




Regulacja dostępu do genu u organizmów eukariotycznych

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Symulacja interaktywna](#)
- [Sprawdź się](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Regulacja dostępu do genu u organizmów eukariotycznych

Gen, fragment DNA (lub u niektórych wirusów RNA) kodujący określone białko lub RNA.
Źródło: Pixabay, domena publiczna.

Genom eukariotyczny ma znacznie bardziej skomplikowaną budowę od genomu prokariotycznego. Wymusza to zaangażowanie większej liczby mechanizmów regulacji ekspresji genów, w celu precyzyjnej kontroli, które z genów ulegną ekspresji w poszczególnych komórkach rozwijającego się, a następnie dojrzałego organizmu. Ocenia się, że jedynie 15% genów z całego genomu danej komórki ulega transkrypcji, podczas gdy pozostałe są wyłączone. W komórkach eukariotycznych większość genów podlega kontroli niezależnie od innych, a takie ich wybiórcze transkrybowanie powoduje różnicowanie się komórek w różne typy, mimo że wszystkie pochodzą od tej samej zapłodnionej komórki jajowej.

Twoje cele

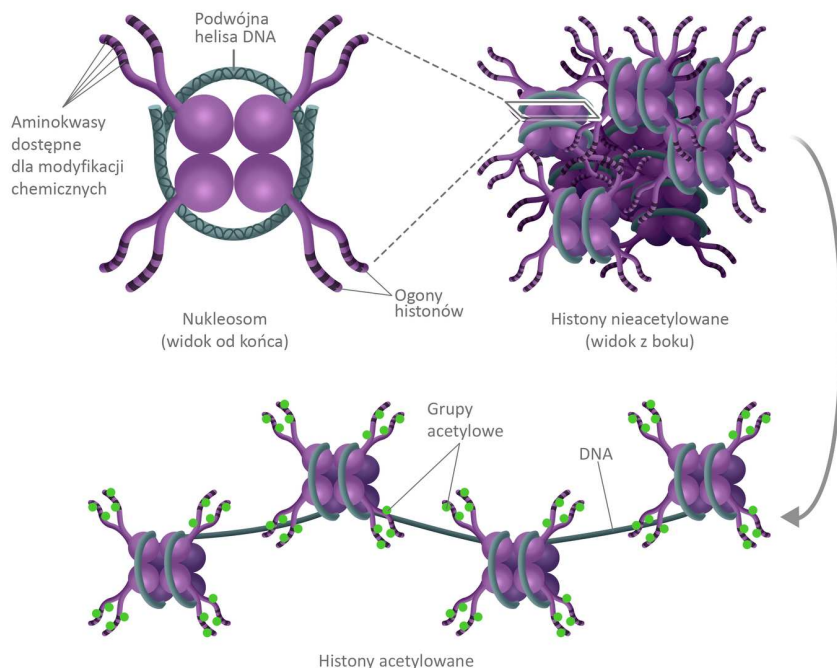
- Wyjaśnisz, na czym polega proces regulacji dostępu do genu.
- Przedstawisz istotę regulacji dostępu do genu u organizmów eukariotycznych.
- Opiszysz znaczenie spiralizacji i despiralizacji chromatyny w odpowiedzi na zmiany metylacji DNA oraz metylacji i acetylacji histonów.

Przeczytaj

DNA występuje w postaci chromatyny

DNA w jądrze komórkowym jest upakowane razem z białkami w skomplikowany kompleks zwany [chromatyną](#). Jej podstawową jednostkę stanowi [nukleosom](#), zawierający nić DNA nawiniętą niespełna dwa razy wokół białkowego rdzenia składającego się z czterech rodzajów [histonów](#). W skład kompleksu białkowego wchodzi po dwa histony H2A, H2B, H3 i H4. Końce aminowe histonów tworzą ogon odstający na zewnątrz nukleosomu, który jest zaangażowany w regulację ekspresji genów.

Regulacja ekspresji genów zachodzi poprzez dodanie lub usunięcie określonych grup chemicznych, np. [acetylowej](#) czy [metylowej](#), a przez to wpływa na organizację strukturalną chromatyny. Występowanie chromatyny w postaci rozluźnionej [euchromatyny](#) sprzyja transkrypcji, natomiast przyjęcie postaci skondensowanej [heterochromatyny](#) ogranicza ten proces. Im bardziej chromatyna jest upakowana, tym trudniej jest [polimerazie RNA](#) przyłączyć się do niej i rozpocząć transkrypcję określonego genu.



Chromatyna z histonami nieacetylowanymi i z histonami acetylowanymi. Region chromatyny zawierający nieacetylowane histony tworzy kompaktową strukturę. Acetylacja histonów prowadzi do rozluźnienia struktury chromatyny, dzięki czemu może zajść proces transkrypcji.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., na podstawie Reece J.B. i in., *Biologia Campbella*, Dom Wydawniczy REBIS, Poznań 2019, s. 366., licencja: CC BY-SA 3.0.

Modyfikacje histonów

W komórkach eukariotycznych regulacja ekspresji genów dotyczy każdego genu z osobna. Jej kluczowymi elementami są odwracalne modyfikacje histonów: acetylacja i metylacja.

Acetylacja i deacetylacja histonów

Ważne!

Acetylacja to modyfikacja, która polega na przyłączeniu grupy acetylowej do białka przez acetylazę. Procesem odwrotnym do acetylacji jest **deacetylacja**, polegająca na odszczepieniu grupy acetylowej od cząsteczki białka przez deacetylazę.

Podczas acetylacji grupa acetylowa jest przenoszona z [acetylokoenzymu A](#) na resztę lizyny wchodzącej w skład ogona histonu. Deacetylacja natomiast jest reakcją odwrotną, a oba procesy są katalizowane przez dwa odpowiednie enzymy. Acetylacja histonów powoduje rozluźnienie chromatyny, a deacetylacja – jej kondensację.

Metylacja histonów

Ważne!

Metylacja to modyfikacja, która polega na przyłączeniu grupy metylowej do białka przez metylotransferazę.

Aminokwasy wchodzące w skład ogonów histonów ulegają również metylacji (przyłączaniu grup metylowych), która może zarówno aktywować transkrypcję, jak i ją blokować. To, jaki wpływ ten proces będzie miał na ekspresję genu zależy od rodzaju oraz poziomu metylacji poszczególnych aminokwasów. Najczęściej zwiększony poziom metylacji histonów związany jest z kondensacją chromatyny, a zatem ograniczeniem transkrypcji w danym rejonie DNA.

Inne modyfikacje histonów

Histony mogą również podlegać innym modyfikacjom wpływającym na strukturę chromatyny, m.in. fosforylacji (przyłączeniu reszty fosforanowej), ubikwitynacji (przyłączeniu ubikwityny, białka o niewielkiej masie cząsteczkowej) czy formylacji (przyłączeniu grupy formylowej).

Więcej o acetylokoenzymie A w e-materiale: [Acetylo-CoA – budowa i znaczenie w procesach anabolicznych i katabolicznych.](#)

Więcej o modyfikacjach potranslacyjnych białek w e-materiale: [Modyfikacje potranslacyjne białek.](#)

Metylacja DNA

Metylacja DNA jest procesem polegającym na dołączaniu grup metylowych do cytozyny lub adeniny określonych nukleotydów. Proces ten wpływa na regulację ekspresji informacji genetycznej poprzez blokowanie dostępu polimerazie RNA do sekwencji promotorowych poszczególnych genów. Metylacja DNA jest kluczowa dla prawidłowego rozwoju, m.in. przez regulowanie dezaktywacji jednego z chromosomów X, starzenia się czy też nowotworzenia.

Ważne!

Na ekspresję informacji genetycznej wpływają także modyfikacje RNA, regulując splicing, transport mRNA do cytoplazmy i translację. Mechanizmy regulujące te procesy muszą zostać jeszcze lepiej poznane.

Modyfikacje DNA, jak i białek histonowych, są odwracalne i zależą od potrzeb danej komórki w danym czasie, przy czym niektóre fragmenty DNA są nieaktywne przez całe jej życie.

Słownik

acetylokoenzym A

koenzym A związany tioestrowo z resztą kwasu octowego; występuje we wszystkich organizmach; odgrywa kluczową rolę w metabolizmie komórki, przenosząc jednostki dwuwęgłowe między różnymi związkami biochemicznymi; jest związkiem wyjściowym do licznych syntez (m.in. kwasów tłuszczowych, steroidów, karotenoidów); powstaje w toku przemian katabolicznych tłuszczów, glukozy i niektórych aminokwasów

chromatyna

(gr. *chrōma* – barwa) podstawowy składnik chromosomów; jest zbudowana z DNA i białek histonowych

euchromatyna

(gr. *eu* – dobrze, *chrōma* – barwa) forma chromatyny; ma dość luźną strukturę, która umożliwia transkrypcję

genom

(gr. *génos* – ród, pochodzenie) kompletny materiał genetyczny danego organizmu lub komórki

grupa acetylowa

(łac. *acetum* – ocet) grupa funkcyjna wywodząca się z kwasu octowego; zawiera ugrupowanie $\text{CH}_3\text{-C(O)-}$

grupa metylowa

grupa funkcyjna wywodząca się z metanu; zawiera ugrupowanie $-\text{CH}_3$

heterochromatyna

(gr. *héteros* – inny, chróma – barwa) obszary chromatyny o dużym stopniu kondensacji; nie jest aktywna transkrypcyjnie

histon

(gr. *histós* – tkanka) białko zasadowe występujące w jądrach komórkowych roślin i zwierząt, w kompleksie z DNA zwanym chromatyną; duża zawartość dodatnio naładowanych grup aminowych histonów neutralizuje oddziaływania ujemnie naładowanych grup fosforanowych DNA; daje to możliwość owinięcia się cząsteczek DNA wokół białek histonowych i upakowania długich nici DNA

nukleosom

(łac. *nucleus* – rdzeń) podstawowa jednostka strukturalna chromatyny, zawierająca oktamer histonowy (po dwa histony H2A, H2B, H3 i H4), na który nawinięte jest DNA, spięte histonem łącznikowym H1

polimeraza RNA

enzym syntezujący nić RNA na matrycy DNA w procesie transkrypcji

Symulacja interaktywna

Symulacja 1

Klikając na poszczególne modyfikacje, obserwuj, w jaki sposób regulują one dostęp do genu.



Zasób interaktywny dostępny pod adresem <https://zpe.gov.pl/a/D10DQgHpp>

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

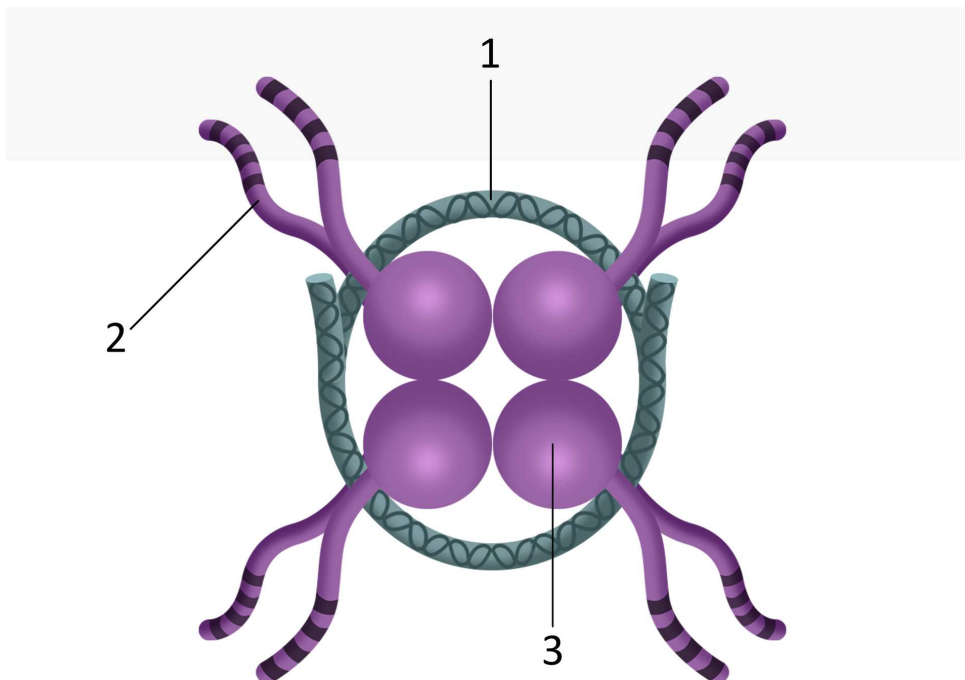
Polecenie 1

Polecenie 2

Sprawdź się

Pokaż ćwiczenia:   

Ćwiczenie 1



Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Ćwiczenie 2



Ćwiczenie 3



Ćwiczenie 4



Ćwiczenie 5



Ćwiczenie 6



Ćwiczenie 7



Ćwiczenie 8

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Regulacja dostępu do genu u organizmów eukariotycznych

Grupa docelowa: uczniowie III etapu edukacyjnego – kształcenie w zakresie rozszerzonym

Podstawa programowa:

Zakres podstawowy

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

VI. Ekspresja informacji genetycznej w komórkach człowieka. Uczeń:

6) przedstawia istotę regulacji ekspresji genów.

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

XIII. Ekspresja informacji genetycznej. Uczeń:

9) przedstawia istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych.

Kształtowane kompetencje kluczowe:

- kompetencje cyfrowe;
- kompetencje osobiste, społeczne i w zakresie umiejętności uczenia się;
- kompetencje matematyczne oraz kompetencje w zakresie nauk przyrodniczych, technologii i inżynierii.

Cele operacyjne (językiem ucznia):

- Wyjaśnisz, na czym polega proces regulacji dostępu do genu.
- Przedstawisz istotę regulacji dostępu do genu u organizmów eukariotycznych.
- Opiszysz znaczenie spiralizacji i despiralizacji chromatyny w odpowiedzi na zmiany metylacji DNA oraz metylacji i acetylacji histonów.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- rozmowa kierowana;
- ćwiczenia interaktywne;
- symulacja;
- mapa pojęć;
- gwiazda pytań.

Formy pracy:

- praca indywidualna;
- praca w parach;
- praca w grupach;
- praca całego zespołu klasowego.

Środki dydaktyczne:

- komputery z głośnikami, słuchawkami i dostępem do internetu;
- zasoby multimedialne zawarte w e-materiale;
- tablica interaktywna/tablica, pisak/kreda;
- telefony z dostępem do internetu.

Przed lekcją:

1. Uczniowie zapoznają się z treścią w sekcji „Przeczytaj”.

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji oraz cele zajęć, omawiając lub ustalając razem z uczniami kryteria sukcesu.
2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel rozpoczyna pogadankę, zadając pytanie:
 - Na czym polega proces regulacji dostępu do genu?Odpowiadają wybrani uczniowie. W przypadku błędnych lub niepełnych odpowiedzi nauczyciel nie krytykuje uczniów i nie udziela poprawnych odpowiedzi, tylko przechodzi do fazy realizacyjnej, wyrażając nadzieję, że lekcja pozwoli na skorygowanie błędów i uzupełnienie luk w wiedzy uczniów.

Faza realizacyjna:

1. **Praca z multimedium („Symulacja interaktywna”).** Nauczyciel wyświetla symulację interaktywną dotyczącą wpływu zmian metylacji i acetylacji histonów na spiralizację i despiralizację chromatyny. Wspólnie z uczniami dokonuje jej analizy. Prosi podopiecznych, by pracując w parach, wykonali polecenie nr 1 („Wykaż związek

acetylacji i deacetylacji histonów z ekspresją informacji genetycznej fragmentu DNA przedstawionego na symulacji interaktywnej. W odpowiedzi uwzględnij zmiany w strukturze DNA”). Uczniowie konsultują swoje rozwiązania z inną, najbliższą siedzącą parą. Wybrane zespoły przedstawiają odpowiedź na forum klasy.

2. Uczniowie w parach zapoznają się z poleceniem nr 2 („Wykaż związek metylacji i demetylacji histonów z ekspresją informacji genetycznej fragmentu DNA przedstawionego na symulacji interaktywnej. W odpowiedzi uwzględnij zmiany w strukturze DNA.”) i wspólnie rozwiązują zadanie. Wybrane osoby przedstawiają odpowiedź na forum klasy.
3. **Gwiazda pytań.** Nauczyciel dzieli klasę na trzy grupy. Każdy zespół otrzymuje arkusz papieru A3 z ilustracją gwiazdy. Zadaniem uczniów jest umieszczenie na ramionach gwiazdy pięciu pytań dotyczących tematu lekcji. Każdy zespół po napisaniu pytań przekazuje gwiazdę innej grupie, zgodnie z kierunkiem wskazówek zegara. Teraz zadaniem uczniów jest udzielenie odpowiedzi na zadane pytania na podstawie wiadomości znajdujących się w e-materiale.
Uczniowie swoje odpowiedzi zapisują na otrzymanym arkuszu papieru A3. Po upływie wyznaczonego czasu grupy prezentują swoje gwiazdy. Nauczyciel w razie potrzeby uzupełnia informacje, wyjaśnia wątpliwości.
4. **Utrwalenie wiedzy i umiejętności.** Uczniowie samodzielnie wykonują ćwiczenie nr 6 („Wyjaśnij, dlaczego acetylacja białek histonowych nie może być odpowiedzialna za regulację ekspresji genów w DNA chloroplastowym”) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie w 4-osobowych grupach omawiają prawidłowe rozwiązanie. Po upływie wyznaczonego czasu wskazany przez nauczyciela przedstawiciel grupy prezentuje odpowiedź wraz z jej uzasadnieniem. Klasa ustosunkowuje się do niej. Nauczyciel udziela uczniom informacji zwrotnej.

Faza podsumowująca:

1. Klasa wspólnie wykonuje na tablicy mapę pojęć podsumowującą zajęcia.
2. Nauczyciel wyświetla treści zawarte w sekcji „Wprowadzenie” i na ich podstawie dokonuje podsumowania najważniejszych informacji przedstawionych na lekcji. Wyjaśnia także wątpliwości uczniów.

Praca domowa:

1. Wykonaj ćwiczenia od 1 do 5 z sekcji „Sprawdź się”.
2. Dla chętnych: Wykonaj ćwiczenia nr 7 i 8 z sekcji „Sprawdź się”.

Materiały pomocnicze:

- Jane B. Reece i in., „Biologia Campbella”, tłum. K. Stobrawa i in., Dom Wydawniczy REBIS, Poznań 2021.
- „Encyklopedia szkolna. Biologia”, red. Marta Stęplewska, Robert Mitoraj, Wydawnictwo Zielona Sowa, Kraków 2006.

Dodatkowe wskazówki metodyczne:

- Nauczyciel może wykorzystać medium zamieszczone w sekcji „Symulacja interaktywna” do podsumowania lekcji.