ROZDZIAŁ 11

Ekspresja informacji genetycznej i biotechnologia

Zbiór zadań maturalnych z biologii · poziom rozszerzony · matura 2027

W tym rozdziale

Zakres	XIII. Ekspresja informacji genetycznej; XV. Biotechnologia. Podstawy inżynierii genetycznej (podstawa programowa, zakres rozszerzony)
R. Repetytorium	Gen i transkrypcja; Obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny; Tabela kodu genetycznego (kodony mRNA); Translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji; Regulacja ekspresji genów u eukariontów; Narzędzia i techniki biotechnologii molekularnej; Biotechnologia i jej zastosowania; ramki „Na maturze" i „Typowe błędy"
A. Zadania wprowadzające	zadania 1–7 · 16 punktów
B. Zadania maturalne	zadania 8–17 · 36 punktów
C. Zadania trudniejsze	zadania 18–21 · 17 punktów
Razem	21 zadań (56 poleceń), 69 punktów
Rozwiązania	osobny plik: klucz do zadań zamkniętych, przykładowe odpowiedzi i zasady oceniania w układzie CKE (z wymaganiami podstawy programowej przy każdym poleceniu)

Jak pracować z rozdziałem

A	Zadania sprawdzające podstawowe pojęcia i procesy działu.
B	Zadania w formule egzaminu maturalnego (Formuła 2023): wiązki do wspólnego materiału, doświadczenia, dane liczbowe.
C	Zadania wymagające łączenia wiadomości i analizy złożonych danych.
Pomoce	Jak na maturze: *Wybrane wzory i stałe fizykochemiczne na egzamin maturalny z biologii, chemii i fizyki*, linijka, kalkulator prosty.

Opracowanie własne „Pierwsza Ławka". Zakres zgodny z podstawą programową kształcenia ogólnego – biologia, zakres rozszerzony (Dz.U. 2024 poz. 1019) i z Informatorem o egzaminie maturalnym z biologii od roku szkolnego 2024/2025. Zbiór nie jest materiałem Centralnej Komisji Egzaminacyjnej. Typy zadań i zasady oceniania wzorowane na egzaminie maturalnym CKE.

Podgląd • Pierwsza Ławka

R Repetytorium

Gen i transkrypcja

Cecha	Gen organizmu prokariotycznego	Gen organizmu eukariotycznego
sekwencja kodująca	ciągła (bez intronów)	podzielona: eksony (występują w dojrzałym mRNA) przedzielone intronami (wycinane z pre-mRNA)
promotor	rozpoznawany bezpośrednio przez polimerazę RNA (z udziałem podjednostki σ)	rozpoznawany przez czynniki transkrypcyjne, które przyłączają polimerazę RNA; dodatkowo odległe sekwencje regulatorowe (wzmacniacze)
transkrypt	mRNA gotowy do translacji	pre-mRNA wymagający obróbki

- **Transkrypcja** – synteza RNA na matrycy jednej nici DNA (**nić matrycowa**). Druga nić – **kodująca** – ma sekwencję taką jak RNA (z T zamiast U). **Polimeraza RNA** przyłącza się do promotora, rozplata podwójną helisę, dobiera rybonukleotydy (ATP, GTP, CTP, UTP) komplementarne do matrycy i łączy je wiązaniami fosfodiestrowymi; RNA rośnie w kierunku **5′ → 3′**, matryca jest odczytywana 3′ → 5′. Polimeraza RNA **nie potrzebuje startera**.
- Etapy: inicjacja (promotor), elongacja, terminacja. U eukariontów działają trzy polimerazy RNA w jądrze: I (większość rRNA), II (pre-mRNA), III (tRNA, część rRNA).

Obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny

- **Obróbka pre-mRNA** (w jądrze eukariontów): przyłączenie **czapeczki** (zmodyfikowany nukleotyd guaninowy) na końcu 5′ i **ogona poli(A)** na końcu 3′ – chronią mRNA przed degradacją, ułatwiają eksport z jądra i rozpoczęcie translacji; **składanie (splicing)** – spliceosom rozpoznaje sekwencje na granicach ekson–intron (intron zwykle zaczyna się od GU, a kończy na AG), wycina introny i łączy eksony.
- **Alternatywne składanie** – z jednego pre-mRNA powstają różne mRNA (różne zestawy eksonów), a więc różne białka.

Cecha kodu	Na czym polega
trójkowy	jeden aminokwas koduje trójka nukleotydów – kodon ($4^3 = 64$ kodony)
jednoznaczny	dany kodon oznacza zawsze ten sam aminokwas
zdegenerowany (nadmiarowy)	jeden aminokwas może być kodowany przez kilka kodonów (61 kodonów sensownych, 20 aminokwasów)
niezachodzący i bezprzecinkowy	każdy nukleotyd należy do jednego kodonu; kodony odczytywane są kolejno, bez przerw – od kodonu START (AUG) w ustalonej ramce odczytu
uniwersalny	u niemal wszystkich organizmów te same kodony oznaczają te same aminokwasy (nieliczne wyjątki, np. w mitochondriach)
kolinearny	kolejność kodonów w mRNA odpowiada kolejności aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym

Podgląd • Pierwsza Ławka

Tabela kodu genetycznego (kodony mRNA)

1. zasada (koniec 5′)	2. zasada: U	C	A	G
U	UUU Phe UUC Phe UUA Leu UUG Leu	UCU Ser UCC Ser UCA Ser UCG Ser	UAU Tyr UAC Tyr UAA STOP UAG STOP	UGU Cys UGC Cys UGA STOP UGG Trp
C	CUU Leu CUC Leu CUA Leu CUG Leu	CCU Pro CCC Pro CCA Pro CCG Pro	CAU His CAC His CAA Gln CAG Gln	CGU Arg CGC Arg CGA Arg CGG Arg
A	AUU Ile AUC Ile AUA Ile AUG Met	ACU Thr ACC Thr ACA Thr ACG Thr	AAU Asn AAC Asn AAA Lys AAG Lys	AGU Ser AGC Ser AGA Arg AGG Arg
G	GUU Val GUC Val GUA Val GUG Val	GCU Ala GCC Ala GCA Ala GCG Ala	GAU Asp GAC Asp GAA Glu GAG Glu	GGU Gly GGC Gly GGA Gly GGG Gly

Kodony STOP: UAA, UAG, UGA; kodon START: AUG (Met). Skróty: Ala – alanina, Arg – arginina, Asn – asparagina, Asp – kwas asparaginowy, Cys – cysteina, Gln – glutamina, Glu – kwas glutaminowy, Gly – glicyna, His – histydyna, Ile – izoleucyna, Leu – leucyna, Lys – lizyna, Met – metionina, Phe – fenyloalanina, Pro – prolina, Ser – seryna, Thr – treonina, Trp – tryptofan, Tyr – tyrozyna, Val – walina.

Translacja, modyfikacje białek, porównanie ekspresji

- **Aktywacja aminokwasów:** syntetazy aminoacylo-tRNA przyłączają (z nakładem ATP) właściwy aminokwas do ramienia akceptorowego (koniec 3′, CCA) odpowiedniego tRNA. Antykodon tRNA jest komplementarny i antyrównoległy do kodonu mRNA.
- **Translacja** na rybosomie: inicjacja (mała podjednostka + mRNA + inicjatorowy tRNA z Met na kodonie AUG, przyłączenie dużej podjednostki), elongacja (miejsca A, P, E; peptydylotransferaza – rRNA dużej podjednostki – tworzy wiązanie peptydowe; rybosom przesuwa się o jeden kodon w kierunku 3′), terminacja (kodon STOP rozpoznaje czynnik uwalniający). Łańcuch rośnie od końca N do końca C. Jeden mRNA może być jednocześnie tłumaczony przez wiele rybosomów (polisom).
- **Modyfikacje potranslacyjne** nadają białku aktywność, trwałość i właściwe miejsce działania: cięcie proteolityczne (np. aktywacja proenzymów i prohormonów), glikozylacja (w siateczce śródplazmatycznej szorstkiej i aparacie Golgiego), fosforylacja (regulacja aktywności), tworzenie mostków disiarczkowych, przyłączanie grup prostetycznych, łączenie podjednostek.

	Prokarionty	Eukarionty
miejsce transkrypcji i translacji	cytoplazma; translacja może się zacząć przed końcem transkrypcji	transkrypcja i obróbka – jądro; translacja – cytozol (rybosomy wolne lub związane z siateczką)
obróbka mRNA	zwykle brak (brak czapeczki; introny w genach kodujących białka bardzo rzadkie; krótkie poli(A) związane z rozkładem mRNA)	czapeczka, poli(A), wycinanie intronów
rybosomy	70S	80S w cytozolu (70S w mitochondriach i plastydach)

Podgląd • Pierwsza Ławka

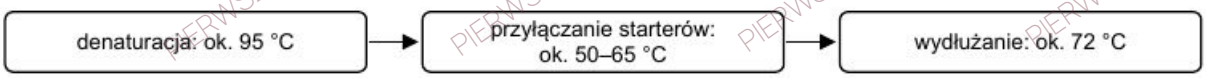
Regulacja ekspresji genów u eukariontów

Wszystkie komórki organizmu mają (z nielicznymi wyjątkami) ten sam genom, a różnią się zestawem **aktywnych** genów. Ekspresja jest regulowana na wielu poziomach:

- **struktura chromatyny** – geny w chromatynie silnie skondensowanej (heterochromatyna) nie ulegają transkrypcji; acetylacja histonów rozluźnia chromatynę, metylacja cytozyny w DNA (szczególnie w promotorach) zwykle wycisza gen; wzór metylacji jest przekazywany komórkom potomnym (dziedziczenie epigenetyczne);
- **transkrypcja** – czynniki transkrypcyjne (białka) wiążą się ze swoistymi sekwencjami regulatorowymi DNA (promotor, wzmacniacze) i ułatwiają lub utrudniają przyłączenie polimerazy RNA; zestaw czynników zależy od typu komórki i od sygnałów, które do niej docierają;
- **obróbka i transport mRNA** – alternatywne składanie, eksport z jądra;
- **trwałość mRNA i translacja** – białka i małe cząsteczki RNA wiążące się z mRNA przyspieszają jego rozkład albo blokują translację;
- **poziom białka** – modyfikacje potranslacyjne (np. fosforylacja), kierowanie do miejsca działania, degradacja.

Narzędzia i techniki biotechnologii molekularnej

Narzędzie	Działanie i zastosowanie
enzymy restrykcyjne (restryktazy)	rozpoznają krótkie, swoiste sekwencje DNA (często palindromowe) i hydrolizują w nich wiązania fosfodiestrowe obu nici; tworzą „lepkie" (jednoniciowe) lub tępe końce; cięcie DNA w określonych miejscach, mapy restrykcyjne
ligaza DNA	tworzy wiązania fosfodiestrowe między końcami fragmentów DNA – wklejanie genu do wektora
polimerazy DNA	synteza DNA na matrycy DNA – wydłużają starter od końca 3′-OH; termostabilne (z bakterii termofilnych) – w PCR
odwrotna transkryptaza	synteza DNA (cDNA) na matrycy RNA – np. otrzymywanie genu bez intronów z dojrzałego mRNA
wektory	plazmidy, wirusy – przenoszą zrekombinowany DNA do komórki biorcy; geny markerowe (np. oporności na antybiotyk) pozwalają wyselekcjonować komórki z wektorem



- **PCR** – powielanie wybranego odcinka DNA w cyklach: rozdzielenie nici przez ogrzanie, przyłączenie dwóch starterów do końców odcinka, synteza nowych nici przez termostabilną polimerazę z dNTP. Przy wydajności 100% liczba kopii podwaja się w każdym cyklu: $N = N_0 \cdot 2^n$.
- **Elektroforeza** – DNA (ujemnie naładowany dzięki resztom fosforanowym) wędruje w żelu do anody (+); krótsze fragmenty wędrują dalej. Długość odczytuje się przez porównanie ze wzorcem (markerem).
- **Hybrydyzacja** – łączenie się jednoniciowej, wyznakowanej sondy z komplementarnym odcinkiem zdenaturowanego DNA lub RNA (wiązania wodorowe) – wykrywanie określonych sekwencji.
- **Sekwencjonowanie metodą Sangera** – synteza nici komplementarnej do matrycy z dNTP i niewielką ilością dideoksyrybonukleotydów (ddNTP, bez grupy 3′-OH), które kończą syntezę; powstają fragmenty różnej długości, rozdzielane elektroforetycznie; z kolejności fragmentów o rosnącej długości odczytuje się sekwencję.

Podgląd • Pierwsza Ławka

Biotechnologia i jej zastosowania

- **Biotechnologia tradycyjna** wykorzystuje naturalne lub wyselekcjonowane (bez inżynierii genetycznej) organizmy: fermentacje w przemyśle spożywczym (pieczywo, sery, kiszonki, wino), produkcja antybiotyków i szczepionek, kompostowanie, oczyszczanie ścieków, biodegradacja zanieczyszczeń. **Biotechnologia molekularna** – metody inżynierii genetycznej i hodowli komórek oraz zarodków.
- **Organizm transgeniczny** zawiera w genomie obcy gen (transgen) z innego gatunku; **GMO** – każdy organizm, którego materiał genetyczny zmieniono w sposób niezachodzący w warunkach naturalnych. Sposoby: wektory plazmidowe i wirusowe, *Agrobacterium* (rośliny), mikroiniekcja DNA do przedjądrza zygoty lub do komórek zarodka, modyfikacja komórek w hodowli połączona z klonowaniem. Przykłady produktów: insulina, hormon wzrostu, czynniki krzepnięcia, szczepionki, enzymy do przemysłu, rośliny odporne na szkodniki lub herbicydy.
- **Klonowanie**: transfer jądra komórki somatycznej do komórki jajowej pozbawionej jądra albo rozdział komórek wczesnego zarodka (identyczne „bliźnięta"). Zastosowania: hodowla zwierząt, ochrona gatunków, badania naukowe.
- **Komórki macierzyste** dzielą się, odnawiając swoją pulę, i różnicują w wyspecjalizowane komórki. Według zakresu możliwości różnicowania: totipotencjalne (zygota i komórki pierwszych podziałów), pluripotencjalne (np. komórki węzła zarodkowego blastocysty), multipotencjalne (komórki macierzyste tkanek, np. szpiku). Pozyskuje się je z zarodków, z tkanek dorosłego organizmu i krwi pępowinowej albo przez przeprogramowanie komórek somatycznych (komórki iPS – po wprowadzeniu genów kilku czynników transkrypcyjnych). Zastosowania: przeszczepy szpiku, odtwarzanie tkanek.
- **Terapia genowa** – wprowadzenie prawidłowej kopii genu do komórek pacjenta za pomocą wektora (albo zmiana sekwencji genu w komórkach); terapia komórek somatycznych nie zmienia genotypu potomstwa. **Poradnictwo genetyczne** – ocena ryzyka choroby genetycznej, m.in. przy chorobach dziedzicznych w rodzinie, poronieniach nawracających, wieku matki powyżej 35 lat, pokrewieństwie partnerów.
- Zastosowania diagnostyczne i sądowe: wykrywanie mutacji i patogenów (PCR, sekwencjonowanie), profile DNA w kryminalistyce i ustalaniu pokrewieństwa, identyfikacja gatunku.

Podgląd • Pierwsza Ławka

Na maturze

- Sekwencje zapisuj z oznaczeniem końców: mRNA 5′ → 3′, peptyd od końca N do C. W RNA jest uracyl (U) – zapisanie T w mRNA oznacza 0 pkt. Aminokwasy można podać skrótem trzyliterowym lub pełną nazwą.
- W poleceniach „Wyjaśnij…" klucz wymaga całego łańcucha przyczyna → skutek, np. „zamiana nukleotydu → zmiana kodonu → inny aminokwas → zmiana struktury przestrzennej białka → utrata funkcji". Sam skutek końcowy nie wystarcza.
- W PCR trzeba wskazać czynnik rozdzielający nici – ogrzanie (wysoka temperatura, np. ok. 95 °C) albo helikazę (w izotermicznych odmianach PCR) – a nie samo słowo „denaturacja" ani „zmiana temperatury" bez kierunku; nukleotydy do syntezy DNA to deoksyrybonukleotydy (dNTP), nie ATP, GTP…
- O wektorze trzeba napisać, co i dokąd przenosi (zrekombinowany DNA z transgenem do komórki biorcy) – definicja „wektor przenosi DNA" jest zbyt ogólna.
- Argumenty „za" i „przeciw" GMO lub terapii muszą wskazywać konkretny skutek (np. „mniejsze zużycie chemicznych środków ochrony roślin"), a nie ocenę („to bezpieczne", „to niebezpieczne").
- W zadaniach z elektroforezą długości odczytuj ze wzorca i porównuj sumy długości fragmentów z długością całej cząsteczki.

Typowe błędy

Tak traci się punkty	Tak jest dobrze	Dlaczego
„Antykodon tRNA jest komplementarny do nici kodującej DNA".	Antykodon tRNA jest komplementarny do kodonu w mRNA.	tRNA nie łączy się z DNA; parowanie kodon–antykodon zachodzi na rybosomie.
„Restryktaza rozrywa nić DNA".	Restryktaza hydrolizuje wiązania fosfodiestrowe w obrębie swoistej sekwencji rozpoznawanej.	Trzeba wskazać rodzaj wiązania i to, że cięcie zachodzi w określonym miejscu.
„Odwrotna transkryptaza katalizuje odwrotną transkrypcję" albo „służy do powielania RNA".	Odwrotna transkryptaza syntetyzuje DNA (cDNA) na matrycy RNA (przepisuje RNA na DNA).	Tautologia nie jest uznawana, a „powielanie RNA" to błąd; trzeba wskazać matrycę (RNA) i produkt (DNA).
„Bakteria jest wektorem, bo przenosi DNA".	„Bakteria przenosi zrekombinowany plazmid z transgenem do komórek rośliny".	Definicja wektora bez odniesienia do opisanej sytuacji jest zbyt ogólna.
„W pierwszym etapie cyklu PCR nici DNA rozdziela się przez denaturację".	„Nici DNA rozdziela się przez podgrzanie mieszaniny reakcyjnej (np. do ok. 95 °C)".	Klucz wymaga wskazania czynnika (wysoka temperatura albo helikaza); „denaturacja" to tylko nazwa skutku.
Zapis mRNA z tyminą lub bez oznaczenia końców.	5′-AUG GCU…-3′	Klucz nie uznaje T w RNA ani sekwencji o nieoznaczonej orientacji.

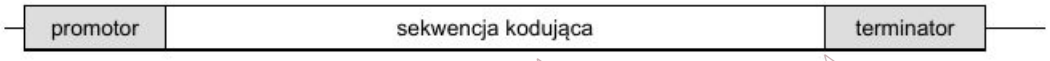
Podgląd • Pierwsza Ławka

A Zadania wprowadzające

Zadanie 1. (0–3)

Na schemacie przedstawiono budowę genu kodującego białko u bakterii i u człowieka. W genie człowieka sekwencja kodująca zaczyna się od kodonu START, którego pierwszy nukleotyd jest 115. nukleotydem eksonu E1, a kończy kodonem STOP, którego ostatni nukleotyd jest 225. nukleotydem eksonu E3.

Gen bakterii



Gen eukariotyczny



E – ekson, I – intron; schemat nie zachowuje proporcji długości odcinków

Zadanie 1.1. (0–1)

Przyporządkuj każdej cesze (1–4) rodzaj genu, którego ona dotyczy (A–C). Wpisz oznaczenia literowe w wyznaczonych miejscach.

A. tylko gen bakterii
B. tylko gen eukariotyczny
C. oba rodzaje genów

1.	Transkrypcji podlega tylko jedna z dwóch nici DNA odcinka genu.	.....
2.	Odcinki przepisywane na RNA, które nie występują w dojrzałym mRNA.	.....
3.	Sekwencja kodująca białko nie jest przerywana odcinkami niekodującymi.	.....
4.	Do promotora przyłącza się polimeraza RNA (bezpośrednio lub za pośrednictwem innych białek).	.....

Podgląd • Pierwsza Ławka

Zadanie 1.2. (0–2)

Oblicz długość dojrzałego mRNA tego genu (bez czapeczki i ogona poli(A)) oraz liczbę aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym powstającym w translacji (przed modyfikacjami potranslacyjnymi). Zapisz obliczenia.

.....

.....

.....

.....

Zadanie 2. (0–2)

Muchomor zielonawy (*Amanita phalloides*) zawiera α-amanitynę – związek, który silnie hamuje polimerazę RNA II, czyli enzym przeprowadzający w jądrze komórkowym transkrypcję genów kodujących białka. Polimeraza RNA I jest na α-amanitynę niewrażliwa, a polimeraza RNA III – hamowana tylko przez duże stężenia. Toksyna wchłonięta z jelita trafia najpierw do wątroby. Pierwsze objawy zatrucia (wymioty, biegunka) pojawiają się po 6–24 godzinach, a objawy niewydolności wątroby – zwykle dopiero w 2.–4. dobie po spożyciu grzyba.

Na podstawie: opracowanie własne na podstawie danych toksykologicznych

Zadanie 2.1. (0–1)

Uzupełnij zdania dotyczące transkrypcji. Podkreśl w każdym nawiasie właściwe określenie.

Polimeraza RNA II rozpoczyna transkrypcję po przyłączeniu się (z udziałem czynników transkrypcyjnych) do (promotora / terminatora) genu.

Synteza pre-mRNA przebiega w kierunku (5′ → 3′ / 3′ → 5′), a kolejne rybonukleotydy są dobierane na zasadzie komplementarności do nici (matrycowej / kodującej) DNA.

Zadanie 2.2. (0–1)

Wyjaśnij, dlaczego objawy niewydolności wątroby pojawiają się dopiero po kilku dobach od zatrucia, chociaż α-amanityna hamuje polimerazę RNA II w hepatocytach już w ciągu pierwszych godzin. W odpowiedzi uwzględnij przebieg ekspresji genów.

.....

.....

.....

.....

Podgląd • Pierwsza Ławka

Zadanie 6. (0–2)

Na skalistym wybrzeżu zanieczyszczonym ropą naftową wyznaczono poletka. Część poletek co dwa tygodnie zraszano wodą morską z nawozem zawierającym związki azotu i fosforu, a pozostałe – samą wodą morską. Nie wprowadzano żadnych mikroorganizmów. W tabeli przedstawiono wyniki pomiarów ilości ropy na poletkach.

Czas od rozlania ropy [doby]	0	30	60	90
Ropa pozostała na poletkach kontrolnych [% ilości początkowej]	100	85	72	63
Ropa pozostała na poletkach nawożonych [% ilości początkowej]	100	62	38	24

Na podstawie: opracowanie własne – dane modelowe

Zadanie 6.1. (0–1)

Przyporządkuj każdemu procesowi (1–5) rodzaj biotechnologii, do której należy (A albo B). Wpisz oznaczenia literowe w wyznaczonych miejscach.

A. biotechnologia tradycyjna
B. biotechnologia molekularna

1.	wytwarzanie ludzkiego hormonu wzrostu przez bakterie, do których wprowadzono ludzki gen	.....
2.	otrzymywanie metanu z gnojowicy w biogazowni	.....
3.	wykrywanie mutacji w genie *CFTR* u chorych na mukowiscydozę metodą PCR	.....
4.	opisany w tekście rozkład ropy na wybrzeżu	.....
5.	wytwarzanie kefiru z udziałem drobnoustrojów ziaren kefirowych	.....

Zadanie 6.2. (0–1)

Na podstawie wyników wyjaśnij, dlaczego zraszanie poletek nawozem z azotem i fosforem przyspieszyło usuwanie ropy, chociaż nie wprowadzono na nie mikroorganizmów.

.....

.....

.....

.....

Podgląd • Pierwsza Ławka

Zadanie 13. (0–4)

Handel kawiorem z dziko żyjących jesiotrów jest ściśle ograniczony, a kawior z gatunków hodowlanych bywa sprzedawany jako droższy kawior innych gatunków. Gatunek ryby, od której pochodzi kawior, ustala się na podstawie DNA. W opisanym badaniu z kawioru izolowano DNA i przeprowadzano PCR z mieszaniną par starterów komplementarnych do fragmentów DNA mitochondrialnego charakterystycznych dla gatunku. Każda para daje produkt innej długości: jesiotr rosyjski – 210 pz, jesiotr syberyjski – 330 pz, bieługa – 450 pz. Produkty rozdzielano elektroforetycznie.

Próba	Opis próby	Długości otrzymanych produktów [pz]
K+	mieszanina DNA z tkanek trzech gatunków (oznaczonych przez ichtiologa)	450, 330, 210
K−	woda zamiast DNA	brak produktów
P1	kawior oznaczony na etykiecie jako „100% jesiotr rosyjski”	330
P2	kawior oznaczony na etykiecie jako „100% bieługa”	450
P3	kawior oznaczony na etykiecie jako „100% jesiotr rosyjski”	330, 210

Na podstawie: opracowanie własne – długości produktów przykładowe

Zadanie 13.1. (0–1)

Dokończ zdanie. Zaznacz właściwą odpowiedź spośród podanych.

Niezgodność składu kawioru z deklaracją na etykiecie (kawior wyłącznie jednego gatunku) wykazano w próbach

A. tylko P1 i P3.
B. P1, P2 i P3.
C. tylko P1.
D. tylko P2.

Zadanie 13.2. (0–1)

Wyjaśnij, czemu służyły w tym badaniu próby K+ i K−. Odnieś się do każdej z nich.

.....

.....

.....

.....

Zadanie 13.3. (0–1)

W próbie zawierającej na początku 500 cząsteczek DNA matrycowego przeprowadzono 30 cykli PCR. Oblicz, ile cząsteczek produktu powstałoby po 30 cyklach, gdyby wydajność każdego cyklu wynosiła 100%. Wynik podaj w zapisie wykładniczym z dokładnością do dwóch cyfr znaczących. Zapisz obliczenia.

.....

.....

.....

Podgląd • Pierwsza Ławka

CO JESZCZE JEST W ŚRODKU

Matura 2027 z biologii (poziom rozszerzony) – zbiór zadań, rozdział 11: Ekspresja informacji genetycznej i biotechnologia – zadania z rozwiązaniami

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

- Zadania (31 stron): repetytorium działu (Gen i transkrypcja, Obróbka potranskrypcyjna i kod genetyczny, Tabela kodu genetycznego (kodony mRNA), Translacja, modyfikacje białek, poró
- Rozwiązania (22 strony): klucz do zadań zamkniętych, przykładowe odpowiedzi do zadań otwartych i zasady oceniania w układzie CKE – za co jest punkt, co się uznaje i czego się nie u

Kup pełną wersję – plik od razu na e-mail
pierwszalawka.pl/material/biologia-matura-zbior-zadan-rozdzial-11-ekspresja-genow-i-biotechnologia