

**TEST DO ZAWODÓW III STOPNIA 48 OLIMPIADY BIOLOGICZNEJ
W ROKU SZKOLNYM 2018/2019**

Data: **14 kwietnia 2019 r.**

Godzina rozpoczęcia: **8:00**

Czas pracy: **120 minut**

Liczba punktów do uzyskania: **40**

Instrukcja dla zawodnika

1. Sprawdź, czy otrzymałaś/eś arkusz z zadaniami i kartę odpowiedzi.
2. Arkusz z zadaniami zawiera 25 stron i składa się z 40 zadań. Arkusz odpowiedzi jest zadrukowany dwustronnie i stanowi osobną kartę. Ewentualne braki zgłoś przewodniczącemu Komisji nadzorującej egzamin.
3. Używaj wyłącznie **czarnego** długopisu lub pióra, które **nie przebija na drugą stronę**.
4. Możesz korzystać z prostego kalkulatora dostarczonego przez Komisję nadzorującą egzamin.
5. Wpisz czytelnie swoje imię i nazwisko oraz nr PESEL w odpowiednim miejscu arkusza odpowiedzi. Zakoduj nr PESEL poprzez kompletne wypełnienie odpowiednich kół z cyframi.
6. Podpisz arkusz odpowiedzi na pierwszej stronie w miejscu na to przeznaczonym.
7. **Pamiętaj, że sprawdzane są wyłącznie arkusze odpowiedzi!** Wszystkie odpowiedzi zaznaczaj wyłącznie w miejscu na to przeznaczonym – nie wpisuj żadnych znaków w polu przeznaczonym dla egzaminatora.
8. Następna strona zawiera szczegółową instrukcję, jak kodować odpowiedzi do zadań zamkniętych. Zapoznaj się z nią przed rozpoczęciem rozwiązywania zadań.
9. Zapisy w brudnopisie, który znajduje się na końcu arkusza z zadaniami, nie są oceniane.
10. Nie korzystaj z pomocy kolegów i nie proś o wyjaśnienia treści zadań obecnych w sali członków Komisji. Jeśli skończysz rozwiązywać test wcześniej – oddaj kartę odpowiedzi Komisji i opuść salę.

Wszelkie prawa autorskie zastrzeżone. Żadna część arkusza z zadaniami nie może być powielana i wykorzystywana bez zgody Komitetu Głównego Olimpiady Biologicznej.

Instrukcja do testu centralnego 48 OB

Niezależnie od typu zadania, za udzielenie poprawnej odpowiedzi każdorazowo możesz uzyskać jeden punkt, a za odpowiedź błędną lub brak odpowiedzi – zero punktów. W przypadku zadań zamkniętych udzielenie odpowiedzi polega na kompletnym wypełnieniu odpowiedniego koła lub kół na karcie odpowiedzi w następujący sposób:

A B C D E

UWAGA!

Nie zaznaczaj odpowiedzi pochopnie – **NIE MOŻNA POPRAWIĆ RAZ UDZIELONEJ ODPOWIEDZI!**

Typy zadań zamkniętych i kodowanie odpowiedzi:

Zadania wielokrotnego wyboru zawierają od trzech do pięciu wariantów odpowiedzi, z których **tylko jedna** jest właściwa. Należy zakreślić pole odpowiadające jednej możliwości.

A B C D E

Określić **P – prawdę** lub **F – fałsz**, zakreślając jedną z dwóch możliwości:

F P

Odpowiedzieć na postawione pytanie **T – tak** lub **N – nie**, zakreślając jedną z dwóch możliwości:

N T

Dokonać wyboru pomiędzy możliwościami **A** lub **B**:

B A

Dopasować **kody do ilustracji** lub **opisów**, zakreślając jedną z podanych możliwości:

A B C

Ustalić **kolejność**, wykorzystując podane liczby:

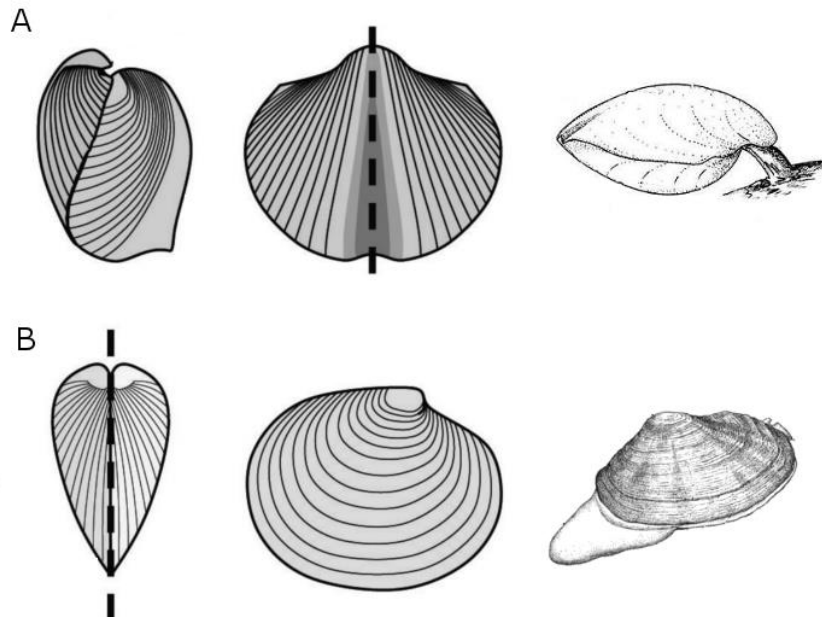
1 2 3 4 5

Wybrać odpowiedni zestaw litery i cyfry w zadaniach wymagających **zbudowania prawidłowego zdania wraz z uzasadnieniem**.

A B
 1 2
 3 4

Informacja do zadań 1 i 2

Na ilustracjach A i B przedstawiono schematy obrazujące pokrój zwierząt należących do dwóch różnych typów oraz rysunki dwóch przedstawicieli reprezentujących te typy.



Na podstawie: <http://seashellsto.blogspot.com>; <https://www.uky.edu>

1. Określ przynależność taksonomiczną zwierząt przedstawionych na każdym z rysunków – podaj nazwy typów, do których są klasyfikowane.

A.

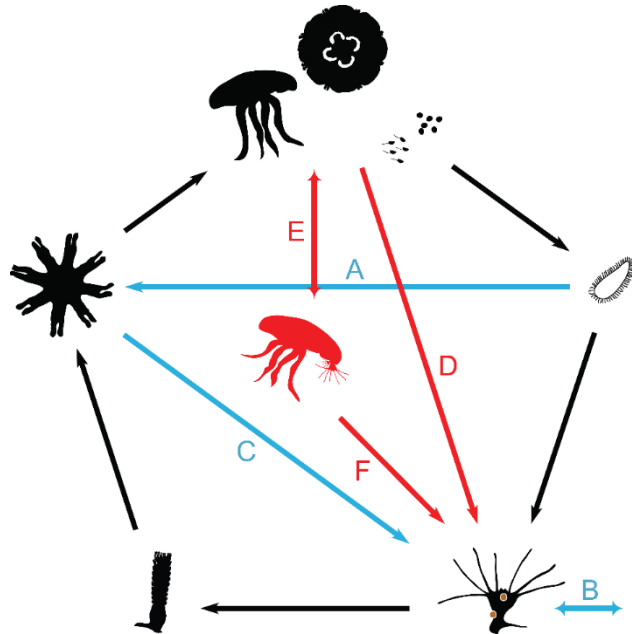
B.

2. Określ, które stwierdzenia dotyczące przedstawionych na rysunkach zwierząt są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Zwierzę z rysunku A reprezentuje typ zamieszkujący wody słodkie i słone, a zwierzę z rysunku B – typ, którego przedstawicieli współcześnie spotykamy tylko w wodach słodkich.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Zwierzę z rysunku A reprezentuje typ o znacznie mniejszej liczbie współcześnie żyjących gatunków, niż typ, do którego należy zwierzę z rysunku B.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Przedstawiciele typów reprezentowanych przez zwierzęta A i B znajdziemy w zapisie kopalnym począwszy od kambru.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 3 i 4

Schemat przedstawia cykl życiowy chełbii (*Aurelia* sp.). Typowe etapy cyklu przedstawiono na czarno, a jego modyfikacje na niebiesko i czerwono oraz oznaczono literami A–F.



Źródło: He et al. 2015. PLoS One; 10(12): e0145314.

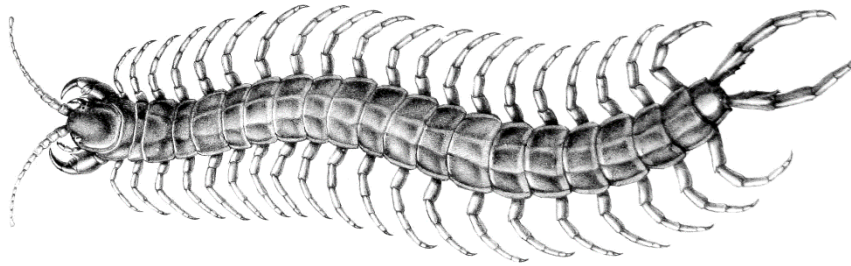
3. Określ, do którego wariantu modyfikacji (A–F) odnoszą się podane opisy.

Opis	Wariant modyfikacji
1. Bezpośredni rozwój planuli.	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E. / <input type="checkbox"/> F.
2. Bezpośrednie tworzenie polipów z degenerujących młodych meduz i fragmentów ich tkanki.	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E. / <input type="checkbox"/> F.
3. Odwrotny rozwój efyry.	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E. / <input type="checkbox"/> F.
4. Produkcja wydłużonych stolonów, podocyst i wolno pływających propagul z osiadłego polipa.	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E. / <input type="checkbox"/> F.
5. Uwalnianie kolonii polipów z kompleksu meduza-polip.	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E. / <input type="checkbox"/> F.

4. Określ, które stwierdzenia dotyczące chełbii są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Planula jest pokoleniem haploidalnym.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. W rozwoju chełbii występuje metageneza.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Efyra jest formą larwalną.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

5. Na poniższym rysunku przedstawiono okaz *Scolopendra alternans*.



Na podstawie: Wikimedia Commons

Określ, wybierając spośród A albo B, przynależność systematyczną *Scolopendra alternans* i wybierz odpowiednie uzasadnienie spośród 1.–3.

Scolopendra alternans jest przedstawicielem

<input type="checkbox"/> A.	wylinkowców,	ponieważ	<input type="checkbox"/> 1.	w okresie wzrostu musi zrzucać kutikulę, która każdorazowo odtwarzana jest przez nabłonek pokrywający ciało.
<input type="checkbox"/> B.	lofotrochowców,		<input type="checkbox"/> 2.	ma ciało segmentowane i na większości segmentów narządy lokomotoryczne.
			<input type="checkbox"/> 3.	przechodzi rozwój złożony z larwą, która pod względem budowy morfologicznej jest podobna do form dojrzałych.

Informacja do zadań 6 i 7

W wyniku krzyżowania dwóch roślin pomidora otrzymano:

- 32 rośliny o owocach czerwonych i łodydze owłosionej,
- 34 rośliny o owocach czerwonych i łodydze nagiej,
- 12 roślin o owocach żółtych i łodydze owłosionej,
- 11 roślin o owocach żółtych i łodydze nagiej.

6. Wiedząc, że barwa czerwona (A) dominuje nad żółtą (a), a łodyga owłosiona (B) nad nagą (b), oraz że para genów nie jest sprzężona, ustal genotypy krzyżowanych roślin.

- AaBb x aabb.
- aaBb x AaBb.
- AaBb x Aabb.
- AABB x aabb.

7. Wybierz parę genotypów, które w wyniku skrzyżowania dadzą wszystkie cztery możliwe fenotypy w oczekiwanym stosunku 1:1:1:1.

- AaBb x aabb.
- aaBb x AaBb.
- AaBb x Aabb.
- AABB x aabb.

Informacja do zadań 8–11

Pewna choroba wywołana obecnością dwóch recesywnych, zmutowanych alleli genu *CFTR* zlokalizowanego na 7. chromosomie występuje w populacji Europejczyków z częstością 1/3000 żywych urodzeń. Gen *CFTR* liczy ok. 250 tys. pz. Najczęstsza mutacja w tej chorobie, zwana deltaF508, sprawia, że białko CFTR, normalnie liczące 1480 aminokwasów, w pozycji 508 kodonu pozbawione jest fenyloalaniny. Nieprawidłowe białko CFTR zaburza m.in. transport jonowy w komórkach gruczołów egzokrynnych. W Polsce w ramach Programu Badań Przesiewowych Noworodków wszystkie nowo narodzone dzieci są objęte badaniami przesiewowymi w kierunku wykrywania tej choroby. Polegają one na biochemicznym oznaczaniu stężenia immunoreaktywnej trypsyny lub trypsynogenu (ITR) we krwi pobranej w 3–6 dobie życia na specjalną bibułę przesiewową. Wynik sugerujący występowanie wady potwierdza się badaniem molekularnym mutacji genu *CFTR*.

8. Opisana choroba to

- A. fenyloketonuria.
- B. mukowiscydoza.
- C. wrodzony przerost nadnerczy.
- D. wrodzona niedoczynność tarczycy (hypotyreoza).

9. Określ, wybierając spośród A lub B, typ mutacji wywołującej przedstawioną chorobę oraz jej rodzaj, wybierając go spośród 1.–3.

Jest to mutacja

<input type="checkbox"/> A.	chromosomowa strukturalna	polegająca na	<input type="checkbox"/> 1.	translokacji.
			<input type="checkbox"/> 2.	delecji.
<input type="checkbox"/> B.	punktowa (genowa)		<input type="checkbox"/> 3.	deficjencji.

10. Określ, korzystając z prawa Hardy’ego i Weinberga, prawdopodobieństwo wystąpienia tej choroby u dziecka zdrowych rodziców, wiedząc, że w rodzinie matki nie występowała ta choroba, natomiast brat ojca na nią chorował.

- A. 0,0003.
- B. 0,004.
- C. 0,006.
- D. 0,0625.
- E. 0,112.

11. Określ, czy podane w tabeli argumenty stanowią uzasadnienie prowadzenia badań przesiewowych noworodków.

Argument	Czy stanowi uzasadnienie?
1. Występuje wczesna bezobjawowa faza schorzenia.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
2. Stwierdza się niski odsetek występowania choroby w populacji.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
3. Dostępna jest metoda leczenia lub łagodzenia objawów choroby.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie

Informacja do zadań 12 i 13

Badanie pokrewieństwa może polegać na analizie specyficznych sekwencji w genomowym DNA, tzw. sekwencji mikrosatelitarnych, czyli tandemowo powtórzonych jednostek o długości 1–6 pz. Obszary sekwencji mikrosatelitarnych są bardzo podatne na mutacje. W wyniku poślizgu polimerazy lub nierównomiernej rekombinacji w obrębie bloków tandemowych powtórzeń dochodzi do zwiększania lub zmniejszania liczby kopii wyżej wspomnianych jednostek. Stąd w populacji może istnieć wiele wariantów allelicznych z różną liczbą powtórzeń w danym locus, jednak u danej osoby obecne są zawsze tylko dwa warianty tej sekwencji w związku z obecnością pary chromosomów homologicznych. Metoda badania opiera się o izolację całkowitego DNA, powielenia metodą PCR sekwencji znajdujących się w różnych loci, a następnie rozdział elektroforetyczny powstałych produktów reakcji. Na podstawie długości fragmentów ustala się liczbę powtórzeń sekwencji mikrosatelitarnej w każdym z minimum kilkunastu loci i poprzez porównanie występowania alleli określa się pokrewieństwo.

Zofia i Jan – rodzice, którym dopiero urodził się syn, podejrzewali, że w szpitalu doszło do zamiany dzieci i w związku z tym poprosili o badania genetyczne określające, który z chłopców jest ich dzieckiem. Tego dnia w szpitalu urodziło się trzech chłopców. Poza Zofią i Janem rodzicami zostali Alina i Piotr oraz Marta i Paweł. W poniżej tabeli przedstawiono częściowe wyniki analizy, uwzględniające liczbę powtórzeń jednostek sekwencji nukleotydowych w allelach znajdujących się w pięciu autosomalnych loci u każdej z osób.

Locus	Zofia	Jan	Alina	Piotr	Marta	Paweł	Chłopiec 1.	Chłopiec 2.	Chłopiec 3.
1.	18, 19	16, 17	12, 19	16, 17	12, 17	12, 12	16, 19	12, 17	12, 17
2.	12, 15	10, 14	12, 16	13, 14	10, 16	13, 14	10, 15	14, 16	14, 16
3.	21, 23	22, 22	18, 23	22, 25	21, 25	18, 26	21, 22	18, 25	18, 22
4.	8, 9	8, 10	10, 9	12, 12	9, 12	9, 10	8, 8	10, 12	10, 12
5.	9, 12	9, 10	9, 13	11, 14	10, 13	10, 10	9, 9	10, 13	13, 14

12. Określ, które wnioski wyciągnięte z analizy przedstawionych wyników są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Chłopiec 3. może być dzieckiem Aliny i Piotra.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Ojcem chłopca 2. może być Paweł.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Matką chłopca 3. może być Zofia.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
4. Chłopiec 2. może być dzieckiem Zofii i Jana.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

13. Przeczytaj poniższy tekst i uzupełnij luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Identyfikacja osobnicza człowieka opiera się o analizę sekwencji wykazujących **(1)** poziom polimorfizmu, który występuje w obszarach **(2)**. Metody te znajdują szczególne zastosowanie w kryminalistyce. Z pozostawionych na miejscu przestępstwa śladów biologicznych, np. z keratynocytów lub **(3)**, można wyizolować DNA i ustalić profil DNA podejrzanego.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. wysoki / <input type="checkbox"/> B. niski
2.	<input type="checkbox"/> A. kodujących / <input type="checkbox"/> B. niekodujących
3.	<input type="checkbox"/> A. erytrocytów / <input type="checkbox"/> B. leukocytów

14. Zaznacz właściwe dokończenie zdania wybrane spośród A albo B oraz odpowiednie uzasadnienie wybrane spośród 1.–3.

Organizm rozwijający się w wyniku nondysjunkcji, która zaszła w komórce gastruli określa się mianem

<input type="checkbox"/> A.	chimery,	ponieważ	<input type="checkbox"/> 1.	każda komórka ciała będzie aneuploidem.
			<input type="checkbox"/> 2.	jego ciało będzie się składało z komórek o różnym kariotypie.
<input type="checkbox"/> B.	hybrydy,		<input type="checkbox"/> 3.	dojdzie do połączenia się gamet o różnym kariotypie.

Informacja do zadań 15 i 16

CRISPR/Cas to nowoczesna metoda pozwalająca na redagowanie genomu. Do dokonania modyfikacji genetycznej konieczna jest obecność w komórce endonukleazy Cas (najczęściej jest to Cas9) oraz około 20-nukleotydowego naprowadzającego RNA (ang. *guide RNA*, gRNA). Endonukleaza jest kierowana przez gRNA na komplementarny fragment DNA, co prowadzi do przecięcia dwuniciowej cząsteczki DNA w wybranym miejscu. Uruchamia to mechanizm naprawy DNA przez komórkę (rekombinacja homologiczna i łączenie końców niehomologicznych), który czasami może wprowadzać mutacje, w tym nonsensowne.

Powyższą metodę można wykorzystywać do tworzenia komórek typu KO (ang. *knock-out*), czyli pozbawionych funkcjonalnego białka kodowanego przez wybrany gen. Spośród zmodyfikowanych komórek wybiera się wówczas takie, w których występuje kodon stop w obrębie genu poddawanego modyfikacji.

15. Określ, do którego eksonu genu – pierwszego czy ostatniego – powinien być komplementarny gRNA, aby z jak największym prawdopodobieństwem otrzymać linię komórkową pozbawioną funkcjonalnego białka kodowanego przez modyfikowany gen. Odpowiedź uzasadnij.

.....

.....

.....

.....

.....

16. Uzyskano 100 µl preparatu białka o stężeniu 15 µg/µl z komórek typu dzikiego (WT) oraz 50 µl preparatu białka o stężeniu 20 µg/µl z komórek typu KO. W celu porównania próbek należy wyrównać ich stężenie.

Określ, jaką objętość buforu należy dodać do próby KO, aby w obydwu próbach uzyskać takie samo stężenie białka.

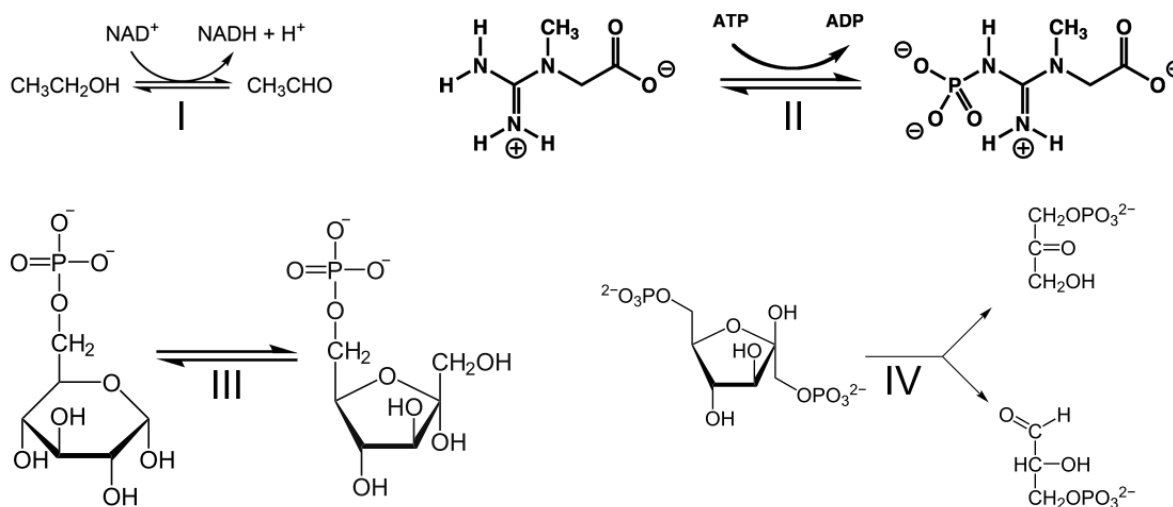
- A. 17 µl.
- B. 67 µl.
- C. 75 µl.
- D. 100 µl.

17. Według klasyfikacji EC (ang. *Enzyme Commission*) enzymy przez lata dzielono na sześć głównych klas przedstawionych w poniższej tabeli.

Grupa (klasa)	Rodzaj katalizowanej reakcji	Typowa reakcja
EC 1 Oksydoreduktazy	przenoszą ładunki (elektrony i jony H_3O^+ – protony) z cząsteczki substratu na cząsteczkę akceptora	$AH + B \rightarrow A + BH$ (redukcja) $A + O \rightarrow AO$ (utlenianie)
EC 2 Transferazy	przenoszą daną grupę funkcyjną (tiolową, aminową, itp.) z cząsteczki jednej substancji na cząsteczkę innej substancji	$AB + C \rightarrow A + BC$
EC 3 Hydrolazy	powodują rozpad substratu z udziałem wody (hydroliza)	$AB + H_2O \rightarrow AOH + BH$
EC 4 Liazy	powodują rozpad substratu bez hydrolizy	$RCO_2COOH \rightarrow RCOH + CO_2$
EC 5 Izomerazy	zmieniają wzajemne położenie grup chemicznych bez rozkładu szkieletu związku	$AB \rightarrow BA$
EC 6 Ligazy	powodują syntezę różnych cząsteczek; powstają wiązania chemiczne	$X + Y + ATP \rightarrow XY + ADP + Pi$

Źródło: Wikipedia

Zaklasyfikuj enzymy katalizujące poniższe reakcje (I–IV) do właściwych grup głównych wg systemu EC.

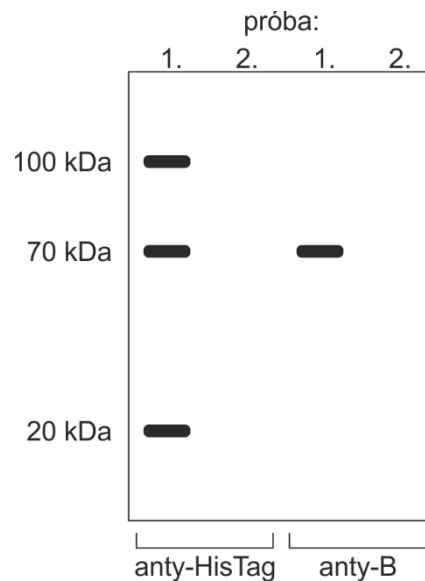


Reakcja	Grupa wg systemu klasyfikacji EC
I	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5. / <input type="checkbox"/> 6.
II	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5. / <input type="checkbox"/> 6.
III	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5. / <input type="checkbox"/> 6.
IV	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5. / <input type="checkbox"/> 6.

Informacja do zadań 18 i 19

W celu przetestowania hipotezy o interakcji białka A (19 kDa) z białkiem B (50 kDa) przeprowadzono tzw. *pull down*. Eksperyment polegał na wprowadzeniu do ludzkich komórek plazmidu pUC19. W pierwszej próbie plazmid zawierał wstawkę z genem kodującym białko A wydłużone na C końcu o sześć histydyn (tzw. HisTag). Gen ten znajdował się pod kontrolą konstytutywnego promotora z genomu człowieka. W drugiej próbie do komórek wprowadzono „pusty”, tzn. niezrekombinowany plazmid pUC19.

Po jednym dniu hodowli wyizolowano z komórek białka, których preparat oczyszczono na kolumnie wiążącej wyłącznie białka z ciągiem kilku histydyn pod rząd. Oczyszczony preparat rozdzielono za pomocą elektroforezy SDS-PAGE w obecności jodoacetamidu – związku stabilizującego mostki disiarczkowe. Po przeniesieniu białek na membranę PVDF wyznakowano białka za pomocą przeciwciał specyficznych wobec HisTag lub białka B. Poniżej przedstawiono w sposób schematyczny obraz membrany.



18. Określ, która grupa – pierwsza czy druga – stanowiła próbę kontrolną w opisanym doświadczeniu. Odpowiedź uzasadnij, odwołując się do znaczenia tej próby w interpretacji wyników doświadczenia.

.....

.....

.....

19. Określ, które stwierdzenia dotyczące interpretacji przedstawionych wyników badań są prawdziwe, a które fałszywe.

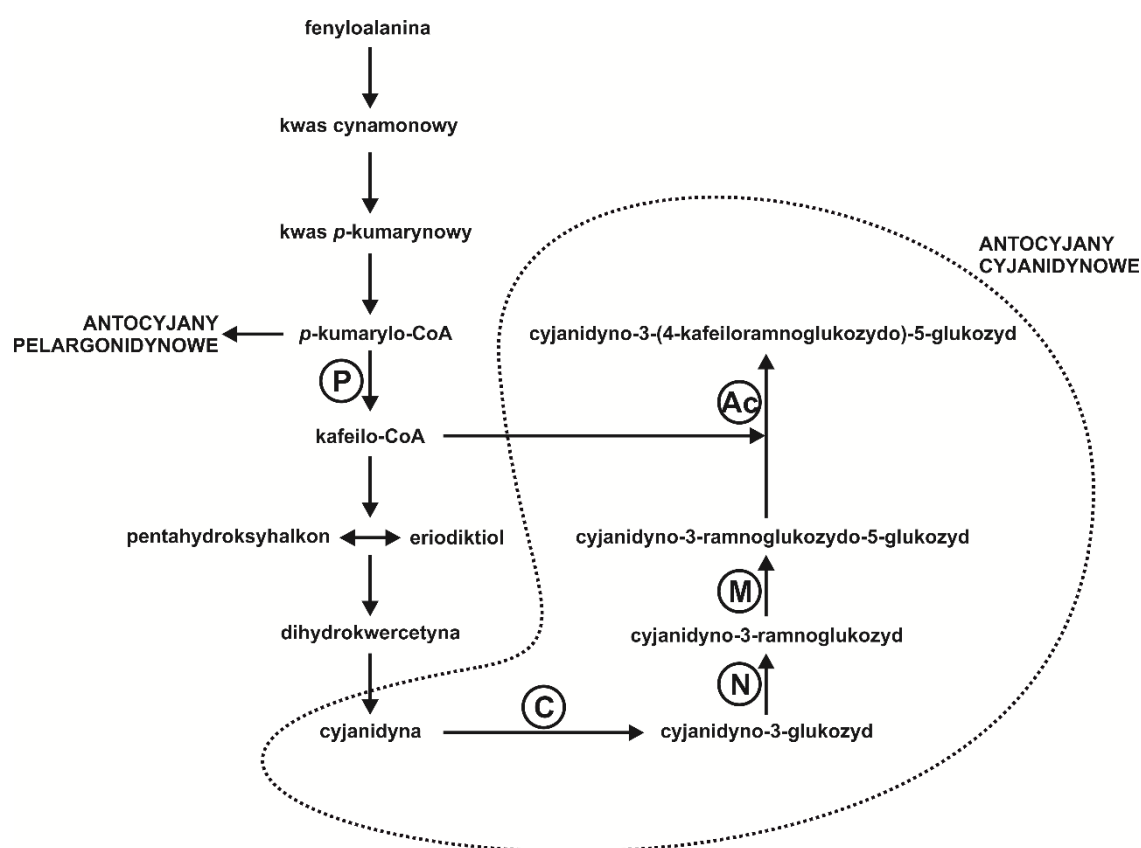
Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Białko A prawdopodobnie oddziałuje z białkiem B poprzez wiązania disiarczkowe, tworząc kompleks o masie około 70 kDa.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Białko A prawdopodobnie tworzy kompleksy z więcej niż jednym białkiem.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. W badanej linii komórkowej występują endogenne białka zawierające ciągi histydyn.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

20. Bniec czerwony (*Melandrium rubrum* Garcke) to pospolita w Polsce roślina z rodziny goździkowatych (Caryophyllaceae). Jej kwiaty mają barwne płatki korony, których kolor cechuje się dużą zmiennością: od białego, poprzez różowy i czerwony, aż do purpurowego.

Za barwę kwiatów bnieca czerwonego odpowiadają barwniki antocyjanowe. Ich synteza kontrolowana jest przez grupę genów oznaczonych *P*, *C*, *M*, *N* i *Ac*. Wszystkie dziedziczone są w sposób autosomalny dominujący.

Związek *p*-kumarylo-CoA jest podstawowym substratem do syntezy antocyjanów pelargonidynowych warunkujących różową barwę kwiatów. Pod wpływem produktu genu *P* przekształca się on w kafeilo-CoA wykorzystywanego do syntezy antocyjanów cyjanidynowych odpowiadających za barwy czerwoną i purpurową.

Geny *C*, *M* i *N* odpowiadają za kolejne reakcje glikozylacji cyjanidyny (im bardziej glikozylowana pochodona, tym ciemniejszy jest ona barwnikiem), przy czym gen *C* wykazuje działanie plejotropowe i przy braku jego produktu antocyjany w ogóle nie powstają. Produkt genu *Ac* odpowiada za dołączenie pochodnej kwasu *p*-kumarowego do antocyjanu cyjanidynowego.



Na podstawie: Kamsteeg et al. 1979. Genetics of anthocyanin formation in petals of the red campion. *Genetica* 51(1):5-13

Na podstawie przedstawionych informacji określ, jaki kolor płatków korony będą miały okazy *Melandrium rubrum* o podanych genotypach.

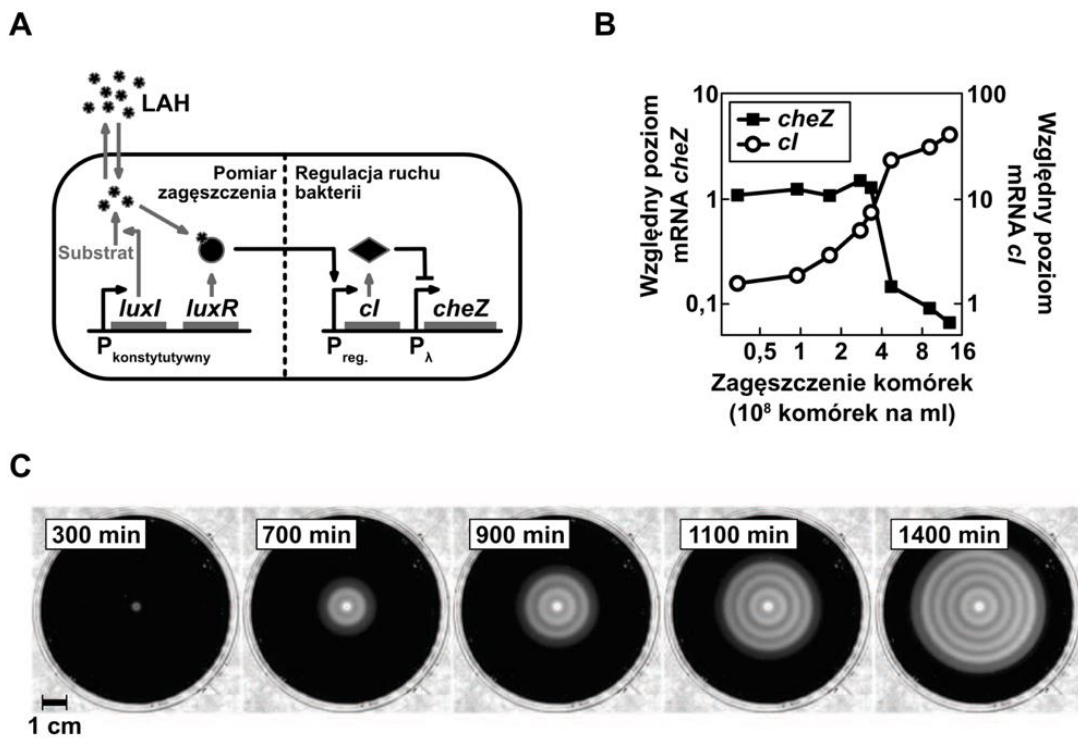
Genotyp	Kolor płatków korony
1. <i>p/p C/. M/. n/n Ac/.</i>	<input type="checkbox"/> A. biały / <input type="checkbox"/> B. różowy / <input type="checkbox"/> C. czerwony lub purpurowy
2. <i>P/. c/c M/. N/. ac/ac</i>	<input type="checkbox"/> A. biały / <input type="checkbox"/> B. różowy / <input type="checkbox"/> C. czerwony lub purpurowy
3. <i>P/. C/. m/m N/. ac/ac</i>	<input type="checkbox"/> A. biały / <input type="checkbox"/> B. różowy / <input type="checkbox"/> C. czerwony lub purpurowy

Informacja do zadań 21–23

Dokładny mechanizm molekularny prowadzący do pojawienia się wzoru prążkowego w umaszczeniu zwierząt nie został dotąd wyjaśniony. Podjęto próbę wytłumaczenia tego zjawiska, wykorzystując jako organizm modelowy bakterię *Escherichia coli*. Skonstruowano szczep zawierający dwa moduły genetyczne – mierzący lokalne zagęszczenie komórek oraz decydujący o możliwości ruchu bakterii.

Pierwszy z nich opiera się na ciągłej produkcji laktonu acylohomoseryny (LAH) dzięki działaniu enzymu kodowanego przez gen *luxI*, znajdujący się pod kontrolą promotora konstytutywnego. LAH zwykle wydzielany jest na zewnątrz komórki, ale gdy jego stężenie staje się wysokie, zaczyna się gromadzić także wewnątrz komórki. LAH znajdujący się wewnątrz komórki oddziałuje z białkiem kodowanym przez gen *luxR* będący pod kontrolą promotora konstytutywnego ($P_{\text{konstytutywny}}$) i uruchamia transkrypcję genu pozostającego pod kontrolą regulowanego promotora ($P_{\text{reg.}}$). Umieszczono tu gen *cl*. Koduje on represor promotora λ (P_{λ}), pod kontrolą którego jest gen *cheZ*. Bakterie pozbawione genu *cheZ* nie przemieszczają się, a szczep dziki dzięki wiciom sprawnie się przemieszcza w pożywce.

Schemat (A) przedstawia wyżej opisane zależności. Na wykresie (B) umieszczono względną zawartość mRNA *cheZ* i *cl* w zależności od zagęszczenia komórek bakterii w hodowli. Fotografie (C) przedstawiają wzrost kolonii z pręgowanym wzorem. Wzór ten wynika z różnicy zagęszczenia komórek bakteryjnych w pożywce. Czas podany przy fotografiach jest liczony od momentu nałożenia kropli zawiesiny bakterii na powierzchnię pożywki. Im jaśniejszy kolor, tym jest większe zagęszczenie komórek.



Źródło: Liu i wsp. (2011) *Science* 334:238-241.

21. Określ, które stwierdzenia dotyczące wyżej opisanych modułów genetycznych są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Oddziaływanie LAH z produktem genu <i>luxR</i> powoduje pośrednio zahamowanie transkrypcji genu <i>cheZ</i> .	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Przy zagęszczeniu wynoszącym 10^8 komórek na 1 ml komórki bakteryjne są zdolne do ruchu.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Synteza LAH odbywa się także przy wysokim zagęszczeniu komórek w pożywce.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

22. Przeczytaj poniższy tekst i uzupełnij luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Pręgowany wzór kolonii bakteryjnej powstaje dzięki temu, że przy wysokim stężeniu LAH na zewnątrz komórki (1) z nich zachowują możliwość poruszania się. Komórki te swobodnie przemieszczają się i najintensywniej rozmnażają się (2) powiększającej się kolonii, ponieważ w tym miejscu jest największe stężenie (3).

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. niektóre / <input type="checkbox"/> B. wszystkie
2.	<input type="checkbox"/> A. na obrzeżach / <input type="checkbox"/> B. w centralnej części
3.	<input type="checkbox"/> A. LAH / <input type="checkbox"/> B. składników odżywczych

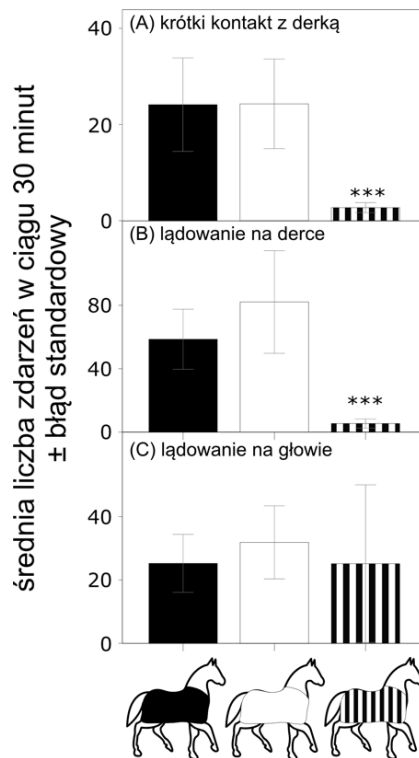
23. Podaj, ile razy między 700. a 1100. minutą wzrostu kolonii bakteryjnej pojawiła się populacja komórek *E. coli*, w których doszło do wyciszenia ekspresji genu *cheZ*. Odpowiedź uzasadnij, odnosząc się do fotografii przedstawionych w panelu C.

.....

Informacja do zadań 24 i 25

Znaczenie charakterystycznego umaszczenia zebry (takich jak *Equus burchelli* albo *E. quagga*) jest przedmiotem wielu badań. Jedno z najbardziej aktualnych polegało na założeniu derek – białej, czarnej lub pręgowanej – na ciała siedmiu osobników konia (*E. caballus*) i obserwacji zachowania osobników bąka szarego (*Tabanus bromius*). Samice *T. bromius* odżywiają się krwią ssaków.

Podczas 30-minutowej obserwacji koni rejestrowano liczbę (A) krótkich kontaktów owadów z powierzchnią derki, (B) lądowań osobników bąka szarego na derce oraz (C) lądowań na głowie konia – części niepokrytej derką. Wyniki badań przedstawiono na poniższym wykresie. Oznaczenia A–C odpowiadają wyżej wymienionym trzem zachowaniom osobników *T. bromius*. Trzema gwiazdkami (***) oznaczono różnicę istotną statystycznie przy $p < 0,0001$.



Źródło: Caro i wsp. (2019) PLoS ONE 14(2): e0210831.

24. Określ problem badawczy opisanego doświadczenia.

.....

.....

.....

25. Przeczytaj poniższy tekst i uzupełnij luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

W wyżej opisanym doświadczeniu umaszczenie osobników koni użytych w doświadczeniu powinno być **(1)**. Przeprowadzenie doświadczenia z większą liczbą osobników powinno **(2)** błąd standardowy mierzonych parametrów. Doświadczenie to można byłoby przeprowadzić z użyciem osobników zebry. Należałoby je podzielić na 3 grupy: dwie miałyby derki – białą lub czarną, a trzecia grupa **(3)**.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. jednakowe / <input type="checkbox"/> B. różne
2.	<input type="checkbox"/> A. zmniejszyć / <input type="checkbox"/> B. zwiększyć
3.	<input type="checkbox"/> A. powinna mieć pręgowaną derkę / <input type="checkbox"/> B. nie powinna mieć derki

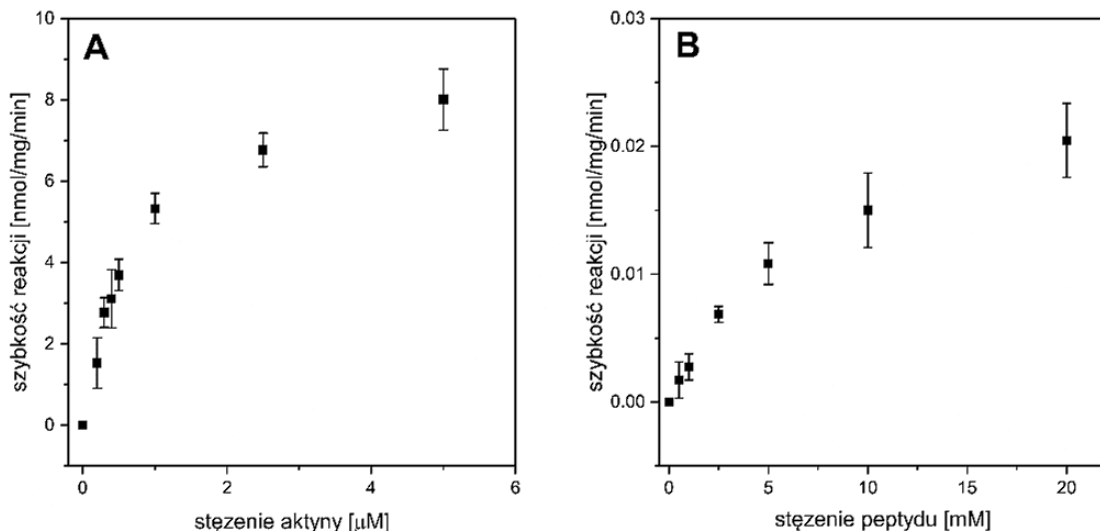
26. Określ które stwierdzenia dotyczące wyżej opisanych białek i ich fluorescencji są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Białko b32 wydajniej zwiększa fluorescencję DFHBI niż białko b11.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Maksimum fluorescencji DFHBI przypada na długość fali wynoszącą 490-510 nm.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Znacząco różniące się sekwencje aminokwasowe mogą tworzyć bardzo podobne struktury przestrzenne białka.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

27. Wybierz odpowiedź, w której wskazano masę białek b11 i b32 użytą do oznaczenia widma emisyjnego DFHBI.

- A. Ok. 2,4 pg.
- B. Ok. 2,4 ng.
- C. Ok. 2,4 μ g.
- D. Ok. 2,4 mg.
- E. Ok. 2,4 g.

28. SETD3 to białko, które zidentyfikowano jako enzym – *N*-metylotransferazę histydynową. Enzym ten wykazuje specyficzność w stosunku do β -aktyny. W celu określenia właściwości kinetycznych enzymu wykonano pomiary aktywności enzymu w obecności różnych stężeń substratów: β -aktyny (A) oraz peptydu YPIEHGIVT, będącego fragmentem β -aktyny i zawierającym histydynę, która podlega metylacji (B).



Źródło: Kwiatkowski et al. SETD3 protein is the actin-specific histidine *N*-methyltransferase. *eLife* 2018;7:e37921.

Określ, który z badanych związków – β -aktyna czy peptyd YPIEHGIVT – jest lepszym substratem dla białka SETD3. Odpowiedź uzasadnij, odwołując się do przedstawionych wyników.

.....

.....

.....

Informacja do zadań 29–31

Informatyk, Leonard Adleman, wykorzystał regułę komplementarności zasad azotowych do przeprowadzenia obliczeń i rozwiązania problemu matematycznego – znalezienia ścieżki Hamiltona. Jest to taka ścieżka, która przechodzi dokładnie raz przez każdy wierzchołek grafu. Postanowił on sprawdzić swój pomysł na grafie składającym się z 7 wierzchołków połączonych 12 krawędziami (p. mapa Polski). Początek ścieżki przypada na Wrocław, zaś ma się ona kończyć w Lublinie. Groty strzałek wskazują kierunek, po którym możliwe jest poruszanie się.

Adleman przygotował następujące jednoniciowe DNA:

- 20-mery reprezentujące miasta (wierzchołki grafu),
- 20-mery odpowiadające drogom między miastami (krawędziom grafu) – składają się one z ostatnich 10 nukleotydów miasta, z którego wychodzą oraz z pierwszych 10 nukleotydów miasta, do którego docierają,
- 20-mery o sekwencji komplementarnej do 20-merów reprezentujących miasta (wierzchołki grafu).

Obliczenia mające na celu znalezienie ścieżki Hamiltona polegały na zmieszaniu w próbówce wszystkich 20-merów odpowiadających drogom między miastami i 20-merów o sekwencji komplementarnej do 20-merów reprezentujących wierzchołki. Następnie dodawano ligazy DNA, która wprowadzała wiązania fosfodiesterowe między końcami 5' a 3'.



20-mery reprezentujące miasta

Kraków 5' TATCGGATCGGTATATCCGA 3'

Poznań 5' GCTATTCGAGCTTAAAGCTA 3'

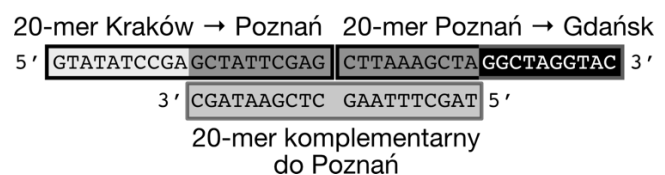
Gdańsk 5' GGCTAGGTACCAGCATGCTT 3'

20-mery reprezentujące drogi między miastami

Kraków → Poznań 5' GTATATCCGA GCTATTCGAG 3'

Poznań → Gdańsk 5' CTTAAAGCTA GGCTAGGTAC 3'

Cząsteczka utworzona dzięki oddziaływaniom wodorowym, która wskazuje na ścieżkę łączącą Kraków z Gdańskiem przez Poznań



Ścieżkę Hamiltona odczytywano w następujący sposób:

- reakcja PCR (nr 1) z użyciem 20-meru Wrocław oraz 20-meru komplementarnego do Lublin,
- elektroforeza DNA produktu PCR, wycięcie z żelu agarozowego produktu o długości 140 par zasad i oczyszczenie tego DNA,
- użycie DNA z poprzedniego kroku jako matrycowego DNA do kolejnych PCR (nr 2), w których użyto kombinacji starterów ujętych w tabeli poniżej.

Warunki PCR dobrano tak, aby 10-nukleotydowa sekwencja była wystarczająca do specyficznej hybrydyzacji jednoniciowych cząsteczek DNA. W wyniku tych reakcji PCR powstały produkty, których długość ustalono przeprowadzając kolejną elektroforezę DNA.

Starter przedni (tzw. lewy)	Starter wsteczny (tzw. prawy)	Długość produktu PCR
Wrocław	Komplementarny do Białystok	40 par zasad
Wrocław	Komplementarny do Gdańsk	100 par zasad
Wrocław	Komplementarny do Kraków	60 par zasad
Wrocław	Komplementarny do Lublin	140 par zasad
Wrocław	Komplementarny do Poznań	80 par zasad
Wrocław	Komplementarny do Rzeszów	120 par zasad

Na podstawie: Adleman (1994) *Molecular computation of solutions to combinatorial problems. Science* 266:1021-1024.

29. Uszereguj nazwy miast, przez które prowadzi ścieżka Hamiltona – między Wrocławiem a Lublinem – wyznaczona w doświadczeniu przeprowadzonym przez Adlemana.

Miasto	Kolejność między Wrocławiem a Lublinem
1. Białystok	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5.
2. Gdańsk	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5.
3. Kraków	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5.
4. Poznań	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5.
5. Rzeszów	<input type="checkbox"/> 1. / <input type="checkbox"/> 2. / <input type="checkbox"/> 3. / <input type="checkbox"/> 4. / <input type="checkbox"/> 5.

30. Określ, wybierając spośród A albo B, czy po zmieszaniu 20-merów reprezentujących drogi między miastami i 20-merów o sekwencji komplementarnej do 20-merów reprezentujących miasta może powstać dwuniciowy DNA dłuższy niż 140 par zasad i wybierz odpowiednie uzasadnienie spośród 1.–3.

Po zmieszaniu 20-merów reprezentujących drogi między miastami i 20-merów o sekwencji komplementarnej do 20-merów reprezentujących miasta

<input type="checkbox"/> A.	może	powstać cząsteczka DNA dłuższa niż 140 par zasad, ponieważ	<input type="checkbox"/> 1.	ścieżka Hamiltona między Wrocławiem a Lublinem przechodzi w sumie przez 7 miast.
			<input type="checkbox"/> 2.	w grafie występują krawędzie, po których można poruszać się w obu kierunkach.
<input type="checkbox"/> B.	nie może		<input type="checkbox"/> 3.	są miasta, które nie są bezpośrednio połączone krawędziami.

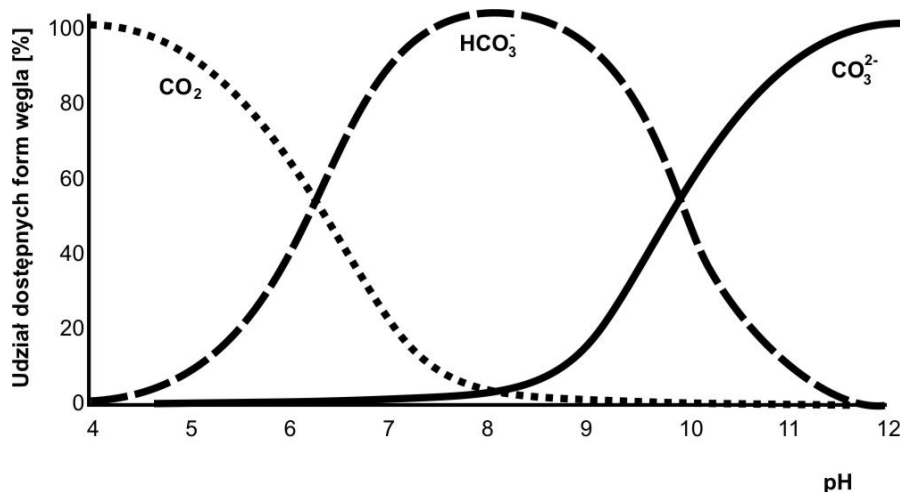
31. Określ, które stwierdzenia dotyczące wyżej opisanego doświadczenia są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Przeprowadzenie PCR nr 1 z użyciem starterów Lublin i komplementarnego do Wrocław doprowadzi do otrzymania m.in. produktu o długości 140 par zasad.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Przeprowadzenie PCR nr 1 z użyciem starterów Wrocław i komplementarnego do Lublin doprowadzi do otrzymania m.in. produktu o długości 40 par zasad.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Doświadczenie Adlemana można byłoby wykonać bez przeprowadzania ligacji DNA.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 32 i 33

Rośliny lądowe mogą konkurować ze sobą zarówno o substancje mineralne (makro i mikroelementy) zawarte w glebie, jak i o dostęp do słońca. Rośliny wodne (hydrofity) dodatkowo muszą często konkurować ze sobą o dostęp do węgla, gdyż pierwiastek ten bardzo szybko zostaje zużyty w środowisku, gdy warunki sprzyjają intensywnej fotosyntezie.

Rośliny kwiatowe mogą wykorzystywać jako źródło węgla zarówno CO_2 rozpuszczony w wodzie, jak i wodorowęglany oraz węglany w zależności od pH wody (rys. poniżej). Mchy i paprocie wodne nie potrafią korzystać z węglanów i wodorowęglanów jako źródła węgla.



32. Określ, które stwierdzenia dotyczące zależności pH wody i fotosyntezy hydrofitów są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. pH niższe od 6 zapobiega niedoborom CO_2 dla roślin.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Gdy hydrofity intensywnie przeprowadzają proces fotosyntezy, pH wody rośnie.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Mchy i paprocie nie mogą rosnąć w wodzie, gdy jej pH przekracza 9.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

33. Określ, które z wymienionych strategii pozwala hydrofitom na zintensyfikowanie pobierania związków węgla ze środowiska.

Strategia	Czy ułatwia pobieranie związków węgla?
1. Wykształcenie miękiszu powietrznego w łodygach oraz w korzeniach.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
2. Wytwarzanie liści nadwodnych lub pływających po powierzchni.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
3. Wytwarzanie liści podwodnych o powcinanej (pierzastej), perforowanej lub silnie pofałdowanej blaszce liściowej.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
4. Wytrącanie nierozpuszczalnego węglanu wapnia na blaszce liściowej.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie

Informacja do zadań 34 i 35

Istnieje kilka bakteryjnych mechanizmów obronnych przed infekcją bakteriofagową, których skutkiem jest zmniejszenie plonu nowopowstałych w wyniku namnażania cząstek wirusowych. Obrona może polegać na blokowaniu receptorów fagowych lub na zmianie przepuszczalności błony w celu zablokowania wniknięcia DNA fagowego do bakterii. Jednym z najbardziej zbadanych mechanizmów obronnych są systemy restrykcji modyfikacji DNA (RM) odkryte u *Escherichia coli* wyizolowanej od pacjenta (*E. coli*, $r^+ m^+$). W wyniku działania RM bakteriofagowy DNA cięty jest przez endonukleazy restrykcyjne, jeżeli nie ulegnie modyfikacji poprzez metylotransferazy DNA. Bakteriofagi, jak np. colifag T7, mogą kodować z kolei białka blokujące mniej lub bardziej efektywnie systemy RM. Do celów naukowych skonstruowano szczepy *E. coli* nie posiadające RM (*E. coli*, $r^- m^-$). Mniej poznanym mechanizmem obronnym bakterii jest infekcja abortywna, którą zaobserwowano podczas namnażania bakteriofaga T7 na szczepach zligenizowanych fagami lambdoidalnymi, jak i szczepach męskich *E. coli* tzn. posiadającymi czynnik F – plazmid kodujący między innymi pili płciowe biorące udział w koniugacji, będące jednocześnie receptorem dla fagów nitkowatych.

34. Określ, który z poniższych szczepów należy wykorzystać, aby najefektywniej namnożyć bakteriofaga T7, którego gospodarzem jest *E. coli*.

- A. Laboratoryjny szczep *E. coli* $F^-, r^- m^-$, zligenizowany fagiem lambda.
- B. Szczep środowiskowy *E. coli*, $r^+ m^+$.
- C. Laboratoryjny szczep męski *E. coli* $F^+, r^- m^-$.
- D. Laboratoryjny szczep *E. coli* $F^-, r^- m^-$.

35. Wykonano test szalek dwuwarstwowych z użyciem zawiesiny z bakteriofagiem lambda oraz szczepami *Escherichia coli*: Top10 ($r^- m^-$) oraz Top10 (NgoAV), kodującym system restrykcji modyfikacji NgoAV. Eksperyment polega na zmieszaniu 100 μ l zawiesiny fagowej z komórkami bakteryjnymi. Całość zostaje unieruchomiona na szalce w półpłynnej pożywce. Po inkubacji obserwowane są łysinki, z których każda wywołana jest przez lizę komórek bakteryjnych rozpoczętą przez jedną cząstkę wirusową. W poniższej tabeli przedstawiono wyniki przeprowadzonego doświadczenia.

Powtórzenie	Szczep <i>E. coli</i>	Liczba łysinek na szalce	
		rozcieńczenie 10^{-4}	rozcieńczenie 10^{-5}
1.	Top10 ($r^- m^-$)	≈ 3600	420
2.	Top10 ($r^- m^-$)	≈ 3000	400
3.	Top10 ($r^- m^-$)	≈ 3000	380
1.	Top10 (NgoAV)	6	0
2.	Top10 (NgoAV)	4	0
3.	Top10 (NgoAV)	2	0

Oblicz miano bakteriofagów, czyli liczbę fagów w 1 ml wyjściowej zawiesiny. Odpowiedź uzasadnij, zapisując odpowiednie obliczenia.

.....

.....

.....

.....

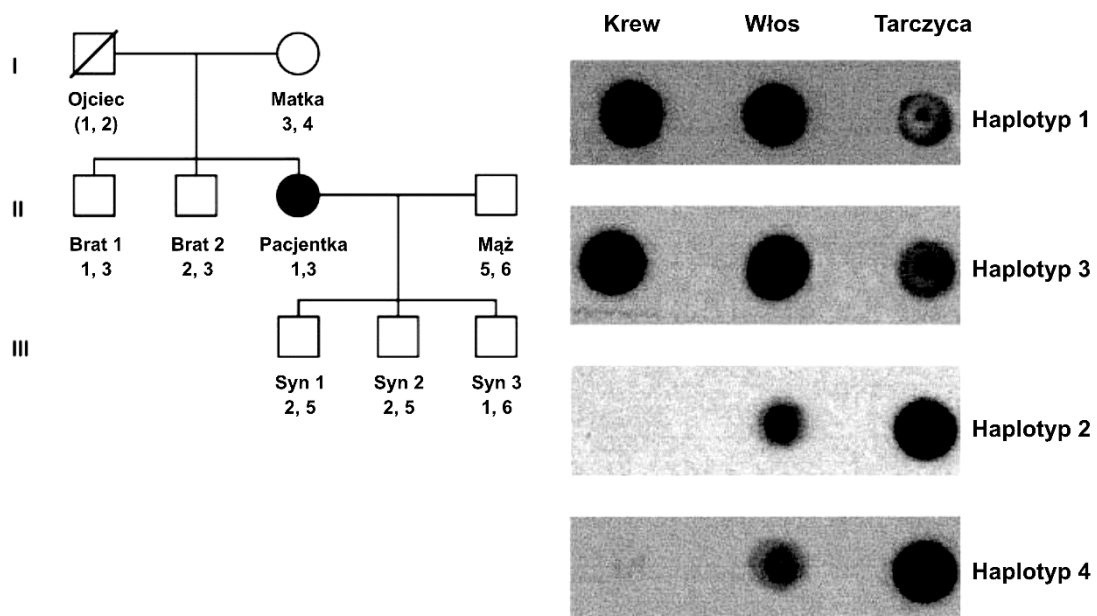
.....

Informacja do zadań 36 i 37

W stanie Waszyngton w USA m.in. samotne matki chcące skorzystać z opieki społecznej muszą udowodnić pokrewieństwo ze swoimi dziećmi przeprowadzając analizę DNA. W 2002 r. Lydia Fairchild poddała się takiej procedurze – Lydia, jej deklarowani córka i syn oraz były partner, Jamie Townsend, oddali krew, z której oczyszczono DNA i ustalono pokrewieństwo. Analiza materiału genetycznego wykazała, że Jamie jest rzeczywiście ojcem dzieci, ale wykluczono ich pokrewieństwo z Lydią. Opieka społeczna odmówiła pomocy i odebrała dzieci, a Lydię oskarżono o próbę wyłudzenia pieniędzy.

Lydia była w tym czasie w ciąży i wkrótce urodziła trzecie dziecko, przy porodzie którego byli obserwatorzy wysłani przez sąd. Choć potwierdzili oni, że nowo narodzone dziecko zostało urodzone przez Lydię, badania genetyczne wykluczyły ją jako biologiczną matkę. Potwierdzono natomiast ojcostwo Jamiego.

Obróńca Lydii natrafił na artykuł opublikowany na łamach The New England Journal of Medicine. Opisano w nim przypadek kobiety, która przygotowując się do przeszczepu nerki, została wraz z rodziną poddana badaniom genetycznym. Badania te dały wynik mówiący, że jest ona matką tylko jednego z trzech jej deklarowanych synów. Kobieta ta miała normalny fenotyp, z wyjątkiem nietypowej pigmentacji skóry i tęcza. Drzewo rodowe rodziny tej kobiety (pacjentka oznaczona czarnym kołem) znajduje się poniżej po lewej stronie. Cyfry pod poszczególnymi osobami oznaczają haplotypy – otrzymane po rodzicach grupy alleli, które dziedziczą się wspólnie. Przekreślona osoba w chwili przeprowadzenia analizy już nie żyła, dlatego domniemane haplotypy podano w nawiasie. Poniżej po prawej stronie znajduje się wynik analizy, dzięki której ustalono haplotypy tej kobiety (pacjentki). Polega ona na hybrydyzacji DNA wyizolowanych z trzech tkanek i unieruchomionych na powierzchni membrany w formie kropek z czterema radioaktywnie znakowanymi sondami molekularnymi – cząsteczkami DNA hybrydującymi tylko z sekwencją nukleotydową charakterystyczną dla danego haplotypu. Sygnał rejestrowano na kliszach rentgenowskich.



Na podstawie: Yu (2002) N Engl J Med 346:1545-1552

36. Określ, odnosząc się do drzewa rodowego i analizy haplotypów, które stwierdzenia dotyczące przypadku opisanego w artykule z The New England Journal of Medicine są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Włosy pacjentki są wytwarzane przez dwie populacje komórek diploidalnych.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Analiza krwi pacjentki jest wystarczająca do ustalenia wszystkich haplotypów u niej występujących.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. W przypadku żadnego z synów (1.–3.) nie można wykluczyć, że badana kobieta jest ich biologiczną matką.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

37. Przeczytaj poniższy tekst i uzupełnij luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Kobieta, której przypadek opisano w The New England Journal of Medicine i Lydia to osoby, które są (1). Przyczyną takiej sytuacji (2) być zapłodnienie dwóch komórek jajowych przez dwa plemniki oraz powstanie jednego zarodka z dwóch zygot. U Lydii ostatecznie pobrano materiał genetyczny z ok. 50 różnych tkanek i powtórzono analizy pokrewieństwa z jej dziećmi. Znalaziono tkanki zawierające inną kombinację haplotypów niż we krwi Lydii. Ponieważ haplotypy te występowały u rodziców Lydii, uznano, że jej deklarowane dzieci (3) być z nią spokrewnione.

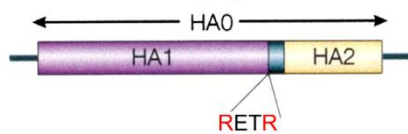
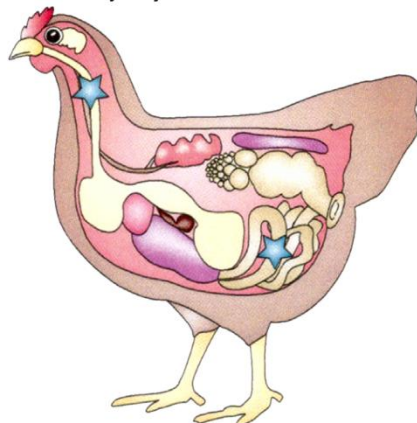
Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. chimerami / <input type="checkbox"/> B. tetraploidalne
2.	<input type="checkbox"/> A. może / <input type="checkbox"/> B. nie może
3.	<input type="checkbox"/> A. mogą / <input type="checkbox"/> B. nie mogą

Informacja do zadań 38–40

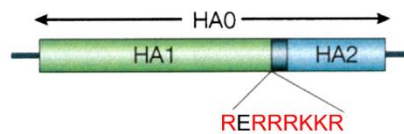
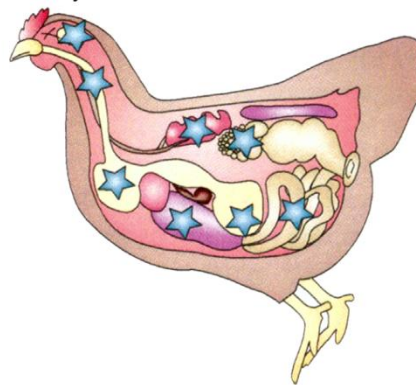
Istnieją dwa główne mechanizmy odpowiedzialne za zmienność wirusa grypy: dryf antygenowy i skok antygenowy. Dryf, czyli przesunięcie antygenowe, polega na punktowych, spontanicznych mutacjach występujących w przebiegu replikacji wirusów grypy. Wynika on z braku aktywności naprawczej polimerazy RNA wirusa grypy. W wyniku dryfu dochodzi do zmian w genach kodujących białka wirusa. Skok, czyli reasortacja antygenowa, polega na wymianie jednego bądź kilku segmentów jednoniciowego RNA stanowiącego genom wirusa grypy. Do skoku antygenowego dochodzi przy jednoczesnym zakażeniu komórki gospodarza przez dwa różne typy wirusa grypy. Najistotniejsze zmiany antygenowe dotyczą glikoprotein wirusa grypy: hemaglutyniny (HA) i neuraminidazy (NA).

Nowo syntetyzowana hemaglutynina (HA0) ulega podczas replikacji wirusa dojrzewaniu, które polega między innymi na proteolizie skutkującej powstaniem dwóch aktywnych białek HA1 oraz HA2. Za cięcie odpowiadają specyficzne proteazy gospodarza znajdujące się w układzie oddechowym i jelitach ptaków. Białka HA1 oraz HA2 uczestniczą w rozprzestrzenianiu się wirusa w organizmie. Zmiany w procesowaniu HA0 mogą doprowadzić do powstania wirusów o różnej wirulencji jak np. przedstawione na rycinie wirusy ptasiej grypy LPAI oraz HPAI. U wirusów HPAI zmiany w sekwencji aminokwasowej HA0 skutkują możliwością cięcia proteolitycznego w różnych organach, doprowadzając do infekcji uogólnionej i śmierci ptaków.

LPAI
Proteazy zlokalizowane w układzie oddechowym i jelitach



HPAI
Proteazy zlokalizowane w różnych układach



38. Określ, które stwierdzenia dotyczące wirusa grypy są prawdziwe, a które fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Genom wirusa grypy zbudowany jest z DNA.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. HA i NA to jedyne białka podlegające zmianom struktury pierwszorzędowej.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Do dryfu antygenowego dochodzi podczas transkrypcji.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

39. Określ mechanizm lub mechanizmy odpowiedzialne za powstanie szczepu HPAI.

- A. Tylko dryf antygenowy.
- B. Tylko skok antygenowy.
- C. Zarówno dryf antygenowy, jak i skok antygenowy.

40. Określ kluczowy czynnik do wystąpienia infekcji uogólnionej wywołanej szczepem HPAI.

- A. Brak cięcia proteolitycznego HA0.
- B. Cięcie proteolityczne HA0 poprzez wirusowe proteazy.
- C. Cięcie proteolityczne HA0 poprzez powszechne proteazy gospodarza.
- D. Cięcie proteolityczne HA0 poprzez specyficzne dla określonych organów proteazy gospodarza.

BRUDNOPIS

W tym miejscu możesz robić pomocnicze notatki i wyliczenia.

Pamiętaj o zaznaczeniu prawidłowej odpowiedzi w arkuszu odpowiedzi.

Żadne notatki z brudnopisu nie będą oceniane przez Komisję Egzaminacyjną.

BRUDNOPIS c.d.

Zasady oceniania rozwiązań zadań
48 Olimpiada Biologiczna
Etap centralny

Zadanie 1

1 pkt. – za prawidłowe podanie typów dla obydwu zwierząt – oznaczonych literami A oraz B.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowe odpowiedzi poprawne:

- A. ramienionogi, B. mięczaki
- A. Brachiopoda, B. Mollusca

Przykładowa odpowiedź niepoprawna:

- A. ramienionogi, B. małże (*małże są w randze gromady, a nie typu*)

Zadanie 15

1 pkt. – za wybór pierwszego eksonu, wraz z prawidłowym uzasadnieniem odnoszącym się do jak najwcześniejszego wprowadzenia kodonu stop, w celu pozbowienia produktu białkowego jak największej liczby funkcjonalnych domen.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowe odpowiedzi poprawne:

- Lepiej jest zaprojektować gRNA komplementarny do pierwszego eksonu, ponieważ powstałe wówczas białko będzie krótsze i najprawdopodobniej pozbowione elementów funkcjonalnych, w odróżnieniu do białka powstałego po wprowadzeniu mutacji nonsensownej w ostatnim eksonie.
- gRNA powinien być komplementarny do pierwszego eksonu genu. Jeżeli przeprowadzenie CRISPR/Cas wprowadzi mutację np. nonsensowną w pierwszym eksonie, powstałe w wyniku ekspresji białko będzie niefunkcjonalne (zbyt krótkie, jeśli będzie to mutacja nonsensowna). Przy analogicznej zmianie ostatniego eksonu ciągle pozostaje szansa, że pomimo ograniczonej długości białko spełni swoją funkcję.
- Do pierwszego eksonu. Kodon stop zostałby wstawiony na początku sekwencji, co zmniejsza prawdopodobieństwo powstania funkcjonalnego białka.

Przykładowe odpowiedzi niepoprawne:

- Do pierwszego. Dzięki temu będzie krótsze białko. (*brak odniesienia do pozbowienia części białka odpowiadającej za jego funkcję; kodon stop w ostatnim eksonie także spowoduje powstanie krótszego produktu*)
- Do pierwszego – uniemożliwia to powstanie aminokwasu kodującego metioninę, więc nie rozpocznie się w ogóle translacja danego białka. (*błędna argumentacja odnosząca się do kategorycznej niemożności przeprowadzenia translacji początkowej części pierwszego eksonu*)

Zadanie 18

1 pkt. – za wskazanie grupy drugiej i prawidłowe uzasadnienie odnoszące się do możliwości występowania endogennych białek w komórkach człowieka wykrywanych przez przeciwciała anty-HisTag i anty-B.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowe odpowiedzi poprawne:

- Grupa druga. Obecność prążków w grupie drugiej wskazywałaby na to, że istnieją endogenne białka wykrywane przez przeciwciała skierowane przeciwko znacznikowi HisTag lub białku B.
- Próba kontrolna to próba 2., ponieważ dzięki tej próbie wiadomo, że w badanych komórkach nie ma białek wykrywanych przez użyte przeciwciała. Porównanie wyników uzyskanych dla prób 1. i 2. pozwala na poprawną interpretację wyników.

Przykładowe odpowiedzi niepoprawne:

- Grupa druga, w której do komórki wprowadzono „pusty” plazmid pUC19 stanowiła próbę kontrolną. Porównanie uzyskanych w niej wyników z wynikami próby pierwszej pozwoliło stwierdzić, czy uzyskany wynik jest efektem wprowadzenia do ludzkich komórek plazmidu z genem A, czy jedynie wprowadzenia samego plazmidu. (*brak odniesienia do konieczności kontroli obecności endogennych białek z traktem histydynowym*)
- Próbą kontrolną jest grupa druga, ponieważ nie występują tam białka wykrywane przez przeciwciała. (*opis wyników doświadczenia bez odniesienia się do roli próby kontrolnej w ich interpretacji*)

Zadanie 23

1 pkt. – za podanie, że populacje komórek *E. coli*, w których doszło do wyciszenia ekspresji genu *cheZ* pojawiły się dwa razy wraz z uzasadnieniem odnoszącym się do dwóch dodatkowych jasnych okręgów widocznych na fotografii „1100 min”, których nie ma na fotografii „700 min”.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowe odpowiedzi poprawne:

- Dwa razy – na fotografii w panelu C od 700. do 1100. min przybyły 2 jasne prążki (większe zagęszczenie komórek w tym miejscu – czyli nie poruszają się one = zahamowanie ekspresji genu *cheZ*).
- Dwa razy. Gdy porówna się zdjęcia „700 min” i „1100 min” widać, że pojawiły się dwa jasne okręgi, a to oznacza, że bakterie wyrosły gęsto. Spowodowało to wyłączenie transkrypcji *cheZ* i brak możliwości aktywnego ruchu komórek bakteryjnych i tym bardziej rosły one gęsto.
- Dwukrotnie. Wyciszenie ekspresji *cheZ* uniemożliwia ruch komórek, dlatego rosną one w dużym zagęszczeniu.
- Populacja *E. coli*, w których doszło do wyciszenia ekspresji *cheZ* pojawiła się w tym czasie 2 razy – widać 2 nowe jasne prążki o dużym zagęszczeniu komórek, czyli tych, które nie mogą się poruszać do bardziej zasobnych miejsc na pożywce.

Przykładowa odpowiedź niepoprawna:

- Pręgowanie świadczy o tym, że w populacji komórek bakteryjnych okresowo pojawiały się stany z aktywną transkrypcją *cheZ* i jej wyciszeniem. (*brak odniesienia do liczby okręgów i ich kolorów*)

Zadanie 24

1 pkt. – za prawidłowo określony problem badawczy uwzględniający wpływ wzoru derki na częstość kontaktu osobników *T. bromius* z jej powierzchnią lub uwzględniający znaczenie pręgowanego umaszczenia zebry (zwierząt) w ochronie przed ukąszeniami przez bąka szarego.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowe odpowiedzi poprawne:

- Wpływ koloru derki założonej na osobniki *E. caballus* na rodzaj zachowania wykazywanego przez bąka szarego *T. bromius*.
- Wpływ wzoru derki na częstość kontaktu osobników bąka szarego z jej powierzchnią.
- Czy kolor derki zmienia zachowanie bąka szarego polegające na kontakcie z powierzchnią zwierzęcia?
- Jak pręgowany wzór powierzchni zwierzęcia wpływa na częstość lądowań bąków *T. bromius*?
- Czy pręgowane umaszczenie u zebry ma dla niej znaczenie obronne przed bąkiem szarym?

Przykładowe odpowiedzi niepoprawne:

- Wpływ derki na *Tabanus bromius*. (*brak odniesienia do wzoru derki oraz zachowania bąka – problem badawczy zbyt ogólny*)
- Charakterystyczne dla zebry umaszczenie istotnie zmniejsza liczbę kontaktów między powierzchnią konia a osobnikami *T. bromius*. (*stwierdzenie w formie wniosku lub hipotezy, a nie problemu badawczego*)
- Zakładanie derek koniom i zliczanie kontaktów między nimi a latającymi owadami. (*wyłącznie opis metod badawczych*)
- Wpływ zabarwienia ciała konia na częstość lądowania na nim bąka szarego. (*błędny opis metodologii badań – konie nie mają umaszczenia pręgowanego; to nie koń był przedmiotem badań, ale służył jako substytut dla zebry, lub – ogólniej – zwierząt o umaszczeniu pręgowanym*)

Zadanie 28

1 pkt. – za wskazanie β -aktyny jako lepszego substratu wraz z prawidłowym uzasadnieniem odwołującym się do tego, że reakcja osiąga znacznie większą szybkość przy znacznie mniejszych stężeniach.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowa odpowiedź poprawna:

- To β -aktyna jest znacznie lepszym substratem, ponieważ reakcja z udziałem tego białka osiąga znacznie niższą wartość K_M i wyższą V_{max} niż dla peptydu YPIEHGIVT.

Przykładowa odpowiedź niepoprawna:

- β -aktyna, ponieważ jest naturalnym substratem dla białka SETD3. (*brak odniesienia do przedstawionych wyników*).

Zadanie 35

1 pkt. – za podanie prawidłowego miana fagów wraz z prawidłowymi obliczeniami, uwzględniającymi uśrednienie wszystkich trzech powtórzeń z wrażliwego szczepu, właściwe rozcieńczenie hodowli oraz ilość użytej w doświadczeniu zawiesiny.

0 pkt. – za odpowiedź niespełniającą powyższych kryteriów lub brak odpowiedzi.

Przykładowa odpowiedź poprawna:

- $\frac{420+400+380}{3} \times 10^5 \times 10 = 400 \times 10^6 = 4 \times 10^8$ [fagów/ml]

Przykładowa odpowiedź niepoprawna:

- 4×10^8 (brak uzasadnienia w postaci obliczeń)

Miejsce na odpowiedzi do zadań zamkniętych

<p>2 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F</p>	<p>16 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D</p>	<p>32 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F</p>
<p>3 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D <input type="radio"/> E <input type="radio"/> F 2 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> E <input type="radio"/> F 3 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> D <input type="radio"/> E <input type="radio"/> F 4 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D <input type="radio"/> E <input type="radio"/> F 5 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D <input type="radio"/> E <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>17 I <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input type="radio"/> 5 <input type="radio"/> 6 II <input type="radio"/> 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input type="radio"/> 5 <input type="radio"/> 6 III <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 6 IV <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 5 <input type="radio"/> 6</p>	<p>33 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> N 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> N 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> N 4 <input type="radio"/> T <input checked="" type="radio"/> ●</p>
<p>4 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>19 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>34 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input checked="" type="radio"/> ●</p>
<p>5 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3</p>	<p>20 1 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> C 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C 3 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>36 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 2 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F</p>
<p>6 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> D</p>	<p>21 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F</p>	<p>37 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B</p>
<p>7 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D</p>	<p>22 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 3 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>38 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 3 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ●</p>
<p>8 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> C <input type="radio"/> D</p>	<p>25 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B</p>	<p>39 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C</p>
<p>9 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 3</p>	<p>26 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input checked="" type="radio"/> ● 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F</p>	<p>40 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> D</p>
<p>10 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> D <input type="radio"/> E</p>	<p>27 <input type="radio"/> A <input type="radio"/> B <input type="radio"/> C <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> E</p>	
<p>11 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> N 2 <input type="radio"/> T <input checked="" type="radio"/> ● 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> N</p>	<p>29 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input type="radio"/> 5 2 <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 5 3 <input type="radio"/> 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input type="radio"/> 5 4 <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 4 <input type="radio"/> 5 5 <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> 2 <input type="radio"/> 3 <input type="radio"/> 4 <input checked="" type="radio"/> ●</p>	
<p>12 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 4 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>30 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 3</p>	
<p>13 1 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> B 2 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ● 3 <input type="radio"/> A <input checked="" type="radio"/> ●</p>	<p>31 1 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ● 2 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> F 3 <input type="radio"/> P <input checked="" type="radio"/> ●</p>	
<p>14 <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 1 <input type="radio"/> B <input checked="" type="radio"/> ● <input type="radio"/> 3</p>		

