



## Regulacja potranskrypcyjna – alternatywny splicing

- Wprowadzenie
- Przeczytaj
- Symulacja interaktywna
- Sprawdź się
- Dla nauczyciela



## Regulacja potranskrypcyjna – alternatywny splicing

Powstawanie różnych białek z jednego genu możliwe jest dzięki zjawisku alternatywnego splicingu.

Źródło: quapan, Flickr, licencja: CC BY-SA 2.0.

U człowieka występuje podobna liczba genów (ok. 30 000, z czego 20–25 000 genów koduje białka), co u dużo prostszych organizmów, np. nicienia glebowego (*C. elegans*, ponad 20 000 genów) czy ukwiału (*Sea Anemone*, ok. 18 000 genów), a jednak jego anatomia i fizjologia są dużo bardziej skomplikowane.

Jest to możliwe dzięki alternatywnemu splicingowi, zachodzącemu u większości eukariontów. Proces ten pozwala na wytwarzanie różnych rodzajów mRNA z tego samego genu. W konsekwencji w różnych tkankach powstają różne formy białek, co przekłada się na dużą złożoność organizmu.

### Twoje cele

- Opisziesz przebieg alternatywnego splicingu.
- Wyjaśnisz, w jaki sposób alternatywny splicing zwiększa liczbę rodzajów białek syntetyzowanych w komórkach.
- Wyjaśnisz, na czym polega różnica między splicingiem klasycznym a alternatywnym.
- Przedstawisz istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych.

# Przeczytaj

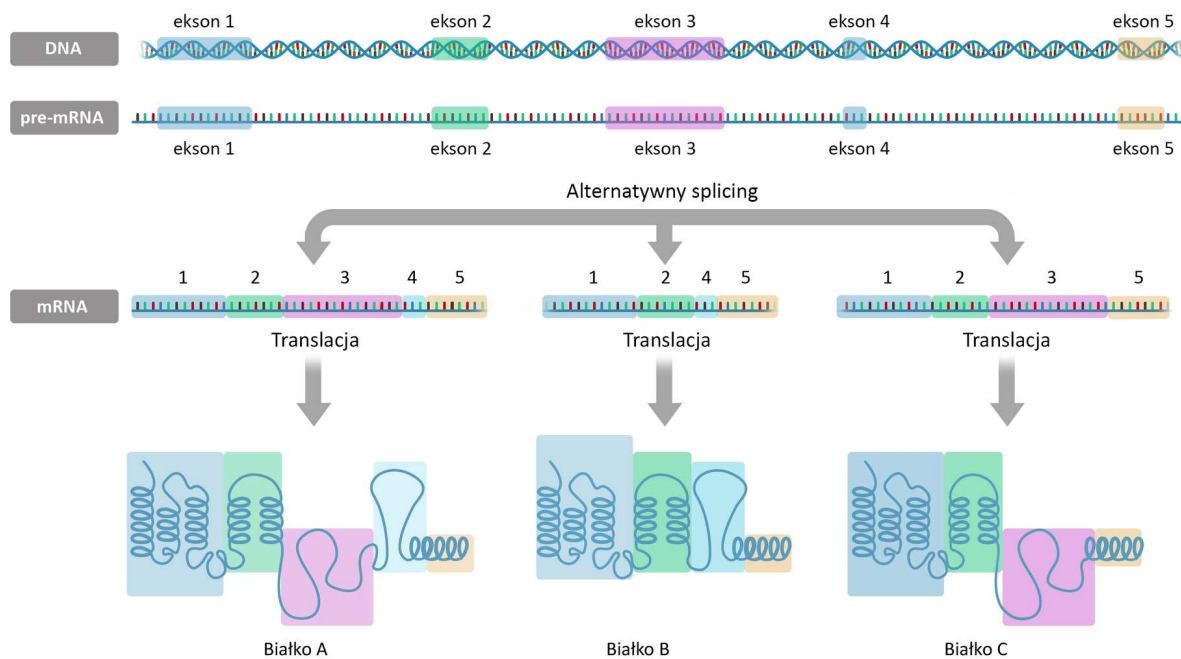
---

**Transkrypcja** jest procesem prowadzącym do powstania **pre-mRNA**. Nie jest to jeszcze cząsteczka, z której na rybosomach może być odczytana informacja o budowie białka podczas **translacji**. Takie pre-mRNA przed opuszczeniem jądra komórkowego musi mieć dołączoną czapkę i ogon poli(A) oraz wycięte introny. Sposób wycięcia intronów i eksonów z pierwotnego transkryptu (pre-mRNA) determinuje rodzaj powstałego dojrzałego mRNA, wpływając tym samym na końcowy produkt ekspresji genu. Regulacja ekspresji genów może obejmować mechanizmy uruchamiane podczas **obróbki potranskrypcyjnej**. W ten sposób dostosowana jest synteza poszczególnych białek w komórkach w odpowiedzi na zmiany środowiskowe.

Więcej na ten temat w e-materiale *Modyfikacje potranskrypcyjne RNA u Eukaryota*.

## Alternatywny splicing

W komórkach eukariotycznych na pierwotny transkrypt składają się odcinki kodujące informacje o budowie białka (eksony) oraz odcinki niekodujące (introny). W komórkach występują specyficzne dla danego rodzaju komórki białka regulatorowe, które kontrolują wybór wycinanych intronów i eksonów z pre-mRNA. W konsekwencji wybrany odcinek pre-mRNA może w jednych komórkach zostać wycięty, podczas gdy w innych może być częścią cząsteczki mRNA. W ten sposób powstaną różne **transkrypty ostateczne**, a na podstawie informacji w nich zawartych zostaną utworzone różne warianty białka (**izoformy**).



**Ogólny schemat alternatywnego splicingu.** Przedstawiony gen składa się z 5 eksonów oraz znajdujących się pomiędzy nimi intronów. Po transkrypcji powstaje pre-mRNA zawierające wszystkie eksony i introny. W wyniku alternatywnego splicingu mogą powstać 3 różne białka, zwane izoformami, zawierające domeny kodowane przez odpowiednie eksony (dla rozróżnienia poszczególnym eksonom oraz kodowanym przez nie domenom białkowym przyporządkowane zostały różne kolory). Białko A składa się z domen kodowanych przez wszystkie pięć eksonów, białko B z domen kodowanych przez eksony 1, 2, 4 i 5, podczas gdy białko C składa się z domen kodowanych przez eksony 1, 2, 3 i 5. W ten sposób na podstawie jednego pre-mRNA powstały trzy różne białka.

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

## Rola alternatywnego splicingu

Ponad 95% ludzkich genów składających się z kilku eksonów ulega alternatywnemu splicingowi, kodując co najmniej dwie izoformy białek. Ekspresja poszczególnych form białka jest specyficzna dla różnych typów tkanek oraz etapu rozwoju organizmu, a nawet dla poszczególnych osobników czy populacji. Alternatywny splicing jest zaangażowany w regulację procesów fizjologicznych, ale także patologicznych. Prawidłowo przebiegający alternatywny splicing przyczynia się np. do syntezy różnych wariantów przeciwciał przez komórki układu immunologicznego. Natomiast nieprawidłowy przebieg obróbki może doprowadzić do powstania komórek nowotworowych.

Więcej informacji na temat splicingu w e-materiale [Modyfikacje potranskrypcyjne RNA u Eukaryota](#).

# Słownik

## **izoformy białka**

zbiór podobnych białek, pochodzących z jednego genu lub rodziny genów

## **obróbka potranskrypcyjna**

modyfikacje, dzięki którym z uzyskanego podczas transkrypcji pre-mRNA powstaje dojrzały mRNA

## **pre-mRNA**

RNA powstałe w wyniku transkrypcji, mające w swojej sekwencji eksony oraz introny

## **transkrypcja**

(łac. *transcriptio* – przepisywanie) proces syntezy RNA, podczas którego na matrycy DNA syntetyzowana jest komplementarna nić mRNA

## **transkrypt ostateczny**

mRNA, które składa się tylko z odpowiednich eksonów

## **translacja**

drugi etap biosyntezy białka, podczas którego, na podstawie informacji zapisanej w nici mRNA, syntetyzowany jest polipeptyd

# Symulacja interaktywna

---

## Symulacja 1

Kliknij na poszczególne elementy symulacji, żeby przeprowadzić proces splicingu.

Regulacja potranskrypcyjna – splicing alternatywny

Start

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

Regulacja potranskrypcyjna – alternatywny splicing.




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

## Polecenie 1

## Polecenie 2

# Sprawdź się

---

Pokaż ćwiczenia:   

Ćwiczenie 1



Ćwiczenie 2



Ćwiczenie 3



Ćwiczenie 4



Ćwiczenie 5



Ćwiczenie 6

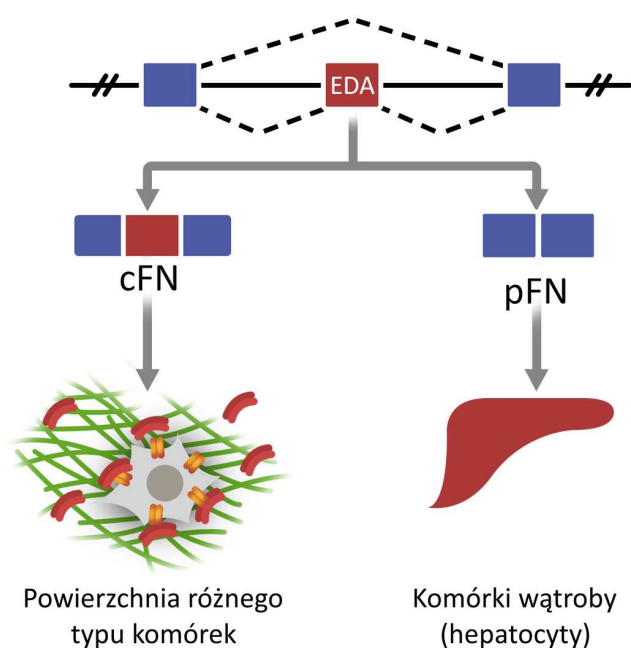


## Ćwiczenie 7



Fibronektyna jest glikoproteiną o zdolności do zmiany struktury przestrzennej w zależności od środowiska i potrzeb organizmu. Fibronektyna występuje w dwóch izoformach: rozpuszczalnej – osoczowej (pFN), która jest syntetyzowana w hepatocytach, oraz nierozpuszczalnej, włóknistej cFN, która jest syntetyzowana lokalnie przez różne typy komórek oraz w macierzy pozakomórkowej, głównie w tkance łącznej. Występując we krwi, cFN bierze udział wraz z fibryną w procesie odbudowania zniszczonej tkanki.

Gen fibronektyny był jednym z pierwszych genów, u których opisano mechanizm alternatywnego splicingu. Na schemacie przedstawiono powstawanie transkryptów ostatecznych różnych form fibronektyny. Prostokąty symbolizują różne eksony genu fibronektyny.



## Ćwiczenie 8



„Alternatywny splicing, zwany także alternatywnym składaniem, to zjawisko zachodzące po zakończeniu transkrypcji, czyli »przepisania« informacji genetycznej zapisanej w DNA do formy RNA. Ten ostatni funkcjonuje jako »tymczasowa kopia«, wykorzystywana przez komórkę jako instrukcja niezbędna np. do wytworzenia cząsteczki białka. O alternatywnym składaniu mówimy wtedy, gdy RNA wytworzone na matrycy określonego genu jest »przycinane« z udziałem enzymów na kilka możliwych sposobów. Można w ten sposób uzyskać kilka różnych produktów (np. białek) na podstawie informacji zakodowanych w pojedynczym genie”.

Źródło: Wojciech Grzeszkowiak, *Tak się składa, że to RNA!*, [on-line] [dostęp 10.12.2020], KopalniaWiedzy.pl.

# Dla nauczyciela

---

**Autor:** Anna Juwan

**Przedmiot:** Biologia

**Temat:** Regulacja potranskrypcyjna – alternatywny splicing

**Grupa docelowa:** uczniowie III etapu edukacyjnego – kształcenie w zakresie podstawowym i 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):**

- Opisziesz przebieg alternatywnego splicingu.
- Wyjaśnisz, w jaki sposób alternatywny splicing zwiększa liczbę rodzajów białek syntetyzowanych w komórkach.
- Wyjaśnisz, na czym polega różnica między splicingiem klasycznym a alternatywnym.
- Przedstawisz istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych.

**Strategie nauczania:**

- konstruktywizm;

- konektywizm.

### **Metody i techniki nauczania:**

- z użyciem komputera;
- ćwiczenia interaktywne;
- symulacja;
- 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. **Przygotowanie do zajęć.** Nauczyciel loguje się na platformie i udostępnia uczniom e-materiał „Regulacja potranskrypcyjna – alternatywny splicing”. Prosi uczestników zajęć o rozwiązanie ćwiczenia nr 3 (polegającego na uzupełnieniu tekstu dotyczącego tematu lekcji) z sekcji „Sprawdź się” na podstawie treści w sekcji „Przeczytaj”.

### **Przebieg lekcji**

#### **Faza wstępna:**

1. Nauczyciel wyświetla cele zajęć z sekcji „Wprowadzenie”, a następnie wspólnie z uczniami ustala kryteria sukcesu.
2. **Raport z przygotowań.** Nauczyciel za pomocą dostępnego w panelu użytkownika raportu weryfikuje przygotowanie uczniów do lekcji, m.in. sprawdza, kto wykonał zadane ćwiczenie. Może wyświetlić odpowiedzi uczniów na tablicy interaktywnej. Prosi wybranego ucznia o uzasadnienie swojego rozwiązania.

#### **Faza realizacyjna:**

1. **Gwiazda pytań.** Nauczyciel dzieli uczniów na trzy grupy, a następnie rozdaje każdej z nich schemat „gwiazdy pytań” (zob. materiały pomocnicze). Uczniowie na podstawie e-materiału oraz innych źródeł mają za zadanie opracować odpowiedzi na pytania

widniejące na schemacie. Następnie każdy zespół dopisuje pozostałe, własne pytania i daje je do rozwiązania innej grupie.

Wybrani przez nauczyciela uczniowie kolejno prezentują wyniki prac swojego zespołu.

- Praca z multimediami („Symulacja interaktywna”).** Nauczyciel wyświetla symulację interaktywną i wspólnie z uczniami dokonuje jej analizy. Prosi podopiecznych, by pracując w parach, sformułowali wyjaśnienie, dlaczego podczas obróbki potranskrypcyjnej część nukleotydów jest usuwana z pierwotnego RNA (polecenie nr 1), oraz wymienili różnice pomiędzy splicingiem klasycznym a alternatywnym (polecenie nr 2). Następnie uczniowie konsultują swoje rozwiązania z inną, najbliższą siedzącą parą.
- Utrwalenie wiedzy i umiejętności.** Uczniowie dobierają się w pary i wykonują ćwiczenia nr 7 (odnoszące się do tekstu na temat genu fibronektyny) i nr 8 (odnoszące się do tekstu o alternatywnym splicingu) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie konsultują swoje rozwiązania z inną parą uczniów i formułują wspólne uzasadnienia. Nauczyciel w razie potrzeby naprowadza ich na prawidłowy tok rozumowania. Chętni prezentują odpowiedzi na forum klasy. Nauczyciel udziela informacji zwrotnej.

#### **Faza podsumowująca:**

- Uczniowie rozwiązują ćwiczenie nr 4 (typu „prawda/fałsz”) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie przygotowują podobne zadanie dla osoby z pary: tworzą trzy prawdziwe lub fałszywe zdania dotyczące tematu lekcji. Uczniowie wykonują ćwiczenie otrzymane od kolegi lub koleżanki.
- Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”. W tym kontekście dokonuje podsumowania najważniejszych informacji przedstawionych na lekcji oraz wyjaśnia wątpliwości uczniów.

#### **Praca domowa:**

- Wykonaj ćwiczenia 1, 2 i 3 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.

Załącznik 1. Gwiazda pytań.

Plik o rozmiarze 73.96 KB w języku polskim

#### **Dodatkowe wskazówki metodyczne:**

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

