

Budowa genu eukariotycznego

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Film samouczek](#)
- [Sprawdź się](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Geny eukariontów położone są na liniowych cząsteczkach DNA, które są upakowane w chromosomach.

Źródło: Wikimedia Commons, domena publiczna.

Typowe dla organizmów eukariotycznych są geny nieciągłe – składające się z sekwencji kodujących (eksonów) i sekwencji niekodujących (intronów). Gen nieciągły może zawierać kilka lub wiele intronów o znacznej długości, co stanowi jedną z przyczyn, dla których genomy nawet najprostszych eukariontów są większe niż genomy prokariotyczne.

Twoje cele

- Opiszysz strukturę genu eukariotycznego.
- Wyjaśnisz czym są geny nieciągłe i jak taka budowa genu wpływa na proces jego ekspresji.
- Wskażesz funkcje poszczególnych elementów genu eukariotycznego.

Przeczytaj

Gen to odcinek DNA, który zawiera pełną informację o budowie białka i RNA przekazywaną organizmom potomnym. Informacja genetyczna zapisana jest w sekwencji (kolejności) nukleotydów kwasów nukleinowych – DNA lub RNA, w przypadku wirusów RNA. Liczba genów w **genomie** organizmów różni się znacznie między gatunkami.

Wyróżnia się dwa rodzaje genów:

- Geny ciągłe występują głównie w genomie organizmów prokariotycznych.
- **Geny nieciągłe** występują w komórkach eukariotycznych. Geny te zawierają długie sekwencje zasad, które nie kodują aminokwasów tworzących ostateczny produkt – są to tzw. sekwencje przerywnikowe, określane jako **introny**. Natomiast sekwencje kodujące (ulegające ekspresji) to **eksony**.

Zapamiętaj!

U eukariontów regiony kodujące większości genów nie są ciągłe. Składają się z obszarów transkrybowanych do mRNA – eksonów, przerywanych intronami, odcinkami DNA niewystępującymi w dojrzałym mRNA.



Budowa genu nieciągłego.

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

Typowy gen eukariotyczny zawiera wiele intronów i eksonów. Liczba intronów i eksonów w poszczególnych genach może być różna.

Przykładowo:

- gen beta-globiny (kodujący jedną z podjednostek hemoglobiny) zawiera dwa introny;
- gen owoalbuminy (białko występującego w jajach) zawiera ich siedem;
- gen kodujący konalbuminę (inny składnik białka jaja) – szesnaście.

Łączna długość intronów przewyższa długość eksonów: ich łączne sekwencje zajmują często ponad 95% sekwencji pierwotnego transkryptu. Na przykład gen owoalbuminy zawiera ok. 7700 par zasad, z czego jedynie 1859 to eksony.

Ważne!

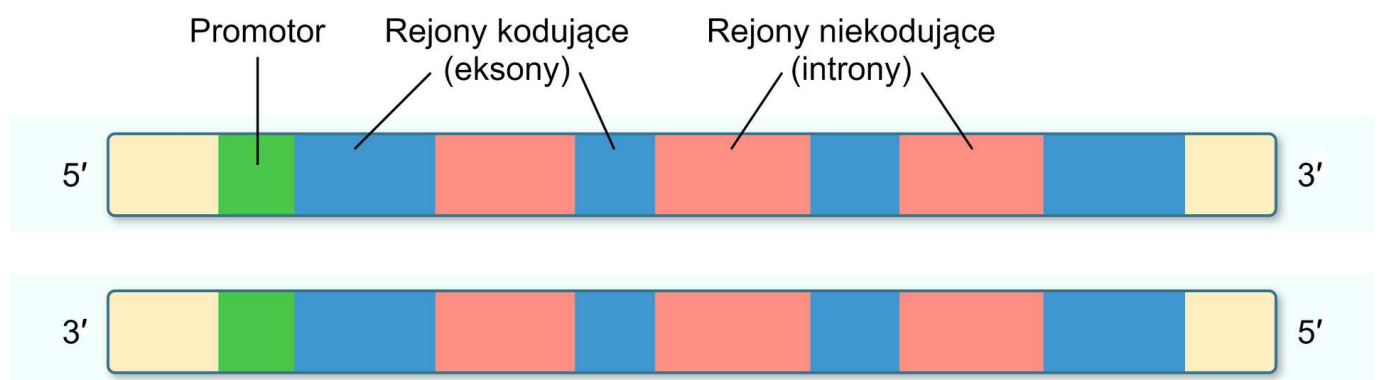
Jeszcze kilkanaście lat temu introny były uważane za „śmieciowy” DNA. Sądzono, że po wycięciu z **pre-mRNA** introny, jako sekwencje niepotrzebne, ulegają kompletnej degradacji. Okazało się, że w intronach mogą się znajdować sekwencje kodujące należące do innego genu, a także sekwencje wzmacniające transkrypcję, np. tzw. **sekwencje regulatorowe**. Obecnie wiadomo, że introny jako główny składnik w pierwotnym transkrypcie (pre-mRNA) (...) stanowią materiał użyteczny w regulacji wielu procesów biologicznych.

Źródło: Mieczysław Choraży, *Gen strukturalny – ewolucja pojęcia i dylematy*, „Nowotwory. Journal of Oncology” 2011, t. 61, nr 3, s. 279–288.

Wszystkie geny eukariontów zbudowane są podobnie. Wyróżnia się część regulatorową i część strukturalną genu.

Część regulatorowa znajduje się w przednim i tylnym odcinku genu. Przedni odcinek regulatorowy to **promotor**. Wskazuje on położenie początku genu i znajduje się ok. 35 do 250 par nukleotydów przed sekwencją kodującą. Zawiera sekwencję nukleotydów rozpoznawanych przez zależną od DNA polimerazę RNA. Po połączeniu się polimerazy z promotorem rozpoczyna się proces transkrypcji. Końcowy odcinek regulatorowy to **terminator**, zawierający sekwencję nukleotydów umożliwiającą rozłączenie kompleksu DNA–RNA–polimeraza RNA.

Część strukturalna genu składa się z odcinków zawierających informację o budowie białka (eksonów) i odcinków niekodujących informacji (intronów).



Budowa genu eukariotycznego.

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

Powstający po transkrypcji pierwotny transkrypt (pre-mRNA) zawiera oba typy fragmentów strukturalnych, zatem odcinki niekodujące muszą zostać z niego wycięte. Proces usuwania intronów nosi nazwę **splicingu**. W ten sposób otrzymywany jest mRNA zawierający jedynie te odcinki, które kodują informację genetyczną.

Więcej informacji o kwasach nukleinowych w e-materiałach:

- *Skład chemiczny i funkcje DNA;*
- *Skład chemiczny i rodzaje RNA;*
- *Struktura przestrzenna DNA i RNA.*

Słownik

ekspresja informacji genetycznej

odczytanie informacji genetycznej zawartej w genie i wytworzenie w oparciu o nią białek organizmu lub różnych form RNA

genom

(gr. *genos* – ród, rodzaj, pochodzenie) kompletny zestaw informacji genetycznej organizmu; u zwierząt jest to materiał genetyczny znajdujący się w jądrze komórkowym i mitochondriach

kierunek dystalny

położenie skierowane ku końcowej części danej struktury

kierunek proksymalny

położenie skierowane ku początkowej części danej struktury

poliadenylacja

modyfikacja eukariotycznego mRNA dotycząca końca 3' cząsteczki; polega na dodawaniu szeregu nukleotydów adeninowych, zwanego fragmentem poliadenylowym lub poli(A)

pre-mRNA

cząsteczka RNA powstała w wyniku procesu transkrypcji, zawierająca kodujące (eksony) oraz niekodujące (introny) sekwencje nukleotydów

promotor

odcinek DNA leżący przed genem, zawierający sekwencje rozpoznawane przez polimerazę RNA zależną od DNA lub czynniki transkrypcyjne ułatwiające przyłączenie się polimerazy RNA; po połączeniu się polimerazy RNA z promotorem rozpoczyna się proces syntezy RNA, czyli transkrypcja

splicing

proces zachodzący w komórkach organizmów eukariotycznych; jeden z etapów dojrzewania pierwotnych transkryptów; polega na wycinaniu z cząsteczek pre-mRNA fragmentów niekodujących (intronów) i łączeniu fragmentów kodujących (eksonów); zachodzi w jądrze podczas powstawania RNA matrycowego, który następnie przemieszcza się do cytoplazmy i uczestniczy w translacji

terminator

odcinek DNA położony za genem, zawierający sekwencję wyznaczającą zakończenie transkrypcji genu poprzez dysocjację kompleksu DNA-RNA-polimeraza RNA

Film samouczek



Budowa genu eukariotycznego



Film dostępny pod adresem </preview/resource/R13GDPVjgmHQg>

Budowa genu eukariotycznego.

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

Film nawiązujący do budowy genu eukariotycznego.

Polecenie 1

Wyjaśnij, czym jest gen eukariotyczny oraz w jakim miejscu się znajduje.

Polecenie 2

Omów budowę części strukturalnej genu eukariotycznego.

Sprawdź się

Pokaż ćwiczenia:   

Ćwiczenie 1



Przyporządkuj pojęcia do ich definicji.

Gen

Geny zawierające zarówno fragmenty kodujące, jak i niekodujące.

Promotor

Odcinek DNA leżący przed genem, zawierający sekwencję rozpoznawaną przez polimerazę RNA zależną od DNA.

Geny ciągłe

Odcinek DNA, który zawiera pełną informację o budowie białka, tRNA lub rRNA.

Geny nieciągłe

Geny zawierające wyłącznie sekwencje kodujące.

Ćwiczenie 2



Zaznacz poprawne dokończenie zdania.

Pierwotny transkrypt (pre-mRNA) zawiera...

☐ eksony i odcinki kodujące.

☐ odcinki kodujące i niekodujące.

☐ tylko introny.

☐ tylko eksony.

The diagram illustrates the process of protein synthesis in two main stages: transcription and translation.

Transcription: A DNA double helix is shown with the sequence 5'-ATGATCTCGTAA-3' on the top strand and 3'-TACTAGAGCATT-5' on the bottom strand. The DNA is labeled "DNA". An arrow points down to a single-stranded mRNA molecule with the sequence 5'-AUGAUCU-3'. The mRNA is shown with a red arrow indicating the direction of synthesis. The mRNA is flanked by two empty rectangular boxes, representing the 5' and 3' ends.

Translation: An arrow points down from the mRNA to a sequence of three amino acids: Met, Ile, and Ser. The amino acids are shown in purple circles, connected by lines. The sequence is labeled "Met", "Ile", and "Ser".

Ćwiczenie 5



Oceń, czy podane stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

Stwierdzenie	Prawda	Fałsz
Sekwencje regulatorowe znajdują się przed i za genem, a czasem także w obrębie intronów.	☐	☐
Geny ciągłe występują u organizmów eukariotycznych, podczas gdy geny nieciągłe charakterystyczne są dla organizmów prokariotycznych.	☐	☐
Promotor jest miejscem przyłączenia polimerazy DNA do RNA, co rozpoczyna proces transkrypcji.	☐	☐
Część strukturalna genu składa się z odcinków zawierających informację o budowie białka (intronów) i odcinków niekodujących informacji (eksonów).	☐	☐

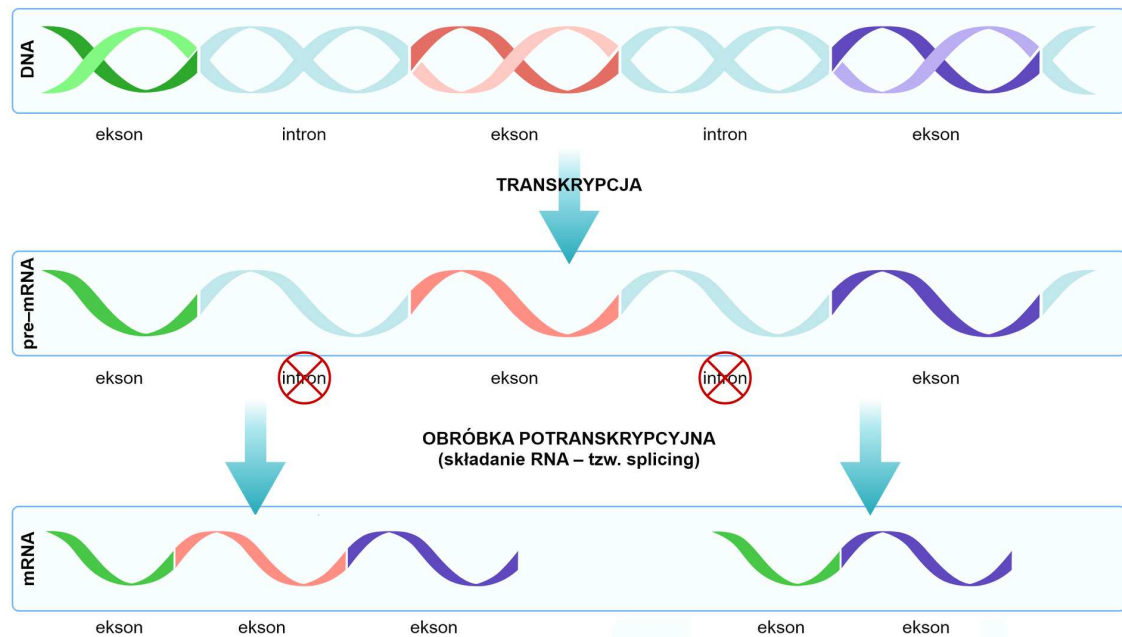
Ćwiczenie 6



Uzupełnij poniższy tekst tak, aby przedstawiał prawdziwe informacje. W każdym zdaniu wybierz odpowiednie wyrażenie.

Przed sekwencją kodującą białko znajduje się sekwencja regulatorowa – terminator ☐
promotor ☐. Sekwencję tę rozpoznaje polimeraza RNA DNA-zależna ☐
polimeraza RNA RNA-zależna ☐. W przypadku mutacji tej sekwencji polimeraza
nie rozpoznaje jej i nie rozpocznie transkrypcji części strukturalnej genu ☐
rozpozna ją jako część strukturalną genu i przepisze na RNA ☐.

Ćwiczenie 7



Splicing alternatywny.

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

Na podstawie powyższej grafiki oraz własnej wiedzy wyjaśnij, w jakim celu zachodzi splicing alternatywny.

Ćwiczenie 8



Podaj w jakiej sytuacji mutacja w intronie może spowodować zmianę struktury zakodowanego białka.

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Budowa genu eukariotycznego

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:

1) opisuje genom komórki oraz strukturę genu;

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

XIII. Ekspresja informacji genetycznej. Uczeń:

3) opisuje proces transkrypcji z uwzględnieniem roli polimerazy RNA;

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):

- Opiszysz strukturę genu eukariotycznego.
- Wyjaśnisz czym są geny nieciągłe i jak taka budowa genu wpływa na proces jego ekspresji.
- Wskażesz funkcje poszczególnych elementów genu eukariotycznego.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- ćwiczenia interaktywne;
- praca z filmem samouczkiem;
- gwiazda pytań;
- mapa myśli.

Formy pracy:

- 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.

Przed lekcją:

1. **Przygotowanie do zajęć.** Nauczyciel loguje się na platformie i udostępnia uczniom e-materiał: „Budowa genu eukariotycznego”. Prosi uczniów o zapoznanie się z treściami zawartymi w sekcji „Przeczytaj” oraz „Film samouczek”.
2. Uczniowie przypominają sobie informacje na temat genów.

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Uczniowie z pomocą nauczyciela formułują cele lekcji oraz określają kryteria sukcesu.
2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel prosi, by uczniowie w parach opracowali mapy myśli związane z tematem. Wybrane pary przedstawiają swoje propozycje, ochotnik zapisuje je na tablicy. Pozostali uczniowie odnoszą się do odnotowanych sugestii, uzupełniając je o swoje pomysły.

Faza realizacyjna:

1. **Kula śniegowa.** Nauczyciel informuje uczniów, że będą pracować metodą kuli śniegowej, poszukując w udostępnionym e-materiale odpowiedzi na następujące pytania:
 - Czym jest gen oraz w jakim miejscu się znajduje?
 - Jak jest zbudowany chromosom nieciągły eukariontów?
 - Czym różnią się geny eukariontów i prokariontów?
 - Jaką rolę odgrywa polimeraza RNA w procesie transkrypcji?

Nauczyciel objaśnia wspomnianą wyżej metodę i wynikające z niej kolejne etapy pracy:

- 1) najpierw uczniowie będą indywidualnie opracowywać odpowiedzi na zadane pytania;
- 2) potem połączą się w pary i porównają swoje propozycje, a na osobnej kartce zapiszą wspólne odpowiedzi;
- 3) kolejnym krokiem będzie połączenie się par w czwórki, które – jak poprzednio – skonfrontują swoje odpowiedzi;
- 4) uczniowie utworzą 8-osobowe zespoły i znów porównają swoje propozycje;
- 5) przedstawiciele poszczególnych zespołów 8-osobowych zaprezentują na forum klasy uzgodnione w grupie odpowiedzi.

2. Utrwalanie wiedzy i umiejętności. Uczniowie dobierają się w pary i wykonują ćwiczenia nr 7 (w którym mają za zadanie wyjaśnić – na podstawie ilustracji oraz własnej wiedzy – w jakim celu zachodzi splicing alternatywny) oraz nr 8 (w którym mają za zadanie podać główną różnicę w budowie genów prokariotów i eukariotów i określić, z czego ona wynika) w sekcji „Sprawdź się”. Następnie konsultują swoje rozwiązania z inną parą uczniów i ustalają jedną wersję odpowiedzi.

Faza podsumowująca:

1. Nauczyciel prosi uczniów o rozwinięcie zdań: „Dziś nauczyłem/nauczyłam się...”, „Zrozumiałem/zrozumiałam, że...”, „Zaskoczyło mnie...”, „Dowiedziałem/dowiedziałam się...”.
2. Nauczyciel wyświetla temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”, podsumowuje omawiany na lekcji materiał, wyjaśnia wątpliwości uczniów.

Praca domowa:

1. Wykonaj ćwiczenia od 1 do 6 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:

- Treści w sekcji „Film samouczek” można wykorzystać jako materiał służący powtórzeniu i utrwaleniu wiedzy uczniów.