**ĐỘT BIẾN GENE**

**A. TÓM TẮT KIẾN THỨC**

**1. Đột biến gen:**

Những biến đổi trong cấu trúc của gene liên quan đến một hay một số cặp nucleotide.

+ Nếu đột biến liên quan một cặp nucleotide/gene → đột biến điểm: thêm/mất/thay thế 1 cặp nucleotide.

+ Đột biến gene có thể làm thay đổi nhiều cặp nucleotide và có thể làm thay đổi kiểu hình hoặc không.

+ Khi sinh vật mang gene đột biến biểu hiện kiểu hình khác → thể đột biến.

***\* Thể đột biến: là cá thể mang đột biến được biểu hiện ra kiểu hình.***

*- Nếu đột biến trội (A) thì kiểu gene sau đây biểu hiện ra* kiểu hình *đột biến (thể đột biến trội): AA, Aa.*

*- Nếu đột biến lặn (a) thì kiểu gene sau đây biểu hiện ra kiểu hình đột biến (thể đột biến lặn): aa; còn kiểu hình bình thường có kiểu gene AA, Aa.*

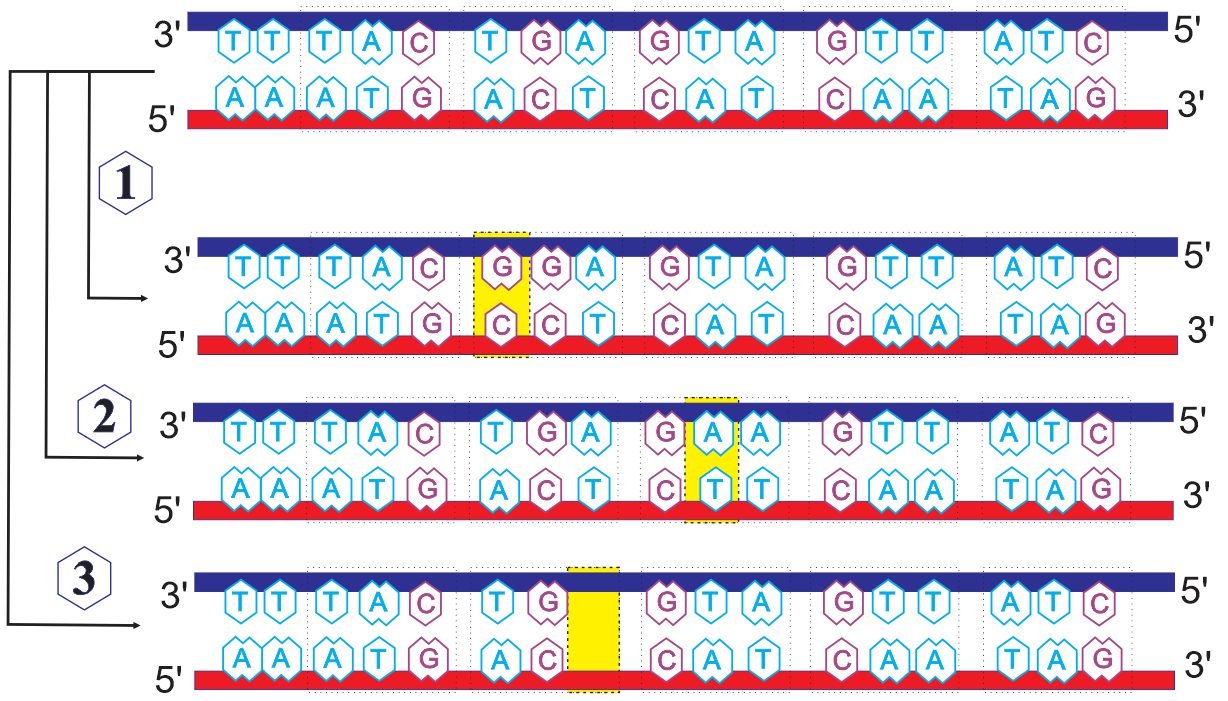
+ Một gene khi bị đột biến → tạo alelle mới (đột biến).

+ Tần số đột biến tự nhiên đối với 1 gene rất thấp: 10-6 → 10-4 và tất cả các gene (trong hay ngoài nhân) đều có thể đột biến nhưng với tần số không giống nhau (những gene cấu trúc bền vững → tần số đột biến thấp).

+ Con người có thể dùng tác nhân đột biến để gây đột biến với tần số rất cao hoặc định hướng được.

+ Đối với sinh vật sinh sản hữu tính đột biến gene chỉ di truyền cho thế hệ sau khi đột biến đó đi vào giao tử và giao tử đó được thụ tinh đi vào hợp tử, hợp tử phát triển thành cơ thể.

**2. Các dạng đột biến gene (dạng đột biến điểm)**



|  |  |
| --- | --- |
| Dạng đột biến | So sánh gene đột biến so với gene bình thường (ban đầu) |
| 1. Mất 1 cặp nucleotide. | - Số nucleotide giảm 1 cặp (2 nucleotide) → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) giảm.  - Số liên kết hydrogen giảm 2 (mất 1 cặp A = T); giảm 3 liên kết hydrogen (mất 1 cặp G = C).  - Chuỗi polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide ban đầu kể từ amino acid ứng với bộ ba có cặp nucleotide mất trở về sau (đột biến dịch khung). |
| 2. Thêm 1 cặp nucleotide. | - Số nucleotide tăng 1 cặp (2 nucleotide) → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) tăng.  - Số liên kết hydrogen tăng 2 (thêm 1 cặp A = T); tăng 3 liên kết hydrogen (thêm 1 cặp G = C).  - Chuỗi polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide ban đầu kể từ amino acid ứng với bộ ba có cặp nucleotide thêm trở về sau (đột biến dịch khung) |
| 3. Thay thế một cặp nucleotide này bằng một cặp nucleotide khác (gặp nhiều nhất vì ít gây hậu quả hơn so với đột biến mất và thêm). | - Số nucleotide không đổi → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) không đổi.  - Số liên kết hydrogen tăng 1 (thay thế một cặp A = T bằng 1 cặp G = C) hoặc giảm 1 (thay thế một cặp G = C bằng một cặp A = T ).  - Chuỗi polypeptide đột biến có thể (có hoặc không):  + Thay đổi một amino acid tương ứng với vị trí bộ ba có cặp nucleotide thay đổi (bộ ba trước và sau đột biến mã hóa khác amino acid).    + Không thay đổi một amino acid nào (bộ ba trước và sau đột biến cùng mã hóa giống amino acid; do tính thoái hóa của mã di truyền).    + Ngắn lại (nếu như bộ ba có cặp nucleotide đột biến trở thành bộ ba kết thúc),.... |

**3. Nguyên nhân và cơ chế phát sinh đột biến gen**

**3.1. Nguyên nhân.**

+ Đột biến gene có thể xảy ra một cách tự phát: hiện tượng bắt cặp nhầm trong tái bản DNA.

+ Tác động của các tác nhân đột biến:

++ Vật lí: tia phóng xạ, tia tử ngoại (tia UV), nhiệt,...

+++ có thể gây nên đột biến thêm hoặc mất cặp nucleotide.

+++ Gây ra những biến đổi cấu trúc DNA → phát sinh đột biến.

++ Hóa học: ethyl methanesulfonate (EMS), 5-bromouracil (5-BU), N-Nitroso-N-methylurea (NMU),...

++ Sinh học: một số virus như viêm gan B, HPV,... cũng có thể gây nên các đột biến gene.

+++ Vi khuẩn và nấm có thể tác động trực tiếp hoặc gián tiếp và gây ra những đột biến trên phân tử DNA.

+++ Ví dụ: Nấm sản sinh độc tố aflatoxin - yếu tố đột biến xen vào giữa mạch DNA gây ra những sai hỏng trong quá trình tái bản.

**3.2. Cơ chế phát sinh đột biến gene.**



**a. Đột biến thêm/mất cặp nucleotide**

+ Trong tái bản DNA:

++ Nếu một nucleotide làm khuôn hai lần → thêm một nucleotide.

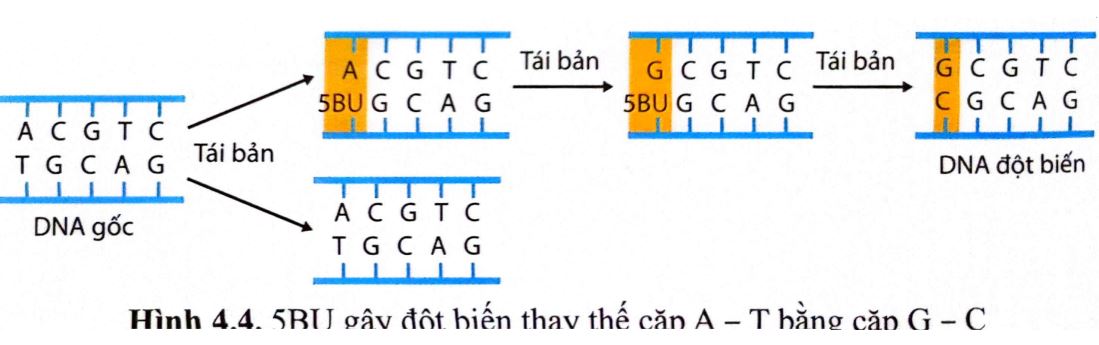
++ Một nucleotide không được làm khuôn → mất một nucleotide.

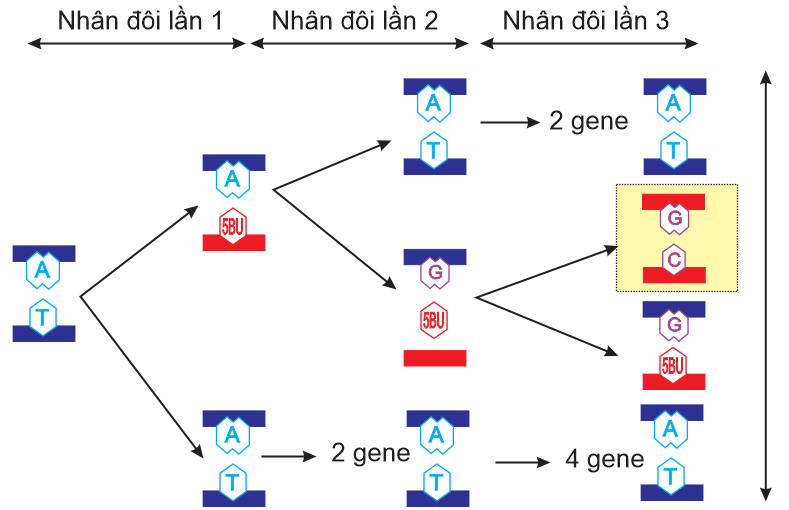
+ ĐB có thể không xảy ra trong nhân đôi.

**b. Đột biến thay thế cặp nucleotide**

+ Trong tái bản DNA, một số chất có cấu trúc giống với base bình thường được gắn vào mạch mới tổng hợp có thể gây ra đột biến thay thế nucleotide.

Ví dụ: Chất 5- bromouracil có thể bắt cặp với adenine → thay thế cặp A - T bằng G – C.





+ Thường nitrogenous base tồn tại ở dạng thường kí hiệu A, T, G và C. Tuy nhiên, nitrogenous base có thể chuyển sang dạng hiếm, kí hiệu: A\*, T\*, G\* và C\*:

++ Trong nhân đôi base dạng hiếm có thể bắt cặp nhầm: C\* - A, A\* - C, G\* - T và T\* - G → đột biến thay thế cặp nucleotide.

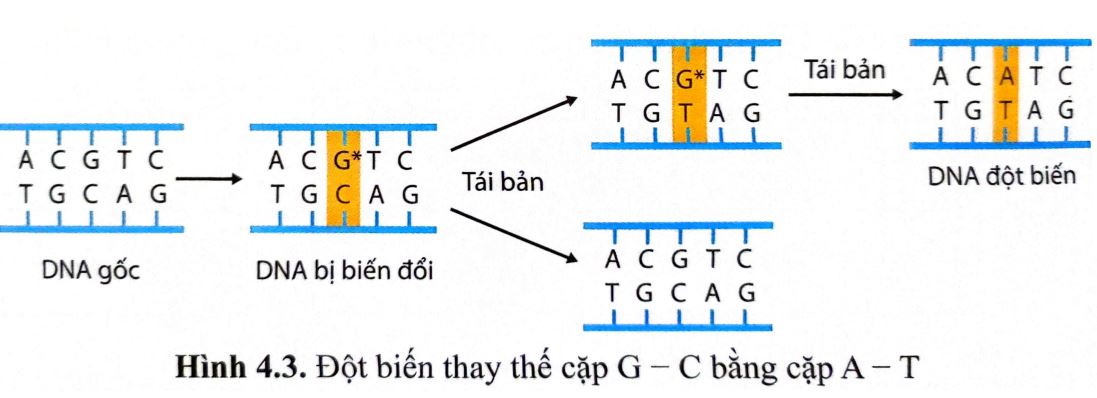
++ Trong quá trình tái bản, sự bắt cặp nhầm gây ra đột biến thay thế một cặp nucleotide:

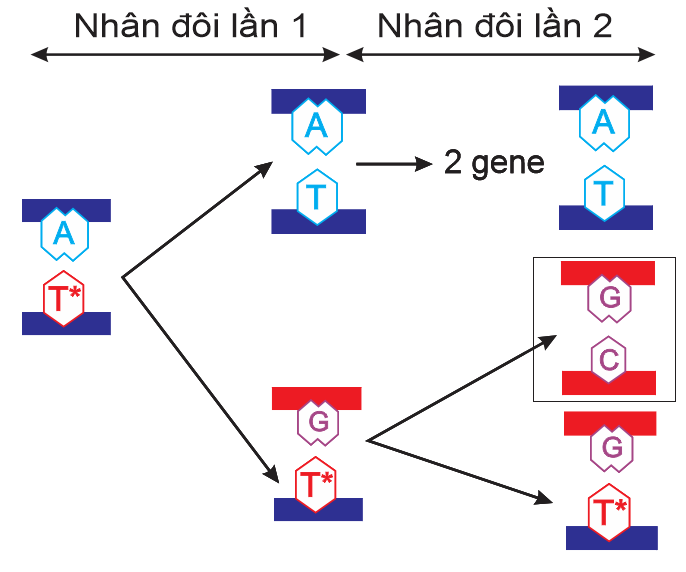
+++ Nếu gene A\* - T → sau ít nhất 2 lần tái bản tạo ra 1 gene đột biến có 1 cặp nucleotide thay thế là G - C.

+++ Nếu gene T - A\* → sau ít nhất 2 lần tái bản tạo ra 1 gene đột biến có 1 cặp nucleotide thay thế là C - G.

+++ Nếu gene G\* - C → sau ít nhất 2 lần tái bản tạo ra 1 gene đột biến có 1 cặp nucleotide thay thế là A - T.

+++ Nếu gene C - G\* → sau ít nhất 2 lần tái bản tạo ra 1 gene đột biến có 1 cặp nucleotide thay thế là T - A.





**c. Đột biến gene cảm ứng:** do sự tác động của các tác nhân gây đột biến dẫn đến sai sót trong quá trình nhân đôi DNA.

|  |
| --- |
| Ví dụ: Tác động của tia UV có thể làm cho hai base thymine kế nhau trên cùng một mạch liên kết với nhau, làm biến dạng DNA dẫn đến phát sinh đột biến thêm hoặc mất một cặp nucleotide;  5-BU là chất hoá học có khả năng bắt cặp bổ sung với adenine hoặc guanine gây đột biến thay thế cặp A - T thành cặp G - C hoặc ngược lại (Hình 4.5). |

**4. VAI TRÒ CỦA ĐỘT BIẾN GENE**

**A. Trong nghiên cứu di truyền**

- Các thể đột biến gene tự nhiên hoặc nhân tạo được các nhà khoa học dùng trong nhiều nghiên cứu di truyền nhằm xác định:

+ Trội/lặn, các quy luật di truyền/ dự đoán sự biểu hiện tính trạng tương ứng ở thế hệ tiếp theo,

+ Cơ chế điều hòa biểu hiện gene,

+ Cơ chế phát sinh đột biến gene,

+ Xây dựng bảng mã di truyền,

+ Làm sáng tỏ mối quan hệ giữa gene và protein,...

- Dựa thể đột biến giúp phát hiện các đột biến có lợi hoặc có hại → chủ động tạo ra các đột biến mong muốn

|  |
| --- |
| Ví dụ: Cả bố và mẹ đều bị bệnh điếc bẩm sinh do đột biến gene lặn nhưng sinh ra tất cả các con đều có thính lực bình thường. Điều này chứng tỏ đột biến lặn ở bố và mẹ thuộc hai gene khác nhau ( ♂ AAbb × ♂aaBB).  Ví dụ: Sử dụng các dòng vi khuẩn E. coli mang các đột biến thay thế một cặp nucleotide ở những vị trí khác nhau, các nhà khoa học đã tìm ra nhiều loại codon mã hoá amino acid và ba codon kết thúc (UAG, UGA, UAA).  Ví dụ: Để tăng tính chịu kiềm của gene mã hoá protease ở vi khuẩn, các nhà khoa học sẽ thử nghiệm đột biến ở nhiều vị trí khác nhau trong cấu trúc của gene, sau đó nghiên cứu chọn lọc kiểu đột biến tốt nhất.  Ví dụ: Sự biểu hiện bệnh hồng cầu hình liềm ở con cái có thể dự đoán được dựa trên việc phân tích kiểu gene của cơ thể bố và mẹ. Nếu bố mẹ đều mang gene đột biến dị hợp tử thì tỉ lệ mắc bệnh ở thế hệ con là 25%. |

**B. Trong chọn giống**

- Đột biến gene cung cấp nguồn nguyên liệu cho quá trình chọn, tạo giống.

- Chọn lọc thể đột biến tự nhiên → để tạo ra nhiều giống mới, đáp ứng nhu cầu dinh dưỡng và sở thích của mình.

- Chủ động gây đột biến gene trên cơ thể sinh vật nhằm tạo ra các giống mới đáp ứng các yêu cầu sản xuất và ứng dụng.

|  |
| --- |
| Ví dụ: Chiếu xạ bào tử nấm để tạo chủng nấm Penicillium đột biến sản xuất penicillin có hoạt tính cao gấp 200 lần; gây đột biến gene ở lúa nhằm tạo các giống lúa có khả năng chịu ngập nước, chịu hạn;...  Ví dụ: Gây đột biến cho các gene mã hoá protease, lipase ở vi khuẩn và nấm theo hướng tăng tính chịu kiểm để ứng dụng trong công nghiệp giặt tẩy.  Ví dụ: Đột biến làm xuất hiện bộ ba kết thúc sớm khiến cho chồi cây cải phân nhánh mạnh đã được con người chọn lọc tạo nên các loại súp lơ trắng và súp lơ xanh, trong khi nhánh tiến hóa có cùng tổ tiên không bị đột biến hình thành nên các giống bắp cải và cải xoăn;  Ví dụ: Một đột biến ở gene điều hòa làm tăng lượng cơ bắp đã được phát hiện ở lợn và được chọn lọc tạo ra giống lợn có thịt siêu nạc. |

**3. Trong tiến hoá**

- Đột biến cung cấp nguồn nguyên liệu cho quá trình tiến hoá. (nhờ đb làm xuất hiện allele mới cùng với quá trình giao phối → thế giới sống vô cùng đa dạng và phong phú như hiện nay).

- Đột biến gene tạo nên các đặc điểm khác nhau giữa các loài.

- Chỉ cần đột biến ở một số gene có thể dẫn đến hình thành loài mới.

|  |
| --- |
| Ví dụ: Các đột biến làm thay đổi chỉ 2 trong số 715 amino acid của gene FOX2 so với trình tự amino acid của gene này ở các loài tinh tinh đã làm xuất hiện tiếng nói đặc trưng cho loài người mà các loài linh trưởng không có được.  Ví dụ: Đột biến làm thay đổi chiều xoắn của vỏ ốc trong chi Bradybaena khiến cho các con ốc đột biến  không thể giao phối với ốc bình thường dẫn đến cách li sinh sản và hình thành loài mới.  Ví dụ: Ước tính số lượng đột biến gene trong quần thể người dao động trong khoảng 1011 - 1012 đột biến/thế hệ. Đây là nguồn nguyên liệu phong phú cho tiến hoá.  Ví dụ: Đột biến ở vi khuẩn S. aureus hoặc S. pneumoniae hình thành các chủng mới có protein PBP (protein gắn penicillin) bị biến đổi làm giảm ái lực của protein với penicillin, dẫn đến chúng có khả năng kháng thuốc kháng sinh. |

**B. CÁC DẠNG BÀI TẬP VẬN DỤNG**

**CẦN CHÚ Ý KHI GIẢI BÀI TẬP ĐỘT BIẾN GENE**

|  |  |
| --- | --- |
| Dạng đột biến | So sánh gene đột biến so với gene bình thường (ban đầu) |
| Gen chưa đột biến, gen bình thường | **1. Gen chưa đột biến/gen bình thường**    + Nnucleotide của gen/DNA = 2A + 2G.  + Hliên kết hydrogen của gen/DNA = 2A + 3G  + Mgen/DNA = N.Mtrung bình 1 nucleotide  + Polypeptide/Pro do gen bình thường tổng hợp = Pbt = (Nvùng mã hóa/6) – 2  + Số nucleotide từng loại : A = T = A1 + T1 = .... = mA + mU  G = C = G1 + C1 = .... = mG + mC  **2. Khi gen/DNA đột biến thì sẽ có:**  + Nđb = 2A đb + 2G đb.  + H đb  = 2A đb + 3G đb  + M đb = N đb.Mtrung bình 1 nucleotide  + Polypeptide/Pro do gen đột biến bình thường tổng hợp = P đb = (N vùng mã hóa của gene đb /6) – 2  + Số nucleotide từng loại gene đột biến : A đb = T đb = A1 đb + T1 đb = .... = mA đb + mU đb  G đb = C đb = G1 đb + C1 đb = .... = mG đb + mC đb  ***→ Nếu có gen ban đầu / chưa đột biến và dạng đột biến có thể xác định được các thành phần của gene đột biến và ngược lại*** |
|  | So sánh gene đột biến so với gene bình thường (ban đầu) |
| 1. Mất 1 cặp nucleotide. | - Số nucleotide giảm 1 cặp (2 nucleotide) → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) giảm.  - Số liên kết hydrogen giảm 2 (mất 1 cặp A = T); giảm 3 liên kết hydrogen (mất 1 cặp G = C).  - Chuỗi polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide ban đầu kể từ amino acid ứng với bộ ba có cặp nucleotide mất trở về sau (đột biến dịch khung). |
| 2. Thêm 1 cặp nucleotide. | - Số nucleotide tăng 1 cặp (2 nucleotide) → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) tăng.  - Số liên kết hydrogen tăng 2 (thêm 1 cặp A = T); tăng 3 liên kết hydrogen (thêm 1 cặp G = C).  - Chuỗi polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide ban đầu kể từ amino acid ứng với bộ ba có cặp nucleotide thêm trở về sau (đột biến dịch khung) |
| 3. Thay thế một cặp nucleotide này bằng một cặp nucleotide khác (gặp nhiều nhất vì ít gây hậu quả hơn so với đột biến mất và thêm). | - Số nucleotide không đổi → L, M, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) không đổi.  - Số liên kết hydrogen tăng 1 (thay thế một cặp A = T bằng 1 cặp G = C) hoặc giảm 1 (thay thế một cặp G = C bằng một cặp A = T ).  - Chuỗi polypeptide đột biến có thể (có hoặc không):  + Thay đổi một amino acid tương ứng với vị trí bộ ba có cặp nucleotide thay đổi (bộ ba trước và sau đột biến mã hóa khác amino acid).    + Không thay đổi một amino acid nào (bộ ba trước và sau đột biến cùng mã hóa giống amino acid; do tính thoái hóa của mã di truyền).    + Ngắn lại (nếu như bộ ba có cặp nucleotide đột biến trở thành bộ ba kết thúc),.... |

|  |
| --- |
| **Bài số 1**: Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Xác định số nucleotide từng loại của gene đột biến (b) trong các trường hợp đột biến sau:  a. Nếu đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G - C.  b. Nếu đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T.  c. Nếu đột biến mất 1 cặp G - C.  d. Nếu đột biến mất 1 cặp A - T.  e. Nếu đột biến thêm 1 cặp G - C.  f. Nếu đột biến thêm 1 cặp A - T. |

**Bài giải**

Theo gt → tóm tắt:

Gene B: → dựa trên dạng đột biến để xác định số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến ứng với từng dạng tương ứng.

a. Nếu đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp A = T, nhưng lại tăng 1 cặp G = C)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A - 1 = 899  Gđột biến  = Cđột biến = G +1 = 601 |

b. Nếu đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp G = C, nhưng lại tăng 1 cặp A = T)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A + 1 = 901  Gđột biến  = Cđột biến = G - 1 = 599 |

c. Nếu đột biến mất 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp G = C; cặp A = T không đổi)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A = 900  Gđột biến  = Cđột biến = G - 1 = 599 |

d. Nếu đột biến mất 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp A = T; cặp G = C không đổi)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A - 1 = 899  Gđột biến  = Cđột biến = G = 600 |

e. Nếu đột biến thêm 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu là tăng 1 cặp G = C; cặp A = T không đổi)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A = 900  Gđột biến  = Cđột biến = G + 1 = 601 |

f. Nếu đột biến thêm 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu là tăng 1 cặp A = T; cặp G = C không đổi)*

|  |  |
| --- | --- |
| Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A + 1 = 901  Gđột biến  = Cđột biến = G = 600 |

|  |
| --- |
| **Bài số 2**: Gene D (bình thường) có tổng số nucleotide là 2400. Số liên kết hydrogen là 3240, bị đột biến thành gene đột biến (d). Xác định số liên kết H của gene đột biến trong các trường hợp sau đây:  a. Đột biến mất 1 cặp A - T.  b. Đột biến thêm 1 cặp G - C.  c. Đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G - C.  d. Gene đột biến có tỷ lệ A/G ≈ 0,4302741359 và có số nucleotide không đổi so với gene D.  e. Gene đột biến có tỷ lệ A/G ≈ 0,4251781473 và có số nucleotide không đổi so với gene D. |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: Gene D:→, dựa trên dạng đột biến để xác định số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến ứng với từng dạng tương ứng sau:

a. Đột biến mất 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu chỉ giảm 1 cặp A = T)*

|  |  |
| --- | --- |
| Cách 1: Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến | Ađột biến  = Tđột biến = A - 1 = 360 - 1= 359  Gđột biến  = Cđột biến = G = 840 |

Vậy Hđột biến = 2Ađột biến + 3Gđột biến = 3238 liên kết

Cách 2: Vì đột biến mất một căp A = T → gene đột biến giảm 2 liên kết hydrogen so với gene ban đầu ⇒ Hđột biến = H - 2 = 3240 - 2 = 3238 liên kết

b. Đột biến thêm 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu chỉ tăng 1 cặp G = C)*

|  |  |
| --- | --- |
| Cách 1: Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến: | Ađột biến  = Tđột biến = A = 360  Gđột biến  = Cđột biến = G +1 = 841 |

Vậy Hđột biến = 2Ađột biến + 3Gđột biến = 3243 liên kết

Cách 2: Vì đột biến thêm một căp G = C → gene đột biến tăng 3 liên kết hydrogen so với gene ban đầu ⇒ Hđột biến = H + 3 = 3240 + 3 = 3243 liên kết

c. Đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu tăng 1 cặp G = C, giảm 1 cặp A = T)*

|  |  |
| --- | --- |
| Cách 1: Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến: | Ađột biến  = Tđột biến = A - 1 = 359  Gđột biến  = Cđột biến = G + 1 = 841 |

Vậy Hđột biến = 2Ađột biến + 3Gđột biến = 3241 liên kết

Cách 2: Vì đột biến thay thế 1 cặp A = T bằng 1 cặp G = C → gene đột biến tăng 1 liên kết hydrogen so với gene ban đầu ⇒ Hđột biến = H + 1 = 3240 + 1 = 3241 liên kết

d. Gene đột biến (d) có tỷ lệ A/G ≈ 0.4302741359 và có số nucleotide không đổi so với gene D.

Cách 1:

Gene đột biến có ⇒

Vậy Hđột biến = 2Ad + 3Gd = 3239 liên kết

Cách 2: *(làm chậm hơn)*

|  |  |
| --- | --- |
| Gene đột biến có | Nđột biến = ND = 2400  ≈ 0,4302741359 |

⇒ Tỷ số này Ad/Gd > AD/GD mà ND = Nd ⇒ Thay thế x cặp G - C bằng x cặp A - T

⇒ ≈ 0,4302741359 ⇔ ≈ 0,4302741359 ⇒ C = 1

⇒ Đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T

Vậy Hd = HD - 1 = 3239 liên kết

d. Gene đột biến có tỷ lệ A/G ≈ 0,4251781473 và có số Nđ = ND

Cách 1:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Gene đột biến có | Nd = ND = 2400 = 2Ad +2Gd  ≈ 0,4251781473 ⇒ | Ad = Td = 358  Gd = Cd = 842 |

Vậy Hđột biến = 2Ad + 3Gd = 3242 liên kết

|  |
| --- |
| **Bài số 2**: Một gene (B) ở sinh vật nhân sơ có Adenine (A) bằng 300 nucleotide, Guanine (G) chiếm 40%. Đột biến thành gene đột biến (b). Chuỗi polypeptide do gene đột biến (b) tổng hợp khác với chuỗi polypeptide do gene bình thường (B) tổng hợp như thế nào trong các trường hợp sau:  a. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 5 là A - T bằng G - C làm cho bộ ba này mã hóa amino acid khác so với bộ ba khi chưa đột biến  b. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 23 là A - T bằng G - C làm cho bộ ba đột biến mã hóa amino acid khác so với bộ ba khi chưa đột biến.  c. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 156 là A - T bằng G - C. Biết rằng bộ ba trước và sau đột biến mã hóa amino acid cùng loại.  d. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 406 là G - C bằng T - A và làm cho bộ ba này trở thành bộ ba không mã hóa amino acid.  e. Đột biến mất cặp nucleotide ở vị trí thứ 252. Biết rằng đột biến không trở thành bộ ba kết thúc.  f. Đột biến thêm một cặp nucleotide sau vị trí thứ 230. Biết rằng đột biến không trở thành bộ ba kết thúc. |

**Bài giải**

Yêu cầu:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Gene bình thường (B) tổng hợp polypeptide bình thường (B) |  | Gene đột biến (b) tổng hợp polypeptide đột biến (b) |

a. *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*

*Nếu y ∈ N\*→ vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*

*Nếu y ≠ N\*→ vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y + 1).*

Đột biến thay thế cặp nucleotide số 5 ∈ bộ ba số 2 *(5/3 = 1,667 → thuộc bộ ba số 2)*

Như vậy: gene đột biến thay đổi so với gene ban đầu một bộ ba thứ 2.

→ Polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide bình thường một amino acid thứ 1 (không tính amino acid mở đầu, do bộ ba trước và sau mã hóa khác amino acid).

b. Đột biến thay thế cặp nucleotide số 23 ∈ bộ ba số 11 (*23/3 = 10,667 → thuộc bộ ba số 11)*

Như vậy: gene đột biến thay đổi so với gene ban đầu một bộ ba thứ 11.

→ Polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide bình thường một amino acid thứ 10 (không tính amino acid mở đầu, do bộ ba trước và sau mã hóa khác amino acid).

c. Đột biến thay thế cặp nucleotide số 156 ∈ bộ ba số 52 *(156/3 = 52 → thuộc bộ ba số 52)*

Như vậy: gene đột biến thay đổi so với gene ban đầu một bộ ba thứ 52

→ Polypeptide đột biến không đổi so với polypeptide bình thường một amino acid nào cả (do bộ ba trước và sau mã hóa cùng loại amino acid).

d. Đột biến thay thế cặp nucleotide số 406 ∈ bộ ba số 136 *(406/3 = 135,33 → thuộc bộ ba số 136)*.

Như vậy: gene đột biến chỉ còn 136 bộ ba (vì bộ ba đột biến (136) trở thành bộ ba kết thúc)

→ Polypeptide đột biến chỉ còn 136 - 2 = 134 amino acid (polypeptide đột biến chắc chắn ngắn hơn so với polypeptide bình thường).

e. Đột biến mất cặp nucleotide ở vị trí thứ 252 ∈ bộ ba số 84 *(252/3 = 84)*.

Như vậy: gene đột biến bị thay đổi từ bộ ba thứ 84 trở về sau so với gene bình thường

→ Polypeptide đột biến thay đổi từ amino acid thứ 83 trở về sau so với chuỗi polypeptide bình thường. *(chú ý: đột biến mất 1 hay thêm 1 cặp nucleotide nếu không trở thành bộ ba kết thúc thì dẫn đến dịch khung (đột biến mất một cặp hay thêm một cặp nucleotide diễn ra vị trí bộ ba nào thì từ bộ ba đó về sau thay đổi → amino acid tương ứng từ vị trí đột biến đó trở về sau thay đổi)*.

f. Đột biến thêm một cặp nucleotide sau vị trí thứ 230 ∈ bộ ba số 77 *(230/3 = 76,67 ∈ bộ ba 77)*.

Như vậy: gene đột biến bị thay đổi từ bộ ba thứ 77 trở về sau so với gene bình thường → Polypeptide đột biến thay đổi từ amino acid thứ 76 trở về sau so với chuỗi polypeptide bình thường.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Bài số 3**: Một gene (H) ở sinh vật nhân sơ có các nucleotide theo thứ tự sau:  Gen   |  |  |  |  | | --- | --- | --- | --- | | Cặp Nu | 6 | 9 151 | 157 | | M1 | 5’ATG - CCC- | GGC-AAT - AAA.........A~~T~~A-TAT- | CCT - ATT ---3’ | | M2 | 3’TAC - GGG- | CCG-TTA-TTT............T~~A~~T - ATA- | GGA-TAA--5’ | |  | --------- | ----------------- |  | | polypeptide | fMet - Pro | Gly - Asn - Lys ------ Ile - Tyr | Pro - Ile--- |   Các bộ ba trên mạch gốc của gene (triplet) ứng với amino acid trên polypeptide: Pro: GGA, GGG, GGT, GGC; Gly: CCT, CCA, CCC, CCG; Asn: TTA, TTG; Lys: TTT, TTC; Ile: TAA, TAG, TAT; Tyr: ATA, ATG.  a. Nếu đột biến mất cặp nucleotide thứ 152 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  b. Nếu đột biến mất cặp nucleotide thứ 100 thì chuỗi polypept đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  c. Nếu đột biến thêm cặp nucleotide kế sau cặp thứ 100 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  d. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 9 là G - C bằng T - A thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  e. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 151 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  f. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 158 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  g. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 159 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường?  h. Nếu đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 156 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường? |

**Bài giải**

Theo giả thuyết cho các triplet (bộ ba mã gốc) trên gene ứng với amino acid trên polypeptide sau:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Triplet | amino acid /polypeptide | Triplet | amino acid /polypeptide |
| GGA, GGG,  GGT, GGC | Pro | CCT, CCA,  CCC, CCG | Gly |
| TTA, TTG | Asn | TTT, TTC | Lys |
| TAA, TAG, TAT | Ile | ATA, ATG | Tyr |

\* Gene bình thường (H) → polypeptide bình thường (gt cho)

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Cặp nucleotide | | 6 | 9 151 | 157 |
| Gen: | mạch 1 | 5’ATG - CCC- | GGC-AAT - AAA..........ATA-TAT- | CCT - ATT 3’ | |
| mạch 2 | 3’TAC - GGG- | CCG-TTA-TTT............TAT - ATA- | GGA-TAA5’ | |
| ↓ tổng hợp polypeptide | | |  |  |
| polypeptide (H) | | fMet - Pro - | Gly - Asn - Lys --------- Ile - Tyr - | Pro - Ile |

a. Nếu đột biến mất cặp nucleotide thứ 152 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

Mất cặp nucleotide thứ 152 ∈ bộ ba 51 *(lấy cặp nucleotide 152/3 = 50,67 ∈ bộ ba 51)*→ từ bộ ba thứ 51 trở về sau sắp xếp lại ⇒ từ bộ ba 51 trở về sau thay đổi

⇒Polypeptide đột biến có amino acid từ 50 *(không tính amino acid mở đầu)* trở về sau thay đổi so với polypeptide bình thường (H).

b. Nếu đột biến mất cặp nucleotide thứ 100 thì chuỗi polypept đột biến thay đổi như thế nào?

Mất cặp nucleotide thứ 100 ∈ bộ ba 34 *(lấy cặp nucleotide 100/3 = 33,33 ∈ bộ ba 34).*

→ từ bộ ba thứ 34 trở về sau sắp xếp lại ⇒ từ bộ ba 34 trở về sau thay đổi.

⇒ Polypeptide đột biến có amino acid từ 33 *(không tính amino acid mở đầu)* trở về sau thay đổi so với polypeptide bình thường (H).

c. Nếu đột biến thêm cặp nucleotide kế sau cặp thứ 100 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

→ Thêm cặp nucleotide thứ 101 ∈ bộ ba 34 *(lấy cặp nucleotide 101/3 = 33,67 ∈ bộ ba 34).*

→ từ bộ ba thứ 34 trở về sau sắp xếp lại ⇒ từ bộ ba 34 trở về sau thay đổi.

⇒ polypeptide đột biến có amino acid từ 33 *(không tính amino acid mở đầu)* trở về sau thay đổi so với polypeptide bình thường (H).

d. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 9 là G - C bằng T - A thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

\* Gene đột biến → tổng hợp polypeptide đột biến như sau

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Cặp nucleotide | | 6 | | 9 151 | | 157 | |
| Gene đb | mạch 1 | 5’ATG - CCC- | | GGA-AAT - AAA.....ATA-TAT- | | CCT - ATT 3’ | |
| mạch 2 | 3’TAC - GGG- | | CCT-TTA-TTT.......TAT - ATA- | | GGA-TAA5’ | |
| ↓ tổng hợp polypeptide | | | | |  | |  |
| Polypeptide đột biến: | | | fMet - Pro - | | Gly - Asn - Lys ------Ile - Tyr- | Pro - Ile | |

Vậy: polypeptide không thay đổi gì so với polypeptide bình thường (H)

*(Chú ý: dù đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 9 là gì đi chăng nữa thì cũng mã hóa cùng một loại amino acid. Do các bộ ba* CCT*, CCA, CCC,* CCG *cùng mã hóa giống một loại amino acid)*

e. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 151 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

\* Gene đột biến → tổng hợp polypeptide đột biến như sau:

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Cặp nucleotide | | | | 6 | | | 9 151 | | **157** |
| Gen | mạch 1 | 5’ATG - CCC- | | | GGC-AAT - AAA.......ATA-TAT- | | | **C­\_T - ATT 3’** | |
| mạch 2 | 3’TAC - GGG- | | | CCG-TTA-TTT.........TAT - ATA- | | | G\_A-TAA5’ | |
| ↓ tổng hợp polypeptide | | | | | | |  | |  |
| Polypeptide đb | | | fMet - Pro - | | | Gly - Asn - Lys ---- Ile - Tyr | | aa ≠ - Ile | |

Cặp nucleotide thứ 158 ∈ bộ ba 53. Bộ ba này bình thường là GGA → amino acid Pro.

Nhưng khi đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 158 (bất kể là thay thế cặp nucleotide nào) thì bộ ba thứ 53 đột biến vẫn mã hóa khác amino acid so với ban đầu Pro*. (vì Pro: GGA, GGG, GGT, GGC ⇒ Pro thì vị trí 1, 2 đều là GG\_)*.

f. Nếu đột biến thay thế cặp thứ 159 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

\* Gene đột biến → tổng hợp polypeptide đột biến như sau:

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Cặp nucleotide | | 6 | 9 151 | 157 |
| Gen | mạch 1 | 5’ATG - CCC- | GGC-AAT - AAA........ATA-TAT- | CC\_-ATT 3’ |
| mạch 2 | 3’TAC - GGG- | CCG-TTA - TTT.........TAT - ATA- | GG\_-TAA5’ |
| ↓ tổng hợp polypeptide | | |  |  |
| polypeptide đb | | fMet - Pro - | Gly - Asn - Lys ------ Ile - Tyr | Pro - Ile |

Cặp nucleotide thứ 159 ∈ bộ ba 53. Bộ ba này bình thường là GGA → amino acid Pro

Nhưng khi đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 159 (bất kể là thay thế cặp nucleotide nào) thì bộ ba thứ 53 đột biến vẫn mã hóa giống amino acid là Pro. *(vì Pro: GGA, GGG, GGT, GGC→ Nếu vị trí cặp nucleotide thứ 3 (≡ cặp nucleotide thứ 159) bất kể là thay thế gì cũng mã hóa một loại amino acid là Pro)*.

h. Nếu đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 156 thì chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào?

\* Gene đột biến → tổng hợp polypeptide đột biến như sau

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Cặp nucleotide | | 6 | | 9 151 | | 157 | |
| Gen | mạch 1 | 5’ATG - CCC- | | GGC-AAT - AAA.........ATA-TAT- | | CCT - ATT 3’ | |
| mạch 2 | 3’TAC - GGG- | | CCG-TTA-TTT...........TAT - ATA- | | GGA-TAA5’ | |
| ↓ tổng hợp polypeptide | | | |  | |  | |
| polypeptide đột biến | | | fMet - Pro - | | Gly - Asn - Lys ------- Ile - Tyr | | Pro - Ile | |

Cặp nucleotide thứ 156 ∈ bộ ba 52 (vị trí thứ 3 của bộ ba thứ 52). Bộ ba này bình thường ATA → amino acid Tyr. Nhưng khi đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 156 thì:

+ Thay thế cặp nucleotide 156 là A - T bằng G - C → bộ ba 52 đột biến mã hóa cùng loại amino acid so với bộ ba 52 ban đầu → Polypeptide đột biến và bình thường không thay đổi gì.

+ Thay thế cặp nucleotide 156 là A - T bằng C - G ( hay T - A) → bộ ba 52 này mã hóa khác loại so với bộ ba 52 ban đầu→ polypeptide đột biến và bình thường khác nhau duy nhất một amino acid 51. *(vì Tyr:* ATA, ATG*→ Vị trí thứ 3 của bộ ba này nếu A hoặc G → mã hóa cùng loại. Nhưng nếu vị trí này mà khác T hoặc X thì chắc chắn mã hóa khác loại amino acid)*.

|  |
| --- |
| **Bài số 4**: Một gene ở sinh vật nhân sơ có A = 240 và bằng 4/11 số nucleotide loại G (Guanine).  1. Gene bị đột biến mất 3 cặp nucleotide thứ 121, 122, 123 đều là A - T trở thành gene đột biến.  a. Tính số nucleotide từng loại trên gene đột biến.  b. Gene đột biến phiên mã tổng hợp một phân tử mRNA, trên mỗi phân tử mRNA có 6 ribosome trượt qua một lần.  b1. Tính số amino acid môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên.  b2. Tính số amino acid trên 1 chuỗi polypeptide đột biến.  b3. Polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với polypeptide bình thường.  Biết đột biến không trở thành mã kết thúc và bộ ba đột biến mã hóa khác amino acid so với bộ ba ban đầu.  2. Gene bị đột biến mất 3 cặp nucleotide thứ 788, 789, 790 là G - C và trở thành gene đột biến. Mã bộ ba trước và sau đột biến mã hóa amino acid khác nhau. Gene đột biến tái bản 3 lần liên tiếp tạo các gene con, mỗi gene con lại phiên mã một số lần như nhau tạo các mRNA. Trên mỗi mRNA có 3 ribosome trượt qua 1 lần và đã tổng hợp được 144 polypeptide đột biến.  a. Tính số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản trên?  b. Tính số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình tái bản trên.  c. Tính số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình phiên mã trên.  d. Tính số amino acid (aa) môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên.  e. Một phân tử protein do gene đột biến tổng hợp khác như thế nào so với 1 phân tử protein do gene bình thường tổng hợp (mỗi phân tử protein được cấu tạo từ 1 chuỗi polypeptide)?  3. Gene đột biến bị mất 1 cặp nucleotide thứ 800 (T - A) và trở thành gene đột biến. Biết rằng bộ ba liên quan đột biến trở thành bộ ba kết thúc (không mã hóa amino acid. Số amino acid (aa) trên một chuỗi polypeptide đột biến khác như thế nào so chuỗi polypeptide do gene bình thường tổng hợp? |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: Gene bình thường:

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| A = 240 ⇒  A = 4/11G | A = T = 240  G = C = 660 | dựa trên dạng đột biến | Gene đột biến | Ađb = Tđb =  Gđb = Cđb = |

1. Gene bình thường: (B)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| A = T = 240  G = C = 660 | mất 3 cặp nucleotide A-T | Gene đột biến | Ađb = Tđb = A - 3 = 237  Gđb = Cđb = G = 660 |

|  |  |
| --- | --- |
| a. Số nucleotide từng loại trên gene đột biến: | Ađb = Tđb = 237  Gđb = Cđb = 660 |

b. 1 gene đột biến(b)

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Ađb = Tđb = 237  Gđb = Cđb = 660  Nb  = 2Ađb + 2Gđb  = 1794 | phiên mã k = 1 | 1 mRNA | r = 6 ribosome | 1.6 = 6 polypeptide |

b1. số amino acid môi trường cung cấp cho dịch mã trên:

aacc  = = 1788 amino acid

b2. Số amino acid trên 1 chuỗi polypeptide đột biến:

Amino acid /1polypeptide  = = 297 amino acid (không kể amino acid mở đầu)

b3. Polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với polypeptide bình thường?

|  |  |
| --- | --- |
| + Đột biến mất cặp nucleotide 121 ∈ bộ ba 41 (121/3 = 40,33)  + Đột biến mất cặp nucleotide 122 ∈ bộ ba 41 (122/3 = 40,67)  + Đột biến mất cặp nucleotide 123 ∈ bộ ba 41 (123/3 = 41) | ⇒ Mất 3 cặp nucleotide này thuộc 1 bộ ba 41 |

⇒ Gene đột biến chỉ giảm 1 bộ ba thứ 41 so với gene ban đầu (bình thường).

Vậy chuỗi polypeptide đột biến giảm 1 amino acid thứ 40 (không tính amino acid mở đầu) so với polypeptide do gene bình thường tổng hợp.

2. Gene bình thường (B)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| A = T = 240  G = C = 660 | mất 3 cặp nucleotide G - C | Gene đột biến | Ađb = Tđb = A = 240  Gđb = Cđb = G - 3 = 657 |

|  |  |
| --- | --- |
| a. Số nucleotide từng loại trên gene đột biến: | Ađb = Tđb = 240  Gđb = Cđb = 657 |

b. 1 gene đột biến (b)

1.23 = 8 gene (b) 8.k mRNA 8.k.3 = 144 polypeptide

⇒ k = 6

b.1. Số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản của gene đột biến:

b.2. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình tái bản của gene đột biến

CHTHT = (Nb - 2).a.(2x - 1) = (1794 - 2).1.(23 - 1) = 12544

b.3. Số liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) hình thành trong quá trình phiên mã của gene đột biến: (rN - 1).(a.2x. k) = = 43056

b.4. Amino acid (aa) môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên. = 42912

b.5. Polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với polypeptide bình thường:

|  |  |
| --- | --- |
| + Đột biến mất cặp nucleotide 788 ∈ bộ ba 263 (788/3 = 62,67)  + Đột biến mất cặp nucleotide 789 ∈ bộ ba 263 (789/3 = 63,00)  + Đột biến mất cặp nucleotide 790 ∈ bộ ba 264 (790/3 = 63,33) | ⇒ Mất 3 cặp nucleotide này thuộc 2 bộ ba kế tiếp là 263 và 264. |

⇒ Gene đột biến giảm 1 bộ ba và có 1 bộ ba thay đổi so với gene ban đầu (bình thường)

Vậy chuỗi polypeptide đột biến giảm 1 amino acid và có 1 amino acid thay đổi so với polypeptide do gene bình thường tổng hợp.

3. Gene đột biến bị mất 1 cặp nucleotide thứ 800 (T - A) và trở thành gene đột biến. Biết rằng bộ ba liên quan đột biến trở thành bộ ba kết thúc (không mã hóa amino acid. Số amino acid (aa) trên một chuỗi polypeptide đột biến khác như thế nào so chuỗi polypeptide do gene bình thường tổng hợp.

Polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với polypeptide bình thường:

Đột biến mất cặp nucleotide 800 ∈ bộ ba 267 (800/3 = 266,67)⇒ Gene đột biến thay đổi từ bộ ba thứ 267 trở về sau so với gene bình thường.

Vậy chuỗi polypeptide đột biến thay đổi từ amino acid thứ 266 (không tính amino acid mở đầu) trở về sau so với polypeptide bình thường.

|  |
| --- |
| **Bài số 5**: Một gene không phân mảnh có tổng số nucleotide là 1200. Gene này thực hiện phiên mã 1 lần tạo nên một phân tử mRNA, phân tử mRNA có số nucleotide từng loại sau: mA = 100, mC = 200, mG = 50 *nucleotide*.  a. Tính chiều dài và khối lượng của mRNA trên.  b. Tính số nucleotide từng loại trên mỗi mạch của gene. Biết mạch 1 là mạch gốc tổng hợp nên phân tử mRNA.  c. Xác định tỷ lệ % từng loại nucleotide trên gene.  d. Gene trên thực hiện tái bản (tái bản) liên tục. Môi trường nội bào cung cấp tổng số nucleotide loại G = 31750. Xác định:  d.1. Số lần tái bản của gene trên.  d.2. Số liên kết H bị phá vỡ, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) được hình thành trong quá trình tái bản và số lượng nucleotide từng loại trong các gene con.  e. Nếu 1 gene trên bị đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T ở cặp nu thứ 112 và bộ ba đột biến mã hóa amino acid khác bộ ba ban đầu thì:  e.1. Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến là bao nhiêu?  e.2. Gene đột biến phiên mã 1 lần tạo ra 1 phân tử mRNA. Phân tử mRNA sinh ra có 1 ribosome trượt qua tổng hợp 1 chuỗi polypeptide. Hỏi chuỗi polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường? |

**Bài giải**

Theo giả thuyết: Gene bình thường (B)

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Gene (B)  NB = 1200 | phiên mã  k = 1 |  | mA =100  mC = 200  mG = 50  → mU = rN - (mA + mC +  mG) = 250 | r = 1 ribosome |  |
| 1 mRNA | 1.1 polypeptide (B) |
|  |  |  |

a. Tính chiều dài và khối lượng của mRNA trên.

+ LmRNA = Å = 2040 Å (chiều dài mRNA bằng chiều dài gene tổng hợp nó)

+ MmRNA = N.300 đvC = 180000 đvC

b. Tính số nucleotide từng loại trên mỗi mạch của gene. Biết mạch 1 là mạch gốc tổng hợp nên phân tử mRNA.

Theo gt thì mạch 1 của gene là mạch gốc (3’-- 5’) tổng hợp mRNA theo NTBS

⇒ Số nucleotide từng loại trên từng mạch của gen:

|  |
| --- |
| A2 = T1 = mA = 100  X2 = G1 = mC = 200  G2 = C1 = mG = 50  T2 = A1 = mU = 250 |

c. Xác định tỷ lệ % từng loại nucleotide trên gen

|  |
| --- |
| A = T = 100 + 250 = 350 nucleotide = %  G = C = 50% - 29,17% = 20,83% |

d. Gene trên thực hiện tái bản (tái bản) liên tục. Môi trường nội bào cung cấp tổng số nucleotide loại G = 31750.

Theo giả thuyết

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Gene (B) | A = T = 350  G = C = 250 | tái bản x lần | 1.2x (gen) |
|  |  | Giả thuyết: Gcc = (2x ­­-1).G = 31.750  → 2x =128 → x = 7 | |

d.1. Số lần tái bản của gen: x = 7.

d.2. Số liên kết H bị phá vỡ, liên kết cộng hóa trị (phosphodiester) được hình thành trong quá trình tái bản và số lượng nucleotide từng loại trong các gene con

+ HPV = H.a.( 2x ­­-1) = (2A + 3G).a.( 2x ­­-1) = (2.350 + 3.250).1.(27 - 1) = 184150 liên kết

+ CHTHT = (N - 2).a.(2x ­­-1) = (2.350 + 2.250).1.(27 - 1) = 152400 liên kết

+ Số nucleotide từng loại môi trường cung cấp cho quá trình tái bản của gene đột biến

e. Nếu 1 gene trên bị đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T ở cặp nu thứ 112 và bộ ba đột biến mã hóa amino acid khác bộ ba ban đầu

Gene (B)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| A = T = 350  G = C = 250 | thay thế 1 cặp G - C  bằng 1 cặp A-T | Gene đột biến (b) | Ab = Tb = A + 1 = 351  Gb = Cb = G-1 = 249 |

e.1. Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến:

|  |
| --- |
| Ab = Tb = A + 1 = 351  Gb = Cb = G - 1 = 249 |

e.2. Một gene đột biến (b):

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Ađb = Tđb = 351  Gđb = Cđb = 249  Nb = 2Ađb + 2Gđb = 600 | k = 1 | 1.k = 1 (mRNA) | r = 1 | 8.r = 1 (polypeptide) |

Đột biến thay thế cặp nucleotide số 112 ∈ bộ ba số 38 *(112/3 = 37,33 → thuộc bộ ba số 38)*

Như vậy: gene đột biến thay đổi so với gene ban đầu một bộ ba thứ 38.

→ Polypeptide đột biến thay đổi so với polypeptide bình thường một amino acid thứ 37 (do bộ ba trước và sau mã hóa cùng loại amino acid).

|  |
| --- |
| **Bài số 6**: Gene bình thường (B) bị đột biến thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C tạo thành gene đột biến (b). Gene b có số nucleotide loại Guanine (G) là 480 và chiếm tỷ lệ 20%.  a. Tính số lượng từng loại nucleotide trên gene bình thường (B).  b. Tính số lượng từng loại nucleotide có trong một hợp tử mang gene Bb.  c. Một hợp tử mang gene (Bb) nguyên phân 4 lần liên tiếp. Xác định:  c.1. Tổng số tế bào con hình thành.  c.2. Tổng số gene B và b có trong các tế bào con.  c.3. Tổng số nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình phân bào. |

**Bài giải**

Theo gt

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Gene bình  thường (B) | thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C | Gene đột biến (b) | Gb = Cb  = 480 = 20%  Ab­ = Tb = 30% = |

a. Số nucleotide từng loại trên gene bình thường B

|  |
| --- |
| GB = CB = Gb  - 1 = 479  AB = TB = Ab + 1 = 721 (do từ gene đột biến tính ngược lại gene bình thường) |

b. Số lượng từng loại nucleotide có trong một hợp tử mang gene Bb.

|  |
| --- |
| GHT = CHT = GB + Gb  = 479 + 480 = 959  AHT = THT = AB  + Ab  = 721 + 720 = 1441 |

c. Một hợp tử (Bb) nguyên phân liên tiếp x lần (x = 4) → 1.2x tế bào con (Bb)

c.1. Tổng số tế bào con = 1.2x =16 tế bào.

c.2. Tổng số gene B và b có trong các tế bào con.

Tổng số gene Bb trong các tế bào con = 2.(1.2x) = 32 gene (vì tế bào con giống tế bào hợp tử ban đầu và đều có 2 gene Bb).

c.3. Tổng số nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình phân bào.

|  |
| --- |
| GBb/cung cấp = CBb/cung cấp = GBb(2x ­-1) = (GB + Gb)( 2x ­-1) = 959.(24 - 1) = 14385  ABb/cung cấp =TBb/cung cấp = ABb(2x ­-1) = (AB + Ab)( 2x ­-1) = 1441.(24 - 1) = 21615 |

**TRẮC NGHIỆM ĐỊNH LƯỢNG VỚI 3 ĐỊNH DẠNG**

**(trắc nghiệm trả lời ngắn = TNTLN)**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | <TNTLN> Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Nếu gen B bị đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G – C trở thành gen đột biến b thì số nucleotide loại A của gen đột biến b là bao nhiêu?  **ĐÁP ÁN:** 899 | Theo gt → tóm tắt:  Gene B:  Đột biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G - C *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp A = T, nhưng lại tăng 1 cặp G = C)*  Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến   |  | | --- | | Ađột biến  = Tđột biến = A - 1 = 899  Gđột biến  = Cđột biến = G +1 = 601 |   **ĐÁP ÁN:** 899 |
|  | <TNTLN> Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Nếu gen B bị đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T trở thành gen đột biến b thì số nucleotide loại G của gen đột biến b là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 599 | Theo gt → tóm tắt:  Gene B:  Nếu đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp G = C, nhưng lại tăng 1 cặp A = T)*   |  | | --- | | Ađột biến  = Tđột biến = A + 1 = 901  Gđột biến  = Cđột biến = G - 1 = 599 |   **ĐÁP ÁN:** 599 |
|  | <TNTLN> Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Nếu gen B bị đột biến mất 1 cặp G - C trở thành gen đột biến b thì số nucleotide loại T của gen đột biến b là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 900 | Theo gt → tóm tắt:  Gene B:  Nếu đột biến mất 1 cặp G - C (gene đột biến so với gene ban đầu là giảm 1 cặp G = C; cặp A = T không đổi)  Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến Ađột biến = Tđột biến = A = 900  Gđột biến = Cđột biến = G - 1 = 599  **ĐÁP ÁN:** 900 |
|  | <TNTLN> Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Nếu gen B bị đột biến thêm 1 cặp G - C trở thành gen đột biến b thì số nucleotide loại C của gen đột biến b là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 601 | Theo gt → tóm tắt:  Gene B:  Nếu đột biến thêm 1 cặp G - C (gene đột biến so với gene ban đầu là tăng 1 cặp G = C; cặp A = T không đổi)  Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến Ađột biến = Tđột biến = A = 900  Gđột biến = Cđột biến = G + 1 = 601  **ĐÁP ÁN:** 899 |
|  | <TNTLN> Gene B (bình thường) có tổng số nucleotide là 3000 nucleotide, có Adenine (A) chiếm 30%. Nếu gen B bị đột biến thêm 1 cặp A - T trở thành gen đột biến b thì số nucleotide loại G của gen đột biến b là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 600 | Theo gt → tóm tắt:  Gene B:  Nếu đột biến thêm 1 cặp A - T (gene đột biến so với gene ban đầu là tăng 1 cặp A = T; cặp G = C không đổi)  Số lượng từng loại nucleotide của gene đột biến Ađột biến = Tđột biến = A + 1 = 901  Gđột biến = Cđột biến = G = 600  **ĐÁP ÁN:** 600 |
|  | <TNTLN> Gene D (bình thường) có tổng số nucleotide là 2400. Số liên kết hydrogen là 3240, bị đột biến mất 1 cặp A – T trở thành gene đột biến (d). Số liên kết hydrogen của gen đột biến (d) là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 3238 | Theo giả thuyết: Gene D:→,  Đột biến mất 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu chỉ giảm 1 cặp A = T)*  Vì đột biến mất một căp A = T → gene đột biến giảm 2 liên kết hydrogen so với gene ban đầu ⇒ Hđột biến = H - 2 = 3240 - 2 = 3238 liên kết  ĐÁP ÁN: 3238 |
|  | <TNTLN> Gene D (bình thường) có tổng số nucleotide là 2400. Số liên kết hydrogen là 3240, bị đột biến biến thay thế 1 cặp A - T bằng 1 cặp G – C trở thành gene đột biến (d). Số liên kết hydrogen của gen đột biến (d) là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 3241 | Theo giả thuyết: Gene D:→,  Đột biến mất 1 cặp A - T *(gene đột biến so với gene ban đầu chỉ giảm 1 cặp A = T)*  Vì đột biến thay thế 1 cặp A = T bằng 1 cặp G = C → gene đột biến tăng 1 liên kết hydrogen so với gene ban đầu → Hđột biến = H + 1 = 3240 + 1 = 3241 liên kết  ĐÁP ÁN: 3241 |
|  | <TNTLN> Gene D (bình thường) có tổng số nucleotide là 2400. Số liên kết hydrogen là 3240, bị đột biến tạo gen đột biến (d) có tỷ lệ A/G ≈ 0,4251781473 và có số nucleotide không đổi so với gene D. Số nucleotide loại cytosine của gen đột biến (d) là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 842 | Theo giả thuyết: Gene D:→,  Gene đột biến có tỷ lệ A/G ≈ 0,4251781473 và có số Nđ = ND  Gene đột biến có : Nd = ND = 2400 = 2Ad +2Gd  Ad/Gd ≈ 0,4251781473 => Ad = Td = 358  Gd = Cd = 842  ĐÁP ÁN: 842 |
|  | <TNTLN> Một gene (B) ở sinh vật nhân sơ có Adenine (A) bằng 300 nucleotide, Guanine (G) chiếm 40%. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 5 là A - T bằng G - C làm cho bộ ba này mã hóa amino acid khác so với bộ ba khi chưa đột biến và trở thành gene đột biến (b). Chuỗi polypeptide do gene đột biến (b) tổng hợp khác với chuỗi polypeptide do gene bình thường (B) ở amino acid thứ mấy (không tính amino acid mở đầu)?  ĐÁP ÁN: 1 | Chú ý:  *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*  *+ Nếu y ∈ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*  *+ Nếu y ≠ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba = lấy phần nguyên của y + 1*  Đột biến thay thế cặp nucleotide số 5 ∈ bộ ba số 2 (5/3 = 1,667 ∈ thuộc bộ ba số 2)  → poly đột biến khác poly bình thường ở aa thứ 1.  ĐÁP ÁN:1 |
|  | <TNTLN> Một gene (B) ở sinh vật nhân sơ có Adenine (A) bằng 300 nucleotide, Guanine (G) chiếm 40%. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 23 là A - T bằng G - C làm cho bộ ba đột biến mã hóa amino acid khác so với bộ ba khi chưa đột biến và trở thành gene đột biến (b). Chuỗi polypeptide do gene đột biến (b) tổng hợp khác với chuỗi polypeptide do gene bình thường (B) ở amino acid thứ mấy (không tính amino acid mở đầu)?  ĐÁP ÁN: 10 | Chú ý:  *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*  *+ Nếu y ∈ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*  *+ Nếu y ≠ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba = lấy phần nguyên của y + 1*  Đột biến thay thế cặp nucleotide số 23 ∈ bộ ba số 11 (*23/3 = 10,667 → thuộc bộ ba số 11)*  → poly đột biến khác poly bình thường ở aa thứ 10.  ĐÁP ÁN:10 |
|  | <TNTLN> Một gene (B) ở sinh vật nhân sơ có Adenine (A) bằng 300 nucleotide, Guanine (G) chiếm 40%. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 156 là A - T bằng G - C và trở thành gene đột biến (b). Biết rằng bộ ba trước và sau đột biến mã hóa amino acid cùng loại. Gene đột biến (b) khác với gene bình thường (B) ở bộ ba thứ mấy?  ĐÁP ÁN: 52 | Chú ý:  *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*  *+ Nếu y ∈ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*  *+ Nếu y ≠ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba = lấy phần nguyên của y + 1*  Đột biến thay thế cặp nucleotide số 156 ∈ bộ ba số 52 *(156/3 = 52 → thuộc bộ ba số 52)*  ĐÁP ÁN: 52 |
|  | <TNTLN> Một gene (B) ở sinh vật nhân sơ có Adenine (A) bằng 300 nucleotide, Guanine (G) chiếm 40%. Đột biến thay thế 1 cặp nucleotide thứ 406 là G - C bằng T - A và làm cho bộ ba này trở thành bộ ba không mã hóa amino acid và trở thành gene đột biến (b). Số bộ ba của gene đột biến là bao nhiêu (tính từ mở đầu đến bộ ba kết thúc ở vùng mã hóa của gene)?  ĐÁP ÁN: 406 | Chú ý:  *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*  *+ Nếu y ∈ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*  *+ Nếu y ≠ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba = lấy phần nguyên của y + 1*  Đột biến thay thế cặp nucleotide số 406 thuộc bộ ba 406/3 = 135,33 ∈ thuộc bộ ba số 136). → gen đột biến có 406 bb  ĐÁP ÁN: 406 |
|  | <TNTLN> Gene đột biến bị mất 1 cặp nucleotide thứ 800 (T - A) và trở thành gene đột biến. Biết rằng bộ ba liên quan đột biến không trở thành bộ ba kết thúc. Số amino acid (aa) trên chuỗi polypeptide đột biến thay đổi từ vị trí bao nhiêu so với chuỗi polypeptide do gene bình thường tổng hợp (không tính amino acid mở đầu)?  ĐÁP ÁN: 266 | Chú ý:  *Cách tính vị trí bộ ba = (vị trí cặp nucleotide đột biến )/3 = y.*  *+ Nếu y ∈ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba thứ y.*  *+ Nếu y ≠ N\* → vị trí cặp nucleotide đột biến đó thuộc bộ ba = lấy phần nguyên của y + 1*  Đột biến mất cặp nucleotide 800 ∈ bộ ba 267 (800/3 = 266,67) ⇒ Gene đột biến thay đổi từ bộ ba thứ 267 trở về sau so với gene bình thường.  Vậy chuỗi polypeptide đột biến thay đổi từ amino acid thứ 266 (không tính amino acid mở đầu)  ĐÁP ÁN: 266 |
|  | <TNTLN> Một gene không phân mảnh có tổng số nucleotide là 1200. Gene này thực hiện phiên mã 1 lần tạo nên một phân tử mRNA, phân tử mRNA có số nucleotide từng loại sau: mA = 100, mC = 200, mG = 50 nucleotide. Biết mạch 1 là mạch gốc tổng hợp nên phân tử mRNA. Tính số nucleotide loại U trên mỗi mRNA được tổng hợp từ gen trên?  ĐÁP ÁN: 250 | Theo giả thuyết: Gene bình thường (B)  Gene (B)  NB = 1200 phiên mã k = 1 → RNA:  mA =100  mC = 200  mG = 50  → mU = rN - (mA + mC + mG) = 250 |
|  | <TNTLN> Một gene không phân mảnh có tổng số nucleotide là 1200. Gene này thực hiện phiên mã 1 lần tạo nên một phân tử mRNA, phân tử mRNA có số nucleotide từng loại sau: mA = 100, mC = 200, mG = 50 nucleotide. Nếu gene trên thực hiện tái bản (tái bản) liên tục. Môi trường nội bào cung cấp tổng số nucleotide loại G là 31750 nucleotide. Xác định số lần tái bản của gene trên?  ĐÁP ÁN: 7 | Theo giả thuyết: Gene bình thường (B)  Gene (B)  NB = 1200 phiên mã k = 1 → RNA:  mA =100  mC = 200  mG = 50  → mU = rN - (mA + mC + mG) = 250  Gene trên thực hiện tái bản (tái bản)  Gene (B)  A = T = mA + mU = 350  G = C = mG + mC = 250  → Qua tái bản x lần → 1.2x (gen)  Giả thuyết: Gcc = (1.2x - 1).G = 31.750  → 2x = 32.750/G + 1 = 128  → x = log2128 = 7 |
|  | <TNTLN> Gene bình thường (B) bị đột biến thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C tạo thành gene đột biến (b). Gene b có số nucleotide loại Guanine (G) là 480 và chiếm tỷ lệ 20%. Tính số lượng nucleotide loại thymine trên gene bình thường (B).  ĐÁP ÁN: 721 | Theo gt Gene bình thường (B), thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C  Gene đột biến (b)  Gb = Cb = 480 = 20%  Ab = Tb = 30% = 480.30/20 = 720  Số nucleotide từng loại trên gene bình thường B  GB = CB = Gb - 1 = 479  AB = TB = Ab + 1 = 721  ĐÁP ÁN: 721 |
|  | <TNTLN> Gene bình thường (B) bị đột biến thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C tạo thành gene đột biến (b). Gene b có số nucleotide loại Guanine (G) là 480 và chiếm tỷ lệ 20%. Tính số lượng nucleotide adenine có trong một hợp tử mang hai alelle khác nhau?  ĐÁP ÁN: 1441 | Theo gt Gene bình thường (B), thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C  Gene đột biến (b)  Gb = Cb = 480 = 20%  Ab = Tb = 30% = 480.30/20 = 720  Số lượng từng loại nucleotide có trong một hợp tử (HT) mang gene Bb.  GHT = CHT = GB + Gb = 479 + 480 = 959  AHT = THT = AB + Ab = 721 + 720 = 1441  ĐÁP ÁN: 1441 |
|  | <TNTLN> Gene bình thường (B) bị đột biến thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C tạo thành gene đột biến (b). Gene b có số nucleotide loại Guanine (G) là 480 và chiếm tỷ lệ 20%. Một hợp tử mang gene (Bb) nguyên phân 4 lần liên tiếp, tổng số nucleotide loại thymine môi trường cung cấp cho quá trình phân bào là bao nhiêu?  ĐÁP ÁN: 21615 | Theo gt Gene bình thường (B), thay thế một cặp nucleotide là A - T bằng một cặp G - C  Gene đột biến (b)  Gb = Cb = 480 = 20%  Ab = Tb = 30% = 480.30/20 = 720  Một hợp tử (Bb) nguyên phân liên tiếp x lần (x = 4) → 1.2x tế bào con (Bb)  Tổng số nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình phân bào.  GBb/cung cấp = CBb/cung cấp = GBb(2x -1) = (GB + Gb)( 2x - 1) = 959.(24 - 1) = 14385  ABb/cung cấp = TBb/cung cấp = ABb(2x -1) = (AB + Ab)( 2x - 1) = 1441.(24 - 1) = 21615  ĐÁP ÁN: 21615 |
|  | **<TNĐS>** Biết rằng mỗi gene quy định một tính trạng, trội lặn hoàn toàn. Alelle trội (A) bị đột biến thành alelle lặn a; alelle lặn (b) bị đột biến thành alelle trội (B); alelle trội (D) bị đột biến thành alelle lặn (d). Không xảy ra đột biến mới. Mỗi nhận định sau đây là Đúng hay Sai?  A Thể đột biến có các kiểu gene AAbbDD, aabbdd và AabbDd.  B. Thể đột biến có thể có các kiểu gene aabbdd, aabbDd, AabbDD.  C. Cơ thể mang alelle đột biến có kiểu gene sau: AabbDd, aaBbDd, aabbdd.  D. Cơ thể có kiểu gene AAbbDD đời con không bao giờ xuất hiện kiểu hình đột biến do các alelle đột biến đã xảy ra. | **Đáp án đúng: B – C**  A → sai. Vì thể đột biến có các kiểu gene ~~AAbbDD~~, aabbdd và ~~AabbDd~~.  B, C → đúng.  D → sai. Cơ thể có kiểu gene AAbbDD đời con ~~không bao giờ xuất hiện kiểu hình đột biến~~. Vì với P = AAbbDD có thể P thứ 2 (-- B- --) → F1 có thể xuất hiện --B---) đời con xuất hiện thể đột biến B |
|  | **<TNNLC>**Trong các dạng đột biến sau, có bao nhiêu dạng đột biến không làm thay đổi tỉ lệ (A + G)/(T + C) của gen?  I. Thay thế một cặp A-T bằng cặp G-C  II. Thay thế một cặp A-T bằng một cặp T-A  III. Thêm một cặp nucleotide  IV. Mất một cặp nucleotide  **A.** 3 **B.** 4 **C.** 1 **D.** 2 | **Số đáp án đúng: I – II – III – IV.**  Các dạng đột biến không làm thay đổi tỉ lệ là 1, 2, 3, 4  Vậy D đúng |
|  | **<TNNLC>** Một gene mã hóa liên tục (Z+) có số liên kết H giữa A - T là 1800 và có tỷ lệ G = 20% đã bị đột biến thay thế cặp nucleotide thứ 400 là A - T bằng G - C và trở thành gene đột biến (Z-). Nếu đột biến đó làm cho bộ ba trước và sau đột biến mã hóa amino acid khác nhau. Số liên kết H của gene đột biến (Hđ) và vị trí amino acid trên chuỗi polypeptide (hoàn chỉnh) bị thay đổi lần lượt:  a. Hđ = 3601 và amino acid thay đổi thứ 134 .  b. Hđ = 3599 và amino acid thay đổi thứ 133 .  c. Hđ = 3601 và amino acid thay đổi thứ 133.  d. Hđ = 3901 và amino acid thay đổi thứ 132. | **Đáp án đúng: C**  Gene (Z+) →  → Số nucleotide từng loại của gene    Gene  Gene đột biến  Vậy Hđb = 2Ađb + 3Gđb = 3601  Đột biến thay thế cặp nucleotide 400 thuộc bb 134 (400/3 = 133,33 ∈ 134; hay thay thế cặp nucleotide tứ 2 của bộ ba 134) bộ ba trước và sau đột biến mã hóa amino acid khác nhau, nên chuỗi polypeptide đột biến khác polypeptide bình thường 1 amino acid thứ 133 (trừ aa mở đầu cắt bỏ) |
|  | **<TNNLC>** Trong trường hợp đột biến thêm 1 cặp nucleotide. Số liên kết hydrogene của gene đột biến sẽ thay đổi như thế nào so với gene ban đầu?  A. Số liên kết tăng 2  B. Số liên kết tăng 3  C. Số liên kết không thay đổi  D. Số liên kết tăng 2 hoặc tăng 3 liên kết | **Đáp án đúng: D**  Khi đột biến thêm 1 cặp nucleotide thì:  + Số liên kết H tăng 2 nếu thêm 1 cặp A - T hay T - A  + Số liên kết H tăng 3 nếu thêm 1 cặp G - C hay C - G |
|  | **<TNNLC>** Ở sinh vật nhân sơ, chuỗi polypeptide (không tính amino acid mở đầu) do gene đột biến tổng hợp so với chuỗi polypeptide do gene bình thường tổng hợp có số amino acid bằng nhau nhưng khác nhau ở amino acid thứ 80, các amino acid khác không đổi. Đột biến điểm trên gene cấu trúc này thuộc dạng  A. Thay thế một cặp nucleotide thứ 241 hoặc 242 hoặc 243.  B. Thay thế một cặp nucleotide thứ 240 hoặc 239 hoặc 238.  C. Thay thế một cặp nucleotide thứ 80.  D. Thay thế một cặp nucleotide ở bộ ba thứ 81. | **Đáp án đúng: A**  Chuỗi polypeptide có aa thứ 80 thay đỏi  Đột biến thuộc dạng đột biến điểm  ⇒ Thay thế 1 trong 3 cặp nucleotide thuộc bộ ba 80 + 1 = 81  Vậy đột biến thay thế 1 cặp cặp nucleotide thứ 81.3 = 243 hoặc 242 hoặc 241 |
|  | **<TNTLN>** Mạch gốc của gene ban đầu có dạng: 3’TAC-TTC AAA-… 5’. Cho biết theo bảng mã di truyền thì codon AAA và AAG cùng mã hóa cho lyzin, AAC và AAU cùng mã hóa cho asparagin. Có bao nhiêu trường hợp thay thế nucleotide ở vị trí số 6 làm thay đổi codon mã hóa amino acid này thành codon mã hóa amino acid khác?  **ĐÁP ÁN: 2** | **ĐÁP ÁN: 2**  Mạch gốc 3’TAC-TTC- AAA-… 5’  ↓ phiên mã  mRNA 5’AUG- AAG- UUU- ... 3’  ↓ dịch mã  Polypeptide - Lys -  ⇒ + Nếu đột biến thay C (C - G) → T (T - A) thì mã hóa cùng loại amino acid (Lys). Do bộ ba trước và sau mã hõa cùng loại.  + Nếu đột biến thay C (C - G) → G (G - C) hay thành A (A - T) thì mã hóa khác loại amino acid (Asn). Do bộ ba trước và sau mã hóa cùng loại.  Vậy có 2 trường hợp thay thế này làm thay đổi amino acid (C thay bởi G hay A). |
|  | **<TNNLC>** Đoạn khởi đầu của một gene bình thường chứa các base nitric trong mạch khuôn như sau:  3’ TAC GCA TGX ACC CAA T ---5’  Quá trình dịch mã luôn xảy ra theo hướng từ trái sang phải. Giả sử trong quá trình đột biến nucleotide thứ 5 (từ trái sang phải) là X thay thế. Biết rằng bộ ba trước và sau đột biến mã hóa không cùng amino acid. Số amino acid polypeptide đột biến thay đổi như thế nào so với chuỗi polypeptide bình thường ban đầu (không tính amino acid mở đầu)?  A. Chỉ có 1 amino acid không thay đổi.  B. 5 amino acid.  C. Chỉ có 1 amino acid ở vị trí đầu tiên của polypeptide bị thay đổi.  D. Chỉ có 1 amino acid ở vị trí thứ 2 của polypeptide bị thay đổi. | **Đáp án đúng: C**  Thay thế cặp nucleotide thứ 5 ∈ bộ ba thứ 2 (5/3 ~ bộ ba 2)  → gene đột biến thay đổi 1 bộ ba thứ 2 (mà bộ ba này mã hóa amino acid khác).  ⇒ polypeptide đột biến thay đổi duy nhất 1 amino acid thứ 1 so với polypeptide ban đầu (do amino acid mở đầu là số 1 bị cắt bỏ thì bộ ba thứ 2 chính là amino acid số 1 của chuỗi polypeptide). |
|  | **TNNLC>** Gene b dài 2040 Å, có 20% Adenine. Khi gene b bị đột biến lần thứ nhất trở thành alelle B. Biết gene b có số liên kết hydrogene chênh lệch so với số liên kết hydrogene của gene B là một liên kết. Đột biến chỉ tác động tới một cặp nucleotide . Số lượng từng loại *nucleotide* của gene B là:  A. A = T = 240 Nu, G = C = 360 Nu.  B. A = T = 241 Nu, G = C = 359 Nu.  C. A = T = 239 Nu, G = C = 361 Nu.  D. A = T = 239 Nu, G = C = 361 Nu hoặc A = T = 241 Nu, G = C = 359 Nu. | **Đáp án đúng: D**  Gene b gene B (đột biến trội)  Gene b:  Vì số liên kết H của gene đột biến (B) chênh lệch 1 liên kết so với gene bình thường (b) ⇒ đột biến thuộc dạng thay thế khác loại (không bổ sung).  + Nếu thay thế 1 cặp A - T bằng G - C (hay A - T bằng C - G hay T - A bằng G - C hay T - A bằng C - G) → Số lượng từng loại của gene B  + Nếu thay thế 1 cặp G - C bằng A - T (hay G - C bằng T - A hay C - G bằng A - T hay C - G bằng T - A) → Số lượng từng loại của gene B |
|  | **<TNNLC>** Giả sử gene B ở sinh vật nhân thực gồm 2400 nucleotide và có số nucleotide loại Adenine (A) gấp 3 lần số nucleotide loại Guanine (G). Một đột biến điểm xảy ra làm cho gene B bị đột biến thành alelle b. Alelle b có chiều dài không đổi nhưng giảm đi 1 liên kết hydrogene so với gene B. Số lượng từng loại nucleotide của alelle b là:  A. A = T = 899, G = C = 301.  B. A = T = 299, G = C = 901.  C. A = T = 901, G = C = 299.  D. A = T = 301, G = C = 899. | **Đáp án đúng: C**  Gene B →  Gene B đột biến thành b có Nb = NB (do chiều dài không đổi) và có Hđb = H - 1 → đột biến thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T (G - C bằng T - A hoặc C - G bằng A - T hay T - A).  Vậy số nucleotide từng loại của gene đột biến b |