

WIELKA POWTÓRKA MATURALNA**SPOTKANIE 3 – CZĘŚĆ II****BIOTECHNOLOGIA**

Witaj, nazywam się **Julia Truss** jestem **businesswoman**, a co dla Ciebie najważniejsze **biologiem** - **praca w EDU TRUST to moja pasja** od ponad 9 lat. W tym czasie zarządzałam ponad 32 osobowym zespołem nauczycieli w swojej firmie. Tworzę profesjonalne produkty, które wprowadzam do szkół. **Swoją pierwszą firmę założyłam mając 18 lat. Ponad 3000 tysięcy osób korzysta z moich flipbooków**, które na rynek edukacji w Polsce dopiero wprowadziłam 13 miesięcy temu. Kocham to. Postaram się dać Ci to narzędzie w postaci mojego kursu abyś też kochał/a swoją przyszłą pracę. Proszę Cię wyznacz sobie konkretny cel i dąż do tego.



Mój cel to zmiana edukacji biologii w Polsce.

XV. Biotechnologia. Podstawy inżynierii genetycznej.

Zdający:

1) rozróżnia biotechnologię tradycyjną i molekularną;

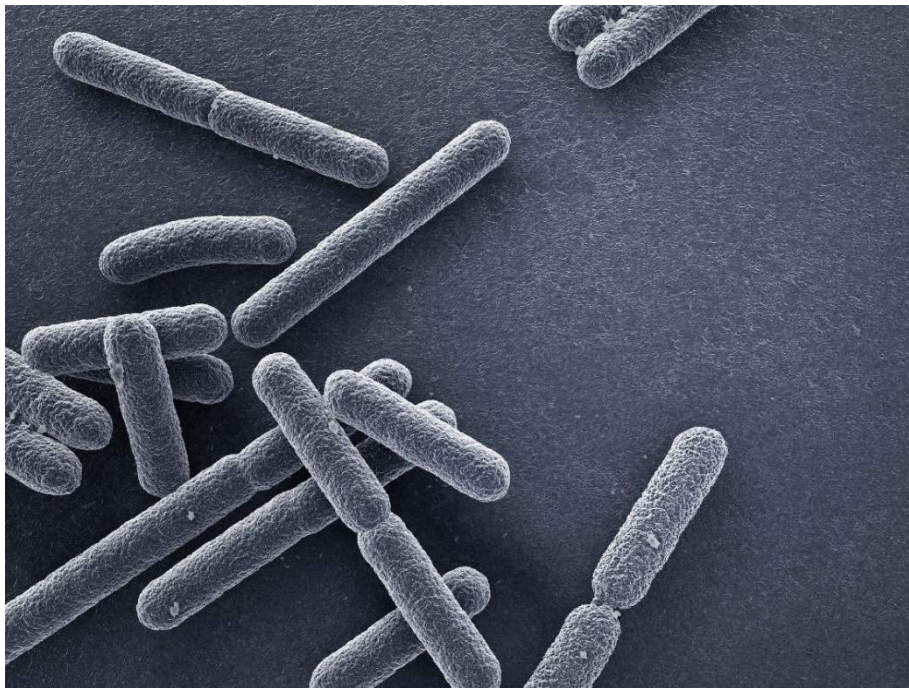
- definiuje pojęcia: biotechnologia klasyczna, biotechnologia molekularna, inżynieria genetyczna,
- wskazuje i omawia różnice między biotechnologią klasyczną a biotechnologią molekularną,

a) Biotechnologia klasyczna (tradycyjna)

Biotechnologia klasyczna wykorzystuje te organizmy oraz substancje, które są **naturalnie produkowane** przez organizmy. Dobór organizmów odbywa się dzięki **selekcji sztucznej** przy zastosowaniu naturalnych mechanizmów krzyżowania. Ograniczeniem tutaj jest np. **bariera niekrzyżowalności**. Jest to ogół mechanizmów, które zapobiegają krzyżowaniu się osobników z **różnych gatunków**. Uniemożliwia to uzyskanie niektórych **cech użytkowych**.

b) Biotechnologia molekularna (nowoczesna)

Biotechnologia molekularna umożliwia **zmianę genomów** organizmów, w celu uzyskania **pożądanych cech**. W celu **manipulacji genomami** organizmów wykorzystuje się techniki **inżynierii genetycznej**. Umożliwia to produkcję **nowoczesnych szczepionek**, **otrzymywanie klonów**, **diagnozowanie** i **leczenie chorób genetycznych**.

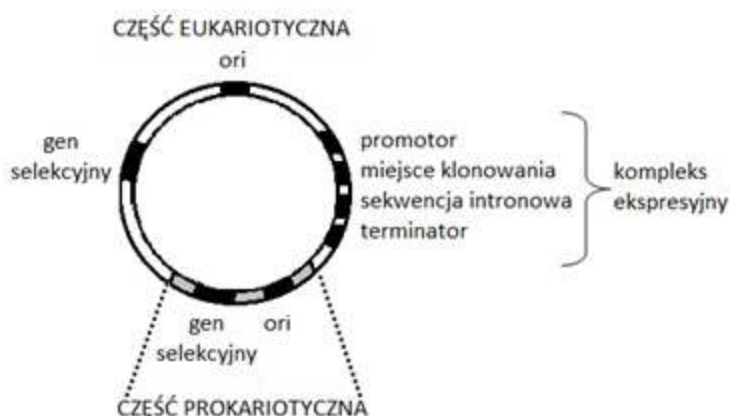


Biotechnologia umożliwia stosowanie bakterii zmodyfikowanych genetycznie (np. *Escherichia coli*) do produkcji leków, tj. insulina i antybiotyki.

3) przedstawia istotę technik stosowanych w inżynierii genetycznej (hybrydyzacja DNA, analiza restrykcyjna i elektroforeza DNA, metoda PCR);

- definiuje pojęcia: wektor, elektroforeza DNA, PCR, mapy restrykcyjne, biblioteki genomowe, biblioteki cDNA, transformacja genetyczna, sonda molekularna, hybrydyzacja DNA, sekwencjonowanie DNA

Wektorami są plazmidy, sztuczne chromosomy, wirusy, lub bakterie.



Elektroforeza jest metodą polegającą na poruszaniu się naładowanych cząstek pod wpływem **pola elektrycznego**. Cząsteczki, które mają **ładunek dodatni** dążą do elektrody **ujemnej** (katody), a te **ładunkiem ujemnym** – do elektrody **dodatniej** (anody). DNA ma ładunek ujemny ze względu na obecność **grup fosforanowych**. Dlatego też cząsteczka DNA będzie wędrować w stronę **dodatniego bieguna pola elektrycznego**

Metoda PCR ta służy do **powielania fragmentu DNA** za pomocą enzymu – polimerazy DNA. Umożliwia ona uzyskanie **milionów kopii** wybranego fragmentu DNA w czasie kilku godzin. Matrycą jest wyizolowany z komórki odcinek DNA lub całe, genomowe DNA. W reakcji PCR używa się **termostabilnej polimerazy Taq**, ze względu na **wysoką temperaturę** niektórych etapów.

Sekwencjonowanie DNA umożliwia ustalenie sekwencji DNA. Można używać jej do **ustalania sekwencji całych genomów** lub też w celu sprawdzenia, czy DNA ma **poprawną sekwencję**.

transformacja genetyczna to proces polegający na **wprowadzeniu obcego DNA** do komórki. Wyróżniamy pośrednie i bezpośrednie metody transformacji genetycznej.

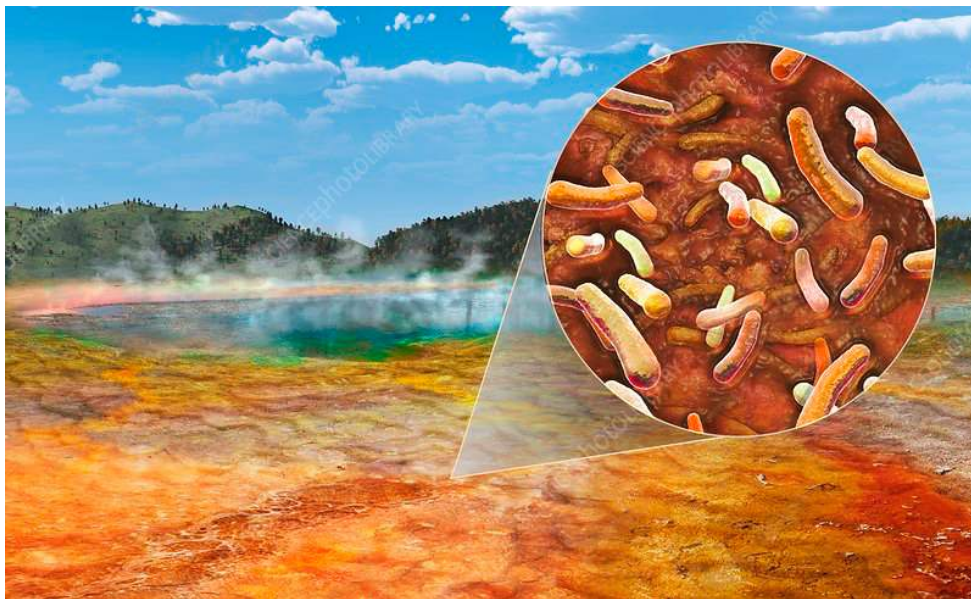
Sonda molekularna to **krótki, sztucznie utworzony, jednoniciowy** fragment kwasu nukleinowego, który umożliwia odnalezienie **określonego genu w materiale genetycznym**. Sonda łączy się z komplementarnym odcinkiem DNA. Połączenie odcinków komplementarnych nazywa się **hybrydyzacją DNA**

Biblioteki genomowe umożliwiają przechowywanie **całych genomów organizmów**. Do przechowywania samych sekwencji kodujących wybranego genomu używa się **bibliotek cDNA**.

- wymienia enzymy stosowane w biotechnologii molekularnej (enzymy restrykcyjne, ligazy, polimerazy DNA)
- charakteryzuje enzymy wykorzystywane w biotechnologii molekularnej: restryktazy: (sekwencje palindromowe, lepnie i tępe końce,) ligazy, polimerazy DNA

a) polimerazy DNA

Enzymy te używane są w celu **powielenia fragmentów DNA**. Polimerazy DNA wytwarzają nową nić DNA, która jest **komplementarna do matrycy**. Istnieje wiele polimeraz DNA, które różnią się **szybkością, dokładnością działania, zakresem temperatur**. Polimeraza, która jest aktywna w wysokich temperaturach (ok.95°C) to **termostabilna polimeraza Taq**.



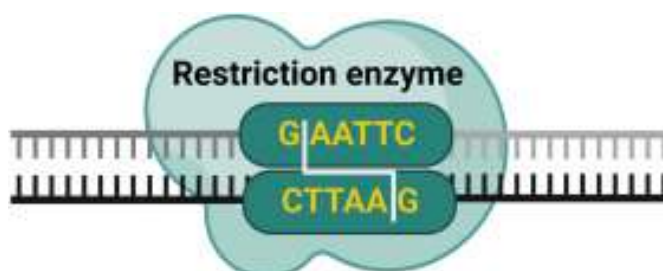
Termostabilna polimeraza Taq została wyizolowana z bakterii *Thermus aquaticus*.

c) enzymy restrykcyjne (restryktazy)

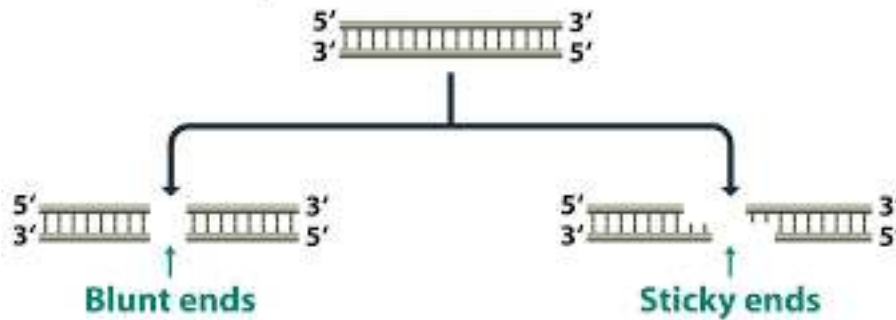
Enzymy te służą do **rozcinania DNA**. Występują naturalnie w komórkach bakteryjnych, gdzie niszczą materiał genetyczny wirusów podczas infekcji. Każdy enzym restrykcyjny **rozpoznaje i przecina określoną sekwencję DNA** nazywaną **miejscem restrykcyjnym**.



Miejsce restrykcyjne złożone jest zwykle z **4-8 par zasad**. Tworzą je zazwyczaj **sekwencje palindromowe**, czyli identyczne kiedy odczytujemy je w tym samym kierunku na obu niciach.

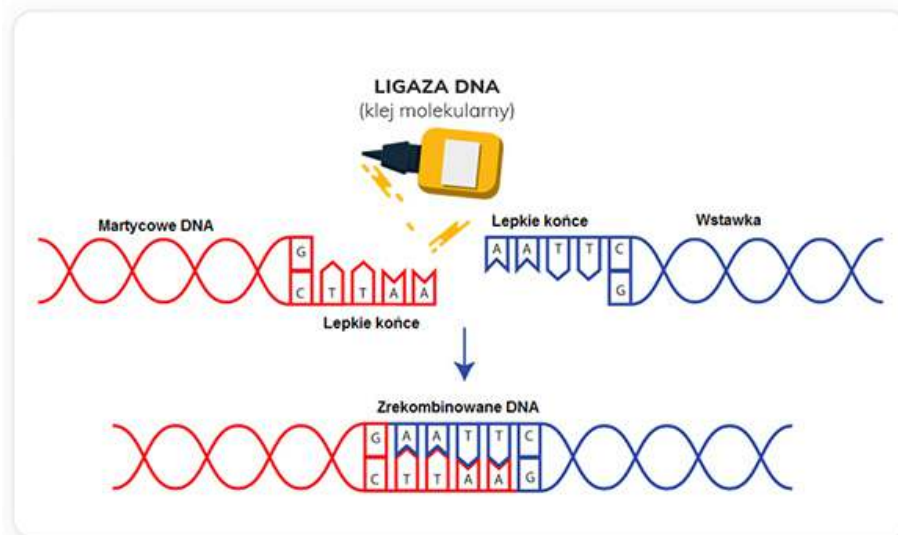


Odcinki DNA przecięte przez enzymy restrykcyjne mogą mieć **jednoniciowe zakończenia**, są wtedy nazywane **lepkimi końcami**. Kiedy zakończenia są **dwuniciowe**, (brak jest wystających jednoniciowych odcinków) nazywane są **tępymi końcami**.



d) **ligazy**

Są to enzymy, które **łączą odcinki DNA**. Wytwarzają one **wiązania fosfodiesterowe** między nukleotydami. Ligacja jest najbardziej wydajna kiedy cząsteczki mają **komplementarne, lepkie** końce.



- podaje przykłady wektorów, rola genu reporterowego,

Wektorami są plazmidy, sztuczne chromosomy, wirusy, lub bakterie.

Gen reporterowy to dobrze poznany gen, którego produkty (RNA lub białko) mogą być mierzone dokładnie i w prosty sposób. Monitorując zmiany w poziomie produktu tego genu, można łatwo obserwować zmiany w jego ekspresji. Najczęściej stosowanymi genami reporterowymi są geny kodujące: beta-galaktozydazę (beta-gal) oraz beta-glukuronidazę (GUS) z bakterii *Escherichia coli*, lucyferazę (Luc) ze świetlika *Photinus pyralis*, białko zielonej fluorescencji (GFP) z meduzy *Aequorea victoria* oraz acetylotransferazę chloramfenikolu (CAT) z występującego w *E. coli* transpozonu Tn9.

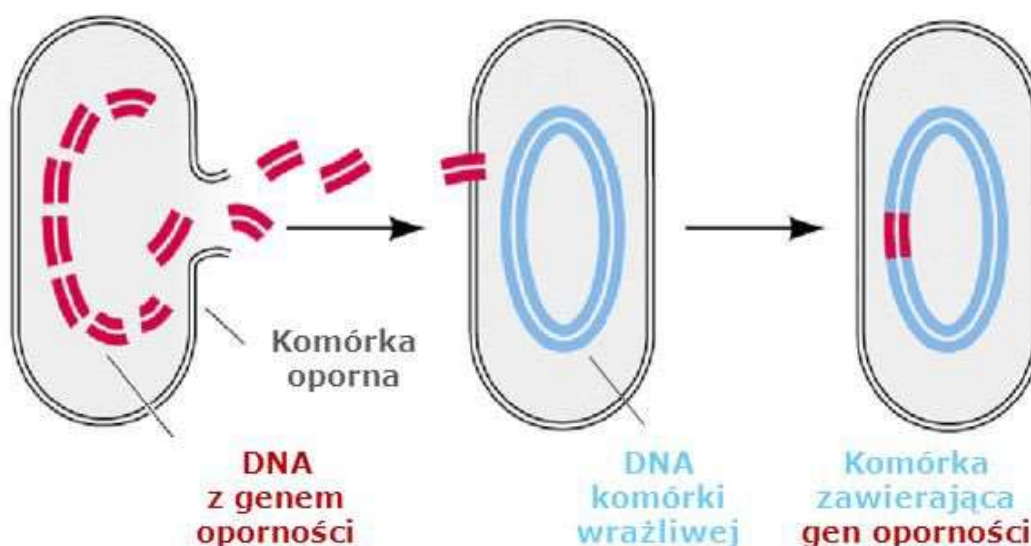
- przedstawia istotę technik stosowanych w inżynierii genetycznej (hybrydyzacji DNA, analizy restrykcyjnej, elektroforezy DNA, metody PCR, klonowania DNA)

Inżynieria genetyczna polega na wprowadzaniu zmian do genomów organizmów w celu nadania im **nowych, pożądaných cech**. Geny, które są szkodliwe z punktu widzenia człowieka, mogą być eliminowane, a korzystne geny – dodawane. Na przykład konsumenci chcą kupować chudą wieprzowinę, dlatego DNA świń zmienia się w taki sposób, by zwierzęta te wytwarzały mało tłuszczu. Z kolei zmodyfikowane bakterie mają zastosowanie w medycynie, ponieważ są w stanie syntetyzować **leki**.

- klasyfikuje metody transformacji genetycznej (pośrednie i bezpośrednie)

- **metody pośrednie** opierają się na zastosowaniu wektorów, którymi zmodyfikowane są wirusy lub bakterie. Geny są wbudowywane w genom gospodarza w sposób **naturalny**.

- **metody bezpośrednie** wykorzystują m.in. środki chemiczne, które zwiększają **przepuszczalność błony komórkowej**. Są to **bezpośrednie ingerencje** w komórki gospodarza, aby dostarczyć DNA.



- wskazuje zalety i wady reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR)

Zalety:

- szybkość reakcji,
- niskie koszty,
- wysoka czułość – wykrywa pojedynczą cząsteczkę DNA,
- specyficzność; pozwala na powielanie jednego, określonego odcinka DNA (pod warunkiem doboru odpowiednich starterów).

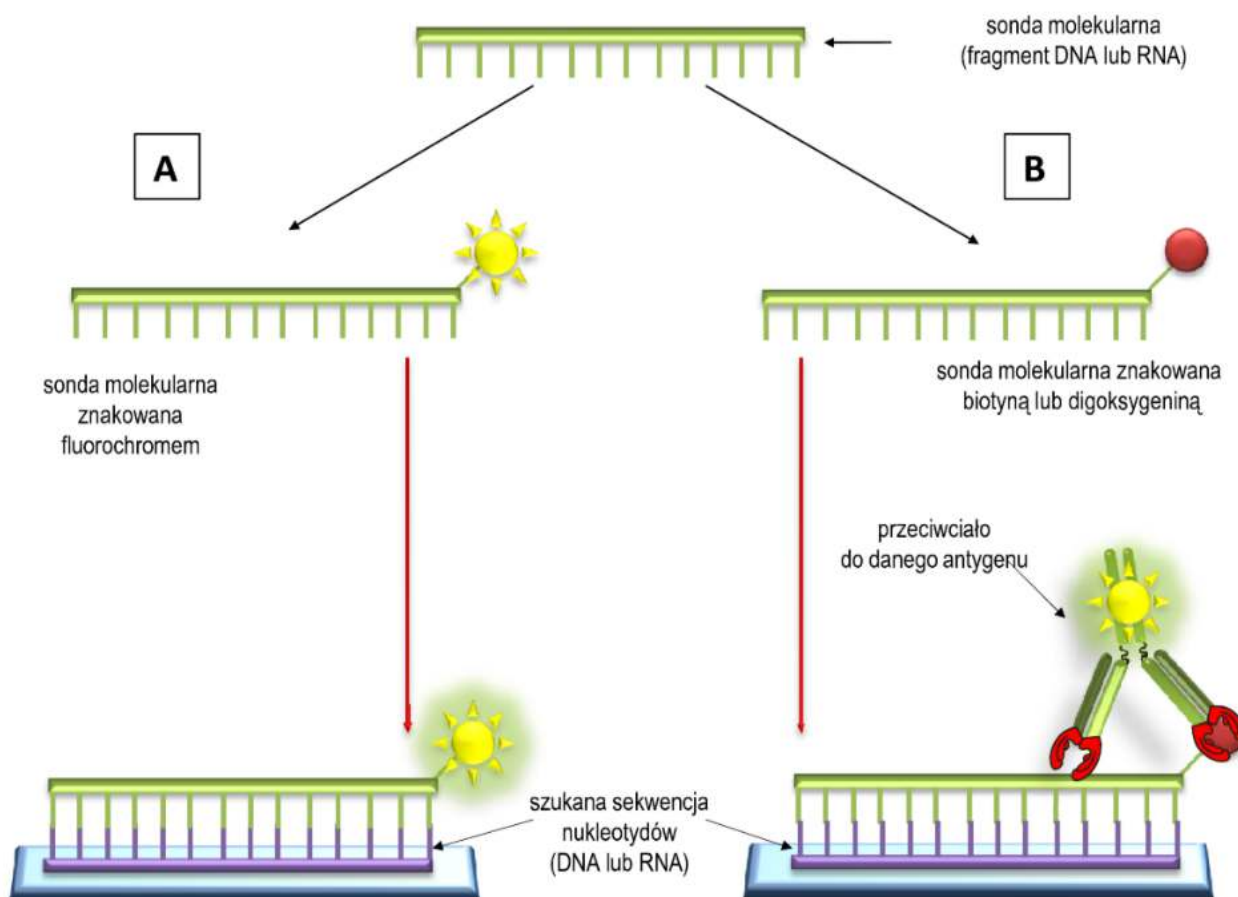
Wady:

- ograniczenia związane z długością powielanego odcinka,
- możliwość wprowadzenia zmiany w sekwencji przez polimerazę DNA,
- łatwość zanieczyszczenia próbki obcym DNA, co skutkuje fałszywym wynikiem.

- omawia techniki hybrydyzacji DNA z użyciem sondy molekularnej w celu badania, wyszukania i izolowania genów

a) Hybrydyzacja DNA z użyciem sondy molekularnej

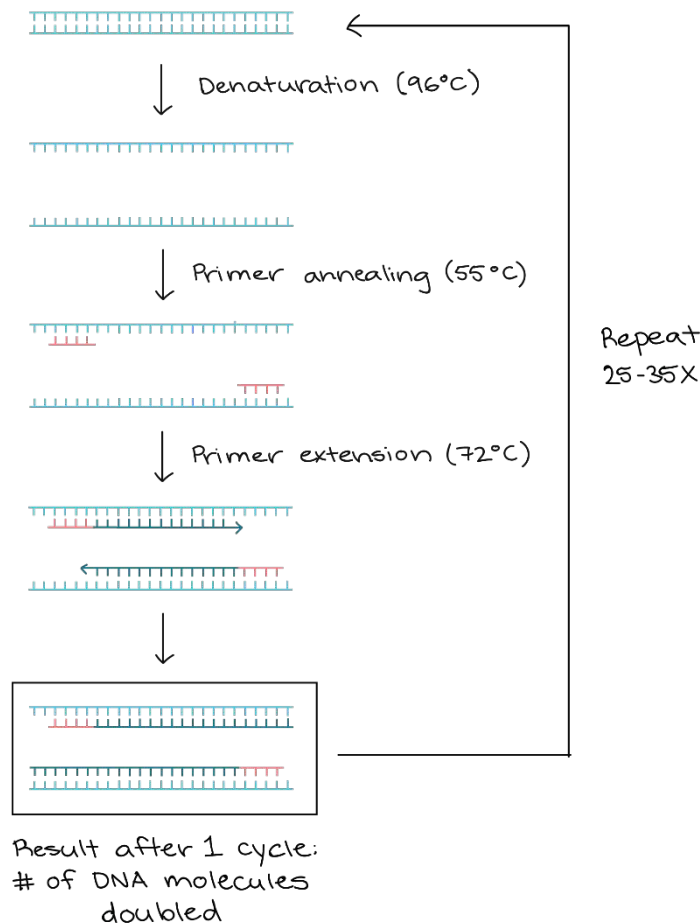
Sonda molekularna to **krótki, sztucznie utworzony, jednoniciowy** fragment kwasu nukleinowego, który umożliwia odnalezienie **określonego genu w materiale genetycznym**. Sonda łączy się z komplementarnym odcinkiem DNA. Połączenie odcinków komplementarnych nazywa się **hybrydyzacją DNA**.



- omawia poszczególne etapy analizy restrykcyjnej DNA, przebiegu PCR, elektroforezy,
- omawia rolę startera w reakcji PCR (łączenie się z komplementarnymi fragmentami DNA matrycowego)

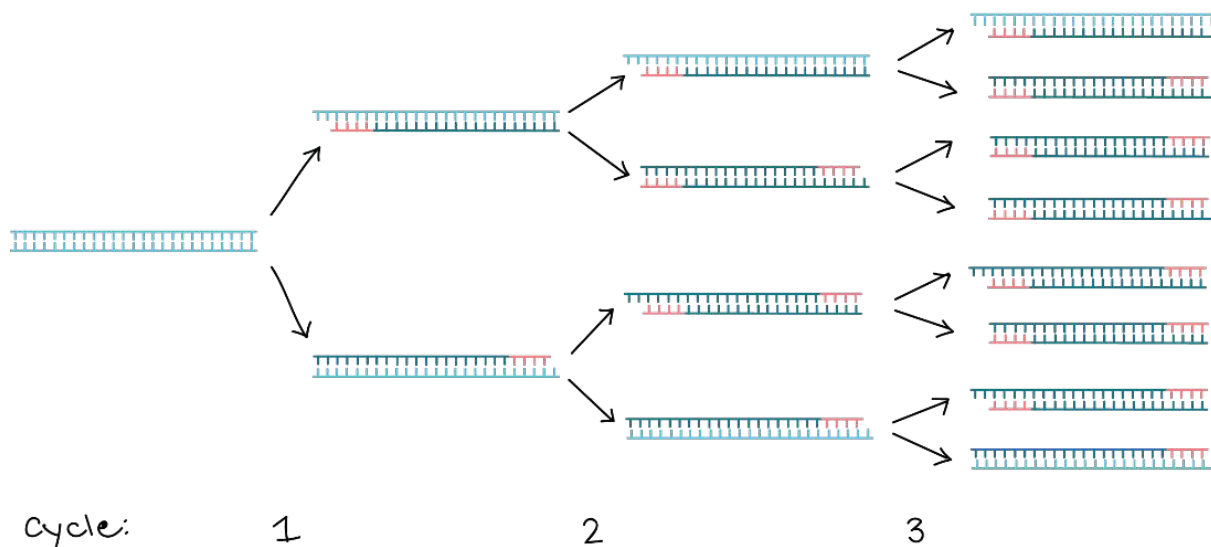
Metoda PCR służy do **powielania fragmentu DNA** za pomocą enzymu – polimerazy DNA. Umożliwia ona uzyskanie **milionów kopii** wybranego fragmentu DNA w czasie kilku godzin. Matrycą jest wyizolowany z komórki odcinek DNA lub całe, genomowe DNA. W reakcji PCR używa się **termostabilnej polimerazy Taq**, ze względu na **wysoką temperaturę** niektórych etapów.

Podstawowe etapy:



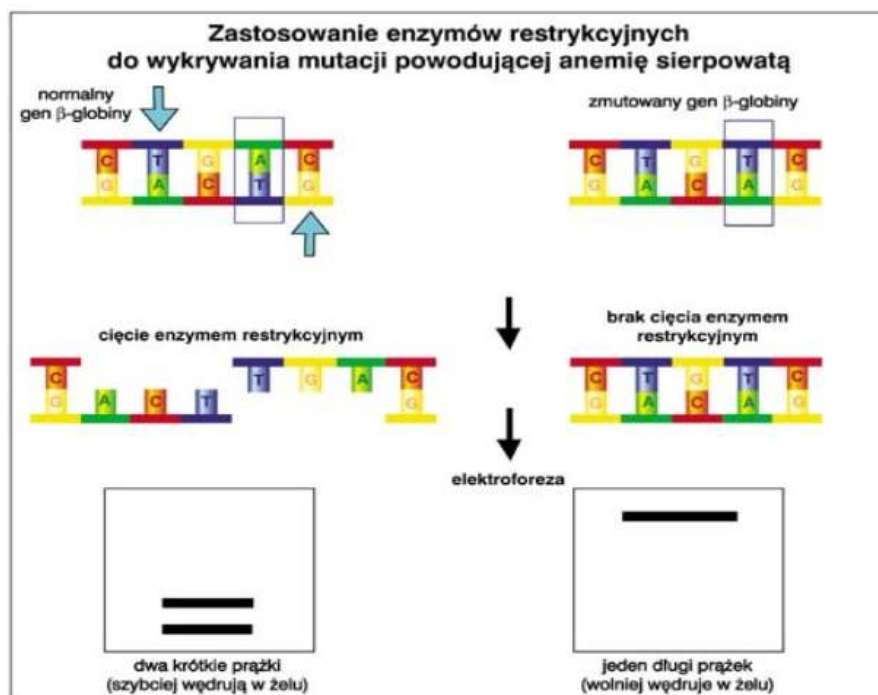
- **Denaturacja:** Silne podgrzanie reakcji, aby rozdzielić, czyli zdenaturować nici DNA. W efekcie otrzymujemy jednoniciowy szablon dla następnego kroku. (95°C)
- **Przylączenie:** Ochłodzenie reakcji, aby startery mogły związać się z komplementarnymi sekwencjami na jednoniciowym matrycowym DNA. (temperatura zależy od starterów)
- **Wydłużanie (elongacja):** Podniesienie temperatury reakcji, aby polimeraza *Taq* wydłużała startery, syntezując nowe nici DNA. (72°C)

W typowej reakcji PCR cykl powtarza się **25-35** razy.



Analiza restrykcyjna

Metodą wycięcia genu z genomu jest użycie **enzymów restrykcyjnych**. Analiza restrykcyjna umożliwia określenie, czy proces rozcięcia DNA przeszedł prawidłowo. Przeprowadza się ją poprzez poddanie plazmidów **trawieniu restrykcyjnemu**. Użyte w reakcji enzymy powinny trawić wstawkę, a następnie plazmid. Po trawieniu przeprowadza się **ligację wstawki z plazmidem**. Na podstawie długości powstałych po trawieniu fragmentów można odróżnić plazmid zawierający wstawkę od tego, który nie został połączony z żadnym fragmentem DNA. Wizualizacja produktów trawienia jest możliwa dzięki **elektroforezie**.

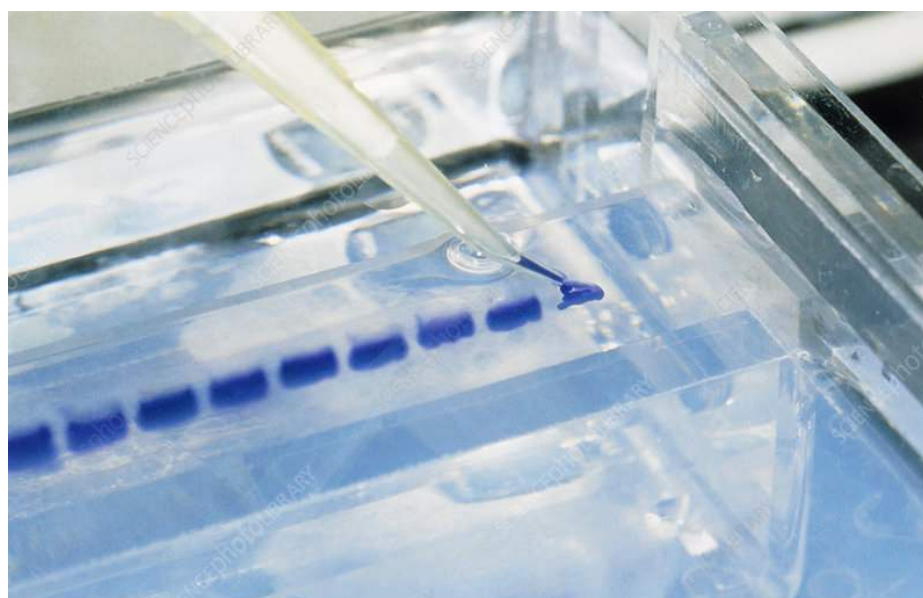
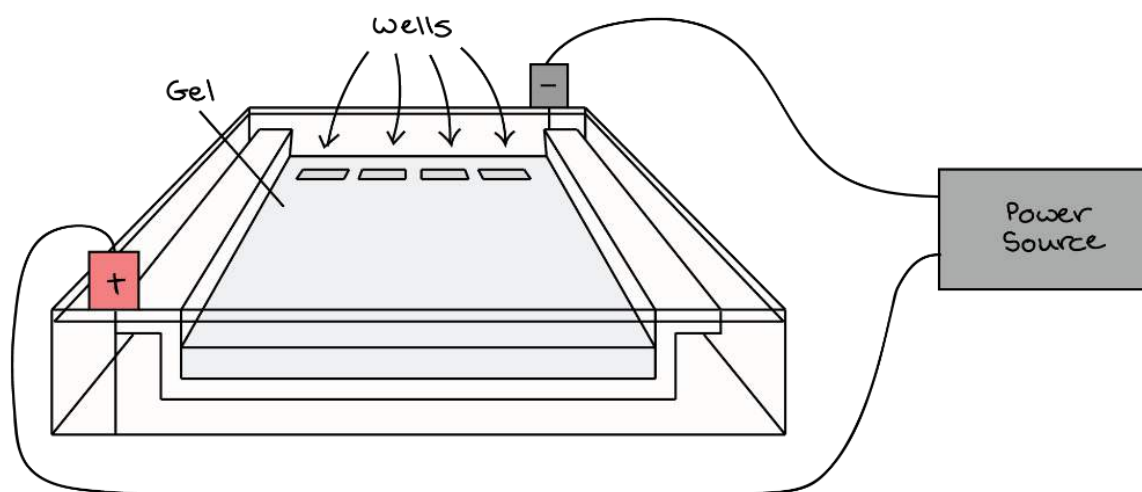


b) Elektroforeza DNA

Elektroforeza jest metodą polegającą na poruszaniu się naładowanych cząstek pod wpływem **pola elektrycznego**. Cząsteczki, które mają **ładunek dodatni** dążą do elektrody **ujemnej** (katody), a te **ładunkiem ujemnym** – do elektrody **dodatniej** (anody). DNA ma ładunek ujemny ze względu na obecność **grup fosforanowych**. Dlatego też cząsteczka DNA będzie wędrować w stronę **dodatniego bieguna pola elektrycznego**.

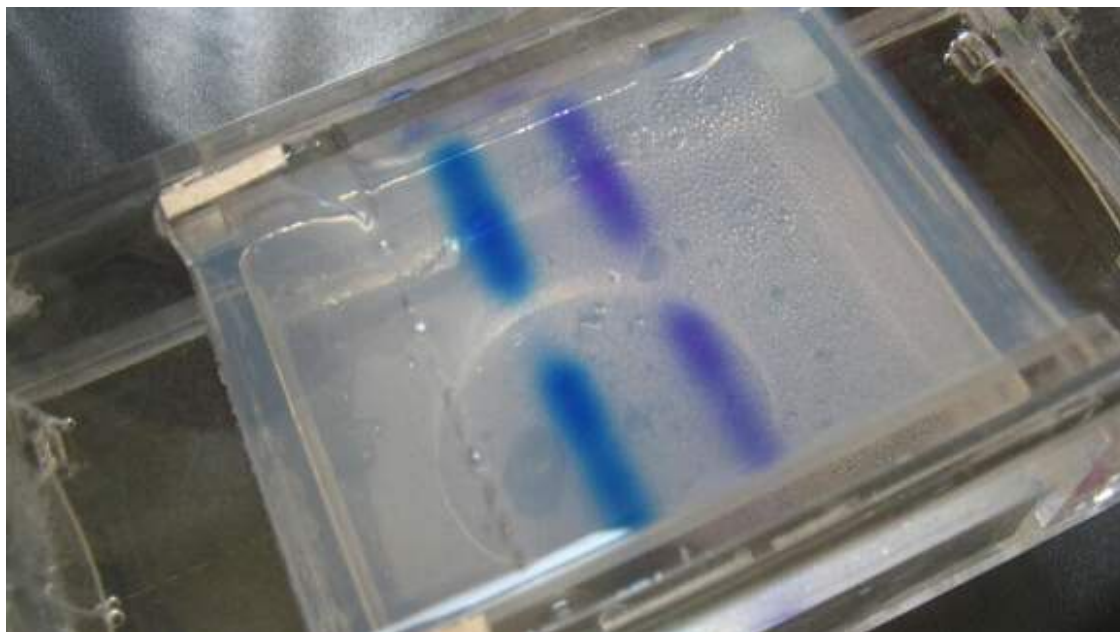
Szybkość migracji zależy od:

- **wielkości cząsteczek** – im mniejsza (krótsza) cząsteczka DNA lub RNA, tym **szybciej przesuwa się** w żelu,
- kształtu cząsteczki,
- przyłożonego napięcia,
- stężenia żelu.

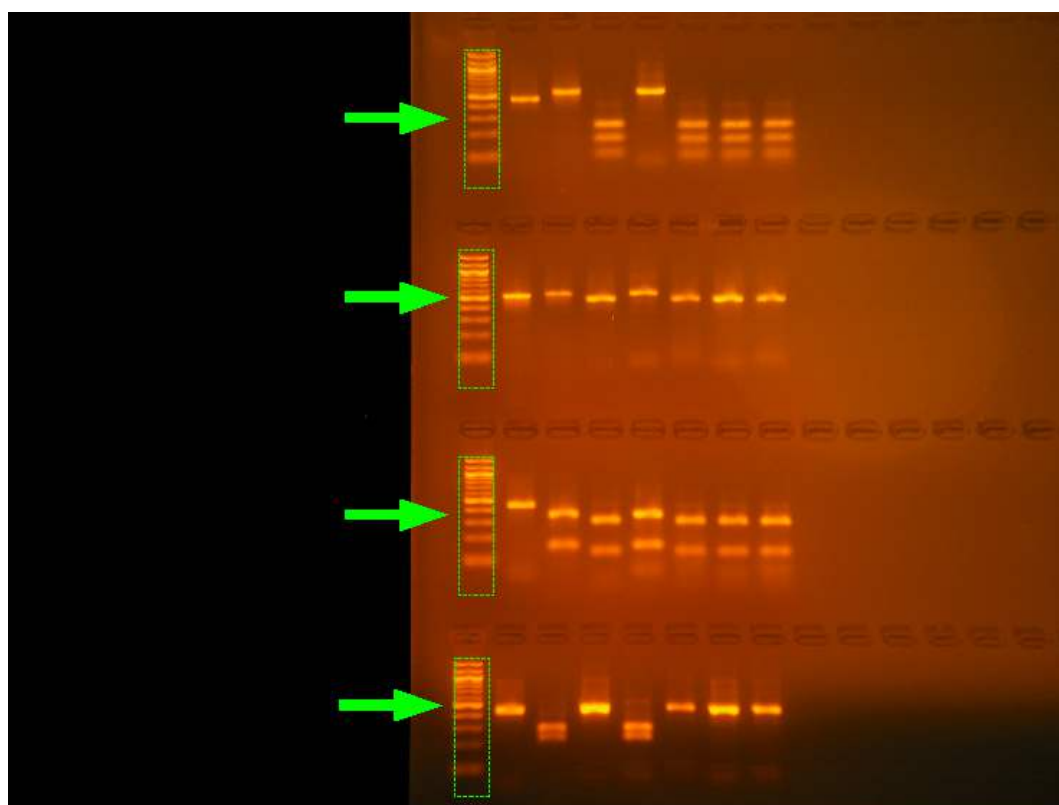


Ładowanie próbek do kieszonek w żelu agarozowym.

Elektroforeza żelowa umożliwia **rozdzielenie kwasów nukleinowych** w porowatym żelu. Żel to **galaretowata substancja**, która składa się z **agarozy** lub **poliakrylamidu**. Działa jak sito, które umożliwia rozdzielenie cząsteczek. Obecne są w nim wydrążone studzienki, w których umieszcza się próbki. Żel umieszcza się w aparacie do elektroforezy, który wypełniony jest buforem. Następnie poddaje się go działaniu pola elektrycznego. Pod jego wpływem fragmenty kwasów nukleinowych o różnej wielkości przemieszczają się od katody w stronę anody z różną szybkością.



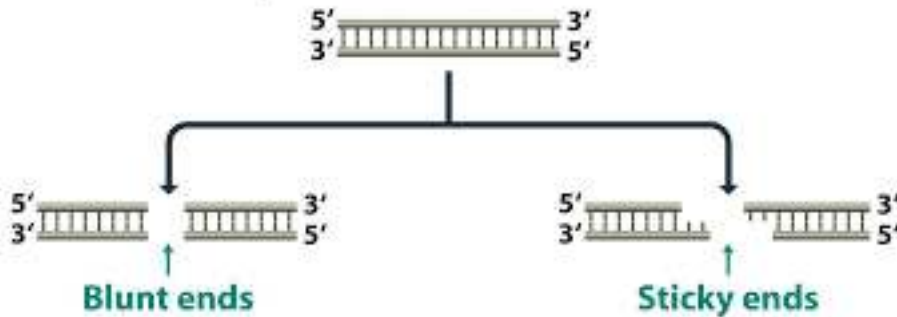
Przez dodanie odpowiedniego barwnika możliwa jest obserwacja tempa migracji próbek w żelu.



Zdjęcie żelu agarowego. Widoczne prążki to cząsteczki DNA o danej wielkości. Zielone strzałki wskazują na markery wielkości, które umożliwiają określenie wielkości badanych cząsteczek DNA.

- sprawdza, jakie produkty powstaną na skutek cięcia DNA przez enzymy restrykcyjne

Odcinki DNA przecięte przez enzymy restrykcyjne mogą mieć **jednoniciowe zakończenia**, są wtedy nazywane **lepкими końcami**. Kiedy zakończenia są **dwuniciowe**, (brak jest wystających jednoniciowych odcinków) nazywane są **tępymi końcami**.



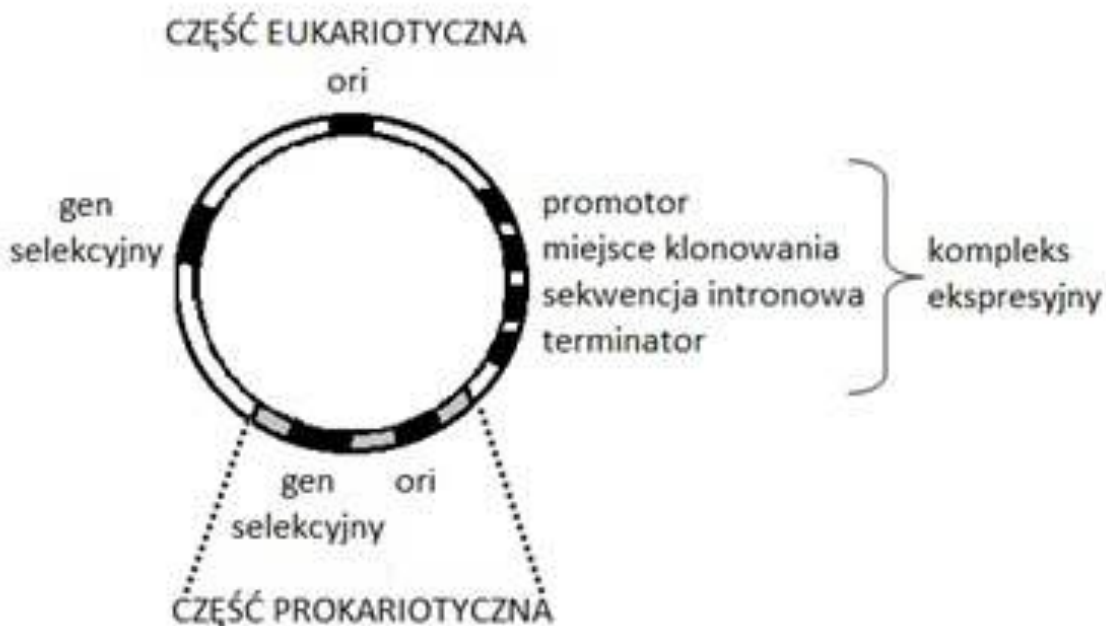
- oblicza, ile cykli PCR należy przeprowadzić, aby z jednej cząsteczki DNA uzyskać milion kopii wybranego fragmentu genu

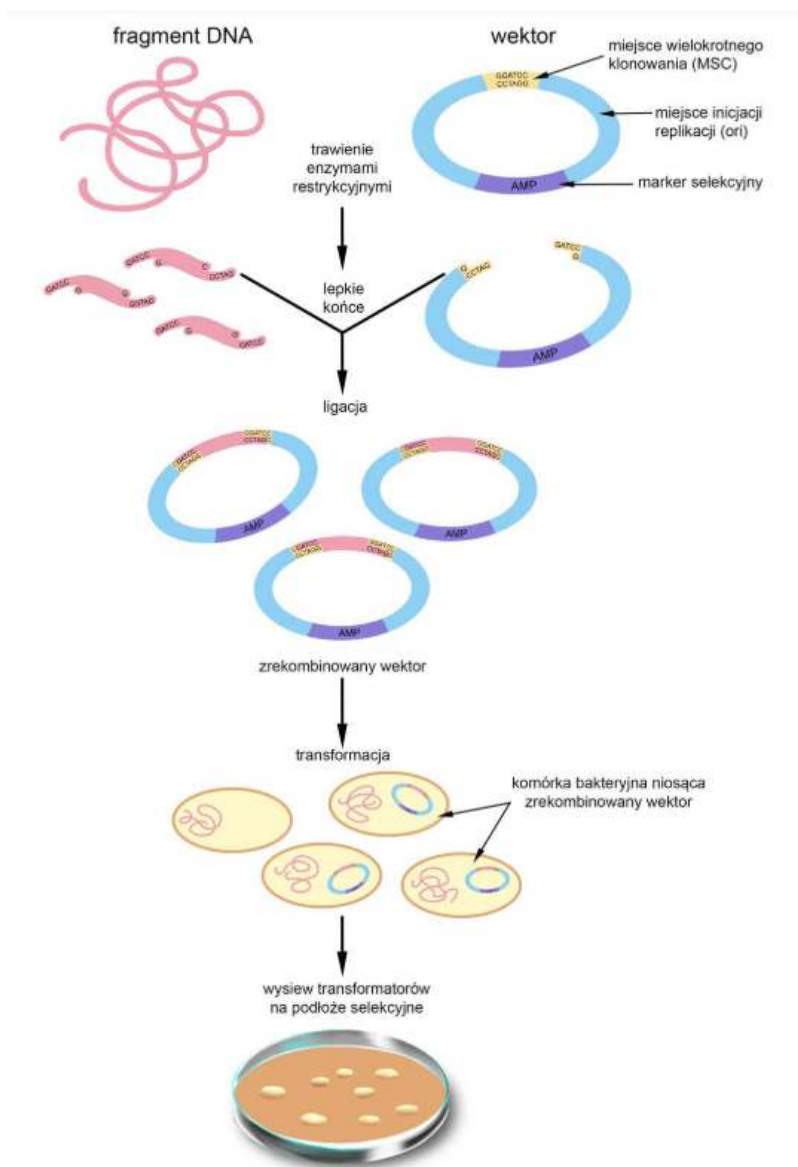
Po jednym cyklu powstają 2 nowe cząsteczki DNA. Po każdym kolejnym cyklu jest tych cząsteczek 2 razy więcej, czyli 2^n , gdzie n = liczbie cykli replikacji.

$$\log_2 100\,000 = 19,93 \approx 20$$

Trzeba wykonać 20 cykli PCR

- wyjaśnia budowę i funkcje wektorów: sztucznego chromosomu, plazmidów
- Wektorami** są plazmidy, sztuczne chromosomy, wirusy, lub bakterie.





- porównuje bibliotekę genomową z biblioteką cDNA i określa, która z nich będzie bardziej przydatna jako źródło informacji genetycznej do syntezy ludzkiego interferonu w komórkach bakterii

biblioteki genomowe obejmujące zbiór fragmentów genomu organizmu powstały w wyniku klonowania DNA chromosomalnego i DNA organellarnego w wektorach genetycznych,

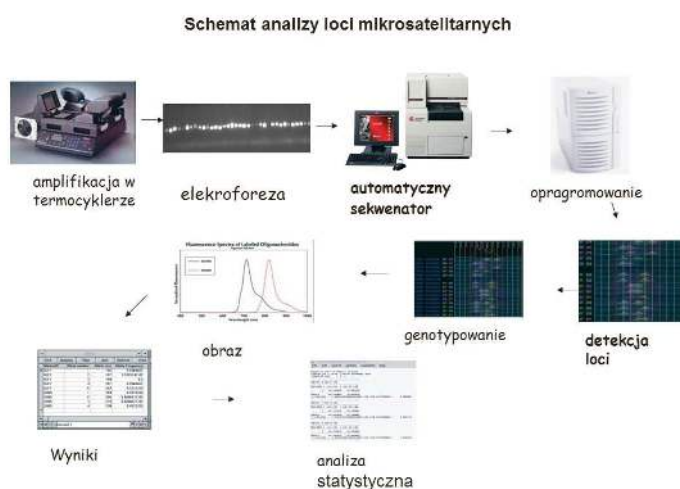
biblioteki cDNA zawierające fragmenty cDNA, czyli fragmenty DNA powstające po przepisaniu informacji ze wszystkich wyizolowanych cząsteczek mRNA (transkrypty) na DNA przy pomocy enzymu o nazwie odwrotna transkryptaza

Do syntezy ludzkiego interferonu w komórkach bakterii jako źródło informacji genetycznej bardziej przydatna będzie biblioteka cDNA, ponieważ każda cząsteczka cDNA zawiera informację genetyczną odpowiadającą jednemu genowi.

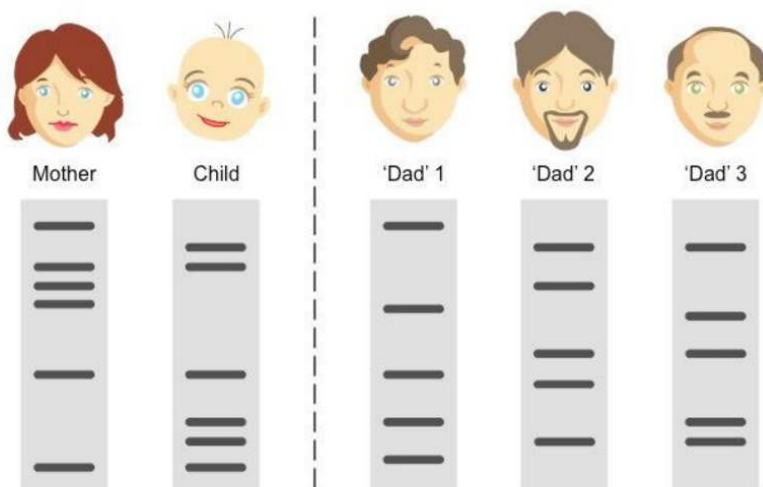
4) przedstawia zastosowania wybranych technik inżynierii genetycznej w medycynie sądowej, kryminalistyce, diagnostyce chorób;

- definiuje pojęcie: profil genetyczny
- dowodzi, że wykorzystując metody biotechnologii molekularnej, można wykluczyć ojcostwo ze stuprocentową pewnością
- wyjaśnia, dlaczego do tworzenia profili genetycznych używa się sekwencji nukleotydów pochodzących z DNA pozagenowego

Za pomocą technik inżynierii genetycznej możliwe jest **utworzenie profilu genetycznego**. Do sekwencji najmniej podobnych u różnych osób należą **sekwencje DNA pozagenowego** – np. sekwencje **mikrosatelitarne** (krótkie powtórzenia tandemowe). Liczba tych powtórzeń jest różna u różnych osób.



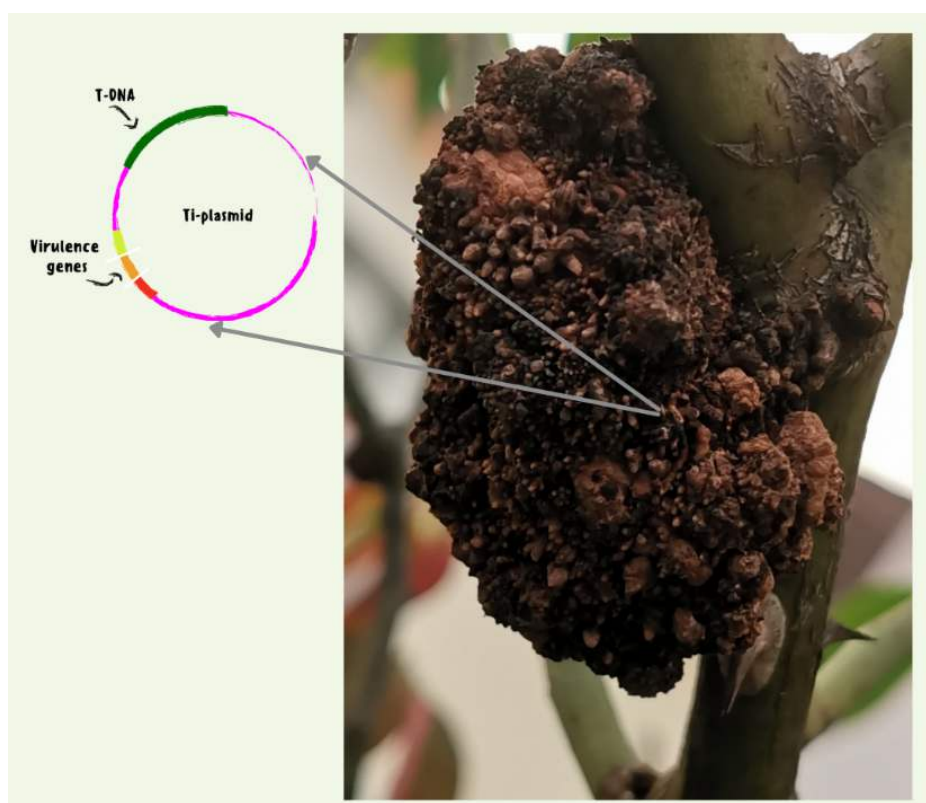
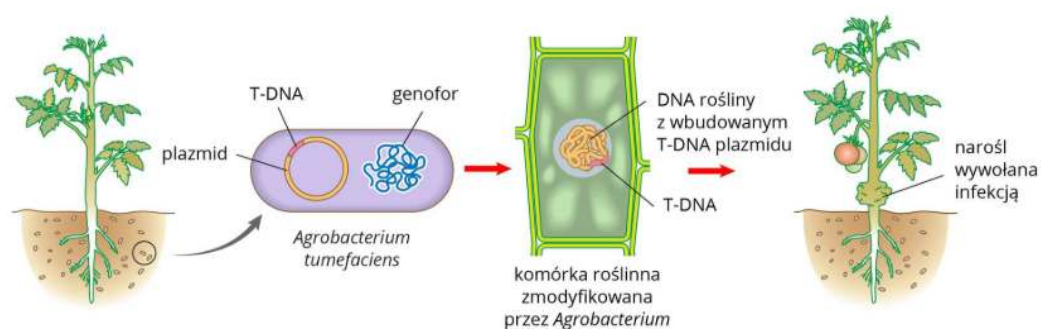
- Profile genetyczne są także wykorzystywane w **ustaleniu lub wykluczeniu ojcostwa**. Badanie polega na porównaniu profilu genetycznego dziecka z profilem genetycznym rodziców.



- charakteryzuje sposoby otrzymywania roślin (agroinfekcja i mikrowstrzykiwanie) i zwierząt transgenicznych

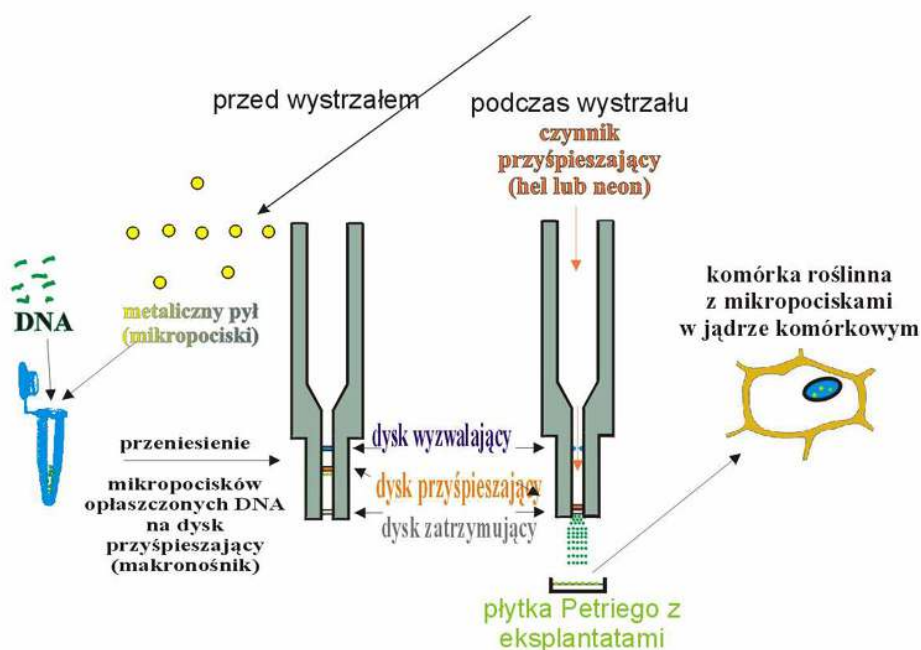
agroinfekcja

Polega na wprowadzeniu **obcego genu** do komórek rośliny za pomocą zmodyfikowanych plazmidów bakterii z rodzaju **Agrobacterium**. W trakcie **infekcji bakterie** wbudowują DNA zawarty w plazmidzie w genom jądrowy roślin.



a) mikrowstrzeliwanie

Polega na **bombardowaniu tkanek roślinnych** mikroskopijnymi kulkami złota pokrytymi obcym DNA. Efektem jest dostanie się do jądra komórkowego i wbudowanie **DNA w genom roślinny**.



- wyjaśnia, dlaczego do wytwarzania białek człowieka nie zawsze można użyć bakterii transgenicznych

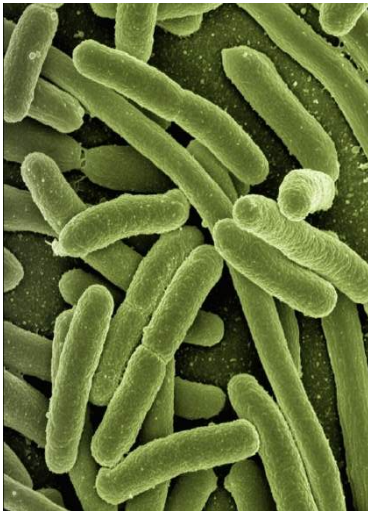
Bakterie nie mają możliwości obróbki potranskrypcyjnej, dlatego w wyniku wprowadzenia DNA z genem ludzkiego białka powstałoby białko odmienne.

7) przedstawia potencjalne korzyści i zagrożenia wynikające z zastosowania organizmów modyfikowanych genetycznie w rolnictwie, przemyśle, medycynie i badaniach naukowych; podaje przykłady produktów otrzymanych z wykorzystaniem modyfikowanych genetycznie organizmów;

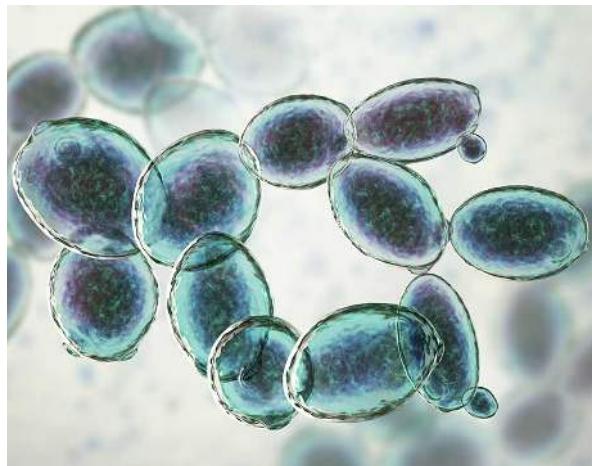
- przedstawia korzyści wynikające ze stosowania GMO

Rośliny zmodyfikowane genetycznie są wykorzystywane głównie w **rolnictwie**. Zastosowanie tych roślin umożliwia obniżenie kosztów produkcji i **zmniejsza szkody wyrządzane** np. przez owady.

Mikroorganizmy zmodyfikowane genetycznie są używane w celu **uwydatnienia produkcji** i **zmniejszenia jej kosztów**. Najczęściej używane są **bakterie** i **drożdże**.



Pałeczka okrężnicy - *E. coli*



Drożdże piekarnicze - *Saccharomyces cerevisiae*

- podaje zagrożenia dla środowiska i zdrowia wynikające z wykorzystywania GMO

- krzyżowanie się odmian zmodyfikowanych genetycznie z odmianami naturalnie występującymi w środowisku, co może prowadzić do niekontrolowanej zmiany ich cech, uodpornienie się szkodników upraw na obce białko, co może prowadzić do powstania pląg szkodników, - pojawienie się u organizmu zmodyfikowanego genetycznie nowej niebezpiecznej cechy, - zagrożenie zdrowia zwierząt hodowlanych.

- zaburzenie równowagi w ekosystemach np. wyparcie naturalnie występującego w nich gatunku, - niekontrolowane rozprzestrzenianie się obcego genu np. przeniesienie go do bakterii glebowych, - zmniejszenie różnorodności biologicznej.

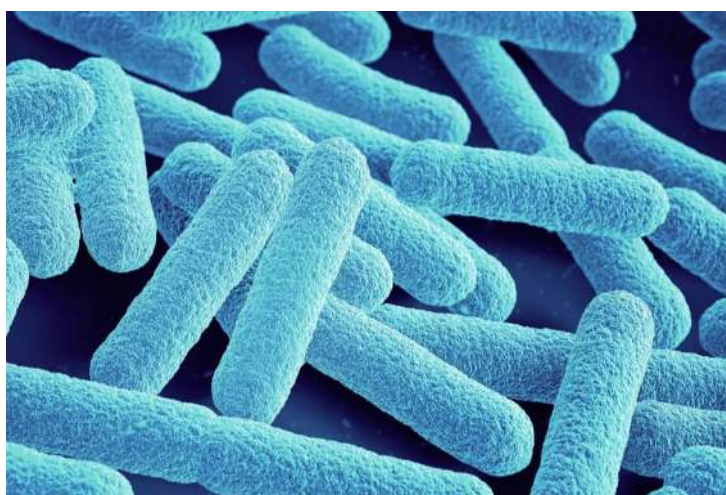
- przedstawia sposoby zapobiegania zagrożeniom wynikającym z wykorzystywania GMO

W celu zapewnienia bezpieczeństwa biologicznego, czyli ograniczenia lub wykluczenia ewentualnych zagrożeń wynikających z wykorzystania biotechnologii i jej produktów, wprowadza się ścisłą kontrolę wytwarzania, przetwarzania, transportu, składowania i stosowania GMO oraz otrzymanych z nich produktów. Wytwarzanie, przechowywanie, transport i niszczenie GMO musi odbywać się w zamkniętych pomieszczeniach, izolowanych od ludzi i środowiska. W ten sposób realizowane jest tzw. zamknięte użycie GMO opisane w Ustawie o organizmach genetycznie zmodyfikowanych. Żywność modyfikowana genetycznie oraz zawierająca modyfikowane organizmy musi być specjalnie oznakowana. Ponadto firmy, każdorazowo po jej otrzymaniu, mają obowiązek odnotowania, od kogo ją otrzymały i komu ją przekazują (krok w przód, krok w tył). Dokumentacja taka ma być przechowywana przez 5 lat.

- definiuje pojęcia: diagnostyka molekularna, biofarmaceutyki,

Biofarmaceutyki są **białkami** wytworzonymi w organizmach zmodyfikowanych genetycznie.

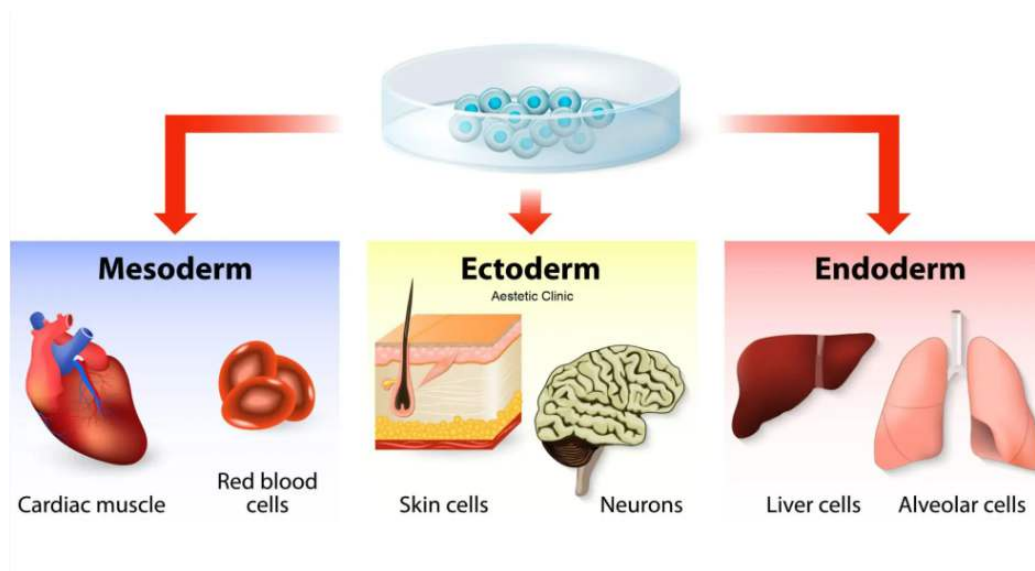
Przykładem skutecznego zastosowania biofarmaceutyków jest **zamiana insuliny** do leczenia cukrzycy pochodzącej ze świń i bydła na, **zrekombinowaną insulinę ludzką** wytwarzaną albo w ***E. coli***, albo **drożdżach**.



Bakterie *E. coli*.

- wyjaśnia, w jaki sposób biotechnologia może przyczynić się do postępu transplantologii

Komórki macierzyste stanowią komórki wyjściowe do hodowli komórek, tkanek, a także niektórych narządów. Tkanki, które zostaną z nich wyhodowane posiadają **te same antygeny zgodności tkankowej**, jakie ma pacjent. Umożliwia to przeszczep do organizmu pacjenta nie powodując **odrzucenia przeszczepu.**



Zadanie 1. (DLA MATURY 2015/2025)

Terapia genowa polega na wprowadzeniu prawidłowej wersji genu do komórki, w której gen ten nie występuje wcale lub występuje w zmutowanej postaci. W obecnych czasach przeprowadzane są wyłącznie somatyczne terapie genowe, które polegają na wprowadzaniu genów terapeutycznych do komórek somatycznych. Wprowadzenie genu terapeutycznego może odbywać się w warunkach ex vivo (najpierw pobiera się komórki od chorego, następnie w warunkach laboratoryjnych wprowadza do nich gen terapeutyczny, a następnie wprowadza je ponownie do organizmu) lub in vivo (wprowadzenie genu terapeutycznego bezpośrednio do komórek chorego za pomocą wektora). Głównym problemem związanym z terapią genową jest bezpieczne i skuteczne wprowadzenie genu terapeutycznego do komórek chorego. Najczęściej do tego procesu wykorzystywane są wektory wirusowe np. retrowirusy, jednakże możliwe jest również zastosowanie wirusów DNA np. adenowirusów. Rozwój terapii genowej niesie ze sobą możliwość przyczynowego leczenia chorób, które obecnie leczone są wyłącznie objawowo.

Na podstawie Genetyka medyczna. Podręcznik dla studentów. zespół red. Drewa G. [i in.]. Wrocław, Elsevier Urban & Partner, 2011. Strony 795-798

1.1 (0-1)

Wyjaśnij, dlaczego wprowadzenie genu terapeutycznego do komórki za pomocą retrowirusa niesie ryzyko działań niepożądanych.

.....

.....

.....

.....

1.2 (0-1)

Zaznacz P, jeśli podana informacja jest prawdziwa, albo **F** – jeśli jest fałszywa.

1.	Aby terapia genowa była skuteczna, komórka organizmu która podlega modyfikacji powinna posiadać zdolność do podziałów komórkowych.	P	F
2.	Do terapii genowej można wykorzystać zmodyfikowanego wirusa HIV.	P	F
3.	Plazmidy obecne są wyłącznie w komórkach prokariotycznych.	P	F

1.3 (0-1)

Podkreśl nazwy chorób, które mogą być leczone za pomocą terapii genowej.

zespół kociego krzyku mukowiscydoza galaktozemia malaria zespół Downa

Schemat oceniania zadania 1.

1.1

1 p. – za prawidłowe wyjaśnienie uwzględniające

- 1) integrację materiału genetycznego retrowirusa z materiałem genetycznym infekowanej komórki
- 2) możliwość wprowadzenia genu terapeutycznego w nieodpowiednie miejsce genomu
- 3) powstanie komórki nowotworowej LUB uszkodzenie materiału genetycznego komórki

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- Retrowirus integruje swój materiał genetyczny z materiałem genetycznym infekowanej komórki. W przypadku gdy gen terapeutyczny zostanie wprowadzony w nieodpowiednie miejsce w genomie, może dojść do powstania komórki nowotworowej.- Retrowirus pełniący funkcję wektora integruje swój materiał genetyczny, w którym obecny jest gen terapeutyczny, z materiałem genetycznym infekowaniem komórki. Możliwe jest jednak wprowadzenie genu terapeutycznego w nieodpowiednie miejsce w genomie, skutkiem czego może być uszkodzenie materiału genetycznego komórki, które miałyby negatywny wpływ na jej funkcjonowanie.

Komentarz:

retrowirusy integrują swój materiał genetyczny z materiałem genetycznym infekowanej komórki, dzięki czemu bywają one stosowane jako wektory w terapii genowej. Jeżeli jednak wprowadzą one gen terapeutyczny w nieodpowiednim miejscu genomu, to infekowana komórka może zginąć lub może dojść do powstania komórki nowotworowej (np. w wyniku zaburzenia ekspresji genów regulujących podziały komórkowe).

1.2

2 p. – za wybranie trzech prawidłowych odpowiedzi

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za wybranie jednej prawidłowej odpowiedzi lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

PPF

Komentarz:

1. Zmiana w jednej komórce nie byłaby w stanie wyeliminować objawów choroby – jeżeli komórka posiada zdolność do podziału, to po pewnym czasie w organizmie pojawi się więcej prawidłowych komórek.

2. Wirus HIV ma zdolność do integrowania swojego materiału genetycznego z materiałem genetycznym infekowanej komórki, dzięki czemu po odpowiednich modyfikacjach można wykorzystać go jako wektor w terapii genowej.

3. Plazmidy obecne są np. w komórkach drożdży, które zaliczają się do komórek eukariotycznych.

1.3

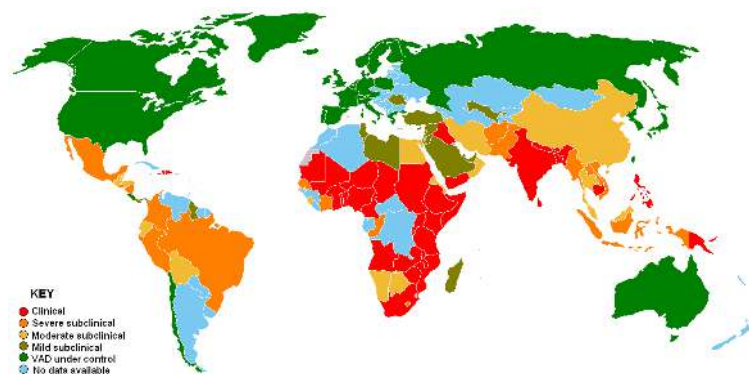
- 1 p. – za prawidłowe podkreślenie dwóch chorób
- 0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

zespół kociego krzyku mukowiscydoza galaktozemia malaria zespół Downa

Komentarz: terapia genowa wykorzystywana jest w leczeniu chorób, które są spowodowane obecnością w organizmie nieprawidłowej wersji danego genu lub genów. Przyczyną zespołu kociego krzyku jest delecja fragmentu chromosomu 5 (problem dotyczy zatem znacznie większego fragmentu chromosomu niż gen). Malaria jest chorobą wywołaną przez protista – zarodźca malarii, zaś zespół Downa wynika z obecności dodatkowego chromosomu 21 w komórkach.

Zadanie 2.

Złoty ryż (*Oryza sativa*) jest najbardziej znaną rośliną GMO. Został on zmodyfikowany poprzez wprowadzenie trzech genów, które kodują enzymy odpowiadające za syntezę beta-karotenu (prekursora witaminy A) w jadalnych częściach ryżu. β -karoten jest bezpieczną dla człowieka odmianą karotenu, gdyż organizm przetwarza tylko taką jego ilość, jaka jest mu potrzebna. Pierwotny złoty ryż wytwarzał 1,6 $\mu\text{g/g}$ karotenoidów, jednakże jego dalsze udoskonalanie zwiększyło tę wartość aż 23-krotnie. Złoty ryż został dopuszczony do spożycia w 2018 roku.



2.1 (0-1)

Wyjaśnij korzyść z wprowadzenia złotego ryżu na obszary, na których występują przypadki kurzej ślepoty.

.....

.....

.....

.....

2.2 (0-1)

Uzasadnij, że zdanie „Każdy organizm GMO jest organizmem transgenicznym” nie jest prawdziwe.

.....

.....

.....

.....

2.3 (0-2)

Oceń czy poniższe stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

1.	Witamina E jest rozpuszczalna w tłuszczach i jest antyoksydantem.	P	F
2.	Nadmierne spożycie kwasu foliowego może doprowadzić do jego przedawkowania.	P	F
3.	Witaminy rozpuszczalne w wodzie nie są magazynowane w organizmie człowieka.	P	F

Schemat oceniania zadania 2.

2.1

1 p. – za prawidłowe wyjaśnienie uwzględniające: 1) skutek niedoboru witaminy A 2) dużą zawartość prekursora witaminy A w złotym ryżu 3) możliwość uzupełnienia niedoboru witaminy A poprzez spożycie złotego ryżu.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi

Odpowiedź:

- Niedobór witaminy A doprowadza do rozwoju kurzej ślepoty. Złoty ryż zawiera dużo beta-karotenu, który jest prekursorem tejże witaminy, zatem jego spożywanie pozwala na uzupełnienie niedoborów witaminy A.

- Kurza ślepotą jest wynikiem niedoboru witaminy A w organizmie. Spożycie złotego ryżu pozwala na uzupełnienie niedoborów tej witaminy, ponieważ zawiera on duże ilości jej prekursora – beta-karotenu.

Komentarz:

Witamina A uczestniczy w syntezie światłoczułego barwnika obecnego w pręcikach, jej niedobór doprowadza więc do zaburzeń widzenia w warunkach ograniczonego oświetlenia (kurzej ślepoty). Złoty ryż zawiera dużo beta-karotenu, zaś związek ten jest prekursorem witaminy A. Spożycie złotego ryżu pozwala więc na uzupełnienie niedoboru witaminy A.

2.2

1 p. – za prawidłowe uzasadnienie odnoszące się do definicji obu pojęć.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi

Odpowiedź:

- Organizm transgeniczny posiada w swoim materiale genetycznym geny pochodzące od innego organizmu, zaś organizm GMO posiada zmodyfikowany w jakikolwiek sposób materiał genetyczny, terminy te nie są równoznaczne.

- Organizmy GMO mogą mieć zmodyfikowaną liczbę kopii własnego genu, zaś organizmy transgeniczne posiadają gen pochodzący od innego organizmu.

Komentarz:

organizm GMO posiada zmodyfikowany materiał genetyczny w dowolny sposób – jeżeli wprowadzono do niego geny pochodzące od innego organizmu, nazwiemy go organizmem transgenicznym, zaś jeżeli modyfikacje dotyczyły jego własnych genów (np. zwiększono liczbę kopii jakiegoś genu), to nie możemy nazwać go organizmem transgenicznym.

2.3

2 p. – za wybranie trzech prawidłowych odpowiedzi

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

PFF

Komentarz:

1. Zdanie jest prawdziwe. Witamina E (tak jak ADK) należy do witamin rozpuszczalnych w tłuszczach, posiada ona właściwości przeciwutleniające.

2. Kwas foliowy jest witaminą rozpuszczalną w wodzie, dlatego też jej nadmiar jest usuwany z organizmu wraz z moczem.

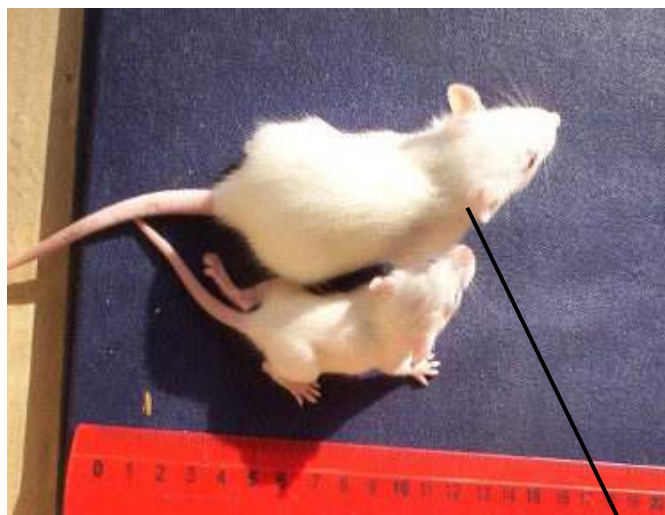
3. Witamina B12 jest rozpuszczalna w wodzie, jednakże jest magazynowana w wątrobie.

Zadanie 3.

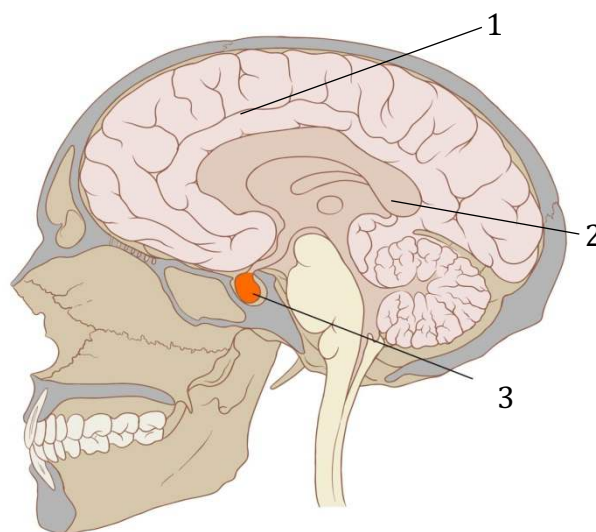
Przysadka mózgowa myszy wydziela niewielkie ilości hormonu wzrostu (GH), dlatego badacze założyli, że również inne tkanki mogą być zdolne do produkcji tego hormonu. Wyizolowali więc gen kodujący GH z DNA szczura, a następnie połączyli go z promotorem mysiego genu, który koduje metalotioneinę – białko wątrobowe, którego syntezę stymuluje obecność dużej ilości cynku. Mysie zygoty zostały przeniesione do macic biorczyń. Po rozwinięciu się młodych myszy i po podaniu im cynku, urosły one o wiele większe, niż niezmodyfikowane genetycznie myszy laboratoryjne.

Na poniższej fotografii pokazano różnicę w wielkości między myszą GMO, a myszą naturalnie występującą w środowisku.

(Solomon, Berg, 2008)



mysz GMO



3.1 (0-1)

Wyjaśnij, dlaczego zmodyfikowane genetycznie myszy osiągały większe rozmiary po otrzymaniu cynku.

.....

.....

.....

.....

3.2 (0-1)

Podaj nazwy struktur oznaczonych numerami 1 oraz 3 na schemacie oraz **określ**, który płat przysadki mózgowej odpowiada za wytwarzanie GH.

.....

.....

.....

.....

3.3 (0-1)

Oceń, czy poniższe stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

1.	Mysz która posiada gen pochodzący od szczura jest organizmem transgenicznym, zaś jeżeli posiadałaby gen pochodzący od innej myszy nie byłaby nim.	P	F
2.	Proces otrzymywania transgenicznych roślin jest łatwiejszy, niż proces otrzymywania transgenicznych zwierząt.	P	F

Schemat oceniania zadania 3.

3.1

1 p. – za prawidłowe wyjaśnienie uwzględniające: 1) istotę modyfikacji genetycznej u opisanej myszy 2) pobudzenie syntezy hormonu wzrostu przez cynk 3) zwiększenie rozmiaru ciała myszy wynikające ze zwiększonej syntezy hormonu wzrostu w organizmie.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- Zmodyfikowane genetycznie myszy posiadały gen kodujący GH połączony z promotorem genu kodującego metalotioneinę. Cynk pobudza syntezę metalotioneiny, zaś w przypadku myszy zmodyfikowanych będzie on również pobudzał syntezę hormonu wzrostu przez wątrobę. Konsekwencją powstawania większej ilości hormonu wzrostu w organizmie będzie większy rozmiar ciała myszy.

- Zmodyfikowane genetycznie myszy osiągnęły większe rozmiary po podaniu cynku, ponieważ pobudzał on wytwarzanie hormonu wzrostu w ich organizmach. Było to spowodowane tym, że gen kodujący GH został u nich połączony z promotorem genu kodującego metalotioneinę, którego ekspresja jest pobudzana przez cynk.

Komentarz: gen kodujący GH został połączony z promotorem genu kodującego metalotioneinę, a następnie wprowadzony do organizmu myszy. Ekspresja genów kodujących metalotioneinę jest pobudzana przez cynk, zatem w przypadku opisanej modyfikacji pierwiastek ten pobudzał również syntezę hormonu wzrostu, zaś większa jego ilość w organizmie sprawiła, że myszy osiągnęły większe rozmiary.

3.2

1 p. – za prawidłowe nazwanie dwóch struktur oraz prawidłowe określenie płata przysadki mózgowej wydzielającego GH.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

1 – kresomózgowie

3 – przysadka mózgowa

GH wytwarza przedni płat przysadki

Komentarz: przedni płat przysadki mózgowej odpowiada za wytwarzanie prolaktyny, hormonu wzrostu oraz hormonów tropowych. Tylony płat przysadki mózgowej magazynuje hormony podwzgórza – wazopresynę i oksytocynę.

3.3

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

FP

Komentarz:

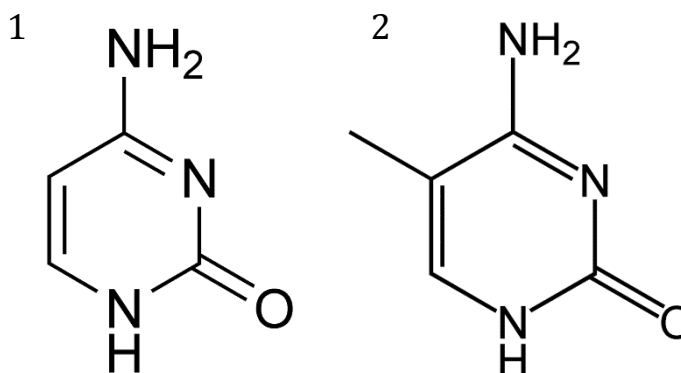
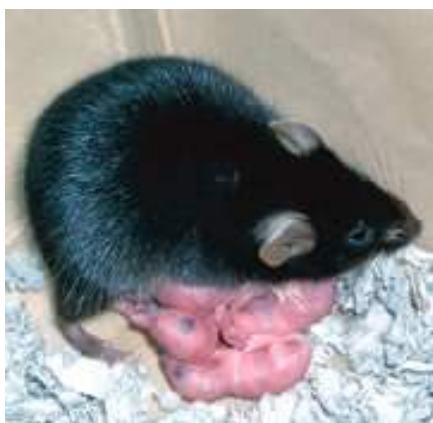
1. Organizmem transgenicznym nazywamy organizm, który posiada w swoim materiale genetycznym gen pochodzący od innego organizmu.

2. Zdanie jest prawdziwe – ze względu na fakt, iż rośliny posiadają znacznie większe możliwości do regeneracji niż większość zwierząt (z fragmentu rośliny można odtworzyć całego osobnika), otrzymywanie transgenicznych roślin jest łatwiejszym procesem, niż otrzymywanie transgenicznych zwierząt.

Zadanie 4.

Mysz Kaguya urodziła się w 2004 roku. Powstała ona jako efekt procesu biotechnologicznego zwanego haploidyzacją, który polega na usunięciu jednego z dwóch zestawów chromosomów z komórek danego osobnika. W organizmach diploidalnych każdy gen autosomalny jest reprezentowany przez dwa allele - jedna kopia pochodzi od każdego rodzica. Ze względu na zjawisko imprintingu, ekspresja niektórych alleli zależy od ich pochodzenia rodzicielskiego. Na przykład gen kodujący insulinopodobny czynnik wzrostu 2 (IGF-2) ulega ekspresji tylko z alleleu odziedziczonego po ojcu. Gen ulegający imprintingowi jest metylowany (posiada grupę CH_3 dołączoną do cząsteczek zasad azotowych – cytozyny/adeniny) na alleleu pochodzącym od jednego z rodziców. Do zmetylowanego nukleotydu nie mogą przyłączyć się czynniki transkrypcyjne, co prowadzi do wyciszenia ekspresji danego alleleu. Naukowcy byli w stanie odnieść sukces, łącząc dwie komórki jajowe pochodzące od niedojrzałych samic, zmniejszając w ten sposób imprinting matczyny i modyfikując go tak, aby ekspresji ulegał gen kodujący IGF-2. Doświadczenie powiodło się, chociaż tylko dwa z 457 jaj osiągnęły dojrzałość.

Na fotografii przedstawiono mysz wraz z potomstwem.



4.1 (0-1)

Rozstrzygnij czy mysz Kaguya jest organizmem sklonowanym. Odpowiedź uzasadnij.

.....

.....

.....

.....

4.2 (0-1)

Podaj nazwę typu rozmnażania, który doprowadził do powstania myszy Kaguya oraz rozstrzygnij, czy występuje on naturalnie w przyrodzie.

.....

.....

.....

.....

4.3 (0-2)

Oceń, czy poniższe stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

1.	Zmetylowana zasada azotowa została przedstawiona na wzorze oznaczonym cyfrą 2.	P	F
2.	Posiadanie w genotypie allelu dominującego w każdym przypadku będzie skutkowało ujawnieniem się cechy dominującej.	P	F
3.	Poliembrionia to postać rozmnażania płciowego.	P	F

Schemat oceniania zadania 4.

4.1

1 p. – za prawidłowe rozstrzygnięcie (nie) oraz uzasadnienie odnoszące się do obecności części materiału genetycznego dwóch różnych osobników w komórkach myszy Kaguya.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- Nie, ponieważ posiada ona część materiału genetycznego dwóch osobników.
- Nie. W komórkach tej myszy obecny jest materiał genetyczny pochodzący od dwóch samic.

UWAGA: nie uznaje się odpowiedzi, w których zdający odwołuje się wyłącznie do definicji kłona.

Komentarz: klonem nazywany jest organizm, który posiada identyczny materiał genetyczny w stosunku do innego organizmu. Naturalnie występującymi klonami są np. bliźniaki jednojajowe. Mysz Kaguya rozwinęła się z połączenia dwóch komórek jajowych pochodzących od dwóch różnych samic – posiada ona zatem połowę materiału genetycznego każdej z nich.

4.2

1 p. – za podanie prawidłowej odpowiedzi oraz prawidłowe rozstrzygnięcie (tak).

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- partenogeneza, tak.

Komentarz: partenogenezą nazywany jest proces, w trakcie którego dochodzi do rozwoju osobnika potomnego z komórki jajowej, bez procesu zapłodnienia. Występuje on między innymi u pszczoł.

4.3

2 p. – za wybranie trzech prawidłowych odpowiedzi

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

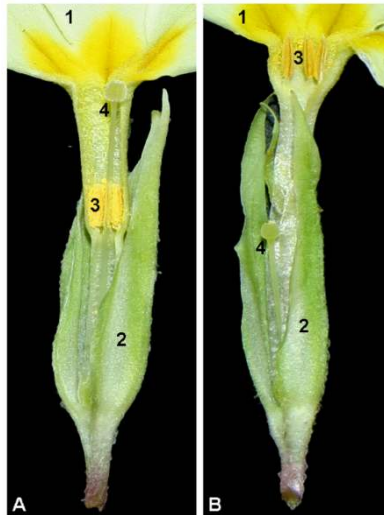
PFF

Komentarz:

1. Zdanie jest prawdziwe, wzór zasady azotowej bez grupy metylowej oznaczono cyfrą 1.
2. Zdanie jest fałszywe. Jeżeli imprinting genomowy dotknie allelu dominującego, to nie ujawni się on w fenotypie.
3. Poliembrionia to proces, w trakcie którego dochodzi do powstania kilku zarodków z jednej komórki jajowej. Jest to forma rozmnażania bezpłciowego.

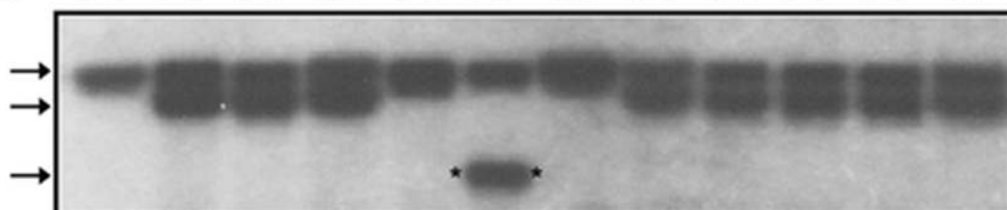
Zadanie 5.

Primula nutans to przedstawiciel rodziny pierwiosnkowatych. W obrębie tego gatunku wyróżnia się dwa fenotypy – ShS który charakteryzuje się wykształcaniem niskich słupków, wysokich pylników oraz dużych ziaren pyłku oraz LS który charakteryzuje się wykształcaniem wysokich słupków, niskich pylników i małego pyłku. W przypadku populacji o dużej liczebności stosunek osobników ShS do LS jest bliski 1:1, jednakże w przypadku mniej licznych populacji, osobniki LS występują kilkakrotnie częściej. Przeprowadzone badania wykazały, że fenotyp ShS rozwija się w przypadku obecności jednego allelu dominującego S w genotypie. Na poniższej fotografii przedstawiono opisane wcześniej fenotypy *Primula nutans*.



Pogłębienie badań nad genami zaangażowanymi w rozwój narządów generatywnych u *Primula* wykazały, że gen S (opisany wcześniej) znajduje się na tym samym chromosomie co geny Oakleaf oraz Hose in Hose. W celu określenia odległości pomiędzy tymi genami przeprowadzono serię krzyżówek genetycznych, w trakcie których osobnika żeńskiego, będącego homozygotą recesywną pod względem alleli wszystkich opisanych genów krzyżowano z osobnikiem męskim, który posiadał po jednym allelu dominującym z każdego genu. W potomstwie liczącym 784 osobników otrzymano 20 rekombinantów locus Oakleaf – S i 12 rekombinantów locus S – Hose in Hose. W dalszej kolejności przeprowadzono analizę materiału genetycznego otrzymanych roślin z wykorzystaniem elektroforezy. Obecność allelu PvSLL1 na tym samym chromosomie co allelu s przekładała się na powstanie fragmentu o wielkości 3,0 kb, zaś allel thrum w połączeniu z allelem S tworzył fragment o wielkości 2,8 kb. W badaniu stwierdzono również obecność fragmentu o wielkości 2,6 kb. Wyniki przedstawione zostały poniżej.

Plant	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Phenotype	OPH	OTH	OTH	wt-T	wt-P	OPH	OPH	OTH	OTH	OTH	OTH	OTH
Recombination	S-H	O-S	O-S	S-H	O-S	S-H	S-H	O-S	O-S	O-S	O-S	O-S



Inna grupa naukowców przeprowadziła badanie, którego celem była ocena różnorodności genetycznej populacji *Primula vulgaris* występujących na terenie Noord-Drenthe oraz Flanders. Zaobserwowano że odsetek heterozygot w populacjach na terenie Noord-Drenthe jest bardzo niski oraz że populacje te są mniej liczne i bardziej izolowane od siebie, niż ma to miejsce na terenie Flanders.

Na podstawie: Petrova, Svetlana E. and Mikhail N Kozhin. "Löve (Primulaceae) from three northern coenopopulations (Kandalaksha Bay , White Sea)." (2019) oraz 1. Van Geert A, Van Rossum F, Triest L. Perspectives for genetic rescue of the extremely fragmented *Primula vulgaris* populations in The Netherlands: reflecting the future of Belgian populations? *Plant Ecology and Evolution*. 2015;148(3):329-334. doi:https://doi.org/10.5091/plecevo.2015.1101 oraz Li J, Webster MA, Wright J, et al. Integration of genetic and physical maps of the *Primula vulgaris* S locus and localization by chromosome in situ hybridization. *New Phytol*. 2015;208(1):137-148. doi:10.1111/nph.13373

Zadanie 5.1. (0-1)

Rozstrzygnij, który fenotyp *Primula nutans* został przedstawiony na fotografii A z informacji źródłowej, a następnie podaj nazwę mechanizmu zapobiegającego samozapyleniu, który występuje u tej rośliny.

.....

.....

.....

.....

Zadanie 5.2. (0-1)

Wyjaśnij, dlaczego nierówna proporcja osobników ShS i LS w populacji *Primula nutans* jest zjawiskiem niekorzystnym dla jej liczebności.

.....

.....

.....

.....

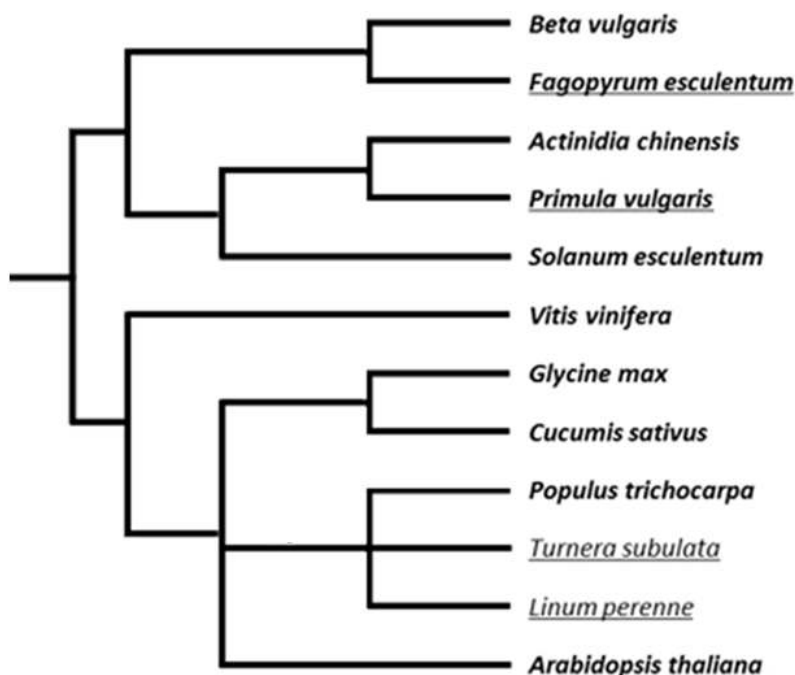
Zadanie 5.3. (0-1)

Oceń, czy poniższe interpretacje przedstawionych wyników badań są prawidłowe. **Zaznacz T (tak)**, jeśli interpretacja wyników jest prawidłowa, albo **N (nie)** – jeśli jest nieprawidłowa.

1.	Na populacje <i>Primula vulgaris</i> występujące na terenie Noord-Drenthe działa silny dobór naturalny rozrywający.	T	N
2.	Populacje <i>Primula vulgaris</i> występujące na terenie Noord-Drenthe są wyjątkowo podatne na działanie dryfu genetycznego.	T	N

Zadanie 5.4. (0-1)

Poniżej przedstawione zostało drzewo filogenetyczne, które obejmuje wybranych przedstawicieli roślin dwuliściennych.



Wybierz prawidłową/e odpowiedzi spośród podanych (pytania odnoszą się do powyższego drzewa filogenetycznego oraz informacji źródłowej z początku zadania).

- A. Odległość pomiędzy genami Oakleaf oraz S wynosi 2,55 cm.
- B. *Glycine max* jest bliżej spokrewniony z *Arabidopsis thaliana* niż z *Vitis vinifera*.
- C. Przyczyną powstania rekombinantów w opisanym w informacji źródłowej doświadczeniu był między innymi crossing-over u osobnika żeńskiego.
- D. Auksyny zaangażowane są wyłącznie w ruchy tropiczne roślin, nie biorą udziału w ruchach nastycznych.

Zadanie 5.5. (0-1)

Przeanalizuj wynik elektroforezy załączonej do informacji źródłowej, a następnie podaj nazwę mutacji chromosomowej, która mogła doprowadzić do powstania fragmentu oznaczonego gwiazdką.

.....

.....

.....

.....

Schemat oceniania zadania 5.

5.1

- 1 p. – za prawidłowe rozstrzygnięcie oraz podanie prawidłowej odpowiedzi.
- 0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- LS, różnostłupkowość/heterostylia.

Komentarz: na załączonej fotografii cyfrą 3 oznaczono pręciki, zaś cyfrą 4 słupki. Wśród mechanizmów zapobiegających samozapyleniu należy wymienić: przedprątność/przedślupność (jedna ze struktur rozwija się szybciej), heterostylię (ukazaną na fotografii – wykształcanie różnych rodzajów kwiatów, które posiadają słupki różnej wielkości), dwupienność oraz samopłonność (ziarno pyłku nie kiełkuje na słupku tej samej rośliny).

5.2

1 p. – za prawidłowe wyjaśnienie uwzględniające: 1) mechanizm ochrony przed samozapyleniem u *Primula nutans* 2) zmniejszoną liczbę zapyleń w przypadku nierównego stosunku obu fenotypów w populacji 3) mniejszą liczbę potomstwa.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- Pyłek z roślin ShS zapyła przede wszystkim rośliny LS i odwrotnie, nierówny stosunek obu fenotypów w populacji sprawi więc, że rzadziej będzie dochodziło do zapylenia, co przełoży się również na zmniejszoną liczebność potomstwa.

- Pyłek wytwarzany przez ShS przystosowany jest do zapylenia roślin LS i odwrotnie, a zatem w przypadku nierównego stosunku obu fenotypów w populacji, do zapylenia będzie dochodziło zdecydowanie rzadziej, co przełoży się również na mniejszą liczbę potomstwa.

Komentarz: u *Primula nutans* stwierdza się heterostylię – roślina wytwarza dwa rodzaje kwiatów w celu zapobiegania samozapyleniu. Do zapylenia dochodzi przede wszystkim pomiędzy kwiatami o innych fenotypach, w związku z czym najbardziej korzystna jest w sytuacji, w której ich stosunek liczbowy jest do siebie zbliżony. Zaburzenie tej proporcji przełoży się na mniejszą liczbę zapyleń, a więc i mniejszą liczebność potomstwa.

5.3

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za wybranie jednej prawidłowej odpowiedzi lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

NT

Komentarz:

1. Dobór naturalny rozrywający eliminuje osobniki o pośrednim nasileniu danej cechy, w tym przypadku wiemy jedynie o małej liczebności heterozygot, zaś nie każda heterozygota ma fenotyp pośredni (jest tak tylko przy niepełnej dominacji), zatem mamy zbyt mało danych, aby móc wysnuć takie stwierdzenie.

2. Na działanie dryfu genetycznego podatne są przede wszystkim niewielkie i mało zróżnicowane genetycznie populacje.

5.4

1 p. – za wybranie prawidłowej odpowiedzi.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

B

Komentarz:

Odpowiedź A – ilość rekombinantów w potomstwie rzeczywiście wynosi 2,55%, jednakże odległość między genami podajemy w cM a nie cm.

Odpowiedź B – *Glycine max* ma bliższego wspólnego przodka z *Arabidopsis thaliana* niż z *Vitis vinifera*, zatem są bliżej spokrewnione.

Odpowiedź C – osobnik żeński był homozygotą pod względem każdego z badanych genów, zatem crossing-over nie mógł doprowadzić do powstania nowych kombinacji alleli.

Odpowiedź D – auksyny biorą udział przede wszystkim w ruchach tropicznych, jednakże mogą również doprowadzać do ruchów nastycznych.

5.5

1 p. – za podanie prawidłowej odpowiedzi.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

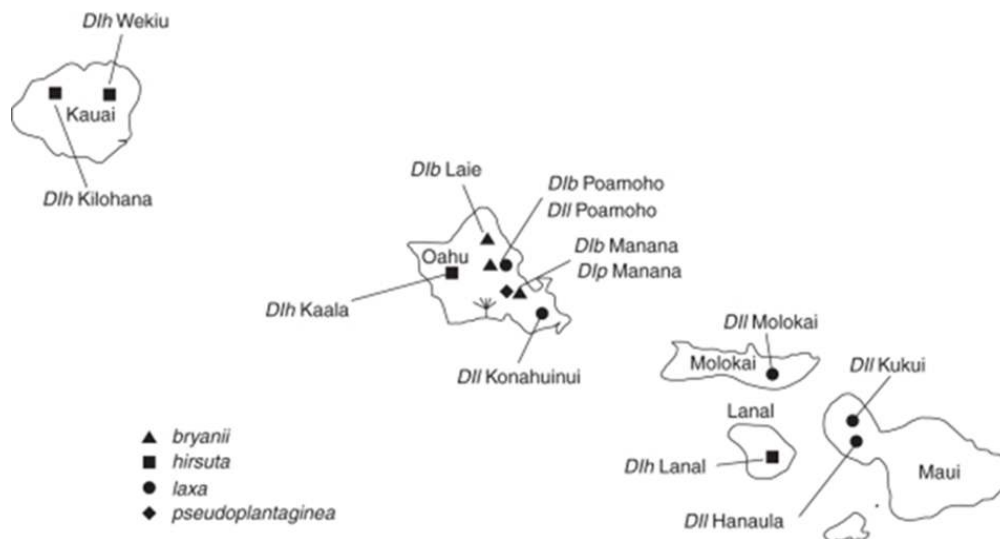
Odpowiedź:

- delecja/translokacja

Komentarz: w trakcie elektroforezy badane cząsteczki (np. białka lub fragmenty DNA) przemieszczają się pod wpływem działania pola elektrycznego. Przebyta odległość jest odwrotnie proporcjonalna do wielkości (masy) cząsteczki – mniejsze wędrują dalej. Fragment oznaczony gwiazdką znajduje się znacznie dalej niż pozostałe, w związku z czym należy stwierdzić iż jest on mniejszy. Przyczyną powstania takiego fragmentu może być delecja (usunięcie fragmentu chromosomu) lub translokacja (pod warunkiem że do chromosomu nie przyłączy się nowy fragment lub jest on mniejszy od utraconego).

Zadanie 6.

Dubautia laxa to przedstawiciel rodziny astrowatych, który naturalnie występuje jedynie na większości wysp zaliczanych do archipelagu hawajskiego. Początkowo populacja osobników tego gatunku była jednolita, jednakże z biegiem lat doszło do jej zróżnicowania morfologicznego, co było przyczyną wyodrębnienia kilku podgatunków. Poniżej przedstawiono mapę obejmującą wybrane wyspy z tego archipelagu, wraz ze wskazaniem miejsc występowania poszczególnych podgatunków (symbole z legendy) *Dubautia laxa*.



Przeprowadzone zostało doświadczenie, którego celem było określenie różnic w materiale genetycznym przedstawicieli poszczególnych podgatunków *Dubautia laxa*. Plastydowe DNA roślin *Dubautia laxa* z populacji wskazanych na mapie zostało powielone za pomocą PCR, a następnie sekwencjonowane. W trakcie PCR wykorzystano startery F71 oraz R1516, które były komplementarne do przedstawionych niżej sekwencji (odpowiednio F71 do pierwszej, zaś R1516 do drugiej):

5' GCTATGCTTAGTGTGTGTGACTCGTT 3' (...) 5'CAACATAGAGGAAGAATGAAGGG 3'
 3' CGATACGAATCACACACTGAGCAA 5' (...) 3'GTTGTATCTCCTTCTTACTTCCC 5'
 (...) oznacza pominięty fragment sekwencji DNA.

Przeprowadzone badania wykazały, że podgatunki *D. laxa bryanii*, *D. laxa laxa* oraz *D. laxa pseudoplantaginea* praktycznie nie różnią się od siebie pod względem genetycznym, zaś *D. laxa hirsuta* wyraźnie różnił się od pozostałych podgatunków pod względem genetycznym.

Na podstawie: McGlaughlin ME, Friar EA. Evolutionary diversification and geographical isolation in *Dubautia laxa* (Asteraceae), a widespread member of the Hawaiian silversword alliance. *Ann Bot.* 2011;107(3):357-370. doi:10.1093/aob/mcq252

Zadanie 6.1. (0-1)

Przeanalizuj mapę załączoną do informacji źródłowej, a następnie rozstrzygnij, uwzględniając kryterium stosunków przestrzennych między populacjami, jakie rodzaje specjacji najprawdopodobniej doprowadziły do wykształcenia poszczególnych podgatunków *Dubautia laxa*. Odpowiedź **uzasadnij**, odnosząc się do wyspy Oahu oraz populacji występujących na innych wyspach z archipelagu hawajskiego.

Zadanie 6.2. (0-1)

Analizując wyniki opisanego wcześniej badania **określ**, jaki rodzaj zmienności występuje pomiędzy:

- *D. laxa bryanii* a *D. laxa hirsuta*
- *D. laxa laxa* a *D. laxa pseudoplantaginea*

Zadanie 6.3. (0-1)

Zaznacz P, jeśli podana informacja jest prawdziwa, albo **F** – jeśli jest fałszywa.

1.	Rozprzestrzenienie przedstawicieli gatunku <i>Dubautia laxa</i> na poszczególne wyspy archipelagu hawajskiego może być wynikiem działalności człowieka, jednakże najprawdopodobniej nie jest to jedyny czynnik biorący udział w tym procesie.	P	F
2.	<i>Dubautia laxa</i> to endemit, w przypadku którego możemy stwierdzić zjawisko radiacji adaptacyjnej.	P	F

Zadanie 6.4. (0-1)

Podkreśl w każdym nawiasie właściwe określenie.

PCR jest często stosowaną metodą z zakresu inżynierii genetycznej, w trakcie której (*konieczne/niekonieczne*) jest stosowanie termostabilnych enzymów. Początkowym etapem PCR jest rozerwanie wiązań (*wodorowych/fosfodiesterowych/glikozydowych*). Sekwencje DNA analizowane w trakcie opisanego w informacji źródłowej doświadczenia przekazywane były osobnikom potomnym przez (*osobniki męskie/osobniki żeńskie/zarówno osobniki męskie jak i żeńskie*).

Zadanie 6.5. (0-1)

Wybierz odpowiedź/odpowiedzi spośród podanych poniżej, w których wymienione zostały możliwe bezpośrednie zastosowania metody PCR.

- A. zwiększenie ilości materiału genetycznego wirusa RNA.
- B. wykrycie konkretnej sekwencji DNA w badanym materiale genetycznym.
- C. określenie sekwencji nieznanego wcześniej genu.
- D. zwiększenie liczby kopii genu o nieznannej sekwencji w przypadku znajomości sekwencji jego promotora.
- E. rozdzielenie fragmentów DNA na podstawie ich długości.

Zadanie 6.6. (0-1)

Wybierz spośród A–D i zaznacz prawidłowe sekwencje starterów F71 oraz R1516, wykorzystywanych w trakcie doświadczenia opisanego w informacji źródłowej, które przyłączały się do wskazanych tam sekwencji.

- A. F71 5' GCTATGCTTAGTGTGTGTGACTCGTT 3'
R1516 5' CAACATAGAGGAAGAATGAAGGG 3'
- B. F71 5' AACGAGTCACACACACTAAGCATAGC 3'
R1516 5' CCCTTCATTCTTCCTCTATGTTG 3'
- C. F71 5' AACGAGTCACACACACTAAGCATAGC 3'
R1516 5' CAACATAGAGGAAGAATGAAGGG 3'
- D. F71 5' GCTATGCTTAGTGTGTGTGACTCGTT 3'
R1516 5' CCCTTCATTCTTCCTCTATGTTG 3'

Zadanie 6.7 (0-1)

Na poniższej fotografii przedstawiono *Dubautia laxa*.



Wybierz odpowiedź/odpowiedzi spośród podanych poniżej, w których zawarto prawdziwą informację.

- A. na powyższej fotografii widoczne są dwa kwiaty *Dubautia laxa*.
- B. widoczne na fotografii włoski są wytworem endodermy.
- C. włoski mogą być strukturami żywymi lub martwymi.
- D. strukturą homologiczną do pręcika roślin nasiennych jest mikrosporofil u paprotników.

Schemat oceniania zadania 6.

6.1

1 p. – za prawidłowe rozstrzygnięcie (alopatryczna i sympatryczna) oraz uzasadnienie odnoszące się do definicji tych zjawisk i wiążące je z analizą informacji z mapy.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- Allopatriczna i sympatryczna, ponieważ niektóre populacje podgatunków *Dubautia laxa* współwystępują na wyspie Oahu, zaś część z nich została rozdzielona przez zbiornik wodny.
- Sympatryczna na wyspie Oahu i allopatriczna pomiędzy populacjami występującymi na innych wyspach z archipelagu hawajskiego.

Komentarz: odpowiedź na to pytanie wymaga analizy mapy, z pominięciem informacji zawartej w dalszej części tekstu, ponieważ nie są one zbieżne. Specjacja sympatryczna zachodzi w przypadku braku bariery geograficznej pomiędzy populacjami, zaś w przypadku allopatrycznej występuje taka bariera. W tym przypadku do wykształcenia podgatunków *Dubautia laxa* dochodziło zarówno bez takowej bariery na wyspie Oahu, jak i z udziałem bariery geograficznej (ocean). Należy pamiętać o odniesieniu się do konkretnego przypadku z zadania, a nie samych definicji.

6.2

1 p. – za podanie dwóch prawidłowych odpowiedzi.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

- *D. laxa bryanii* a *D. laxa hirsuta* – zmienność genetyczna.

- *D. laxa laxa* a *D. laxa pseudoplantaginea* – zmienność środowiskowa.

Komentarz: przyczyną różnic morfologicznych pomiędzy osobnikami może być zmienność genetyczna lub środowiskowa (wynikająca z przystosowania do innego środowiska życia). Odpowiedzi na pytanie należy szukać w informacji źródłowej znajdującej się pod mapą.

6.3

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za wybranie jednej prawidłowej odpowiedzi lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

PP

Komentarz:

1. Człowiek może zawlec przedstawicieli różnych gatunków na nowe obszary, jednakże zjawisko to może również zachodzić bez jego udziału np. nasiona roślin mogą być przenoszone przez ptaki.

2. *Dubautia laxa* jest gatunkiem endemicznym, ponieważ występuje jedynie na ograniczonym obszarze kuli ziemskiej. O radiacji adaptacyjnej można mówić, w przypadku gdy populacja osobników danego gatunku zróżnicowała się na wiele odmian (lub innych gatunków) po znalezieniu się w danym środowisku.

6.4

1 p. – za prawidłowe podkreślenie wszystkich trzech określeń.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

PCR jest często stosowaną metodą z zakresu inżynierii genetycznej, w trakcie której (konieczne/niekonieczne) jest stosowanie termostabilnych enzymów. Początkowym etapem PCR jest rozerwanie wiązań (wodorowych/fosfodiesterowych/glikozydowych). Sekwencje DNA analizowane w trakcie opisanego w informacji źródłowej doświadczenia przekazywane były osobnikom potomnym przez (osobniki męskie/osobniki żeńskie/zarówno osobniki męskie jak i żeńskie).

Komentarz: w trakcie PCR mieszanina reakcyjna poddawana jest ekspozycji na wysoką temperaturę (nawet około 95°C), w której standardowe białka uległyby denaturacji – z tego powodu do przeprowadzenia PCR wykorzystywane są termostabilne enzymy. Wysoka

temperatura jest również czynnikiem, który doprowadza do rozdzielania podwójnej helisy DNA na dwie oddzielne nici – dochodzi więc do rozerwania wiązań wodorowych pomiędzy komplementarnymi nukleotydami. W opisanym w informacji źródłowej doświadczeniu analizowane były sekwencje DNA chloroplastowego, który tak jak mitochondrialny przekazywany jest potomstwu przez osobniki żeńskie.

6.5

1 p. – za wybranie trzech prawidłowych odpowiedzi

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

A, B, D

Komentarz: PCR pozwala na zwiększenie ilości materiału genetycznego – zazwyczaj badanym materiałem jest DNA, jednakże możliwe jest przeprowadzenie PCR z odwrotną transkryptazą, co pozwala na wykorzystanie RNA (odpowiedź A). Jeżeli znana jest sekwencja danego genu, to poprzez zastosowanie konkretnych starterów, które komplementarne są do jego sekwencji, można wykryć jego obecność w badanym materiale, a nawet określić liczbę kopii takiego genu (odpowiedź B). Określenie sekwencji nieznanego wcześniej genu wymaga zastosowania sekwencjonowania (odpowiedź C). W przypadku znajomości sekwencji promotora możemy zastosować komplementarny do niego starter, dzięki czemu możliwe będzie zwiększenie ilości kopii genu, którego sekwencja nie została jeszcze poznana (odpowiedź D). Rozdzielenie fragmentów DNA lub białek na podstawie ich wielkości możliwe jest dzięki elektroforezie (odpowiedź E).

6.6

1 p. – za wybranie prawidłowej odpowiedzi.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

D

Komentarz: należy pamiętać, że nowa nić DNA syntetyzowana jest w kierunku 5' do 3'.

Dla przejrzystości nić DNA z informacji źródłowej znajdująca się wyżej nazywana będzie „górną”, zaś druga „dolną”.

Odpowiedź A: starter F71 pozwoli nam na skopiowanie „dolnej” nici DNA, zaś starter R1516 również skopiuje nić „dolną”.

Odpowiedź B: starter F71 pozwoli nam na skopiowanie „górną” nici DNA, zaś starter R1516 również skopiuje nić „górną”.

Odpowiedź C: starter F71 pozwoli nam na skopiowanie „górną” nici DNA, zaś starter R1516 skopiuje nić „dolną”. – należy jednak zwrócić uwagę, że pominięty fragment sekwencji nie zostanie w tym przypadku skopiowany.

Odpowiedź D: starter F71 pozwoli nam na skopiowanie „dolnej” nici DNA, zaś starter R1516 skopiuje nić „górną”. – pominięty fragment sekwencji zostanie w tym przypadku skopiowany, w związku z czym jest to prawdziwa odpowiedź (startery znajdują się na końcach interesującej nas sekwencji i rozpoczynają tworzenie nowych nici DNA w odpowiednim kierunku)

6.7

1 p. – za wybranie dwóch prawidłowych odpowiedzi.

0 p. – za każdą inną odpowiedź lub za brak odpowiedzi.

Odpowiedź:

C, D

Komentarz: na fotografii widoczne są dwa kwiatostany, zaś włoski są wytworem epidermy.
Pozostałe odpowiedzi zawierają prawidłowe informacje