

**TEST DO ZAWODÓW III STOPNIA 52 OLIMPIADY BIOLOGICZNEJ
W ROKU SZKOLNYM 2022/2023**

Data: **23 kwietnia 2023 r.**

Godzina rozpoczęcia: **8:00**

Czas pracy: **120 minut**

Liczba punktów do uzyskania: **40**

Instrukcja dla zawodnika

1. Sprawdź, czy otrzymałeś/eś arkusz z zadaniami i kartę odpowiedzi.
2. Arkusz z zadaniami zawiera 28 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 52 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 maksymalnie pięć wariantów odpowiedzi, z których **tylko jedna** jest właściwa. Należy zaznaczyć pole odpowiadające jednej możliwości.

A B C D E

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

F P

Odpowiedzieć na postawione pytanie **T – tak** lub **N – nie**, zaznaczając 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

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.–4.

Poniżej przedstawiono standardowy kod genetyczny.

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

Legenda:

Ter – terminacja translacji

W mitochondrialnym kodzie genetycznym kręgowców występują różnice w porównaniu do standardowego kodu genetycznego: kodony AGA oraz AGG stanowią sygnał terminacji translacji, kodon AUA koduje metioninę, a kodon UGA – tryptofan. W ludzkim kodzie mitochondrialnym oprócz kodonu AUG występują dwa alternatywne kodony start: AUA oraz AUU, które są rozpoznawane przez specjalnie zmodyfikowany antykodon mitochondrialnego tRNA^{Met}. Wyjściowa sekwencja tego antykodonu jest taka sama jak w cytozolowym tRNA^{Met}, ale jedna z zasad azotowych tego antykodonu podlega modyfikacji (najpierw metylacji, a następnie utlenieniu) i może tworzyć wiązania z różnymi zasadami azotowymi. Dzięki temu kodon AUU koduje metioninę zamiast izoleucyny, jeżeli stanowi sygnał inicjacji translacji, a kodon AUA koduje metioninę niezależnie od położenia w obrębie mRNA.

Na podstawie: www.ncbi.nlm.nih.gov; S. Haag i in., NSUN3 and ABH1 modify the wobble position of mt-tRNA^{Met} to expand codon recognition in mitochondrial translation, The EMBO Journal 35, 2016.

1. Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Kody genetyczne – standardowy i mitochondrialny – mają **(1)** liczbę kodonów. W porównaniu do kodu standardowego w kodzie mitochondrialnym jest **(2)** kodonów stop. Substytucja pojedynczego nukleotydu w kodonie kodującym metioninę może doprowadzić do przedwczesnej terminacji translacji tylko w przypadku białka syntezowanego w **(3)**.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. taką samą / <input type="checkbox"/> B. różną
2.	<input type="checkbox"/> A. mniej / <input type="checkbox"/> B. więcej
3.	<input type="checkbox"/> A. cytozolu / <input type="checkbox"/> B. mitochondrium

2. Określ, które stwierdzenia dotyczące translacji na rybosomach cytozolowych ssaków są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Metionina nie może być przyłączona do wydłużającego się łańcucha peptydowego, ponieważ jest kodowana wyłącznie przez kodon start.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Terminacja translacji polega na przyłączeniu do kodonu stop komplementarnego tRNA niezwiązanego z aminokwasem.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

3. Wybierz spośród podanych sekwencję antykodonu cytozolowego tRNA^{Met}.

- A. 5' AUG 3'
- B. 5' GUA 3'
- C. 5' CAU 3'
- D. 5' UAC 3'

4. Wybierz spośród podanych nazwę zasady azotowej podlegającej modyfikacji w antykodonie mitochondrialnego tRNA^{Met}.

- A. adenina
- B. uracyl
- C. cytozyna
- D. guanina

5. Rozszyfrowane w XX w. reguły kodowania aminokwasów były przedmiotem wielu badań. Jedno z nich polegało na tym, że do tRNA^{Cys} przyłączono cysteinę, która następnie w reakcji z niklem Raneya, poprzez usunięcie atomu siarki z aktywowanej cysteiny, została przekształcona w alaninę, bez naruszenia jej połączenia z tRNA. Następnie ten tRNA (Ala-tRNA^{Cys}) wprowadzono do bezkomórkowego układu syntetyzującego białko. Matrycą był RNA zawierający tylko U i G w stosunku 5:1, co normalnie prowadzi do włączenia cysteiny (kodon UGU) do białka. W opisanym przypadku do syntetyzowanego polipeptydu była włączana alanina (kodon GCN). Identyczny wynik uzyskano, stosując jako matrycę do syntezy białka mRNA hemoglobiny ihybrydowy znakowany ¹⁴C Ala-tRNA^{Cys}. Po trawieniu trypsyną okazało się, że jedynym radioaktywnym peptydem był peptyd, który zgodnie z informacją genetyczną powinien zawierać cysteinę, a nie – alaninę.

Na podstawie: L. Stryer, *Biochemia*, Warszawa 1997.

Określ, które z poniższych wniosków są uprawnione na podstawie przedstawionych wyników badań.

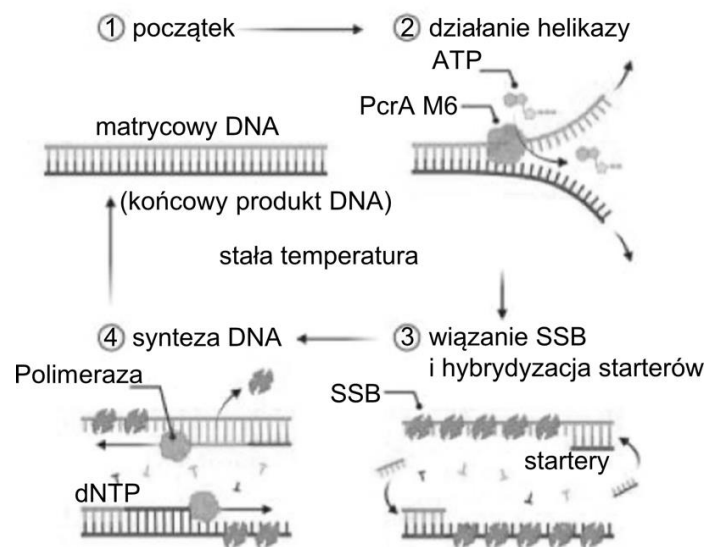
Wniosek	Czy uprawniony?
1. O kolejności aminokwasów w syntetyzowanym białku decyduje sekwencja nukleotydów w mRNA.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
2. Aminokwas związany z tRNA nie ma znaczenia w rozpoznawaniu kodonów przez aminoacylo-tRNA.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
3. Niektóre cząsteczki tRNA rozpoznają więcej niż jeden kodon na zasadzie tolerancji.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie

Informacja do zadań 6.–9.

PCR (ang. *Polymerase Chain Reaction*) to metoda powszechnie wykorzystywana do amplifikacji DNA. Jej upowszechnienie stało się możliwe dzięki wprowadzeniu na rynek m.in. termostabilnej polimerazy DNA oraz termocyklera – urządzenia, które precyzyjnie i szybko zmienia temperaturę wg wcześniej ustalonego programu.

W październiku 2022 r. opisano nową metodę amplifikacji DNA – SHARP (ang. *SSB-Helicase Assisted Rapid PCR*). Jest ona oparta na PCR, ale cała reakcja przebiega w warunkach izotermicznych, tzn. w stałej temperaturze.

Na poniższym schemacie przedstawiono kolejne etapy amplifikacji DNA metodą SHARP.

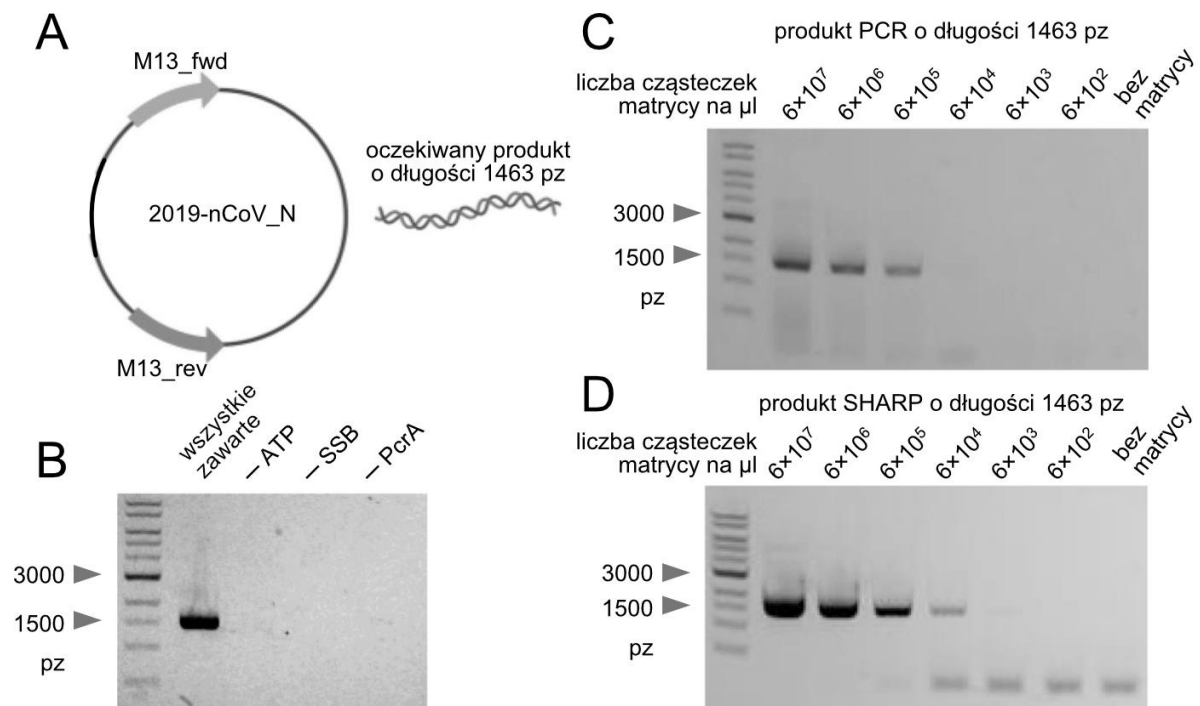


W tabeli przedstawiono skład dwóch roztworów, po zmieszaniu których zachodzi amplifikacja DNA metodą SHARP. W kolejnej tabeli wyjaśniono właściwości składników oznaczonych gwiazdką (*).

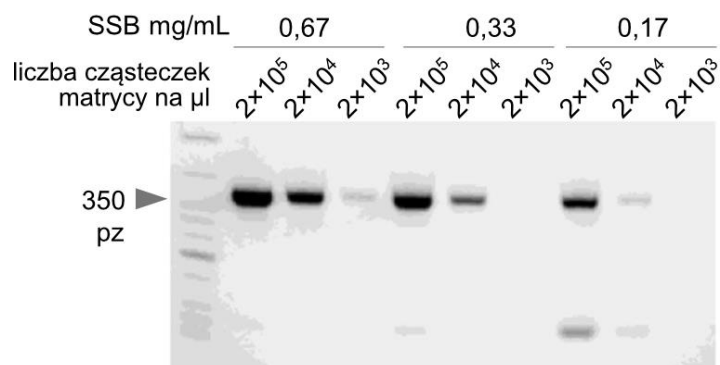
roztwór 1. (2× koncentrat)		roztwór 2. (2× koncentrat)	
składnik	objętość (μl)	składnik	objętość (μl)
woda	9	woda	11,1
bufor (10× koncentrat)	2	bufor (10× koncentrat)	2
EvaGreen (20× koncentrat)*	2	ditiotreitol (100 mM)*	4
dNTP (10 mM każdy)*	2	polimeraza DNA Bst-LF (1,5 mg/ml)	0,2
ATP (100 mM)	2	SSB (9 mg/ml)*	0,5
starter „lewy” (10 μM)	1	helikaza PcrA M6 (0,2 mg/ml)*	2
starter „prawy” (10 μM)	1	termostabilna fosfataza (100 jedn./ml)*	0,2
matrycowy DNA	1	–	–
objętość końcowa	20	objętość końcowa	20

składnik	właściwość
EvaGreen	Barwnik, który ma właściwości fluorescencyjne wyłącznie w kompleksie z dwuniciowym DNA. Wykorzystywany jest do monitorowania ilości dwuniciowego DNA w próbce.
dNTP	Mieszanina czterech deoksyrybonukleotydów, które wykorzystywane są podczas syntezy DNA.
ditiotreitol	Czynnik redukujący m.in. mostki disiarczkowe.
SSB	Białko wiążące jednoniciowy DNA (ang. <i>single-stranded binding protein</i>). Oddziałuje z jednoniciowym DNA, utrudniając renaturację DNA, a także degradację jednoniciowych fragmentów.
helikaza PcrA M6	Rekombinowana helikaza zmodyfikowana tak, by wykazywała zwiększoną aktywność helikazową.
termostabilna fosfataza	Rozkłada pirofosforan na dwie cząsteczki ortofosforanu.

Na poniższym rysunku przedstawiono dane świadczące o tym, że metoda SHARP pozwala przeprowadzić amplifikację DNA (A–D). Na rysunku A przedstawiono plazmid, który był matrycą do amplifikacji DNA o długości 1463 par zasad (pz) z użyciem starterów M13_fwd i M13_rev. Na rysunku B przedstawiono wynik SHARP w obecności wszystkich składników wymienionych w tabeli albo przy braku: ATP, SSB albo helikazy PcrA M6. Na rysunkach C i D porównano odpowiednio wynik amplifikacji DNA konwencjonalną PCR oraz SHARP w zależności od stężenia matrycowego DNA.



Jednym z niezbędnych etapów przy opracowywaniu nowej metody jest jej optymalizacja. Na poniższym rysunku przedstawiono wynik doświadczenia, w którym badano wpływ stężenia białka SSB – jednego ze składników mieszanki do SHARP – na czułość tej metody. W tym doświadczeniu oczekiwanym produktem amplifikacji był DNA o długości 350 pz.



Na podstawie: M. Gavrilov i in., Nature Communications 13:6312, 2022.

6. **Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.**

Barwniki fluorescencyjne, takie jak EvaGreen, są wzbudzane promieniowaniem o określonej długości fali (λ_{wz}), a następnie emitują światło o charakterystycznej dla danego barwnika długości fali (λ_{em}). Użycie substancji EvaGreen w odpowiednim czytniku fluorescencyjnym pozwala na określenie ilości DNA w próbce **(1)** amplifikacji DNA. Zależność między λ_{wz} a λ_{em} powinna być następująca: **(2)**. Odczynnik ten **(3)** konieczny do przeprowadzenia amplifikacji DNA metodą SHARP.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. już w trakcie / <input type="checkbox"/> B. dopiero po zakończeniu
2.	<input type="checkbox"/> A. $\lambda_{wz} < \lambda_{em}$ / <input type="checkbox"/> B. $\lambda_{wz} = \lambda_{em}$
3.	<input type="checkbox"/> A. jest / <input type="checkbox"/> B. nie jest

7. **Określ, które stwierdzenia dotyczące składu ostatecznej mieszaniny do SHARP są prawdziwe, a które – fałszywe.**

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Stężenie helikazy PcrA M6 jest wyższe niż stężenie polimerazy Bst-LF.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Stężenie dATP wynosi 2,5 mM.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Stężenie starterów („lewego” i „prawego” razem) wynosi 500 nM.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

8. **Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.**

W metodzie SHARP do rozdzielania DNA na pojedyncze nici wykorzystywana jest energia z wiązań **(1)**. Energia niezbędna do syntezy nowych nici DNA pochodzi z **(2)**. Zadaniem helikazy jest zerwanie oddziaływań występujących między zasadami azotowymi **(3)** DNA.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. fosfodiestrowych w DNA / <input type="checkbox"/> B. bezwodnikowych w ATP
2.	<input type="checkbox"/> A. dNTP / <input type="checkbox"/> ATP
3.	<input type="checkbox"/> A. w obrębie tej samej nici / <input type="checkbox"/> B. należącymi do przeciwległych nici

9. Określ, które stwierdzenia dotyczące przedstawionych wyników badań są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Metoda SHARP jest bardziej czuła niż metoda PCR.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Białko SSB w sposób zależny od jego stężenia zwiększa czułość metody SHARP.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Przygotowanie mieszaniny do SHARP wg przedstawionej tabeli spowoduje, że ostateczne stężenie białka SSB w próbce będzie wynosiło powyżej 0,33 mg/ml.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 10. i 11.

U ludzi melanina jest syntetyzowana w melanosomach. Prekursorem melaniny jest tyrozyna przekształcana przez tyrozinazę (TYR) do dopachinonu – związku pośredniego na szlaku syntezy melaniny. Mechanizm działania tyrozinazy opiera się na oddziaływaniu między dwoma atomami miedzi oraz cząsteczką tlenu, co umożliwia utlenienie substratu. Mutacje w genie *tyr* – kodującym tyrozinazę – są przyczyną albinizmu skórno-ocznego (ang. *oculocutaneous albinism*) typu OCA1. Według HGMD (ang. *Human Gene Mutation Database*) 249 mutacji nonsensownych lub mutacji zmiany sensu w genie *tyr* jest powiązanych z wystąpieniem OCA1. Skutki mutacji typu zmiany sensu w genie *tyr* są dotyczą najczęściej centrum aktywnego enzymu w domenie N-końcowej, a także w domenie transbłonowej.

Źródło: Xu. Lai i in., *Chem. Eur. J.* 24, 2018.

10. Określ które stwierdzenia dotyczące albinizmu skórno-ocznego typu OCA1 są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Melanosomy znajdują się w skórze właściwej.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Albinizm skórno-oczny typu OCA1 jest chorobą genetyczną dziedziczną w sposób recesywny.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Mutacje nonsensowne i mutacje zmiany sensu w genie <i>tyr</i> to mutacje niesynonimiczne.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

11. Dokończ zdanie. Wybierz odpowiedź A albo B oraz odpowiedź 1., 2. albo 3.

Mutacje zmiany sensu w genie *tyr* warunkujące albinizm mogą być przyczyną nieprawidłowego oddziaływania jon metalu – białko w

<input type="checkbox"/> A.	centrum aktywnym enzymu,	prowadząc do	<input type="checkbox"/> 1.	wybiórczego działania enzymu.
	centrum allosterycznym enzymu,		<input type="checkbox"/> 2.	zwiększenia aktywności enzymu.
<input type="checkbox"/> B.			<input type="checkbox"/> 3.	całkowitej utraty lub obniżenia aktywności enzymu.

Informacja do zadań 12. i 13.

Na poniższej fotografii przedstawiono obraz mikroskopowy włosa ludzkiego w powiększeniu 10×.



12. Do każdej z podanych w tabeli nazw elementów struktury włosa dopasuj odpowiednie oznaczenie A–E z fotografii.

Nazwa	Kod z ilustracji
1. kora włosa	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E.
2. rdzeń włosa	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E.
3. powłoczka włosa	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E.
4. cebulka włosa	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E.
5. łodyga włosa	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C. / <input type="checkbox"/> D. / <input type="checkbox"/> E.

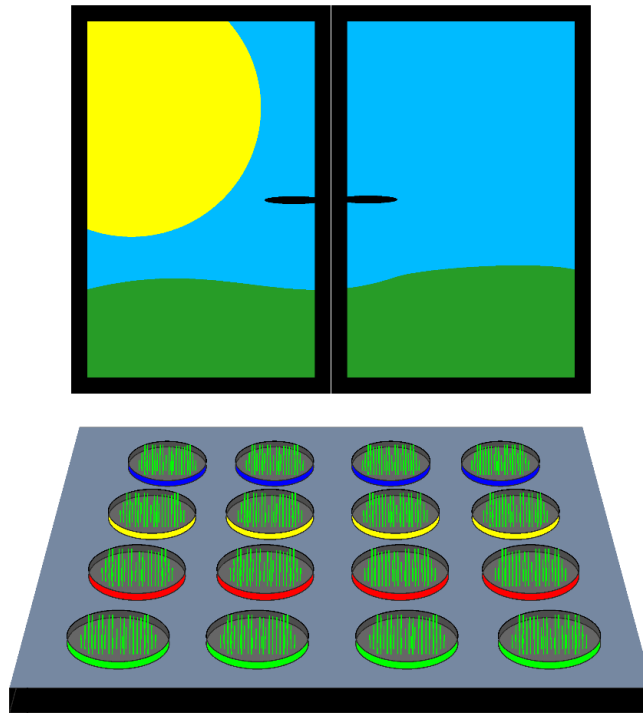
13. Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–4.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Włosy są wytworem (1). Ich struktura zbudowana jest głównie z (2). Włosy i skórę natłuszcza substancja wydzielana przez (3), która pełni funkcję (4).

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. skóry właściwej / <input type="checkbox"/> B. naskórka
2.	<input type="checkbox"/> A. keratyny / <input type="checkbox"/> B. kolagenu
3.	<input type="checkbox"/> A. gruczoły łojowe / <input type="checkbox"/> B. gruczoły potowe
4.	<input type="checkbox"/> A. termoregulacyjną / <input type="checkbox"/> B. ochronną

14. Uczeń zaprojektował eksperyment w ramach pracy badawczej na Olimpiadę Biologiczną. Jako temat pracy wybrał: „Allelopacyjny wpływ wodnych wyciągów z solirodu zielnego (*Salicornia europaea*), przewiercienia cienkiego (*Bupleurum tenuissimum*) i owsa głuchego (*Avena fatua*) na wzrost i rozwój pieprzycy siewnej (*Lepidium sativum*)”. Na poniższej ilustracji przedstawiono zaprojektowany przez ucznia układ eksperymentalny.

- podlewane 30 mL wody wodociągowej
- podlewane 30 mL wyciągu z solirodu
- podlewane 30 mL wyciągu z przewiercienia
- podlewane 30 mL wyciągu z owsa głuchego



Uczeń na szalkach umieścił po 100 nasion pieprzycy siewnej, które codziennie podlewał wodą wodociągową albo wodnym ekstraktem (uzyskany również przy użyciu wody wodociągowej) z solirodu, przewiercienia lub owsa głuchego. Każdą próbę analizował w czterech powtórzeniach technicznych, tzn. na każdej z czterech szalek w danej próbie wysiał nasiona z tej samej torebki i podlewał wodą lub roztworem z tej samej butelki. Po dwóch tygodniach zmierzył wysokość nadziemnych części roślin rosnących na każdej z szalek. Aby zweryfikować hipotezę zerową dotyczącą braku wpływu badanych wyciągów na wzrost pieprzycy, przeprowadził on serię testów statystycznych, porównując każdą z badanych grup względem grupy kontrolnej (roślin podlewanych wodą wodociągową). Wykorzystał w tym celu test t-Studenta, przyjmując poziom istotności równy 0,05 (wcześniej upewnił się co do normalności rozkładu uzyskanych pomiarów).

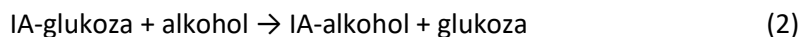
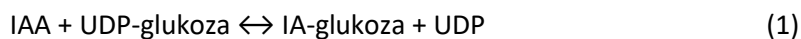
Na podstawie powyższych informacji określ, które z poniższych stwierdzeń są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Wykonany zakres badań jest zgodny z tematem pracy.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. W próbie kontrolnej uczeń powinien zastosować wodę destylowaną zamiast wody wodociągowej.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Uczeń prawidłowo kontrolował warunki oświetlenia.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
4. Uczeń zastosował właściwą analizę statystyczną.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 15.–17.

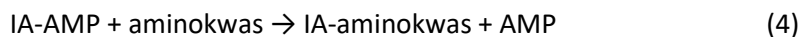
Jednym z mechanizmów regulujących stężenie aktywnego fizjologicznego hormonu roślinnego (fitohormonu) jest koniugacja. Jest to proces kowalencyjnej modyfikacji fitohormonu, która polega na przyłączeniu do cząsteczki hormonu innej substancji chemicznej, np. cukru, alkoholu, aminokwasu lub białka. W efekcie takiej modyfikacji ulegają zmianie właściwości biologiczne i fizykochemiczne hormonu, który wówczas nie może być rozpoznawany przez swoisty receptor. Koniugacja prowadzi zatem do czasowego wyłączenia aktywności hormonu. W zdecydowanej większości przypadków koniugacja ma charakter odwracalny, kiedy w wyniku hydrolizy enzymatycznej z koniugatu zostaje uwolniony aktywny fitohormon. Regulacja aktywności fitohormonów przez koniugację zachodzi na zasadzie ujemnego sprzężenia zwrotnego.

Auksyny są najwcześniej odkrytymi fitohormonami, które regulują wiele procesów fizjologicznych. W sensie chemicznym są to kwasy aromatyczne, pochodne tryptofanu (np. kwas indolilo-3-octowy – IAA) lub fenyloalaniny (kwas fenylooctowy – PAA). Grupa karboksylowa auksyny jest zaangażowana w tworzenie wiązania estrowego z grupą hydroksylową cukru lub alkoholu podczas tworzenia koniugatów estrowych. Ta reakcja – jak przedstawiono poniżej – ma dwuetapowy przebieg, a każdy z etapów jest katalizowany przez inny enzym.



Reakcja (1) jest katalizowana przez enzym glukozylotransferazę UDPG:IAA, a reakcja (2) – przez acylotransferazę IA-glukoza:alkohol.

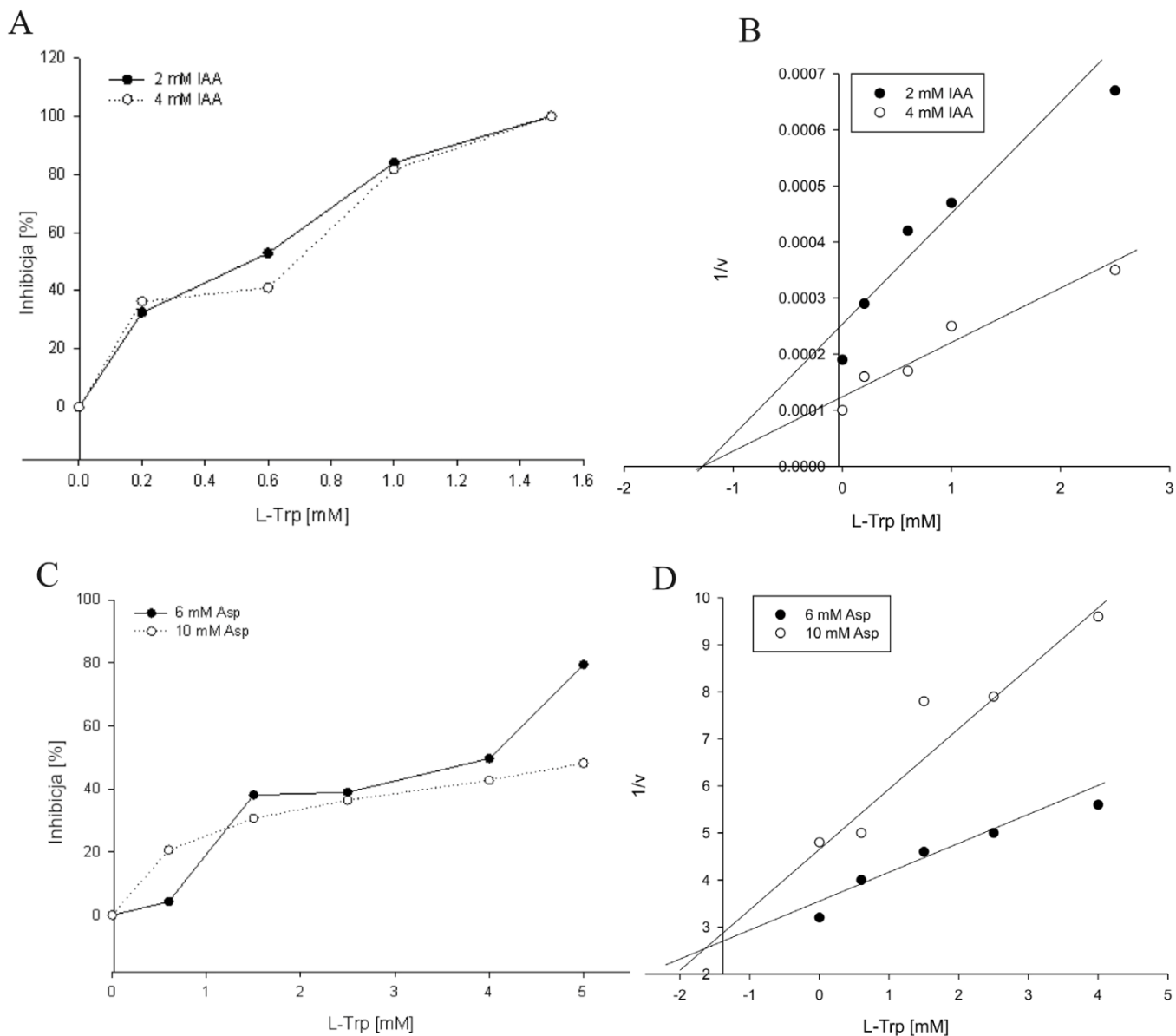
W wyniku połączenia grupy karboksylowej auksyny z resztą aminową aminokwasu powstają koniugaty amidowe. Tę dwuetapową reakcję (3, 4) katalizuje jeden enzym syntetaza IA-aminokwasu, która – jak przedstawiono za pomocą równania (3) – wymaga udziału ATP.



Zbadano wpływ kilku stężeń L-tryptofanu (L-Trp) na aktywność enzymu syntezującego koniugat auksyny – IA-asparaginian (IA-Asp). Ze względu na budowę L-tryptofanu – ma pierścień indolowy jak IAA oraz jest aminokwasem jak L-asparaginian – postawiono dwie niewykluczające się hipotezy:

- L-Trp współzawodniczy o miejsce aktywne enzymu z IAA
- L-Trp współzawodniczy o miejsce aktywne enzymu z L-asparaginianem.

Badania prowadzono w dwóch wariantach. W pierwszym wariantcie analizowano wpływ pięciu stężeń L-Trp (0,2; 0,6; 1,0; 1,5; 2,5 mM) na aktywność enzymu przy dwóch stężeniach jednego z substratów – IAA (2 mM; 4 mM). W drugim wariantcie badano wpływ wyżej wymienionych stężeń L-Trp na aktywność enzymu przy dwóch stężeniach drugiego z substratów – L-asparagianu (6 mM; 10 mM). Wyniki przedstawiono na poniższych wykresach.



Na podstawie: Ostrowski i in., *Plant Physiol Biochem* 107, 2016.

15. Określ, które stwierdzenia dotyczące koniugacji auksyn są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Każdy z etapów w biosyntezie koniugatów estrowych auksyn jest katalizowany przez enzym z klasy EC 2 – transferazy.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Biosyntezę koniugatów amidowych katalizuje enzym z klasy EC 6 – ligazy.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Uwolnienie aktywnej auksyny z koniugatu katalizują enzymy z klasy EC 3 – hydrolazy.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

16. Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–3.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Wzrost stężenia auksyny w komórce powoduje (1) transkrypcji genów kodujących enzymy syntetyzujące koniugaty fitohormonu. W efekcie tego dochodzi do (2) stężenia aktywnej auksyny. Koniugaty auksyny są (3) do uruchomienia szlaku transdukcji sygnału hormonalnego.

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. indukcję / <input type="checkbox"/> B. represję
2.	<input type="checkbox"/> A. zwiększenia / <input type="checkbox"/> B. obniżenia
3.	<input type="checkbox"/> A. zdolne / <input type="checkbox"/> B. niezdolne

17. Określ, które stwierdzenia dotyczące wpływu L-tryptofanu na aktywność enzymu syntetazy IA-asparagianinu są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. L-Trp jest inhibitorem enzymu.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. L-Trp konkuruje z IAA o centrum aktywne enzymu.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. L-Trp konkuruje z L-Asp o centrum aktywne enzymu.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 18.–20.

Jęczmień zwyczajny (*Hordeum vulgare* L.) jest rośliną zbożową z rodziny wiechlinowatych, powszechnie uprawianą w Polsce. Liczba chromosomów w komórkach somatycznych jęczmienia zwyczajnego wynosi $2n = 14$.

18. Określ liczbę możliwych kombinacji wynikających z przypadkowej segregacji chromosomów podczas prawidłowo zachodzącej mejozy w komórkach macierzystych ziaren pyłku jęczmienia zwyczajnego.

- A. 7
- B. 14
- C. 28
- D. 49
- E. 128

19. Określ liczbę chromosomów w prawidłowo rozwijających się komórkach jęczmienia zwyczajnego wymienionych w tabeli.

Komórka	Liczba chromosomów
1. macierzysta makrospor	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14 / <input type="checkbox"/> C. 28
2. plemnikowa	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14 / <input type="checkbox"/> C. 28
3. ośronek załązka	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14 / <input type="checkbox"/> C. 28
4. ośrodka załązka	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14 / <input type="checkbox"/> C. 28
5. miękiszowa liścia	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14 / <input type="checkbox"/> C. 28

20. Uzupełnij w poniższym tekście luki (1.–2.) wyrażeniami z tabeli, wybierając w każdym przypadku jedno z dwóch zaproponowanych.

Po pierwszym podziale mejotycznym jądra komórki macierzystej ziarna pyłku jądra potomne będą zawierały po (1) chromosomów. W wyniku drugiego podziału mejotycznego w każdym z jąder potomnych zmniejszy się (2).

Numer luki	Wyrażenie
1.	<input type="checkbox"/> A. 7 / <input type="checkbox"/> B. 14
2.	<input type="checkbox"/> A. liczba chromosomów / <input type="checkbox"/> B. ilość DNA

21. Na poniższej ilustracji przedstawiono przekrój przez kłos zarodnikowy widłaka różnozarodnikowego z rodzaju *Selaginella* sp.



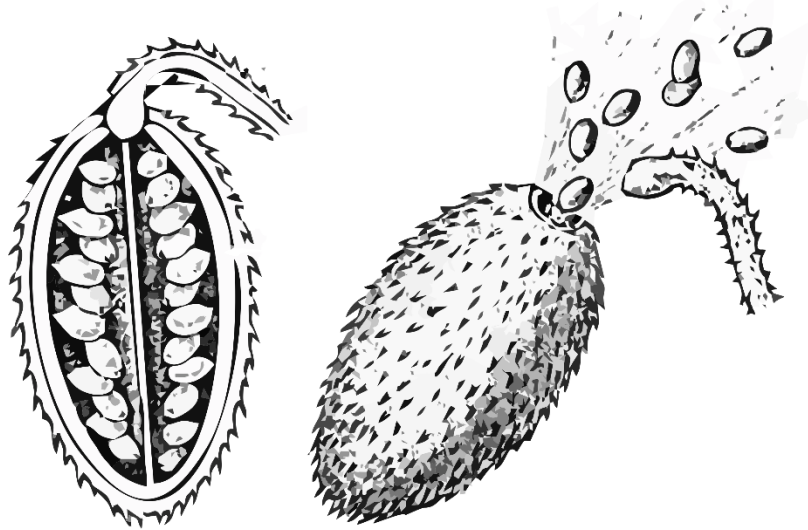
Wybierz spośród podanych prawidłowe dokończenie zdania.

U roślin okrytonasiennych homologiem struktury oznaczonej strzałką jest

- A. ośrodek zalążka.
- B. komórka jajowa.
- C. woreczek zalążkowy.
- D. woreczek pyłkowy.

Informacja do zadań 22. i 23.

Na poniższym rysunku przedstawiono przekrój przez owoc *Ecballium elaterium* (po lewej stronie) oraz proces rozsiewania jego nasion (po lewej).



22. Wybierz spośród podanych prawidłowe dokończenie zdania.

Owoce *E. elaterium* jest

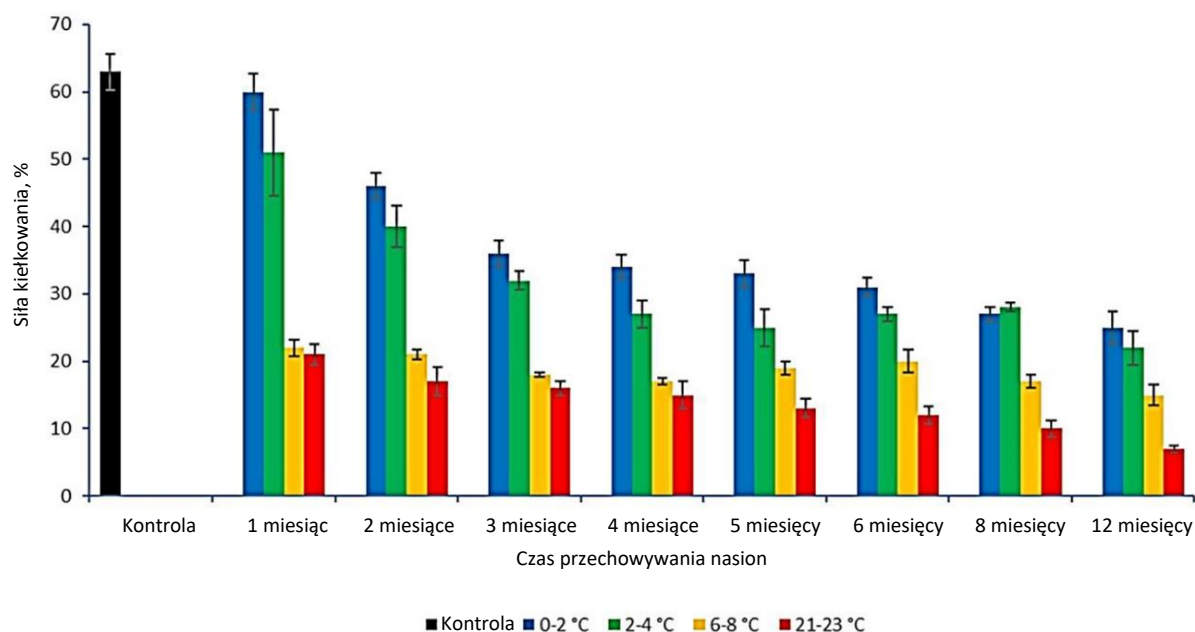
- A. rozłupnia.
- B. mieszek.
- C. strąk.
- D. torebka.

23. Wybierz spośród podanych prawidłowe dokończenie zdania.

Sposób rozsiewania nasion *E. elaterium* to

- A. balistochochia.
- B. barochochia.
- C. blastochochia.
- D. anemochochia.

24. *Chamaedaphne calyculata* (L.) Moench jest w naszym kraju rzadkim reliktem postglacjalnym, który w Polsce osiąga południowo-zachodni kres swojego europejskiego zasięgu. Aby ocenić wpływ temperatury i czasu przechowywania na kiełkowanie nasion *Ch. calyculata* przeprowadzono następujące doświadczenie. Zebrane świeże nasiona przechowywano przez okres 1–12 miesięcy w temperaturze 0–23 °C. Aby przerwać spoczynek nasion i umożliwić ich kiełkowanie w każdej z prób po zakończeniu okresu przechowywania przeprowadzono stratyfikację w temp 3,5 °C przez 20 dni. Grupę kontrolną stanowiły nasiona stratyfikowane bez okresu przechowywania. Wyniki doświadczenia przedstawiono na poniższym wykresie jako średnia \pm błąd standardowy.



Na podstawie: A. Żróbek-Sokolnik i in., *The Morphological Features and Biology of a Relict and Endangered Woody Plant Species: Chamaedaphne calyculata* (L.) Moench (Ericaceae), *Plants* 8, 2019.

Określ, które z poniższych wniosków są uprawnione na podstawie przedstawionych wyników badań.

Wniosek	Czy uprawniony?
1. Siła kiełkowania nasion obniża się wraz ze spadkiem temperatury przechowywania.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
2. Im dłuższy jest czas przechowywania nasion w temperaturze 0–2 °C, tym niższa jest siła kiełkowania nasion.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie
3. Nasiona przechowywane w temperaturze 0–2 °C zachowują częściową zdolność do kiełkowania nawet przez dwa lata.	<input type="checkbox"/> tak / <input type="checkbox"/> nie

25. Na poniższych fotografiach przedstawiono interakcję między rośliną i zapylaczem (widocznym w powiększeniu po prawej stronie ilustracji).



Dokończ zdanie. Wybierz odpowiedź A albo B oraz odpowiedź 1., 2. albo 3.

Na fotografii przedstawiono owada z rzędu

<input type="checkbox"/> A.	muchówek (Diptera),	zapyłającego roślinę należącą do rodziny	<input type="checkbox"/> 1.	baldaszkowatych (Apiaceae).
<input type="checkbox"/> B.	błonkówek (Hymenoptera),		<input type="checkbox"/> 2.	astrowatych (Asteraceae).
			<input type="checkbox"/> 3.	kapustowatych (Brassicaceae).

Informacja do zadań 26. i 27.




W poniższej tabeli scharakteryzowano trzy grupy stawonogów A–C:

Grupa	A	B	C
Czułki	2 pary czułków	brak czułków	1 para czułków
Odnóża gębowe	żuwaczki i 2 pary szczęk	szczękoczułki, nogogłaszczki	żuwaczki, szczęki pierwszej pary i warga dolna
Odnóża lokomocyjne	zmienna liczba odnóży lokomocyjnych	4 pary odnóży lokomocyjnych	3 pary odnóży lokomocyjnych
Odwłok	odwłok z odnóżami lub bez	odwłok bez odnóży	odwłok bez odnóży

26. Do każdego z wymienionych w tabeli podtypów stawonogów dopasuj odpowiedni opis spośród A–C.

Podtyp	Oznaczenie opisu
1. tchawkodyszne	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.
2. szczękoczułkopodobne	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.
3. skorupiaki	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.

27. Do każdego z wymienionych w tabeli gatunków stawonogów dopasuj odpowiedni opis spośród A–C.

Gatunek	Oznaczenie opisu
 1. mącznik młynarek	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.
 2. kiełz rzeczny	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.
 3. nasosznik trzęś	<input type="checkbox"/> A. / <input type="checkbox"/> B. / <input type="checkbox"/> C.

Informacja do zadań 28. i 29.

Umaszczenie królików warunkowane jest allelami wielokrotnymi w locus C. Umaszczenie typu dzikiego (agouti) warunkowane jest występowaniem dominującego allelu C. Allel c^{ch} jest recesywny w stosunku do allelu C i warunkuje umaszczenie typu szynszyla. Allel c^h jest recesywny zarówno w stosunku do allelu C, jak i allelu c^{ch} . Allel c^h warunkuje wzór ubarwienia nazywany himalajskim. Takie króliki mają czarne uszy, nos, ogon oraz łapy. Allel c jest recesywny w stosunku do wszystkich innych alleli. Allel c powoduje brak występowania pigmentu – osobniki homozygotyczne są albinosami.

Na podstawie: A. Sadakierska-Chudy i in., Genetyka ogólna. Skrypt do ćwiczeń dla studentów biologii, Toruń 2004.

28. Określ, które stwierdzenia dotyczące umaszczenia królików są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Króliki o genotypie $c^{ch}c^h$ mają umaszczenie typu szynszyla.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. W wyniku krzyżowania osobnika o genotypie c^hc z osobnikiem o genotypie $c^{ch}c^h$ uzyskamy potomstwo tylko o umaszczeniu typu szynszyla.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Potomstwo homozygoty dominującej CC zawsze będzie miało umaszczenie typu dzikiego (agouti).	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
4. W wyniku krzyżowania osobnika o genotypie Cc^h z osobnikiem o genotypie $c^{ch}c$ uzyskamy potomstwo o czterech różnych fenotypach.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

29. W wyniku krzyżowania osobnika o umaszczeniu typu dzikiego z osobnikiem o umaszczeniu typu szynszyla o genotypie $c^{ch}c^h$ uzyskano potomstwo o umaszczeniu typu dzikiego, szynszyla i himalajskiego w stosunku 2 : 1 : 1.

Określ, wybierając spośród A albo B, jaki genotyp miał osobnik o umaszczeniu typu dzikiego i wybierz odpowiednie uzasadnienie spośród 1.–3.

Osobnik o umaszczeniu typu dzikiego miał genotyp

<input type="checkbox"/> A.	Cc^h	o czym świadczy	<input type="checkbox"/> 1.	uzyskanie potomstwa o umaszczeniu typu szynszyla.
			<input type="checkbox"/> 2.	uzyskanie potomstwa o umaszczeniu typu himalajskiego.
<input type="checkbox"/> B.	Cc^{ch}		<input type="checkbox"/> 3.	uzyskanie 50% potomstwa o umaszczeniu typu dzikiego.

Informacja do zadań 30.–32.

Za czerwoną barwę owocu pomidora odpowiada allel **A**, a za barwę żółtą – allel **a**. Z kolei za jasnozieloną barwę liści odpowiada allel **B**, a za barwę ciemnozieloną – allel **b**.

Po zapyleniu rośliny pomidora o owocach czerwonych i ciemnozielonych liściach pyłkiem rośliny o owocach żółtych i jasnozielonych liściach otrzymano w pokoleniu F_1 wyłącznie rośliny o owocach pomarańczowych i jasnozielonych liściach. Z kolei w pokoleniu F_2 zaobserwowano następujące fenotypy:

- 75 roślin o owocach żółtych i jasnozielonych liściach
- 150 roślin o owocach pomarańczowych i jasnozielonych liściach
- 75 roślin o owocach czerwonych i jasnozielonych liściach
- 25 roślin o owocach żółtych i ciemnozielonych liściach
- 50 roślin o owocach pomarańczowych i ciemnozielonych liściach
- 25 roślin o owocach czerwonych i ciemnozielonych liściach.

30. Wybierz spośród podanych genotypy krzyżowanych roślin w pokoleniu rodzicielskim.

- A. AABB x aabb
- B. AAbb x aaBB
- C. AaBb x AaBb
- D. aaBb x Aabb

31. Wybierz spośród podanych prawidłowe dokończenie zdania.

Jeżeli skrzyżuje się ze sobą rośliny pomidora o owocach pomarańczowych i ciemnozielonych liściach otrzymane w pokoleniu F_2 , to udział roślin o takim samym genotypie w kolejnym pokoleniu F_3 będzie wynosił

- A. 0%
- B. 25%
- C. 50%
- D. 75%
- E. 100%

32. Określ, które stwierdzenia dotyczące dziedziczenia barwy owocu oraz barwy liściu u pomidora są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Geny warunkujące barwę owocu i barwę liści są dziedziczone niezależnie.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Allel warunkujący czerwoną barwę owocu wykazuje dominację zupełną.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Allele warunkujące barwę liści wykazują kodominację.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 33. i 34.

Za kolor owoców pewnej odmiany patisona odpowiadają dwa niezależnie dziedziczące się geny wykazujące pełną dominację, warunkujące wytwarzanie enzymów odpowiadających za powstawanie określonych barwników.

Żółty barwnik owoców tego patisona jest wytwarzany w dwuetapowym procesie przedstawionym na poniższym rysunku.



Bezbarwny związek (warunkujący białą barwę owoców) jest przekształcany przez enzym I w zielony barwnik, który następnie jest przekształcany przez enzym II w barwnik żółty.

Rośliny patisona o genotypie **ww** wytwarzają aktywny enzym I i mogą być zielone lub żółte, w zależności od tego, w jakim układzie występują u nich allele drugiego genu. Gdy w drugim locus jest obecny chociaż jeden allel **Z**, wytwarzany jest aktywny enzym II i związek odpowiadający za zielony kolor jest przekształcany w barwnik nadający owocom kolor żółty.

Na podstawie: B.A. Pierce, *Genetics Essentials: Concepts and Connections 3rd Edition*, 2016.

33. Określ które stwierdzenia dotyczące barwy owoców tej odmiany patisona są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Obecność allelu W w pierwszym locus powoduje, że owoce są białe.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Osobniki o genotypie wwzz mają owoce zielone.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. W wyniku skrzyżowania dwóch roślin o białych owocach nie mogą powstać rośliny dające owoce żółte.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

34. Jakie jest prawdopodobieństwo, że po skrzyżowaniu podwójnie heterozygotycznego patisona z podwójnie homozygotyczną rośliną dającą owoce żółte otrzyma się roślinę o owocach zielonych?

- A. 0%
- B. 12,5%
- C. 25%
- D. 50%
- E. 75%

Informacja do zadań 35. i 36.

Skrzyżowano samca muszki owocowej o genotypie **AaBbCcddEe** z samicą o genotypie **AabbCcDdEe**. Każdy z pięciu genów jest dziedziczony niezależnie od pozostałych.

35. Ile różnych genotypów gamet powstaje w wyniku mejozy u samca o genotypie AaBbCcddEe?

- A. 16
- B. 25
- C. 32
- D. 50
- E. 64

36. Ile wynosi wartość oczekiwana udziału genotypu AabbCcdd ee wśród potomstwa opisanej pary muszek?

- A. 0
- B. 1/32
- C. 1/64
- D. 1/128
- E. 1/256

37. Skutecznym sposobem unikania drapieżników kierujących się wzrokiem są barwy i kształty kryptyczne ciała, o czym świadczy ogromne rozpowszechnienie tej strategii w większości grup systematycznych.

Źródło: J. Weiner, *Życie i ewolucja biosfery*, Warszawa 1999.

Wybierz prawidłowe dokończenie zdania.

Strategia unikania ataku drapieżnika przez patyczaki, polegająca na upodabnianiu się pod względem barwy oraz kształtu ciała do otaczającego środowiska to

- A. mimikra müllerowska.
- B. mimikra batezjańska.
- C. mimetyzm.

38. Konsumenci (roślinożercy i drapieżcy) odżywiają się w sposób wybiórczy (tj. selektywny), powodując zróżnicowaną śmiertelność w rozmaitych klasach wielkości swoich ofiar. Aby wyrazić w sposób ilościowy to zjawisko, zaproponowano wiele wskaźników wybiórczości pokarmowej. Wszystkie opierają się na porównaniu udziału określonej kategorii ofiary (lub cząstek o określonej wielkości) w całkowitej liczbie ofiar/cząstek w pokarmie i w otaczającym środowisku. Jednym z najczęściej wykorzystywanych jest wskaźnik wybiórczości Jacobsa:

$$D = \frac{r - p}{r + p - 2r \times p}$$

gdzie, p to udział ofiar określonej wielkości/typu w środowisku, r to udział jej w treści pokarmowej. Wskaźnik ten może przyjmować wartości od -1 do +1. Wartości mniejsze od 0 oznaczają ujemną wybiórczość w stosunku do określonego typu ofiary (procentowo mniej ofiar tej kategorii jest zjadanych w stosunku do innych), a wartości większe od 0 oznaczają dodatnią selekcję (ofiary należące do tej kategorii są zjadane częściej niż inne). Taki sam udział ofiar z określonej klasy wielkości w środowisku i w pokarmie drapieżcy/roślinożercy oznacza jego neutralność wobec tej kategorii pokarmu ($D = 0$).

Pewna populacja ryb ma w środowisku do dyspozycji pokarm w trzech klasach wielkości (A, B i C) w następujących proporcjach:

Klasa	Liczba	Udział
A	600	0,60
B	250	0,25
C	150	0,15

Natomiast proporcje klas wielkości pokarmu w żołądkach ryb są następujące:

Klasa	Liczba	Udział
A	15	0,47
B	8	0,25
C	9	0,28

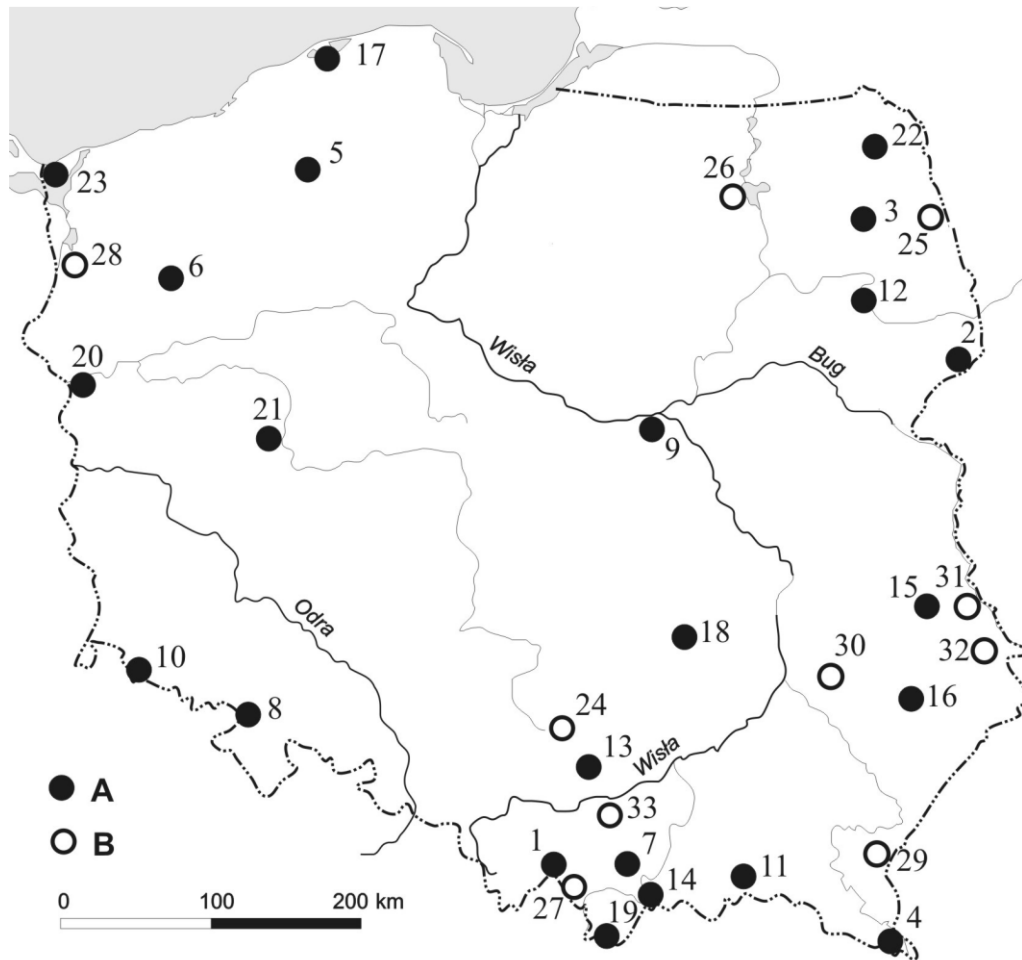
Postępując się wskaźnikiem wybiórczości Jacobsa, określ, które stwierdzenia dotyczące preferencji pokarmowych opisanej populacji ryb są prawdziwe, a które – fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda czy fałsz?
1. Ryby szczególnie chętnie jedzą pokarm w klasie A.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
2. Pokarm w klasie B jest zjadany przez ryby w sposób niewybiórczy.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz
3. Ryby unikają zjadania pokarmu w klasie C.	<input type="checkbox"/> prawda / <input type="checkbox"/> fałsz

Informacja do zadań 39. i 40.

Na poniższej mapie przedstawiono lokalizację parków narodowych na terenie Polski.

Legenda: A – parki istniejące, B – parki projektowane.



Źródło: red. A. Matuszyk, Folia Turistica 22, 2010.

39. Do każdego z wymienionych poniżej istniejących parków narodowych Polski niżowej dopasuj odpowiedni numer z mapy.

1. Kampinoski: 2. Słowiński: 3. Biebrzański:

40. Do każdego z wymienionych poniżej istniejących parków narodowych Sudetów i Karpat dopasuj odpowiedni numer z mapy.

1. Gór Stołowych: 2. Magurski: 3. Babiogórski:

BRUDNOPIS

W tym miejscu możesz robić pomocnicze notatki i wyliczenia.

Pamiętaj o zaznaczeniu prawidłowej odpowiedzi w arkuszu odpowiedzi.

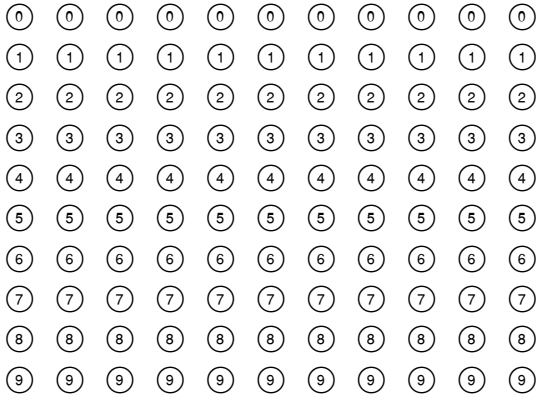
Żadne notatki z brudnopisu nie będą oceniane przez Komisję Egzaminacyjną.

PESEL

Imię i nazwisko

PESEL identification number input field (11 digits)

Name and surname input field



.....
podpis zawodnika

Questions 1-9 with OMR options (A, B, C, D, E, F, T, N)

Questions 10-16 with OMR options (A, B, C, D, E, F, P, 1, 2)

Questions 17-25 with OMR options (A, B, C, D, E, F, T, N)



26 1 (A) (B) ●
2 (A) ● (C)
3 ● (B) (C)

27 1 (A) (B) ●
2 ● (B) (C)
3 (A) ● (C)

28 1 ● (F)
2 (P) ●
3 ● (F)
4 (P) ●

29 ● (1)
(B) ●
(3)

30 (A) ● (C) (D)

31 (A) (B) ● (D) (E)

32 1 ● (F)
2 (P) ●
3 (P) ●

33 1 ● (F)
2 ● (F)
3 (P) ●

34 ● (B) (C) (D) (E)

35 ● (B) (C) (D) (E)

36 (A) (B) ● (D) (E)

37 (A) (B) ●

38 1 (P) ●
2 ● (F)
3 (P) ●

39 1 (1) (2) (3) (4) (5) (6) (7) (8) ● (10) (11) (12) (13) (14) (15) (16) (17) (18) (19) (20) (21) (22) (23)
2 (1) (2) (3) (4) (5) (6) (7) (8) (9) (10) (11) (12) (13) (14) (15) (16) ● (18) (19) (20) (21) (22) (23)
3 (1) (2) ● (4) (5) (6) (7) (8) (9) (10) (11) (12) (13) (14) (15) (16) (17) (18) (19) (20) (21) (22) (23)

40 1 (1) (2) (3) (4) (5) (6) (7) ● (9) (10) (11) (12) (13) (14) (15) (16) (17) (18) (19) (20) (21) (22) (23)
2 (1) (2) (3) (4) (5) (6) (7) (8) (9) (10) ● (12) (13) (14) (15) (16) (17) (18) (19) (20) (21) (22) (23)
3 ● (2) (3) (4) (5) (6) (7) (8) (9) (10) (11) (12) (13) (14) (15) (16) (17) (18) (19) (20) (21) (22) (23)

