DI TRUYỀN HỌC

CHỦ ĐỀ 1. CƠ SỞ PHÂN TỬ CỦA SỰ DI TRUYỀN VÀ BIẾN DỊ

A. CẤU TRÚC VÀ CHỨC NĂNG DNA.

I. CẤU TRÚC DNA

- Mỗi nucleotide được cấu tạo gồm:

+ 1 Nitrogen base: cytosine (C), guanine (G), adenine (A), hay thymine (T)

+ Đường deoxyribose (5C)

+ Một nhóm phosphate (phosphoric acid).

→ Tạo nên bốn nucleotide khác nhau ở base nitrogen.

- Các nucleotide liên kết nhau nhờ liên kết phosphodiester (*là liên kết giữa đường của nucleotide này với photphoric acid của nucleotide kế tiếp → Đây là liên kết bền vững*) → một đơn của phân tử ADN.

- Hai mạch đơn liên kết nhau nhờ LK hydrogene → DNA: là liên kết mà base có kích thước lớn (A, G) liên kết với một base có kích thước bé (T, C), cụ thể: A liên kết với T bởi 2 lk hydrogene và G liên kết với C bởi 3 lk hydrogene.

**II.** **CHỨC NĂNG DNA.**

**1. Mang thông tin di truyền**

    + DNA là một đại phân tử hữu cơ, cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, đơn phân là nucleotide. Một phân tử DNA được cấu tạo bởi lượng lớn nucleotide. Mỗi loài khác nhau sẽ có phân tử DNA đặc trưng bởi số lượng và trình tự các nucleotide. ***Sự sắp xếp trình từ các nucleotide là thông tin di truyền quy định trình tự các protein quy định tính trạng của mỗi sinh vật.***

**+ Như vậy:**

++ Thành phần, số lượng và trật tự sắp xếp các nucleotide trên mạch đơn của DNA là thông tin di truyền quyết định tính đặc thù cá thể.

++ Các liên kết hoá học giữa các nucleotide tạo nên tính bền vững của DNA, đảm bảo duy trì được sự ổn định của thông tin di truyền trong tế bào và cơ thể.

**2. Truyền thông tin di truyền**

+ Trên mạch kép các nucleotide liên kết với nhau bằng liên kết hydrogene giữa nhóm nitrogen base của các nucleotide trên 2 mạch theo nguyên tắc bổ sung. Tuy liên kết hydrogene không bền vững nhưng số lượng liên kết lại rất lớn nên đảm bảo cấu trúc không gian của DNA được ổn định và dễ dàng cắt đứt trong quá trình tự sao, phiên mã.

+ Các nucleotide có khả năng liên kết theo nguyên tắc bổ sung (NTBS) nên thông tin trong DNA có thể được truyền đạt nguyên vẹn sang DNA con (nhờ cơ chế nhân đôi) và sang mRNA (nhờ phiên mã) và từ mRNA được dịch mã thành các phân tử protein.

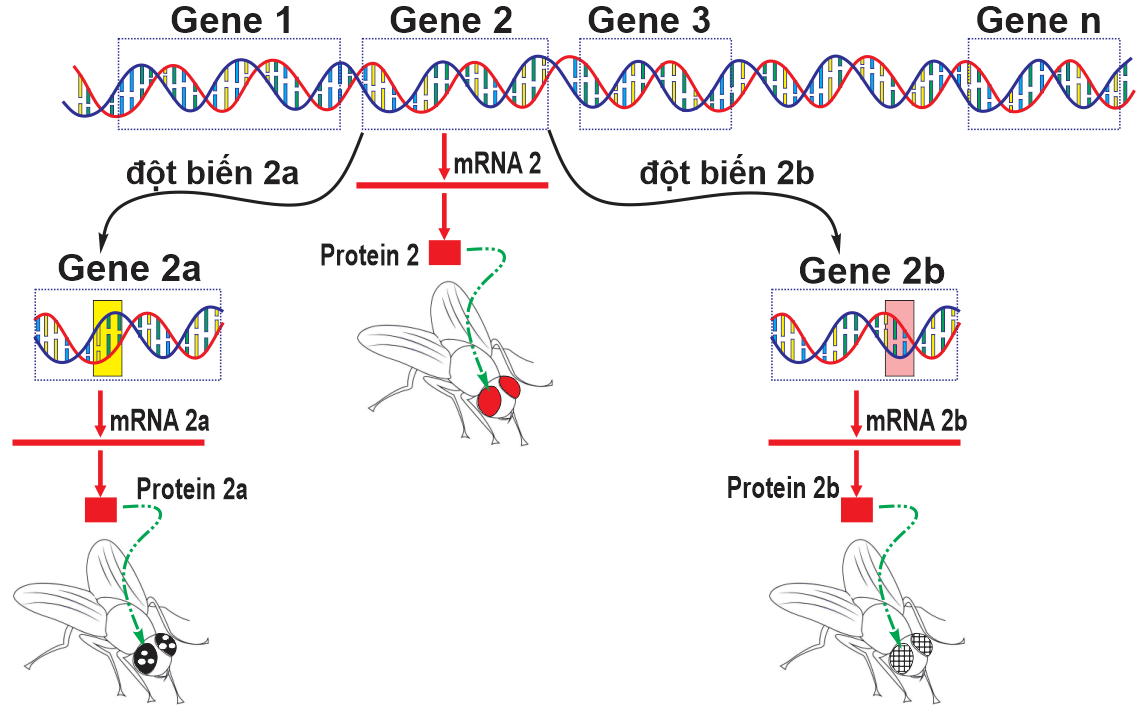
**3. Biểu hiện thông tin di truyền**

+ Trình tự nucleotide/DNA → tự nucleotide/mRNA → trình tự amino acid/protein

+ Protein tạo: cấu trúc tế bào, tạo các đặc tính và tính trạng của cơ thể.

Như vậy, DNA có chức năng biểu hiện TTDT và quy định các tính trạng.

**4. Tạo biến dị**



Trình tự nucleotide của DNA có khả năng biến đổi: thay thế, tăng, giảm nucleotide → thay đổi số lượng, trật tự sắp xếp của các nucleotide / polynucleotide (mạch đơn) → thay đổi thông tin di truyền = tạo biến dị.

Biến dị di truyền → cơ sở cho tiến hoá và sự đa dạng của sinh giới.

B. KHÁI NIỆM, CẤU TRÚC VÀ PHÂN LOẠI GENE

1. Gene: Là một đoạn của phân tử DNA mang thông tin quy định một loại sản phẩm là chuỗi polypeptide hoặc RNA.

2. Cấu trúc gene

|  |  |
| --- | --- |
| Gene sinh vật nhân thực | Gene sinh vật nhân sơ |

**Vùng điều hoà:** có trình tự nucleotide đặc biệt giúp enzyme RNA polymerase có thể nhận biết và liên kết để khởi động quá trình phiên mã và điều hòa phiên mã.

**Vùng mã hóa:** chứa trình tự nucleotide mã hóa chuỗi polypeptide hoặc RNA.

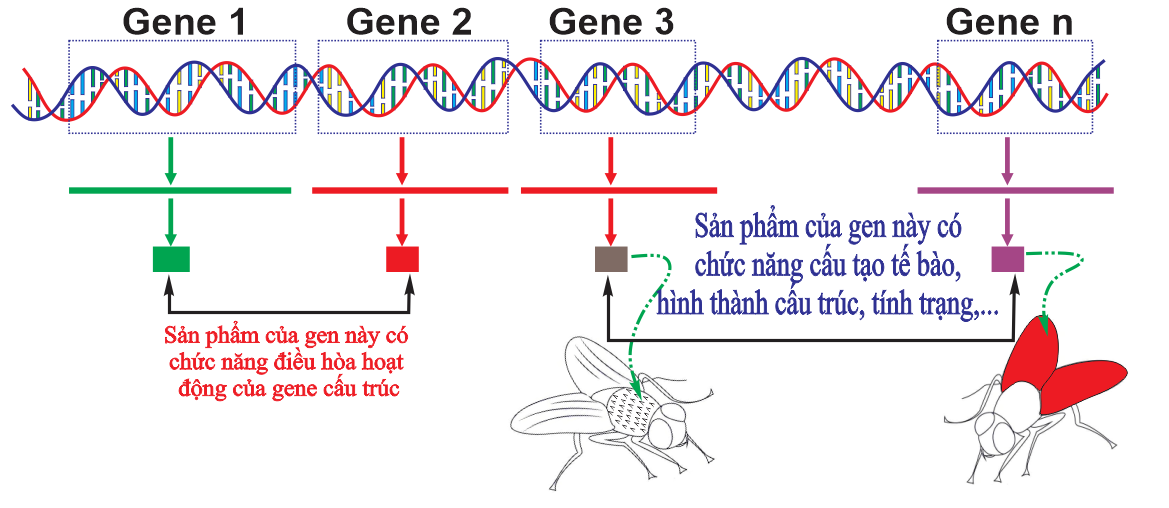
+ Phần lớn gene ở SV nhân thực, vi khuẩn cổ có vùng mã hóa không liên tục: có đoạn mã hóa exon *(đoạn DNA được dịch mã)* và các đoạn không mã hóa intron *(đoạn DNA không được dịch mã)* → ***gene phân mảnh.***

+ Sinh vật nhân sơ gene mã hóa liên tục (*không có đoạn intron*) → ***gene không phân mảnh***.

**Vùng kết thúc:** chứa trình tự nucleotide đặc biệt, mang tín hiệu kết thúc phiên mã.

***\*\*\*\* Căn cứ vào cấu trúc, gene được phân thành gene phân mảnh và gene không phân mảnh.***

3. Phân loại gene



- Dựa vào chức năng:

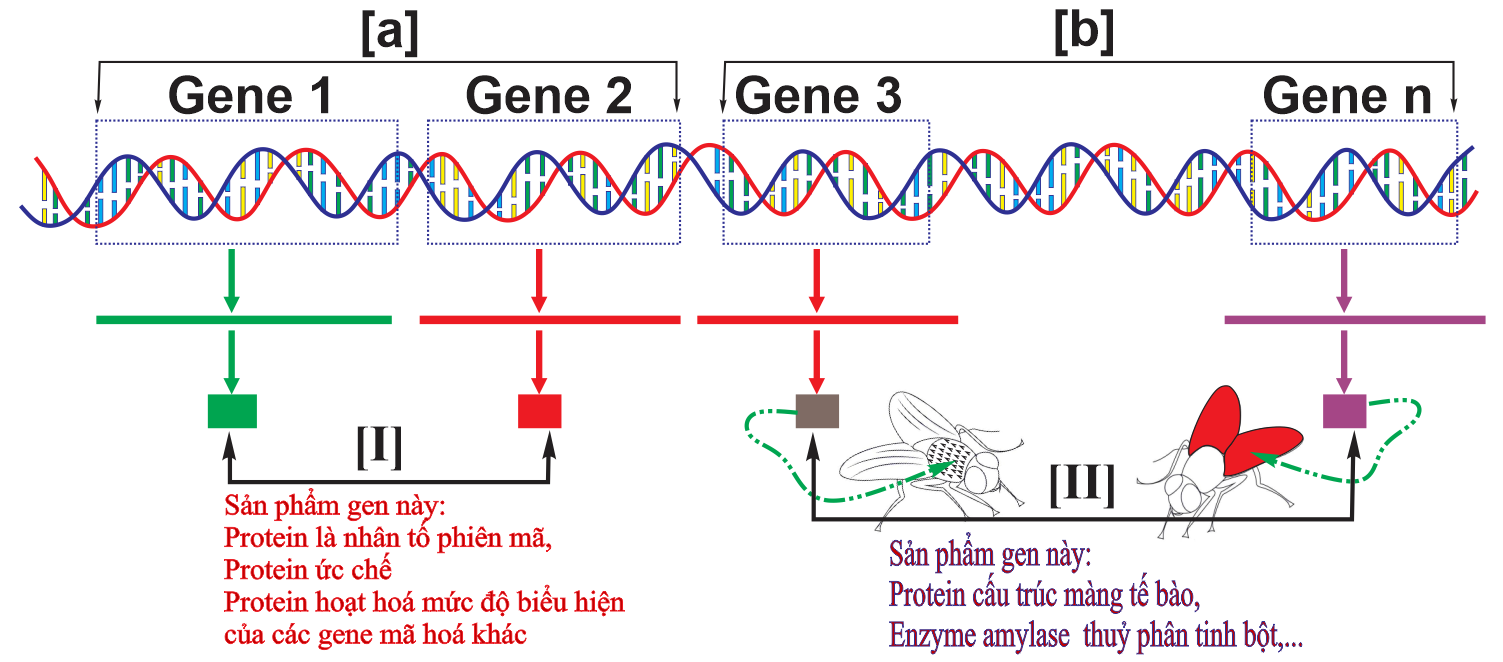
+ Gene cấu trúc: gene mã hóa protein có vai trò hình thành cấu trúc hoặc thực hiện một chức năng khác không có chức năng điều hòa.

+ Gene điều hòa: gene mã hóa protein có chức năng điều hòa hoạt động của gene cấu trúc.

- Dựa vào cấu trúc:

+ Gene phân mảnh: gene có trình tự mã hóa gồm exon và intron.

+ Gene không phân mảnh: gene có vùng mã hóa chỉ có trình tự được dịch mã.



Gene cấu trúc. Ví dụ: Gene mã hoá protein cấu trúc màng tế bào, gene mã hoá enzyme amylase xúc tác phản ứng thuỷ phân tinh bột,... Các gene này mang thông tin được truyền qua mRNA để biểu hiện thành chuỗi polypeptide. Ngoài ra, tế bào còn có các gene mã hoá các loại tRNA, rRNA.

Gene điều hoà là gene mã hoá protein có chức năng điều hoà hoạt động của gene cấu trúc. Ví dụ: Các gene mã hoá protein là nhân tố phiên mã, protein ức chế hoặc protein hoạt hoá làm thay đổi mức độ biểu hiện của các gene mã hoá nhiêu enzyme trong tế bào.

C. CÁC LOẠI RNA VÀ CHỨC NĂNG

*Các loại RNA là sản phẩm của phiên mã*

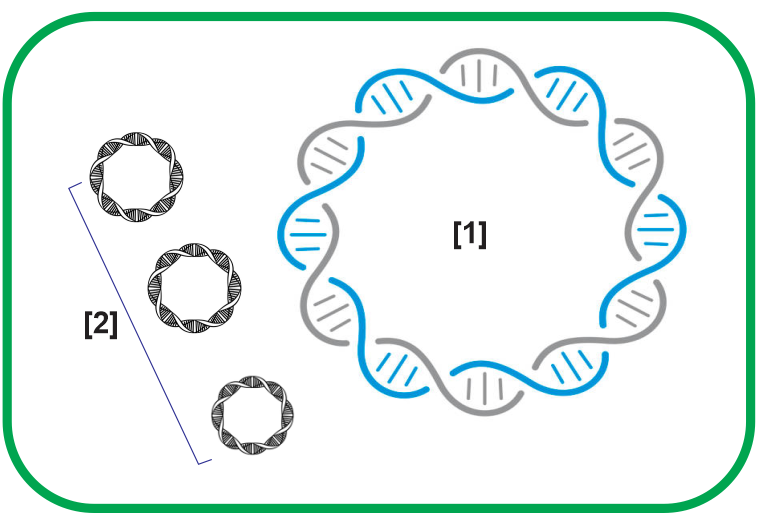
|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | mRNA (RNA thông tin) | tRNA (RNA vận chuyển) | rRNA (RNA ribosome) |
| Đơn phân | A, U, G, C | A, U, G, C | A, U, G, C |
| Cấu trúc | 1 mạch đơn (5’P → 3’OH) | 1 mạch đơn | 1 mạch đơn |
| Nguyên tắc bổ sung | Không có | Có nguyên tắc bổ sung (ở một số vị trí) | Có nguyên tắc bổ sung (ở một số vị trí) |
| Chức năng | - Làm khuôn cho quá trình dịch mã tổng hợp chuỗi polipeptide; mỗi loại mRNA có 1 bộ mã mở đầu (AUG) và 1 trong 3 bộ ba kết thúc (UAA hoặc UAG hoặc UGA).  - Bộ ba trên mRNA gọi là codon. | - Vận chuyển amino acid trong quá trình dịch mã. Mỗi tRNA có 1 đầu 3’OH để mang amino acid và một thùy mang bộ ba đối mã (anticodon); trên mỗi tRNA chỉ có 1 bộ ba đối mã và chỉ gắn đặc hiệu đối với 1 loại amino acid. | - rRNA kết hợp với protein tạo ra các ribosome, ribosome thực hiện dịch các bộ ba trên mRNA thành các amino acid trên chuỗi polipeptide . |
| Số lượng  trong tế bào | Có số loại nhiều nhất trong tế bào, nhưng số lượng thì ít nhất (5%). | Có khoảng 61 loại tRNA (vì có 61 codon mã hóa trên mRNA → 61 loại tRNA). | Có số loại ít nhất nhưng hàm lượng thì nhiều nhất (70%). |

D. HỆ GENE

**1. Khái niệm hệ gene**

Hệ gene (genome) là tập hợp tất cả vật chất di truyền (DNA) trong tế bào của một sinh vật (gồm DNA trong nhân/vùng nhân và DNA tế bào chất).

+ Sinh vật nhân sơ: hệ gene = DNA vùng nhân và plasmid.



*Phần lớn gene trên DNA vùng nhân:*

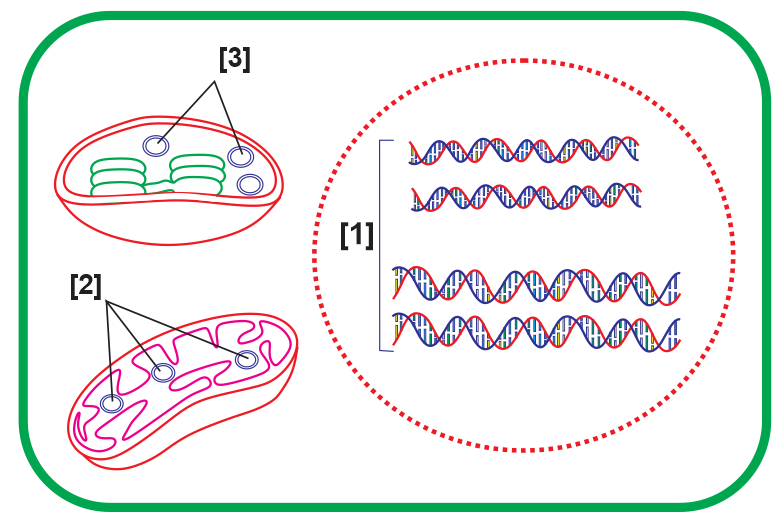
*++ Tổng hợp* *RNA hoặc protein*

*++ Một số ít trình tự DNA làm nhiệm vụ điều hòa (promoter)*

*++ Vùng mã hoá của gene cấu trúc không chứa các đoạn intron*

*++ Các gene liên quan về chức năng thường tập trung thành cụm (operon).*

+ Sinh vật nhân thực: hệ gene = DNA/nhiễm sắc thể + DNA/tế bào chất (ty thể, lục lạp, plasmid nấm men).



Có thể chia:

*++ Phần lớn gene ở sinh vật nhân thực không mã hoá cho các phân tử RNA hoặc protein;*

*++ DNA chứa nhiều trình tự nucleotide có chức năng điều hoà.*

*++ Vùng mã hoá ở các gene cấu trúc có chứa các đoạn intron.*

Ngoài ra hệ gene nhân thực:

+ Hệ gene được chia thành hệ gene đơn bội (sinh vật nhân sơ, giao tử của sinh vật nhân thực)

+ Hệ gene lưỡng bội (tế bào sinh vật nhân thực)

**2. Thành tựu và ứng dụng của giải mã hệ gene người**

**a. Thành tựu**

- Đã giải trình tự nucleotide của hệ gene người gồm hơn 3,2 tỉ cặp nucleotide trên 23 cặp NST

- Tổng số gene mã hóa protein trong hệ gene người ước tính khoảng gần 21.300.

*+ Số lượng nucleotide trong các exon/hệ gene để mã hóa protein, rRNA, tRNA = 15% nucleotide của hệ gene.*

*+ Số lượng nuleotide của các vùng điều hoà của tất cả các gene chiếm khoảng 5% hệ gene.*

- Xây dựng bản đồ chi tiết về toàn bộ các gene trong hệ gene ở người (gồm cả các gene mã hoá và những trình tự không mã hoá). Có ý nghĩa:

*+ Có thể xác định các gene liên quan đến nhiều bệnh di truyền, đồng thời là cơ sở để nghiên cứu các phương pháp chẩn đoán và điều trị bệnh.*

*+ Ứng dụng trong sản xuất các sản phẩm từ gene, cung cấp thông tin phục vụ cho các nghiên cứu di truyền*

**a. Một số ứng dụng giải trình tự hệ gene người**

**Ứng dụng trong y học:** Giải trình tự hệ gene giúp:

+ Biết người đó có mang gene bệnh hay không, qua đó đưa ra biện pháp phòng và trị bệnh

Ví dụ: có thể biết được người bệnh mang loại gene ung thư nào để lựa chọn sử dụng thuốc đặc trị ức chế sản phẩm của gene đó (thuốc hướng đích), làm tăng hiệu quả điều trị.

**Trong ngành pháp y:** để tìm ra thủ phạm trong các vụ án, danh tính nạn nhân trong các vụ tai nạn hoặc  
xác định mối quan hệ họ hàng.

**Ứng dụng trong nghiên cứu khoa học/tiến hoá:**

+ So sánh trình tự nucleotide trong hệ gene của nhiều loài sinh vật → mối quan hệ tiến hóa giữa các loài.

+ Các loài có cấu trúc hệ gene càng giống nhau thì càng có quan hệ họ hàng gần.

Ví dụ: Khi so sánh hệ gene người và hệ gene của các loài linh trưởng, các nhà khoa học nhận thấy, tinh tinh có quan hệ họ hàng gần gũi nhất với loài người.

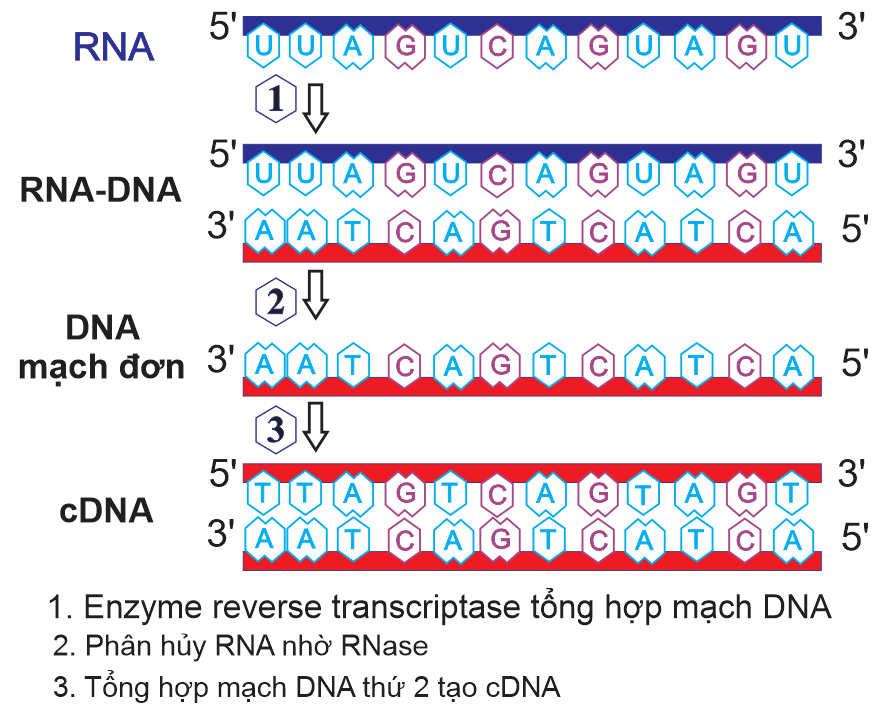
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Dự án Hệ gene người (Human Genome Project - HGP) được bắt đầu vào năm 1990 và hoàn tất vào năm 2006. Trong dự án này, bằng nhiều phương pháp giải trình tự khác nhau, các nhà sinh học phân tử đã giải được trình tự toàn bộ 3,1 tỉ cặp nucleotide trong bộ nhiễm sắc thể đơn bội của người và xác định được số lượng gene cũng như nhiều đặc điểm của hệ gene người (Hình 4.1).(1)  Thông qua phân tích trình tự nucleotide, các nhà khoa học có thể đưa ra bản đồ chi tiết về toàn bộ các gene trong hệ gene ở người (gồm cả các gene mã hoá và những trình tự không mã hoá), từ đó, có thể xác định các gene liên quan đến nhiều bệnh di truyền, đồng thời là cơ sở để nghiên cứu các phương pháp chẩn đoán và điều trị bệnh. Bên cạnh đó, thành tựu giải mã hệ gene người cũng được ứng dụng trong sản xuất các sản phẩm từ gene, cung cấp thông tin phục vụ cho các nghiên cứu di truyền (Bảng 4.2).   |  |  |  | | --- | --- | --- | | Lĩnh vực | ứng dụng | Ví dụ | | Y học | Sử dụng liệu pháp nhắm trúng đích trong điều trị ung thư | Dựa vào sự có mặt của các loại protein đặc trưng ở tế bào ung thư (protein HER2 đối với ung thư vú; protein EGF1 đối với ung thư phổi, ung thư đại tràng;...) để chế tạo và sử dụng các loại thuốc đặc trị để ức chế các loại protein đó có thể làm chậm sự phát triển của tế bào ung thư. | | Giám định phápy và khoa học hình sự | Cung cấp thông tin trong lĩnh vực pháp y và khoa học hình sự thông qua so sánh trình tự gene ở người | Phân tích và so sánh các trình tự nucleotide lặp lại kế tiếp (Short Tandem Repeat - STR) đặc trưng giữa các cá thể giúp xác định danh tính của nạn nhân trong các vụ tai nạn, truy tìm được thủ phạm trong các vụ án hình sự.  Sử dụng trình tự DNA ti thể từ các mẫu xương, răng, máu phục vụ cho việc giám định mối quan hệ huyết thống giữa các liệt sĩ với thân nhân. | | Dỉ truyền học và sinh học phân tử | Nghiên cứu sự phát triển cá thể, cơ chế gây bệnh di truyền ở người | Thiết kế các chip DNA, "Lab-on-a-chip" dựa trên trình tự nucleotide đã biết của hệ gene người giúp phân tích được sự biểu hiện của nhiều gene ở người trong các giai đoạn khác nhau của quá trình phát triển cá thể. |   **Bảng 11.1. Kích thước hệ gene và số lượng gene ở một số sinh vật**   |  |  |  | | --- | --- | --- | | Sinh vật | Kích thước hệ gene (Mb) | Số lượng gene mã hoá protein (xấp xỉ) | | Trực khuẩn lị (Escherichia coli)' | 4,6 | 4 400 | | Nấm men (Saccharomyces cerevisiae)' | 12,5 | 5 700 | | Ruồi giấm (Drosophila melanogaster)' | 165 | 13 000 | | Cải xoong thale (Arabidopsis thaliana)' | 140 | 27 500 | | Lúa (Oryza sativaY | 389 | 41 000 | | Chuột (Mus musculus) | 2 500 | 30 000 | | Người (Homo sapiens)1 2 | 3 055 | 19 696 | |

**III. 3 CƠ CHẾ DI TRUYỀN CẤP ĐỘ PHÂN TỬ (tái bản - phiên mã - dịch mã)**

**1. Cơ chế tái bản, phiên mã**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | Có chế tái bản (tổng hợp DNA ) | Cơ chế phiên mã (tổng hợp RNA) |
| Vị trí và thời điểm tái bản DNA | - Nhân chuẩn: Chủ yếu diễn ra trong nhân (1 số ít ở tế bào chất đó là tái bản của DNA , ty thể, lạp thể).  - Nhân sơ: diễn ra chỉ ở tế bào chất.  - Diễn ra ở pha S của kì trung gian của phân bào nguyên phân hay giai đoạn chuẩn bị của giảm phân.  - Diễn ra trên toàn bộ phân tử DNA.  - Tất cả các phân tử DNA trên các NST trong cùng 1 tế bào thì có số lần tái bản như nhau → Các gene trên các NST khác nhau trong 1 tế bào có số lần tái bản giống nhau. | - Nhân chuẩn: Chủ yếu diễn ra trong nhân (1 số ít ở tế bào chất đó là phiên mã của Gene, ty thể, lạp thể).  - Nhân sơ: diễn ra chỉ ở tế bào chất  - Diễn ra ở pha G1 của kì trung gian của phân bào (ở nhân chuẩn).  - Diễn ra trên một đoạn DNA (gen).  - Các gene trên các NST trong cùng 1 tế bào thì có số lần phiên mã khác nhau. Kể cả các gene trên cùng 1 NST (DNA) cũng có số lần phiên mã không giống nhau. |
| Hình minh họa | **HÌNH MINH HỌA CHO CƠ CHẾ TÁI BẢN/NHÂN ĐÔI DNA**    **HÌNH MINH HỌA CHO CƠ CHẾ PHIÊN MÃ**  **1/ PHIÊN MÃ NHÂN THỰC**    **2/ PHIÊN MÃ NHÂN SƠ**    Hình minh họa quá trình phiên mã | |
| Các enzyme tham gia | - Enzyme /protein tháo xoắn và tách hai mạch DNA. (enzyme helicase)  - RNA polimerase: tạo đoạn mồi có đầu 3’OH tự do để giúp các nucleotide mới có khả năng liên kết vào.  - DNA polimerase (DNA polymerase I, II, III): xúc tác tổng hợp mạch mới hay xúc tác sự liên kết các nucleotide từ môi trường với các nucleotide trên mạch khuôn (2 mạch đều là khuôn) theo nguyên tắc bổ sung  - Ligase: nối các đoạn Okazaki hay xúc tác hình thành liên kết phosphodiester giữa 2 nucleotide trên 2 đoạn Okazaki kề nhau. | - RNA polimerase đóng vai trò tách mạch của gene  - RNA polimerase chỉ trượt trên mạch gốc của gene (3’―5’) và tổng hợp mạch RNA (5’―3’) hay RNA polimerase xúc tác sự liên kết các nucleotide từ môi trường với các nucleotide trên mạch gốc của gene theo nguyên tắc bổ sung. |
| Chiều xúc tác của enzyme chính và chiều tổng hợp mạch mới | - DNA polimerase xúc tác tổng hợp mạch mới (luôn 5’―3’) dựa trên mạch khuôn theo chiều 3’―5’  Chính vì vậy: (biết trên mỗi chạc chữ Y có 2 mạch ngược chiều 3’―5’ và 5’―3’)  + Dựa trên mạch khuôn có chiều 3’-5’(theo chiều tái bản) → mạch mới tổng hợp liên tục (5’―3’)  + Dựa trên mạch khuôn có chiều 5’―3’(theo chiều tái bản) → mạch mới tổng hợp 5’―3’ nhưng chiều ngược lại với chiều tái bản và tổng hợp từng đoạn gọi là đoạn Okazaki. | RNA polimerase chỉ tổng hợp RNA (5’―3’) dựa trên 1 mạch gốc (3’→ 5’) của gen |
| Nguyên tắc bổ sung  (liên kết = LK) | Amạch khuôn LK với Tmôi trường bởi 2 LK hydrogene  Tmạch khuôn LK với A môi trường bởi 2 LK hydrogene  Gmạch khuôn LK với Cmôi trường bởi 3 LK hydrogene  Cmạch khuôn LK với G môi trường bởi 3 LK hydrogene  *Hay nói ngắn gọn*: A - T và G - C và ngược lại | Amt/mRNA LK với Tgốc/gene bởi 2 LK hydrogene  Umt/mRNA LK với Agốc/gene bởi 2 LK hydrogene  Gmt/mRNA LK với Cgốc/gene bởi 3 LK hydrogene  Cmt/mRNA LK với Ggốc/gene bởi 3 LK hydrogene |
| Kết qủa | 1 phân tử DNA qua tái bản 1 lần → 2 DNA con giống hệt *về số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotide* (mỗi phân tử DNA con có 1 mạch cũ của DNA mẹ và 1 mạch mới được tổng hợp) | Từ 1 gene qua phiên mã 1 lần tổng hợp được 1 phân tử RNA có *trật tự sắp xếp các nucleotide dựa trên nguyên tắc bổ sung với mạch gốc của gene* (phân tử RNA giống hệt mạch bổ sung của Gene, chỉ thay T/mạch bổ sung bởi U/RNA) |

**2. Phiên mã ngược ở trong tế bào**



**Phiên mã ngược:**

RNA – enzyme phiên mã ngược (reverse transcriptase) → Tổng hợp mạch DNA bổ sung → tạo mên RNA – DNA

RNA – DNA → được cắt bỏ mạch RNA (nhờ enzyme Rnase H) khỏi RNA – DNA → tạo DNA mạch đơn ( ½ của cDNA) --- tổng hợp mạch DNA thứ 2 bổ sung với DNA mạch đơn → cDNA

**Sau đó:**

cDNA → chèn vào DNA tế bào chủ (có thể chèn nhiều lần làn tăng kích thước DNA, tạo nên các trình tự DNA lặp lại trong tế bào)

Từ đoạn cDNA này phiên mã, dịch mã → sản phẩm: mRNA virus, protein vỏ virus.

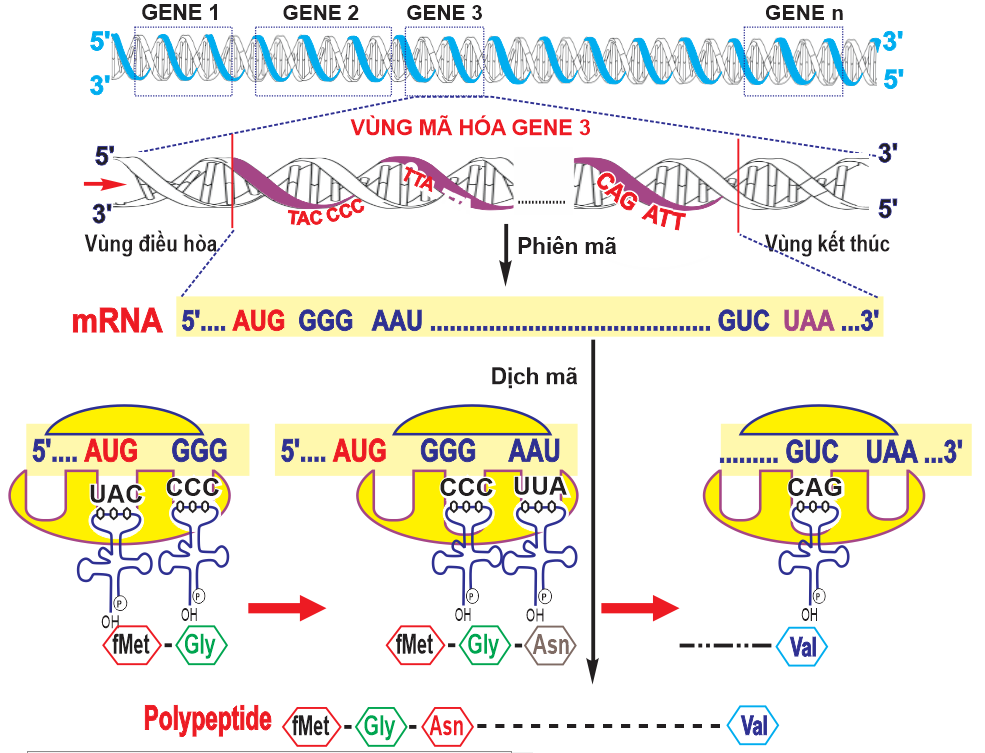
**3. Cơ chế dịch mã**

**a. Vị trí và thời điểm:**

- Diễn ra ở tế bào chất của tế bào

- Diễn ra mọi lúc tùy theo nhu cầu tế bào

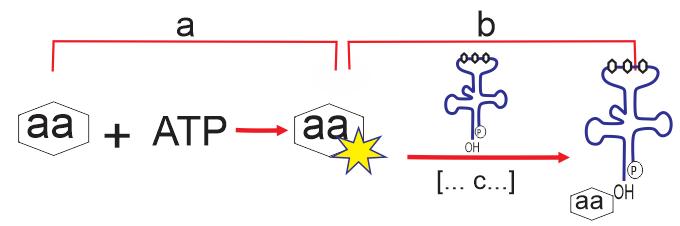
**b. Cơ chế dịch mã:**



Hình: Tóm tắt cơ chế phiên mã và dịch mã

**b.1. Giai đoạn hoạt hóa amino acid :**

***Quá trình hoạt hoá axit amin:***



Trong tế bào chất,

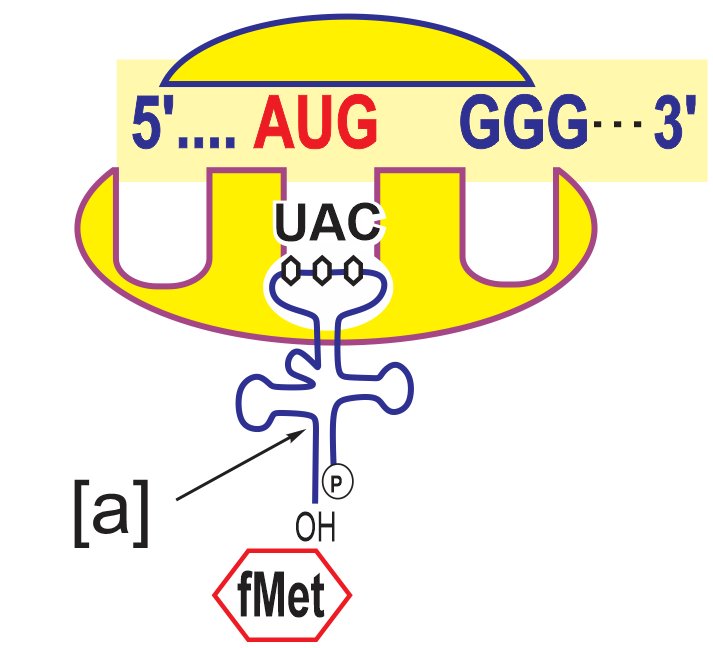
Nhờ các enzyme đặc hiệu và năng lượng ATP,

amono acid được hoạt hoá và gắn với ARN → amono acid – tARN

***Quá trình tổng hợp chuỗi polipeptit diễn ra theo ba bước***

(là quá trình truyền thông tin di truyền từ mARN sang trình tự sắp xếp của các aa trong chuỗi polipeptid )

***+ Bước 1: Mở đầu***



Tiểu đơn vị bé của ribosome gắn với mARN ở vị trí nhận biết đặc hiệu (gần bộ ba mở đầu) và di chuyển đến bộ ba mở đầu (AUG).

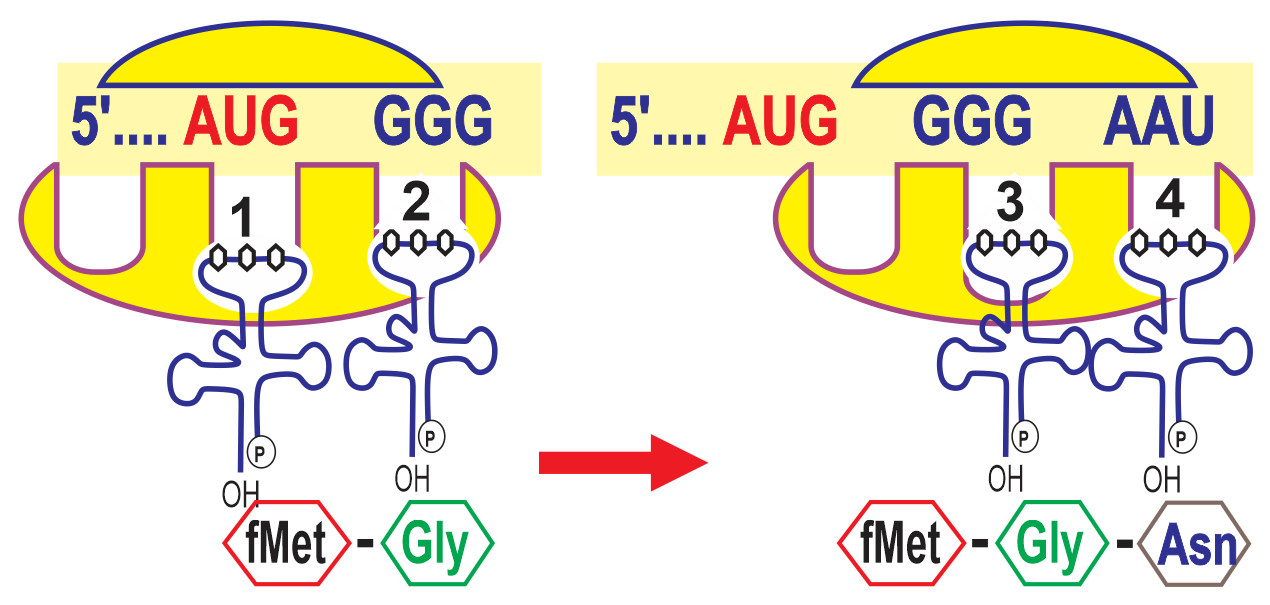
aa mở đầu – tARN tiến vào bộ ba mở đầu (anticodon: UAX/tRNA bổ sung codon AUG / mARN theo nguyên tắc bổ sung)

*Nhân thực bộ ba AUG → Methionin*

*Nhân sơ mã AUG → foocmin Methionine.*

Tiểu phần lớn gắn vào tạo ribosome hoàn chỉnh.

***+ Bước 2: Kéo dài chuỗi polipeptit***



aa1 – tARN vào ribosome khớp bổ sung đối mã với codon tiếp sau mã mở đầu trên mARN,

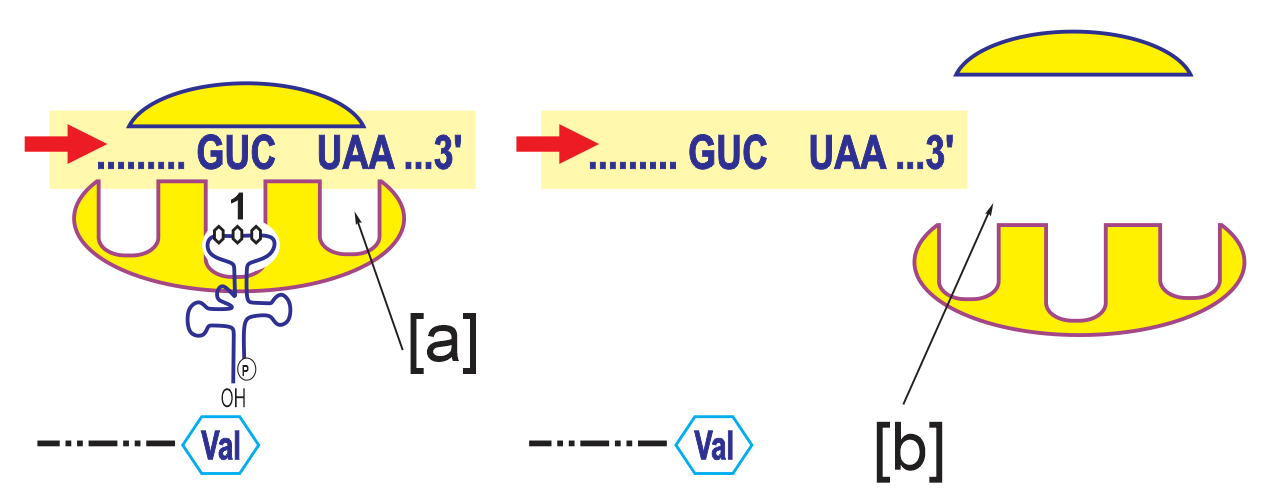
1 liên kết peptit được hình thành giữa aa mở đầu và aa1.

Ribosome dịch chuyển qua codon tiếp theo/mRNA (5’ → 3’), tARN mở đầu rời khỏi robosome,

Phức hợp aa2 – tARN vào ribosome khớp bổ sung đối mã với codon đó, 1 liên kết peptit nữa được hình thành giữa aa1 và aa2.

Quá trình cứ tiếp diễn như vậy cho đến khi ribosome tiếp xúc với mã kết thúc (UGA, UAG hay UAA).

***+ Bước 3. Kết thúc***

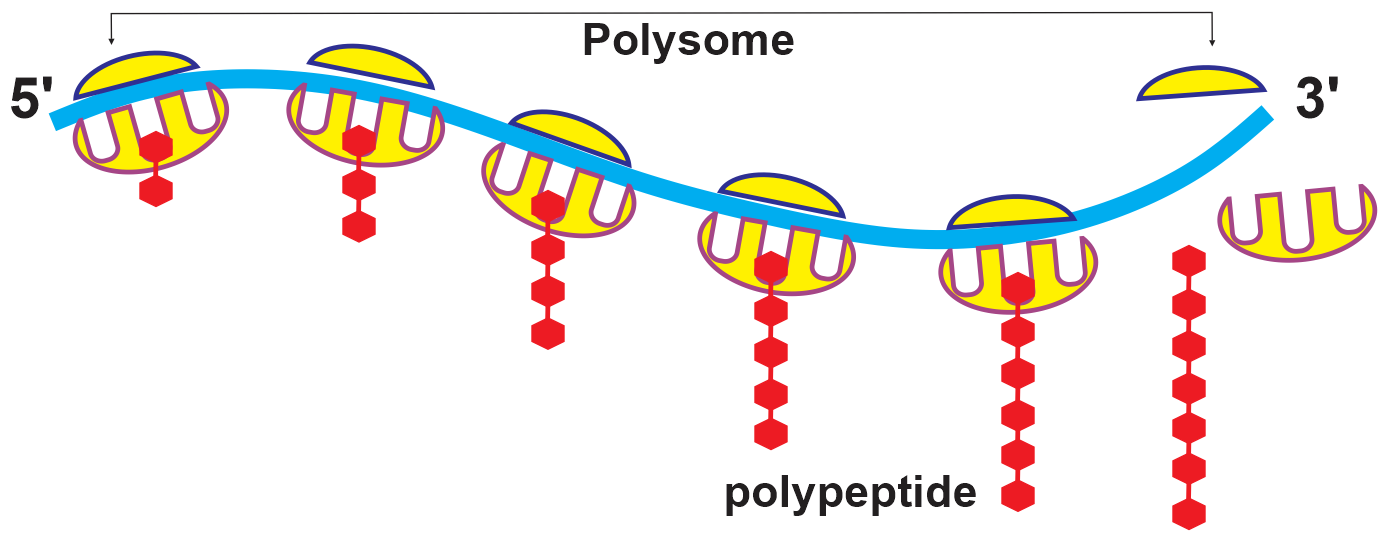


Khi ribosome đến bộ ba kết thúc (UAA, UAG, UGA) thì quá trình dịch mã xong

2 tiểu phần của ribosome tách nhau ra.

Một enzyme đặc hiệu loại bỏ amono acid mở đầu và giải phóng chuỗi polypeptide, quá trình dịch mã hoàn tất.

*\*\*\* Trên cùng một phân tử mRNA có nhiều ribosome (5-20ribosome = polyribosome) cùng trượt và tổng hợp các chuỗi polypeptid cùng lúc và cùng cấu trúc.*



**V. MỐI QUAN HỆ DNA - RNA - PROTEIN**

Cơ chế truyền đạt thông tin di truyền ở cấp độ phân tử gồm có quá trình tái bản của ADN và quá trình phiên mã, dịch mã. Quá trình tái bản (nhân đôi) của ADN sẽ truyền đạt thông tin di truyền từ nhân của tế bào mẹ sang nhân của tế bào con đảm bảo cho đặc tính di truyền được duy trì ổn định. →

**ĐIỀU HÒA BIỂU HIỆN GENE**

**1. Cấu trúc và thành phần điều hòa**

Operon lac gồm vùng điều hòa (PO) và ba gene cấu trúc ZYA).

Gene điều hòa (lacI) quy định **protein ức chế** (*lacI*).

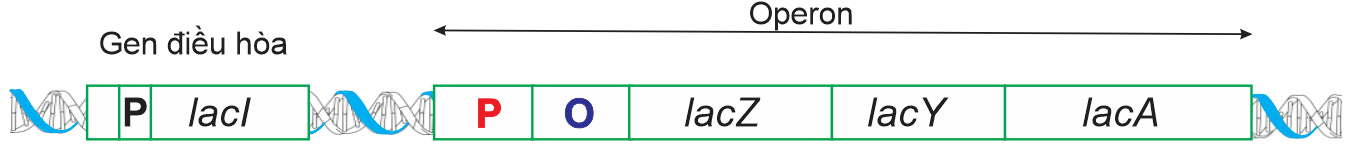
Ba gene cấu trúc:

*lacZ* quy định enzyme β-galatosidase,

*lacY* quy định enzyme permease

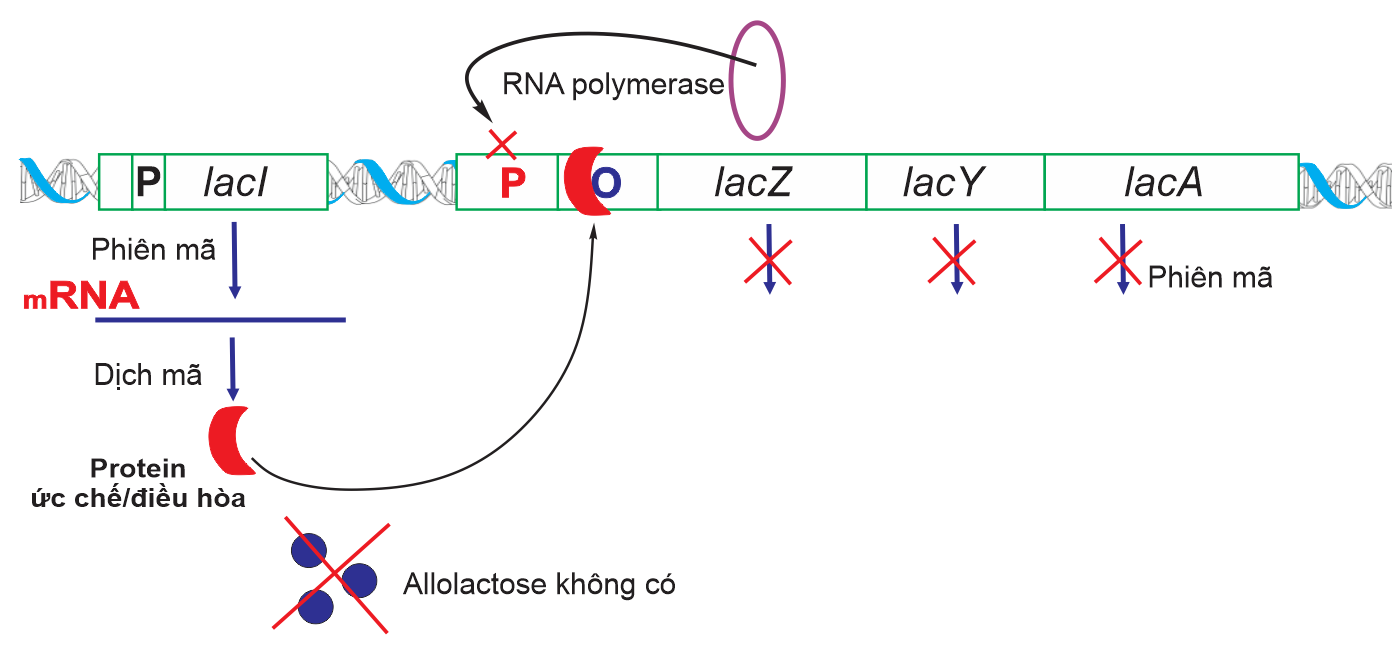
Gene *lacA* quy định enzyme transacetylase.

Operon lac được điều hòa bởi gene điều hòa *lacI* quy định protein ức chế (*lacl*).

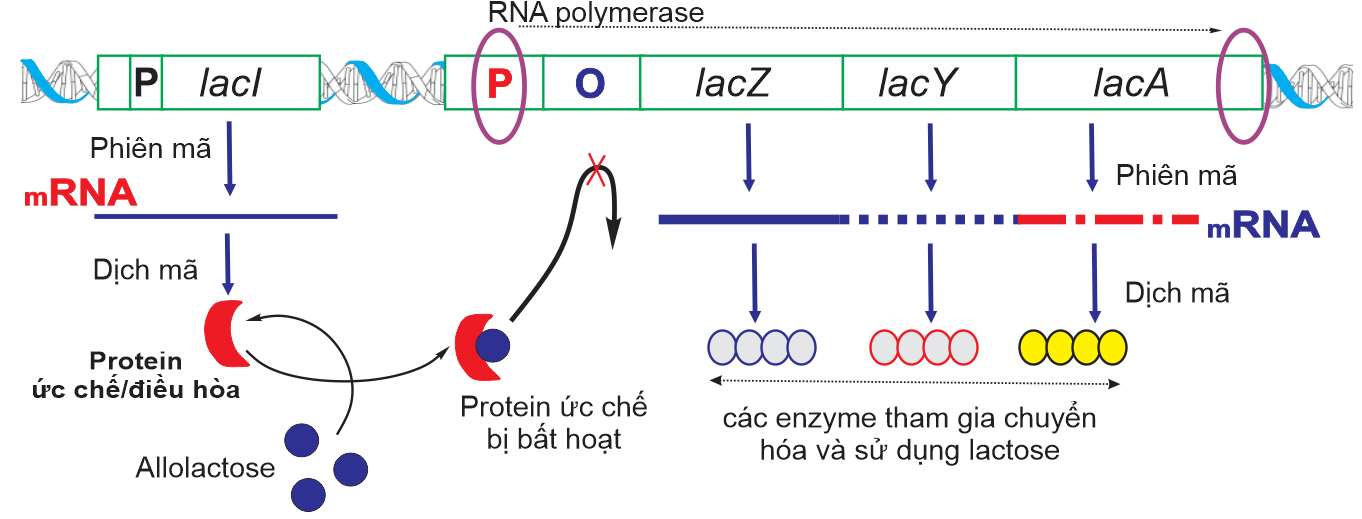


**2. Cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon lac:**

*- Khi môi trường không có lactose: Protein ức chế (lacI*) *liên kết với operator (O) làm cho enzyme RNA polymerase không thể liên kết được với promoter (P) nên các gene cấu trúc không được phiên mã*



*- Khi môi trường có lactose: Một lượng nhỏ lactose chuyển thành đồng phân của lactose và liên kết với protein ức chế khiến protein này thay đổi cấu hình dẫn đến không liên kết được với operator (O), do vậy enzyme RNA polymerase có thể liên kết với promoter (P) và tiến hành phiên mã các gene cấu trúc.*



**2. Ý nghĩa và ứng dụng thực tiễn của điều hòa biểu hiện gene**

**a. Ý nghĩa**

- Vi khuẩn: điều hòa giúp tự điều chỉnh quá trình trao đổi chất trong tế bào:

+ Chỉ có những sản phẩm cần thiết cho hoạt động sống của tế bào mới được tạo ra với hàm lượng phù hợp.

+ Giúp tiết kiệm được năng lượng ,...

=> Nhờ đó, vi khuẩn có thể đáp ứng với những thay đổi của môi trường.

Ví dụ: Khi môi trường có tryptophan, vi khuẩn E. coli sẽ ngưng sản xuất các enzyme xúc tác cho quá trình tổng hợp tryptophan.

Ví dụ: Tế bào vi khuẩn E.coli phải dùng tới 90% số ATP mà tế bào tạo ra để tổng hợp protein. Nhờ có sự điều hoà hoạt động gene, tế bào chỉ tổng hợp sản phẩm của gene khi cần thiết, với lượng phù hợp với nhu cầu nên tiết kiệm được năng lượng. Ngoài ra, điều hòa hoạt động gene còn đảm bảo cho tế bào thích nghi được với sự thay đổi của môi trường.

Ví dụ: Khi tế bào gặp điều kiện nhiệt độ môi trường cao bất thường, một số gene được kích hoạt để tạo ra các protein chống sốc nhiệt; hay các tế bào miễn dịch chỉ kích hoạt các gene tổng hợp kháng thể khi tiếp xúc với các tác nhân gây bệnh.

- Sinh vật đa bào, các tế bào tuy có hệ gene giống nhau nhưng:

+ Mỗi tế bào chỉ tổng hợp các protein cần cho từng loại tế bào đó.

+ Mỗi giai đoạn cần có sự biểu hiện hoặc không biểu hiện của các gene nhất định đảm bảo cho sự phát triển bình thường

+ Nhờ điều hòa hoạt động gene khác nhau từng loại tế bào → tế bào đi vào biệt hóa riêng.

Kết quả hình thành nên các mô, cơ quan và hệ cơ quan chuyên hóa, ...

Ví dụ: ở người, một gene được gọi là proto-oncogene thường tạo ra một lượng sản phẩm vừa đủ nhưng khi gene hoạt động quá mức sẽ trở thành gene gây ung thư (oncogene). Sự dư thừa sản phẩm của gene ung thư kích hoạt một loại tế bào cơ thể phân chia không kiểm soát dẫn đến bệnh ung thư.

Ví dụ: Ở người, gene tham gia quy định hình thái của cơ thể chỉ biểu hiện ở giai đoạn phôi, sau đó dừng hẳn; trong quá trình biến thái ở bướm, các gene biểu hiện khác nhau ở giai đoạn sâu bướm và bướm trưởng thành

**b. Ứng dụng thực tiễn**

|  |  |
| --- | --- |
| Lĩnh vực | ứng dụng |
| Y - dược học | - Khi biết được cơ chế hoạt động của gene gây bệnh, người ta có thể sản xuất ra các thuốc ức chế sản phẩm của gene gây bệnh.  - Sản xuất các loại thuốc chữa các bệnh nguy hiểm ở người thông qua ức chế hoạt dộng hoặc sản phẩm của gene.  Ví dụ: Sử dụng kháng thể đơn dòng tái tổ hợp trastuzumab có tác dụng liên kết vớỉ thụ thể HER2 nhằm ức chế sự biểu hiện quá mức của tế bào ung thư vú. |
| Nông nghiệp | - Đỉều khiển sự đóng hoặc mở của các gene trong quá trình sinh trưởng và phát triển ở sinh vật nhờ sử dụng hormone nhân tạo.  - Người ta có thể sử dụng các hormone sinh dục để điều khiển tỉ lệ giới tính ở động vật.  Ví dụ: Xử lí cá rõ phỉ bằng hormone 17-α methyltestosterone ở giai đoạn cá bột, cá sẽ có biểu hiện kiểu hình là con đực. |
| Công nghệ sinh học | Điều khiển quá trình phân chia và phân hoá của tế bào trong nuôi cấy mô tế bào thực vật thông qua việc sử dụng các loại hormone sinh trưởng với tỉ lệ thích hợp.  Ví dụ: Sử dụng phối hợp hai loại hormone auxin và cytokinin vớỉ tỉ lệ thích hợp để điều khiển sự phân hoá của mô sẹo. |
| Nghiên cứu di truyền | - Nuôi cấy tế bào gốc trong môi trường chứa các chất điều hòa biểu hiện các gene khác nhau để điều khiển quá trình biệt hoá của tế bào gốc thành tế bào mong muốn.  Ví dụ: Mô hình hoá bệnh di truyền dựa vào biệt hoá tế bào gốc đa năng cảm ứng ở người (Human induced pluripotent stem cell - hỉPSC) phục vụ nghiên cứu cơ chế gây bệnh ở mức độ phân tử (Hình). |

Ví dụ: Các nhà khoa học đã xác định được bốn nhóm ung thư vú chính gây nên bởi ba gene khác nhau là:

(1) gene quy định thụ thể estrogen alpha (ERa),

(2) gene quy định thụ thể progesterone (PR) v

(3) gene quy định thụ thể tyrosine kinase (RTK).

Nhờ vậy, người ta đã sản xuất ra được thuốc tamoxifen, một loại chất ức chế đặc hiệu thụ thể ERa để chữa trị cho những bệnh nhân bị ung thư vú do gene ERa biểu hiện quá mức.

Ví dụ: Tế bào gốc ở người và động vật cũng được nuôi cấy và xử lí để biệt hóa thành các loại tế bào khác nhau, dùng cho mục đích chữa bệnh hoặc để thử thuốc tác động đến các loại tế bào khác nhau.

Ví dụ: Những người bị lùn bẩm sinh do gene không tạo đủ hormone sinh trưởng có thể được chữa trị để có chiều cao gần như người bình thường.

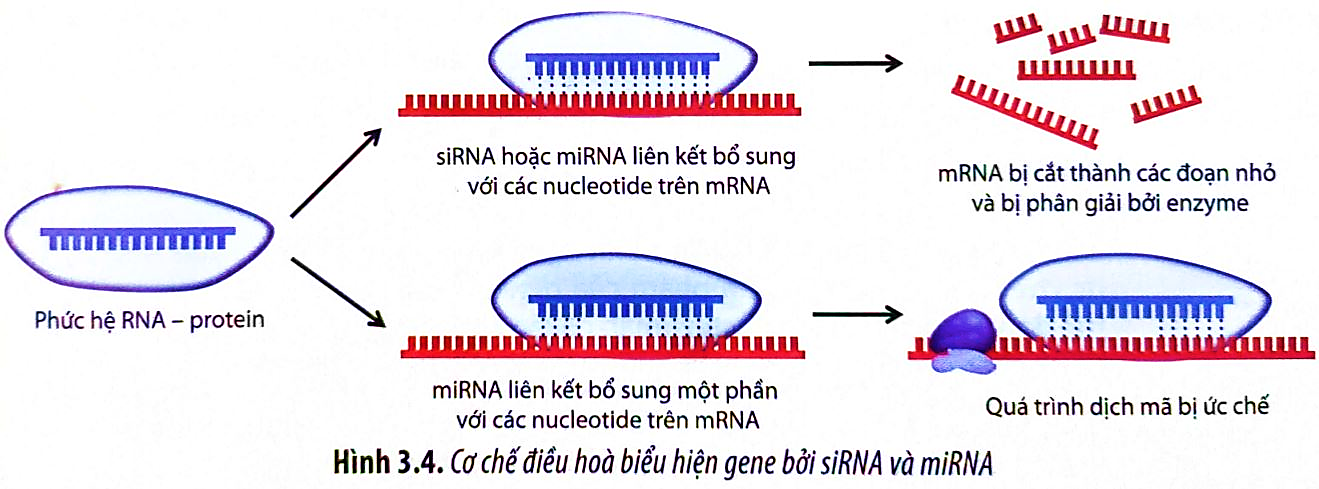
Ví dụ: Nuôi cấy tế bào thực vật trong môi trường có chứa các chất hoạt hóa gene để tế bào phân chia và tái sinh thành cây con hoàn chỉnh; sử dụng các chế độ chiếu sáng khác nhau điều khiển các gene để cây ra hoa vào mùa thích hợp.

Trong chăn nuôi, người ta có thể sử dụng các hormone sinh dục để điều khiển tỉ lệ giới tính ở động vật. Ví dụ: Sử dụng hormone sinh dục đực (testosterone) xử lí trứng cá rô phi đã thụ tinh có thể cho ra 100% cá đực, đem lại hiệu quả kinh tế cao hơn so với nuôi cá cái vì cá đực cho nhiều thịt và lớn nhanh hơn.

**Thí nghiệm** Nuôi cấy vi khuẩn E. Coli trong môi trường không có lactose cho thấy nồng độ permease (protein vận chuyển ở màng) và β-galactosidase (enzyme phân giải lactose) trong tế bào rất thấp. Tuy nhiên, nêu bổ sung lactose vào môi trường nuôi vi khuẩn, nồng độ các enzyme này tăng lên 1 000 lần . Giả thuyết đặt ra là một tín hiệu từ môi trường gây nên biểu hiện đồng thời một cụm nhiều gene mã hoá các enzyme tham gia chuyển hoá lactose. Các gene này được phiên mã thành một mRNA (mRNA polycistronic) và dịch mã mRNA này tạo ra nhiều chuỗi polypeptide. Từ các thí nghiệm với nhiều chủng E. coli khác nhau, cơ chế điều hoà phiên mã của operon lac ở vi khuẩn E. coli đã được làm sáng tỏ. Thuyết operon do Jacob và Monod đề xuất đã giành được giải Nobel về Sinh lí học và Y học (1965).

Cơ chế điều hòa biểu hiện gene sau phiên mã

Bằng nhiều thí nghiệm khác nhau, các nhà khoa học đã khám phá ra cơ chế điều hòa biểu hiện gene sau phiên mã bởi sự can thiệp của các phân tử RNA (RNA interference - RNAi). Trong cơ chế này, sự liên kết của các phân tử mRNA can thiệp dẫn đến sự biểu hiện gene sau phiên mã bị ức chế do: (1) RNA bị phân huỷ, (2) ức chế quá trình dịch mã của mRNA. Hai loại RNA can thiệp chủ yếu được phát hiện trong tế bào nhân thực là siRNA (short interfering RNA) và miRNA (micro-RNA), chúng liên kết với một số phân tử protein tạo thành phức hê RNA - protein tham gia vào cơ chế điều hòa biểu hiện gene. Cơ chế điều hòa bởi hai loại RNA này có điểm tương đồng với nhau (Hình 3.4)

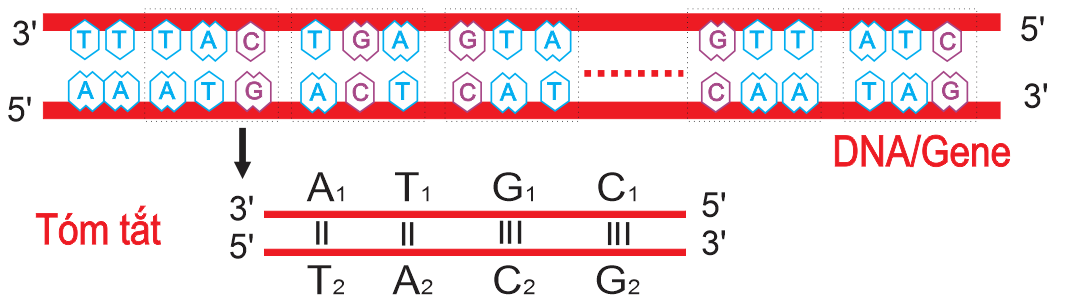
. 

Các loại RNA nhỏ có chức năng điều hòa hoạt động gene

Hai loại RNA nhỏ chủ yếu gồm miRNA (microRNA) và siRNA (RNA can thiệp nhỏ). Các loại RNA này có trình tự nucleotide ngắn và có chức năng điều hòa hoạt động gene. Khi trình tự nucleotide của miRNA hay siRNA liên kết bổ sung với một đoạn mRNA của gene mà nó điều hòa (gene đích) sẽ tạo ra RNA mạch kép và bị các enzyme phân huỷ hoặc nếu không bị phân huỷ cũng không thể dịch mã. Trong hệ gene người có hàng nghìn gene mã hóa cho các loại RNA nhỏ có chức năng điều hòa hoạt động của các gene.

**IV. CÔNG THỨC ĐÁNG NHỚ**

**1. Cấu trúc DNA**



Gọi N là tổng số nucleotide của DNA (gene)

**1.1. Tổng số nucleotide của DNA**

N = Tổng số nucleotide mạch 1 + tổng số nucleotide mạch 2

= (A1 + T1 + G1 + C1) + (A2 + T2 + G2 + C2)

= (A1 + A2) + (T1 + T2) + (G1 + G2) + (C1 + C2)

⇔ A + T + G + C

⇔ 2A + 2G

Vậy: A + G = N/2 = 50%

**1.2. Số lượng và tỷ lệ từng loại nucleotide của DNA**

Số lượng từng loại nucleotide của DNA

Tỷ lệ từng loại nucleotide của DNA

(Vì tổng mỗi mạch đơn là 100%, cả 2 mạch đơn là 200%. Nên tính tỷ lệ phần trăm cả 2 mạch (của DNA) thì phải chia 2)

**1.3. Tính chiều dài, khối lượng, số chu kỳ xoắn và số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) giữa đường & acid trên DNA**

1.3.1. Đơn vị đổi chiều dài: 1 Å = 10-1 nm = 10-4 μm = 10-7 mm

1.3.2. Chiều dài của DNA: L = Å

1.3.3. Số chu kỳ xoắn: C =

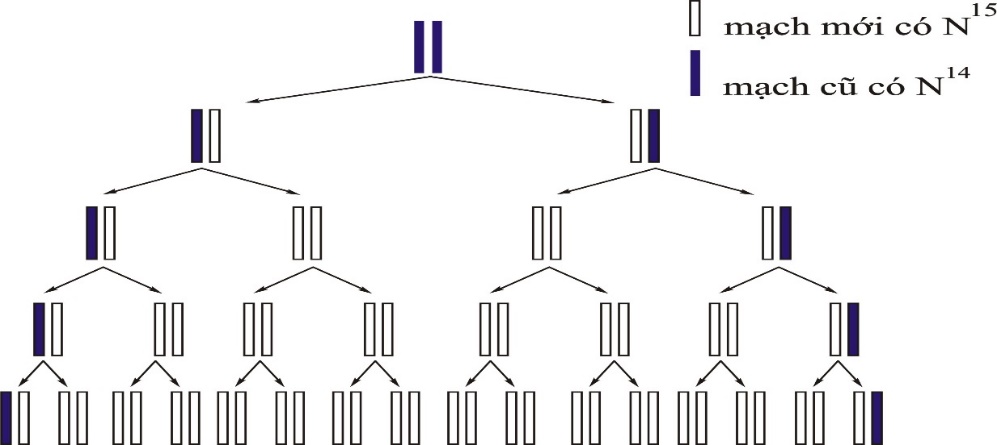
1.3.4. Khối lượng:

1.3.5. Số liên kết hydrogene : H = 2A + 3G

1.3.6. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) = phosphodiester:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) | DNA mạch thẳng (nhân chuẩn) hay gene nhân sơ, gene nhân chuẩn | DNA mạch vòng, plasmid (nhân sơ,..) |
| Số liên kết phosphodiester trên từng nucleotide | N | N |
| Số liên kết phosphodiester giữa các nucleotide | N - 2 | N |
| Số liên kết phosphodiester trên phân tử | N + N - 2 = 2N - 2 | N + N = 2N |

**2. Cơ chế tái bản**

****

**Hình. Trường hợp 1 phân tử DNA (chứa N14) tái bản quá trình tái bản 3 lần trong môi trường có các nucleotide chứa hoàn toàn N15**

tái bản x lần trong môi trường N15

Nếu a phân tử DNA đều giống nhau, có bazo chứa N14  (biết: A = T, G = C)

a.2x (phân tử DNAcon)

1. Số phân tử DNA con hình thành: a.2x

+ Tổng số nucleotide trong các DNA: a.2x.N

+ Tổng số nucleotide từng loại trong các phân tử DNA:

1. Số phân tử DNA con mang hoàn toàn mạch cũ *(DNA chứa 2 mạch N14)*: 0
2. Số phân tử DNA con mang mạch cũ (chứa 1 mạch N14): 2.a
3. Số phân tử DNA con chứa hoàn toàn mạch mới *(phân tử DNA 2 mạch đều N15)*:

= Tổng số phân tử DNA con - số phân tử DNA chứa mạch cũ = a. 2x -2.a = a(2x -2)

1. Tổng số phân tử DNA mang mạch mới (có 1 mạch N15 hoặc cả 2 mạch N15) = 2.a.2x
2. Tổng số mạch đơn cũ trong các DNA con (tổng mạch chứa N14): a.2
3. Tổng số mạch đơn mới trong các DNA con (tổng mạch chứa N15):

2.a.2x - 2.a = 2a(2x - 1)

1. Tổng số nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình tái bản: Ncc = N. a.(2x - 1)

+ Tổng số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản:

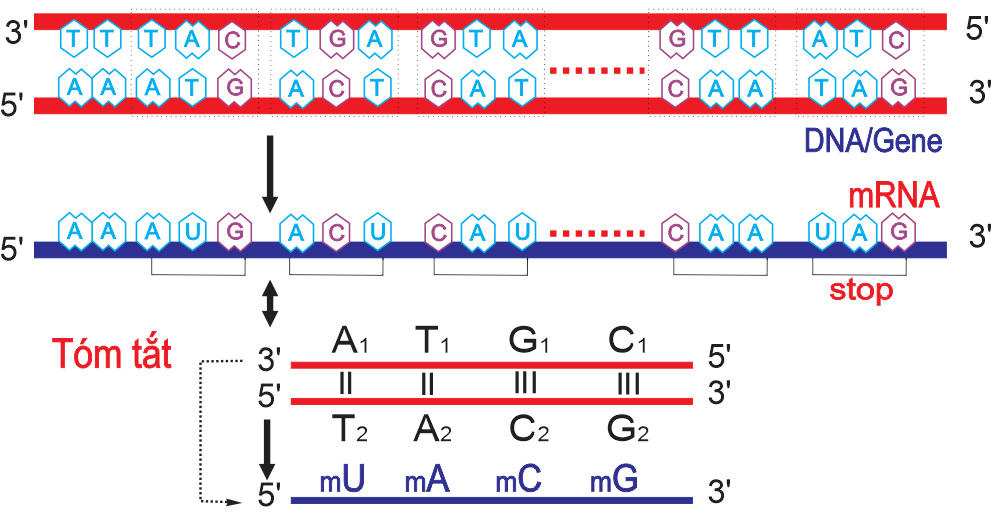
1. Tổng số liên kết H bị phá vỡ sau x lần tái bản: HFV  = H.a.(2x- 1) = (2A + 3G).a.(2x -1)

Tổng số liên kết H hình thành sau x lần tái bản: HHT  = H.a.2x = (2A + 3G).a.2x

1. Tổng số liên kết hóa trị giữa đường và acid được hình thành sau x lần tải bản (trường hợp DNA thẳng hoặc gen) : CHTHT = (N - 2).a.(2x -1)
2. Tổng số liên kết hóa trị giữa đường và acid được hình thành sau x lần tải bản (trường hợp DNA dạng mạch vòng): Z = (N).a.(2x  - 1)

**3. Cơ chế phiên mã**

**3.1. Một gene ở sinh vật nhân sơ (có số nucleotide là N và số lượng từng loại trên từng mạch đơn) phiên mã k lần**



1. Số mRNA được hình thành: 1.k
2. Số nucleotide trên các phân tử mRNA : ∑rN = rN.(1.k)
3. Số nucleotide từng loại trên các mRNA (cũng chính là số nucleotide từng loại môi trường cung cấp)

+ Nếu mạch gốc (3’--5’) là mạch 1 thì mRNA: mA= T1, mU = A1, mG = C1, mC = G1.

+ Nếu mạch 2 là gốc (3’--5’) thì mRNA: mA= T2, mU = A2, mG = C2, mC = G2.

1. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) được hình thành trong quá trình phiên mã: (rN-1).(1.k)

**3.2. Nếu có a gene ở sinh vật nhân sơ (có N, số lượng từng loại) tái bản x lần tạo các gene con, tất cả các gene con đều phiên mã k lần để tạo ra các phân tử mRNA**

**Tóm tắt:**

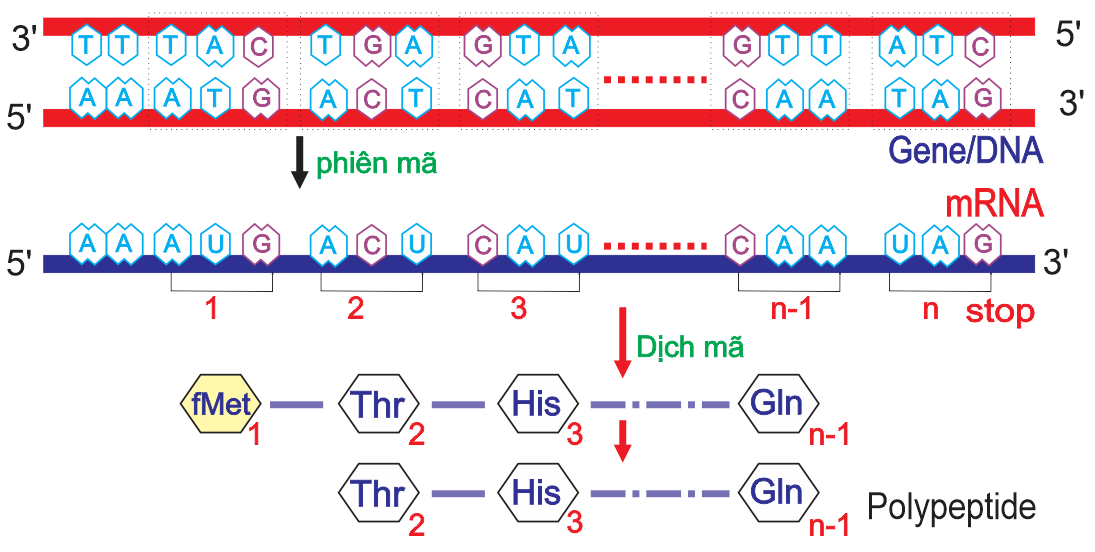
1. Số mRNA được hình thành: a.2x. k
2. Số nucleotide trên các phân tử mRNA: ∑rN = rN.(a.2x. k)
3. Số nucleotide từng loại trên các mRNA (cũng chính là số nucleotide từng loại môi trường cung cấp)

(mg = mạch gốc của gene = mạch 3’ -5’)

1. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) được hình thành trong quá trình phiên mã: (rN - 1).(a.2x. k)

**3.3. Cơ chế dịch mã**

**a. Nếu có 1 gene nhân sơ (có N) điều khiển tổng hợp 1 chuỗi polypeptide**



1. Số codon trên 1 phân tử mRNA:
2. Số codon mã hóa trên 1 phân tử mRNA:
3. Tổng số amino acid (aa) môi trường cung cấp = số lượt tRNA mang amino acid :
4. Tổng số liên kết peptide hình thành = số phân tử nước giải phóng = số amino acid trên các chuỗi polypeptide (hoàn chỉnh) =
5. Tổng số liên kết peptide trên các chuỗi polypeptide hoàn chỉnh:

**b. Nếu có a gene nhân sơ giống nhau (có N) tái bản x lần, các gene con đều phiên mã k lần, trên mỗi mRNA có r ribosome dịch mã 1 lần.**

**Tóm tắt:**

1. Số gene con hình thành**:** a.2x
2. Số phân tử mRNA hình thành**:** a.2x.k
3. Số chuỗi polypeptide được hình thành: r.(a.2x.k)
4. Tổng số amino acid (aa) môi trường cung cấp = số lượt tRNA mang amino acid :
5. Tổng số liên kết peptide hình thành = số phân tử nước giải phóng = số amino acid trên các chuỗi polypeptide (hoàn chỉnh):
6. Tổng số liên kết peptide trên các chuỗi polypeptide hoàn chỉnh:

**B. CÁC DẠNG BÀI TẬP VẬN DỤNG**

**1. Bài toán cấu trúc DNA, RNA, protein**

|  |
| --- |
| **Bài số 1**: Một phân tử DNA có 106 nucleotide. Xác định số liên kết hydrogene và số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của DNA đó trong các trường hợp sau:  a. Hiệu số nucleotide loại G với 1 loại nucleotide khác là 20%. Biết mạch 1 của DNA có A = 10%, mạch 2 có G = 20%.  b. Tổng số nucleotide loại A với 1 loại nucleotide khác là 40%. Biết mạch 1 của DNA có A = 10%, mạch 2 có C = 20%.  c. Tỷ lệ 2 loại nucleotide của DNA là . Biết mạch 1 của DNA có C - G= 10%, T = 20%.  d. Tỷ lệ nucleotide từng loại trên mạch 2 là A : T : G : C = 1 : 2 : 3 : 4. |

**Bài giải**

|  |
| --- |
| Gọi N là tổng số nucleotide của DNA  Giả thuyết: N = 106 = 2A + 2G  Xác định:  1. Số liên kết hydrogene (H) của DNA.  2. Số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của DNA |

a. Hiệu số nucleotide loại G với 1 loại nucleotide khác là 20%. Biết mạch 1 của DNA có A = 10%, mạch 2 có G = 20%.

Theo giả thuyết: G - Nkhác (A, T, C) = 20% *(vì A = T, G = C → Nucleotide khác phải là A hoặc T)*

⇒ G - A = 20% = 0,2.N = 2.105

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có: | 2G + 2A = 106  G - A = 2.105 | → | A = T = 1,5.105  G = C = 3,5.105 |

Vậy: 1. Số liên kết hydrogene của DNA: H = 2A + 3G = 1,35.106

2. Số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của DNA

|  |  |
| --- | --- |
| A1 = T2 = 10% = 0,1.N/2 = 5.104  C1 = G2 = 20% = 0,2.N/2 = 105  G1 = C2 = G - G2 = 3,5.105 - 105­ = 2,5.105­  T1 = A2 = A - A1 = 1,5.105 - 5.104­ = 105 | (vì tỷ lệ của mạch đơn nên nhân N/2)  *Vì : A = T = A1 + A2 = T1 + T2 =…*  *G = C = G1 + G2  = C1 + C2 = …* |

b. Tổng số nucleotide loại A với 1 loại nucleotide khác 40%. Biết mạch 1 của DNA có

A = 10%, mạch 2 có C = 20%.

Theo gt: A + Nkhác (G, C, T) = 40% *(vì A + G = 50% → Nucleotide khác phải là T)*

⇔ A + T = 40% → 2A = 40% → A = T = 20% = 0,2.N = 0,2 x 106 = 2.105

|  |  |
| --- | --- |
| ⇒ | A = T = 2.105  G = C = N/2 - A = 5.105 - 2.105 = 3.105 |

Vậy: 1. Số liên kết hydrogene của DNA: H = 2A + 3G = 1,3.106

2. Số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của DNA

|  |  |
| --- | --- |
| A1 = T2 = 10% = 0,1.N/2 = 5.104  G1 = C2 = 20% = 0,2.N/2 = 105  C1 = G2 = G - G1 = 3.105 - 105 = 2.105  T1 = A2 = A - A1 = 2.105 - 5.104 = 1,5.105 | gt cho tỷ lệ A1 và C2→ số lượng…)  *Vì : A = T = A1  + A2 = T1  + T2 =…*  *G = C= G1  + G2 = C1  + C2 = …* |

c. Tỷ lệ 2 loại nucleotide của DNA là . Biết mạch 1 của DNA có C - G = 10%, T = 20%.

Theo giả thuyết:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có | A/G = 2/3  A + G = N/2 = 5.105 | ⇒ | G = C = 3.105  A = T = N/2 - G = 5.105 - 3.105 = 2.105 |

Vậy: 1. Số liên kết hydrogene của DNA: H = 2A + 3G = 1,3.106

2. Số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của DNA

Theo gt: C1 - G1 = 10% = 0,1.N/2 = 5.104

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có | C1 - G1 = 5.104  C1 + G1 = G = 3.105 | ⇒ | C1 = 1,75.105  G1 = 1,25.105 |

Như vậy số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn

|  |  |
| --- | --- |
| C1 = G2 = 1,75.105  G1 = C2 = 1,25.105  T1 = A2 = 20% = 0,2.N/2 = 105  A1 = T2 = A - A2 = 2.105 - 105 = 105 | *giao tử cho T1 = 20%*  *Vì : A = T = A 1 + A2 = T1 + T2 =…* |

d. Tỷ lệ nucleotide từng loại trên mạch 2 là A : T : G : C = 1 : 2 : 3 : 4.

Theo gt:

⇒

Vậy:

1. Số liên kết hydrogene của DNA: H = 2A + 3G = 2(A1 + T1) + 3(G1 + C1) = 1,35.106

2. Số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của DNA

|  |
| --- |
| **Bài số 2**: Một gene ở sinh vật nhân sơ có khối lượng 9.105 đvC; có hiệu số nucleotide loại G (Guanine) với nucleotide khác là 20%. Tính:  a. Số chu kỳ xoắn của gene.  b. Số liên kết H trên gene.  c. Số liên kết phosphodiester giữa các nucleotide trên gene.  d. Nếu trên mạch một của gene có A = 200, G = 300 thì số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của gene. |

**Bài giải**

Gọi N là tổng số nucleotide của gen

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| M = 9.105→ N = M/300 = 9.105 /300 = 3000  G - Nkhác = 20% ⇒ G - A = 20% = 0,2.N = 600 | ⇒ | 2G + 2A = 3000  G - A = 600 | ⇒ | A = T = 450  G = C = 1050 |

a. Số chu kỳ xoắn của gen: C = N/20 = 3000/20 = 150 (chu kỳ xoắn)

*(tính C chỉ cần có N)*

b. Số liên kết H trên gen: H = 2A + 3G = 2.450 + 3.1050 = 4050

*(tính H phải tìm được A, G)*

c. Số liên kết phosphodiester giữa các nucleotide trên gen:

N - 2 = 2998 (liên kết)

d. Tính số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của gen

|  |  |
| --- | --- |
| A1 = T2 = 200  G1 = C2 = 300  T1 = A2 = A - A1 = 450 - 200 = 250  C1 = G2 = G - G1 = 1050 - 300 = 750 | (giả thuyết cho A1, G1)  *Vì :A = T = A1 + A2 = ….;*  *G = C = G1 + G2 = ….* |

|  |
| --- |
| **Bài số 3**: Một gene ở có chiều dài 510 nm. Có số lượng nucleotide 2 loại bổ sung trên mạch 1 là 450.  a. Tính số liên kết H trên gene.  b. Tính số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của gene. Biết mạch 1 của gene có A = 300, C = 400.  c. Tính số liên kết phosphodiester trên 1 mạch của gene. |

**Bài giải**

Gọi N là tổng số nucleotide của DNA

Giả thuyết: L = 510 nm = 5100 Å = 5100 Å → N = = 3000

Tổng 2 loại nucleotide bổ sung trên 1 mạch là 450 → A1 + T1 = 450 hoặc G1 + C1 = 450

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| TH1: | 2A + 2G = 3000  A1 + T1 = A = 450 (vì A = T = A1 + A2 ) | ⇒ | A = T = 450  G = C = N/2 - A = 1050 |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| TH2: | 2A + 2G = 3000  G1 + C1 = G = 450 (vì G = C = G1 + G2 ) | ⇒ | G = C = 450  A = T = N/2 - G = 1050 |

a. Số liên kết H của gen:

TH1: H = 2A + 3G = 2.450 + 3.1050 = 4050

TH2: H = 2A + 3G = 2.1050 + 3.450 = 3450

b. Tính số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của gene. Biết mạch 1 của gene có A1 = 300, C1 = 400

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| TH1: | A1 = T2 = 300  C1 = G2 = 400  T1 = A2 = A - A1 = 450 - 300 = 150  G1 = C2 = G - G2 = 1050 - 400 = 650 | (giả thuyết cho A1, C1)  *Vì : A = T = A1 + A2 =*  *G = C= G1 + G2 =* |

|  |  |
| --- | --- |
| TH2: | A1 = T2 = 300  C1 = G2 = 400  T1 = A2 = A - A1 = 1050 - 300 = 750  G1 = C2 = G - G2 = 450 - 400 = 50 |

c. Tính số liên kết phosphodiester trên 1 mạch của gen: = = 2999

|  |
| --- |
| **Bài số 4**: Mạch 2 của gene có tỷ lệ A : T : G : C = 1 : 2 : 3 : 4. Trên mạch 2 của gene có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) giữa đường và acid, giữa các nucleotide là 1799.  a. Tính số nucleotide từng loại trên gene.  b. Tính số lượng nucleotide trên từng mạch đơn.  c. Số chu kỳ xoắn, chiều dài gene (μm). |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: Liên kết cộng hóa giữa đường và acid, giữa các nucleotide trên 1 mạch là:= 1799 ⇒ N = 3600

Tỷ lệ nucleotide từng loại trên mạch 2 là A : T : G : C = 1 : 2 : 3 : 4

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| ⇔ | ⇒ | A2 = 180  T2 = 360  G2 = 540  C2 = 720 |  |

|  |  |
| --- | --- |
| a. Tính số nucleotide từng loại trên gen: | A = T = A2 + T2 = 540  G = C = G2 + C2 = 1260 |

|  |  |
| --- | --- |
| b. Tính số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn của gen: | A2 = T1 = 180  T2 = A1 = 360  G2 = C1 = 540  C2 = G1 = 720 |

c. Số chu kỳ xoắn (CKX), chiều dài gene (μm): C = N/20 = 3600/20 = 180 (CKX)

L = .10-4 μm = 0,612 μm

|  |
| --- |
| **Bài số 5**: Một gene nhân sơ có tổng số liên kết hydrogene là 3600 và có hiệu số nucleotide loại A với một loại nucleotide khác là 10%.  a. Tính số nucleotide từng loại của gene.  b. Tính khối lượng, số chu kỳ xoắn, chiều dài và số liên kết phosphodiester trên gene. |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: H = 2A + 3G = 3600

A - Nkhác  = 10% → A - G = 10%

A + G = 50% (theo NTBS) → A = 30%, G = 20% ⇒ A/G = 3/2

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có: | 2A + 3G = 3600  A/G = 3/2 | ⇒ | A = 900  G = 600 |

Vậy:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | a. Số nucleotide từng loại của gen: | A = T = 900  G = C = 600 |

b. Tổng số N = 2A + 2G = 3000

- Khối lượng: M = N.300 đvC = 9.105 đvC

- Chu kỳ xoắn: C = N/20 = 150 CKX

- L = Å = 5100 Å

- CHT (D-P) trên gen: 2N - 2 = 5998 liên kết

|  |
| --- |
| **Bài số 6**: Phân tử DNA có 8400 nucleotide , chứa 4 gene với số lượng nucleotide của mỗi gene lần lựơt theo tỷ lệ 1 : 1,5 : 2 : 2,5  a. Phân tích thấy trên 1 mạch của gene ngắn nhất có A : T : G : C bằng 1 : 2 : 3 : 4. Tính số lượng từng loại nucleotide trên mỗi mạch đơn của gene ngắn nhất.  b. gene dài nhất có 3900 liên kết hydrogene . Tính số lượng và tỷ lệ % từng loại nucleotide của gene này. |

**Bài giải**

Tổng số nucleotide của DNA: NDNA = 8400

Gọi N1, N2, N3, N4 lần lượt là số nucleotide của gene 1, 2, 3, 4

Theo gt: N1 : N2 : N3 : N4 = 1 : 1,5 : 2 : 2,5

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| ⇔ |  | ⇒ | N1 = 1200  N2 = 1800  N3 = 2400  N4 = 3000 |

a. gene ngắn nhất là gene 1

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| N1 = 1200  A1 : T1 : G1 : C1 = 1 : 2 : 3 : 4 | ⇒ |  |
| Vậy số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn: | A1 = T2 = 60  T1 = A2 = 120  G1 = C2 = 180  C1 = G2 = 240 | |

b. gene dài nhất là gene 4

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| N4 = 3000  H = 3900 | ⇔ | 2A + 2G = 3000  2A + 3G = 3900 | ⇒ | A = 600  G = 900 |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Vậy: số lượng từng loại nucleotide | | A = T = 600  G = C = 900 | |
| Tỷ lệ từng loại nucleotide | %A = %T =  %G = %C = 50% - %A = 30% | |

**2. Bài toán cơ chế tái bản - phiên mã và dịch mã**

|  |
| --- |
| **Bài số 7**: Một phân tử DNA nhân chuẩn có hiệu số giữa nucleotide loại A với một loại nucleotide khác bằng 20% và có 1,15.108 liên kết hydrogene  a. Tính số lượng từng loại nucleotide của DNA.  b. Tính chiều dài (μm) và số liên kết phosphodiester trên DNA.  c. Tính số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của DNA. Biết mạch 1 có nucleotide loại A = 5.106, G = 107.  d. Phân tử DNA trên tái bản 3 lần liên tiếp. Tính:  d.1. Tổng số nucleotide trong các DNA con.  d.2. Tổng số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản trên.  d.3. Tổng số liên kết H bị phá vỡ.  d.4. Tổng số liên kết phosphodiester được hình thành trong quá trình trên. |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: H = 2A + 3G = 1,15.108

A - Nkhác  = 20% → A - G = 20%

A + G = 50% (theo NTBS) → A = 35%, G = 15% ⇒ A/G = 7/3

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có: | 2A + 3G = 1,15.108  ⇒  A/G = 7/3 | A = 35.106  G = 15.106 | |
| a. Số lượng từng loại nucleotide của DNA: | | | A = T = 35.106  G = C = 15.106 | |

b. Ta có: N = 2A + 2G = 108

- Chiều dài DNA: L = .10-4 μm = .10-4 μm = 17000 μm

- Cộng hóa trị giữa đường & acid trên DNA: 2N - 2 = 2.108 – 2

|  |  |
| --- | --- |
| c. Số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của DNA | A1 = T2 = 5.106  G1 = C2 = 107  T1 = A2 = A - A1 = 35.106 - 5.106 = 3.107  C1 = G2 = G - G1 = 15.106- 107 = 5.106 |

d. Một phân tử DNA tái bản x = 3 lần → 1.2x =8 (phân tử DNA)

d.1. Tổng số nucleotide trong các DNA con: ∑N = N.8 = 108.8 = 8.108 (nu)

d.2. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình tái bản

d.3. Số liên kết hydrogene bị phá vỡ: HPV = H.(2x -1) = 1,15.108 (23 - 1) = 8,05.108

d.4. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành: Z = (N - 2).(2x -1) = (108 - 2)(23 - 1) = 699999986

|  |
| --- |
| **Bài số 8**: Một gene dài 0,408 μm. Mạch thứ nhất của gene có 40% Adenine gấp đôi số Adenine nằm trên mạch thứ hai.  a. Tính số liên kết hoá trị giữa đường và acid trên gene.  b. Tính số liên kết hydrogene của gene.  c. gene trên tái bản 1 số lần liên tục, môi trường nội bào cung cấp tổng số 36.103 nucleotide. Hỏi:  c.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường nội bào cung cấp.  c.2. Số liên kết bị phá vỡ trong quá trình tái bản trên.  c.3. Số liên kết phosphodiester được hình thành trong quá trình tái bản. |

**Bài giải**

Theo gt: L = 0,408 μm = 4080 Å → N = = 2400

A1 = 2A2 = 40% = 0,4. N/2 = 480 → A1 = 480, A2 = 480/2 = 240

a. Số liên kết hoá trị giữa đường và acid trên gen: 2N - 2 = 4798 liên kết

b. Ta có: số nucleotide từng loại của gen: A = T = A1 + A2 = 480 + 240 = 720

→ G = C = N/2 - A = 1200 - 720 = 480

Vậy số liên kết hydrogene của gen: H = 2A + 3G = 2.720 + 3.480 =2880

**c. Tóm tắt quá trình:**

c.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp:

c.2. Số liên kết bị phá vỡ : HPV  = H.(2x - 1) = 2880.(24  - 1) = 43200 liên kết

c.3. Số liên kết CHT được hình thành trong quá trình tái bản: (N - 2)(2x - 1) = 35970

|  |
| --- |
| **Bài số 9**: Có 5 phân tử DNA (plasmid) đều giống nhau. Mỗi DNA đều có tổng số nucleotide loại C = 1000 và số nucleotide loại G = 10% tổng số nucleotide.  a. Tính số liên kết hydrogene của mỗi phân tử DNA.  b. Tính tỷ lệ % từng loại nucleotide trên từng mạch đơn. Biết trên mạch 1 của mỗi DNA có G = 10%, A = 30%  c. Tính số liên kết phosphodiester giữa các nucleotide trên 1 phân tử DNA.  d. Các DNA trên đều tái bản 2 lần liên tiếp. Tính:  d.1. Tổng số nucleotide từng loại mà môi trường cung cấp cho quá trình tái bản.  d.2. Tổng số liên kết H được hình thành.  d.3. Tổng số liên kết phosphodiester được hình thành trong quá trình trên.  d.4. Tổng số mạch đơn mới được tổng hợp.  d.5. Tổng số phân tử DNA mang nguyên liệu hoàn toàn mới  d.6. Tổng số DNA mang nguyên liệu cũ (có mang mạch cũ). |

**Bài giải**

Theo gt: 5 phân tử DNA plasmid (dạng vòng, kép) giống nhau.

Mỗi DNA có: G = C = 1000 = 10% (vì A + G = 50%)

→ A = T = 40% = = 4000

⇒ Số nucleotide của 1 phân tử DNA: N = 2A + 2G = 104 nucleotide

a. Số LK hydrogene của 1 phân tử DNA: H = 2A + 3G = 2.4000 + 3.1000 = 11000 LK

b. Tỷ lệ từng loại nucleotide trên từng mạch đơn:

|  |
| --- |
| A1 = T2 = 30%  G1 = C2 = 10%  T1 = A2 = 2.%A - %A1 = 2.40% - 30% = 50% *(%A = %T = )*  C1 = G2 = 2.%G - %G1 = 2.10% - 10% = 10% *(%G = %C = )* |

c. Số liên kết CHT giữa đường và acid giữa các nucleotide trên 1 phân tử DNA: vì plasmid có dạng vòng, nên số liên kết CHT giữa các nucleotide là: 2N = 2.104 (liên kết).

d. 5 phân tử DNA đều tái bản 2 lần (x = 2) → tạo ra 5.2x gene con

d.1. Tổng số nucleotide từng loại mà môi trường cung cấp cho quá trình tái bản.

d.2. Tổng số liên kết H được hình thành: HHT  = H.a.2x -11000.5.22 = 220 000 liên kết

d.3. Tổng số liên kết phosphodiester được hình thành trong quá trình trên: CHTđược hình thành = N.a. (2x - 1) = 150 000 *(vì plasmid có cấu trúc mạch vòng, nên số liên kết CHT giữa đường và acid nối giữa các nucleotide là N)*

d.4. Tổng số mạch đơn mới được tổng hợp:

= tổng mạch đơn - mạch cũ = 2.a.2x - 2.a = 2a(2x -1) = 30 mạch

d.5. Tổng số phân tử DNA mang nguyên liệu hoàn toàn mới:

= tổng phân tử DNA - mạch cũ = a. 2 x -2.a = a(2 x -2) = 10 phân tử

d.6. Tổng số DNA mang nguyên liệu cũ (có mang mạch cũ):

= tổng mạch cũ = 2a = 10 phân tử

|  |
| --- |
| **Bài số 10**: Một phân tử DNA chứa N14 tái bản 4 lần trong môi trường có các nitrogenous base chứa hoàn toàn N15. Hỏi:  a. Số phân tử DNA con mới tạo ra sau quá trình tái bản trên.  b. Số phân tử DNA chứa hoàn toàn N15 là bao nhiêu?  c. Số phân tử DNA chứa hoàn toàn N14 là bao nhiêu?  d. Số mạch đơn trong tổng số các phân tử DNA con.  e. Số mạch đơn hoàn toàn chứa N14 trong các DNA con.  f. Số mạch đơn hoàn toàn chứa N15 trong các DNA con. |

**Bài giải**

a. Số phân tử DNA con = a.2x  = 1.24 = 16 phân tử

b. Số phân tử DNA chứa hoàn toàn N15 (hoàn toàn mạch mới)

= tổng phân tử DNA - phân tử DNA chứa mạch cũ (N14) = a.2 x -a.2 = 1.24 - 1.2 = 14

c. Số phân tử DNA chứa hoàn toàn N14 (hoàn toàn mang cả 2 mạch cũ): = 0 (không có phân tử DNA nào mang cả 2 mạch cũ cả)

d. Số mạch đơn trong tổng số các phân tử DNA: = (tổng số phân tử DNA) x 2

= (a.2x ).2 = (1.24 ).2 = 32

e. Số mạch đơn hoàn toàn chứa N14 (mạch cũ): = (số phân tử DNA ban đầu) x 2

= 1.2 = 2 mạch

f. Số mạch đơn hoàn toàn chứa N15 (mạch mới):

= (tổng mạch đơn) - (tổng mạch cũ) = (a.2x ).2 - a.2 = (1.24 ).2 - 1.2 = 30 mạch

|  |
| --- |
| **Bài số 10**: Một gene có hiệu số giữa nucleotide loại T với một loại nucleotide khác bằng 20% và có 2760 liên kết H2 . gene trên tái bản một số lần tạo ra các gene con, các gene con đều phiên mã một số lần như nhau tạo ra các phân tử mRNA với tổng số nucleotide là 96000 và số nucleotide trong các gene con là 38400 nucleotide.  a. Xác định số lượng từng loại nucleotide (N/RNA) mà môi trường cung cấp cho quá trình trên. Mạch 1 của gene có chiều 3’OH → 5’P tính theo chiều phiên mã và có A1 = 240, C1 = 160.  b. Xác định số liên kết phosphodiester giữa đường và acid được hình thành trong quá trình phiên mã trên  c. Xác định số liên kết hydrogene bị phá vỡ và hình thành trong quá trình tái bản trên.  d. Xác định tổng số lượng nucleotide từng loại mà môi trường cung cấp cho quá trình tái bản trên |

**Bài giải**

Theo gt: H = 2A + 3G = 2760

T - Nkhác  = 20% → T - G = 20% (vì T - A = 0% → nucleotide khác là G hoặc X)

T + G = 50%

→ A = T = 35%

G = C = 15% ⇒ A/G = 7/3

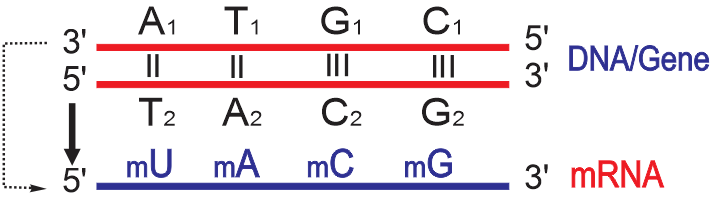
|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Ta có: | 2A + 3G = 2760  A/G = 7/3 | ⇔ | A = T = 840  G = C = 360 |

Tổng số nucleotide của gen: N = 2A + 2G = 2400 nucleotide

Tóm tắt 2 cơ chế tái bản và phiên mã bằng sơ đồ sau:

a. Số nucleotide từng loại trên từng mạch của gene (mạch 1 có chiều 3’―5’)

*Do mạch 1 là mạch gốc tổng hợp mRNA bổ sung với mạch gốc (vì mạch 1 có chiều 3’―5’)*



Vậy số lượng từng loại nucleotide (mA, mU, mG, mC) môi trường cung cấp để tổng hợp: (1.2x.k) = 80 mRNA:

b. Số liên kết phosphodiester (D-P) được hình thành trong quá trình phiên mã: (rN - 1). (tổng phân tử mRNA) = (1200 - 1). 80 = 95920 liên kết

c. Số liên kết H bị phá vỡ và hình thành trong quá trình tái bản:

+ HPV = H.a.(2 x -1) = (2A + 3G).a.(2 x -1) = 2760.1.(24 - 1) = 41400

+ HHT  = H.a.2x =(2A + 3G).a.2x = 2760.(24.1) = 44160

d. Số lượng nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản:

|  |
| --- |
| Acc = Tcc = A.1.( 2 x -1) = 12600  Gcc = Ccc = G.1.( 2 x -1) = 5400 |

|  |
| --- |
| **Bài số 11**: Một gene ở sinh vật nhân sơ có số lượng nucleotide trên mạch thứ nhất như sau: A1 + T1 = 600, G1 + C1= 60%.  a. Tính số lượng nucleotide từng loại của gene.  b. Tính chiều dài, khối lượng , số liên kết H2 và số liên kết phosphodiester trên gene.  c. gene trên tái bản một số lần liên tiếp tạo ra các gene con, các gene con đều phiên mã 4 lần như nhau tạo ra tất cả là 32 mRNA. Hỏi:  c.1. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình tái bản.  c.2. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp cho cả quá trình trên. Biết mạch 1 của gene là mạch có chiều 3’OH → 5’P và có A1 = 200, C1 = 500  c.3. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) được hình thành giữa gốc – OH của đường C5H10O5 thuộc nucleotide trước với –OH của H3PO4 thuộc nucleotide đứng sau trong quá trình phiên mã trên. |

**Bài giải**

Theo gt: A1 + T1 = 600 = A → A = T= 600

G1 + C1= 60% →%G = %C= =

|  |  |
| --- | --- |
| a. Số lượng từng loại nucleotide của gen | A = T = 600  G = C = 30% =  *(vì %G = 30% → A = 20%)* |

b. Số nucleotide của gen: N = 2A + 2G = 3000 nucleotide

+ Tính chiều dài của gen: L = Å = 5100 Å

+ Khối lượng của gen: M = N. 300 đvC = 9.105 đvC

+ Số liên kết phosphodiester trên gen: 2N - 2 = 5998 liên kết

c. Tóm tắt 2 cơ chế tái bản và phiên mã bằng sơ đồ sau:

(gọi x, k lần lượt là số lần tái bản, phiên mã; x, k: nguyên, dương)

Tổng mRNA = 32 = 1.2x.4

2x =8 → x = 3

c.1. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp

c.2. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp cho cả quá trình trên.

|  |  |
| --- | --- |
| - Số lượng từng loại nucleotide trên mạch 1: | A1 = 200 (gt cho A1; C1)  C1 = 500  T1 = A - A1  = 600 - 200 = 400  G1 = G - G2  = 900 - 500 = 400 |

Vì mạch 1 có chiều 3’--5’ là mạch tổng hợp mRNA (gọi là mạch gốc), nên

Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp là:

c.3. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) (phosphodiester) được hình thành trong quá trình phiên mã trên:

(rN -1). (các phân tử mRNA tạo ra) = .32 = 47968

|  |
| --- |
| **Bài số 12**: Một đoạn DNA ở có tỷ lệ nucleotide từng loại trong mạch đơn thứ nhất như sau: A = 40%, T = 20%, G = 30%, C = 300 nucleotide .  a. Tính tỷ lệ % và số lượng từng loại nucleotide trên mỗi mạch của đoạn DNA.  b. Tính số lượng và tỷ lệ từng loại nucleotide trên DNA  c. Đoạn DNA trên tái bản một số lần liên tục, môi trường cung cấp tổng số 42000 nucleotide. Hỏi:  c.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp.  c.2. Số liên kết H bị phá vỡ trong quá trình tái bản trên.  c.3. Số liên kết CHT giữa đường và acid được hình thành trong quá trình tái bản.  d. Các đoạn DNA (gen) con tạo ra đều thực hiện phiên mã 5 lần. Xác định số nucleotide (N/RNA) môi trường cung cấp. Biết rằng mạch 2 của gene là mạch có chiều 3’OH → 5’P tính theo chiều phiên mã. (NRNA) |

**Bài giải**

Theo gt: A1 = 40%, T1 = 20%, G1 = 30% → C1 = 100% - (%A1 + %T1 + %G1) = 10% và giả thuyết cho C1 = 300 nucleotide

|  |  |
| --- | --- |
| a. - Tỷ lệ từng loại nucleotide trên từng mạch | A1 = T2 = 40%  T1 = A2 = 20%  G1 = C2 = 30%  C1 = G2 = 10% |

|  |  |
| --- | --- |
| - SL từng loại nucleotide trên từng mạch | C1 = G2 = 10% = 300  A1 = T2 = 40% =  T1 = A2 = 20% =  G1 = C2 = 30% = |

b. Tính số lượng và tỷ lệ từng loại nucleotide trên DNA

|  |  |
| --- | --- |
| - Số lượng từng loại nucleotide trên DNA | A = T = A1 + A2 = 1200 + 600 = 1800  G = C = G1 + G2 = 900 + 300 = 1200 |

|  |  |
| --- | --- |
| - Tỷ lệ từng loại nucleotide trên DNA | A = T = = 30%  G = C = = 20% |

c. Tổng số nucleotide của 1 đoạn DNA: N = 2A + 2G = 2.1800 + 2.1200 = 6000

|  |  |
| --- | --- |
| Gọi x là số lần tái bản. Theo gt → sơ đồ sau:  sơ đồ tóm tắt tái bản-pm - 3 | |
|  | ⇔ 2x =⇒ x =3 |

c.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp

c.2. Số liên kết H bị phá vỡ trong quá trình tái bản trên:

HPV = H.a.( 2 x -1) = (2A + 3G).1.( 2 x -1) = (2.1800 + 3.1200).7 = 50400

c.3. Số liên kết CHT giữa đường và acid được hình thành trong quá trình tái bản.

CHTHT  = (N - 2).a.( 2 x -1) = (6000- 2).1.(23 - 1) = 41986

d. Theo gt:



Mạch 2 của gene có chiều 3’―5’ là mạch tổng hợp mRNA (số nucleotide của bổ sung với các nucleotide trên mạch 2 (3’―5’)

|  |  |
| --- | --- |
| - Số lượng từng loại nucleotide trên 1 phân tử mRNA | mC = G2 = 300 nucleotide  mA = T2 = 1200 nucleotide  mU = A2 = 600 nucleotide  mG = C2 = 900 nucleotide |

- Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp

|  |
| --- |
| **Bài số 13**: Một gene ở sinh vật nhân sơ (không phân mảnh) có số liên kết hydrogene là 3900 và có tỷ lệ A : G = 2 : 3  a. gene tái bản một số lần liên tiếp tạo ra các gene có tổng số nucleotide là 192000. Xác định số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản trên.  b. Các gene con sinh ra đều phiên mã một số lần liên tục giống nhau và tạo ra tất cả là 320 mRNA. Tính:  b.1. Số lần phiên mã các gene.  b.2. Số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp. Biết rằng mạch 1 của gene có chiều 3’—5’ và có A1 = 200, C1 = 300.  b.3. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình phiên mã trên.  c. Các mRNA sinh ra đều có 6 ribosome (polyribosome) trượt qua 1 lần. Hỏi:  c.1. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã.  c.2. Số lượt tRNA vận chuyển mang amino acid cho quá trình dịch mã trên.  c.3. Số phân tử nước giải phóng và số liên kết peptít hình thành.  c.4. Số amino acid trên các chuỗi polypeptide (hoàn chỉnh).  c.5. Số lượt tRNA mang amino acid mở đầu fMet. |

**Bài giải**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Theo gt: 1 gene có | H = 3900 = 2A + 3G  A/G = 2/3 | ⇒ | A = T = 600  G = C = 900 ⇒ N = 2A + 2G = 3000 |

|  |
| --- |
| a. Gọi x là số lần tái bản (x ∈ N\*)  sơ đồ tóm tắt tái bản-pm - 5  ⇔ 2x =19200/N = 64 → x = 6  Vậy số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho tái bản x lần: |
| b. Gọi k là số lần phiên mã (k ∈ N\*) |

b.1. Số lần phiên mã: k = 5

b.2. Số lượng từng loại nucleotide trên mạch 1 của gene (mạch này chính là mạch gốc tổng hợp mRNA. Vì mạch 1 có chiều 3’―5’).

|  |  |
| --- | --- |
| - Số lượng từng loại nucleotide từng mạch của gen: | A1 = T2 = 200  C1 = G2 = 300  T1 = A2 = A - A1 = 400  G1 = C2 = G - G2 = 600 |

- Vậy số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp:

b.3. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình phiên mã trên:

= (rN - 1).(tổng phân tử mRNA) = (rN - 1).320 = 479680

c. Gọi r là số ribosome trượt trên 320 phân tử mRNA 1 lần (r ∈ N\*)

c.1. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã:

∑aacc = = = 958080

c.2. Số lượt tRNA vận chuyển = số amino acid môi trường cung cấp:

∑tRNA = = = 958080

c.3. số phân tử nước giải phóng và số liên kết peptide hình thành:

∑H2Ogiải phóng = = = 956160

c.4. Số amino acid trên các chuỗi polypeptide (hoàn chỉnh):

∑amino acid /polypeptide hoàn chỉnh= = = 956160

c.5. Số lượt tRNA mang amino acid mở đầu fMet (mỗi chuỗi polypeptide được tổng hợp thì có 1 lượt fMet đến ⇒ ∑lượt fMet = 1.1920 = 1920

|  |
| --- |
| **Bài số 14**: Một gene ở sinh vật nhân sơ có khối lượng bằng 9.105 đvC và có hiệu số giữa nucleotide loại G với một loại khác bằng 10% tổng số nucleotide của gene.  a. Tính số lượng từng loại nucleotide trên từng mạch đơn. Biết trên mạch 1 của gene có A - G = 200, trên mạch 2 có T + C = 600.  b. gene trên tái bản 4 lần tiên tiếp tạo ra các gene con, các gene con đều thực hiện phiên mã 3 lần tạo ra các mRNA. Trên mỗi phân tử mRNA đều có số ribosome trượt qua như nhau và đã sinh ra 288 chuỗi polypeptide.  b.1. Xác định số ribosome trượt qua 1phân tử mRNA.  b.2. Xác định số amino acid môi trường cung cấp cho cả quá trình trên.  b.3. Xác định số liên kết peptide được hình thành các chuỗi polypeptide.  b.4. Xác định số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho cả quá trình trên.  Biết rằng mạch 1 của gene là mạch có chiều 5’P → 3’OH tính theo chiều phiên mã |

**Bài giải**

Theo gt: 1 gene có →

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| ⇒ Số nucleotide từng loại trên gen | | G = C = 900  A = T = 600 | | | |
| a. Mạch 1 của gene có: | A1 - G1 = 200  T2 + C2 = 600 → | | A1 - G1 = 200  A1 + G1 = 600 → | A1 = 400  G1 = 200 |

|  |  |
| --- | --- |
| Vậy số nucleotide từng loại trên từng mạch đơn | A1 = T2 = 400  G1 = C2 = 200  C1 = G2 = G - G1 = 900 - 200 = 700  T1 = A2 = A - A1 = 600 - 400 = 200 |

b. Gọi r là số ribosome trượt 1 lần trên các mRNA.

Tóm tắt 2 cơ chế tái bản và phiên mã bằng sơ đồ sau:

b.1. Số ribosome trượt qua 1 phân tử mRNA: r = 6 (ribosome)

b.2. Số amino acid môi trường cung cấp cho cả quá trình trên.

∑aacc = = = 143712

b.3. Số liên kết peptide hình thành nên các chuỗi polypeptide

∑liên kết peptide hình thành = = = 143424

b.4. Số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho cả quá trình trên: *(vì mạch*

*1 của gene có chiều (5’--3’) → mạch 2 của gene là mạch gốc tổng hợp mRNA)*

|  |
| --- |
| **Bài số 15**: Trên mạch 1 của một gene tổng hợp nhân tạo có chiều 3’OH→5’P tính theo chiều phiên mã có trình tự nucleotide sau:  3’-TAC-AAA-CCC-TTT-TTC-TTC-TTC-CTT-CTT-CCC-TTT-CTT-TCC-ATT-5’  a. Xác định trình tự amino acid trên 1 chuỗi polypeptide (kể cả amino acid mở đầu) được tổng hợp dựa trên gene nhân tạo trên.  b. Xác định số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã (anticodon) của tRNA để tổng hợp một chuỗi polypeptide .  c. Nếu gene trên phiên mã 5 lần. Xác định số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp cho gene trên phiên mã.  d. Số lượng từng loại nucleotide trên gene.  Biết các codon (bộ ba mã hóa/mRNA) tương ứng với các amino acid trên chuỗi polypeptide như sau: UUU: Phe, AGG: Arg, GGG: Gly, GAA: Glu, AAA và AAG: Lys, AUG: fMet |

**Bài giải**

Khi cho mạch gốc (3’--5’)/gene → mRNA →polypeptide )

|  |
| --- |
| Gen: (mạch gốc) → 3’-TAC -AAA-CCC-TTT- TTC- TTC-TTC-CTT-CTT-CCC-TTT-CTT-TCC-ATT-5’ |
| ↓Phiên mã |
| mRNA: →5’-AUG-UUU-GGG-AAA-AAG-AAG-AAG-GAA-GAA- GGG-AAA-GAA-AGG-UAA-3’ |
| ↓ dịch mã (dựa trên các codon/mRNA ứng với amino acid /polypeptide  → thế vào để tạo thành polypeptide . |
| Polypeptide : fMet - Phe - Gly - Lys - Lys - Lys - Lys - Glu - Glu - Gly - Lys - Glu - Arg  ↓  Phe - Gly - Lys - Lys - Lys - Lys - Glu - Glu - Gly - Lys - Glu - Arg |

a. Chuỗi polypeptide được tổng hợp nhân tạo có các trình tự amino acid như sau:

Phe - Gly - Lys - Lys - Lys - Lys - Glu - Glu - Gly - Lys - Glu - Arg

b. Số lượng từng loại nucleotide (mA, mU, mG, mX) trên một phân tử mRNA:

|  |  |
| --- | --- |
| Vậy số lượng từng loại nucleotide trên đối mã của tRNA:  *(đối với mã kết thúc UAA trên mRNA không mã hóa cho amino acid nào nên không có đối mã)* | tU = mA - 2 = 20  tA = mU - 1= 4  tG = mC = 0  tC = mG = 15 |

c. Một gene phiên mã 5 lần (k = 5) → 1.5 = 5 pt mRNA giống hệt

Số nucleotide từng loại môi trường cung cấp để tổng hợp 5 mRNA:

|  |  |
| --- | --- |
| *d. Số lượng từng loại nucleotide trên gen:* | *A = T = A1 + A2 = mA + mU = 27*  *G = C = G1 + G2 = mG + mC = 15* |

|  |
| --- |
| **Bài số 16**: Trên mạch 1 của một gene tổng hợp nhân tạo có chiều 3’OH → 5’P tính theo chiều phiên mã có số bộ ba sau: 1 (3’TAC5’), 10 (3’AAA5’), 20 (3’GGG5’), 15 (3’TCC5’), 30 (3’CTT5’), 40 (3’TTC5’), 1 (3’ATT5’)  a. Xác định số lượng từng loại nucleotide (N/RNA) trên một phân tử mRNA.  b. Xác định số lượng từng loại nucleotide trên gene.  c. Xác định số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã (anticodon) của tRNA.  d. Nếu gene trên phiên mã 6 lần. Trên mỗi mRNA có 3 ribosome trượt một lần. Xác định:  d.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp cho gene trên phiên mã.  d.2. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã.  d.3. Số phân tử nước giải phóng trong quá trình dịch mã.  d.4. Số lượt tRNA vận chuyển amino acid đến trong quá trình dịch mã.  d.5. Số lượt amino acid Phe cần cung cấp cho quá trình dịch mã.  Biết các codon (bộ ba mã hóa/mRNA) tương ứng acid trên chuỗi polypeptide như sau UUU: Phe, AGG: Arg, GGG: Gly, GAA: Glu, AAA và AAG: Lys, CCC: Pro |

**Bài giải**

Theo gt cho: mạch 1 (3’―5’) là mạch gốc của gene → mRNA →polypeptide

|  |
| --- |
| Gen: (mạch 1) → 1 (3’TAC5’), 10 (3’AAA5’), 20 (3’GGG5’), 15 (3’TCC5’);  30 (3’CTT5’), 40 (3’TTC5’), 1 (3’ATT5’) |
| ↓Phiên mã |
| mRNA: → 1(5’AUG3’), 10 (5’UUU3’), 20 (5’CCC3’), 15 (5’AGG3’),  30 (5’GAA3’), 40 (5’AAG3’), 1 (5’UAA3’) |
| ↓dịch mã *(dựa trên các codon/mRNA ứng với amino acid /polypeptide*  *→ thế vào để tạo thành polypeptide )* |
| Polypeptide fMet; 10 (Phe), 20 (Pro), 15 (Arg), 30 (Glu), 40 (Lys).  ↓  10 (Phe ), 20 (Pro), 15 (Arg), 30 (Glu), 40 (Lys) |

a.

+ Số lượng từng loại nucleotide trên mạch gốc (gt cho mạch 1)

*(đếm từng loại nucleotide của mRNA)*

+ Vậy số lượng từng loại nucleotide trên 1 phân tử mRNA:

*(mạch 1 là gốc 3’--5’) tổng hợp mRNA, nên mRNA bổ sung với mạch 1)*

b. Số lượng từng loại nucleotide trên gen:

c. Số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã (anticodon) của tRNA:

*(bộ ba kết thúc UAA trên mRNA không mã hóa amino acid → không có đối mã nào cả*

*⇒ trừ ra 2mA, 1mU khi tính đối mã)*

|  |  |
| --- | --- |
| d. 1 gene phiên mã k = 6 lần → 1.6 = 6mRNA; các mRNA đều có r = 3 ribosome trượt 1 lần → 18 (polypeptide ) | |
| d.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường  cung cấp cho gene trên phiên mã: | mAcc = mA.6 = 948  mUcc = mU.6 = 192  mGcc = mG.6 = 606  mCcc = mC.6= 360 |
| d.2. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã:  Ta có: N = 2A + 2G = 2.190 + 2.161 = 702  ∑amino acid cung cấp = = 2088  d.3. Số phân tử nước giải phóng trong quá trình dịch mã:  ∑phân tử H2O giải phóng =  d.4. Số lượt tRNA vận chuyển amino acid đến trong quá trình dịch mã:  ∑lượt tRNA = = 2088  d.5. Số lượt amino acid Phe cần cung cấp cho quá trình dịch mã:  ∑lượt amino acid Phe = 10.18 = 180  (vì để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide cần có 10 amino acid Phe để giải mã 10 codon UUU/mRNA) | |

|  |
| --- |
| **Bài số 17**: Một đoạn polypeptide được tổng hợp từ một đoạn gene có trình tự amino acid sau:  Arg-Phe-Gly-Gly-Phe-Glu-Glu - Arg-Lys.  a. Xác định cấu trúc của đoạn mRNA tổng hợp chuỗi polypeptide trên.  b. Xác định trình tự mạch gốc của đoạn gene tổng hợp mRNA trên.  c. Xác định số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã để tổng hợp chuỗi polypeptide trên.  Biết các codon (bộ ba mã hóa/mRNA) tương ứng với các amino acid trên chuỗi polypeptide như sau: UUU: Phe, AGG: Arg, GGG: Gly, AAA: Lys, GAA: Glu, AUG: fMet |

**Bài giải**

Theo gt cho: polypeptide → mRNA → 3 mạch của gene (từ gốc →mạch bổ sung)

|  |
| --- |
| Gen: (mạch gốc)→ ---TCC- AAA --------------------------------------TCC - TTT - |
| ↑ |
| mRNA: --- AGG - UUU -----------------------------------AGG- AAA - |
| ↑ |
| Polypeptide ---- Arg - Phe - -----------------------------------Arg - Lys -  *(gt cho polypeptide )* |

a. Cấu trúc của đoạn mRNA: dựa trên trình tự amino acid /polypeptide ; các codon/mRNA ứng với amino acid trên polypeptide ⇒ mRNA như sau:

5’--- AGG - UUU - GGG - GGG - UUU - GAA - GAA - AGG - AAA ----3’

b. Trình tự nucleotide trên đoạn mạch gốc: dựa trên trình tự nucleotide của đoạn phân tử mRNA → trình tự nucleotide đoạn mạch gốc theo NTBS:

→ 3’---TCC-AAA - CCC - CCC - AAA - CTT - CTT - TCC - TTT ---5’

c. + Từ polypeptide → mRNA → xác định số lượng từng loại nucleotide /mRNA như sau:

|  |
| --- |
| mA = 9 (đếm các nucleotide /mRNA)  mU = 6  mG = 12  mC = 0 |

+ Vậy số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã (anticodon) của tRNA: *(từ mRNA → đối mã/tRNA. Vì là đoạn giữa nên không có mã kết thúc trên mRNA (không trừ ra))*

|  |
| --- |
| **Bài số 18**: Một phân tử mRNA (mRNA không có đoạn intron) tổng hợp nhân tạo có các codon sau đây: 20 codon (5’CCC3’), 30 codon (5’GGC3’), 40 codon (5’AAC3’), 50 codon (5’AUC3’), 60 codon (5’GCC3’), 1 codon (5’AUG3’) và 1 codon (5’UAA3’).  a. Xác định số lượng từng loại nucleotide (N/RNA) trên một phân tử mRNA.  b. Số lượng từng loại nucleotide trên một gene tổng hợp phân tử mRNA trên.  c. Xác định số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã (anticodon) của tRNA để tổng hợp một chuỗi polypeptide .  d. Nếu một gene trên tái bản 4 lần tạo các gene con, mỗi gene con phiên mã 5 lần tạo các mRNA; trên mỗi mRNA có 6 đều dịch mã một lần.  d.1. Xác định số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp cho các gene trên phiên mã.  d.2. Xác định số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã.  d.3. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA.  d.4. Xác định số lượt tRNA vận chuyển amino acid đến cho quá trình dịch mã trên.  d.5: số amino acid từng loại môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên.  d.6: Số liên kết CHT hình thành trong tái bản, phiên mã.  d.7: Số liên kết H bị phá vỡ và hình thành sau quá trình tái bản trên.  Biết các codon (bộ ba mã hóa/mRNA) tương ứng với các amino acid trên chuỗi polypeptide như sau: CCC: Pro, GGC: Gly, AAC: Asn, AUC: Ile, GCC: Ala. |

**Bài giải**

Theo giả thuyết cho: mRNA → polypeptide hoặc từ mRNA → 3 mạch của gene (từ gốc → mạch bổ sung)

|  |
| --- |
| Gen: (mạch gốc)→ 1 (3’TAC5’); -------------------------------------- 1 (3’ATT5’) |
| ↑ |
| mRNA: 1 (5’AUG3’), 20 (5’CCC3’), 30 (5’GGC3’), 40 (5’AAC3’),  50 (5’AUC3’), 60 (5’GCC3’), 1 (5’UAA3’) |
| ↓ |
| Polypeptide fMet - 20 Pro --------------------------------------------------------60 Ala |

a. Số lượng từng loại nucleotide (N/RNA) trên một phân tử mRNA. (vì gt cho các codon/mRNA → đếm để xác định)

|  |  |
| --- | --- |
| mA = 133 (đếm các nucleotide /mRNA)  mU = 52  mG = 121  mC = 300 | |
| b. Số lượng từng loại nucleotide trên gen: | | A = T = mA + mU = 185  G = C = mG + mC = 421 | |

|  |  |
| --- | --- |
| c. số lượng từng loại nucleotide trên các đối mã của tRNA tham gia tổng hợp 1 chuỗi polypeptide | tU = mA = 133 (giữa codon và anticodon)  tA = mU = 52  tC = mG = 121  tG = mC = 300 |

d. Theo gt → sơ đồ tóm tắt 3 cơ chế:

d.1. Số lượng từng loại nucleotide mà môi trường cung cấp cho các gene trên phiên mã:

|  |
| --- |
| mAcc = mA.(pt mRNA hình thành) = 133.80 = 10640  mUcc = mU.(pt mRNA hình thành) = 52.80 = 4160  mGcc = mG.(pt mRNA hình thành) = 121.80 = 9680  mCcc = mC.(pt mRNA hình thành) = 300 .80 = 24000 |

d.2. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã.

∑amino acid cung cấp = = 96480 (N = 2A + 2G =1212)

d.3. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA.

Số bộ ba mã hóa = tổng số bộ ba trên mRNA - số bộ ba không mã hóa (bộ ba kết thúc) = = 201 bộ ba

d.4. Số lượt tRNA vận chuyển amino acid đến cho quá trình dịch mã trên.

∑lượt tRNA = = 96480

d.5. Số amino acid từng loại môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Số amino acid từng loại môi trường cung cấp để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide : | fMetcc = 1.1 = 1 (vì có 1 bộ ba AUG)  Procc = 20.1 = 20 (vì có 20 bộ ba CCC)  Glycc = 30.1 = 30 (vì có 30 bộ ba GGC)  Asncc = 40.1 = 40 (vì có 40 bộ ba AAC)  Ilecc = 50.1 = 50 (vì có 50 bộ ba AUC)  Alacc = 60.1 = 60 (vì có 60 bộ ba GCC) | | |
|  |  | | |
| Vậy số lượng số lượng từng loại amino acid môi trường cung cấp (để tổng hợp 480 polypeptide ) là: | | fMetcc = 1.480 =480  Procc = 20.480 =9600  Glycc = 30.480 = 14400  Asncc = 40.480 = 19200  Ilecc = 50.480 = 24000  Alacc = 60.480 = 28800 |

d.6: Số liên kết CHT hình thành trong tái bản, phiên mã.

∑liên kết CHT hình trong trong tái bản = (N - 2).a.(2x -1)= (1212 - 2).1.15 = 18150

∑liên kết CHT hình trong phiên mã = (rN - 1).(a.2x.k) = (1212/2 - 1).80 = 48400

d.7. Số liên kết H phá vỡ và hình thành sau quá trình tái bản trên.

∑liên kết H bị phá vỡ: HPV = H.a.( 2x -1) = (2A + 3G).a.(2C - 1)

= (2.185 + 3.421).1.15 = 24495

∑liên kết Hhình thành sau x lần tái bản: HHT  = H.a.2x =(2.185 + 3.421).1.16 = 26128

**A. BÀI TẬP TRẮC NGHIỆM ĐỊNH LƯỢNG PHÁT TRIỂN NĂNG LỰC**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | **<TNTLN>** Người ta sử dụng một chuỗi polinucleotide có = 0,25 làm khuôn để tổng hợp nhân tạo một chuỗi polinucleotide bổ sung có chiều dài bằng chiều dài của chuỗi khuôn đó.  Theo lý thuyết, tỷ lệ các loại nucleotide A và G tự do cần cung cấp cho quá trình tổng hợp này là bao nhiêu phần trăm? *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 20,00 | 1 chuỗi polinucleotide (là một mạch khuôn và cho là mạch 1):  ⇔=  Tổng hợp mạch mới (mạch bổ sung là 2)  theo NTBS (cung cấp từ môi trường): =  Mà tổng một mạch là 100% (A2 + T2 + A2 + G2 = 100%)  Vậy: A2 + G2= 20%, T2 + C2 = 80% |
|  | **<TNTLN>**  Ở một loài, gene A quy định màu lông xám là gene trội có 20% Adenine và 3120 liên kết hydrogen. Gene A tái bản 3 lần tạo ra các gene con, các gene con phiên mã 4 lần tạo ra các mRNA, trên mỗi mRNA có số nucleotide loại A là 300, loại G là 400.  Theo giả thuyết có bao nhiêu phát biểu đúng?  1/ Gene đó có số lượng liên kết hydrogene giữa A với T là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 960  2/ Theo lý thuyết, tổng số nucleotide loại U và C trên một phân tử mRNA tổng hợp từ gene là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 500**  3/ Theo lý thuyết, tổng số nucleotide loại G và A môi trường cung cấp cho quá trình tái bản là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 8400  4/ Theo lý thuyết, tổng số nucleotide loại U và A cung cấp cho quá trình phiên mã là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:**  15360 | Gene (A):  Giả thuyết  ta có: A + G = 50%  A = T = 20% → G = C = 30% → A/G = 2/3  H = 2A + 3G = 3120  → A = T = 480  G = C = 720   1. số lượng liên kết hydrogene giữa A với T: 2A = 960, số lượng liên kết hydrogene giữa G với C: 3G = 2160 2. Trên 1 mRNA có mA = 300 / mG = 400   → mU = A – mA = 180 / mC = G – mG = 320  3/ Đú 1 gene qua x = 3 lần tái bản => Nucleotide loại G và A môi trường cung cấp:  Acc = Tcc = 480.(2x – 1) = 3360  Gcc = Ccc = 720.(2x – 1) = 5040  4/ 1 gene qua x = 3 lần tái bản → 1.2x = 8 gene ---phiên mã k = 4 -→ tạo nên 8.4 = 32 mRNA  mAcc = mA.32 = 300.32 = 9600  mGcc = mG.32 = 400.32 = 12800  mUcc = mU.32 = 180.32 = 5760  mCcc = mC.32 = 320.32 = 10240 |
|  | **<TNTLN>** Một cặp gene gồm hai alen A và a.  Gene A có 480 nucleotide loại adenine và 720 nucleotide cytosine.  Gene a có A = T = G = C = 600 nucleotide.  Gene A quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene a quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Mọi quá trình diễn ra bình thường,  1/ Theo lý thuyết, kiểu gene của tế bào quy định màu lông xám có số lượng nucleotide G = C và bằng bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1440  2/ Theo lý thuyết, cơ thể lông đen có kiểu gene Aa thì có số nucleotide loại adenine là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1080  3/ Theo lý thuyết, cơ thể lông đen khi giảm phân có thể cho loại giao tử mang số nucleotide loại cytosine trong alelle A là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 720 | **ĐÁP ÁN: .**  Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  I→ đúng. Vì  Gene A: A = T = 480  G = C = 720  Gene a: A = T = 600  G = C = 600  Tế bào lông xám = AA hoặc Aa  Nên số Nu trong tế bào quy định lông xám:  + Tế bào Aa: A = T = 480 + 600 = 1080  G = C = 720 + 600 = 1320  + Tế bào AA: A = T = 480.2 = 960  G = C = 720.2 = 1440  2/ Cơ thể lông đen (AA/Aa) có số nucleotide loại adenine là 1080 thì có kiểu gene Aa. Vì A = T = 1080 = AA + Aa => có kiểu gene Aa.  3/ Cơ thể lông đen (AA/Aa) khi giảm phân có thể cho loại giao tử (A / a) mang số nucleotide loại cytosine này là  + Nếu giao tử mang alelle A → C = G = 720. => đúng  + Nếu giao tử mang alelle a → C = G = 600. |
|  | **<TNTLN>**Một cặp gene gồm hai alen B và b.  Gene B có 900 nucleotide thymine và 600 nucleotide guanine.  Gene b có A = T = G = C = 750 nucleotide.  Gene B quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene b quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Chỉ xét đến gene quy định tính trạng màu lông.  1/ Theo lý thuyết, một tế bào (Bb) nguyên phân 3 lần số nuleotide loại adenine môi trường cung cấp là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 11550  2/ Theo lý thuyết, một tế bào (Bb) nguyên phân 2 lần số nuleotide loại cytosine trong các tế bào con là là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 6000  3/ Theo lý thuyết, một tế bào của cơ thể lưỡng bội (Bb) giảm phân, không phân li ở kì sau của giảm phân 2 cho loại giao tử (BB) mang số nucleotide loại T là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1800  4/ Theo lý thuyết, một tế bào của cơ thể lưỡng bội (bb) giảm phân 1 không phân li thì cho giao tử mang 2 alelle với số nucleotide loại G là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1500 | Gene B: A = T = 900  G = C = 600  Gene b: A = T = 750  G = C = 750  Tế bào lông xám = BB hoặc Bb. Nên số Nu trong tế bào quy định lông xám:  + Tế bào Bb: A = T = 900 + 750 = 1650  G = C = 600 + 750 = 1350  + Tế bào BB: A = T = 1800  G = C = 1200  Tế bào lông trắng = bb. Nên số Nu trong tế bào quy định lông trắng:  → Tế bào bb: A = T = 1500  G = C = 1500  1/ Số nucleotide loại A môi trường cung cấp  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 12600 → tế bào có kiểu gene BB.  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 11550 → tế bào có kiểu gene Bb.  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 10500 → tế bào có kiểu gene bb.  2/ Số nucleotide loại C trong các tế bào con tạo ra  + ΣC = ΣG= CTB.22 = 4800 → tế bào có kiểu gene BB.  + ΣC = ΣG = CTB. 22 = 5400 → tế bào có kiểu gene Bb.  + ΣC = ΣG = CTB. 22 = 6000 → tế bào có kiểu gene bb.  3/ Cơ thể Bb do không phân li giảm phân 2 có thể cho giao tử BB.  → có nucleotide T trong các giao tử mang 2 alelle BB :  → T = A = 2AB = 1800  4/ Giao tử mang G = C = 1500 → Giao tử mang 2 alelle bb. Mà cơ thể lưỡng bội cho bb có thể:  + Cơ thể bb do không phân li giảm phân 1 hoặc 2 đều có thể cho giao tử bb → có nucleotide G trong các giao tử mang 2 alelle bb :  → G = C = 2Gb = 1500 |
|  | **<TNTLN>** Một cặp gene gồm hai alen B và b. Hai alelle có chiều dài bằng nhau và bằng 5100 Å  Alelle B có tỉ lệ A/G = 3/2.  Alelle b có số nucleotide loại A giảm 1 so với alelle B.  Gene B quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene b quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Mọi quá trình diễn ra bình thường, chỉ xét đến gene quy định tính trạng màu lông. Theo lý thuyết, có bao nhiêu phát biểu sau đây đúng?  1/ Theo lý thuyết, cơ thể lưỡng bội giảm phân bình thường cho 2 loại giao tử, thì loại giao tử mang alelle lặn có nucleotide loại cytosine là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 601  2/ Theo lý thuyết, cơ thể lưỡng bội có kiểu gene BB giảm phân bình thường cho giao tử có số nucleotide loại cytosine là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 600  3/ Theo lý thuyết, ba tế bào sinh dục cái có kiểu gene Bb giảm phân bình thường cho tổng số trứng, nếu ba trứng tạo ra đều mang alelle trội thì tổng số nucleotide loại thymine trong các trứng là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 2700  4/ Theo lý thuyết, 2 tế bào sinh dục đực (Bb) giảm phân bình thường cho tổng số tinh trùng, tổng số nucleotide loại guanine trong các tinh trùng mang alelle lặn là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 2404 | LB = Lb = 5100.2/3,4 = 3000  Gene B có A/G = 3/2.  Gene B: A = T = 900  G = C = 600  Gene b: A = T = 899  G = C = 601  1/ Có thể mang cặp gene Bb giảm phân cho giao tử ½ B: ½ b  ½ giao tử b cho nucleotide cytosine là 601  2/ Cơ thể lưỡng bội có kiểu gene BB giảm phân bình thường chỉ cho giao tử B → nucleotide loại cytosine/giao tử là 600.  3/ Ba tế bào sinh dục cái có kiểu gene Bb giảm phân bình thường cho tổng số trứng: 3B hoặc 3b hoặc 2B-1b hoặc 1B-2b  → 3 trứng (B) có có số loại thymine là 2700 = 3TB → 3 trứng đều B.  4/ 2 tế bào sinh dục đực (Bb) giảm phân bình thường cho tổng số 8 tinh trùng → 4 tinh trùng B = 4 tinh trùng b  → Số loại guanine/4 tinh trùng b = 4Gb = 2404 |
|  | **<TNTLN>** Trong tế bào cơ thể lưỡng bội (con cái XX, con đực XY), xét hai cặp NST  Cặp NST thường mang gene thứ 1 quy định tính trạng chiều cao chân gồm có 2 alelle B và b. Hai alelle có chiều dài bằng nhau và bằng 5100 Å. Alelle B có tỉ lệ G/A = 3/2, alelle b có số nucleotide loại A tăng 1 so với alelle B.  Cặp NST thường thứ 2 mang gene thứ 2 quy định tính trạng màu mắt gồm có 2 alelle D và D. Hai alelle có số nucleotide bằng nhau và bằng 1800. Alelle D có tỉ lệ G/A = 2. Alelle d có số nucleotide loại A giảm 1 so với alelle D.  Mọi quá trình diễn ra bình thường, chỉ xét đến 2 cặp gene quy định 2 cặp tính trạng trên.  1/ Theo lý thuyết, một tế bào lưỡng bội có kiểu gene BBdd, nguyên phân ở kì giữa có số nucleotide loại A là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 3596  2/ Theo lý thuyết, một tế bào lưỡng bội có kiểu gene BBDD, nguyên phân ở kì sau có số nucleotide loại T trong tế bào là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 3600  3/ Theo lý thuyết, một tế bào sinh dục cái lưỡng bội có kiểu gene BbDd. Số nucleotide loại C trong 1 tế bào con mang alelle trội của gene thứ 1 và alelle lặn của gene thứ 2 sinh ra từ giảm phân 1 là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 3002  4/ Theo lý thuyết, một tế bào sinh dục đực lưỡng bội có kiểu gene BbDd, giảm phân kết thúc cho tế bào con đều tạo giao tử. Số nucleotide loại G trong các giao tử mang alelle trội của gene thứ 1 và alelle lặn của gene thứ 2 là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1501 | LB = Lb = 5100.2/3,4 = 3000  Gene B có G/A = 3/2.  Gene B: A = T = 600  G = C = 900  Gene b: A = T = 601  G = C = 899  Gene D có G/A = 2.  Gene D: A = T = 300  G = C = 600  Gene d: A = T = 299  G = C = 601  1/ 1 tế bào lưỡng bội có kiểu gene BBdd , nguyên phân ở kì giữa có số nucleotide loại A là 3596  → ở kì giữa nguyên phân có 2n NST kép = BBBBdddd  → ATB = TTB = 3596 = 4B + 4d = 2400 + 1196    2/ 1 tế bào lưỡng bội BBDD, nguyên phân ở kì sau có số nucleotide loại T là  → ở kì sau nguyên phân có 4n NST đơn = BBBBDDDD  → TTB = ATB = 4B + 4D = 3600    3/ Tế bào con sinh ra kì cuối 1 là BBdd.  CTB = GTB = 3002 = 2B + 2d = 1800 + 1202    4/ BbDd → G: BD = Bd = bD = bd  Giao tử mang alelle trội của gene thứ 1 và alelle lặn của gene thứ 2 là giao tử Bd.  → CTB = GTB = B + d = 900 + 601= 1501 |
|  | **<TNTLN>** Hai gene đều có 3000 nucleotide, trong đó A = T = 450 nucleotide, G = C = 1050 nucleotide. Hai gene đều phiên mã một lần đã đòi hỏi môi trường nội bào cung cấp 600 uracil và 1200 cytosine. Mọi diễn biến diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại C trong mạch mã gốc của gene là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 450  2/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại A trong mạch bổ sung của gene là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 150  3/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại U trên một phân tử mRNA là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN: 300**  4/ Theo lý thuyết, qúa trình phiên mã trên môi trường cần cung cấp số nucleotide loại G là bao nhiêu ?  **ĐÁP ÁN:** 900. | 1/  2 gene có số nucleotide và số lượng từng loại giống nhau → thuộc cùng một gene.  → số lượng từng loại nucleotide mỗi gen:  A = T = 450  G = C = 1050  2 gene 2.1= 2 mRNA  Ta có: mUcc = 600 = mU.2 → mU = 300  mCcc = 1200 = mC.2→ mC = 600  → Số lượng từng loại nucleotide trên một phân tử mRNA:  Mà mạch gốc (3’ - 5’) của gene là mạch tổng hợp mRNA theo NTBS. Nên số lượng từng loại nucleotide trên mạch gốc của gen:  2/  3/  4/ |
|  | **<TNTLN>** Ở sinh vật nhân sơ, hai gene đều giống nhau có 3000 nucleotide, đều phiên mã một lần. Trên mỗi phân tử mRNA đều có 5 ribosome dịch mã một lần. Mọi quá trình diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, số lượt phân tử tRNA tới dịch mã bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 4990.  2/ Theo lý thuyết, số codon mã hóa trên mỗi mRNA bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 499**  3/ Theo lý thuyết, số bộ ba ở vùng mã hóa trên gene để tổng hợp mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 500  4/ Theo lý thuyết, số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 499 | 1/ Vì  2 gene có ---phiên mã 1 lần (k = 1) → 2.1 mRNA 1.2.5 =10 polypeptide  Số lượt tRNA = số amino acid môi trường cung cấp = = 4990 lượt tRNA  1/ Số lượt phân tử tRNA tới dịch mã là 4990.  2/ Số codon mã hóa trên mỗi mRNA là = = (NRNA /3) -1= 499  3/ Số bộ ba trên gene để tổng hợp mRNA là 500 =  4/ Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã là = = = 4990. |
|  | **<TNTLN>** Một gene nhân sơ có 600 Adenine và 900 Guanine, có 400 Cytosine trên một mạch và gene đó đã tái bản liên tiếp 3 lần. Mỗi gene được tái bản đều phiên mã một lần. Môi trường nội bào đã cung cấp cho toàn bộ quá trình phiên mã là 2000 Uracil.  1/ Theo lý thuyết, số lượng loại nucleotide A trên mạch gốc của một gene là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 250**  2/ Theo lý thuyết, số lượng từng loại nucleotide A trên mạch bổ sung của một gene là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 350** | 1/  1gene:1.23  = 8 gene 8.1 = 8 mRNA  Trong đó: mUcc = mU.8 = 2000 → mU = 250  Mạch gốc của gene là mạch tổng hợp mRNA theo NTBS  Vậy số lượng từng loại nucleotide A trên mạch gốc của gene :  mU = **Ag = Tbs  = 250** → Tg = Abs = A - Ag = 350  3/ Trên mRNA có mU = 250 thì mạch gốc phải Agốc = 250 → ABS = A - Agốc = 600-250 = 350 |
|  | **<TNTLN>** Một phân tử mRNA được tổng hợp từ một gene ở sinh vật nhân sơ chứa 1500 nucleotide, trong đó số nucleotide Adenine gấp hai lần số Uracil, gấp 3 lần số Guanine và gấp 4 lần số Cytosine.  1/ Theo lý thuyết, số lượng loại nucleotide A của gene là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1080  2/ Theo lý thuyết, số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 499  3/ Theo lý thuyết, số codon trên một phân tử mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 500.  4/ Theo lý thuyết, tính theo chiều phiên mã, vùng mã hóa trên mạch có chiều 3’-5’ có số nucleotide G là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 240** | 1/ Gene (2 mạch)  ↓ phiên mã 1 lần (k = 1)  1 phân tử mRNA, có  ⇔  ⇒ Số lượng từng loại nucleotide  → SL từng loại nucleotide /gene  2/ Sai. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là = (NRNA/3) – 1 = 499  3/ Số codon trên một phân tử mRNA là = (NRNA/3) = 500.  4/ Tính theo chiều phiên mã, vùng mã hóa trên mạch có chiều 3’-5’ bổ sung với mRNA: |
|  | **<TNTLN>** Ở sinh vật nhân sơ, gene thứ I mã hóa một phân tử protein (1 chuỗi polypeptide không tính amino acid mở đầu) có 198 amino acid . Phân tử mRNAI (do gene I tổng hợp) có số lượng từng loại nucleotide A : U : G : C lần lượt theo tỷ lệ 1 : 2 : 3 : 4.  Gene thứ II dài 2550Å, có hiệu số Adenine với một loại nucleotide khác bằng 20% so với số nucleotide của gene. Hai gene đó gắn liền với nhau làm thành một đoạn phân tử DNA.  1/ Theo lý thuyết, số nucleotide loại G của đoạn phân tử DNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 645**  2/ Theo lý thuyết, số nucleotide loại C trên một phân tử mRNA do gene I tổng hợp là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 240**  3/ Theo lý thuyết, trong tế bào lưỡng bội mang cặp NST chứa hai loại gene này có số nucleotide loại A là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 1410.**  4/ Theo lý thuyết, trong tế bào lưỡng bội mang cặp NST chứa hai loại gene này đang kì giữa nguyên phân có số nucleotide loại C là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 2580** | **ĐÁP ÁN: .**  Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  1/ Vì   * Gene I có:   → mA = 60, mU = 120; mG = 180; mC = 240  ⇒ Số nucleotide từng loại của gene II   * Gene II:   ⇔  ⇒ Số nucleotide từng loại của gene II  Vậy số nucleotide từng loại của đoạn DNA (gồm gene I và gene II)  3/ Hai gene I, II/trên 1DNA nên trên 1 NST → tế bào lưỡng bội chứa hai loại gene này phải mang: 2 gene I và 2 gene II → Số nucleotide loại ATB = 2Agene I + 2 Agene II = 705.2 = 1410.  4/ Hai gene I, II/trên 1DNA nên trên 1 NST → tế bào lưỡng bội chứa hai loại gene này ở kì giữa (2n kép = 4DNA của cặp NST đó, mỗi DNA mang 2 gen) phải mang: 4 gene I và 4 gene II → Số nucleotide loại CTB = 4Cgene I + 4 Cgene II = 645.4 = 2580 |
|  | **<TNTLN>** Một phân tử mRNA có C = U + G và U = 300 nucleotide. Gene tổng hợp phân tử mRNA đó có hiệu số giữa guanine với một loại nucleotide khác bằng 12,5% số nucleotide của gene. Trên một mạch theo chiều 3’-5’ của gene (tính theo chiều phiên mã) có 25% cytosine so với số nucleotide của mạch. Nếu khối lượng phân tử của trung bình một nucleotide là 300 đơn vị cacbon.  1/ Theo lý thuyết, khối lượng phân tử của mRNA là bao nhiêu đvC?  **ĐÁP ÁN: 720 000**  2/ Theo lý thuyết, gene có số liên kết hydrogene giữa cặp A-T là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1800.  3/ Theo lý thuyết, để môi trường cung cấp cho gene trên tái bản 3 lần là bao nhiêu nucleotide loại cytosine?  **ĐÁP ÁN:** 10500 | **<TNTLN>**  **ĐÁP ÁN: .**  Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  Giả thuyết: mạch của gene có chiều 3’-5’ là mạch gốc tổng hợp mRNA 1 gen  ⇔ (1)  1 mRNA (2)  Từ 1, 2→ mRNA  Với mU = mC – mG = 37,5% - 25% = 12,5% = 300 nucleotide  Gọi rN là số nucleotide của 1 phân tử mRNA  ⇒ rN = mU.100/12,5 = 2400 (nucleotide )  1/ Vậy MmRNA = rN.300đvC = 72 x 104 đvC  2/ A = T = (2.NRNA) = 900  G = C = (2.NRNA) = 1500  H A-T = 2A = 1800.  3/ 1 gene tái bản x = 3 lần → Ccc = Gcc = C.(2x – 1) = 10500 |
|  | **<TNTLN>** Một gene có 2346 liên kết hydrogen. Hiệu số giữa Adenine của gene với một loại nucleotide khác bằng 20% tổng số nucleotide của gene đó. Gene này tự tái bản liên tiếp 5 lần.  1/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại A tự do môi trường nội bào cung cấp là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 22134  2/ Theo lý thuyết, tổng số mạch đơn mới được hình thành là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 62**  3/ Theo lý thuyết, số gene mang tất cả các mạch mới là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 30**  4/ Theo lý thuyết, số gene mang mạch mới là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 32** | 1/  1gen⇔  ⇒1gen1.2x (gen)  Vậy số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp:  Acc = Tcc = A.(2x – 1) = 22134  Gcc = Ccc = G.(2x – 1) = 9486  2/ Tổng số mạch đơn mới được hình thành là 62.  Tổng số gene : 1.25 = 32 = 64 mạch → 62 mạch mới + 2 mạch cũ  3/ Số phân tử gene mang tất cả các mạch mới được tổng hợp là 30.  Tổng số gene : 1.25 = 32  + 2 mạch cũ nằm trong 2 phân tử gene → 30 gene mang toàn mạch mới.  4/ Số phân tử gene mang mạch mới là 32.  Tổng số gene : 1.25 = 32  + 2 mạch cũ nằm trong 2 phân tử gene. Mỗi gene chứa 1 cũ và 1 mới  + còn lại 30 gene chứa tất cả mạch mới (2 mạch đều mới)   * Tất cả gene đều có mạch mới. |
|  | **<TNTLN>** Trong tế bào lưỡng bội xét 1 cặp NST chứa 2 cặp gene:  Cặp gene thứ nhất (A,a) có gene A chứa 600 Adenine và 900 Guanine, gene a chứa 450 Adenine và 1050 Guanine.  Cặp gene thứ hai (B, b) có gene B chứa 240 Adenine và 960 Guanine, gene b chứa 720 Adenine và 480 Guanine.  Các cặp gene này đều nằm trên một cặp NST tương đồng. Nếu không có đột biến xảy ra, mọi quá trình diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại A của hợp tử dị hợp 2 cặp gene AB/ab là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 2010  2/ Theo lý thuyết, tế bào lưỡng bội (AB/AB) có bao nhiêu nucleotide loại cytosine?  **ĐÁP ÁN:** 3720  4/ Theo lý thuyết, tế bào lưỡng bội (Ab//Ab) giảm phân, số nucleotide loại thymine trong 1 tế bào ở kì sau giảm phân 1 là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 4320 | 1/  Cặp gene I  + gene A:  + gene a:  Cặp gene II  + gene B:  + gene b:  Giả thuyết: 2 gene trên 1 cặp NST, hợp tử dị hợp 2 cặp gene có kiểu gene hoặc → dù hợp tử loại nào đi nữa vẫn có (Aa,Bb)  ⇒ Số nucleotide từng loại của 1 hợp tử:  2/ TB 2n = AB/AB có: Ctế bào = 3720 = 2CA + 2CB  3/ Kì sau giảm phân 1 → Tế bào đó phải là 2n kép = Ab//Ab Ab//Ab  → giai đoạn này có: Ttb = 4TA+ 4Tb = 4320 |
|  | **<TNTLN>** Hai cặp gene (Aa, Bb), mỗi gene đều dài 4080 Å.  - Gene thứ I: Alelle A có tỷ lệ A : G = 3 : 1; alelle a có tỷ lệ T : C = 1 : 1.  - Gene thứ 2: alelle B có tỷ lệ G : A = 7 : 9 và alelle b có tỷ lệ C : T = 3 : 5.  Hai cặp gene trên 2 cặp NST khác nhau. Một tế bào lưỡng bội chứa cặp gene dị hợp trên phân bào bình thường.  1/ Theo lý thuyết, Tế bào lưỡng bội AaBb có số nucleotide loại A là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 2925.  2/ Theo lý thuyết, một tế (AaBb) bào đang ở kỳ giữa nguyên phân có số nucleotide loại adenine là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 5850  3/ Theo lý thuyết, một tế bào (AAbb) đang ở kỳ giữa giảm phân 1 có số nucleotide loại thymine bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 6600  4/ Theo lý thuyết, một tế bào (AAbb) đang giảm phân, số nucleotide loại Guanine trong một tế bào tại kì giữa giảm phân 2 là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1500 | Theo giả thuyết: Lgene 1 = Lgene 2 = 4080 Å → N(A,a,B,b) = = 2400  Cặp gene I (A, a)  + gene A:  + gene a: tương tự ⇔  Cặp gene II (B, b)  + gene B: tương tự ⇔  + gene b: tương tự ⇔  \* 1 hợp tử 2n (Aa, Bb) → ở kỳ trung gian (kỳ đầu, kỳ giữa) đều là 2nkép = (AAaa, BBbb) ⇒ số lượng từng loại nucleotide của hợp tử    1/ Tế bào lưỡng bội AaBb có số nucleotide loại A = 2925 = 1AA+1Aa + 1AB + 1Ab  2/ Một tế bào đang ở kỳ giữa nguyên phân có số nucleotide loại adenine là 5850  Tế bào lưỡng bội 2n = AaBb → kì đầu/kì giữa/kì sau = AAaaBBbb → ATB kì giữa  = 2AA + 2Aa + 2AB­ + 2Aa = 5850  3/ Một tế bào AAbb → kỳ giữa giảm phân 1 (AAAAbbbb) có số nucleotide loại thymine: T = 4AA + 4Ab = 6600  4/ Một tế bào AAbb đang ở kỳ giữa giảm phân 2 (AAbb) → có số nucleotide loại Guanine: G = 2GA + 2Gb = 1500 |
|  | **<TNTLN>** Cho biết các lượt phân tử tRNA khi dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide (không tính amino acid mở đầu) có bộ ba đối mã (anticodon) mang số lượng của từng loại amino acid tương ứng: 10 Glixin có bộ ba CCA, 20 Alanin có bộ ba CGG, 30 Valin có bộ ba CAA, 40 Xistein có bộ ba ACA, 50 Lizin có bộ ba UUU, 60 Lơxin có bộ ba AAC và 70 Prolin có bộ ba GGG.  1/ Theo lý thuyết, số nucleotide loại A của gene là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 420.  2/ Theo lý thuyết, số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN: 279**  3/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu lượt tRNA cần tham gia để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide ?  **ĐÁP ÁN: 279**  4 Theo lý thuyết, phân tử mRNA trên có bao nhiêu codon CCA?  **ĐÁP ÁN:** 10 | Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  A → đúng. Vì  Gene mRNA polypeptide  1 polypeptide : 10 Glixin - 20 Alanin - 30 Valin - 40 Xistein - 50 Lizin - 60 Loxin - 70 Prolin  → ∑lượt đối mã/tRNA: 10 (CCA), 20 (CGG), 30 (CAA), 40 (ACA), 50 (UUU), 60 (AAC), 70 (GGG)  → số lượng từng loại nucleotide trong tổng só các đối mã để tổng hợp 1 polypeptide  Theo NTBS: mạch gốc gene (3’--5’) → mRNA (5’-3’) bổ sung với mạch gốc → các đối mã tRNA (3’-5’) bổ sung với các codon/mRNA Ngene = 1680  1/ Số nucleotide loại DNAine của gene là: A = T = 420  2/ Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là Ngen/6 - 1= 279  3/ Để tổng hợp một chuỗi polypeptide cần số lượt tRNA là 279.  4/ Trên polypeptide có 10 amino acid Gly nên mRNA có 10 codon CCA. |
|  | **<TNTLN>** Cho biết bộ gene của 1 tế bào lưỡng bội của một loài động vật có tỷ lệ và chứa 3.109 cặp nucleotide. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, tổng liên kết hydrogene có trong 1 tế bào lưỡng bội là bao nhiêu? là liên kết.  **ĐÁP ÁN:** 7200 000 000  2/ Tế bào đang ở kì sau nguyên phân có bao nhiêu cặp nucleotide?  **ĐÁP ÁN:** 6 000 000 000  3/ Theo lý thuyết, 1 tế bào đang ở kì giữa giảm phân 1 có số cặp nucleotide là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 6 000 000 000  4/ Theo lý thuyết, 1 tế bào giao tử có số cặp nucleotide là 1,5.109 nucleotide.  **ĐÁP ÁN:** 3 000 000 000 | **<TNTLN> .**  Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  1/  Bộ gene (tất cả gen)  → Số nucleotide từng loại trong 1 tế bào  Vậy H = 2A + 3G = 72.108 liên kết.  2/1 tế bào ban đầu 2n = số nucleotide = → Tế bào đang ở kì sau nguyên phân có 6.109 cặp nucleotide = 12.109 nucleotide.  3/ 1 tế bào đang ở kì giữa giảm phân 1 (2nkép ≡ 4n) có số cặp nucleotide là 3.109 x 2 = 6.109 cặp nucleotide.  4/ 1 tế bào giao tử (n) có số cặp nucleotide là 1,5.109 cặp nucleotide = 3.109 nucleotide. |
|  | **<TNTLN>** Một phân tử DNA nhân sơ chứa toàn N15 có đánh dấu phóng xạ, có tổng số nucleotide là 106 và G = 30%, được tái bản 4 lần trong môi trường chứa toàn N14.  1/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu phân tử DNA có chứa N15 trong các phân tử DNA con?  **ĐÁP ÁN: 14**  2/ Theo lý thuyết, trên 1 DNA có bao nhiêu nucleotide loại G và C.  **ĐÁP ÁN:** 600 000  3/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu số liên kết hydrogene giữa các cặp A - T trên 1 phân tử DNA?  **ĐÁP ÁN:** 400 000  4/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu liên kết CHT giữa đường và acid giữa các nucleotide trên 1 DNA?  **ĐÁP ÁN:** 1000 000  5/ Theo lý thuyết, có tổng số bao nhiêu phân tử DNA chứa N15?  **ĐÁP ÁN:** 2 | **<TNTLN> .**  Theo lý thuyết, .  *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  1 DNA nhân sơ (mạch kép, vòng) chứa N15  1.24  phân tử DNA  1 → Vì tổng phân tử DNA chứa N15 (DNA chứa mạch cũ) = 1.2 phân tử *(mỗi DNA có chứa 1 mạch cũ N15 mà thôi)*  2 → Tổng nucleotide loại G và C = 3.105.2 = 6.105  3 → Vì số liên kết hydrogene giữa các cặp A - T = 2A = 4.105  4 → Liên kết CHT giữa đường và acid giữa các nucleotide trên 1 DNA *(CHT giữa các nucleotide trên DNA vòng = N =106)*  5 → *Có 2 phân tử DNA nào chứa cả 1 mạch cũ* |
|  | **<TNTLN>** Kết quả phân tích trình tự 7 amino acid đầu mạch của phân tử Hemoglobin ở người bình thường được kí hiệu là Hb.A, còn của người bị bệnh là Hb.B như sau:  Hb.A: Valin – Histidin – Loxin – Thrionine – Prolin – Acid glutamic – Acid glutamic-  Hb.B: Valin – Histidin – Loxin – Thrionine – Prolin – Valin– Acid glutamic-  Qua so sánh ta nhận thấy chuỗi polypeptide do phân tử Hb.B đã bị thay đổi amino acid thứ mấy so với chuỗi polypeptide go gene Hb.A?  **ĐÁP ÁN: 6** | Hb.A: Valin – Histidin – Loxin – Threonin – Prolin – Acid glutamic – Acid glutamic-  Hb.B: Valin – Histidin – Loxin – Threonin – Prolin – Valin– Acid glutamic-  Polypeptide đột biến thay đổi 1 amino acid thứ 6 là A.Glutamic bằng amino acid Valin |
|  | **<TNTLN>** Xét một mRNA trưởng thành có tỷ lệ các loại nucleotide là 1A = 2U = 3G = 4C. Sử dụng enzyme sao chép ngược tổng hợp gene mạch kép từ mRNA trên.  1/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu phần trăm (%) nucleotide loại adenine trên gene? *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 36,00  2/ Theo lý thuyết, tính theo chiều phiên mã, mạch 3’-5’ của gene có bao nhiêu phần trăm (%) loại adenine? *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 24,00  3/ Theo lý thuyết, tính theo chiều phiên mã, mạch 5’-3’ của gene có bao nhiêu phần trăm (%) loại cytosine? *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 12,00  4/ Theo lý thuyết, tính theo chiều phiên mã, mạch 5’-3’ của gene có bao nhiêu phần trăm (%) loại guanine. *(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 16,00 | 1/  1 mRNA trưởng thành:  → mRNA: A = 48%, U = 24%, G = 16%, C = 12%  Vì sử dụng mRNATT để tổng hợp ngược lại DNA (2 mạch) nên theo NTBS  Vậy tỷ lệ từng loại nucleotide trên DNA này là:  2/ Mạch 3’-5’ của gene là mạch gốc: Agốc = mU = 24%  3/ Mạch 5’-3’ của gene là mạch BS: CBS = mC = 12%  4/ Mạch 5’-3’ của gene là mạch BS: GBS = mG = 16% |
|  | **<TNTLN>** Một gene sinh vật nhân sơ. Trong quá trình dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide đã cần 300 lượt tRNA tham gia vận chuyển các amino acid. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, số nucleotide trên một phân tử mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 903  2/ Theo lý thuyết, phân tử mRNA được tổng hợp từ gene có bao nhiêu codon?  **ĐÁP ÁN:** 301  3/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu codon mã hóa trên 1 phân tử mRNA?  **ĐÁP ÁN:** 300 | 1/ Vì  ***Cách 1*:** 300 lượt tRNA để vận chuyển tổng hợp 300 aa/1 chuỗi polypeptide → số cid amin cần cung cấp/tổng hợp 1 chuỗi polypeptide = 300 aa → số bộ ba /mRNA = 300 +1 (công 1 là mã kết thúc) = 301 ⇒ số nucleotide /mRNA = 301 x 3 = 903  ***Cách 2***: áp dụng công thức, số lượt tRNA để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide  = = 300 → rN = 903  2/ Phân tử mRNA có codon = NRNA­/3 = 301  3/ Có 300 codon mã hóa trên 1 phân tử mRNA.  → Số codon/1RNA = NRNA­/3 - 1= 300 |
|  | **<TNTLN>** Một gene sinh vật nhân sơ. Từ vùng mã hóa của Gene, qua quá trình phiên mã, dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide đã cần 300 lượt tRNA tham gia vận chuyển các amino acid. Biết bộ ba không mã hóa amino acid trên mRNA là UAA, tỷ lệ các nucleotide A:U:G:C trong các codon mã hóa của RNA lần lượt là 2 : 2 : 1 : 1. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  1/ Theo lý thuyết, có bao nhiêu nucleotide thuộc vùng mã hóa của gene quy định chuỗi polypeptide?  **ĐÁP ÁN:** 1806  2/ Theo lý thuyết, gene có số liên kết hydrogene giữa các cặp A và T là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 1206  3/ Theo lý thuyết, số nucleotide loại U trong vùng mã hóa của mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 300  4/ Theo lý thuyết, số lượng nucleotide loại A trên các condon của mRNA là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 302, | Số lượt tRNA để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide = = 300  → rN = 903 → Ngene = 1806  - TL các nucleotide /các bb mã hóa mRNA: A : U : G : C = 2 : 2 : 1 : 1  → A/2 = U/2 = G/1 = C/1 = 900/6 = 150 → A = U = 300, G = C = 150  → số nucleotide từng loại trong các bộ ba mã hóa mRNA (không tính bb kết thúc UAA): A = 300, U = 300, G = C = 150  Số lượng từng loại nucleotide trên mRNA (cả bộ ba kết thúc): A = 300 + 2 = 302, U = 300 + 1 = 301, G = C = 150  Vậy số lượng từng loại Nucleotide/gen:  1/ Ngene = 1806  2/ HA-T: 2A = 1206  3/ U trong vùng mã hóa của mRNA (không tính codon kết thúc vì nó không mã hóa) là 300.  4/ A trên các condon của mRNA (cả kết thúc) là 302. |
|  | **<TNTLN>** Một phân tử DNA nhân sơ có tổng số nucleotide là 106 cặp nucleotide, tỷ lệ A : G = 3 : 2.  Theo lý thuyết, phân tử DNA đó có tỷ lệ nucleotide loại C là bao nhiêu phần trăm (%)?*(hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy)*  **ĐÁP ÁN:** 20,00 | DNA nhân sơ (kép, vòng). Có N = 106  Theo gt: →  C = G = 20%. |
|  | **<TNTLN>** Một gene không phân mảnh, vùng mã hóa có số nucleotide là 2994 và 900 nucleotide loại G.  1/ Theo lý thuyết, gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** *5986*  2/ Theo lý thuyết, trên một phân tử mRNA được tổng hợp từ gene trên có số bộ ba mã hóa amino acid là bao nhiêu  **ĐÁP ÁN:** 498  3/ Theo lý thuyết, để tổng hợp một chuỗi polypeptide từ gene trên, môi trường cần phải cung cấp bao nhiêu amino acid?  **ĐÁP ÁN:** 498  4/ Theo lý thuyết, nếu một gene trên tái bản 4 lần, tổng số nucleotide loại T trong các gene con bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 9552 | 1 gene →  1 / gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) *= 2N - 2 = 5986*  2 → Số bộ ba mã hóa amino acid = = 498 (trừ 1 bộ ba kết thúc không mã hóa aa/polypeptide )  3 → Vì số amino acid môi trường cung cấp = = 498  4 → Vì  1gene 1.24 gen  Vậy ∑A = ∑T = A.2C = 9552 |
|  | **<TNTLN>** Một gene không phân mảnh, vùng mã hóa có số nucleotide là 2994 và 900 nucleotide loại G.  1/ Theo lý thuyết, gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 5986  2/ Theo lý thuyết, trên một phân tử mRNA được tổng hợp từ gene trên có số bộ ba mã hóa amino acid là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 498,00  3/ Theo lý thuyết, để tổng hợp một chuỗi polypeptide từ gene trên, môi trường cần phải cung cấp bao nhiêu amino acid?  **ĐÁP ÁN:** 498  4/ Theo lý thuyết, nếu một gene trên tái bản 4 lần, tổng số nucleotide loại T trong các gene con là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 9552 | 1 gene →  1 → gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) *= 2N - 2 = 5986*  2→ Số bộ ba mã hóa amino acid = = 498 (trừ 1 bộ ba kết thúc không mã hóa aa/polypeptide )  3→ Vì số amino acid môi trường cung cấp = = 498  4 → Vì  1gene 1.24 gen  Vậy ∑A = ∑T = A.2C = 9552 |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | **<TNĐS>** Người ta sử dụng một chuỗi polinucleotide có = 0,25 làm khuôn để tổng hợp nhân tạo một chuỗi polinucleotide bổ sung có chiều dài bằng chiều dài của chuỗi khuôn đó.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Tỷ lệ các loại nucleotide tự do cần cung cấp cho quá trình tổng hợp này là A + G = 20%, T + C = 80%.  B. Dựa trên giả thuyết có thể các định được tỉ lệ từng loại nucleotide của phân tử nucleic acid đó.  C. Nucleic acid đó là DNA mạch kép.  D. Dựa trên giả thuyết có thể xác tỉ lệ từng loại nucleotide trên từng mạch đơn của DNA đó. | **Đáp án đúng: A – C**  A → đúng. Vì  1 chuỗi polinucleotide (là một mạch khuôn và cho là mạch 1):  ⇔=  Tổng hợp mạch mới (mạch bổ sung là 2)  theo NTBS (cung cấp từ môi trường): =  Mà tổng một mạch là 100% (A2 + T2 + A2 + G2 = 100%)  Vậy: A2 + G2= 20%, T2 + C2 = 80%  B → sai, Dựa trên giả thuyết chưa thể xác tỉ lệ từng loại nucleotide của DNA đó. Nếu muốn xác định phải có tỉ lệ từng loại nucleotide trên mạch giả thuyết. = → chưa tính được T1 = …%/ C1= …%/ C1 = …%/ G1= …%  => **chưa thể tính được** A = T = (%A1 + %T1)/2 = …  G = C = (%G1 + %C1)/2 = …  C. Nucleic acid đó là DNA mạch kép.  D. Dựa trên giả thuyết chưa thể xác tỉ lệ từng loại nucleotide trên từng mạch đơn: chỉ có = → chưa tính được T1 = …%/ C1= …%/ C1 = …%/ G1= …% |
|  | **<TNĐS>** Biết hàm lượng DNA nhân trong một tế bào sinh tinh của thể lưỡng bội là x, trong đó có số nucleotide của A và T = 2.106 nucleotide, nucleotide của G và C là 4.106 nucleotide. Trong trường hợp phân chia bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Hàm lượng DNA nhân của tế bào này đang ở kì sau của giảm phân I là 2x.  B. Hàm lượng DNA nhân của tế bào này đang ở kì sau của nguyên phân là 2x.  C. Kì giữa nguyên phân, số nucleotide loại A trong 1 tế bào là 2.106  D. Số nucleotide loại G trong 1 tế bào quan sát ở kì giữa 2 là 4.106 nucleotide. | |  |  | | --- | --- | | Nguyên phân: 1TB (2n = x) | Giảm phân: 1TB (2n = x) | | KTG (S/G): 1TB (2nkép = 2x) | KĐ1: 1TB (2nkép = 2x) | | KĐ: 1TB (2nkép = 2x) | KG1: 1TB (2nkép = 2x) | | KG: 1TB (2nkép = 2x) | KS1: 1TB (2nkép = 2x) | | KS: 1TB (4n = 2x) | KC1: 2TB (nkép = x) | | KC: 2TB (2n = x) | KĐ2: 2TB (nkép = x) | |  | KG2: 2TB (nkép = x) | |  | KS2: 2TB (2n = x) | |  | KC2: 4TB (n = x/2) |   **Đáp án đúng: A – B – C**  A. Đúng. KS1: 1TB (2nkép = 2x)  B. Đúng. KS: 1TB (4n = 2x)  C. Đúng. Kì giữa nguyên phân, số nucleotide loại A trong 1 tế bào là 2.106  Trong 1 tế bào 2n = x → A = T = 2.106/2 = 106  Kì giữa nguyên phân: 1TB (2nkép = 2x) → A = T = 2.106  D. Sai. Số nucleotide loại G trong 1 tế bào quan sát ở kì giữa 2 là 4.106 nucleotide.  Trong 1 tế bào 2n = x → G = C = 4.106/2 = 2.106  1 tế bào quan sát ở kì giữa 2: 1TB (nkép = x) → G = C = 2.106 |
|  | **<TNĐS>** Ở một loài, gene A quy định màu lông xám là gene trội có 20% Adenine và 3120 liên kết hydrogen. Gene A tái bản 3 lần tạo ra các gene con, các gene con phiên mã 4 lần tạo ra các mRNA, trên mỗi mRNA có số nucleotide loại A là 300, loại G là 400.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Gene đó có số lượng liên kết hydrogene giữa A với T, G với C lần lượt là 960 liên kết và 2160 liên kết.  B. Số nucleotide loại U và C trên một phân tử mRNA tổng hợp từ gene lần lượt là 180 và 320.  C. Số nucleotide loại G và A môi trường cung cấp cho quá trình tái bản là 5040 và 3360.  D. Số nucleotide loại U và A cung cấp cho quá trình phiên mã là 5760 và 9600. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  Gene (A):  Giả thuyết  ta có: A + G = 50%  A = T = 20% → G = C = 30% → A/G = 2/3  H = 2A + 3G = 3120  → A = T = 480  G = C = 720  A. Đúng. số lượng liên kết hydrogene giữa A với T: 2A = 960, số lượng liên kết hydrogene giữa G với C: 3G = 2160  B. Đúng. Trên 1 mRNA có mA = 300 / mG = 400  → mU = A – mA = 180 / mC = G – mG = 320  C. Đúng. 1 gene qua x = 3 lần tái bản => Nucleotide loại G và A môi trường cung cấp:  Acc = Tcc = 480.(2x – 1) = 3360  Gcc = Ccc = 720.(2x – 1) = 5040  D. Đúng. 1 gene qua x = 3 lần tái bản → 1.2x = 8 gene ---phiên mã k = 4 -→ tạo nên 8.4 = 32 mRNA  mAcc = mA.32 = 300.32 = 9600  mGcc = mG.32 = 400.32 = 12800  mUcc = mU.32 = 180.32 = 5760  mCcc = mC.32 = 320.32 = 10240 |
|  | **<TNĐS>** Một cặp gene gồm hai alen A và a.  Gene A có 480 nucleotide loại adenine và 720 nucleotide cytosine.  Gene a có A = T = G = C = 600 nucleotide.  Gene A quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene a quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Mọi quá trình diễn ra bình thường, chỉ xét đến gene quy định tính trạng màu lông.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Kiểu gene của tế bào quy định màu lông xám có số lượng nucleotide A = T và G = C có thể lần lượt là 960 nucleotide và 1440 nucleotide  B. Cơ thể lông xám có số nucleotide loại adenine là 1080 thì có kiểu gene Aa.  C. Cơ thể lông xám khi giảm phân có thể cho loại giao tử mang số nucleotide loại cytosine này là 720.  D. Cơ thể lông xám khi giảm phân tất cả các giao tử sinh ra, không có giao tử nào mang gene này có số loại thymine là 600 thì cơ thể đó là đồng hợp. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  A → đúng. Vì  Gene A: A = T = 480  G = C = 720  Gene a: A = T = 600  G = C = 600  Tế bào lông xám = AA hoặc Aa  Nên số Nu trong tế bào quy định lông xám:  + Tế bào Aa: A = T = 480 + 600 = 1080  G = C = 720 + 600 = 1320  + Tế bào AA: A = T = 480.2 = 960  G = C = 720.2 = 1440  B. Đúng. Cơ thể lông xám (AA/Aa) có số nucleotide loại adenine là 1080 thì có kiểu gene Aa. Vì A = T = 1080 = AA + Aa => có kiểu gene Aa.  C. Đúng. Cơ thể lông xám (AA/Aa) khi giảm phân có thể cho loại giao tử (A / a) mang số nucleotide loại cytosine này là  + Nếu giao tử mang alelle A → C = G = 720. => đúng  + Nếu giao tử mang alelle a → C = G = 600.  D. Đúng. Cơ thể lông xám (AA/ Aa) khi giảm cho giao tử (A/a).  + Nếu giao tử mang alelle A → C = G = 720.  + Nếu giao tử mang alelle a → C = G = 600.  Mà nếu không có giao tử nào có thymine là 600 ⇔ nghĩa là không có giao tử nào mang alelle a => Cơ thể đó là AA chứ không thể Aa. |
|  | **<TNĐS>** Một cặp gene gồm hai alen B và b.  Gene B có 900 nucleotide thymine và 600 nucleotide guanine.  Gene b có A = T = G = C = 750 nucleotide.  Gene B quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene b quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Chỉ xét đến gene quy định tính trạng màu lông.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Một tế bào cơ thể này nguyên phân 3 lần số nuleotide loại adenine môi trường cung cấp là 11550 thì tế bào đó có kiểu gene Bb.  B. Một tế bào cơ thể này nguyên phân 2 lần số nuleotide loại cytosine trong các tế bào con là 6000 thì tế bào đó có kiểu gene Bb.  C. Một tế bào của cơ thể lưỡng bội giảm phân cho loại giao tử mang số nucleotide loại T của gene quy định tính trạng trên là 1800 thì khả năng cơ thể đó là Bb qua giảm phân không phân li ở kì sau của giảm phân 2.  D. Một tế bào của cơ thể lưỡng bội giảm phân cho loại giao tử mang số nucleotide loại C của gene quy định tính trạng trên là 1500 thì khả năng cơ thể đó là Bb qua giảm phân không phân li ở kì sau của giảm phân 2. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  Gene B: A = T = 900  G = C = 600  Gene b: A = T = 750  G = C = 750  Tế bào lông xám = BB hoặc Bb. Nên số Nu trong tế bào quy định lông xám:  + Tế bào Bb: A = T = 900 + 750 = 1650  G = C = 600 + 750 = 1350  + Tế bào BB: A = T = 1800  G = C = 1200  Tế bào lông trắng = bb. Nên số Nu trong tế bào quy định lông trắng:  → Tế bào bb: A = T = 1500  G = C = 1500  A. Đúng. Số nucleotide loại A môi trường cung cấp  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 12600 → tế bào có kiểu gene BB.  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 11550 → tế bào có kiểu gene Bb.  + Acc = Tcc = ATB.(23 -1) = 10500 → tế bào có kiểu gene bb.  B. Đúng. Số nucleotide loại C trong các tế bào con tạo ra  + ΣC = ΣG= CTB.22 = 4800 → tế bào có kiểu gene BB.  + ΣC = ΣG = CTB. 22 = 5400 → tế bào có kiểu gene Bb.  + ΣC = ΣG = CTB. 22 = 6000 → tế bào có kiểu gene bb.  C. Đúng. Giao tử mang A = T = 1800 → Giao tử mang 2 alelle BB. Mà cơ thể lưỡng bội cho BB có thể:  + Cơ thể BB do không phân li giảm phân 1 hoặc 2 đều có thể cho giao tử BB.  + Cơ thể Bb do không phân li giảm phân 2 có thể cho giao tử BB.  D. Đúng. Giao tử mang G = C = 1500 → Giao tử mang 2 alelle bb. Mà cơ thể lưỡng bội cho bb có thể:  + Cơ thể bb do không phân li giảm phân 1 hoặc 2 đều có thể cho giao tử bb.  + Cơ thể Bb do không phân li giảm phân 2 có thể cho giao tử bb. |
|  | **<TNĐS>** Một cặp gene gồm hai alen B và b. Hai alelle có chiều dài bằng nhau và bằng 5100 Å  Alelle B có tỉ lệ A/G = 3/2.  Alelle b có số nucleotide loại A giảm 1 so với alelle B.  Gene B quy định màu lông xám trội hoàn toàn so với gene b quy định màu lông trắng. Cặp gene trên nằm trên nhiễm sắc thể thường. Mọi quá trình diễn ra bình thường, chỉ xét đến gene quy định tính trạng màu lông.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Cơ thể lưỡng bội giảm phân bình thường cho ½ giao tử có số nucleotide loại cytosine là 899 thì có thể đó mang cặp gene Bb.  B. Cơ thể lưỡng bội có kiểu gene BB giảm phân bình thường chỉ cho giao tử có số nucleotide loại cytosine là 600.  C. Ba tế bào sinh dục cái có kiểu gene Bb giảm phân bình thường cho tổng số trứng có số loại thymine là 2700 thì tất cả trứng sinh ra là mang alelle trội (B).  D. 2 tế bào sinh dục đực giảm phân bình thường cho tổng số tinh trùng có số loại guanine là 2404 thì 2 tế bào sinh dục đó chắc chắn Bb. | **Đáp án đúng: B – C – D**  LB = Lb = 5100.2/3,4 = 3000  Gene B có A/G = 3/2.  Gene B: A = T = 900  G = C = 600  Gene b: A = T = 899  G = C = 601  A. Sai. Có thể mang cặp gene Bb giảm phân cho giao tử ½ B: ½ b  ½ giao tử b cho nucleotide cytosine là 601  B. Đúng. Cơ thể lưỡng bội có kiểu gene BB giảm phân bình thường chỉ cho giao tử B → nucleotide loại cytosine/giao tử là 600.  C. Đúng. Ba tế bào sinh dục cái có kiểu gene Bb giảm phân bình thường cho tổng số trứng: 3B hoặc 3b hoặc 2B-1b hoặc 1B-2b  Mà trong tứng có có số loại thymine là 2700 = 3TB → 3 trứng đều B.  D. Sai. 2 tế bào sinh dục đực giảm phân bình thường cho tổng số 8 tinh trùng.  → Số loại guanine là 2404 = 4Gb → có 4 tinh trùng b và 4 tinh trùng B thì 2 tế bào sinh dục đó là Bb hoặc 1BB – 1bb. |
|  | **<TNĐS>** Trong tế bào cơ thể lưỡng bội (con cái XX, con đực XY), xét hai cặp NST  Cặp NST thường mang gene quy định tính trạng chiều cao chân gồm có 2 alelle B và b. Hai alelle có chiều dài bằng nhau và bằng 5100 Å. Alelle B có tỉ lệ G/A = 3/2, alelle b có số nucleotide loại A tăng 1 so với alelle B.  Cặp NST thường thứ 2 mang gene quy định tính trạng màu mắt gồm có 2 alelle D và D. Hai alelle có số nucleotide bằng nhau và bằng 1800. Alelle D có tỉ lệ G/A = 2. Alelle d có số nucleotide loại A giảm 1 so với alelle D.  Mọi quá trình diễn ra bình thường, chỉ xét đến 2 cặp gene quy định 2 cặp tính trạng trên.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Một tế bào lưỡng bội chứa cặp NST trên nguyên phân ở kì giữa có số nucleotide loại A là 3596 thì tế bào đó có kiểu gene BBdd.  B. Một tế bào lưỡng bội chứa cặp NST trên nguyên phân ở kì sau có số nucleotide loại T là 3600 thì tế bào đó có kiểu gene BBDD  C. Một tế bào sinh dục cái lưỡng bội chứa cặp NST trên giảm phân 1 cho tế bào con, trong đó 1 tế bào có số nucleotide loại C là 3002 thì tế bào sinh dục có thể có kiểu gene BbDd.  D. Một tế bào sinh dục đực lưỡng bội chứa cặp NST trên giảm phân kết thúc cho tế bào con đều tạo giao tử. Có 1 giao tử có số nucleotide loại G là 1501 thì tế bào sinh dục có thể có kiểu gene BbDd. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  LB = Lb = 5100.2/3,4 = 3000  Gene B có G/A = 3/2.  Gene B: A = T = 600  G = C = 900  Gene b: A = T = 601  G = C = 899  Gene D có G/A = 2.  Gene D: A = T = 300  G = C = 600  Gene d: A = T = 299  G = C = 601  A. Đúng. 1 tế bào lưỡng bội chứa cặp NST trên nguyên phân ở kì giữa có số nucleotide loại A là 3596 thì tế bào đó có kiểu gene BBdd.  ATB = TTB = 3596 = 4B + 4d = 2400 + 1196  → ở kì giữa nguyên phân có 2n NST kép = BBBBdddd   * Tế bào 2n = BBdd   B. Đúng. 1 tế bào lưỡng bội chứa cặp NST trên nguyên phân ở kì sau có số nucleotide loại T là 3600 thì tế bào đó có kiểu gene BBDD  TTB = ATB = 3600 = 4B + 4D = 2400 + 1200  → ở kì giữa nguyên phân có 4n NST đơn = BBBBDDDD   * Tế bào 2n = BBDD   C. Đúng. Ở kì cuối 1: CTB = GTB = 3002 = 2B + 2d = 1800 + 1202  → Trong 1 tế bào ở kì của giảm phân 1 có n NST kép = BBdd   * Tế bào 2n = BBdd hoặc BbDd hoặc BBDd hoặc Bbdd   D. Đúng. Ở kì cuối 2 trong 1 giao tử:  CTB = GTB = 1501 = B + d = 900 + 601  → Trong 1 giao tử có n NST = Bb   * Tế bào 2n = BBdd / BBDd/ Bbdd/ BbDd |
|  | **<TNĐS>** Một cặp gene mà mỗi gene đều dài 5100 Å và đều có 4050 liên kết hydrogen.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Hai gene đó đều cùng có 450 adenine và 1050 cytosine và có trật tự sắp xếp các nucleotide giống nhau thì hai gene đó là đồng hợp.  B. Cặp gene đồng hợp, vì số lượng và nucleotide từng loại bằng nhau.  C. Cặp gene đồng hợp, vì số lượng và tỷ lệ từng loại nucleotide bằng nhau nhưng trật tự nucleotide của các gene không giống nhau.  D. Cặp gene đó đồng hợp nếu số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotide giống nhau. | **Đáp án đúng: A – D**  A → đúng. Vì  1 cặp gene (2 gen) đều bằng nhau:  Giả thuyết: L = 5100Å = Å →N = 3000  ⇔ 2A + 2G = 3000  H = 2A + 3G = 4050  Vậy số nucleotide từng loại của 1 gen: A = T = 450  G = C = 1050  \* Đồng hợp = AA: có số lượng và trình tự sắp xếp các nucleotide giống nhau (chính là 1)  \* Dị hợp = Aa: có cùng số lượng, thành phần như nhau (đã giải trên) nhưng có trình tự sắp xếp các nucleotide không thể giống nhau hết được (chính là 2 alen của 1 gen)  B, C. sai. Nếu đồng hợp thì số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotide giống nhau.  D. Đúng. Cặp gene đó đồng hợp nếu số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotide giống nhau. |
|  | **<TNĐS>** Hai gene đều có 3000 nucleotide, trong đó A = T = 450 nucleotide, G = C = 1050 nucleotide. Hai gene đều phiên mã một lần đã đòi hỏi môi trường nội bào cung cấp 600 uracil và 1200 cytosine. Mọi diễn biến diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượng từng loại nucleotide trong mạch mã gốc của gene là: Ag = 300 nucleotide, Tg = 150 nucleotide, Gg = 600 nucleotide, Cg = 450 nucleotide .  B. Số lượng từng loại nucleotide trong mạch bổ sung của gene là: Tbs = 300 nucleotide, Abs = 150 nucleotide, Cbs = 600 nucleotide, Gbs = 450 nucleotide .  C. Số lượng từng loại nucleotide trên một phân tử mRNA là: U = 300 nucleotide, A = 150 nucleotide, C = 600 nucleotide, G = 450 nucleotide .  D. Quá trình phiên mã trên môi trường cần cung cấp số nucleotide loại G là 900. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  A → đúng. Vì:  2 gene có số nucleotide và số lượng từng loại giống nhau → thuộc cùng một gene.  → số lượng từng loại nucleotide mỗi gen:  A = T = 450  G = C = 1050  2 gene 2.1= 2 mRNA  Ta có: mUcc = 600 = mU.2 → mU = 300  mCcc = 1200 = mC.2→ mC = 600  → Số lượng từng loại nucleotide trên một phân tử mRNA:  Mà mạch gốc (3’ - 5’) của gene là mạch tổng hợp mRNA theo NTBS. Nên số lượng từng loại nucleotide trên mạch gốc của gen:  B. Đúng.  C. Đúng.  D. Đúng. |
|  | **<TNĐS>** Ở sinh vật nhân sơ, hai gene đều giống nhau có 3000 nucleotide, đều phiên mã một lần. Trên mỗi phân tử mRNA đều có 5 ribosome dịch mã một lần. Mọi quá trình diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượt phân tử tRNA tới dịch mã là 4990.  B. Số codon mã hóa trên mỗi mRNA là 500.  C. Số bộ ba trên gene để tổng hợp mRNA là 500.  D. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã là 499. | **Đáp án đúng: A – C**  A. Đúng. Vì  2 gene có ---phiên mã 1 lần (k = 1) → 2.1 mRNA 1.2.5 =10 polypeptide  Số lượt tRNA = số amino acid môi trường cung cấp = = 4990 lượt tRNA  A. Đúng. Số lượt phân tử tRNA tới dịch mã là 4990.  B. Sai. Số codon mã hóa trên mỗi mRNA là = = (NRNA /3) -1= 499  C. Đúng. Số bộ ba trên gene để tổng hợp mRNA là 500 =  D. Sai. Số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã là = = = 4990. |
|  | **<TNĐS>** Một gene nhân sơ có 600 Adenine và 900 Guanine, có 400 Cytosine trên một mạch và gene đó đã tái bản liên tiếp 3 lần. Mỗi gene được tái bản đều phiên mã một lần. Môi trường nội bào đã cung cấp cho toàn bộ quá trình phiên mã là 2000 Uracil. Không phát sinh đột biến mới.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượng từng loại nucleotide A và T của mỗi mạch đơn trên gene: AG = TBS = 250 nucleotide , TG = ABS = 350 nucleotide.  B. Số lượng từng loại nucleotide G trên mạch gốc có thể là 500.  C. Số lượng từng loại nucleotide G trên mạch bổ sung có thể là 500.  D. Mạch của gene có A là 350 chắc chắn là mạch tổng hợp mRNA. | **Đáp án đúng: A – B – C**  A → đúng. Vì  1gene:1.23  = 8 gene 8.1 = 8 mRNA  Trong đó: mUcc = mU.8 = 2000 → mU = 250  Mạch gốc của gene là mạch tổng hợp mRNA theo NTBS  Vậy số lượng từng loại nucleotide A và T của mỗi mạch đơn trên gen: mU = Ag = Tbs  = 250 → Tg = Abs = A - Ag = 350  B, C. Đúng. Số lượng từng loại nucleotide G trên mạch gốc có thể là 500.  Một mạch của gene có C = 400 thì mạch đó có Gmạch = G – Cmạch = 500. Nên có thể mạch đó là mạch 1 hoặc 2 hay có thể gọi mạch gốc hay bổ sung đều được.  D. Sai. Trên mRNA có mU = 250 thì mạch gốc phải Agốc = 250 → ABS = A - Agốc = 600-250 = 350 |
|  | **<TNĐS>** Một phân tử mRNA được tổng hợp từ một gene ở sinh vật nhân sơ chứa 1500 nucleotide, trong đó số nucleotide Adenine gấp hai lần số Uracil, gấp 3 lần số Guanine và gấp 4 lần số Cytosine.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượng từng loại nucleotide của gene: A = T = 1080 Nu, G = C = 420 Nu.  B. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là 500.  C. Số codon trên một phân tử mRNA là 500.  D. Tính theo chiều phiên mã, vùng mã hóa trên mạch có chiều 3’-5’ có số nucleotide lần lượt là: A:T:G:C = 360:720:180:240 | **Đáp án đúng: A –C – D**  A. Đúng  Gene (2 mạch)  ↓ phiên mã 1 lần (k = 1)  1 phân tử mRNA, có  ⇔  ⇒ Số lượng từng loại nucleotide  → SL từng loại nucleotide /gene  B. Sai. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là = (NRNA/3) – 1 = 499  C. Đúng. Số codon trên một phân tử mRNA là = (NRNA/3) = 500.  D. Đúng. Tính theo chiều phiên mã, vùng mã hóa trên mạch có chiều 3’-5’ bổ sung với mRNA: |
|  | **<TNĐS>** Ở sinh vật nhân sơ, gene thứ I mã hóa một phân tử protein (1 chuỗi polypeptide không tính amino acid mở đầu) có 198 amino acid . Phân tử mRNAI (do gene I tổng hợp) có số lượng từng loại nucleotide A : U : G : C lần lượt theo tỷ lệ 1 : 2 : 3 : 4.  Gene thứ II dài 2550Å, có hiệu số Adenine với một loại nucleotide khác bằng 20% so với số nucleotide của gene. Hai gene đó gắn liền với nhau làm thành một đoạn phân tử DNA.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số nucleotide từng loại của đoạn phân tử DNA là: A = T = 705 Nu, G = C = 645 Nu.  B. Số nucleotide từng loại trên một phân tử mRNA do gene I tổng hợp: mA = 60, mU = 120; mG = 180; mC = 240  C. Trong tế bào lưỡng bội mang cặp NST chứa hai loại gene này có số nucleotide loại A là 705.  D. Trong tế bào lưỡng bội mang cặp NST chứa hai loại gene này đang kì giữa nguyên phân có số nucleotide loại C là 1290. | **Đáp án đúng: A – B**  A → đúng. Vì   * Gene I có:   → mA = 60, mU = 120; mG = 180; mC = 240  ⇒ Số nucleotide từng loại của gene II   * Gene II:   ⇔  ⇒ Số nucleotide từng loại của gene II  Vậy số nucleotide từng loại của đoạn DNA (gồm gene I và gene II)  B. Sai.  Hai gene I, II/trên 1DNA nên trên 1 NST → tế bào lưỡng bội chứa hai loại gene này phải mang: 2 gene I và 2 gene II → Số nucleotide loại ATB = 2Agene I + 2 Agene II = 705.2 = 1410.  D. Sai.  Hai gene I, II/trên 1DNA nên trên 1 NST → tế bào lưỡng bội chứa hai loại gene này ở kì giữa (2n kép = 4DNA của cặp NST đó, mỗi DNA mang 2 gen) phải mang: 4 gene I và 4 gene II → Số nucleotide loại CTB = 4Cgene I + 4 Cgene II = 645.4 = 2580 |
|  | **<TNĐS>** Một phân tử mRNA có C = U + G và U = 300 nucleotide. Gene tổng hợp phân tử mRNA đó có hiệu số giữa guanine với một loại nucleotide khác bằng 12,5% số nucleotide của gene. Trên một mạch theo chiều 3’-5’ của gene (tính theo chiều phiên mã) có 25% cytosine so với số nucleotide của mạch. Nếu khối lượng phân tử của trung bình một nucleotide là 300 đơn vị cacbon.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Khối lượng phân tử của mRNA 72 x 104 đvC mRNA  B. Gene có số liên kết hydrogene giữa cặp A-T là 1800.  C. Để môi trường cung cấp cho gene trên tái bản 3 lần là cần 2400 nucleotide loại cytosine.  D. Số nucleotide loại C trên gene luôn lớn hơn hoặc bằng số nucleotide loại C trên mRNA do gene đó tổng hợp.  A. 1. B. 2. C. 3. D. 4. | **Đáp án đúng: A – B**  Giả thuyết: mạch của gene có chiều 3’-5’ là mạch gốc tổng hợp mRNA 1 gen  ⇔ (1)  1 mRNA (2)  Từ 1, 2→ mRNA  Với mU = mC – mG = 37,5% - 25% = 12,5% = 300 nucleotide  Gọi rN là số nucleotide của 1 phân tử mRNA  ⇒ rN = mU.100/12,5 = 2400 (nucleotide )  A. Đúng. Vậy MmRNA = rN.300đvC = 72 x 104 đvC  B. Đúng. A = T = (2.NRNA) = 900  G = C = (2.NRNA) = 1500  H A-T = 2A = 1800.  C. Sai. 1 gene tái bản x = 3 lần → Ccc = Gcc = C.(2x – 1) = 10500  D. Đúng. Theo nguyên tắc bổ sung:  Ggene = Cgene = GRNA + CRNA­  nên Cgene ≥ CRNA (dấu bằng xảy ra khi GRNA = 0) |
|  | **<TNNLC>** Cho biết một đoạn của một loại protein có trật tự các amino acid như sau: Glixin – Valin – Lizin – Lơxin. Bộ ba mã sao của các amino acid đó trên mRNA như sau: Glixin: GGG, Lizin: AAG, Valin: GUG và Lơxin: UUG. Trình tự các cặp nucleotide của đoạn gene đã điều khiển tổng hợp đoạn protein :  A. 3’ – CCC – CAC – TTC – AAC  5’ – GGG – GTG – AAG – TTG  B. 3’ – CCC – ACC – TTC – XAX  5’ – GGG – GTG – AAG – TTG  C. 3’ – CCC – CAC – AAC – TTC  5’ – GGG – GTG – TTG – AAG  D. 3’ – CCC – CAC – CTT – AAC  5’ – GGG – GTG – GAA – TTG | **Đáp án đúng: A**  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  Theo gt cho protein → mRNA → gene sau  Gene (mạch gốc)→ 3’..CCC - CAC - TTC - AAC ...5’  ↑  mRNA: 5’..GGG - GUG - AAG - UUG…3’  ↑  Polypeptide .. Gly - Val - Lys - Leu...  Vậy trình tự nucleotide của gen:  A. 3’ – CCC – CAC – TTC – AAC - …  5’ – GGG – GTG – AAG – TTG - … |
|  | **<TNNLC>** Biết các bộ ba mã hóa (codon) đã mã hóa các amino acid như sau: UCU – Xêrin, GGU – Glixin, GAA – Acid glutamic, ACA – Trêônin, CCC – Prolin, UAU – Tirôzin, GCG – Alanin, UGG – Triptophan, AAG – Lizin và AUA – Izolơxin. Một đoạn gene bình thường đã điều khiển tổng hợp một đoạn của chuỗi pôlipetit có trật tự các amino acid là Xerin – Treonin – Prolin – Lizin – Tirozin – Glixin – Alanin – Acid glutamic – Izolơxin – Triptophan. Giả thiết rằng ribosome luôn luôn trượt trên phân tử mRNA theo chiều từ trái sang phảA. Không xét mã mở đầu và mã kết thúc. Trật tự các nucleotide của hai mạch đơn đoạn gene tương ứng là:  A. 3’ – AGA – TGT – GGG – TTC – ATA – CGC – CCA – CTT – TAT – ACC  5’ – TCT – ACA – CCC – AAG – TAT – GCG – GGT – GAA – ATA - TGG  B. 3’ – AGA – TGT – GGG – TTC – ATA – CCA – CGC – CTT – TAT – ACC  5’ – TCT – ACA – CCC – AAG – TAT – GGT – GCG – GAA – ATA - TGG  C. 3’ – AGA – TGT – GGG – ATA – TTC – CCA – CGC – CTT – TAT – ACC  5’ – TCT – ACA – CCC – TAT – AAG – GGT – GCG – GAA – ATA - TGG  D. 3’ – AGA – GGG – TGT – TTC – ATA – CCA – CGC – CTT – TAT – ACC  5’ – TCT – CCC – ACA – AAG – TAT – GGT – GCG – GAA – ATA - TGG | **Đáp án đúng: B**  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  Theo gt cho protein → mRNA → gene sau  Gene (mạch gốc)→ 3’...AGA - TGT - GGG - ........-5’  ↑  mRNA: 5’...UCU - ACA - CCC - …..-3’  ↑  polypeptide Xerin – Treonin – Prolin - …  Vậy gen: 3’ – AGA – TGT – GGG – …..  5’ – TCT – ACA – CCC – ….. |
|  | **<TNNLC>** Cho một đoạn DNA chứa gene cấu trúc có trình tự nucleotide chưa đầy đủ như sau:  5’–ACATGTCTGGTGAAAGCACCC…  3’–TGTACA GACCACTTTCGTGGG…  Trình tự nucleotide / mRNA do gene phiên mã có trình tự:  A. 5’ – ACA UGU CUG GUG AAA GCA CCC…  B. 5’ – AUG UCU GGU GAA AGC ACC C…  C. 5’– GUC UGG UGA AAG CAC CC…  D. 5’– CAU GUC UGG UGA AAG CAC CC… | **Đáp án đúng: B**  B → đúng. Vì theo NTBS  Gene 5’ – ACATGTCTGGTGAAAGCACCC…  3’ – TGTACA GACCACTTTCGTGGG…  ↓ (phiên mã)  mRNA: 5’- AUG UCU GGU GAA AGC ACC C…  (vì bắt đầu trên phân tử mRNA là bộ ba mở đầu 5’AUG3’, nên trên mạch gốc của gene 3’TAC5’) |
|  | **<TNĐS>** Một gene có 2346 liên kết hydrogen. Hiệu số giữa Adenine của gene với một loại nucleotide khác bằng 20% tổng số nucleotide của gene đó. Gene này tự tái bản liên tiếp 5 lần.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượng từng loại nucleotide tự do môi trường nội bào cung cấp: Acc = Tcc = 22134 Nucleotide và Gcc = Ccc = 9486 Nucleotide  B. Tổng số mạch đơn mới được hình thành là 62.  C. Số phân tử DNA mang tất cả các mạch mới được tổng hợp là 30.  D. Số phân tử DNA mang mạch mới là 31. | **Đáp án đúng: A – B – C**  A → đúng. Vì:  1gen⇔  ⇒1gen1.2x (gen)  Vậy số lượng từng loại nucleotide môi trường cung cấp:  Acc = Tcc = A.(2x – 1) = 22134  Gcc = Ccc = G.(2x – 1) = 9486  B. Đúng. Tổng số mạch đơn mới được hình thành là 62.  Tổng số gene : 1.25 = 32 = 64 mạch → 62 mạch mới + 2 mạch cũ  C. Đúng. Số phân tử DNA mang tất cả các mạch mới được tổng hợp là 30.  Tổng số gene : 1.25 = 32  + 2 mạch cũ nằm trong 2 phân tử DNA → 30 DNA mang toàn mạch mới.  D. Sai. Số phân tử DNA mang mạch mới là 31.  Tổng số gene : 1.25 = 32  + 2 mạch cũ nằm trong 2 phân tử DNA. Mỗi DNA chứa 1 cũ và 1 mới  + còn lại 30 DNA chứa tất cả mạch mới (2 mạch đều mới)   * Tất cả DNA đều có mạch mới. |
|  | **<TNĐS>**  Trong tế bào lưỡng bội xét 1 cặp NST chứa 2 cặp gene:  Cặp gene thứ nhất (A,a) có gene A chứa 600 Adenine và 900 Guanine, gene a chứa 450 Adenine và 1050 Guanine.  Cặp gene thứ hai (B, b) có gene B chứa 240 Adenine và 960 Guanine, gene b chứa 720 Adenine và 480 Guanine.  Các cặp gene này đều nằm trên một cặp NST tương đồng. Nếu không có đột biến xảy ra, mọi quá trình diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số lượng nucleotide từng loại hợp tử dị hợp 2 cặp gen: A = T = 2010 Nu và G = C = 3390 Nu  B. Tế bào lưỡng bội có 3720 nucleotide loại cytosine thì tế bào đó có kiểu gene đồng hợp.  C. Tế bào lưỡng bội giảm phân cho loại giao tử có 1530 nucleotide loại guanine thì tế bào đó có kiểu gene AB/aB.  D. Tế bào lưỡng bội giảm phân trong một giai đoạn người ta xác định có 4320 nucleotide loại thymine thì tế bào đang ở kì sau giảm phân 2. | **Đáp án đúng: A – B**  A → đúng. Vì:  Cặp gene I  + gene A:  + gene a:  Cặp gene II  + gene B:  + gene b:  Giả thuyết: 2 gene trên 1 cặp NST, hợp tử dị hợp 2 cặp gene có kiểu gene hoặc → dù hợp tử loại nào đi nữa vẫn có (Aa,Bb)  ⇒ Số nucleotide từng loại của 1 hợp tử:  B. Đúng. TB 2n mang 4 alelle của 2 gene có Ctế bào = 3720 = 2CA + 2CB => Tế bào 2n = AB/AB.  C. Sai. Vì giao tử (n) mang 2 alelle của 2 gene mà có Ggiao tử = 1530 = Ga + Gb => ab → Tế bào có thể ab/ab hoặc AB/ab hoặc Ab/ab, …còn AB/aB không cho được ab  D. Sai. Trong 1 giai đoạn của giảm phân có Ttb = 4TA+ 4Tb = 4320 => tế bào đó phải là 2n kép = Ab//Ab Ab//Ab → tế bào này thuộc kì đầu 1/kì giữa 1/ kì sau 1.  Vì kì sau 1 tế bào chỉ có nkép = chỉ mang 2 alelle ở mỗi gene chứ không thể 4 alelle mỗi gene . |
|  | **<TNĐS>** Hai cặp gene (Aa, Bb), mỗi gene đều dài 4080 Å.  Gene thứ I: Alelle A có tỷ lệ A : G = 3 : 1; alelle a có tỷ lệ T : C = 1 : 1.  Gene thứ 2: alelle B có tỷ lệ G : A = 7 : 9 và alelle b có tỷ lệ C : T = 3 : 5.  Hai cặp gene trên 2 cặp NST khác nhau. Một tế bào lưỡng bội chứa cặp gene dị hợp trên nguyên phân bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Tế bào lưỡng bội AaBb có số nucleotide loại A là 2925.  B. Một tế bào đang ở kỳ giữa nguyên phân có số nucleotide loại adenine là 5850 thì tế bào lưỡng bội ban đầu có thể là AaBb.  C. Một tế bào đang ở kỳ giữa giảm phân 1 có số nucleotide loại thymine là 5850 thì tế bào lưỡng bội ban đầu có thể là AAbb.  D. Một tế bào đang ở kỳ giữa giảm phân 2 có số nucleotide loại Guanine là 2100 thì tế bào lưỡng bội ban đầu có thể là AAbb. | **Đáp án đúng: A**  Theo giả thuyết: Lgene 1 = Lgene 2 = 4080 Å → N(A,a,B,b) = = 2400  Cặp gene I (A, a)  + gene A:  + gene a: tương tự ⇔  Cặp gene II (B, b)  + gene B: tương tự ⇔  + gene b: tương tự ⇔  \* 1 hợp tử 2n (Aa, Bb) → ở kỳ trung gian (kỳ đầu, kỳ giữa) đều là 2nkép = (AAaa, BBbb) ⇒ số lượng từng loại nucleotide của hợp tử    A. Đúng. Tế bào lưỡng bội AaBb có số nucleotide loại A = 2925 = 1AA+1Aa + 1AB + 1Ab  B. Đúng. Một tế bào đang ở kỳ giữa nguyên phân có số nucleotide loại adenine là 5850  Tế bào lưỡng bội 2n = AaBb → kì đầu/kì giữa/kì sau = AAaaBBbb → ATB kì giữa  = 2AA + 2Aa + 2AB­ + 2Aa = 5850  C. Sai. Một tế bào AAbb → kỳ giữa giảm phân 1 (AAAAbbbb) có số nucleotide loại thymine: T = 4AA + 4Ab = 6600  D. Sai. Một tế bào AAbb đang ở kỳ giữa giảm phân 2 (AAbb) → có số nucleotide loại Guanine: G = 2GA + 2Gb = 1500 |
|  | **<TNĐS>** Cho biết các lượt phân tử tRNA khi dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide (không tính amino acid mở đầu) có bộ ba đối mã (anticodon) mang số lượng của từng loại amino acid tương ứng: 10 Glixin có bộ ba CCA, 20 Alanin có bộ ba CGG, 30 Valin có bộ ba CAA, 40 Xistein có bộ ba ACA, 50 Lizin có bộ ba UUU, 60 Lơxin có bộ ba AAC và 70 Prolin có bộ ba GGG.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số nucleotide loại DNAine của gene là 420.  B. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là 280.  C. 279 lượt tRNA cần tham gia để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide .  D. Phân tử mRNA trên có 10 codon CCA. | **Đáp án đúng: A – C**  A → đúng. Vì  Gene mRNA polypeptide  1 polypeptide : 10 Glixin - 20 Alanin - 30 Valin - 40 Xistein - 50 Lizin - 60 Loxin - 70 Prolin  → ∑lượt đối mã/tRNA: 10 (CCA), 20 (CGG), 30 (CAA), 40 (ACA), 50 (UUU), 60 (AAC), 70 (GGG)  → số lượng từng loại nucleotide trong tổng só các đối mã để tổng hợp 1 polypeptide  Theo NTBS: mạch gốc gene (3’--5’) → mRNA (5’-3’) bổ sung với mạch gốc → các đối mã tRNA (3’-5’) bổ sung với các codon/mRNA Ngene = 1680  A. Đúng. Số nucleotide loại DNAine của gene là: A = T = 420  B. Sai. Số bộ ba mã hóa trên một phân tử mRNA là Ngen/6 - 1= 279  C. Đúng. Để tổng hợp một chuỗi polypeptide cần số lượt tRNA là 279.  D. Đúng. Trên polypeptide có 10 amino acid Gly nên mRNA có 10 codon CCA. |
|  | **<TNĐS>** Cho biết bộ gene của 1 tế bào lưỡng bội của một loài động vật có tỷ lệ và chứa 3.109 cặp nucleotide. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Tổng liên kết hydrogene có trong 1 tế bào lưỡng là 72.108 liên kết.  B. Tế bào đang ở kì sau nguyên phân có 6.109 cặp nucleotide.  C. 1 tế bào đang ở kì giữa giảm phân 1 có số cặp nucleotide là 3.109 cặp nucleotide.  D. 1 tế bào giao tử có số cặp nucleotide là 1,5.109 nucleotide. | **Đáp án đúng: A – B**  A. Đúng.  Bộ gene (tất cả gen)  → Số nucleotide từng loại trong 1 tế bào  Vậy H = 2A + 3G = 72.108 liên kết.  B. Đúng.1 tế bào ban đầu 2n = số nucleotide = → Tế bào đang ở kì sau nguyên phân có 6.109 cặp nucleotide = 12.109 nucleotide.  C. Sai.1 tế bào đang ở kì giữa giảm phân 1 (2nkép ≡ 4n) có số cặp nucleotide là 3.109 x 2 = 6.109 cặp nucleotide.  D. Sai.1 tế bào giao tử (n) có số cặp nucleotide là 1,5.109 cặp nucleotide = 3.109 nucleotide. |
|  | **<TNNLC>** Kết quả phân tích trình tự 7 amino acid đầu mạch của phân tử Hemoglobin ở người bình thường được kí hiệu là Hb.A, còn của người bị bệnh là Hb.B như sau:  Hb.A: Valin – Histidin – Loxin – Thrionine – Prolin – Acid glutamic – Acid glutamic-  Hb.B: Valin – Histidin – Loxin – Thrionine – Prolin – Valin– Acid glutamic-  Qua so sánh ta nhận thấy phân tử Hb.B đã xảy ra:  A. Số lượng amino acid không đổi.  B. Trật tự amino acid hầu như không đổi.  C. Thay đổi amino acid số 6 từ acid gutamic thành acid valin.  D. Thành phần amino acid không đổi. | **Đáp án đúng: C**  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  C → đúng. Vì  Hb.A: Valin – Histidin – Loxin – Threonin – Prolin – Acid glutamic – Acid glutamic-  Hb.B: Valin – Histidin – Loxin – Threonin – Prolin – Valin– Acid glutamic-  Polypeptide đột biến thay đổi 1 amino acid thứ 6 là A.Glutamic bằng amino acid Valin |
|  | **<TNĐS>** Trong cơ thể người, xét một gene (I) có 2 alen (B, b) đều có chiều dài 0,408 µm. gene B có chứa hiệu số giữa nucleotide loại T với một loại nucleotide khác là 20%, gene b có 3200 liên kết hydrogene . Phân tích hàm lượng nucleotide thuộc gene trên (gene I) trong một tế bào, người ta thấy có 2320 nucleotide loại C.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Tế bào đang xét có kiểu gene BBbb.  B. Có thể tế bào này đang ở kỳ đầu của quá trình nguyên phân.  C. Tế bào này là tế bào lưỡng bội.  D. Tế bào này có thể đang ở kỳ đầu của quá trình giảm phân I | **Đáp án đúng: A – B**  Gene B, b đều có L = 0,408 µm  → N = = 2400  \* Gene B  Số nucleotide từng loại của gene B :  \* Gene b →  Mà hợp tử có 2320C → CHT = GHT = 2320 = 2CB + 2Cb ≡ BBbb  Vậy:  A → đúng. Tế bào đang xét có kiểu gene BBbb.  B → đúng. Tế bào lưỡng bội (Bb) → các kỳ trung gian, kỳ đầu, kỳ giữa đều = BBbb (2nkép)  C → Sai. Vì tế bào này có kiểu gene BBbb thì không thể lưỡng bội (BB hoặc Bb hoặc bb).  D → đúng. Kì đầu 1, kì giữa 1, kì sau 1 thì trong 1 tế bào là 2nkép = BBbb (xuất phát từ tế bào 2n (Bb) giảm phân). |
|  | **<TNĐS>** Xét một mRNA trưởng thành có tỷ lệ các loại nucleotide là 1A = 2U = 3G = 4C. Sử dụng enzyme sao chép ngược tổng hợp gene mạch kép từ mRNA trên.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Có 36% nucleotide loại adenine trên gene.  B. Tính theo chiều phiên mã, mạch 3’-5’ của gene có 24% adenine.  C. Tính theo chiều phiên mã, mạch 5’-3’ của gene có 16% cytosine.  D. Tính theo chiều phiên mã, mạch 5’-3’ của gene có 12% guanine. | **Đáp án đúng: A – B**  A → đúng. Vì  1 mRNA trưởng thành:  → mRNA: A = 48%, U = 24%, G = 16%, C = 12%  Vì sử dụng mRNATT để tổng hợp ngược lại DNA (2 mạch) nên theo NTBS  Vậy tỷ lệ từng loại nucleotide trên DNA này là:  B. Đúng. Mạch 3’-5’ của gene là mạch gốc: Agốc = mU = 24%  C. Sai. Mạch 5’-3’ của gene là mạch BS: CBS = mC = 12%  D. Sai. Mạch 5’-3’ của gene là mạch BS: GBS = mG = 16% |
|  | **<TNĐS>** Một gene sinh vật nhân sơ. Trong quá trình dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide đã cần 300 lượt tRNA tham gia vận chuyển các amino acid. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Số nucleotide trên một phân tử mRNA là 903.  B. Phân tử mRNA được tổng hợp từ gene có 301 codon.  C. Có 300 codon mã hóa trên 1 phân tử mRNA .  D. Dựa trên giả thuyết cho có thể xác định số nucleotide đầy đủ của gene.  A. 1. B. 2. C. 3. D. 4. | **Đáp án đúng: A – B – C**  A. Đúng. Vì  ***Cách 1*:** 300 lượt tRNA để vận chuyển tổng hợp 300 aa/1 chuỗi polypeptide → số cid amin cần cung cấp/tổng hợp 1 chuỗi polypeptide = 300 aa → số bộ ba /mRNA = 300 +1 (công 1 là mã kết thúc) = 301 ⇒ số nucleotide /mRNA = 301 x 3 = 903  ***Cách 2***: áp dụng công thức, số lượt tRNA để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide  = = 300 → rN = 903  B. Phân tử mRNA có codon = NRNA­/3 = 301  C. Có 300 codon mã hóa trên 1 phân tử mRNA.  → Số codon/1RNA = NRNA­/3 - 1= 300  D. Sai. Dựa trên số codon của mRNA chỉ có thể xác định được số nucleotide vùng mã hóa, còn vùng điều hòa và kết thúc của gene chưa thể xác định. |
|  | **<TNĐS>** Một gene sinh vật nhân sơ. Từ vùng mã hóa của Gene, qua quá trình phiên mã, dịch mã tổng hợp 1 chuỗi polypeptide đã cần 300 lượt tRNA tham gia vận chuyển các amino acid. Biết bộ ba không mã hóa amino acid trên mRNA là UAA, tỷ lệ các nucleotide A:U:G:C trong các codon mã hóa của RNA lần lượt là 2 : 2 : 1 : 1. Mọi quá trình sinh lý diễn ra bình thường.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Có 1806 nucleotide thuộc vùng mã hóa của gene quy định chuỗi polypeptide.  B. Gene có số liên kết hydrogene giữa các cặp A và T là 1206.  C. Số nucleotide loại U trong vùng mã hóa của mRNA là 300.  D. Số lượng nucleotide loại A trên các condon của mRNA là 302. | **Đáp án đúng: A – B – C – D**  Số lượt tRNA để tổng hợp 1 chuỗi polypeptide = = 300  → rN = 903 → Ngene = 1806  - TL các nucleotide /các bb mã hóa mRNA: A : U : G : C = 2 : 2 : 1 : 1  → A/2 = U/2 = G/1 = C/1 = 900/6 = 150 → A = U = 300, G = C = 150  → số nucleotide từng loại trong các bộ ba mã hóa mRNA (không tính bb kết thúc UAA): A = 300, U = 300, G = C = 150  Số lượng từng loại nucleotide trên mRNA (cả bộ ba kết thúc): A = 300 + 2 = 302, U = 300 + 1 = 301, G = C = 150  Vậy số lượng từng loại Nucleotide/gen:  A. Đúng. Ngene = 1806  B. Đúng. HA-T: 2A = 1206  C. Đúng. U trong vùng mã hóa của mRNA (không tính codon kết thúc vì nó không mã hóa) là 300.  D. Đúng. A trên các condon của mRNA (cả kết thúc) là 302. |
|  | **<TNĐS>** Một phân tử DNA nhân sơ có tổng số nucleotide là 106 cặp nucleotide, tỷ lệ A : G = 3 : 2.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. Phân tử DNA đó có 3.105 cặp nucleotide loại A-T.  B. Phân tử DNA đó có 2.106 liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) giữa đường và acid.  C. Phân tử DNA đó có tỷ lệ nucleotide loại C là 20%.  D. Nếu phân tử DNA tái bản 3 lần liên tiếp thì số nucleotide loại G môi trường cung cấp là 1,4.106 cặp nucleotide. | **Đáp án đúng: A –C – D**  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  DNA nhân sơ (kép, vòng). Có N = 106  Theo gt: →  A → đúng. Số cặp nucleotide loại A - T: A = T =3.106  B → Sai. CHT giữa đường và acid trên DNA nhân sơ = 2N = 2.106  C → đúng. C = G = 20%.  D → đúng. Vì 1 DNA 1.23 DNA  Gcc = Ccc = G.(2x - 1) = 2.105.7 = 1,4.106 nucleotide  → số cặp G - C là 1,4.106  ⇒ C đúng |
|  | **<TNĐS>** Một gene không phân mảnh, vùng mã hóa có số nucleotide là 2994 và 900 nucleotide loại G.  Theo lý thuyết, mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A. gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) là 5998.  B. Trên một phân tử mRNA được tổng hợp từ gene trên có số bộ ba mã hóa amino acid là 499.  C. Để tổng hợp một chuỗi polypeptide từ gene trên, môi trường cần phải cung cấp 498 amino acid .  D. Nếu một gene trên tái bản 4 lần, tổng số nucleotide loại T trong các gene con là 9552. | **Đáp án đúng: C – D**  1 gene →  A → Sai. gene trên có số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) ~~là 5998~~. (*đúng = 2N - 2 = 5986)*  B → Sai. Số bộ ba mã hóa amino acid = = 498 (trừ 1 bộ ba kết thúc không mã hóa aa/polypeptide )  C → đúng. Vì số amino acid môi trường cung cấp = = 498  D → đúng. Vì  1gene 1.24 gen  Vậy ∑A = ∑T = A.2C = 9552 |

**B. BÀI TẬP LÝ THUYẾT**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | Vì sao mã di truyền lại là mã bộ ba? | - Trước hết, mã bộ ba là kết quả của một quá trình chọn lọc và thích nghi. Vì:  + Nếu mã di truyền là mã bộ 1 thì với 4 loại nucleotide chỉ tạo ra được 4 bộ ba và chỉ mã hoá được 4 loại amino acid (không đủ để mã hoá cho 20 loại aa).  + Nếu mã di truyền là mã bộ 2 thì chỉ tạo ra được bộ ba chỉ mã hoá được 16 loại amino acid (không đủ để mã hoá cho 20 loại aa).  + Nếu mã di truyền là mã bộ ba thì sẽ tạo được  bộ ba đủ để mã hoá cho 20 loại amino acid.  - Về mặt bản chất thì mã bộ ba là do quá trình trượt của ribosome trên mRNA theo từng bộ 3 nucleotide. Ribosome trượt 3 nucleotide là một nhịp, sau đó dừng lại để tRNA tiến vào và bộ ba đối mã của tRNA khớp với bộ ba trên mRNA. Lí do vì sao ribosome lại chỉ trượt theo từng bộ ba mà không phải là bộ hai hoặc bộ bốn? Điều này có nguyên nhân bắt nguồn từ năng lượng của nhiệt động học. Với bộ ba nucleotide thì tổng liên kết hiđrô được hình thành giữa tRNA với mRNA là từ 6 đến 9 liên kết (nếu bộ ba đó là AAA thì có 6 liên kết; nếu bộ ba đó là GGG thì có 9 liên kết), năng lượng này tương đương với 1 ATP vì vậy đủ đảm bảo cho ribosome trượt trên mRNA (ở giai đoạn hoạt hoá amino acid, mỗi tRNA đã sử dụng 1ATP). Nếu là bộ bốn thì tổng liên kết hiđrô sẽ giao động từ 8 đến 12 liên kết là năng lượng lớn nên sẽ giữ ribosome và không cho trượt trên mRNA |
|  | Có một enzyme cắt giới hạn cắt các đoạn DNA mạch kép ở đoạn trình tự nucleotide AGGXT. Khi sử dụng enzyme này để cắt một phân tử DNA có tổng số  cặp nucleotide(bp) thì theo lí thuyết phân tử DNA này sẽ bị cắt thành bao nhiêu đoạn DNA? | - Theo lí thuyết ngẫu nhiên thì xác suất bắt gặp đoạn trình tự nucleotide . (Nguyên nhân là vì xác suất xuất hiện mỗi loại nucleotide A, T, G, X là bằng nhau và bằng . Đoạn trình tự nucleotide AGGXT có 5 nucleotide nên phải lũy thừa của 5).  - Có một enzyme cắt giới hạn cắt các đoạn DNA mạch kép ở đoạn trình tự nucleotide AGGXT. Khi sử dụng enzyme này để cắt một phân tử DNA có tổng số cặp nucleotide (bp) thì theo lí thuyết phân tử DNA này sẽ có số vị trí bị cắt là  (vị trí cắt).  - Với 29297 vị trí cắt thì sẽ có số đoạn DNA là 29297 + 1 = 29298 đoạn. |
|  | Trên phân tử DNA có những loại liên kết nào? Trình bày vai trò của mỗi loại liên kết hoá học đó? | Trên phân tử DNA có liên kết cộng hoá trị và liên kết hiđrô.  - Liên kết cộng hoá trị: là loại liên kết được hình thành giữa các nguyên tử C với nhau, hoặc giữa nguyên tử C với O, giữa nguyên tử C với H,... Trong các liên kết hoá trị trong phân tử DNA thì đáng chú ý nhất là liên kết phôtphodieste giữa đường với phôtphát tạo nên bộ khung đường - phốtphat của phân tử DNA. Liên kết cộng hoá trị là loại liên kết bền vững nên đảm bảo tính ổn định hoá học của phân tử DNA. Các liên kết phôtphodieste này được hình thành trong quá trình nhân đôi của phân tử DNA, do sự xúc tác của enzyme DNA polimerase (hoặc enzyme ligaza). Liên kết phôtphodieste tồn tại và khó bị phá huỷ (nó chỉ bị đứt bởi xúc tác của enzyme cắt hạn chế, enzyme sửa sai DNA).  - Liên kết hiđrô là loại liên kết yếu được hình thành giữa các cặp bazơnitơ đứng đối diện nhau (A liên kết với T bằng 2 liên kết hiđrô, G liên kết với X bằng 3 liên kết hiđrô). Liên kết hiđrô là loại liên kết yếu nên nó sẽ bị đứt khi nhiệt độ lên trên  hoặc khi có enzyme đặc hiệu xúc tác. Như vậy, trong quá trình tồn tại của DNA thì liên kết hiđrô làm cho 2 mạch của DNA liên kết bổ sung và xoắn kép. Khi DNA thực hiện nhân đôi hoặc phiên mã thì liên kết hiđrô sẽ bị đứt, sau đó hình thành trở lại để đảm bào cấu trúc xoắn của DNA |
|  | Trong hệ gen của tế bào nhân thực có rất nhiều gen. Giải thích vì sao enzyme RNA polymerase có thể nhận biết được gen nào cần phiên mã và gen nào không cần phiên mã? | - Trong tế bào nhân thực có 3 loại enzyme RNA polymerase xúc tác cho quá trình phiên mã tổng hợp RNA. Trong đó enzym:  RNA polymerase I xúc tác tổng hợp rRNA (là loại RNA có kích thước lớn nhất)  RNA polymerase II xúc tác tổng hợp mRNA (là loại RNA có kích thước trung bình)  RNA polymerase III xúc tác tổng hợp tRNA và các loại rRNA có kích thước bé.  - Trong tế bào, loại gen mang thông tin quy định tổng hợp mRNA có tính đa dạng cao nhất (có nhiều loài gen quy định tổng hợp mRNA), tuy nhiên chỉ có một loại enzyme RNA polymerase II. Enzyme RNA polymerase II nhận biết được gen nào cần được phiên mã và gen nào không cần phiên mã là vì ở vùng điều hoà của gen có các phức hệ prôtêin điều hoà và prôtêin ức chế. Khi ở vùng điều hoà của gen có các prôtêin hoạt hoá phiên mã gắn vào thì phức hệ các prôtêin này chính là tác nhân hấp dẫn enzyme RNA polymerase II và enzyme này sẽ bám vào để khởi động phiên mã.  - Phức hệ các phân tử prôtêin hoạt hoá phiên mã do các gen điều hoà hoạt động của gen quy định tổng hợp hoặc các phân tử prôtêin này là các phân tử hoocmôn hoặc các yếu tố kích thích sinh trưởng,.. |
|  | Hãy nêu vai trò của prôtêin trong quá trình nhân đôi của DNA | a. Nhóm enzyme tháo xoắn: thực hiện chức năng nhận biết điểm khởi đầu tái bản và tháo xoắn phân tử DNA, làm cho 2 mạch của DNA tách nhau ra thành sợi đơn.  - Enzyme gyraza: Khi DNA không nhân đôi thì nó cuộn xoắn rất chặt. Khi bắt đầu nhân đôi, enzyme gyraza sẽ làm cho phân tử DNA giản xoắn và duỗi thẳng.  - Enzyme helicaza: Có vai trò bám sợi đơn của DNA và làm tách mạch DNA.  Sự phổi hợp giữa 2 loại enzyme gyraza và helicaza làm cho DNA duỗi xoắn và tách 2 mạch để lộ mạch đơn, mạch đơn này được các enzyme DNA polymerase sử dụng làm khuôn cho quá trình tổng hợp mạch polinucleotide mới.  - Prôtêin SSB: SSB không phải là enzyme vì nó chỉ có vai trò bám lên sợi đơn của DNA (đã được helicaza tách ra), ngăn cản sự liên kết bổ sung giữa hai mạch DNA. Tuy nhiên, nếu không có SSB thì hai mạch đơn của DNA mẹ sẽ bổ sung với nhau làm cho các enzyme DNA polymerase không thể tiến hành tổng hợp được mạch mới.  b. Enzyme tổng hợp đoạn mồi: Trong quá trình nhân đôi DNA cần có đoạn mồi để khởi đầu quá trình tổng hợp, đoạn mồi do enzyme RNA polimeaza xúc tác tổng hợp, vì vậy đoạn mồi là RNA. Tất cả các loại enzyme DNA polymerase đều không có khả năng tự tổng hợp nucleotide đầu tiên để khởi đầu quá trình nhân đôi, chúng chỉ có thể xúc tác gắn nucleotide vào một mạch pôlinucleotide có sẵn đầu  tự do. Đoạn mồi có kích thước thay đổi từ 2 đến 10 nucleotide. Enzyme giữ vai trò tổng hợp RNA mồi là primaza.  c. Các enzyme DNA polimeraza: Có rất nhiều loại enzyme DNA polymerase nhưng có 3 loại DNA polymerase được nghiên cứu và biết rõ nhất là DNA polymerase I, DNA polymerase II và DNA polymerase III.  - DNA polymerase I và DNA polymerase III là hai loại enzyme thiết yếu cho quá trình nhân đôi của DNA vi khuẩn E.coli. Hai loại enzyme này có chức năng kéo dài mạch pôlinucleotide theo chiều từ đến  (tổng hợp nucleotide mới vào đầu ). Ngoài ra nó còn có chức năng sửa sai khi có sự bắt cặp nhầm giữa nucleotide môi trường với nucleotide trên mạch khuôn. Ngoài ra DNA polymerase I còn có chức năng cắt bỏ đoạn RNA mồi và tổng hợp đoạn DNA thay thế đoạn RNA mồi đó. Việc thay thế đoạn RNA mồi bằng đoạn DNA được thực hiện nhờ bằng cách cắt bỏ từng nucleotide cùa RNA ở đầu và tổng hợp nucleotide vào đầu  của mạch DNA trước đó.  - DNA polymerase II: có chức năng chủ yếu là sửa sai do bắt cặp không đúng trong quá trình nhân đôi của DNA.  d. Enzyme ligaza: Nối các đoạn Okazaki thành mạch liên tục. Quá trình nối của enzyme cần sử dụng năng lượng ATP (đối với nhân thực) hoặc năng lượng từ NAD+ (đối với vi khuẩn).  Trong quá trình nhân đôi DNA, enzyme ligaza hoạt động như sau:  + Nhóm adenyl của NAD+ (hoặc ATP) được chuyển vào ligaza.  + Sau đó enzyme ligaza xúc tác chuyển nhóm adenyl vào đầu photphat của khe nằm giữa 2 đoạn Okazaki để hình thành nên một nhóm pyrophotphat (PPi) và AMP gắn vào đầu - P.  + Sau đó ligaza xúc tác việc gắn nhóm - P vào vị trí  của đoạn Okazaki kế tiếp, đồng thời giải phóng một phần tử AMP. |
|  | Vì sao trong quá trình nhân đôi DNA cần có đoạn RNA mồi? Trình bày cơ chế thay thế đoạn RNA mồi bằng đoạn DNA | - Để tạo nên mạch DNA mới bổ sung với mạch DNA khuôn thì cần có sự tham gia của enzyme DNA polimeraza. Enzyme này chỉ tổng hợp mạch mới theo một chiều từ đến . Tuy nhiên enzyme DNA polymerase không thể tự tổng hợp được nucleotide đầu tiên vào mạch mà cần một đoạn được gọi là đoạn mồi được tạo ra trước để nó chỉ làm công việc nối thêm nucleotide vào đầu của đoạn mồi. Đoạn mồi là một đoạn RNA có độ dài từ 2 đến 10 nucleotide.  - Cơ chế thay thế đoạn RNA mồi:  • Enzyme DNApolimeaza I sẽ cắt nucleotide của đoạn RNA ở đầu của đoạn mồi và sau đó tổng hợp nucleotide mới vào đầu  của đoạn DNA trước đó.  • Quá trình diễn ra liên tục cho đến khi đoạn mồi được thay thế hết. Lúc này enzyme ligaza sẽ nối 2 đoạn nuclêoit kế tiếp nhau để tạo thành 1 mạch hoàn chỉnh. |
|  | Nguyên tắc bổ sung là gì? Vai trò của nguyên tắc bổ sung trong các cơ chế di truyền ở cấp phân tử? | a. Nguyên tắc bổ sung:  - Nguyên tắc cấu trúc trong đó một bazơ nitơ có kích thước lớn (bazơ purin) liên kết với một bazơ có kích thước bé (pirimidin) được gọi là nguyên tắc bổ sung. Ở trong phân tử DNA, nguyên tắc bổ sung được thể hiện ở A liên kết với T, G liên kết với X. Ở trong phân tử RNA, nguyên tắc bổ sung được thể hiện ở A liên kết với U, G liên kết với X.  - Có 3 cơ chế di truyền ở cấp phân tử là nhân đôi DNA, phiên mã, dịch mã. Cả ba cơ chế này đều diễn ra theo nguyên tắc bổ sung.  b. Vai trò của nguyên tắc bổ sung trong các cơ chế di truyền ở cấp phân tử  - Trong quá trình nhân đôi DNA: Các nucleotide tự do của môi trường liên kết với nucleotide của mạch khuôn theo nguyên tắc bổ sung để tạo ra mạch polinucleotide mới. Nhờ có nguyên tắc bổ sung nên mạch polinuclêotit mới có cấu trúc giống hệt với mạch pôlinucleotide bổ sung ban đầu, nhờ đó mà phân tử DNA con giống hệt với DNA mẹ. Nếu ở một vài nucleotide nào đó liên kết không theo nguyên tắc bổ sung thì sẽ làm phát sinh đột biến.  - Trong quá trình tổng hợp RNA, nhờ nguyên tắc bổ sung mà thông tin di truyền trên DNA được truyền đạt nguyên vẹn đến RNA.  - Trong quá trình dịch mã, các tRNA có bộ ba đối mã bắt cặp với các bộ ba trên mRNA theo nguyên tắc bổ sung → Các amino acid được lắp chính xác vào chuỗi polypeptide theo đúng thông tin di truyền ở trên gen. |
|  | Kiểu hình của con có nhiều đặc điểm giống kiểu hình của bố và mẹ. Ví dụ: ở người, con có tóc xoăn, mắt nâu giống bố, có mũi cao, cằm nhọn giống mẹ. Bố, mẹ đã di truyền các đặc điểm đó cho con như thế nào và bằng cơ chế nào? | Bố mẹ đã truyền những gene quy định tính trạng cho con nhờ các cơ chế nguyên phân – giảm phân và thụ tinh.  Nhờ cơ chế tái bản, thông tin di truyền trên DNA của bố và mẹ được truyền qua thế hệ tế bào và cơ thể của người con. Thông tin di truyền trên gene được biểu hiện thành tính trạng ở con nhờ phiên mã và dịch mã(gene → mRNA → polypeptitde → protein → tính trạng). |
|  | Quan sát và cho biết nhờ các đặc điểm nào về cấu trúc, DNA có thể thực hiện được các chức năng của vật chất di truyền. | Các đặc điểm cấu trúc phù hợp với chức năng của DNA:  Mang thông tin di truyền: DNA cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, đơn phân là các nucleotide. Thành phần, số lượng và trật tự sắp xếp các nucleotide trên mạch đơn của DNA là thông tin di truyền quyết định tính đặc thù cá thể. Các liên kết hoá học giữa các nucleotide tạo nên tính bền vững của DNA, đảm bảo duy trì được sự ổn định của thông tin di truyền trong tế bào và cơ thể.  Truyền thông tin di truyền: Các nucleotide trên hai mạch đơn của DNA liên kết nhau bằng các liên kết hydrogen theo nguyên tắc bổ sung. Nhờ khả năng tái bản, DNA truyền thông tin di truyền qua các thế hệ tế bào và cơ thể.  Biểu hiện thông tin di truyền: Trình tự nucleotide của DNA quy định trình tự chuỗi amino acid của protein được tổng hợp tương ứng.  Tạo biến dị: Sự thay thế nucleotide này bằng nucleotide khác, sự thay đổi số lượng, trật tự sắp xếp của các nucleotide trên chuỗi polynucleotide dẫn đến sự thay đổi thông tin di truyền, tạo nên biến dị ở sinh vật. |
|  | *Một phân tử hữu cơ cần phải có các đặc điểm cấu trúc như thế nào để có thể đảm nhận chức năng của một vật chất di truyền?* | CẤU TRÚC CẦN THIẾT ĐỂ THỰC HIỆN CHỨC NĂNG DI TRUYỀN  - Có cấu trúc đa phân (*đơn phân là các nucleotide (gồm có 4 loại đơn phân A, T, G, C)*)  - Có khả năng liên kết hydrogen giữa các base nitrogen giữa các đơn phân. *(liên kết bổ sung giữa các nitrogenous base giữa 2 mạch với nhau: A mạch này liên kết bổ sung với T mạch kia bởi 2 liên kết hydrogene ; G trên mạch này liên kết với X trên mạch kia bởi 3 liên kết hydrogene và ngược lại).*  - Phải có khả năng tự nhân đôi |
|  | Nêu các đặc điểm cấu trúc phù hợp với chức năng của DNA. | **Những đặc điểm cấu trúc của DNA giúp chúng thực hiện được chức năng mang, bảo quản và truyền đạt thông tin di truyền**  1.2. Đặc điểm cấu trúc của DNA giúp chúng thực hiện chức năng mang thông tin di truyền là:      + DNA là một đại phân tử hữu cơ, cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, đơn phân là nucleotide. Một phân tử DNA được cấu tạo bởi lượng lớn nucleotide. Mỗi loài khác nhau sẽ có phân tử DNA đặc trưng bởi số lượng và trình tự các nucleotide. Sự sắp xếp trình từ các nucleotide là thông tin di truyền quy định trình tự các protein quy định tính trạng của mỗi sinh vật.      + Từ 4 loại nucleotide do cách sắp xếp khác nhau đã tạo nên tính đặc trưng và đa dạng của các phân tử DNA ở các loài sinh vật.  1.1. Đặc điểm cấu trúc của DNA giúp chúng thực hiện chức năng bảo quản thông tin di truyền.      + Trên mỗi mạch đơn của phân tử DNA , các nucleotide liên kết với nhau bằng liên kết cộng hóa trị bền vững, đảm bảo sự ổn định của DNA (thông tin di truyền) qua các thế hệ.      + Nhờ các cặp nucleotide thuộc hai mạch liên kết với nhau theo nguyên tắc bổ sung đã tạo cho chiều rộng của DNA ổn định, các vòng xoắn của DNA dễ dàng liên kết với protein tạo cho cấu trúc DNA ổn định, thông tin di truyền được điều hòa và bảo quản.  1.3. Đặc điểm cấu trúc của DNA giúp chúng thực hiện chức năng truyền đạt thông tin di truyền      + Trên mạch kép các nucleotide liên kết với nhau bằng liên kết hiđrô giữa nhóm base nitrogen của các nucleotide theo nguyên tắc bổ sung. Tuy liên kết hydrogen không bền vững nhưng số lượng liên kết lại rất lớn nên đảm bảo cấu trúc không gian của DNA được ổn định và dễ dàng cắt đứt trong quá trình tự sao, phiên mã.  + Các nucleotide có khả năng liên kết theo nguyên tắc bổ sung (NTBS) nên thông tin trong DNA có thể được truyền đạt nguyên vẹn sang DNA con và sang mRNA qua quá trình phiên mã và từ mRNA được dịch mã thành các phân tử protein |
|  | Thông tin di truyền được duy trì ổn định qua các thế hệ ở sinh vật sinh sản hữu tính bằng các cơ chế nào? | Cơ chế đảm bảo thông tin di truyền được truyền đạt tương đối ổn định qua các thể hệ ở những loài sinh sản hữu tính là sự tự nhân đôi của ADN, nhiễm sắc thể kết hợp với sự phân li và tổ hợp của NST trong nguyên phân, giảm phân và thụ tinh. |
|  | Phân tích cơ chế tái bản DNA cho thấy đây là quá trình truyền thông tin di truyền qua các thế hệ tế bào? | Trong giảm phân tạo giao tử, sự nhân đôi của nhiễm sắc thể bắt nguồn từ sự tái bản DNA xảy ra một lần trước khi giảm phân I. Sự phân li của NST trong giảm phân I và giảm phân II tạo ra các giao tử chỉ mang một nửa số lượng phân tử DNA so với số DNA có trong nhân tế bào lưỡng bội trước giảm phân. Trong quá trình thụ tinh, sự kết hợp các NST trong giao tử đực và giao tử cái chứa bản sao DNA từ bố và mẹ tạo nên cặp NST tương đồng ở hợp tử.  → Tái bản DNA là quá trình truyền thông tin di truyền qua các thế hệ tế bào. |
|  | Tại sao protein tạo nên các tính trạng của sinh vật nhưng không thể đảm nhận chức năng của một vật chất di truyền? | ***Sự tạo thành các chức năng của protein/cơ thể***  Đơn phân protein là các amino acid ( có khảong 20 loại)  Protein được tổng hợp từ: Gene – phiên mã → mRNA – dịch mã → polypeptid → protein.  Protein khác nhau + tác động của điều kiện môi trường (có thể) → tính trạng khác nhau.  Protein khác nhau + tác động của điều kiện môi trường (có thể) → đặc tính khác trong cơ thể (bảo vệ, vận chuyển, xúc tác, ...)  ***Protein không có chức năng di truyền, vì:***  Không có khả năng tự nhân đôi  Không có hiện tượng bắt cặp bổ cung giữa các amino acid nhất định. |
|  | Nêu ý nghĩa của kết cặp đặc hiệu A - T và G - C phù hợp với chức năng của DNA. | - Liên kết bổ sung giữa các nitrogenous base giữa 2 mạch với nhau trên DNA như sau: A mạch này liên kết bổ sung với T mạch kia bởi 2 liên kết hydrogene ; G trên mạch này liên kết với C trên mạch kia bởi 3 liên kết hydrogene và ngược lại.  + Liên kết hydrogen là liên kết yếu nên trong nhân đôi/tái bản nó dễ dàng bị phá vỡ bởi enzyme.  + Tuy liên kết yếu nhưng số lượng liên kết/DNA rất lớn nên  DNA có cấu trúc bền vững.  Nhờ liên kết bổ sung mà DNA có cấu trúc bền vững xong cũng rất linh hoạt trong cơ chế tự nhân đôi (tái bản). Nhờ cơ chế tự nhân đôi trong quá trình phân bào, thông tin di truyền trên DNA được truyền đạt qua các thế hệ tế bào và thế hệ cơ thể. |
|  | Quan sát Hình, hãy:    1. Mô tả cấu trúc của nucleotide. Bốn loại nucleotide khác nhau ở thành phần nào?  2. Mô tả liên kết phosphodiester giữa các nucleotide.  3. Cho biết sự kết cặp đặc hiệu giữa các base trên phân tử DNA được thể hiện như thế nào. Phát biểu nguyên tắc bổ sung.  4. Dựa vào cấu trúc hóa học, trình bày chức năng của phân tử DNA. | 1. Mỗi nucleotide được cấu tạo gồm:  + 1 Base nitrogen: cytosine (C), guanine (G), adenine (A), hay thymine (T)  + Đường deoxyribose  + Một nhóm phosphat.  → Bốn nucleotide khác nhau ở base nitrogen.  2. Liên kết phosphodiester là liên kết giữa đường của nucleotide này với axit photphoric của nucleotide kế tiếp trên mạch đơn của phân tử ADN. Đây là liên kết bền vững.  3.  - Sự kết cặp đặc hiệu: A chỉ liên kết với T và ngược lại, G chỉ liên kết với C và ngược lại.  - Nguyên tắc bổ sung: Nguyên tắc bổ sung là nguyên tắc mà bazơ có kích thước lớn liên kết với một base có kích thước bé, cụ thể A liên kết với T và G liên kết với C.  4. Chức năng của ADN là mang thông tin di truyền, bảo quản, bảo tồn thông tin di truyền và biến đổi tạo nền tảng cho sự tiến hóa. |
|  | Tại sao nói "cơ chế tái bản DNA là một quá trình tự sao thông tin di truyền từ tế bào mẹ sang tế bào con hay từ thế hệ này sang thế hệ sau"? | Kết quả của quá trình nhân đôi DNA là từ một phân tử DNA mẹ tạo thành hai phân tử DNA con có cấu trúc giống nhau và giống DNA mẹ. Sau quá trình tái bản, nhờ sự phân bào, mỗi phân tử DNA đi về một tế bào con.  → Tái bản DNA là một quá trình tự sao thông tin di truyền từ tế bào mẹ sang tế bào con hay từ thế hệ này sang thế hệ sau. |
|  | CÁCH GIẢI THÍCH SÁCH CTST  Tháo xoắn phân tử DNA:  Một số enzyme, protein nhận biết vị trí khởi đầu tái bản, tháo xoắn và tách hai mạch DNA → hai chạc chữ Y.  Tổng hợp mạch DNA:  - Enzyme RNA polymerase khởi đầu tổng hợp nên đoạn RNA (cung cấp đầu 3’-OH)  - DNA polymerase có vai trò tổng hợp mạch DNA mới chiều 5' → 3' dựa trên mạch khuôn của DNA (enzyme DNA polymerase không có khả năng khởi đầu cho quá trình tổng hợp mạch DNA mới, nó chỉ có thể bổ sung nucleotide tự do vào đầu 3' của đoạn RNA mồi do enzyme RNA tổng hợp) mẹ theo nguyên tắc bổ sung:  + A liên kết với T, T liên kết với A  + G liên kết với C và C liên kết với G  Trong hai mạch DNA mới tổng hợp:  + Một mạch được tổng hợp liên tục (5’ → 3’)  + Một mạch tổng hợp gián đoạn (Okazaki).  + Các đoạn Okazaki được nối nhờ enzyme ligase → mạch DNA.  Tạo Thành phần tử DNA:  - Mỗi phân tử DNA tạo ra có một mạch DNA mới được tổng hợp và một mạch DNA của phân tử DNA mẹ.  - Quá trình tái bản DNA tuân theo nguyên tắc bổ sung và nguyên tắc bán bảo toàn  Do Đó, từ một phân tử DNA tự nhân đôi → phân tử DNA con có cấu trúc giống nhau và giống DNA mẹ.  Sau quá trình tái bản, nhờ sự phân bào, mỗi phân tử DNA đi về một tế bào con. Như vậy, tái bản DNA là một quá trình tự sao thông tin di truyền từ tế bào mẹ sang tế bào con hay từ thế hệ này sang thế hệ sau. | CÁCH GIẢI THÍCH SÁCH KNTT  1. Khởi đầu sao chép (Tháo xoắn và khởi đầu nhân đôi DNA)  - Protein/enzyme liên kết vào điểm khởi đầu sao chép và 2 mạch DNA → tạo nên chạc sao chép hình chữ Y  - Enzyme RNA polymerase tổng hợp nên đoạn RNA (cung cấp đầu 3’-OH)  - Enzyme DNA polymerase bắt đầu tổng hợp mạch mới.  2. Tống hợp mạch DNA mới = Tổng hợp mạch DNA  - DNA được tách mạch đơn đến đâu thì enzyme DNA polymerase tổng hợp mạch mới đến đó, sự liên kết nucleotide/tổng hợp mạch mới được bắt đầu từ đầu 3’OH của đoạn mồi.  - Mạch mới được tổng hợp theo NTBS A -T, G - C với mạch khuôn.  Vì DNA được cấu tạo từ hai mạch ngược chiều nhau nên:  + Mạch khuôn 3’-5’ thì mạch mới được tổng hợp 5’-3’  + Mạch khuôn 5’-3’ thì mạch mới được tổng hợp ngược lại với chiều tháo xoắn và mạch mới vẫn tổng hợp theo chiều 5’-3’ và tổng hợp thành từng đoạn ngắn gọi là Okazaki. Sau khi các đoạn Okazaki được tổng hợp, enzyme DNA polymerase tiến hành loại bỏ đoạn mồi và tổng hợp đoạn DNA thay thế. Tiếp đến, một loại enzyme nối sẽ gắn các đoạn Okazaki lại với nhau.  3. Kết thúc quá trình tái bản = Tạo Thành phần tử DNA  - Từ một DNA tạo ra hai phân tử mới.  - Mỗi DNA mới có 1 mạch cũ và 1 mạch mới (nguyên tắc bán bảo toàn). (trong mỗi mạch mới có những đoạn liên tục, những đoạn không liên tục (Okazaki))  Như vậy:  + DNA được tái bản theo nguyên tắc bán bảo toàn và NTBS.  + Ở mỗi chạc sao chép, một mạch được tổng hợp liên tục, mạch còn lại được tổng hợp gián đoạn.  \* Ở sinh vật nhân sơ, mỗi phân tử DNA chỉ có một điểm khởi đầu sao chép duy nhất, trong khi DNA ở sinh vật nhân thực có nhiều điểm khởi đầu sao chép nên quá trình tái bản xảy ra đồng thời tại nhiều vùng trên một phân tử DNA.  Sinh vật nhân thực có nhiều loại DNA polymerase hơn so với sinh vật nhân sơ. |
|  | Tỉ lệ các cặp G - C và T - A trong phân tử DNA có ảnh hưởng đến độ bền vững của phân tử DNA không? Giải thích. | Tính bền vững DNA phụ thuộc chủ yếu vào số liên kết hydrogen giữa các cặp base A = T và G ≡ C. (xét trên DNA có cùng số lượng nucleotide) nucleotide  + Nếu DNA có số liên kết hydrogen lớn → tính bền vững cao => DNA đó có số liên kết giữa các cặp G ≡ C lớn.  + Nếu DNA có số liên kết hydrogen nhỏ → tính bền vững thấp => DNA đó có số liên kết giữa các cặp A = T lớn.  VD: DNA1 có 3000 nucleotide và có A = T = 600, G = C = 900  DNA2 có 3000 nucleotide và có A = T = 900, G = C = 600  DNA 1 bền vững hơn DNA 2 |
|  | 1. Căn cứ vào mạch khuôn, xác định vị trí các vùng cấu trúc trên gene trong Hình    2. Phân biệt gene phân mảnh với gene không phân mảnh, gene cấu trúc với gene điều hoà. | 1/ Các vùng cấu trúc:  Vùng điều hoà: có trình tự nucleotide đặc biệt giúp enzyme RNA polymerase có thể nhận biết và liên kết để khởi động quá trình phiên mã và trình tự nucleotide điều hòa phiên mã.  Vùng mã hóa: chứa trình tự nucleotide mã hóa chuỗi polypeptide hoặc RNA.  Phần lớn gene/nhân thực, vi khuẩn cổ có vùng mã hóa không liên tục (đoạn DNA được dịch mã) và các đoạn intron (đoạn DNA không được dịch mã) → gene phân mảnh.  Sinh vật nhân sơ gene chỉ có đoạn exon → gene không phân mảnh.  - Vùng kết thúc: mang tín hiệu kết thúc phiên mã. Căn cứ vào cấu trúc, gene được phân thành gene phân mảnh và gene không phân mảnh. Căn cứ vào chức năng, gene được chia thành: gene cấu trúc (mang thông tin mã hóa chuỗi polypeptide tham gia cấu trúc hoặc chức năng của tế bào); gene điều hòa (mang thông tin mã hóa sản phẩm kiểm soát hoạt động của gene khác).  2/  - Phân biệt gen cấu trúc và gen điều hòa:  + Gene cấu trúc: mang thông tin mã hóa chuỗi polypeptide tham gia cấu trúc hoặc chức năng của tế bào  + Gene điều hòa: mang thông tin mã hóa sản phẩm kiểm soát hoạt động của gene khác.  - Phân biệt gene phân mảnh và gene không phân mảnh:  + Gene phân mảnh: gene có trình tự mã hóa gồm exon và intron.  + Gene không phân mảnh: gene có vùng mã hóa chỉ có trình tự được dịch mã. |
|  | Quan sát Hình, đọc đoạn thông tin, lập bảng phân biệt ba loại RNA theo hai tiêu chí: cấu trúc và chức năng. | |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | | Có 3 loại RNA   |  |  |  |  | | --- | --- | --- | --- | |  | mRNA (RNA thông tin) | tRNA (RNA vận chuyển) | rRNA (RNA ribosome) | | Đơn phân | A, U, G, C | A, U, G, C | A, U, G, C | | Cấu trúc | 1 mạch đơn (5’P → 3’OH) | 1 mạch đơn | 1 mạch đơn | | Nguyên tắc bổ sung | Không có | Có nguyên tắc bổ sung (ở một số vị trí) | Có nguyên tắc bổ sung (ở một số vị trí) | | Chức năng | - Làm khuôn cho quá trình dịch mã tổng hợp chuỗi polipeptide; mỗi loại mRNA có 1 bộ mã mở đầu (AUG) và 1 trong 3 bộ ba kết thúc (UAA hoặc UAG hoặc UGA).  - Bộ ba trên mRNA gọi là codon. | - Vận chuyển amino acid trong quá trình dịch mã. Mỗi tRNA có 1 đầu 3’OH để mang amino acid và một thùy mang bộ ba đối mã (anticodon); trên mỗi tRNA chỉ có 1 bộ ba đối mã và chỉ gắn đặc hiệu đối với 1 loại amino acid. | - rRNA kết hợp với protein tạo ra các ribosome, ribosome thực hiện dịch các bộ ba trên mRNA thành các amino acid trên chuỗi polipeptide .  - Khi dịch mã trên mRNA thì 2 tiểu phân lớn và bé liên kết lại; còn khi không tổng hợp thì tách rời nhau. | | Số lượng  trong tế bào | Có số loại nhiều nhất trong tế bào, nhưng số lượng thì ít nhất (5%).  - Một phân tử mRNA thường chứa vài trình tự mã hóa của một số gene khác nhau. Do cùng operon  - Mỗi gene của sinh vật nhân thực tạo ra một loại mRNA riêng. | Có khoảng 61 loại tRNA (vì có 61 codon mã hóa trên mRNA → 61 loại tRNA). | Có số loại ít nhất nhưng hàm lượng thì nhiều nhất (70%). | | |
|  | Quan sát Hình, hãy:  a. Mô tả quá trình phiên mã.  b. Giải thích tại sao "phiên mã thông tin di truyền là cơ chế tổng hợp RNA dựa trên DNA". | a) Quá trình phiên mã:  Bước 1. Khởi đầu:  Enzyme RNA polymerase bám vào vùng điều hoà làm gen tháo xoắn để lộ ra mạch gốc có chiều 3’→ 5’ và bắt đầu tổng hợp mRNA  tại vị trí đặc hiệu.  Bước 2. Kéo dài chuỗi RNA:  Enzyme RNA polymerase trượt dọc theo mạch gốc trên gen có chiều 3’ → 5’ và gắn các nucleotide trong môi trường nội bào liên kết với các nucleotide trên mạch khuôn/gốc (3’-5’) theo nguyên tắc bổ sung:  A gốc - U môi trường,  T gốc - A môi trường,  G gốc – C môi trường,  C gốc – G môi trường,  → tổng hợp nên mRNA theo chiều  5’ → 3’. Vùng nào trên gen vừa phiên mã xong thì 2 mạch đơn của gen đóng xoắn ngay lại.  Bước 3. Kết thúc:  Khi enzym di chuyển đến cuối gen, gặp tín hiệu kết thúc thì quá trình phiên mã dừng lại, phân tử RNA được giải phóng.  b) Kết thúc phiên mã tạo ra phân tử RNA mang thông tin di truyền của DNA ban đầu → do đó, bản chất của quá trình phiên mã là truyền thông tin di truyền từ DNA sang mRNA. |
|  | Kẻ và hoàn thành bảng tóm tắt quá trình tái bản DNA vào vở theo mẫu sau:   |  |  |  | | --- | --- | --- | | Nơi diễn ra | Nhân sơ | Nhân thực | | Nguyên tắc tái bản |  |  | | Diễn biến |  |  | | Kết quả |  |  | | Ý nghĩa |  |  | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | Tiêu chí | Nhân sơ | Nhân thực | | Nơi diễn ra | Chỉ xảy ra ở TBC | Trong nhân: chính, DNA chủ yếu trong nhân  TBC: rất ít, DNA ở ty thể, lục lạp | | Nguyên tắc tái bản | Bổ sung, bán bảo toàn, khuôn mẫu | Bổ sung, bán bảo toàn, khuôn mẫu | | Diễn biến | **- Tháo xoắn phân tử DNA:**  Enzyme /protein tháo xoắn và tách hai mạch DNA.  **- Tổng hợp mạch DNA mới:**  + Enzyme DNA polymerase có vai trò tổng hợp mạch DNA mới chiều 5' → 3' dựa trên mạch khuôn của DNA mẹ theo nguyên tắc bổ sung (A liên kết với T, T liên kết với A, G liên kết với C và C liên kết với G).  + Trong hai mạch DNA mới tổng hợp, có một mạch được tổng hợp liên tục (sợi dẫn đầu) và một mạch tổng hợp gián đoạn từng đoạn ngắn Okazaki (sợi theo sau).  + Các đoạn Okazaki được nối với nhau thành mạch DNA hoàn chỉnh nhờ enzyme ligase.  + Enzyme DNA polymerase không có khả năng khởi đầu cho quá trình tổng hợp mạch DNA mới, nó chỉ có thể bổ sung nucleotide tự do vào đầu 3' của đoạn RNA mồi do enzyme RNA tổng hợp.  **- Kết quả:**  + Trong mỗi phân tử DNA được tạo thành có một mạch DNA mới được tổng hợp và một mạch DNA của phân tử DNA mẹ.  + Ở sinh vật nhân sơ, mỗi phân tử DNA chỉ có một điểm khởi đầu sao chép duy nhất.  + Sinh vật nhân sơ có ít loại DNA polymerase. | **- Tháo xoắn phân tử DNA:**  Enzyme /protein tháo xoắn và tách hai mạch DNA.  **- Tổng hợp mạch DNA:**  + Enzyme DNA polymerase có vai trò tổng hợp mạch DNA mới chiều 5' → 3' dựa trên mạch khuôn của DNA mẹ theo nguyên tắc bổ sung (A liên kết với T, T liên kết với A, G liên kết với C và C liên kết với G).  + Trong hai mạch DNA mới tổng hợp, có một mạch được tổng hợp liên tục (sợi dẫn đầu) và một mạch tổng hợp gián đoạn từng đoạn ngắn Okazaki (sợi theo sau).  + Các đoạn Okazaki được nối với nhau thành mạch DNA hoàn chỉnh nhờ enzyme ligase.  + Enzyme DNA polymerase không có khả năng khởi đầu cho quá trình tổng hợp mạch DNA mới, nó chỉ có thể bổ sung nucleotide tự do vào đầu 3' của đoạn RNA mồi do enzyme RNA tổng hợp.  **- Kết quả:**  + Trong mỗi phân tử DNA được tạo thành có một mạch DNA mới được tổng hợp và một mạch DNA của phân tử DNA mẹ.  + Ở sinh vật nhân thực, mỗi phân tử DNA có nhiều điểm khởi đầu sao chép nên quá trình tái bản xảy ra đồng thời tại nhiều vùng trên một phân tử DNA.  + Sinh vật nhân thực có nhiều loại DNA polymerase hơn so với sinh vật nhân sơ. | | Kết quả | Trong mỗi phân tử DNA được tạo thành có một mạch DNA mới được tổng hợp và một mạch DNA của phân tử DNA mẹ. | Trong mỗi phân tử DNA được tạo thành có một mạch DNA mới được tổng hợp và một mạch DNA của phân tử DNA mẹ. | | Ý nghĩa | Chuẩn bị cho quá trình nhân đôi NST, và chuẩn chị cho quá trình phân chia tế bào. Bên cạnh đó, quá trình nhân đôi DNA cũng là cơ sở khoa học để chứng minh cho vấn đề di truyền học qua nhiều thế hệ khác nhau. | Chuẩn bị cho quá trình nhân đôi NST, và chuẩn chị cho quá trình phân chia tế bào. Bên cạnh đó, quá trình nhân đôi DNA cũng là cơ sở khoa học để chứng minh cho vấn đề di truyền học qua nhiều thế hệ khác nhau. | |
|  | Dựa vào hình, hãy nêu các giai đoạn của quá trình truyền thông tin di truyền từ DNA đến chuỗi polypeptide. Sản phẩm của mỗi giai đoạn đó là loại phân tử nào? | - Tái bản DNA: sản phẩm là phân tử DNA  1 DNA → 2 DNA giống hệt. nhờ nguyên tắc: khuôn mẫu, bổ sung và bán bảo toàn.  - Phiên mã: sản phẩm là phân tử mRNA  1 đoạn DNA (gene) → mRNA có trình tự nucleotide bổ sung mạch gốc (3’-5’/gene). Nhờ nguyên tắc: khuôn mẫu, bổ sung.  - Dịch mã: sản phẩm là chuỗi polypeptide  Từ mRNA → polypeptide có trình tự amino acid được mã hóa từ trình tự các condon/mRNA . Nhờ nguyên tắc: khuôn mẫu, bổ sung. |
|  | Hãy giải thích ý nghĩa của cơ chế truyền thông tin di truyền ở cấp độ phân tử trong tế bào. | Ý nghĩa của di truyền ở cấp độ phân tử:  + DNAmẹ → DNAcon giống hệt về số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotide => Nhờ đó thông tin di truyền được truyền ổn định từ thế hệ tế bào này sang tế bào khác, cơ thể này sang cơ thể khá.  + Truyền thông tin DNA (gene) = Trình tự nucleotide trên gene → mRNA = trình tự nucleotide của mRNA → chuỗi polypeptide = trình tự amino acid của chuỗi polypeptide  => nhờ đó cơ thể con mang những tính trạng giống bố mẹ |
|  | Quan sát hình, hãy mô tả các giai đoạn của quá trình dịch mã.  Những yếu tố nào đảm bảo tính chính xác của sự dịch mã thông tin di truyền từ mRNA sang protein? | ***Quá trình hoạt hoá axit amin:***  Trong tế bào chất,  Nhờ các enzyme đặc hiệu và năng lượng ATP,  axit amin được hoạt hoá và gắn với ARN → axit amin – tARN  ***Quá trình tổng hợp chuỗi polipeptit diễn ra theo ba bước***  (là quá trình truyền thông tin di truyền từ mARN sang trình tự sắp xếp của các aa trong chuỗi polipeptid )  ***+ Bước 1: Mở đầu***  Tiểu đơn vị bé của ribosome gắn với mARN ở vị trí nhận biết đặc hiệu (gần bộ ba mở đầu) và di chuyển đến bộ ba mở đầu (AUG).  aa mở đầu – tARN tiến vào bộ ba mở đầu (anticodon: UAX/tRNA bổ sung codon AUG / mARN theo nguyên tắc bổ sung)  *Nhân thực bộ ba AUG → Methionin*  *Nhân sơ mã AUG → foocmin Methionine.*  Tiểu phần lớn gắn vào tạo ribosome hoàn chỉnh.  ***+ Bước 2: Kéo dài chuỗi polipeptit***  aa1 – tARN vào ribosome khớp bổ sung đối mã với codon tiếp sau mã mở đầu trên mARN,  1 liên kết peptit được hình thành giữa aa mở đầu và aa1.  Ribosome dịch chuyển qua codon tiếp theo/mRNA (5’ → 3’), tARN mở đầu rời khỏi robosome,  Phức hợp aa2 – tARN vào ribosome khớp bổ sung đối mã với codon đó, 1 liên kết peptit nữa được hình thành giữa aa1 và aa2.  Quá trình cứ tiếp diễn như vậy cho đến khi ribosome tiếp xúc với mã kết thúc (UGA, UAG hay UAA).  ***+ Bước 3. Kết thúc***  Khi ribosome đến bộ ba kết thúc (UAA, UAG, UGA) thì quá trình dịch mã xong  2 tiểu phần của ribosome tách nhau ra.  Một enzyme đặc hiệu loại bỏ axit amin mở đầu và giải phóng chuỗi polypeptide, quá trình dịch mã hoàn tất. |
|  | Quan sát hình và mô tả các giai đoạn phiên mã. | Quá trình phiên mã gồm có 3 giai đoạn là khởi đầu, kéo dài và kết thúc.  ***Bước 1: Khởi đầu***  Enzyme RNA polymerase nhận ra và liên kết với vùng điều hòa làm cho hai mạch của gene tách nhau để lộ mạch khuôn (3’-5’) và bám vào trượt trên mạch gốc.  Yếu tố sigma là nhân tốc giúp nhận biết điểm khởi đầu phiên mã.  ***Bước 2: Kéo dài chuỗi***  - Khi bắt đầu tổng hợp ARN , yếu tố sigma rời khỏi phức hệ phiên mã.  - Enzyme RNA polymerase trượt dọc trên mạch khuôn của gene có chiều 3'→ 5', lắp các nucleotide tự do thành chuỗi polynucleotide chiều 5' → 3' theo nguyên tắc bổ sung:  A trên mạch gốc gene (3’-5’) = U polynucleotide = RNA  T trên mạch gốc gene (3’-5’) = A polynucleotide = RNA  G trên mạch gốc gene (3’-5’) = C polynucleotide = RNA  C trên mạch gốc gene (3’-5’) = G polynucleotide = RNA  - Các Nu mới liên kết với nhau bằng liên kết potphodieste → chuỗi poliribonucleotit (5 ' - 3' ) nhờ ATP.  Các đoạn ARN pol đã đi qua lập tức đóng xoắn lại trả về dạng ADN kép như ban đầu.  ***Bước 3: Kết thúc***  Enzyme RNA polymerase di chuyển đến cuối gene, gặp vùng kết thúc quá trình phiên mã dừng lại; enzyme RNA polymerase và phân tử mRNA đã hoàn thành rời khỏi DNA  - ADN và yếu tố sigma kết hợp lại để cho các lần phiên mã tiếp theo.  - Cuối cùng hai mạch của gen liên kết trở lại với nhau. |
|  | Quan sát Hình, hãy mô tả quá trình phiên mã ngược. | Sao mã ngược là hiện tượng ARN tổng hợp ra ADN, ví dụ ở virut HIV.  Trên mỗi sợi ARN lõi của các virus này có mang một enzyme sao mã ngược (reverse transcriptase). Khi xâm nhập vào tế bào chủ, enzyme này sử dụng ARN của virus làm khuôn để tổng hợp sợi ADN bổ sung (cADN - complementary ADN). Sau đó, sợi cADN này có thể làm khuôn để tổng hợp trở lại bộ gene của virus (cADN→ARN), hoặc tổng hợp ra sợi ADN thứ hai bổ sung với nó (cADN→ADN) như trong trường hợp virus gây khối u mà kết quả là tạo ra một cADN sợi kép. Phân tử ADN sợi kép được tổng hợp trước tiên trong quá trình lây nhiễm có thể xen vào ADN của vật chủ và ở trạng thái tiền virus (provirus). Vì vậy, provirus được truyền lại cho các tế bào con thông qua sự tái bản của ADN vật chủ, nghĩa là các tế bào con cháu của vật chủ cũng bị chuyển sang tình trạng có mầm bệnh. |
|  | Nhiều enzyme và protein tham gia vào bộ máy tái bản DNA ở vi khuẩn khác biệt với các enzyme và protein cùng loại ở tế bào người. Dựa vào thông tin trên, hãy đề xuất hướng sản xuất thuốc trị bệnh nhiễm khuẩn ở người, giảm thiểu tối đa tác dụng không mong muốn của thuốc kháng sinh. | Nhiều enzyme và protein tham gia vào bộ máy tái bản DNA ở vi khuẩn khác biệt với các enzyme và protein cùng loại ở tế bào người. Chính vì điều này người ta điều chế thuốc chứa thành phần gây bất hoạt loại enzyme tham gia vào bộ máy tái bản DNA ở vi khuẩn mà không ảnh hưởng đến enzyme tham gia vào bộ máy tái bản DNA ở người. Nhờ đó ngăn cản sự nhân đôi DNA ở vi khuẩn → vi khuẩn không nhân lên được. |
|  | Phân tử mRNA được phiên mã từ mạch khuôn 3' → 5' của gene. Xác định chiều đọc của codon và anticodon. | Chiều bộ ba sao mã (codon) trên mARN là 5’-3’  → bộ ba đối mã (anticođon) của tARN là 3’-5’ |
|  | Quan sát Hình và cho biết:  a. Quá trình dịch mã có sự tham gia của những thành phần nào? Nêu vai trò của những thành phần đó.  b. Chiều dịch chuyển của ribosome trên mRNA  c. Nguyên tắc bổ sung được thể hiện trong quá trình dịch mã như thế nào? | a) Trong quá trình dịch mã, thành phần tham gia trực tiếp vào quá trình dịch mã tổng hợp prôtêin là mARN, tARN và rARN, trong đó:  - mRNA: mang bộ ba mã hóa  - tRNA: mang bộ ba đối mã  - rRNA: tổng hợp ribosome  - Các amino acid: để tổng hợp nên chuỗi polypeptide  - Enzyme: liên kết amino acid với tRNA, tạo liên kết peptid, cắt bỏ amino acid mở đầu, ...  - ATP: hoạt hóa amino acid, cung cấp năng lượng các hoạt động  b) Ribosome dịch chuyển trên mARN theo chiều 3'→ 5'.  c) Nguyên tắc bổ sung trong quá trình dịch mã thể hiện ở việc bộ ba đối mã (anticodon) của tARN liên kết với bộ ba mã sao (codon) trên mARN.  U­­codon/tRNA bổ sung với A­­anticodon/mRNA  A­­codon/tRNA bổ sung với U­­anticodon/mRNA  C­­codon/tRNA bổ sung với G­­anticodon/mRNA  G­­codon/tRNA bổ sung với C­­anticodon/mRNA |
|  | Quan sát Hình, hãy:    a) Nêu nhận xét về cấu trúc của các chuỗi polypeptide được dịch mã nhờ polyribosome. Giải thích tại sao.  b) Nêu vai trò của polyribosome trong việc | a) Cấu trúc của các chuỗi polypeptide được dịch mã nhờ polyribosome giống nhau vì được dịch từ cùng 1 mRNA ban đầu  b) Vai trò của polyribosome: tăng hiệu suất dịch mã. |
|  | Hãy vẽ sơ đồ tóm tắt:  \* Quá trình hoạt hóa amino acid.  \* Các bước của giai đoạn dịch mã tổng hợp chuỗi polypeptide. | \* Quá trình hoạt hóa amino acid:  a.a + ATP → a.a hoạt hóa → phức hợp a.a – tARN: a.a hoạt hóa + tARN → Phức hợp a.a - tARN  \* Các bước của giai đoạn dịch mã tổng hợp chuỗi polypeptide.  Khởi đầu tổng hợp chuỗi polypeptide → Kéo dài chuỗi polypeptide → Kết thúc.  - Khởi đầu tổng hợp chuỗi polypeptide:    + Ribosome/tiểu đơn vị nhỏ gắn với mRNA tại vị trí nhận biết đặc hiệu (không dịch mã nằm gần codon mở đầu 5'AUG3').  + aamở đầu - tRNA đến tại vi trí codonmở đầu (5'AUG3') trên mRNA (anticodon 3'UAC5'/ tRNAmở đầu bổ sung với codon mở đầu trên mRNA (5’AUG3’))  ++ Amino acid mở đầu → methionine (Met)/ NT  ++ → formylmethionine (fMet)/NS  + Tiểu đơn vị lớn của ribosome ~ tiểu đơn vị bé → ribosome hoàn chỉnh  - Kéo dài chuỗi polypeptide:    + aa1 -tRNA đến Ri tại vi trí codon1/mRNA (anticodon1/ tRNA bổ sung với codon1/mRNA)  + amino acid1-tRNA tiến vào ribosome ~ codon1/mRNA theo NTBS.  (codon1 đứng kế tiếp sau codonmở đầu)  + Enzyme xúc tác tạo thành liên kết peptide giữa aamở đầu và aa1.  + Ribosome dịch chuyển một codon theo chiều 5’ → 3’ trên mRNA, tRNAmở đầu rời khỏi ribosome để lại aamở đầu.  Tiếp theo,  + aa2-tRNA đến Ri tại vi trí codon2/mRNA (anticodon2/ tRNA bổ sung với codon2/mRNA)  + Enzyme xúc tác tạo thành liên kết peptide giữa aa1 và aa2.  Cứ như vậy,  + Ribosome dịch chuyển từng codon/mRNA và chuỗi polypeptide được kéo dài  - Kết thúc:    + Ribosome tiếp xúc codonKT/ mRNA (UAG hoặc UAA hoặc UGA), quá trình dịch mã dừng lại.  + Ribosome tách khỏi mRNA và chuỗi polypeptide được giải phóng.  + Nhờ enzyme, amino acid mở đầu được cắt khỏi chuỗi polypeptide vừa tổng hợp.  + Chuỗi polypeptide tiếp tục hình thành cấu trúc bậc cao hơn. |
|  | Ở cấp độ phân tử, thông tin di truyền được truyền đạt theo những hướng nào? Hướng nào đảm bảo cho đặc tính di truyền của loài được duy trì ổn định? | Cơ chế truyền đạt thông tin di truyền ở cấp độ phân tử gồm có quá trình tái bản của ADN và quá trình phiên mã, dịch mã. Quá trình tái bản (nhân đôi) của ADN sẽ truyền đạt thông tin di truyền từ nhân của tế bào mẹ sang nhân của tế bào con đảm bảo cho đặc tính di truyền được duy trì ổn định. |
|  | Vì sao cần bổ sung nước rửa bát vào mẫu sau khi nghiền? | Do DNA tồn tại trong nhân tế bào nên để tách chiết được DNA ra khỏi tế bào, cần phá vỡ mô để tách rời các tế bào và phá huỷ thành tế bào và phá huỷ màng tế bào, màng nhân bằng các dung dịch tẩy rửa hoà tan lipid nhằm giải phóng dịch nhân tế bào vào dung dịch chiết xuất. |
|  | Mục đích của việc sử dụng alcohol (như ethanol 90°) trong tách chiết DNA là gì? | Do ethanol có ái lực với nước mạnh hơn với DNA nên khi cho cồn ethanol vào dịch chiết chứa DNA thì các phân tử DNA có xu hướng bị đầy sát lại gần nhau và kết tụ lại với nhau dưới dạng vật chất có màu trắng đục.  Vì ethanol nhẹ hơn nước, nên khi cho ethanol vào phía trên dịch chiết tế bào sẽ tách thành lớp trong suốt trong ống nghiệm phía bên trên, lúc này DNA sẽ đi từ dịch chiết tế bào lên và bị kết tủa dưới dạng vật chất có màu trắng đục. |
|  | Tại sao cần sử dụng nước dứa? Có thể thay nước dứa bằng dung dịch gì? | *- Nước dứa có chứa enzyme bromelain, một enzyme protease có khả năng phân cắt protein. Protein là thành phần cấu tạo nên màng tế bào và nhân tế bào, do đó bromelain có thể giúp phá vỡ các màng này và giải phóng DNA ra khỏi tế bào.*  *- Có thể thay thế nước dứa bằng nước thịt hoặc nước đu đủ* |
|  | Tại sao phân tích trình tự nucleotide của DNA được ứng dụng trong nhận dạng cá thể? | Do trình tự sắp xếp nucleotide của DNA đặc trưng cho cá thể nên phân tích trình tự nucleotide của DNA được ứng dụng trong nhận dạng cá thể. |
|  | Một số kháng sinh có thể liên kết với ribosome của vi khuẩn theo những cơ chế khác nhau:  Streptomycin bám vào tiểu phần nhỏ của ribosome;  Chloramphenicol liên kết vào tiểu đơn vị lớn và ức chế enzyme peptidyl transferase (xúc tác phản ứng hình thành liên kết peptide);  Tetracycline cản trở các tRNAaa đi vào vị trí A của ribosome;  Erythromycin liên kết rRNA trong tiểu phần lớn của ribosome và ức chế sự dịch chuyển của ribosome trên mARN.  Dựa vào các thông tin trên, hãy cho biết mỗi kháng sinh này tác động đến giai đoạn nào của quá trình biểu hiện gene và từ đó ức chế sự sinh trưởng của vi khuẩn. | Streptomycin tác động vào giai đoạn: bước mở đầu của giai đoạn tổng hợp chuỗi polypeptide trong quá trình dịch mã.  Chloramphenicol, tetracycline, erythromycin tác động vào giai đoạn: bước kéo dài của giai đoạn tổng hợp chuỗi polypeptide trong quá trình dịch mã. |
|  | Một trình tự nucleotide như thế nào được gọi là gene? | Là một đoạn của phân tử DNA mang thông tin quy định một loại sản phẩm là chuỗi polypeptide hoặc RNA. |
|  | Giải trình tự hệ gene người đem lại những ứng dụng thực tiễn gì? | **Những giải trình hệ gene người.**  - Hệ gene người gồm hơn 3,2 tỉ cặp nucleotide trên 23 cặp NST  - Tổng số gene mã hóa protein trong hệ gene người ước tính khoảng gần 21.300.  - Số lượng nucleotide trong các exon ở toàn bộ gene quy định protein và tổng số vùng mã hóa của các gene quy định rRNA, tRNA chiếm 1,5% số lượng nucleotide trong hệ gene người.  NHỮNG ỨNG DỤNG  **Ứng dụng trong y học:**  - Giải trình tự hệ gene của một người giúp bác sĩ biết được người đó có mang gene bệnh hay không, qua đó đưa ra biện pháp phòng và trị bệnh.  - Trong ngành pháp y: để tìm ra thủ phạm trong các vụ án, danh tính nạn nhân trong các vụ tai nạn hoặc xác định mối quan hệ họ hàng.  **Ứng dụng trong nghiên cứu tiến hoá**  Xác định mối quan hệ tiến hóa giữa các loài. (So sánh trình tự nucleotide trong hệ gene các loài) |
|  | Thông tin từ gene có được truyền nguyên vẹn tới RNA qua quá trình phiên mã hay không? Giải thích. | ***Thông tin di truyền trên gene được sao chép nguyên vẹn sang phân tử mRNA.***  Ở sinh vật nhân thực, nhân sơ. Từ trình tự nucleotide trên gen = thông tin di truyền/gen qua phiên mã sẽ được truyền sang RNA.  Chỉ trừ khi trong phiên mã xảy ra đột biến thì quá trình truyền đạt thông tin di truyền đó là sai sót. |
|  | Mã di truyền là gì? Trình bày các đặc điểm của mã di truyền. | **1. Mã di truyền là** mã bộ ba, ba nucleotide liền kề quy định một amino acid. Ví dụ: AGU là một trong số bộ ba quy định amino acid serine (Ser).  Mã di truyền được đọc theo từng bộ ba một, bắt đầu từ bộ ba khởi đầu và không chồng gối lên nhau.  Ví dụ: 5’ AUGGUUGCC3' được đọc theo chiều từ 5’→ 3', lần lượt theo từng bộ ba: AUG-GUU-GCC.  **2. Đặc điểm mã di truyền:**  - Mã di truyền có tính thoái hoá, nhiều bộ ba có thể quy định một amino acid. Ví dụ: alanine (Ala) và nhiều amio acid khác có tới 4 bộ ba khác nhau quy định.  - Mã di truyền có tính đặc hiệu, có nghĩa là mỗi bộ ba chỉ mã hóa cho một amino acid. Ví dụ: UAU chỉ mã hóa cho tyrosine.  - Mã di truyền về cơ bản dùng chung cho mọi sinh vật trên Trái Đất, trừ một số ngoại lệ nên còn được gọi là mã vạn năng. Ví dụ: Trong DNA ti thể của người, UGA mã hóa cho Trp, AUA mã hóa cho Met, AGA và AGG là các bộ ba kết thúc. |
|  | Tại sao tổng hợp protein lại được gọi là quá trình dịch mã? | Vì:  Thông tin di truyền trên gen <trình tự nucleotide = 3 nucleotide = 1 bộ ba>, qua phiên mã → Thông tin trên mRNA <trình tự nucleotide = 3 nucleotide = 1 codon>, *qua dịch mã → Thông tin đó được chuyển từ mã bộ ba <codon> sang amino acid trên polypeptid.*  Theo sơ đồ sau: DNA → mRNA → protein  Hiểu dịch mã = dịch từ mã bộ ba sang dạng khác là các amino acid. |
|  | Một bạn học sinh định nghĩa về gene như sau: "Bất cứ trình tự nucleotide nào mang thông tin chỉ dẫn cho tế bào tạo ra các phân tử RNA đều được gọi là gene". Định nghĩa về gene như vậy là đúng hay sai? Giải thích. | Vì gene là một đơn vị di truyền (đoạn DNA) mang thông tin mã hoá cho chuỗi polypeptide hoặc phân tử RNA.  *Nên bất cứ trình tự nucleotide nào mang thông tin chỉ dẫn cho tế bào tạo ra các phân tử RNA đều được gọi là gene* |
|  | Giả sử một sinh vật nhân sơ có hầu hết các gene thuộc loại phân mảnh thì quá trình truyền đạt thông tin từ gene tới protein sẽ dài hơn hay ngắn hơn so với sinh vật nhân sơ có hầu hết các gene không phân mảnh? Giải thích | Ở sinh vật nhân sơ không có enzyme cắt intron, nên:  + Nếu gen phân mảnh /tế bào nhân sơ → mRNA phân mảnh mà không cắt được intron sẽ không thực hiện tiếp tục dịch mã tổng hợp protein.  + Nếu dịch mã không cần cắt bỏ intron ở vi khuẩn thì diễn ra thời gian cũng dài hơn (vì mRNA còn đoạn intron nên tốn thời gian hơn so với dịch mã không chứa đoạn intron. |
|  | Hiện nay, việc sử dụng tế bào gốc trong y học là một trong những thành tựu có vai trò quan trọng trong điều trị các bệnh di truyền ở người. Tế bào gốc được sử dụng để thay thế cho các tế bào, mô bị tổn thương trong cơ thể bệnh nhân. Bằng cách nào mà tế bào gốc có thể trở thành các loại tế bào khác nhau trong cơ thể? | Các yếu tố môi trường kích hoạt hoặc ức chế sự biểu hiện của các gen cụ thể, điều này dẫn đến sự thay đổi trong chức năng của tế bào → Tế bào gốc có thể trở thành các loại tế bào khác nhau trong cơ thể. |
|  | Trong mỗi tế bào có hàng chục nghìn gene nhưng tại mỗi thời điểm chỉ một số gene hoạt động. Làm thế nào tế bào có thể đóng/mở các gene nhất định đúng thời điểm, tạo ra đúng lượng sản phẩm tế bào cần? | Điều hòa hoạt động của gene giúp tế bào chỉ tổng hợp sản phẩm của gen đúng thời điểm và tạo ra một lượng sản phẩm cần thiết, vừa đủ. Từ đó có thể giúp tối ưu hóa nguyên liệu và năng lượng được sử dụng trong tế bào, không bị lãng phí. Ngoài ra, còn đảm bảo hoạt động sống của tế bào phù hợp với điều kiện sống của môi trường, vòng đời và sự phát triển bình thường của cơ thể. |
|  | Tại sao hai nhà khoa học Jacob và Monod có thể kết luận ba gene lacZ, lacY và lacA cùng nằm trên một phân tử DNA? | Dựa trên sự gia tăng đồng thời của các loại enzyme, hai nhà khoa học nhận thấy các gene lacZ, lacY và lacA được phân bố nằm liền nhau thành cụm trên phần tử DNA (thuộc cùng một đơn vị phiên mã), được điều khiển bởi một vùng promoter và một vùng operator. |
|  | Quan sát các Hình, hãy giải thích cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon lac. | Chú ý:  Gene điều hòa lacI quy định protein ức chế (lacI).  Ba gene cấu trúc:  lacZ quy định enzyme β-galatosidase,  lacY quy định enzyme permease  Gene lacA quy định enzyme transacetylase.  Cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon lac:  - Khi môi trường không có lactose: Protein ức chế (lacI) liên kết với operator (O) làm cho enzyme RNA polymerase không thể liên kết được với promoter (P) nên các gene cấu trúc không được phiên mã.    - Khi môi trường có lactose: Một lượng nhỏ lactose chuyển thành đồng phân của lactose và liên kết với protein ức chế khiến protein này thay đổi cấu hình dẫn đến không liên kết được với operator (O), do vậy enzyme RNA polymerase có thể liên kết với promoter (P) và tiến hành phiên mã các gene cấu trúc. |
|  | Quan sát Hình, hãy:      a. Mô tả cơ chế điều hòa hoạt động của operon Lac khi môi trường không có và có đường lactose.  b. Cho biết điều gì sẽ xảy ra khi đường lactose được sử dụng hết. | a)  - Khi môi trường không có lactose, operon bị ức chế, trong tế bào vi khuẩn chứa rất ít enzyme chuyển hóa đường lactose.  - Khi bổ sung lactose vào môi trường nuôi cấy vi khuẩn, lactose  đóng vai trò là một chất cảm ứng gây bất hoạt protein điều hòa. Lúc này, các gene của operon Lac được biểu hiện dẫn đến số lượng enzyme chuyển hóa đường lactose trong tế bào tăng lên nhanh chóng.  b) Khi lactose hết → protein ức chế sẽ gắn vào vùng vận hành (operator) của operon lac, ngăn cản sự phiên mã của các gen cấu trúc. |
|  | Ở operon Lac của vi khuẩn *E.coli.* Sự tập hợp các gen cấu trúc thành một cụm gen và có chung một cơ chế điều hoà sẽ có ý nghĩa gì? | Operon Lac của *E. coli* có 3 thành phần là vùng khởi động (P), vùng vận hành (O) và các gen cấu trúc Z, Y, A. Sự tập hợp 3 gen cấu trúc Z, Y, A vào một dãy nằm gần nhau và chịu chung một cơ chế điều hoà sẽ có các vai trò:  - Tiết kiệm vật chất di truyền cho vi khuẩn. Tế bào vi khuẩn có kích thước cực nhỏ, nên phân tử DNA vùng nhân có kích thước rất ngắn so với DNA của sinh vật nhân thực. Sự tập trung thành cụm gen và có chung một cơ chế điều hoà sẽ làm giảm số vùng P, giảm số vùng O và giảm số lượng gen điều hoà operon (mỗi operon chỉ cần có một P, một O và một gen điều hoà).  - Tốc độ phiên mã và dịch mã nhanh, đáp ứng được nhu cầu enzyme cho hoạt động trao đổi chất của vi khuẩn. Các gen mang thông tin mã hoá cho các prôtêin có chức năng liên quan với nhau thì được xêp vào một operon. Điêu này sẽ có lợi cho quá trình trao đổi chất của vi khuẩn. Khi một con đường trao đổi chất nào đó diễn ra thì tất cả các gen đó cùng phiên mã và dịch mã để cung cấp prôtêin cho tế bào. |
|  | Các gen ở sinh vật nhân thực có thể được điều hòa biểu hiện như thế nào? | Ở sinh vật nhân thực, sự điều hoà hoạt động gen diễn ra ở rất nhiều cấp độ khác nhau.  a. Điều hòa trước phiên mã (biến đổi chất nhiễm sắc):  - Lặp gen làm tăng số lượng bản sao của gen trong tế bào làm tăng số lượng sản phẩm của gen.  - Các gen ở các vùng chất nhiễm sắc kết đặc cao thường không được phiên mã.  - Axetyl hóa histon có xu hướng làm nới lỏng chất nhiễm sắc, do vậy làm tăng cường phiên mã.  - Methyl hóa bazơ nitơ của DNA thường làm giảm phiên mã.  b. Điều hòa phiên mã:  - Điều hòa ở bước khởi đầu phiên mã: Các yếu tố phiên mã liên kết vào các trình tự điều khiển trên DNA làm cho DNA bị bẻ cong, tạo điều kiện cho các yếu tố hoạt hóa tương tác được với các prôtêin tại promoter và khởi đầu phiên mã.  - Điều hòa phối hợp: Enhancer của các gen đặc trưng làm tăng cường phiên mã.  c. Điều hòa sau phiên mã (hoàn thiện RNA): cắt các intron và nối các exon.  d. Điều hòa dịch mã: Sự khởi đầu dịch mã có thể được điều khiển bởi hoạt động điều hòa của các yếu tố (prôtêin) khởi đầu dịch mã.  e. Điều hòa sau dịch mã (hoàn thiện prôtêin và phân giải prôtêin). |
|  | Ởsinh vật nhân thực, làm thế nào tế bào có thể mở nhiều gen khác nhau cùng một lúc? | - Các gen này phân bố gần nhau trên cùng một vùng nhiễm sắc thể và được đóng mở đồng thời nhờ cơ chế co xoắn và giãn xoắn của nhiễm sắc thế.  - Một số gen có thế dùng chung một promoter.  - Các gen được phiên mã đồng thời có thể nằm rải rác trong hệ gen nhưng trình tự điều hòa của chúng có thể liên kết được với cùng một loại yếu tố phiên mã do vậy chúng có thể được phiên mã đồng thời. Ví dụ hoocmôn được tiết vào trong máu đi đến các tế bào khác nhau và liên kết với cùng loại thụ thể tạo nên phức hợp hoocmôn thụ thể tác động như yếu tố phiên mã mở các gen có các trình tự điều hòa giống nhau |
|  | Tại sao khi tăng nồng độ lactose trong môi trường nuôi cấy vi khuẩn E. coli, nồng độ các protein và enzyme phân giải đường này cũng tăng và ngược lại?  Thí nghiệm của Jacques Monod. Franẹois Jacob và cộng sự sau: “Thí nghiệm nuôi cấy vi khuẩn E. Coli trong môi trường không có lactose cho thấy nồng độ permease (protein vận chuyển ở màng) và β-galactosidase (enzyme phân giải lactose) trong tế bào rất thấp. Tuy nhiên, nếu bổ sung lactose vào môi trường nuôi vi khuẩn, nồng độ các enzyme này tăng lên 1 000 lần | Khi tăng nồng độ lactose trong môi trường nuôi cấy vi khuẩn E.coli, nồng độ các protein và enzyme phân giải đường này cũng tăng và ngược lại vì **một tín hiệu từ môi trường đã gây nên biểu hiện đồng thời nhiều gene** mã hóa các enzyme tham gia chuyển hóa lactose.  Khi có lactose thì lactose sẽ phân giải yếu tố (tín hiệu) gây mất biểu hiện của những gene mã hóa permease (protein vận chuyển ở màng) và β-galactosidase.  Khi không có lactose thì lactose sẽ không phân giải yếu tố (tín hiệu) gây mất biểu hiện của những gene mã hóa permease (protein vận chuyển ở màng) và β-galactosidase. Dẫn đến yếu tố (tín hiệu) này kiềm hãm hoạt động của những gene mã hóa permease (protein vận chuyển ở màng) và β-galactosidase. |
|  | Quan sát hình và dự đoán gene điều hoà chi phối sự phiên mã các gene cấu trúc của operon lac bằng cách nào? | Gen điều hòa (R): thực chất, gen điều hòa (R) có promoter riêng và không nằm trong cấu trúc Operon nhưng nó có chức năng quy định tổng hợp nên protein ức chế. Protein ức chế này có vai trò nhận biết và liên kết với vùng vận hành (O) và ngăn cản quá trình phiên mã xảy ra. |
|  | Trong cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon Lac, tại sao lactose được xem là chất giúp cho gene được biểu hiện? | Trong cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon Lac, lactose được xem là chất giúp cho gen được biểu hiện vì Lactose là chất cảm ứng:  - Chất cảm ứng là một phân tử nhỏ có khả năng liên kết với protein ức chế (repressor) và làm thay đổi cấu trúc của protein này.  - Khi protein ức chế bị thay đổi cấu trúc, nó sẽ không thể gắn vào vùng vận hành (operator) của operon Lac, do đó cho phép ARN polymerase liên kết và khởi đầu quá trình phiên mã. |
|  | Nêu ý nghĩa điều hòa hoạt động đồng thời nhiều gene cùng lúc kiểu operon lac. | Ý nghĩa: Tạo ra sản phẩm các gen nhanh chóng, các sản phẩm gen này thường liên quan đến nhau về chức năng nên cùng lúc tế bào cần lượng tương đương.  VD: Operon Lac ở E.coli tạo ra các protein chuyển hóa lactozo, các gen rARN (ở cả nhân sơ và nhân thực) được tạo ra lượng lớn, đồng thời mới có thể đáp ứng được yêu cầu của TB. |
|  | Nếu môi trường nuôi cấy vi khuẩn E. coli không có lactose nhưng operon lac vẫn hoạt động thì có thể dự đoán vi khuẩn bị hỏng ở bộ phận nào của operon lac? Giải thích. | Nếu môi trường nuôi cấy vi khuẩn E.coli không có lactose nhưng operon lac vẫn hoạt động thì có thể dự đoán vi khuẩn bị hỏng vùng vận hành operator hoặc có thể gene điều hòa LacI bị đột biến làm cho proten ức chế mất chức năng bình thường. |
|  | Dựa vào cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon Lac, hãy cho biết ý nghĩa của điều hòa biểu hiện gene đối với quá trình trao đổi chất ở sinh vât. | - Điều hòa biểu hiện gene ở vi khuẩn giúp chúng có khả năng tự điều chỉnh quá trình trao đổi chất trong tế bào, chỉ có những sản phẩm cần thiết cho hoạt động sống của tế bào mới được tạo ra với hàm lượng phù hợp. Nhờ đó, vi khuẩn có thể đáp ứng với những thay đổi của môi trường.  Ví dụ: Khi môi trường có tryptophan, vi khuẩn E. coli sẽ ngưng sản xuất các enzyme xúc tác cho quá trình tổng hợp tryptophan.  - Ở sinh vật đa bào, các tế bào tuy có hệ gene giống nhau nhưng mỗi tế bào chỉ tổng hợp các protein đặc trưng quy định cấu trúc và chức năng cho từng loại tế bào. Kết quả của quá trình điều hòa biểu hiện gene giúp mỗi tế bào đi vào con đường biệt hóa đặc trưng hình thành nên các mô, cơ quan và hệ cơ quan chuyên hóa, cuối cùng hình thành cơ thể hoàn chỉnh. |
|  | Quan sát    Hãy cho biết sự điều hòa biểu hiện gene có ý nghĩa như thế nào đối với sự phát triển cá thể ở sinh vật đa bào. | Sự điều hòa biểu hiện gen có ý nghĩa: hình thành các tế bào chuyên hóa các chức năng khác nhau cho cơ thể.  Sinh vật đa bào trải qua quá trình phát triển cá thể gồm nhiều giai đoạn phức tạp nối tiếp nhau, ở mỗi giai đoạn cần có sự biểu hiện hoặc không biểu hiện của các gene nhất định đảm bảo cho sự phát triển bình thường của cơ thể. Ví dụ: Ở người, gene tham gia quy định hình thái của cơ thể chỉ biểu hiện ở giai đoạn phôi, sau đó dừng hẳn; trong quá trình biến thái ở bướm, các gene biểu hiện khác nhau ở giai đoạn sâu bướm và bướm trưởng thành |
|  | Nếu cơ chế điều hòa biểu hiện gene bị rối loạn sẽ ảnh hưởng như thế nào đến sự phát triển ở sinh vật đa bào? | Rối loạn cơ chế điều hòa biểu hiện gen có thể ảnh hưởng đến sự phát triển ở sinh vật đa bào theo nhiều cách khác nhau. Các rối loạn này có thể:  + Gây ra các bệnh di truyền: di tật, rối loại chuyển hóa,...  + Rối loạn phát triển, rối loại chuyển hóa,...  + Ung thư và các bệnh khác. |
|  | Cho biết vai trò của một số ứng dụng điều hoà biểu hiện gene trong Bảng 3.2. Kể thêm ví dụ về ứng dung điều hòa biểu hiện gene. | Y - dược học:  Sản xuất các loại thuốc chữa các bệnh nguy hiểm ở người thông qua ức chế hoạt dộng hoặc sản phẩm của gene. Ví dụ: Sử dụng kháng thể đơn dòng tái tổ hợp trastuzumab có tác dụng liên kết vớỉ thụ thể HER2 nhằm ức chế sự biểu hiện quá mức của tế bào ung thư  Nông nghiệp  Đỉều khiển sự đóng hoặc mở của các gene trong quá trình sinh trưởng và phát triển ở sinh vật nhờ sử dụng hormone nhân tạo. Ví dụ: Xử lí cá rõ phỉ bằng hormone 17-α methyltestosterone ở giai đoạn cá bột, cá sẽ có biểu hiện kiểu hình là con đực.  Công nghệ sinh học  Điều khiển quá trình phân chia và phân hoá của tế bào trong nuôi cấy mô tế bào thực vật thông qua việc sử dụng các loại hormone sinh trưởng với tỉ lệ thích hợp. Ví dụ: Sử dụng phối hợp hai loại hormone auxin và cytokinin vớỉ tỉ lệ thích hợp để điều khiển sự phân hoá của mô sẹo.  Nghiên cứu di truyền  Nuôi cấy tế bào gốc trong môi trường chứa các chất điều hòa biểu hiện các gene khác nhau để điều khiển quá trình biệt hoá của tế bào gốc thành tế bào mong muốn. Ví dụ: Mô hình hoá bệnh di truyền dựa vào biệt hoá tế bào gốc đa năng cảm ứng ở người (Human induced pluripotent stem cell - hỉPSC) phục vụ nghiên cứu cơ chế gây bệnh ở mức độ phân tử (Hình 3.6). |
|  | Hãy nêu các ứng dụng thực tế liên quan đến cơ chế điều hoà biểu hiện gene trong kiểm soát mật độ tế bào ở vi khuẩn hoặc tăng hiệu quả sản xuất protein tái tổ hợp. | Điều hoà biểu hiện các protein cần cho sự phân bào là một hướng ứng dụng để kiểm soát tốc độ phân chia tế bào. điều hoà hoạt tính enzyme, từ đó ức chế vi khuẩn gây hại hoặc kích thích sự sinh trưởng của vi khuẩn có lợi.  VD: Vi khuẩn Streptococcus mutans gây bệnh sâu răng ở người có khả năng tạo màng sinh học (hình thành mảng bám răng). Vi khuẩn này có khả năng tạo màng sinh học nhờ cơ chế điều hoà biểu hiện gene cảm ứng mật độ tế bào. Vì vậy. nghiên cứu xác định các chất là phân tử tín hiệu ảnh hưởng tới sự điều hoà cảm ứng mật độ ở vi khuẩn giúp phát triển thuốc điều trị bệnh do vi khuẩn này gây nên. Ví dụ: 3,3'-diindolylmethane (DIM) được xác định là có khả năng ức chế hình thành màng sinh học ở vi khuẩn s. mutans)    Dựa trên hiểu biết về điều hoà biểu hiện gene, có thể chủ động điều chính sự biểu hiện gene ở cây trồng và sản xuất protein tái tổ hợp. Các kĩ thuật chuyển vector mang trình tự điều hoà (tăng cường hoặc tắt biểu hiện gene) vào tế bào nhận, từ đỏ điều chỉnh lượng sản phẩm của gene đích.  Ví dụ: Để cải tiến khả năng chịu hạn của lúa Oryza sativa, các nhà khoa học Việt Nam đã thiết kế vector chuyển gene mã hoá protein điều hoà và promoter vào giống lúa Chành Trụi giúp tăng cường biểu hiện các gene liên quan với đáp ứng hạn ở cây lúa chuyển gene. Kết quả nghiên cứu cho thấy cây chuyển gene có khả năng chịu hạn tốt hơn so với cây đối chứng không chuyển gene.  Điều hoà biểu hiện gene được ứng dụng để cải tiến hiệu quả sản xuất protein tái tổ hợp. Để thực hiện điều đó. điều hoà biểu hiện gene theo các hướng: tạo vector tái tổ hợp mang các vùng điều hoà được biến đổi để tăng cường phiên mã, dịch mã; tổng hợp lại gene chứa các bộ ba mã hoá được dịch mã hiệu quả trong tế bào nhận; chuyển gene mã hoá tRNA vận chuyển amino acid phù hợp tế bào nhận.  Ví dụ: Để sản xuất vaccine uống, người ta chuyển gene mã hoá kháng thể hoặc kháng nguyên của tác nhân gây bệnh vào vi khuẩn Streptoccocus gordonii. |
|  | Ở người, gene BRCA mã hoá cho các protein có vai trò ngăn cản sự phân chia bất thường của các tế bào tuyến vú và buồng trứng. Nếu sự biểu hiện của gene này bị rối loạn sẽ gây nên hậu quả gì? Giải thích. | Gene BRCA mã hóa cho các protein BRCA1 và BRCA2, đóng vai trò quan trọng trong việc sửa chữa DNA và ngăn ngừa sự phát triển của các tế bào ung thư.  Khi biểu hiện của gene BRCA bị rối loạn, có thể dẫn đến:  - Giảm khả năng sửa chữa DNA: Khi DNA bị tổn thương, các tế bào có thể bị đột biến và phát triển thành ung thư.  - Mất kiểm soát sự phân chia tế bào: Các tế bào có thể phân chia bất thường, dẫn đến hình thành khối u.  → Do đó, người có rối loạn biểu hiện gene BRCA có nguy cơ mắc ung thư cao hơn, đặc biệt là ung thư vú và ung thư buồng trứng. |
|  | Các nhà khoa học nhận thấy loài vi khuẩn Streptococcus pneumoniae khi gặp môi trường bất lợi (có thuốc kháng sinh) thì một trong số các gene được kích hoạt là gene CSP, sản sinh ra protein CSP. Protein này làm cho tế bào dễ dàng nhận được các gene từ môi trường bên ngoài. Các nhà khoa học cho rằng gene CSP hoạt động khi môi trường có thuốc kháng sinh làm cho vi khuẩn nhanh chóng trở nên kháng thuốc kháng sinh. Hãy giải thích. | Các nhà khoa học nhận thấy loài Streptococcus pneumoniae khi gặp môi trường bất lợi (có thuốc kháng sinh) thì một trong số các gene được kích hoạt là gene CSP, sản sinh ra protein CSP.  Gene CSP sản sinh ra protein CSP. Protein này làm cho tế bào dễ dàng nhận được các gene từ môi trường bên ngoài → gene CSP hoạt động khi môi trường có thuốc kháng sinh làm cho vi khuẩn nhanh chóng trở nên kháng thuốc kháng sinh. |
|  | Tại sao các thuốc có đích tác động là cơ chế cảm ứng mật độ có nhiều triển vọng ứng dụng trong điều trị bệnh do vi khuẩn kháng kháng sinh? | Vì vi khuẩn kháng kháng sinh có mật độ lớn do tốc độ sinh trường và sinh sản nhanh nên các thuốc có đích tác động là cơ chế cảm ứng mật độ có nhiều triển vọng ứng dụng trong điều trị bệnh do vi khuẩn kháng kháng sinh. |
|  |  |  |
|  | 1. Một loài ruồi có tỉ lệ các nucleotit trong AND như sau: 27,3% A, 27,6%T, 22,5% G, và 22,5%C. Nguyên tắc Chargaff được chứng minh bởi các số liệu trên như thế nào?  2. Mô hình của Watson và Crick giúp giải thích nguyên tắc Chargaff như thế nào?  3. Điều gì nếu? Nếu biến nạp không xảy ra trong thí nghiệm của Griffith, thì kết quả thí nghiệm sẽ có thể khác biệt như thế nào? Giải thích. | **1**. Nguyên tắc Chargaff phát biểu rằng: trong phân tử And, tỉ lệ A=T và G=X; số liệu thu thập ở ruồi phù hợp với nguyên tắc này (sai lệch nhỏ là do giới hạn về khả năng kĩ thuật phân tích)  **2**. Trong mô hình Watson-Crick, mỗi một A liên kết hidro với 1 T, vì vậy, trong phân tử And sợi kép, số lượng của chúng là tương đương, điều tương tự cũng xảy ra giữa T và C.  **3**. Nếu hiện tượng biến nạp không xảy ra thì chuột được tiêm với hỗn hợp tế bào S đã chết do đun nóng và tế bào R còn sống sẽ sống sót bởi không có loại tế bào nào giết chế chuột. |
|  | 1. Nguyên tắc kết cặp bổ sung của các bazo nitrogen có vai trò thế nào trong sao chép AND?  2. Nêu hai chức năng chính của AND polimeraza III trong sao chép AND?  3. Điều gì nếu? Nếu AND polimeraza I bị mất chức năng, thì sự sao chép mạch dẫn đầu sẽ bị ảnh hưởng như thế nào? Trong “bóng sao chép tổng quát” ở hình 16.17, xác định vị trí hoạt động của DN polimeraza I trên mạch dẫn đầu. | 1. Nguyên tắc kết cặp bổ sung giữa các base đảm bảo cho 2 phân tử And con là bản sao chính xác của phân tử ADN tiền thân. Khi hai mặt của phân tử ADN tiền thân tách nhau ra, mỗi mạch sẽ làm khuôn để sắp xếp trật tự của các nucleotit trong các cặp base từ đó hình thành nên các mặt DNA bổ sung mới.  2. Enzim DNA-polomeraza III bổ sung liên kết cộng hóa trị giữa các nucleotit vào mạch DNA mới đang tổng hợp và đọc sừa mỗi nucleotit bổ sung để đảm bảo sự kết cặp giữa các base.  3. Việc tổng hợp mạch dẫn đầu được khời đầu bằng một đoạn mồi ARN vốn sau đó được loại bỏ và thay bằng một đoạn DNA, điều này sẽ không xảy ra nếu DNA- polimeraza I không biểu hiện chức năng, tại gốc trái của chạc sao chép enzim DNA-poli I sẽ thay thế các đoạn mồi trên mạch dẫn đầu bằng các nucleotit DNA. |
|  | 1. Hãy mô tả cấu trúc nucleosome, đơn vị đóng gói AND cơ bản ở tế bào sinh vật nhân thực.  2. Hai thuộc tính giúp phân biệt dị nhiễm sắc và nguyên nhiễm sắc là gì?  3. Điều gì nếu? Mặc dù các protein giúp nhiễm sắc thể ở E.coli xoắn lại không phải là histon, nhưng theo bạn thuộc tính nào giống với histon mà các protein này cần phải có, xét về khả năng liên kết AND? | 1. Mỗi nucleoxom được cấu tạo từ 8 phân tử protein histon, gồm 4 loại trong đó mỗi loại gồm 2 tiểu phần được bao quanh bởi DNA. DNA nối lại đoạn DNA giữa 2 nucleoxom.  2. Nguyên nhiễm sắc là phần chất nhiễm sắc giải kết đặc trong kì trung gian, nhờ vậy bộ máy biểu hiện gen của tế bào có thể tiếp cận được. Ngược lại, dị nhiễm sắc luôn duy trì trạng thái kết đặc trong kì trung gian và chứa các các gen mà bộ máy biểu hiện gen của tế bào không tiếp cận được.  3. Giống với các histon, các protein của E.coli được cho là chứa nhiều axit amin có tính base (tích điện dương) như lysin và agrinin, vì vậy, chúng hình thành các liên kết yếu với các nhóm phosphat tích điện âm trên khung đường phosphat của phân tử ADN. |
|  | 1. Bạn mong đợi một chuỗi polipeptit do một đoạn mARN dài 30 nucleotit G (poli-G) mã hóa như thế nào?  2. Điều gì nếu? Giả sử mạch không làm khuôn ở câu 2 được dùng để phiên mã thay cho mạch làm khuôn bình thường. Hãy vẽ trình tự mARN và các amino axit trên chuối polipeptit được dịch mã vào hình 17.5 (lưu ý các đầu 3’ và 5’). Dự đoán protein được tạo ra từ mạch không làm khuôn sẽ biểu hiện các chức năng như thế nào so với protein thông thường | 1.Chuỗi polipeptit gồm 10 axit amin glyxin.  2. mạch làm khuôn: 3’-TTXAGTXGT-5’  Mạch không làm khuôn: 5’-AAGTXAGXA-3’  Trình tự mARN: 5’-AAGUXAGXA-3’  Mạch không làm khuôn và mARN có trình tự bazo giống nhau. Chỉ có T trên And được thau bằng U trên ARN.  3. “Mạch làm khuôn” (từ trình tự không làm khuôn trong câu hỏi được viết lại theo chiều 3’-5’). 3’- AXGAXTGAA-5’  Trình tự mARN 5’UGXUGAXUU-3’  Trình tự được dịch mã Cys-STOP-Leu  (Lưu ý là trình tự mARN đối song song với mạch DNA làm khuôn) Phân tử protein được dịch mã từ trình tự không làm khuôn sẽ có trình tự axit amin khác biệt hoàn toàn và vì vậy chắc chắn mất chức năng. |
|  | 1. Bạn mong đợi một chuỗi polipeptit do một đoạn mARN dài 30 nucleotit G (poli-G) mã hóa như thế nào?  2. Điều gì nếu? Giả sử mạch không làm khuôn ở câu 2 được dùng để phiên mã thay cho mạch làm khuôn bình thường. Hãy vẽ trình tự mARN và các amino axit trên chuối polipeptit được dịch mã vào hình 17.5 (lưu ý các đầu 3’ và 5’). Dự đoán protein được tạo ra từ mạch không làm khuôn sẽ biểu hiện các chức năng như thế nào so với protein thông thường | 1. Cả hai enzym đều lắp ráp các chuỗi acid nucleic từ các đơn phân nucleotide bằng sử dụng một mạch khuôn AND để sắp xếp trật tự các nucleotide mới dựa trên nguyên tắc kết cặp bổ sung giữa các bazo. Cả hai đều xúc tác phản ứng theo chiều 5’ – 3’, đối song song với mạch làm khuôn. AND polymerase cần đoạn mồi, còn ARN polymerase có thể khởi đầu tổng hợp một chuỗi nucleotid từ một điểm xuất phát. AND polymerase sử dụng các nucleotide chứa thành phần đường deoxy ribose va bazo T, còn ARN polymeraza sử dụng các nucleotide chứa thành phần đường ribose và bazo U.  2. Promoter (trình tự khởi đầu phiên mã) là vùng trên ADN ở đó ARN polymeraza đính kết vào và bắt đầu phiên mã; nó thường ở đầu ngược dòng của gen ( hoặc một đơn vị phiên mã).  3. Trong tế bào vi khuẩn, ARN polymeraza nhận ra promoter của gen và dính kết vào. Trong các tế bào sinh vật nhân thực, các yếu tố phiên mã điều hòa sự đính kết của ARN polymeraza vào promoter của gen.  4. Yếu tố phiên mã sẽ không nhận ra hộp TATA và mất khả năng đính kết, vì vậy ARN polymeraza không dính kết được vào promoter và sự phiên mã gen có thể không xảy ra. |
|  | 1. Sự biến đổi ở các đầu 5’ và 3’ của tiền mARN ảnh hưởng như thế nào đến phân tử mARN rời khỏi nhân tế bào?  2. Tại sao nói cắt nối ARN giống với biên tập video?  3. Điều gì nếu? Ở giun tròn, một gen mã hóa cho ATPaza có hai kiểu cắt nối ARN thay thế ở exon 4 và ba kiểu cắt nối ARN thay thế ở exon 7. Có bao nhiêu dạng protein mà gen này có thể tạo ra? | 1. Mũ đầu 5’ và đuôi polyA thúc đẩy vận chuyển phân tử mARN khỏi nhân, bảo vệ phân tử mARN khỏi bị biến tính bởi các enzym thủy phân và thúc đẩy sự đính kết của ribosome vào mARN.  2. Khi biên tập video, các đoạn phim có thể được cắt ra và loại bỏ ( giống như các exon) mà các vùng nối thường không dễ nhận ra.  3. Có 6 dạng ghép nối tương ứng với 6 loại protein có thể được tạo ra từ cùng gen đó ( 2 khả năng về exon 4 x 3 khả năng về exon 7). |
|  | 1. Hai quá trình nào đảm bảo cho việc bổ sung đúng một amino axit vào chuỗi polipeptit đang kéo dài?  2. Nêu tính ưu việt của sự hình thành cấu trúc poliriboxom trong quá trình dịch mã đối với tế bào?  3. Mô tả bằng cách nào một chuổi polipeptit xuất bào có thể được vận chuyển tới hệ thống nội bào  4. Điều gì nếu? Thảo luận bằng cách nào các đặc điểm cấu trúc của rARN có thể tham gia thực hiện chức năng của riboxom | 1. Đầu tiên, mỗi một enzym aminoacyl –tARN synthetaza chỉ nhận biết đặc thù một loại amino acid duy nhất và gắn kết nó vào một tARN phù hợp. Thứ hai, một loại tARN sau khi đã được nạp amino acid đúng sẽ chỉ liên kết vào một bộ ba (codon) trên mARN tương ứng với amino acid đó.  2. Cấu trúc kiểu polyribosome cho phép tế bào nhanh chóng tạo ra đồng thời nhiều “ bản sao” của một loại chuỗi polypeptide.  3. Đoạn peptide tín hiệu ở phần đầu của chuỗi polypeptide đang được tổng hợp được hạt nhận biết tín hiệu (SRP) nhận ra, qua đó chúng mang ribosome tới lưới nội chất.  4. Cấu trúc và chức năng của ribosome dường như phụ thuộc vào các rARN nhiều hơn vào các protein của ribosome. Do có cấu trúc mạch đơn, một phân tử ARN có thể liên kết hydrogen với chính nó hoặc với các phân tử ARN khác. Các phân tử ARN tạo ra bề mặt tiếp giáp giữa hai tiểu phần ribosome; vì vậy, có thể giả thiết chính liên kết ARN- ARN đã giữ các tiểu phần ribosome với nhau. Việc đính kết vào mARN của ribosome bao gồm cả khả năng liên kết giữa rARN với mARN. ( Đây là điều xảy ra trong thực tế). Ngoài ra, liên kết bổ sung trong nội phân tử ARN giúp duy trì cấu hình không gian của ARN và các nhóm chức dọc phân tử của nó; điều này có thể cho phép rRNA xúc tác phản ứng hình thành liên kết peptide trong quá trình dịch mã |
|  | 1. Điều gì có xu hướng xảy ra nếu như một cặp nucleotit ở giữa vùng mã hóa của gen bị mất  2. Điều gì nếu? Một gen mà mạch khuôn của nó mang trình tự: 3’ – TAC- TTG- TCC- GAT-ATC-5’ bị đột biến thành 3’-TAC-TTG-TCC-AAT-ATC-5’. Đối với cả hai gen bình thường và đột biến, hãy viết trình tự của cả hai mạch, trình tự của mARN, và trình tự amino axit mà chúng mã hóa. Đột biến này gây nên ảnh hưởng gì đối với trình tự amino axit | 1. Trên phân tử mARN, khung đọc xuôi dòng gen từ điểm nucleotide bị mất bị dịch chuyển ( đột biến dịch khung), dẫn đến sự hình thành một chuỗi polypeptide chứa thành phần và trình tự không đúng của các amino acid; trong phần lớn trường hợp, một bộ ba kết thúc ( stop codon) sẽ xuất hiện sớm dần đến sự kết thúc dịch mã sớm. Chuỗi polypeptide hình thành nhiều khả năng mất chức năng.  2.  Trình tự AND bình thường  ( mạch khuôn): 3’ – TACTTGTCCGATATC- 5’  5’ – ATGAACAGGCTATAG- 3’  Trình tự mARN: 5’ – AUGAACAGGCUAUAG- 3’  Trình tự amino acid: Met –Asn –Arg – Leu – STOP    Trình tự AND đột biến 3’ – TACTTGTCCAATATC- 5’  ( mạch khuôn ở trên) 5’ – ATGAACAGGTTATAG- 3’  Trình tự mARN: 5’ – AUGAACAGGUUAUAG- 3’  Trình tự amino acid: Met –Asn –Arg – Leu – STOP  Trong cả hai trường hợp, trình tự amino acid đều là Met –Asn- Arg –Leu vì các mã bộ ba trên phân tử mARN trước và sau đột biến là 5’- CUA- 3’ và 5’ – UUA- 3’ đều mã hóa cho Leu (Codon thứ 5 là một codon kết thúc). |
|  | 1. Sự phiên mã và dịch mã đồng thời được vẽ trên hình 17.24 có ở sinh vật nhân thực không? Giải thích.  2. Điều gì nếu? Ở sinh vật nhân thực, mARN khi dịch mã được giữ ở dạng vòng tròn do tương tác giữa đuôi poliA ở đầu 3’ với mũ đầu 5’ qua protein. Điều này giúp tăng hiệu quả dịch mã như thế nào? | 1. Không. Ở sinh vật nhân thực, phiên mã và dịch mã tách biệt nhau về không gian và thời gian, do có sự ngăn cách của nhân với phần còn lại của tế bào.  2. Khi ribosome kết thúc dịch mã và hai tiểu phần của nó tách ly khỏi nhau thì chúng sẽ gần phần mũ đầu 5’ của mRNA. Điều này tạo điều kiện thuận lợi cho việc tái kết hợp của các tiểu phần ribosome và thúc đẩy sử khởi đầu dịch mã một chuỗi polypeptide mới; nhờ vậy, hiệu quả dịch mã một chuỗi polypeptide mới; nhờ vậy, hiệu quả dịch mã chung tăng lên. |
|  | 1. Sự liên kết của các đồng ức chế tritophan và chất cảm ứng lac vào protein ức chế tương ứng của chúng làm thay đổi chức năng của protein ức chế và sự phiên mã của mỗi đoạn operon này như thế nào?  2. Nếu một đột biến làm thay đổi trình tự Operator của Operon-Lac dẫn đến việc ức chế mất khả năng liên kết vào đó, thì sự tổng hợp ß-Galactosidase của tế bào bị ảnh hưởng như thế nào?  3. Điều gì nếu? Hãy mô tả sự liên kết giữa ARN polimeraza, chất ức chế, và chất hoạt hóa vào Operon-Lac khi trong môi trường không có cả glucozo và lactozo. Lúc đó, sự phiên mã của Operon- Lac bị ảnh hưởng như thế nào? Sự phiên mã của các gen khác ngoài Operon-Lac có thể được điều hòa như thế nào nếu như có một loại đường khác? | 1. Sự liên kết của chất đồng kiềm chế trp ( amino acid trytophan) lam hoạt hóa chất ức chế trp, qua đó làm tắt sự phiên mã của operon trp; trong khi đó, sự liên kết của chất cảm ứng lac (allolactozo) làm bất hoạt chất ức chế lac, dẫn đến sự phiên mã operon lac.  2. Tế bào sẽ tổng hợp liên tục Beta- Galactosidase cùng hai enzym khác liên quan đến quá trình sử dụng lactozo ngay cả khi môi trường không có lactozo; do vậy, làm lãng phí tài nguyên của tế bào  3. Khi glucozo trở nên hiếm, cAMP sẽ đính kết vào CAP và lúc này CAP sẽ liên kết vào promoter, tạo điều kiện thuận lợi cho sự liên kết vào promoter của enzym ARN polymeraza. Tuy vậy, vì không có lactozo, nên chất ức chế sẽ liên kết vào operator, ngăn cản ARN polymeraza liên kết vào promoter của enzym ARN polymeraza. Tuy vậy, vì không có lactozo, nên chất ức chế sẽ liên kết vào operator, ngăn cản ARN polymeraza liên kết vào promoter, nên các gen của operon không được phiên mã. Nếu có một loại đường khác và các gen mã hóa cho các enzym phân giải loại đường này cũng được tổ chức kiểu operon và được điều hòa giống với operon lac, thì chúng ta có thể mong đợi hoạt động phiên mã mạnh của những gen đó. |
|  | 1. Nhìn chung, sự axetyl hóa histon và methyl hóa AND có ảnh hưởng thế nào đến sự biểu hiện của gen?  2. So sánh vai trò của các yếu tố phiên mã chung và các yếu tố phiên mã đặc thù trong điều hòa biểu hiện của gen  3. Giả sử bạn tiến hành so sánh các trình tự nucleotit của các trình tự điều khiển xa thuộc các enhancer của ba gen vốn chỉ được biểu hiện ở tế bào cơ. Bạn mong đợi điều gì? Tại sao?  4. Khi mARN mã hóa cho hai protein nhất định đi tới tế bào chất thì bốn cơ chế nào có thể điều hòa lượng protein có hoạt tính này trong tế bào  5. Điều gì nếu? Xem kiểu hình 18.10 và hãy chỉ ra một cơ chế nhờ nó protein hoạt hóa màu vàng xuất hiện trong tế bào gan, nhưng không có ở tế bào thủy tinh thể? | 1. Sự acetyl hóa histone thường gắn liền với sự biểu hiện của gen, trong khi sự methyl hóa AND thường gắn liền với việc gen không được biểu hiện.  2. Các yếu tố phiên mã chung là thành phần tổ hợp nên các phức hệ khởi đầu phiên mã tại promoter của tất cả các gene. Các yếu tố phiên mã đặc thù liên kết vào các trình tự điều khiển liên quan đến những gene đặc thù, và một khi ở trạng thái liên kết, chúng hoặc làm tăng (các yếu tố hoạt hóa ) hoặc làm giảm (các chất ức chế) sự phiên mã của gene đó.  3. Ba gene đó có nhiều khả năng sẽ có các trình tự nuleotit thuộc các yếu tố điều khiển của các enhancer của giống nhau hoặc giống hệt nhau . Bởi vì, nhờ sự giống nhau này, các yếu tố phiên mã đặc thù mới có thể đồng thời liên kết được với các enhancer của cả 3 gene và thúc đẩy sự phiên mã của chúng một cách hài hòa.  4. Sự phân hủy của mARN, điều hòa dịch mã , hoạt hóa protein (chẳng hạn bởi các biến đổi hóa học) và phân hủy protein  5. Sự biểu hiện của gene mã hóa yếu tố hoạt hóa màu vàng (kí hiệu YA) hẳn phải được điều hòa ở một trong các bước vẽ trên hình 18.6. Gene YA chỉ được phiên mã ở các tế bào gan bởi vì các yếu tố hoạt hóa thiết yếu tương tác với các enhancer của gene này chỉ có ở các tế bào gan |
|  | 1. Hãy so sánh và nêu bật các điểm khác biệt giữa miARN.  2. Điều gì nếu? Hãy tưởng tượng rằng mARN đang bị phân giải ở hình 18.13 mã hóa cho một protein thúc đẩy sự phân chia tế bào ở một sinh vật đa bào. Điều gì sẽ xảy ra đối với cả tế bào và cơ thể nếu một đột biến làm mất đoạn gen mã hóa cho miARN kích hoạt quá trình phân giải mARN này. | **1**.Cả miRNA và siRNA đều là các phân tử RNA mạch đơn, kích thước nhỏ liên kết với một phức hệ protein, rồi sau đó có thể bắt cặp với các phân tử m RNA có trình tự bổ sung với chúng. Sự bắt cặp các bazo như vậy hoặc dẫn đến sự phân giải mRNA hoặc ngăn cản sự dịch mã. Một số siRNA, khi kết hợp với một số loại protein khác, có thể liên kết trở lại với chất nhiễm sắc ở một số vùng nhất định, làm thay đổi chất nhiễm sắc và ảnh hưởng đến sự phiên mã của gene. Cả miRNA và siRNA đều được tạo ra từ các phân tử RNA tiền thân sợi kép nhờ enzim xén Dicer. Tuy vậy, miRNA được giải hóa bởi các gen trong hệ gene tế bào. Ngược lại, siRNA bắt nguồn từ các chuỗi RNA sợi kép dài hoặc được tiếp nạp nhân tạo nhờ virut. Trong một số trường hợp,một gene trong tế bào mã hóa cho một mạch RNA của phân tử tiền thân, còn mạch RNA bổ sung còn lại được tổng hợp bởi enzim.  **2.** Phân tử mARN tồn tại lâu và được dịch mã thành protein thúc đẩy phân chia tế bào, làm tế bào phân chia. Nếu miARN nguyên vẹn là thiết yếu để kiềm hãm sự phân chia tế bào, thì sự phân chia tế bào lúc này trở nên thích hợp. Sự phân chia tế bào không kiểm soát dẫn đến sự hình thành một đám tế bào (khối u) và ngăn cản sự biểu hiện chức năng bình thường của cơ thể. |
|  | 1. Như đã được đề cập ở chương 12, nguyên phân dẫn đến sự hình thành hai tế bào con có vật chất di truyền giống hệt nhau và giống với tế bào mẹ ban đầu. Vậy, theo bạn tại sao sản phẩm của nhiều lần nguyên phân liên tiếp lại không phải là những tế bào giống hệt nhau?  2. Các phân tử tín hiệu được giải phóng từ một tế bào phôi có thể kích hoạt sự biến đổi một tế bào lân cận mà không nhất thiết phải xâm nhập vào tế bào đó. Điều đó xảy ra như thế nào?  3. Tại sao các gen bị tác động bởi mẹ ở ruồi quả còn được gọi là các gen phân cực trứng?  4. Điều gì nếu? Trên hình 18.15b, các tế bào ở phía dưới đang tổng hợp các phân tử tín hiệu, trong khi các tế bào phía trên đang biểu hiện các thụ thể tiếp nhận tín hiệu. Theo quan điểm điều hòa biểu hiện gen, hãy giải thích tại sao những tế bào này khác nhau về chức năng. | **1**. Trong quá trình phát triển phôi, các tế bào trải qua quá trình biệt hóa và trở nên khác nhau ; ở cơ thể trưởng thành, có nhiều loại tế bào chuyên hóa khác nhau.  **2**. Bằng việc đính kết vào một thụ thể trên bề mặt tế bào nhận và kích hoạt một con đường truyền tín hiệu qua đó ảnh hưởng đến sự biểu hiện của gene .  **3**. Vì sản phẩm của những gene này vốn được cơ thể mẹ tạo ra trước khi chuyển vào trứng và có vai trò xác định đầu và đuôi, cũng như lưng và bụng của phôi (và cuối cùng là của ruồi trưởng thành)  **4**. Các tế bào ở phía dưới đang tổng hợp các phân tử tín hiệu bởi vì gene mã hóa những phân tử này đang được hoạt hóa; việc này được hiểu là các yếu tố phiên mã đặc thù phù hợp đang liên kết vào enhancer của gene. Các gen mã hóa cho các yếu tố phiên mã đặc thù này cũng đang được biểu hiện trong tế bào bởi vì các yếu tố hoạt hóa phiên mã vốn có vai trò “ bật” chúng đã được tổng hợp sẵn trong tế bào tiền thân của những tế bào này. Cách giải thích tương tự cũng có thể được dùng để lý giải cho các tế bào biểu hiện các protein thụ thể. Chuỗi các sự kiện này được khởi đầu bằng các yếu tố xác định tế bào chất đặc hiệu định vị ở những vùng nhất định của trứng. Những yếu tố xác định tế bào chất như vậy được phân phối không đều về các tế bào con, dẫn đến các tế bào đi vào con đường phát triển khác nhau. |
|  | 1. Hãy so sánh những chức năng thông thường của các protein được mã hóa bởi các gen tiền khối u với các protein được mã hóa bởi các gen ức chế khối u.  2. Trong bối cảnh nào thì ung thư được coi là bệnh di truyền?  3. Điều gì nếu? Khi xét về ảnh hưởng của đột biến tới hoạt tính của sản phẩm do gen mã hóa, hãy cho biết các đột biến dẫn đến ung thư liên quan đến các gen tiền ung thư và các gen ức chế khối u khác nhau như thế nào? | **1**. Sản phẩm protein của một tiền gen gây khối u (proto-oncogen) thường liên quan đến một con đường thúc đẩy tế bào phân chia. Sản phẩm thường liên quan đến một con đường ức chế sự phân chia tế bào.  **2**. Khi một cá thể được di truyền từ một cá thể thân sinh hoặc một gen gây khối u hoặc một alen đột biến của gen át chế khối u.  **3**. Một đột biến gây ung thư trong tiền gen gây khối u thường làm cho sản phẩm của gen hoạt động quá ngưỡng, trong khi một đột biến gây ung thư trong một gen át chế khối u thường làm sản phẩm của gen mất chức năng. |

Tài liệu được chia sẻ bởi Website VnTeach.Com

https://www.vnteach.com