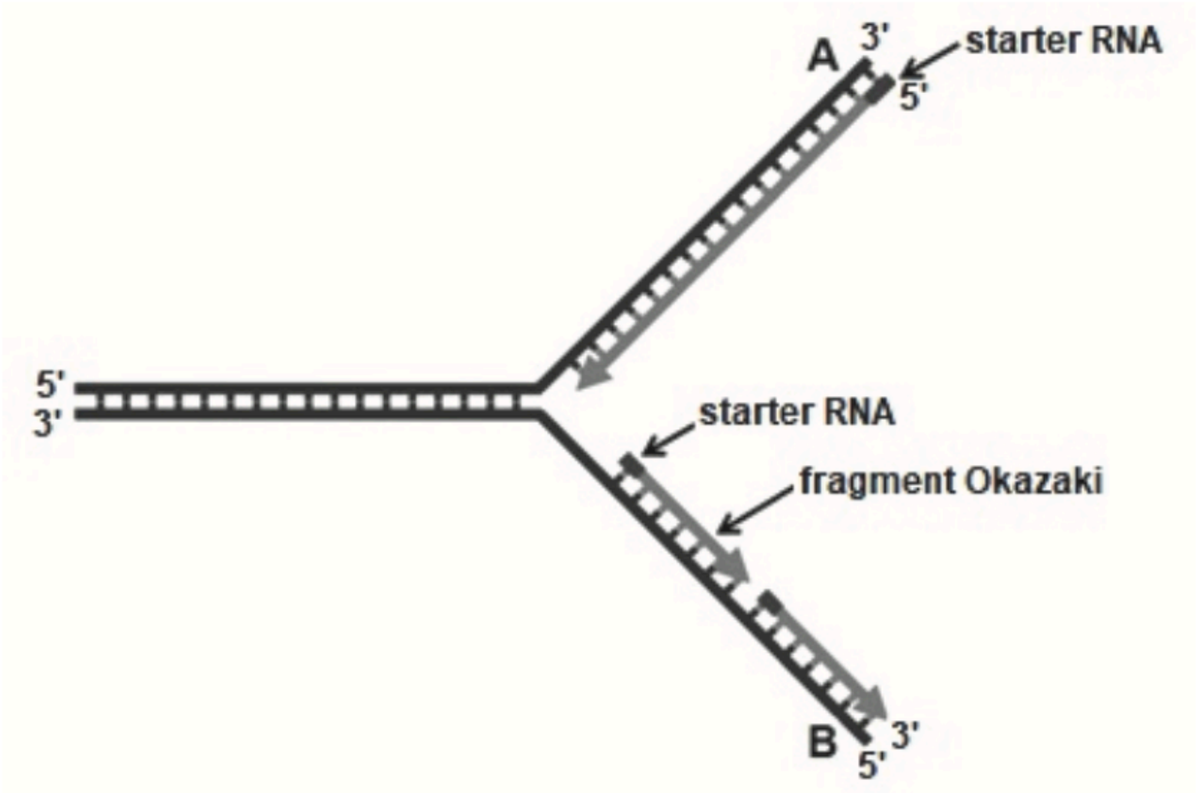


- Wartość temperatury denaturacji jest zależna od liczby nukleotydów połączonych trzema wiązaniami wodorowymi. Im więcej par C–G zawierających trzy wiązania wodorowe w stosunku do par A-T zawierających dwa wiązania wodorowe, tym więcej energii w postaci ciepła trzeba dostarczyć, aby rozdzielić obie nici, przez to wyższa jest temperatura denaturacji cząsteczki DNA.
- Im więcej jest w cząsteczce DNA par C–G połączonych trzema wiązaniami wodorowymi w stosunku do par A-T połączonych dwoma wiązaniami, tym więcej wiązań jest do rozerwania i wyższa jest temperatura denaturacji cząsteczki DNA.

ZADANIE 5.

Zadanie 5.

Na schemacie przedstawiono proces replikacji DNA w obrębie pojedynczych widełek replikacyjnych.



ZADANIE 5.

Zadanie 5.1. (0-1)

Wyjaśnij, dlaczego synteza komplementarnych nici polinukleotydowych przebiega w inny sposób wzdłuż nici A niż wzdłuż nici B.

1 p. – za poprawne wyjaśnienie uwzględniające różne kierunki komplementarnych nici w cząsteczce DNA i kierunek dobudowywania nukleotydów przez polimerazę DNA oraz wynikającą z tego konieczność syntezy jednej nici w sposób ciągły a drugiej w sposób nieciągły.

- Nukleotydy są dołączane przez polimerazę DNA wyłącznie do końca 3’, dlatego nić komplementarna do nici A dobudowywana jest w **kierunku zgodnym z przesuwaniem się widełek replikacyjnych**, natomiast nić komplementarna do nici B rośnie w **kierunku przeciwnym do ruchu widełek replikacyjnych** w postaci krótkich, oddzielnych odcinków tzw. fragmentów Okazaki, syntetyzowanych przez polimerazę DNA w kierunku od końca 5' do końca 3', które muszą zostać połączone.
- Nowa nić komplementarna do nici B wydłuża się w **kierunku przeciwnym do ruchu widełek replikacyjnych**, w postaci krótkich, oddzielnych odcinków tzw. fragmentów Okazaki, syntetyzowanych przez polimerazę DNA w kierunku od końca 5' do końca 3' które muszą zostać połączone, natomiast wzdłuż nici A polimeraza DNA może **przesuwać się w kierunku zgodnym z przesuwaniem się widełek replikacyjnych**.

ZADANIE 5.

Zadanie 5.2. (0-1)

Wymienionym poniżej nazwom enzymów (1.-3.) przyporządkuj spośród A—D funkcję, jaką pełni każdy z nich podczas replikacji

A. Łączenie kolejnych nukleotydów w łańcuch polinukleotydowy komplementarny do matrycy pojedynczej nici DNA.

B. Katalizowanie powstawania wiązań fosfodiestrowych łączących fragmenty Okazaki.

C. Rozplatanie helisy i rozrywanie wiązań wodorowych między nićmi w cząsteczce DNA, co umożliwia rozpoczęcie procesu replikacji.

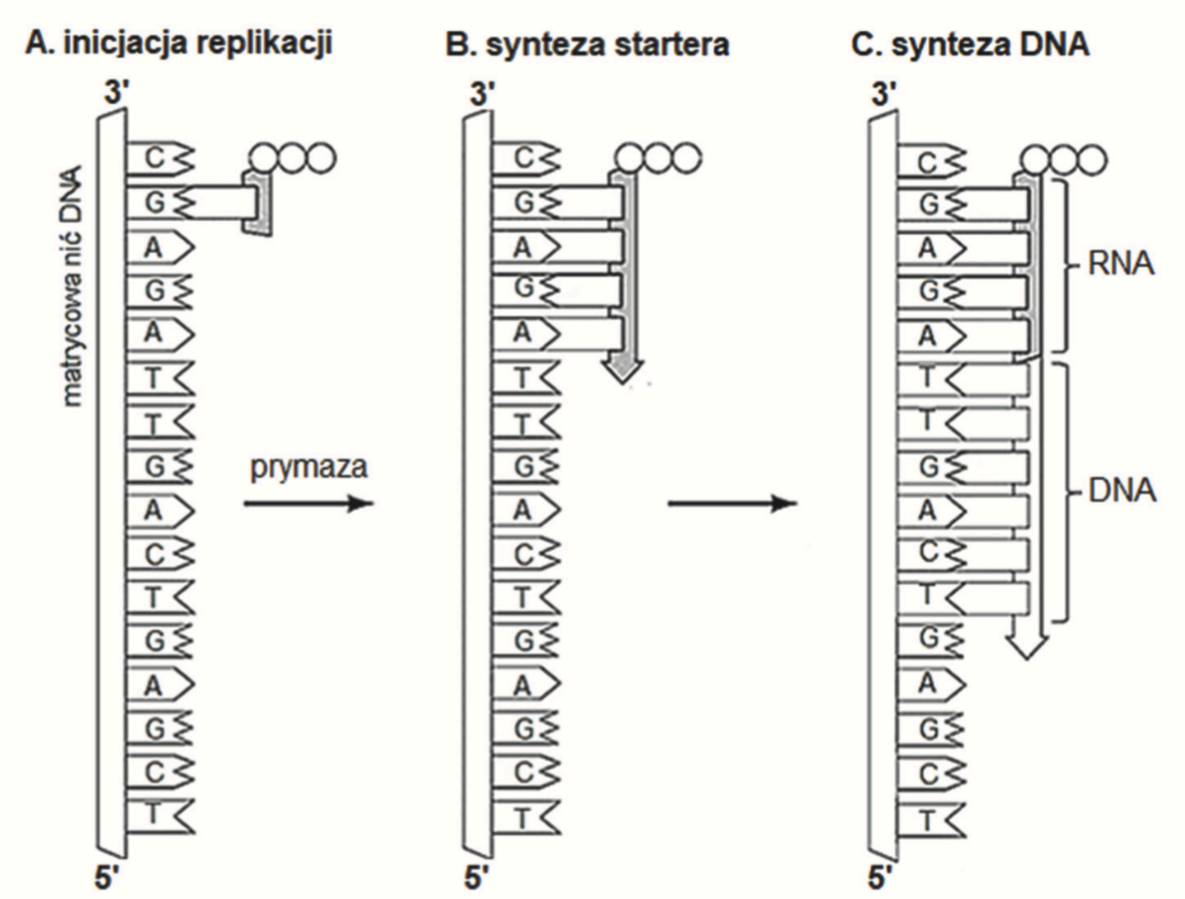
D. Usuwanie starterów RNA z nici.

1. ligaza DNA - **B** 2. polimeraza DNA - **A** 3. helikaza DNA - **C**

ZADANIE 6.

Zadanie 6.

W procesie replikacji DNA bierze udział m.in. polimeraza DNA — enzym, katalizujący syntezę DNA w czasie replikacji lub naprawy DNA. Synteza ta polega na polimeryzacji deoksyrybonukleotydów przez wytwarzanie wiązań fosfodiestrowych między nimi. Substratami do tej reakcji są nukleotydy trójfosforanowe, a jej produktem ubocznym jest pirofosforan, złożony z dwóch reszt fosforanowych. Dlatego składnikami DNA są nukleotydy jednofosforanowe (monofosforanowe). Na poniższym schemacie przedstawiono proces dobudowywania komplementarnej nici w czasie replikacji DNA w komórce.



ZADANIE 6.

Zadanie 6.1. (0-1)

Podaj, używając symboli: A, T, C, G, U, sekwencje nukleotydowe fragmentu nici RNA i fragmentu nici DNA, które zaznaczono klamrami na rysunku C.

RNA: 5’ **C U C U** 3’ DNA: 5’ **A A C T G A** 3’

Zadanie 6.2. (0-1)

Wybierz spośród A—D i zaznacz prawidłowe dokończenie poniższego zdania.

Replikacja DNA jądrowego zachodzi w czasie cyklu komórkowego podczas

A. fazy G_1. **B. fazy S.** C. fazy G_2. D. fazy M.

Zadanie 6.3. (0-1)

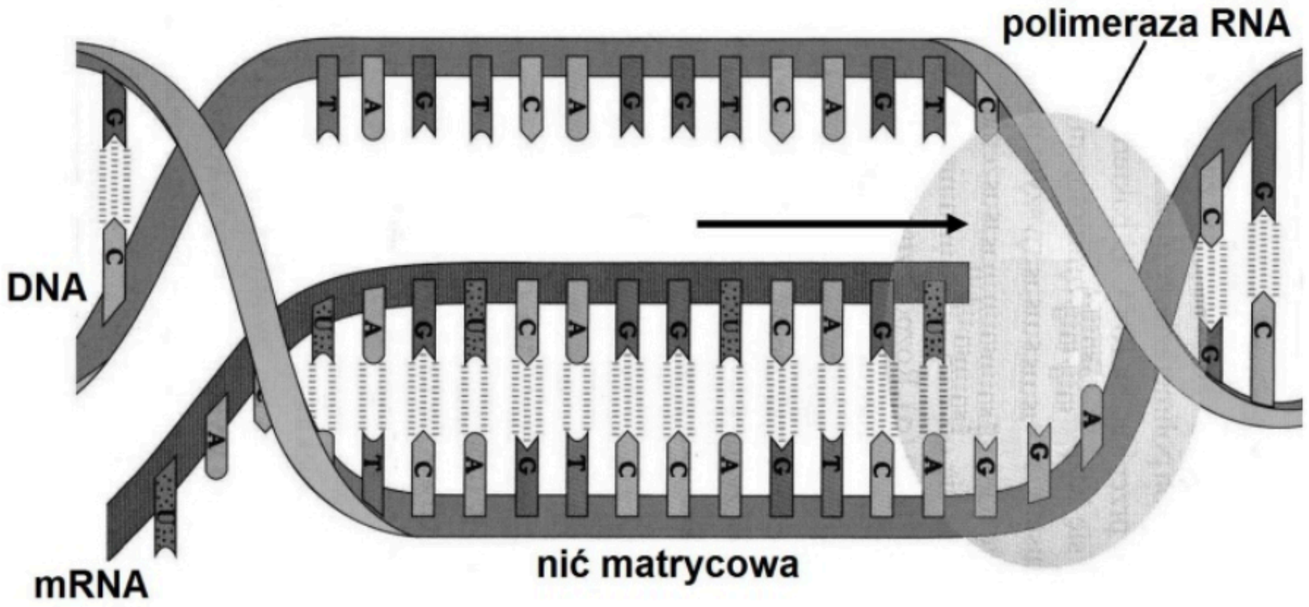
Podaj nazwę wiązań występujących w cząsteczce DNA, które są rozrywane podczas replikacji przy udziale helikazy, oraz nazwę enzymu, który który katalizuje syntezę starterów.

Nazwa wiązań: **wodorowe** Nazwa enzymu: **prymaza**

ZADANIE 7.

Zadanie 7.

Każda nić cząsteczki kwasu nukleinowego ma koniec 3', na którym znajduje się wolna grupa hydroksylowa cukru oraz koniec 5' z resztą fosforanową. Polimerazy mogą dołączać nowe nukleotydy tylko do końca 3' nici. Na rysunku przedstawiono proces transkrypcji. Strzałką oznaczono kierunek syntezy mRNA.

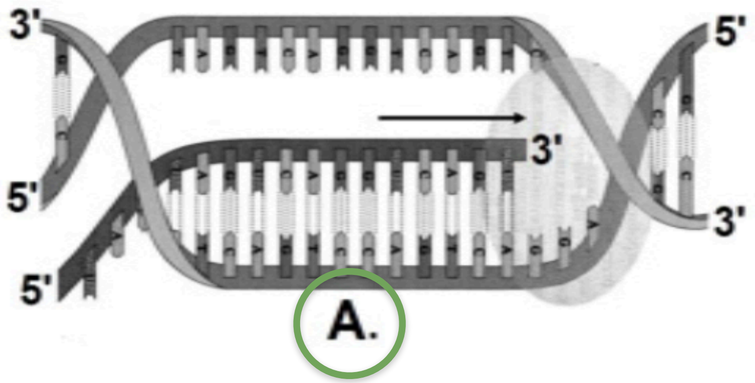


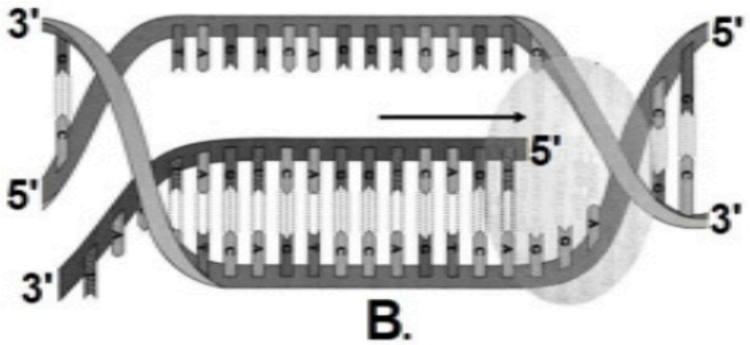
Na podstawie: *Biologia. Jedność i różnorodność*, M. Maćkowiak, A. Michalak (red.), Warszawa 2008, s. 169.

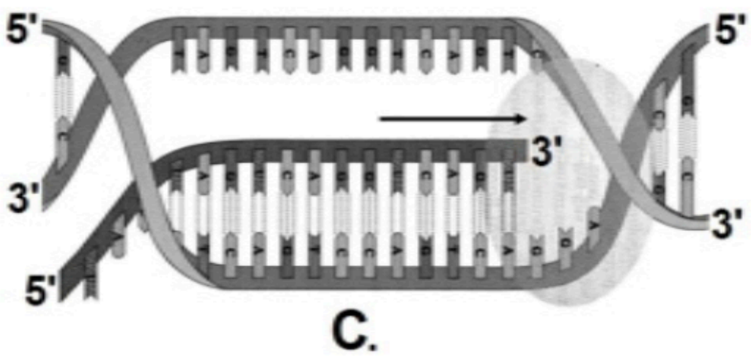
ZADANIE 7.

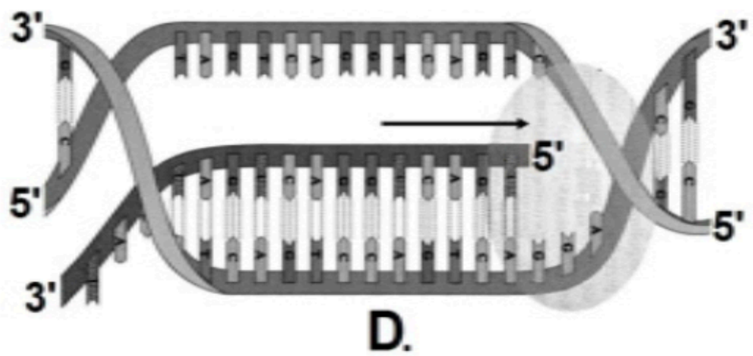
Zadanie 7.1. (0-1)

Zaznacz rysunek, na którym poprawnie oznaczono końce 3' i 5' nici fragmentu cząsteczki DNA i nici syntezowanego mRNA.









ZADANIE 7.

Zadanie 7.2. (0-2)

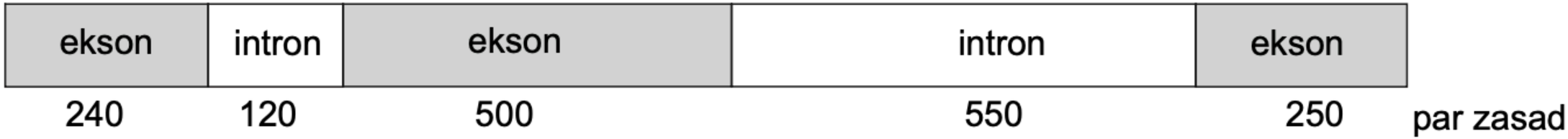
Określ, które z wymienionych funkcji pełni polimeraza RNA podczas procesu transkrypcji w komórkach eukariontów. Zaznacz odpowiednie miejsca tabeli.

	Cecha budowy cząsteczki DNA	TAK	NIE
1.	Rozplatanie cząsteczki DNA na odcinku ulegającym transkrypcji.	**T**	**N**
2.	Naprawianie błędów — usuwanie niewłaściwych nukleotydów w syntezowanej nici mRNA.	**T**	**N**
3.	Wycinanie fragmentów z RNA po zakończeniu jego syntezy.	**T**	**N**

ZADANIE 8.

Zadanie 8.

Na schemacie przedstawiono strukturę fragmentu genu β-globiny.



Zadanie 8.1. (0-1)

Określ wielkość produktu transkrypcji przedstawionego fragmentu genu β-globiny, wyrażając ją liczbą zasad azotowych.

1660 zasad (pierwotny transkrypt) / **990 zasad** (po wycięciu intronów)

ZADANIE 8.

Zadanie 8.2. (0-1)

Podaj cechę przedstawionego genu, która umożliwia rozpoznanie, że jest to gen występujący w DNA jądrowym komórek eukariotycznych.

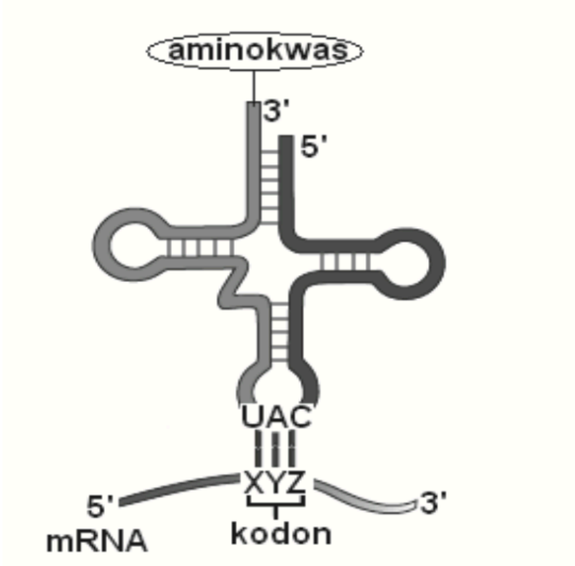
1 p. – za podanie cechy identyfikującej przedstawiony fragment genu jako fragment genu występującego w DNA jądrowym komórki eukariotycznej.

- obecność intronów
- odcinki kodujące genu / eksony poprzedzielane są odcinkami genu niekodującymi/intronami

ZADANIE 9.

Zadanie 9. (0-1)

Na schemacie przedstawiono budowę cząsteczki tRNA uczestniczącej w procesie translacji, a w tabeli — fragment kodu genetycznego.



Kodon *(zapisany od końca 5' do 3')*	**Aminokwas**
AUA	izoleucyna
AUC	izoleucyna
AUG	metionina
UAC	tyrozyna
UAG	STOP
CAU	histydyna
CUA	leucyna
GUA	walina

Zapisz triplet nukleotydów w kodonie mRNA oznaczony jako XYZ oraz nazwę aminokwasu, który zostanie przyłączony do przedstawionej cząsteczki tRNA.

kodon: **AUG** aminokwas: **metionina**

ZADANIE 10.

Zadanie 10. (0-2)

Wśród zasad azotowych wchodzących w skład fragmentu nici DNA kodującej (nieulegającej transkrypcji), tymina stanowi 35%, guanina — 15%, a cytozyna — 20%.

Podaj udział procentowy wszystkich zasad azotowych wchodzących w skład:

1. **nici matrycowej tego fragmentu DNA**

   adenina 35%, cytozyna 15%, guanina 20%, tymina 30%

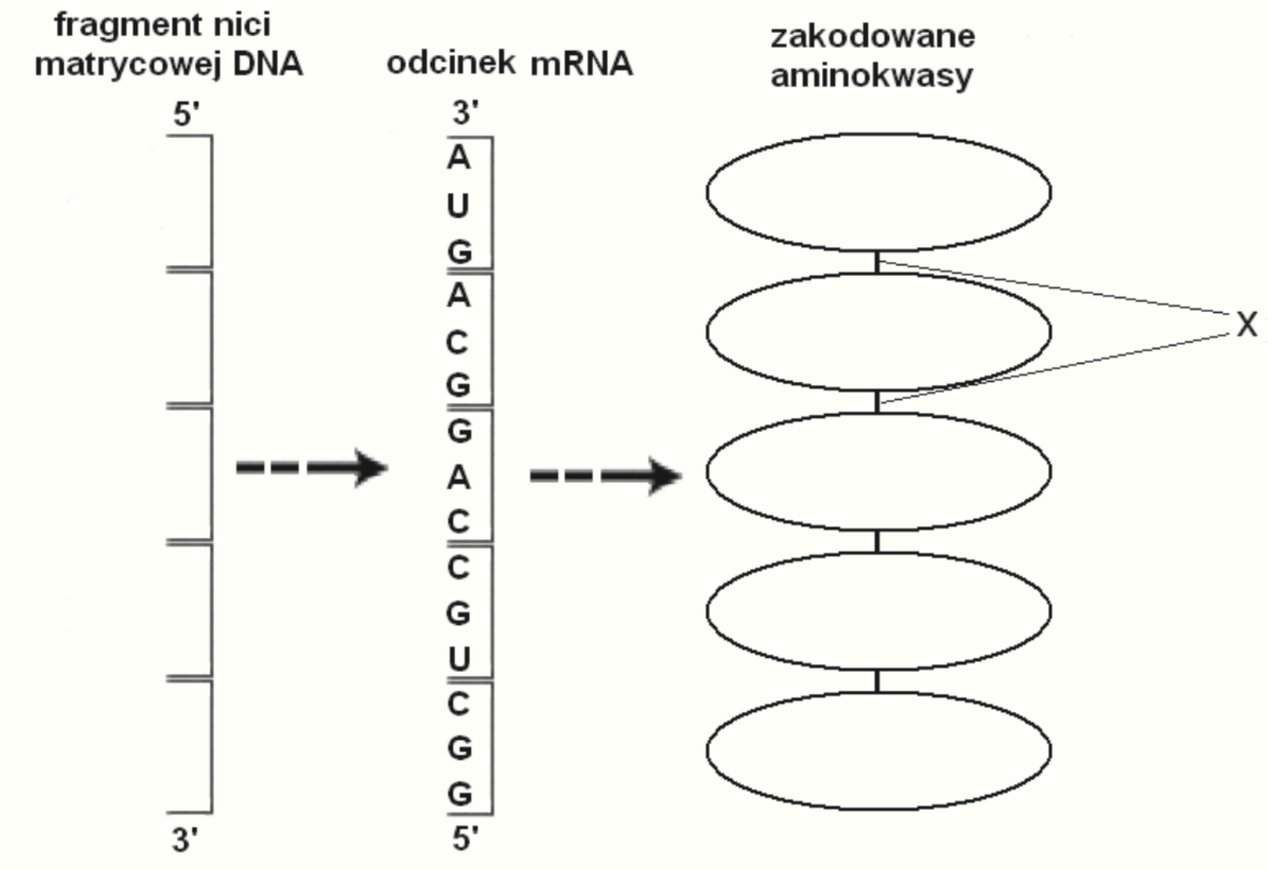
3. **2. pre-mRNA powstałego w wyniku transkrypcji tego fragmentu DNA.**

   uracyl 35%, guanina 15%, cytozyna 20%, adenina 30%

ZADANIE 11.

Zadanie 11.

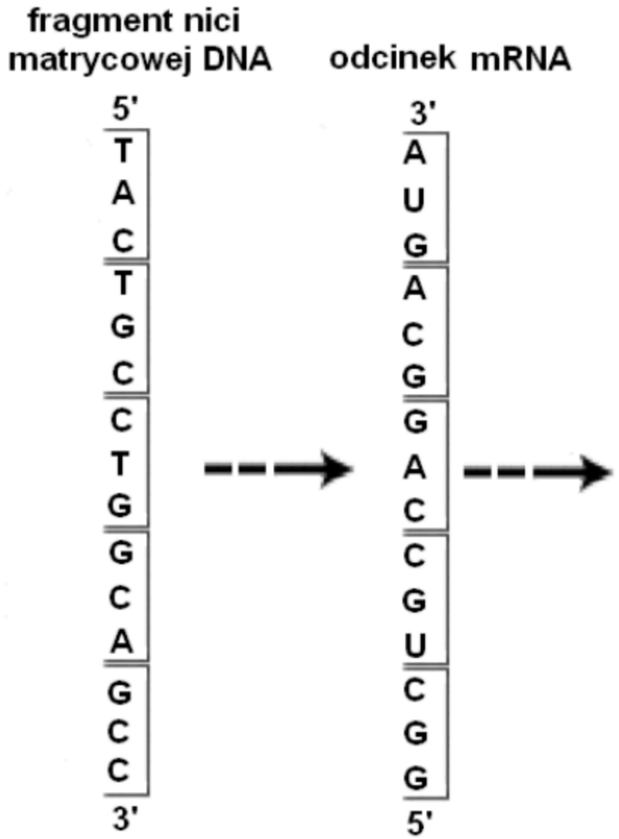
Na schemacie przedstawiono kodony występujące we fragmencie cząsteczki mRNA, która powstała po transkrypcji odcinka eksonu pewnego genu.



ZADANIE 11.

Zadanie 11.1. (0-1)

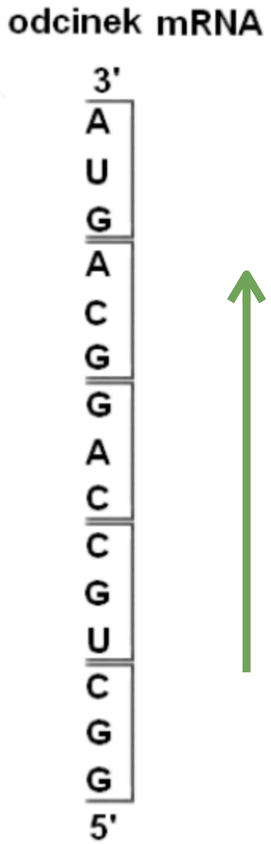
Uzupełnij schemat — zapisz sekwencję nukleotydów na fragmencie nici DNA, który był matrycą do transkrypcji przedstawionego fragmentu mRNA.



ZADANIE 11.

Zadanie 11.2. (0-1)

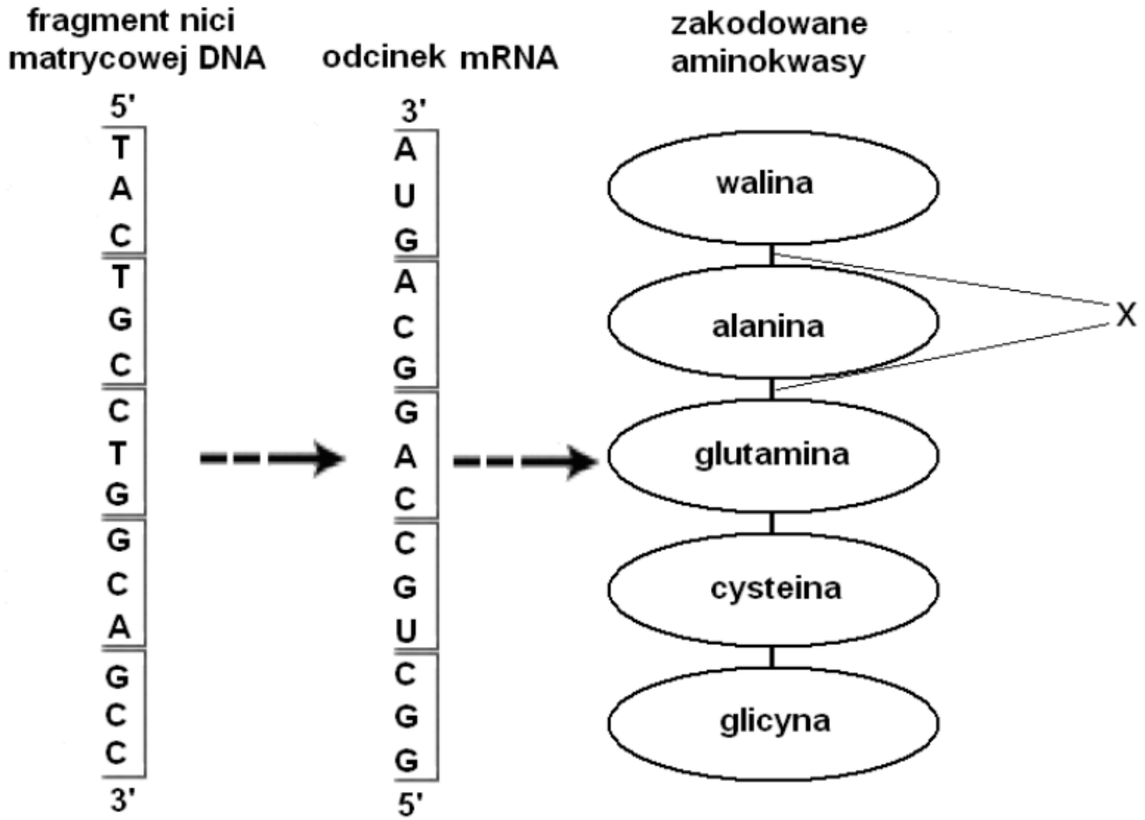
Przy odcinku mRNA zaznacz strzałką kierunek odczytu informacji w nim zapisanej.



ZADANIE 11.

Zadanie 11.3. (0-1)

Korzystając z tabeli kodu genetycznego, wpisz w zaznaczone pola na schemacie nazwy aminokwasów zakodowanych w przedstawionym fragmencie.



ZADANIE 11.

Zadanie 11.4. (0-1)

Podaj nazwę wiązania oznaczonego na schemacie literą X.

wiązanie peptydowe

ZADANIE 12.

Zadanie 12. (0-1)

Prolaktyna, wydzielana przez gruczołową część przysadki mózgowej, jest jednołańcuchowym polipeptydem złożonym ze 199 aminokwasów, powstającym w wyniku odcięcia peptydu sygnałowego liczącego 28 aminokwasów.

Podaj całkowitą liczbę kodonów w mRNA stanowiącym matrycę podczas syntezy prolaktyny.

1 pkt – za podanie poprawnej liczby kodonów w mRNA – 228, uwzględniającej sekwencję kodującą peptyd sygnałowy, sekwencję kodującą dojrzałą prolaktynę oraz kodon stop.

228 (28 + 199 + 1)

ZADANIE 13.

Zadanie 13.

U owiec gen *BMP15* zlokalizowany jest na chromosomie X i zawiera dwa eksony oddzielone od siebie intronem o długości ok. 5400 pz (par zasad), a pełna długość sekwencji kodującej (z uwzględnieniem kodonu stop) to 1182 pz. Propeptyd białka BMP15 (niedojrzałe białko) zawiera peptyd sygnałowy, który następnie ulega usunięciu. Dojrzała forma białka BMP15 składa się ze 125 aminokwasów.

Zadanie 13.1. (0-1)

Na podstawie przedstawionych informacji wykaż, że w procesie ekspresji genu *BMP15* dochodzi do potranskrypcyjnej obróbki RNA.

1 pkt – za poprawną odpowiedź, odnoszącą się do wycinania intronów. 0 pkt – za odpowiedź niespełniającą wymagań za 1 pkt albo za brak odpowiedzi.

- Owczy gen BMP15 składa się z dwóch eksonów oddzielonych od siebie intronem, który jako odcinek niekodujący jest wycinany z pre-mRNA.
- Podczas obróbki potranskrypcyjnej zachodzi splicing, czyli wycięcie jednego intronu i połączenie ze sobą dwóch eksonów w mRNA BMP15.

Uwaga: Nie uznaje się odpowiedzi odnoszących się jedynie do definicji obróbki potranskrypcyjnej.

ZADANIE 13.

Zadanie 13.2. (0-1)

Dokończ zdanie. Zaznacz właściwą odpowiedź spośród podanych.

Propeptyd białka BMP15 (niedojrzałe białko) zawiera

A. 125 aminokwasów.

B. 268 aminokwasów.

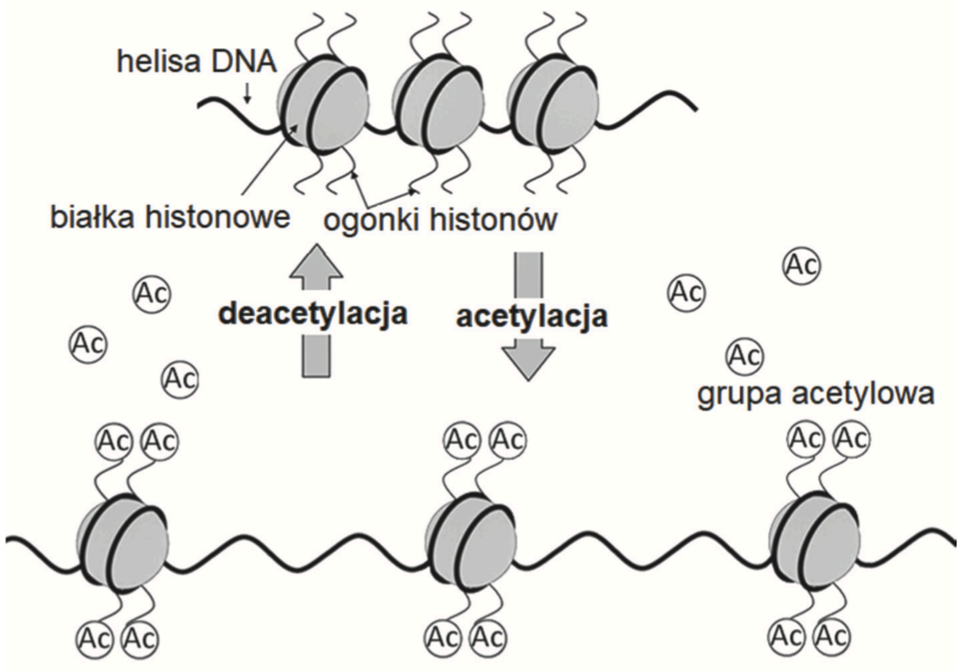
C. **393 aminokwasy.**

D. 1179 aminokwasów.

ZADANIE 14.

Zadanie 14.

Białka histonowe, typowe dla eukariontów, zbudowane są z części globularnej oraz z tzw. ogonka, wystającego poza nukleosom. Ogonki białek histonowych są miejscem modyfikacji chemicznych polegających m.in. na acetylacji i deacetylacji. Modyfikacje te wpływają na strukturę chromatyny: regulują w ten sposób ekspresję informacji genetycznej w komórce. Na schemacie przedstawiono modyfikacje fragmentu chromatyny o długości ok. 600 par zasad



ZADANIE 14.

Zadanie 14.1. (0-1)

Podaj, który z procesów przedstawionych na schemacie — acetylacja czy deacetylacja —prowadzi do zahamowania ekspresji informacji genetycznej danego fragmentu DNA. Odpowiedź uzasadnij, odwołując się do znaczenia powstałych zmian w strukturze chromatyny.

1 p. – za wskazanie procesu deacetylacji wraz z poprawnym uzasadnieniem, uwzględniającym kondensację chromatyny oraz znaczenie tej zmiany w zahamowaniu transkrypcji.

- Deacetylacja, ponieważ odłączenie grup acetylowych od ogonków białek histonowych skutkuje wytworzeniem bardziej zwartej struktury chromatyny, a więc nie dochodzi do **inicjacji transkrypcji.**
- Deacetylacja, ponieważ skutkuje ściślejszym upakowaniem nici DNA, co uniemożliwia **przyłączenie czynników transkrypcyjnych.**
- Deacetylacja, ponieważ wskutek kondensacji chromatyny miejsca przyłączenia **polimerazy RNA zależnej od DNA** są niedostępne.

Uwaga: Nie uznaje się odpowiedzi, w której uwzględniona jest zmiana struktury chromatyny bez podania jej znaczenia w hamowaniu ekspresji informacji genetycznej, np. „Deacetylacja, ponieważ powoduje kondensację chromatyny, co hamuje ekspresję informacji genetycznej danego fragmentu DNA”.

ZADANIE 14.

Zadanie 14.2. (0-1)

Określ, czy prawdziwe jest stwierdzenie, że procesy przedstawione na schemacie nie mogą zachodzić w mitochondrium. Odpowiedź uzasadnij.

1 p. – za określenie, że stwierdzenie jest prawdziwe, wraz z poprawnym uzasadnieniem, odnoszącym się do braku w mitochondriach białek histonowych związanych z DNA.

- Jest prawdziwe, ponieważ mitochondria nie mają białek histonowych związanych z DNA.
- Tak, ponieważ mtDNA nie tworzy chromatyny takiej, jak w jądrze komórkowym.

Uwagi:

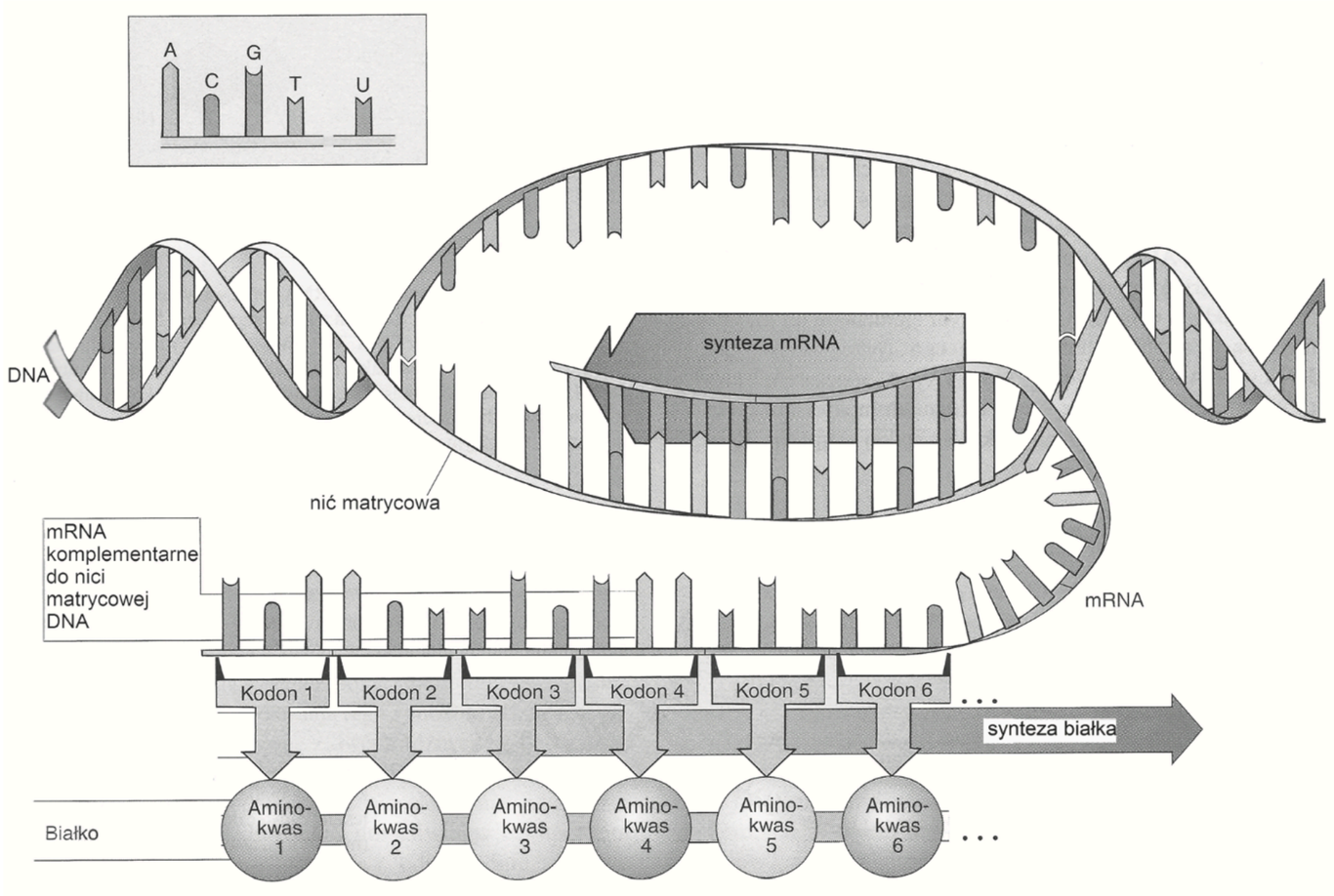
Uznaje się odpowiedzi odnoszące się w uzasadnieniu do braku histonów lub do braku chromatyny w mitochondriach.

Uznaje się odpowiedzi odnoszące się do niemożności zachodzenia przedstawionych na schemacie procesów w mitochondriach (bez jednoznacznego „tak” na początku zdania), jeśli uzasadnienie jednoznacznie na tę niemożność wskazuje, np. „Nie mogą, ponieważ w mitochondriach histony nie wiążą się z DNA”.

ZADANIE 15.

Zadanie 15.

Na rysunku przedstawiono główne etapy ekspresji informacji genetycznej.



ZADANIE 15.

Zadanie 15.1. (0-1)

Korzystając z informacji podanych na rysunku i własnej wiedzy, oceń prawdziwość poniższych stwierdzeń.

1.	Każda z nici DNA oraz nić mRNA zbudowane są z podobnych podjednostek chemicznych połączonych ze sobą za pomocą takich samych wiązań kowalencyjnych.	**P**	**F**
2.	Dwuniciowy DNA oraz mRNA zbudowane są z nukleotydów purynowych i pirymidynowych, a stosunek ilościowy tych nukleotydów w obu kwasach wynosi 1 : 1.	**P**	**F**
3.	Strukturę przestrzenną DNA i mRNA stabilizują wiązania wodorowe pomiędzy komplementarnymi zasadami azotowymi nukleotydów.	**P**	**F**

ZADANIE 15.

Zadanie 15.2. (0-1)

Stosując oznaczenia literowe zasad azotowych, podaj kodon 2 i kodon 3 w mRNA oraz w nici matrycowej DNA.

	mRNA	nić matrycowa DNA
kodon 2	(5') ACU (3')	(3') TGA (5')
kodon 3	(5') UGC (3')	(3') ACG (5')

Zadanie 15.3. (0-1)

Zaznacz prawidłowe dokończenie zdania.

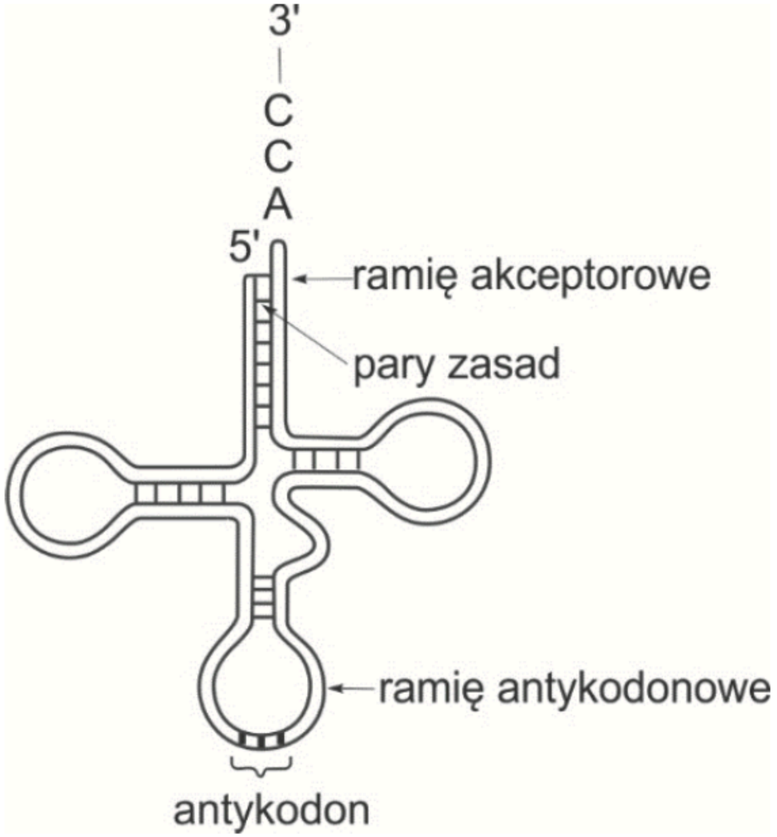
Na podstawie przedstawionego schematu ekspresji informacji genetycznej można stwierdzić, że

A. podczas transkrypcji trójkowy kod genetyczny ulega rozszyfrowaniu.
B. podczas translacji dany kodon znajdujący się w DNA zostaje odczytany dwa razy.
C. **podczas transkrypcji – mimo zmiany zapisu informacji genetycznej – nie zmienia się jej sens.**
D. zmiana nukleotydu w danym kodonie powoduje zmianę jednego aminokwasu w białku.

ZADANIE 16.

Zadanie 16. (0-2)

Na rysunku przedstawiono budowę cząsteczki tRNA.



ZADANIE 16.

Określ, jaką funkcję pełni w procesie translacji 1. ramię akceptorowe cząsteczki tRNA i 2. ramię antykodonowe cząsteczki tRNA.

2 p. – za poprawny opis roli obu elementów budowy tRNA: ramienia akceptorowego w przyłączaniu aminokwasu oraz roli antykodonu w rozpoznaniu kodonu w mRNA.

Przykładowe odpowiedzi

1. ramię akceptorowe cząsteczki tRNA – jest miejscem przyłączenia odpowiedniego aminokwasu, który będzie transportowany na rybosom.
2. ramię antykodonowe cząsteczki tRNA – znajduje się na nim antykodon umożliwiający rozpoznanie kodonu w mRNA, co umożliwia włączenie przenoszonego aminokwasu do tworzonego polipeptydu.

Uwagi: Uznaje się określenia:

- *element budowy: ramię akceptorowe / sekwencja CCA / specjalna sekwencja nukleotydów na końcu 3' + funkcja: przyłączenie odpowiedniego aminokwasu potrzebnego do syntezy polipeptydów (białek)*
- *element budowy: antykodon / ramię antykodonowe z nukleotydami komplementarnymi do kodonu + funkcja: włączenie aminokwasu do syntetyzowanego polipeptydu zgodnie z zapisem na mRNA)*

ZADANIE 17.

Zadanie 17.

Poniżej przedstawiono fragment nici mRNA kodującej fragment polipeptydu.

mRNA	…**GCCCUGGAUGCGCCUGCU**…
aminokwasy	… Ala Leu Asp Ala Pro Ala …

→

kierunek odczytu informacji

Zadanie 17.1. (0-1)

Zapisz tę sekwencję nukleotydów w odcinku matrycowej nici DNA, na podstawie której powstał przedstawiony fragment mRNA.

(3’) CGG GAC CTA CGC GGA CGA (5’)

ZADANIE 17.

Zadanie 17.2. (0-2)

Oceń, czy poniższe informacje dotyczące kodu genetycznego są prawdziwe. Zaznacz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F — jeśli jest fałszywa.

1.	Kod genetyczny jest bezprzecinkowy a kodony są trójkami nukleotydów.	**P**	**F**
2.	Dany kodon koduje wyłącznie jeden określony aminokwas, ale różne kodony mogą kodować ten sam aminokwas.	**P**	**F**
3.	W DNA człowieka kodony mogą na siebie zachodzić.	**P**	**F**

ZADANIE 18.

Zadanie 18. (0-1)

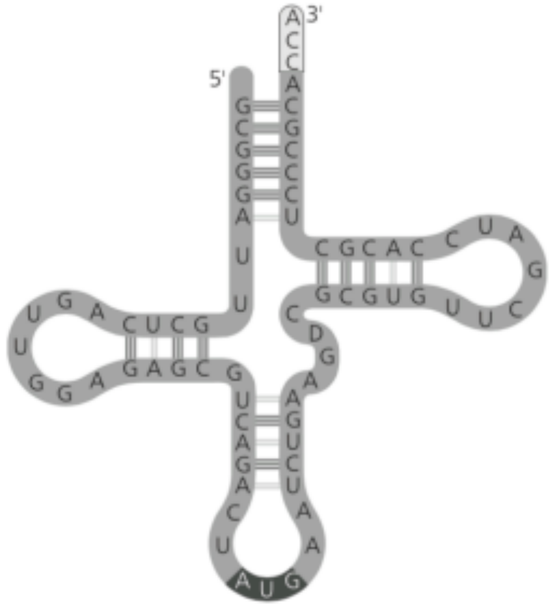
Uzupełnij poniższe zdania tak, aby powstał poprawny opis zjawiska alternatywnego składania eksonów. W każdym nawiasie podkreśl właściwe określenie.

W wyniku alternatywnego składania eksonów może powstać (*tylko jeden rodzaj* / ***wiele rodzajów***) mRNA. Dzięki temu w organizmach eukariotycznych obserwuje się znacznie (*mniej* / ***więcej***) różnych białek w porównaniu z liczbą genów w genomie. Ze względu na to, że ten proces nie zachodzi w organizmach prokariotycznych, gdy planuje się otrzymanie eukariotycznego białka w komórkach bakterii, należy przeprowadzić odwrotną (***transkrypcję*** / *translację*) mRNA, która pozwala uzyskać gen pozbawiony (*eksonów* / ***intronów***).

ZADANIE 19.

Zadanie 19.

Na schemacie przedstawiono strukturę pewnej cząsteczki tRNA.



Zadanie 19.1. (0-1)

Podaj nazwę aminokwasu, który będzie transportowany przez przedstawioną na schemacie cząsteczkę tRNA.

histydyna (wynika to z odczytu 5’ CAU 3’)

ZADANIE 19.

Zadanie 19.2. (0-2)

Oceń, czy poniższe informacje dotyczące kodu genetycznego są prawdziwe. Zaznacz P, jeśli informacja jest prawdziwa, albo F — jeśli jest fałszywa.

1.	Sekwencja końca 3’ w tRNA jest zmienna i zależy od transportowanego aminokwasu.	**P**	**F**
2.	Różne cząsteczki tRNA, mające różne antykodony, mogą przenosić ten sam aminokwas.	**P**	**F**
3.	tRNA transportuje aminokwasy z cytoplazmy do rybosomów.	**P**	**F**

ZADANIE 20.

Zadanie 20.

Gen pewnego białka myszy zbudowany jest z osiemnastonukleotydowej sekwencji promotorowej, intronów i eksonów oraz sekwencji terminalnej. Liczba nukleotydów w intronach i eksonach jest taka sama. Białko kodowane przez ten gen zbudowane jest z 29 aminokwasów.

Zadanie 20.1. (0-1)

Podaj minimalną liczbę nukleotydów budujących opisany gen.

18 nukleotydów sekwencji promotorowej
29 x 3 = 87 nukleotydów kodujących aminokwasy
87 nukleotydów w intronach
3 nukleotydy sekwencji terminalnej
łącznie - **195 nukleotydów**

Promotor nie jest transkrybowany!

ZADANIE 20.

Zadanie 20.2. (0-1)

W niektórych komórkach występuje inna forma białka kodowanego przez ten sam gen, krótsza o trzy aminokwasy. W dłuższej wersji białka aminokwasy te znajdują się w środku łańcucha. Opisz, jaki proces jest odpowiedzialny za powstawanie krótszego białka.

1 p. - za opisanie alternatywnego splicingu, który polega na usuwaniu intronów i połączeniu mniejszej liczby eksonów

- Krótsze białko powstaje w wyniku alternatywnego splicingu. Proces ten polega na usunięciu intronów i połączeniu nie wszystkich eksonów ze sobą, w wyniku czego translacja z udziałem takiego mRNA skutkuje powstaniem krótszego białka.

ZADANIE 20.

Zadanie 20.3. (0-1)

Wyjaśnij, jakie jest znaczenie procesu prowadzącego do wytwarzania przez organizm różnych wersji jednego białka, kodowanych przez jeden gen.

1 p. - za poprawne wyjaśnienie uwzględniające albo zwiększenie różnorodności wytwarzanych białek albo zmniejszenie ilości DNA kodującego informację o budowie różnych białek

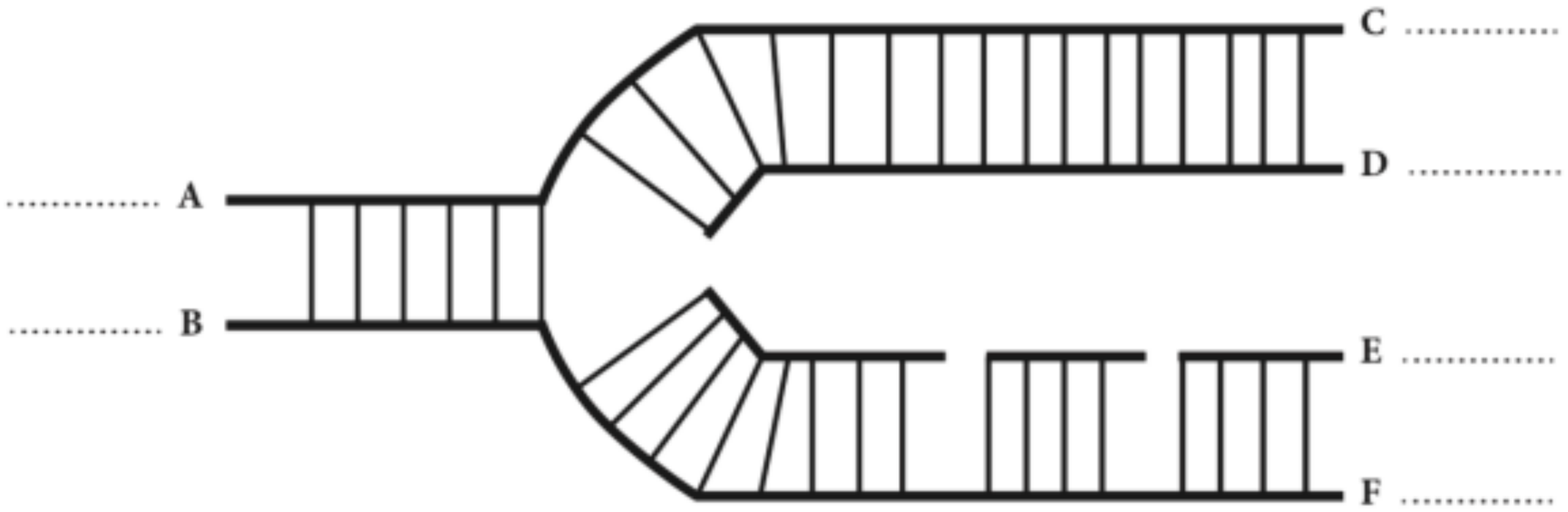
- Proces ten pozwala na zróżnicowanie powstających w komórce białek, które mogą różnić się kształtem i pełnionymi funkcjami.

- Dzięki temu procesowi zmniejsza się ilość DNA potrzebnego do zakodowania wszystkich białek występujących w komórkach.

ZADANIE 21.

Zadanie 21.

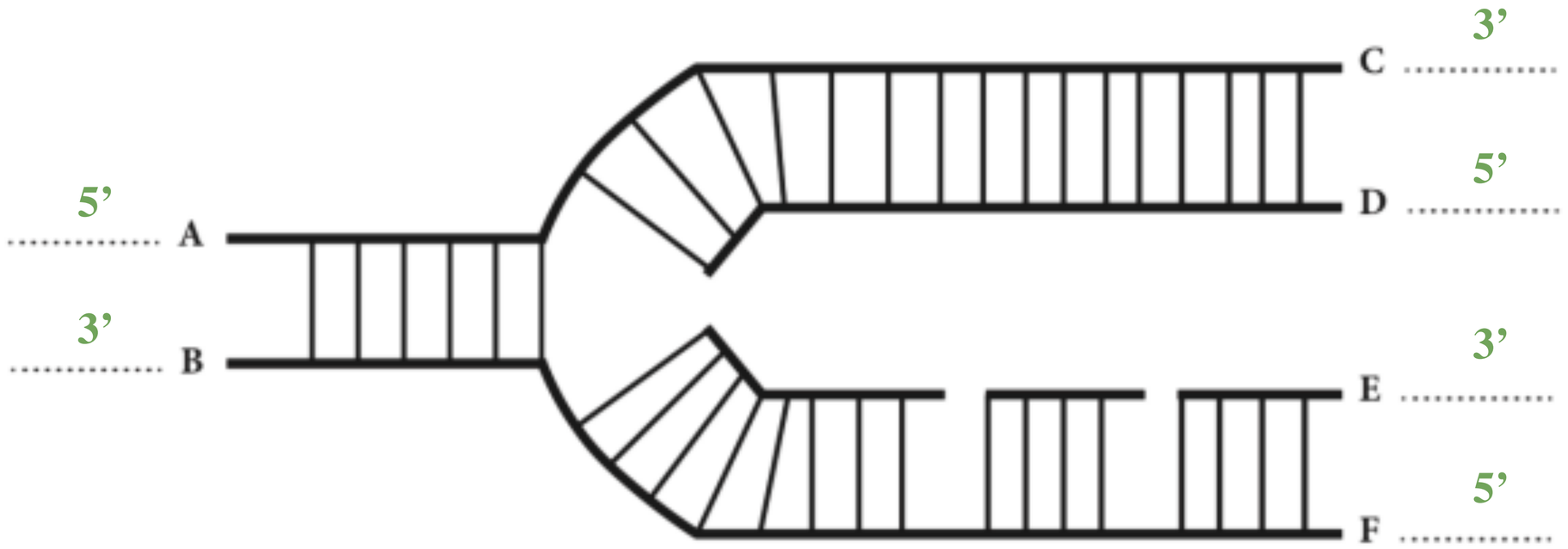
Schemat przedstawia widełki replikacyjne.



ZADANIE 21.

Zadanie 21.1. (0-1)

Wpisz w miejscach oznaczonych na schemacie literami (A–F) odpowiednie oznaczenia (3' lub 5') określające polarność nici DNA.



ZADANIE 21.

Zadanie 21.2. (0-1)

Podaj nazwę enzymu odpowiadającego za łączenie fragmentów nici oznaczonej na schemacie literą E w jedną ciągłą nić.

ligaza DNA