Pierwsza Ławka · zestaw działowy · liceum i technikum

Dział 23

Ekspresja informacji genetycznej

Budowa genu prokariotycznego i eukariotycznego, transkrypcja i polimeraza RNA, obróbka potranskrypcyjna i alternatywne składanie, cechy kodu genetycznego, translacja i modyfikacje potranslacyjne, porównanie ekspresji u bakterii i eukariontów, regulacja ekspresji genów u eukariontów. Dziewięć kart: najważniejsze wiadomości z przykładami, ćwiczenia, zadania typu maturalnego, dwie kartkówki i sprawdzian w grupach A i B – z kluczem i zasadami oceniania.

Biologia | klasa 4 LO i technikum | Dział 23 | zakres rozszerzony (ZR)

	Karta	Rodzaj	Poziom	Zadania
1	**Ekspresja genów – najważniejsze wiadomości** Teoria, przykłady z wyjaśnieniem, rozgrzewka	Najważniejsze wiadomości	ZR	3 zad. · 10 pkt
2	**Ekspresja genów – ćwiczenia** Ćwiczę umiejętności z działu	Ćwiczenia	ZR	6 zad. · 22 pkt
3	**Ekspresja genów – zadania typu maturalnego** Polecenia, wiązki i punktacja jak na maturze 2027	Zadania typu maturalnego	ZR	6 zad. · 15 pkt
4	**Kartkówka 1: budowa genu, transkrypcja, obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny – grupa A** 15 minut · 7 pkt	Kartkówka	ZR	4 zad. · 7 pkt 15 min
5	**Kartkówka 1: budowa genu, transkrypcja, obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny – grupa B** 15 minut · 7 pkt	Kartkówka	ZR	4 zad. · 7 pkt 15 min
6	**Kartkówka 2: translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji i regulacja – grupa A** 15 minut · 7 pkt	Kartkówka	ZR	4 zad. · 7 pkt 15 min
7	**Kartkówka 2: translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji i regulacja – grupa B** 15 minut · 7 pkt	Kartkówka	ZR	4 zad. · 7 pkt 15 min
8	**Sprawdzian: Ekspresja genów – grupa A** 45 minut · 20 pkt	Sprawdzian	ZR	9 zad. · 20 pkt 45 min
9	**Sprawdzian: Ekspresja genów – grupa B** 45 minut · 20 pkt	Sprawdzian	ZR	9 zad. · 20 pkt 45 min

Jak korzystać z zestawu

- Karta 1 to najważniejsze wiadomości z działu, przykłady z wzorcową odpowiedzią i krótka rozgrzewka – od niej warto zacząć.
- Karta 2 to ćwiczenia, karta 3 – zadania typu maturalnego – polecenia, wiązki i punktacja jak w arkuszach CKE.
- Karty 4–7 to dwie kartkówki (po 15 minut), karty 8–9 – sprawdzian (45 minut). Każde w grupach A i B: te same typy zadań i ta sama punktacja, inne treści.
- Klucz na końcu zawiera odpowiedzi i zasady oceniania zadań otwartych w stylu CKE: przykładowa odpowiedź, za co jest punkt i czego się nie uznaje.
- Osobny plik „Powtórka" zbiera pojęcia i schematy działu, typowe błędy i test „Sprawdź się" z odpowiedziami.

Oznaczenia

ZP	zakres podstawowy
ZR	zakres rozszerzony (treści tylko dla ZR)
(0–2 pkt)	liczba punktów możliwych do zdobycia za zadanie
Zadanie 4.1.	wiązka zadań do wspólnego materiału źródłowego
Jak to sprawdza CKE	typ zadania i typowy błąd ze sprawozdań CKE
Na maturze	wymagania z podstawy programowej, których dotyczy temat

Wymagania z podstawy programowej (Dz.U. 2024 poz. 1019)

- **XIII.1** porównuje strukturę genu organizmu prokariotycznego i eukariotycznego
- **XIII.2** opisuje proces transkrypcji, z uwzględnieniem roli polimerazy RNA
- **XIII.3** opisuje proces obróbki potranskrypcyjnej u organizmów eukariotycznych
- **XIII.4** przedstawia cechy kodu genetycznego
- **XIII.5** opisuje proces translacji i przedstawia znaczenie modyfikacji potranslacyjnej białek
- **XIII.6** porównuje przebieg ekspresji informacji genetycznej w komórce prokariotycznej i eukariotycznej
- **XIII.7** przedstawia istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych

Materiał oryginalny – nie jest kopią materiałów CKE ani podręczników. Podstawa programowa LO i technikum, zakres rozszerzony (Dz.U. 2018 poz. 467 w brzmieniu Dz.U. 2024 poz. 1019). Wymagania: I.2 / XIII.1–XIII.7. Do użytku własnego i pracy z własnymi uczniami.

Ekspresja genów – najważniejsze wiadomości

Teoria, przykłady z wyjaśnieniem, rozgrzewka

ZR KARTA 1/9

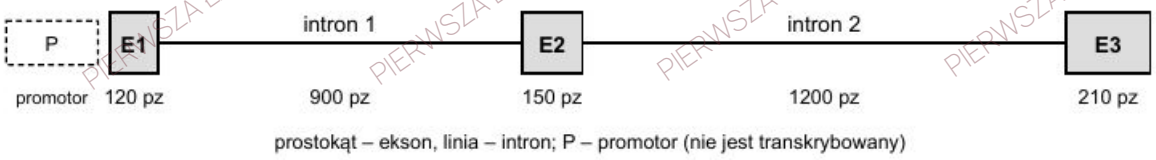
Imię i nazwisko: ..... Klasa: ..... Data: ..... Wynik: ..... / 10 pkt

Najważniejsze wiadomości · 10 pkt

Przypomnij sobie

- **XIII.1. Gen.** Gen to odcinek DNA zawierający informację o budowie RNA, a w genach kodujących białka – o kolejności aminokwasów. Przed genem leży **promotor** – sekwencja, do której przyłącza się polimeraza RNA (u eukariontów z pomocą **czynników transkrypcyjnych**); promotor nie jest przepisywany na RNA. Za sekwencją kodującą leży sekwencja kończąca transkrypcję (terminator).

Cecha	Bakteria (np. *E. coli*)	Eukariont (np. człowiek)
budowa genu	gen ciągły – bez intronów; geny o pokrewnej funkcji często tworzą wspólną jednostkę transkrypcji (mRNA policistronowy)	gen nieciągły – eksony przedzielone intronami; zwykle każdy gen ma własny promotor (mRNA monocistronowy)
polimerazy RNA	jedna polimeraza RNA syntetyzuje mRNA, tRNA i rRNA	trzy polimerazy jądrowe: I – większość rRNA, II – pre-mRNA, III – tRNA i 5S rRNA
miejsce transkrypcji i translacji	cytoplazma; translacja zaczyna się na mRNA, które jeszcze jest syntetyzowane	transkrypcja i obróbka – w jądrze; translacja – w cytoplazmie (wolne rybosomy i RER)
obróbka mRNA	zwykle brak	czapeczka na końcu 5′, ogon poli(A) na końcu 3′, wycinanie intronów i łączenie eksonów (splicing)
rybosomy	70S	80S w cytozolu (w mitochondriach i plastydach – mniejsze, typu bakteryjnego)
regulacja	głównie na etapie transkrypcji	na wielu etapach: struktura chromatyny, transkrypcja, obróbka, transport, trwałość mRNA, translacja, modyfikacje białek



prostokąt – ekson, linia – intron; P – promotor (nie jest transkrybowany)

Schemat genu eukariotycznego z trzema eksonami (rysunek własny, długości przykładowe).

- **Pułapka:** Ekson to nie to samo co „fragment kodujący białko". Pierwszy i ostatni ekson zawierają też odcinki nieulegające translacji (5′UTR przed kodonem START i 3′UTR za kodonem STOP), które zostają w dojrzałym mRNA.
- **XIII.2. Transkrypcja** to synteza RNA na matrycy DNA. Polimeraza RNA przyłącza się do promotora, lokalnie rozplata podwójną helisę i odczytuje **nić matrycową** w kierunku 3′ → 5′, a RNA wydłuża w kierunku **5′ → 3′**, dołączając rybonukleotydy komplementarne do matrycy (A–U, T–A, G–C, C–G). Polimeraza RNA **nie potrzebuje startera** (w odróżnieniu od polimerazy DNA). Etapy: inicjacja (przyłączenie do promotora), elongacja, terminacja (odłączenie po odczytaniu terminatora).
- **Kluczowe:** Sekwencja RNA jest taka jak sekwencja nici kodującej DNA (niematrycowej), tylko z uracylem zamiast tyminy; jest komplementarna do nici matrycowej.
- **XIII.3. Obróbka potranskrypcyjna (eukarionty).** Pierwotny transkrypt (pre-mRNA) przed opuszczeniem jądra jest przekształcany w dojrzałe mRNA:

Etap	Co się dzieje	Znaczenie
dołączenie czapeczki (5′)	do końca 5′ przyłączany jest zmodyfikowany nukleotyd guaninowy (7-metyloguanozyna)	chroni mRNA przed rozkładem, ułatwia transport z jądra i przyłączenie małej podjednostki rybosomu
poliadenylacja (3′)	do końca 3′ dołączany jest ogon z wielu (ok. 200) nukleotydów adeninowych – poli(A)	zwiększa trwałość mRNA, ułatwia eksport i translację
składanie (splicing)	wycięcie intronów i połączenie eksonów; przeprowadza je kompleks białek i małych RNA (spliceosom)	powstaje ciągła sekwencja kodująca; dzięki **alternatywnemu składaniu** jeden gen może kodować kilka białek

- **XIII.4. Kod genetyczny** to sposób zapisu kolejności aminokwasów w kolejności nukleotydów mRNA.

Cecha kodu	Co oznacza
trójkowy	jeden aminokwas koduje trójka nukleotydów – kodon; $4^3 = 64$ kodony
jednoznaczny	dany kodon oznacza zawsze ten sam aminokwas
zdegenerowany (nadmiarowy)	większości aminokwasów odpowiada więcej niż jedna trójka (61 kodonów sensownych, 20 aminokwasów)
bezprzecinkowy	kodony odczytywane są jeden po drugim, bez przerw między nimi
niezachodzący	każdy nukleotyd należy w danej ramce odczytu tylko do jednego kodonu
uniwersalny	u niemal wszystkich organizmów te same kodony oznaczają te same aminokwasy (nieliczne wyjątki, np. w mitochondriach)
kolinearny	n-ty kodon sekwencji kodującej wyznacza n-ty aminokwas łańcucha
ma kodony START i STOP	AUG (metionina) rozpoczyna translację; UAA, UAG, UGA jej kończą i nie kodują aminokwasu

Kodon mRNA	Aminokwas	Kodon mRNA	Aminokwas	Kodon mRNA	Aminokwas
AUG	Met (START)	GAA	Glu	UAC	Tyr
UGG	Trp	UCU, UCC	Ser	GUC	Val
CAU, CAC	His	CCG, CCA	Pro	GAU	Asp
CAA	Gln	AAA	Lys	UAA, UAG, UGA	STOP

Jak to sprawdza CKE

Typ zadania: wyjaśnienie funkcji elementów budowy tRNA (ramię akceptorowe, antykodon) w translacji – zadanie otwarte 0–2 pkt.

Typowy błąd: odpowiedzi zbyt ogólne („antykodon odczytuje informację genetyczną") albo błędne („antykodon jest komplementarny do nici kodującej DNA"); poziom wykonania 11%.

Jak uniknąć: pisz, z czym antykodon tworzy pary zasad (z kodonem mRNA w rybosomie) i co z tego wynika (wbudowanie właściwego aminokwasu).

Źródło: Sprawozdanie CKE 2024, biologia PR, zad. 17.2

- **Pułapka:** Do odczytu aminokwasów z tabeli kodu używa się kodonów mRNA, a nie trójek z nici matrycowej DNA. Antykodon tRNA jest komplementarny do kodonu mRNA, nie do DNA.
- **XIII.5. Translacja** zachodzi na rybosomach. *Aktywacja aminokwasów:* enzym (syntetaza aminoacylo-tRNA) przyłącza właściwy aminokwas do końca 3′ (ramienia akceptorowego) odpowiedniego tRNA, zużywając ATP. *Inicjacja:* mała podjednostka z inicjatorowym tRNA (Met) odnajduje kodon START, przyłącza się duża podjednostka. *Elongacja:* aminoacylo-tRNA wiąże się antykodonem z kolejnym kodonem w miejscu A; w dużej podjednostce powstaje **wiązanie peptydowe**; następnie rybosom

Ekspresja genów – ćwiczenia

Ćwiczę umiejętności z działu

ZR

KARTA 2/9

Imię i nazwisko: ..... Klasa: ..... Data: ..... Wynik: ..... / 22 pkt

Ćwiczenia · 22 pkt

Zadanie 1. (0–6 pkt) ..... / 6

Przyporządkuj cechy do genu, którego dotyczą. Wpisz je w odpowiednie kolumny.

zawiera introny często wchodzi w skład jednostki transkrypcji z kilkoma genami
jego pre-mRNA podlega składaniu
transkrybowany i tłumaczony w tym samym przedziale komórki
transkrybowany przez polimerazę RNA II brak sekwencji wycinanych z transkryptu

gen bakterii	gen eukariotyczny (jądrowy)

Zadanie 2. (0–2 pkt) ..... / 2

Fragment nici matrycowej DNA: 3′ TAC GGC TTT ATG CAG CTA ACT 5′. Zapisz sekwencję mRNA (z końcami) i odczytaj z tabeli kodu sekwencję aminokwasów.

Miejsce na rozwiązanie

Zadanie 3. (0–4 pkt) ..... / 4

Uzupełnij zdania wyrazami z ramki (dwa wyrazy są zbędne).

składaniu spliceosom promotor czapeczka poli(A) rybosom

1. Do końca 5′ pre-mRNA dołączana jest _____.
2. Do końca 3′ pre-mRNA dołączany jest ogon _____.
3. Wycinanie intronów i łączenie eksonów przeprowadza _____.
4. Dzięki alternatywnemu _____ z jednego genu mogą powstać różne białka.

Zadanie 4. (0–4 pkt) ..... / 4

Dopasuj cechę kodu genetycznego (1–4) do jej opisu (a–d).

1. zdegenerowany	a) u prawie wszystkich organizmów kodony mają to samo znaczenie
2. jednoznaczny	b) kodony leżą jeden za drugim, bez nukleotydów rozdzielających
3. bezprzecinkowy	c) kodon oznacza zawsze ten sam aminokwas
4. uniwersalny	d) do jednego aminokwasu pasuje kilka różnych trójek mRNA

1 ____ 2 ____ 3 ____ 4 ____

Zadanie 5. (0–4 pkt) ..... / 4

Oceń prawdziwość zdań o translacji.

1. Syntetaza aminoacylo-tRNA łączy aminokwas z odpowiednim tRNA, zużywając ATP.	**P**	**F**
2. Do kodonu STOP przyłącza się tRNA niosące ostatni aminokwas.	**P**	**F**
3. Rybosom przesuwa się po mRNA w kierunku końca 3′.	**P**	**F**
4. Jedno mRNA może być jednocześnie odczytywane przez kilka rybosomów.	**P**	**F**

Zadanie 6. (0–2 pkt) ..... / 2

Wyjaśnij, dlaczego trypsyna jest wytwarzana w trzustce w postaci nieaktywnego trypsynogenu, a aktywowana dopiero w jelicie cienkim.

Miejsce na odpowiedź

PIERWSZA ŁAWKA

Ekspresja genów – zadania typu maturalnego

Polecenia, wiązki i punktacja jak na maturze 2027

ZR KARTA 3/9

Imię i nazwisko: ..... Klasa: ..... Data: ..... Wynik: ..... / 15 pkt

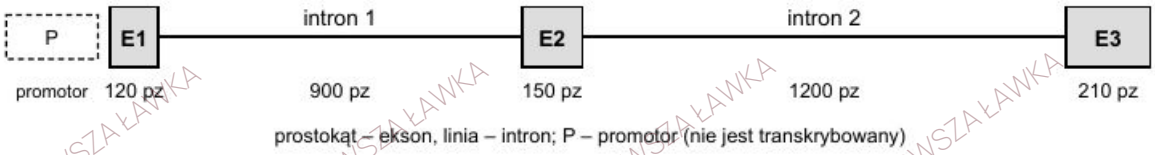
Zadania typu maturalnego · 15 pkt

Zadanie 1. (0–4 pkt)

Wykonaj polecenia 1.1–1.3 na podstawie schematu i tekstu.

Gen pewnego białka myszy

Na schemacie przedstawiono gen eukariotyczny (długości w parach zasad). Kodon START leży w eksonie E1 – przed nim jest 39 nukleotydów nieulegających translacji; kodon STOP leży w eksonie E3 – za nim są 63 nukleotydy nieulegające translacji.



prostokąt – ekson, linia – intron; P – promotor (nie jest transkrybowany)

Schemat własny, długości przykładowe.

Zadanie 1.1. (0–1 pkt) ..... / 1

Ile reszt aminokwasowych liczy łańcuch polipeptydowy kodowany przez ten gen?

A. 160 B. 125 C. 859 D. 126

Zadanie 1.2. (0–1 pkt) ..... / 1

Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących ekspresji tego genu.

1. Pre-mRNA tego genu jest ponad pięciokrotnie dłuższe niż dojrzałe mRNA bez czapeczki i ogona poli(A).	P	F
2. Promotor P jest odczytywany przez polimerazę RNA i wchodzi w skład pre-mRNA.	P	F
3. Gdyby ten gen wprowadzono do komórki bakterii, powstałoby w niej to samo białko co u myszy.	P	F

Zadanie 1.3. (0–2 pkt) ..... / 2

W komórkach mięśni z tego samego genu powstaje mRNA złożone z eksonów E1 i E3, a w komórkach wątroby – z eksonów E1, E2 i E3. Wyjaśnij, jak jeden gen może być źródłem dwóch różnych białek.

Miejsce na odpowiedź

PIERWSZA ŁAWKA

Zadanie 3. (0–1 pkt) ..... / 1

Które stwierdzenie dotyczące transkrypcji jest prawdziwe?

A. Polimeraza RNA odczytuje obie nici DNA jednocześnie.

B. W transkrypcji do adeniny matrycy dołączana jest tymina.

C. Transkrybowany RNA wydłuża się w kierunku 3′ → 5′.

D. Polimeraza RNA rozpoczyna syntezę RNA bez startera.

Zadanie 4. (0–1 pkt) ..... / 1

Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących regulacji ekspresji genów u eukariontów.

1. Acetylacja histonów rozluźnia chromatynę i ułatwia transkrypcję genów w tym rejonie.	P	F
2. Komórki różnych tkanek tego samego organizmu różnią się, ponieważ każda zawiera inny zestaw genów.	P	F
3. Cząsteczki mikroRNA mogą hamować translację określonego mRNA lub przyspieszać jego rozkład.	P	F

Zadanie 5. (0–2 pkt)

Wykonaj polecenia 3.1 i 3.2 na podstawie opisu doświadczenia.

Aktywacja trypsynogenu

Enteropeptydaza to enzym błony komórek nabłonka dwunastnicy, który odcina krótki fragment łańcucha trypsynogenu. Przygotowano cztery próby w buforze o pH 8 i inkubowano je 30 minut w 37 °C, po czym oznaczono, ile białka kazeiny zostało rozłożone.

Próba	Zawartość probówki (bufor pH 8, 37 °C, 30 min)	Rozłożone białko (j. wzgl.)
1	trypsynogen + białko mleka (kazeina)	4
2	trypsynogen + enteropeptydaza + kazeina	96
3	enteropeptydaza + kazeina	5
4	kazeina (bez enzymów)	3

Opracowanie własne, wyniki przykładowe.

Zadanie 5.1. (0–1 pkt) ..... / 1

Sformułuj wniosek z doświadczenia.

Miejsce na odpowiedź

Zadanie 5.2. (0–1 pkt) ..... / 1

Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących opisanego doświadczenia.

1. Próby 3 i 4 pozwalają wykluczyć, że kazeinę rozkłada sama enteropeptydaza lub że rozpada się ona samoistnie.	P	F
2. Aktywacja trypsynogenu jest przykładem modyfikacji potranslacyjnej.	P	F
3. Aktywacja trypsynogenu wymaga ponownej translacji jego mRNA.	P	F

Podgląd z Pierwszej Ławki

Sprawdzian: Ekspresja genów – grupa A

45 minut · 20 pkt

ZR

KARTA 8/9

Imię i nazwisko: ..... Klasa: ..... Data: ..... Wynik: ..... / 20 pkt

Sprawdzian · 45 minut · 20 pkt

Zadanie 1. (0–1 pkt) ..... / 1

Który zestaw zawiera wyłącznie etapy obróbki potranskrypcyjnej?

A. dołączenie czapeczki, poliadenylacja, wycinanie intronów

B. inicjacja, elongacja, terminacja

C. aktywacja aminokwasów, wycinanie intronów, fosforylacja

D. glikozylacja, cięcie proteolityczne, fałdowanie

Zadanie 2. (0–2 pkt) ..... / 2

Oceń prawdziwość stwierdzeń dotyczących kodu genetycznego.

1. Kodon UGG koduje tryptofan, a kodony UAA, UAG i UGA nie kodują aminokwasów.	P	F
2. Kod genetyczny jest zachodzący – sąsiednie kodony mają wspólne nukleotydy.	P	F
3. Kod jest kolinearny – n-ty kodon sekwencji kodującej mRNA określa n-ty aminokwas łańcucha.	P	F

Zadanie 3. (0–2 pkt) ..... / 2

Fragment nici matrycowej DNA: 3′ TAC ACC GTA CTT AGA GGC ATT 5′. Zapisz mRNA (z końcami) i sekwencję aminokwasów. Skorzystaj z tabeli kodu z karty 1.

Miejsce na rozwiązanie

Zadanie 4. (0–2 pkt) ..... / 2

W 6. pozycji tego mRNA (licząc od końca 5′) G zamieniło się na A. Określ skutek tej zmiany dla białka i uzasadnij odpowiedź.

Miejsce na odpowiedź

PIERWSZA ŁAWKA

Zadanie 5. (0–2 pkt) ..... / 2

Przyporządkuj procesy do miejsca, w którym zachodzą w komórce eukariotycznej (geny jądrowe). Wpisz litery.

A. dołączanie czapeczki do pre-mRNA
B. łączenie aminokwasu z tRNA
C. synteza pre-mRNA
D. odczytywanie kodonów przez antykodony

A B C D

jądro komórkowe	cytoplazma (rybosomy)

Zadanie 6. (0–3 pkt) ..... / 3

Opisz przebieg elongacji translacji. Uwzględnij co najmniej trzy zdarzenia.

Miejsce na odpowiedź

Zadanie 7. (0–3 pkt)

Przeczytaj tekst i wykonaj polecenia.

Gen dystrofiny

Gen dystrofiny człowieka ma 79 eksonów i należy do najdłuższych genów – liczy ok. 2,2 mln par zasad, a jego dojrzałe mRNA – ok. 14 tys. nukleotydów. Dystrofina jest białkiem mięśni; po translacji enzymy (kinazy) przyłączają reszty fosforanowe do niektórych jej reszt seryny, co zmienia siłę wiązania dystrofiny z białkami błony komórkowej.

Tekst własny, liczby zaokrąglone.

Zadanie 7.1. (0–1 pkt) ..... / 1

Jaki odsetek długości tego genu przypada na eksony?

A. ok. 99% B. ok. 0,6% C. ok. 6% D. ok. 60%

Zadanie 7.2. (0–2 pkt) ..... / 2

Podaj nazwę modyfikacji potranslacyjnej opisanej w tekście i wyjaśnij, czemu ona służy.

Miejsce na odpowiedź

PIERWSZA ŁAWKA

CO JESZCZE JEST W ŚRODKU

Ekspresja informacji genetycznej – kartkówki, sprawdzian i karty pracy z powtórką, biologia, klasa 4 LO i technikum (zakres rozszerzony)

Podgląd pokazał 10 z 31 stron. Pełna wersja: 31 stron A4, PDF do druku i DOCX do edycji.

- Karta 1: Ekspresja genów – najważniejsze wiadomości – 3 zadania, 10 pkt
- Karta 2: Ekspresja genów – ćwiczenia – 6 zadań, 22 pkt
- Karta 3: Ekspresja genów – zadania typu maturalnego – 6 zadań, 15 pkt
- Karta 4: Kartkówka 1: budowa genu, transkrypcja, obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny – grupa A – 4 zadania, 7 pkt
- Karta 5: Kartkówka 1: budowa genu, transkrypcja, obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny – grupa B – 4 zadania, 7 pkt
- Karta 6: Kartkówka 2: translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji i regulacja – grupa A – 4 zadania, 7 pkt
- Karta 7: Kartkówka 2: translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji i regulacja – grupa B – 4 zadania, 7 pkt
- Karta 8: Sprawdzian: Ekspresja genów – grupa A – 9 zadań, 20 pkt
- Karta 9: Sprawdzian: Ekspresja genów – grupa B – 9 zadań, 20 pkt Karta 1 to teoria z przykładami i wzorcowymi odpowiedziami, karta 2 – ćwiczenia, karta 3 – zadania typu maturalnego

Kup pełną wersję – plik od razu na e-mail

pierwszalawka.pl/material/biologia-liceum-klasa-4-zr-dzial-23-ekspresja-informacji-genetycznej