

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

**TUẦN 1: BÀI 1- CẤU TRÚC &CHỨC NĂNG AND**

**I. Mục tiêu:**

**1. Kiến thức**

- Học sinh trình bày được cấu trúc AND
- Hiểu được chức năng của AND trong di truyền

**2. Kỹ năng**

Phân tích, tổng hợp kiến thức

**3. Giáo dục**

- Lòng yêu thích môn học và giải thích được hiện tượng di truyền

**II. Phương pháp:**

Phân tích, khái quát và tổng hợp kiến thức

**III. Tiến trình bài giảng**

Hoạt động thầy - trò	Nội dung ghi bảng
	<p><b>I. Cấu trúc ADN</b></p> <p><b>1.Cấu trúc cụ thể 1 Nu:</b></p> <p>Đơn phân của ADN là Nucleotit, cấu trúc gồm 3 thành phần:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Đường đeoxyriboz: <math>C_5H_{10}O_4</math></li><li>- Nhóm Photphat <math>PO_4</math></li><li>- Bazo nito: gồm 2 loại chính: purin và pirimidin</li></ul> <p>+ Purin: Nucleotit có kích thước lớn hơn: A (Adenin) và G (Guanin)</p> <p>+ Pirimidin: Nucleotit có kích thước nhỏ hơn: T (Timin) và X (Xitozin)</p> <p><b>2. Cấu trúc chung</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- ADN cấu tạo từ các nguyên tố C, H, O, N, P</li><li>- ADN là 1 đại phân tử, cấu trúc theo nguyên tắc đa phân gồm nhiều đơn phân là các Nucleotit (viết tắt là Nu)</li><li>- ADN thường gặp có cấu trúc 2 mạch bổ sung, xoắn phải (theo mô hình của J.Oat xon và F Crick), 2 mạch ngược chiều nhau, liên kết giữa các Nu trên 1 mạch là liên kết photphodieste; giữa các Nu trên 2 mạch với nhau là liên kết Hidro.</li><li>- Có nhiều loại ADN khác nhau, trong đó loại ADN mà J.Oat xon và F Crick công bố là loại B, ngoài ra còn có nhiều loại ADN khác: A, C, D,... Z khác nhau chủ yếu ở kích thước và số Nu trong 1 chu kì. Đáng chú ý là ADN loại Z cấu trúc xoắn trái. ADN mạch đơn tìm thấy ở virus</li></ul> <p><b>3. Sự tạo mạch</b></p> <p>Khi tạo mạch, nhóm photphat của Nu đứng trước sẽ tạo liên kết với nhóm OH của Nu đứng sau (tại vị trí C số 3). Liên kết này là liên kết photphodieste (nhóm photphat tạo liên kết este với OH của đường của chính nó và tạo liên kết este thứ 2 với OH của đường của Nu kế tiếp =&gt; dieste). Liên kết này, tính theo số thứ tự đính với C trong đường thì sẽ là hướng <b>3'-OH; 5'-photphat</b>.</p> <p>Giữa 2 mạch, các Nu liên kết với nhau theo nguyên tắc bổ sung. <b>A liên</b></p>

kết với T bằng 2 liên kết Hidro; G liên kết với X bằng 3 liên kết Hidro. Do liên kết Hidro là liên kết yếu, nên nó có thể bị phá vỡ dễ dàng trong quá trình nhân đôi ADN và phiên mã gen.

**II. Chức năng AND**

- Mang thông tin di truyền là số lượng, thành phần, trình tự các nuclêôtit trên ADN.
- Bảo quản thông tin di truyền là mọi sai sót trên phân tử ADN hầu hết đều được các hệ thống enzym sửa sai trong tế bào sửa chữa.
- Truyền đạt thông tin di truyền (qua nhân đôi ADN) từ tế bào này sang tế bào khác

**IV. Củng cố:**

Trả lời các câu hỏi sau về cấu trúc AND:

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

**TUẦN 2: HỆ THỐNG CÔNG THỨC CẤU TRÚC ADN**

**I. Tính số nuclêôtit của ADN hoặc của gen**

**1. Đối với mỗi mạch của gen :**

- Trong ADN , 2 mạch bổ sung nhau , nên số nu và chiều dài của 2 mạch bằng nhau .

$$A_1 + T_1 + G_1 + X_1 = T_2 + A_2 + X_2 + G_2 = \frac{N}{2}$$

- Trong cùng một mạch , A và T cũng như G và X , không liên kết bổ sung nên không nhất thiết phải bằng nhau . Sự bổ sung chỉ có giữa 2 mạch : A của mạch này bổ sung với T của mạch kia , G của mạch này bổ sung với X của mạch kia . Vì vậy , số nu mỗi loại ở mạch 1 bằng số nu loại bổ sung mạch 2 .

$$A_1 = T_2 ; T_1 = A_2 ; G_1 = X_2 ; X_1 = G_2$$

**2. Đối với cả 2 mạch :**

- Số nu mỗi loại của ADN là số nu loại đó ở cả 2 mạch :

$$A = T = A_1 + A_2 = T_1 + T_2 = A_1 + T_1 = A_2 + T_2$$

$$G = X = G_1 + G_2 = X_1 + X_2 = G_1 + X_1 = G_2 + X_2$$

Chú ý :khi tính tỉ lệ %

$$\%A = \% T = \frac{\%A_1 + \%A_2}{2} = \frac{\%T_1 + \%T_2}{2} = \dots$$

$$\%G = \% X = \frac{\%G_1 + \%G_2}{2} = \frac{\%X_1 + \%X_2}{2} = \dots$$

Ghi nhớ : Tổng 2 loại nu khác nhóm bổ sung luôn luôn bằng nửa số nu của ADN hoặc bằng 50% số nu của ADN : Ngược lại nếu biết :

- + Tổng 2 loại nu = N / 2 hoặc bằng 50% thì 2 loại nu đó phải khác nhóm bổ sung
- + Tổng 2 loại nu khác N/ 2 hoặc khác 50% thì 2 loại nu đó phải cùng nhóm bổ sung

### **3. Tổng số nu của ADN ( N )**

Tổng số nu của ADN là tổng số của 4 loại nu A + T + G + X . Nhưng theo nguyên tắc bổ sung (NTBS) A= T , G=X . Vì vậy , tổng số nu của ADN được tính là :

$$N = 2A + 2G = 2T + 2X \text{ hay } N = 2( A + G )$$

$$\text{Do đó } A + G = \frac{N}{2} \text{ hoặc } \%A + \%G = 50\%$$

### **4. Tính số chu kì xoắn ( C )**

Một chu kì xoắn gồm 10 cặp nu = 20 nu . khi biết tổng số nu ( N ) của ADN :

$$N = C \times 20 \quad \Rightarrow \quad C = \frac{N}{20}$$

### **5. Tính khối lượng phân tử ADN ( M ) :**

Một nu có khối lượng trung bình là 300 đvc . khi biết tổng số nu suy ra

$$M = N \times 300 \text{ đvc}$$

### **6. Tính chiều dài của phân tử ADN ( L ) :**

Phân tử ADN là 1 chuỗi gồm 2 mạch đơn chạy song song và xoắn đều đặn quanh 1 trục . vì vậy chiều dài của ADN là chiều dài của 1 mạch và bằng chiều dài trục của nó . Mỗi mạch có  $\frac{N}{2}$  nuclêôtit, độ dài của 1 nu là  $3,4 \text{ \AA}$

$$L = \frac{N}{2} \cdot 3,4 \text{ \AA}$$

Đơn vị thường dùng :

- 1 micrômet =  $10^4$  angstron (  $\text{ \AA}$  )
- 1 micrômet =  $10^3$  nanômet ( nm )
- 1 mm =  $10^3$  micrômet =  $10^6$  nm =  $10^7 \text{ \AA}$

## **II. Tính số liên kết Hidrô và liên kết Hóa Trị Đ – P**

### **1.Số liên kết Hidrô ( H )**

+ A của mạch này nối với T ở mạch kia bằng 2 liên kết hiđrô

+ G của mạch này nối với X ở mạch kia bằng 3 liên kết hiđrô

Vậy số liên kết hiđrô của gen là :

$$H = 2A + 3G \text{ hoặc } H = 2T + 3X$$

### **2.Số liên kết hoá trị ( HT )**

a) Số liên kết hoá trị nối các nu trên 1 mạch gen :  $\frac{N}{2} - 1$

Trong mỗi mạch đơn của gen , 2 nu nối với nhau bằng 1 lk hoá trị , 3 nu nối nhau bằng 2 lk

hoá trị ...  $\frac{N}{2}$  nu nối nhau bằng  $\frac{N}{2} - 1$

b) Số liên kết hoá trị nối các nu trên 2 mạch gen :  $2\left(\frac{N}{2} - 1\right)$

Do số liên kết hoá trị nối giữa các nu trên 2 mạch của ADN :  $2\left(\frac{N}{2} - 1\right)$

c) Số liên kết hoá trị đường – photphát trong gen (  $HT_{D-P}$  )

Ngoài các liên kết hoá trị nối giữa các nu trong gen thì trong mỗi nu có 1 lk hoá trị gắn thành phần của  $H_3PO_4$  vào thành phần đường . Do đó số liên kết hoá trị Đ – P trong cả ADN là :

$$HT_{D-P} = 2\left(\frac{N}{2} - 1\right) + N = 2(N - 1)$$

### III. BÀI TẬP VẬN DỤNG

Bài tập 1 : Một phân tử ADN có 2100 nu .Trong đó số lượng Nucleotit loại Xitozin là 700 và gấp đôi số lượng Nucleotit loại Guanin. Tính số cặp Nucleotit trong phân tử ADN đó ?

Bài tập 2 : Cho phân tử ADN có tất cả 620 Nucleotit. Số lượng Adenin trên mạch thứ nhất gấp 3 lần số Adenin trên mạch thứ hai. Số Xitozin trên mạch thứ hai bằng một nửa số Xitozin trên mạch thứ nhất. Tính số lượng mỗi loại Nucleotit trên mỗi mạch đơn của phân tử ADN biết rằng có 50 Guanin trên mạch thứ nhất.

Bài tập 3 : Một gen có tất cả 3400 Nucleotit. Trên mạch thứ nhất, số Adenin , Timin, Guanin lần lượt là 305 ; 420 ; 700. Tính số lượng mỗi loại Nucleotit còn lại trên mỗi mạch của gen?

Bài tập 4 : Một gen có 15% Adenin. Tính tỉ lệ % của các loại Nucleotit còn lại trong gen ?

Bài tập 5 : Một gen có tích số tỉ lệ % giữa 2 loại Nucleotit không bổ sung là 4%. Biết rằng số lượng loại Adenin lớn hơn loại Guanin. Tìm tỉ lệ % từng loại Nucleotit của gen?

Bài tập 6 : Trên mạch thứ nhất của gen có 10% Adenin và 30% Timin. Gen đó có 540 Guanin. Tính số Nucleotit của gen ?

Bài tập 7 : Trên mạch thứ nhất của gen có chứa A, T, G, X lần lượt có tỉ lệ là 20% : 40% : 15% : 25%. Tìm tỉ lệ từng loại nuclêôtit của mạch thứ hai và tỉ lệ từng loại Nucleotit của gen nói trên ?

Bài tập 8 : Cho 1 gen có số Nucleotit là N. Lập biểu thức liên hệ giữa chiều dài và khối lượng gen, giữa khối lượng và chu kì xoắn và giữa chiều dài và chu kì xoắn của gen.

Bài tập 9 : Một gen có 80 vòng xoắn. Tính chiều dài và khối lượng của gen đó ?

Bài tập 10 : Mạch đơn thứ nhất của một gen có chiều dài  $0,408(\mu m)$ . Hiệu số giữa số Guanin trên gen với 1 loại Nucleotit nào đó bằng 10% số Nucleotit của gen. Tính số lượng từng loại Nucleotit của gen ?

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

### TUẦN 3: BÀI 2- CƠ CHẾ NHÂN ĐÔI AND

#### I. Mục tiêu:

##### 1. Kiến thức

- Học sinh trình bày được cơ chế nhân đôi AND
- Hiểu được ý nghĩa của cơ chế nhân đôi của AND trong di truyền

##### 2. Kỹ năng

Phân tích, tổng hợp kiến thức

##### 3. Giáo dục

- Lòng yêu thích môn học và giải thích được hiện tượng di truyền

#### II. Phương pháp:



<p>(enzim này bản chất giống như 1 enzim sao chép ngược). Enzim này chỉ tồn tại trong các tế bào gốc, chưa biệt hóa. Ở các tế bào đã biệt hóa, gen tổng hợp enzim này bị khóa, do vậy sau mỗi lần nhân đôi, ADN lại ngắt đi 1 đoạn nhỏ. Điều này làm hạn chế số lần nhân đôi của tế bào, và cũng là 1 cơ chế tự chết của tế bào. 1 vài tế bào bị đột biến làm mở gen này -&gt; không hạn chế phân bào -&gt; phát triển thành ung thư (đây là 1 cơ chế gây ung thư)</p>	<p>Tiến trình có thể hiểu đơn giản là:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>+ Sau khi hình thành chạc sao chép, enzim primase (ARN pol) sẽ tổng hợp 1 đoạn ARN mới.</li> <li>+ ADN pol III nối dài mạch dựa trên đoạn mới đó. Trên mạch 3'-5', nó tổng hợp liên tục, hướng vào chạc sao chép; trên mạch 5'-3' tổng hợp gián đoạn thành các đoạn Okazaki, ngược hướng so với hướng phát triển của chạc sao chép.</li> <li>+ Các đoạn mới này hầu hết sẽ được enzim ADN pol I cắt đi và thay thế bằng 1 đoạn ADN tương ứng.</li> <li>+ Enzim ligaza sẽ nối các đoạn ADN rời lại với nhau (những đoạn Okazaki với đoạn ADN thay thế đoạn mới...)</li> </ul> <p><b>b. Ở sinh vật nhân thực.</b></p> <p>Sự nhân đôi ở sinh vật nhân thực nhìn chung là giống sinh vật nhân sơ.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Ở sinh vật nhân sơ chỉ có 1 điểm khởi đầu sao chép (Ori C), nhưng ở sinh vật nhân thực, do hệ gen lớn, nên có rất nhiều điểm khởi đầu tái bản.</li> <li>- Ở sinh vật nhân thực, hệ enzim tham gia phức tạp hơn so với nhân sơ. Hệ enzim ADN pol có nhiều loại alpha, beta, gama... và cơ chế hoạt động phức tạp hơn.</li> <li>- Nhìn chung, tốc độ nhân đôi ở sinh vật nhân sơ lớn hơn ở sinh vật nhân thực.</li> </ul> <p><b>6. Hoàn thiện:</b></p> <p>Ở cả sinh vật nhân sơ và nhân thực luôn có quá trình sửa sai nhờ hệ thống enzim sửa sai luôn rà soát trên phân tử ADN.</p> <p>Phân tử ADN sau khi tổng hợp xong sẽ hình thành cấu trúc ổn định (cuộn xoắn, liên kết với protein...) và độc lập với phân tử ADN mẹ. Quá trình nhân đôi ADN kết thúc thường dẫn tới quá trình phân chia tế bào.</p> <p><b>II. Ý NGHĨA QUÁ TRÌNH NHÂN ĐÔI ADN</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Đảm bảo cho cơ chế nhân đôi của tế bào, thông tin di truyền được truyền từ thế hệ tế bào này sang thế hệ tế bào khác, từ cơ thể này sang cơ thể khác.</li> <li>- Đảm bảo cho sự ổn định về thông tin di truyền của loài</li> </ul>
------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

#### IV. Củng cố:

##### 1. Nguyên tắc bổ sung được thể hiện trong cơ chế tự nhân đôi là :

- A. A liên kết U ; G liên kết X.
- B. A liên kết X ; G liên kết T.
- C. A liên kết T ; G liên kết X.
- D. A liên kết U ; T liên kết A ; G liên kết X ; X liên kết G.

##### 2. Nguyên tắc bán bảo tồn trong cơ chế nhân đôi của AND là :

- A. Hai AND mới được hình thành sau khi nhân đôi, có một AND giống với AND mẹ còn AND kia có cấu trúc đã thay đổi.
- B. Hai AND mới được hình thành sau khi nhân đôi, hoàn toàn giống nhau và giống với AND mẹ ban đầu.
- C. Trong 2 AND mới hình thành, mỗi AND gồm có một mạch cũ và một mạch mới tổng hợp.
- D. Sự nhân đôi xảy ra trên 2 mạch của AND theo hai hướng ngược chiều nhau.

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 4: HỆ THỐNG CÔNG THỨC CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

### I. TÍNH SỐ NUCLÊÔTIT TỰ DO CẦN DÙNG

#### 1. Qua 1 lần tự nhân đôi ( tự sao , tái sinh , tái bản )

+ Khi ADN tự nhân đôi hoàn toàn 2 mạch đều liên kết các nu tự do theo NTBS :  $A_{ADN}$  nối với  $T_{Tự\ do}$  và ngược lại ;  $G_{ADN}$  nối với  $X_{Tự\ do}$  và ngược lại . Vì vậy số nu tự do mỗi loại cần dùng bằng số nu mà loại nó bổ sung

$$A_{td} = T_{td} = A = T ;$$

$$G_{td} = X_{td} = G = X$$

+ Số nu tự do cần dùng bằng số nu của ADN

$$N_{td} = N$$

#### 2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi ( x đợt )

##### + Tính số ADN con

- 1 ADN mẹ qua 1 đợt tự nhân đôi tạo  $2 = 2^1$  ADN con

- 1 ADN mẹ qua 2 đợt tự nhân đôi tạo  $4 = 2^2$  ADN con

- 1 ADN mẹ qua 3 đợt tự nhân đôi tạo  $8 = 2^3$  ADN con

- 1 ADN mẹ qua x đợt tự nhân đôi tạo  $2^x$  ADN con

Vậy :  $Tổng\ số\ ADN\ con = 2^x$

- Dù ở đợt tự nhân đôi nào , trong số ADN con tạo ra từ 1 ADN ban đầu , vẫn có 2 ADN con mà mỗi ADN con này có chứa 1 mạch cũ của ADN mẹ . Vì vậy số ADN con còn lại là có cả 2 mạch cấu thành hoàn toàn từ nu mới của môi trường nội bào .

Số ADN con có 2 mạch đều mới  $= 2^x - 2$

##### + Tính số nu tự do cần dùng :

- Số nu tự do cần dùng thì ADN trải qua x đợt tự nhân đôi bằng tổng số nu sau cùng coup trong các ADN con trừ số nu ban đầu của ADN mẹ

• Tổng số nu sau cùng trong các ADN con :  $N \cdot 2^x$

• Số nu ban đầu của ADN mẹ :  $N$

Vì vậy tổng số nu tự do cần dùng cho 1 ADN qua x đợt tự nhân đôi :

$$\sum N_{td} = N \cdot 2^x - N = N(2^x - 1)$$

Số nu tự do mỗi loại cần dùng là:

$$\sum A_{td} = \sum T_{td} = A(2^x - 1)$$

$$\sum G_{td} = \sum X_{td} = G(2^x - 1)$$

+ Nếu tính số nu tự do của ADN con mà có 2 mạch hoàn toàn mới :

$$\sum N_{td\ hoàn\ toàn\ mới} = N(2^x - 2)$$

$$\sum A_{td\ hoàn\ toàn\ mới} = \sum T_{td} = A(2^x - 2)$$

$$\sum G_{td\ hoàn\ toàn\ mới} = \sum X_{td} = G(2^x - 2)$$

### II. TÍNH SỐ LIÊN KẾT HIĐRÔ ; HOÁ TRỊ Đ- P ĐƯỢC HÌNH THÀNH HOẶC BỊ PHÁ VỠ

#### 1. Qua 1 đợt tự nhân đôi

##### a. Tính số liên kết hiđrô bị phá vỡ và số liên kết hiđrô được hình thành

Khi ADN tự nhân đôi hoàn toàn :

2 mạch ADN tách ra , các liên kết hiđrô giữa 2 mạch đều bị phá vỡ nên số liên kết hiđrô bị phá vỡ bằng số liên kết hiđrô của ADN

$$H \text{ bị đứt} = H_{ADN}$$

- Mỗi mạch ADN đều nối các nu tự do theo NTBS bằng các liên kết hiđrô nên số liên kết hiđrô được hình thành là tổng số liên kết hiđrô của 2 ADN con

$$H \text{ hình thành} = 2 \cdot H_{ADN}$$

**b. Số liên kết hoá trị được hình thành :**

Trong quá trình tự nhân đôi của ADN , liên kết hoá trị Đ – P nối các nu trong mỗi mạch của ADN không bị phá vỡ . Nhưng các nu tự do đến bổ sung thì được nối với nhau bằng liên kết hoá trị để hình thành 2 mạch mới

Vì vậy số liên kết hoá trị được hình thành bằng số liên kết hoá trị nối các nu với nhau trong 2 mạch của ADN

$$HT \text{ được hình thành} = 2 \left( \frac{N}{2} - 1 \right) = N - 2$$

## **2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi ( x đợt )**

**a. Tính tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ và tổng số liên kết hiđrô hình thành :**

- Tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ :

$$\sum H \text{ bị phá vỡ} = H (2^x - 1)$$

- Tổng số liên kết hiđrô được hình thành :

$$\sum H \text{ hình thành} = H 2^x$$

**b. Tổng số liên kết hoá trị được hình thành :**

Liên kết hoá trị được hình thành là những liên kết hoá trị nối các nu tự do lại thành chuỗi mạch polinuclêôtit mới

Số liên kết hoá trị nối các nu trong mỗi mạch đơn :  $\frac{N}{2} - 1$

Trong tổng số mạch đơn của các ADN con còn có 2 mạch cũ của ADN mẹ được giữ lại

Do đó số mạch mới trong các ADN con là  $2 \cdot 2^x - 2$  , vì vậy tổng số liên kết hoá trị được hình thành là :

$$\sum HT \text{ hình thành} = \left( \frac{N}{2} - 1 \right) (2 \cdot 2^x - 2) = (N-2) (2^x - 1)$$

## **III. BÀI TẬP VẬN DỤNG**

Bài 1 : Trên mạch thứ nhất của gen có tổng số adênin với timin bằng 60% số nuclêôtit của mạch. Trên mạch thứ

hai của gen có hiệu số giữa xitôzin với guanin bằng 10%, tích số giữa adênin với timin bằng 5% số nuclêôtit của mạch (với adênin nhiều hơn timin).

1. Xác định tỉ lệ % từng loại nuclêôtit trên mỗi mạch đơn và của cả gen .
2. Nếu gen trên 3598 liên kết hóa trị. Gen tự sao bốn lần. Xác định :
  - a. Số lượng từng loại nuclêôtit môi trường cung cấp cho gen tự sao.
  - b. Số liên kết hiđrô chứa trong các gen con được tạo ra.

Bài 2 : Trên một mạch của gen có từng loại nuclêôtit như sau:

$$A = 15\%, T = 20\%, G = 30\%, X = 420 \text{ nuclêôtit}$$

Gen nhân đôi một số đợt và đã nhận của môi trường 2940 timin

1. Tính số lượng từng loại nuclêôtit trên mỗi mạch gen và của cả gen.
2. Tính số lượng từng loại nuclêôtit môi trường cung cấp cho gen nhân đôi.



Bài 3 : Một gen chứa 1498 liên kết hoá trị giữa các nuclêôtit. Gen tiến hành nhân đôi ba lần và đã sử dụng của môi trường 3150 nuclêôtit loại adenin.

Xác định :

1. Chiều dài và số lượng từng loại nuclêôtit của gen
2. Số lượng từng loại nuclêôtit môi trường cung cấp, số liên kết hydro bị phá vỡ và số liên kết hoá trị được hình thành trong quá trình nhân đôi của gen

Bài 4 : Một gen có 60 vòng xoắn và có chứa 1450 liên kết hydro. Trên mạch thứ nhất của gen có 15% adenin và 25% xitôzin. Khi gen nhân đôi 5 lần liên tiếp Xác định :

1. Số lượng và tỉ lệ từng loại nuclêôtit của gen;
2. Số lượng và tỉ lệ từng loại nuclêôtit của gen trên mỗi mạch gen;
3. Số liên kết hoá trị của gen được hình thành trong quá trình nhân đôi của gen
4. Số nu từng loại môi trường cung cấp cho gen nhân đôi

Bài 5: Một gen dài 4080 Å và có 3060 liên kết hydro.

1. Tìm số lượng từng loại nuclêôtit của gen.
2. Trên mạch thứ nhất của gen có tổng số giữa xitôzin với timin bằng 720, hiệu số giữa xitôzin với timin bằng 120 nuclêôtit. Tính số lượng từng loại nuclêôtit trên mỗi mạch đơn của gen.
3. Gen thứ hai có cùng số liên kết hydro với gen thứ nhất nhưng ít hơn gen thứ nhất bốn vòng xoắn.

Xác định số lượng từng loại nuclêôtit của gen thứ hai.

Khi gen 1 nhân đôi 3 lần, gen hai nhân đôi 6 lần môi trường nội bào cung cấp bao nhiêu nu môi loại cho quá trình nhân đôi của mỗi gen.

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 5: ÔN TẬP KIỂM TRA CHUYÊN ĐỀ AND

### I. Ôn tập:

#### 1. Cấu trúc và chức năng AND

#### 2. Cơ chế nhân đôi AND

### II. Kiểm tra: 60'

#### I. Trắc nghiệm.

1. Chất nào sau đây được cấu tạo từ các nguyên tố hoá học C,H,O,N,P?  
a. Prôtêin    **b. axit nucleic**    c. photpholipit    d. Axit béo
2. Axit nucleic bao gồm những chất nào sau đây ?  
**a. ADN và ARN**    b. Prôtêin và ADN    c. ARN và Prôtêin    d. ADN và lipit
3. Đặc điểm chung của ADN và ARN là :  
a. Đều có cấu trúc một mạch    c. Đều được cấu tạo từ các đơn phân axit amin  
b. Đều có cấu trúc hai mạch    **d. Đều có những phân tử và có cấu tạo đa phân**
4. Đơn phân cấu tạo của phân tử ADN là :  
a. Axit amin    b. Plinuclêôtit    **c. Nuclêôtit**    d. Ribonuclêôtit
5. Các thành phần cấu tạo của mỗi Nuclêôtit là :  
a. Đường, axit và Prôtêin    c. Axit, Prôtêin và lipit  
**b. Đường, bazơ nitơ và axit**    d. Lipit, đường và Prôtêin
6. Axit có trong cấu trúc đơn phân của ADN là :  
**a. Axit photphoric**    b. Axit sunfuric    c. Axit clohidric    d. Axit Nitric
7. Đường tham gia cấu tạo phân tử ADN là :  
a. Glucôzơ    b. Xenlulôzơ    **c. Đêôxiribôzơ**    d. Saccarôzơ
8. ADN được cấu tạo từ bao nhiêu loại đơn phân ?

- a. 3 loại      **b. 4 loại**      c. 5 loại      d. 6 loại
9. Các loại Nuclêôtit trong phân tử ADN là :
- a. Adênin, uraxin, timin và guanin      c. **Guanin, xi tôzin, timin và Adênin**  
b. Uraxin, timin, Adênin, xi tôzin và guanin      d. Uraxin, timin, xi tôzin và Adênin
10. Đặc điểm cấu tạo của phân tử ADN là :
- a. Có một mạch pôlinuclêôtit      c. Có ba mạch pôlinuclêôtit  
**b. Có hai mạch pôlinuclêôtit**      d. Có một hay nhiều mạch pôlinuclêôtit
11. Giữa các Nuclêôtit kế tiếp nhau trong cùng một mạch của ADN xuất hiện liên kết hoá học nối giữa :
- a. Đường và axit**      b. axit và bazơ      c. Bazơ và đường      d. Đường và đường
12. Các đơn phân của phân tử ADN phân biệt với nhau bởi thành phần nào sau đây?
- a. Số nhóm -OH trong phân tử đường      c. Góc photphat trong axit photphoric  
**b. Bazơ nito**      d. Cả 3 thành phần nêu trên
13. Giữa các nuclêôtit trên 2 mạch của phân tử ADN có :
- a. G liên kết với X bằng 2 liên kết hiđrô      b. A liên kết với T bằng 3 liên kết hiđrô  
**c. Các liên kết hiđrô theo nguyên tắc bổ sung**      d. Cả a, b, c đều đúng
14. Chức năng của ADN là :
- a. Cung cấp năng lượng cho hoạt động tế bào  
**b. Bảo quản và truyền đạt thông tin di truyền**  
c. Trực tiếp tổng hợp Prôtêin  
d. Là thành phần cấu tạo của màng tế bào
15. Trong phân tử ADN, liên kết hiđrô có tác dụng
- a. Liên kết giữa đường với axit trên mỗi mạch  
b. Nối giữa đường và bazơ trên 2 mạch lại với nhau  
c. Tạo tính đặc thù cho phân tử ADN  
**d. Liên kết 2 mạch Polinuclêôtit lại với nhau**
19. Đặc điểm cấu tạo của ARN khác với ADN là :
- a. Đại phân tử, có cấu trúc đa phân      b. Có liên kết hiđrô giữa các nuclêôtit  
**c. Có cấu trúc một mạch**      d. Được cấu tạo từ nhiều đơn phân
20. Loại bazơ ni tơ nào sau đây chỉ có trong ARN mà không có trong ADN?
- a. Ađênin      **b. Uraxin**      c. Guanin      d. Xitôzin
21. Loại đường tham gia cấu tạo đơn phân của ARN là (I) và công thức của nó là (II)  
Số(I) và số (II) lần lượt là :
- a. Đêôxiribôzơ: C<sub>5</sub>H<sub>10</sub>O<sub>4</sub>      b. Glucôzơ: C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>  
c. Fructôzơ C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>      d. Ribôzơ C<sub>5</sub>H<sub>10</sub>O<sub>6</sub>
22. Số loại ARN trong tế bào là :
- a. 2 loại      **b. 3 loại**      c. 4 loại      d. 5 loại
23. Nếu so với đường cấu tạo ADN thì phân tử đường cấu tạo ARN
- a. Nhiều hơn một nguyên tử ôxi**      b. ít hơn một nguyên tử ôxi  
c. Nhiều hơn một nguyên tử cacbon      d. ít hơn một nguyên tử cacbon
24. Đơn phân cấu tạo của phân tử ARN có 3 thành phần là :
- a. Đường có 6C, axit photphoric và bazơ ni tơ      b. Đường có 5C, axit photphoric và liên kết hoá học  
c. Axit photphoric, bazơ ni tơ và liên kết hoá học      **d. Đường có 5C, axit photphoric và bazơ ni tơ**
25. Chất có công thức sau đây chứa trong thành phần cấu tạo của ARN là :
- a. C<sub>5</sub>H<sub>15</sub>O<sub>4</sub>      b. C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>      c. C<sub>2</sub>H<sub>5</sub>OH      d. C<sub>5</sub>H<sub>10</sub>O<sub>5</sub>

## II. Tự luận:

Bài tập 1 : Một gen dài  $0,255(\mu\text{m})$  có số Nucleotit loại Xitôzin là 150.

- 1) Tính khối lượng và số vòng xoắn của gen ?

2) Xác định số lượng và tỉ lệ mỗi loại Nucleotit ?

3) Trên mạch thứ nhất của gen có số Timin là 450 và số Guanin là 30. Tính số Nucleotit từng loại mỗi mạch ?

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 6: BÀI 2 – CẤU TRÚC VÀ CHỨC NĂNG ARN

### I. Mục tiêu:

#### 1. Kiến thức

- Học sinh trình bày được cấu trúc ARN
- Hiểu được chức năng của ARN trong di truyền

#### 2. Kỹ năng

Phân tích, tổng hợp kiến thức

#### 3. Giáo dục

- Lòng yêu thích môn học và giải thích được hiện tượng di truyền

### II. Phương pháp:

Phân tích, khái quát và tổng hợp kiến thức

### III. Tiến trình bài giảng

Hoạt động thầy - trò	Nội dung ghi bảng
	<p><b>I. CẤU TRÚC ARN</b></p> <p><b>1. Cấu trúc chung</b></p> <p>- ARN (axit ribonucleic) là 1 loại axit nucleic (như ADN), cấu tạo từ các nguyên tố C, H, O, N, P. ARN là 1 đại phân tử, cấu tạo theo nguyên tắc đơn phân mà các đơn phân là các ribonucleotit (riboNu).</p> <p><b>2. Cấu trúc cụ thể 1 riboNu:</b></p> <p>Gồm 3 thành phần:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Đường ribozơ <math>C_5H_{10}O_5</math>.</li><li>- Nhóm photphat</li><li>- Bazơ nitơ gồm 4 loại A, U, G, X (khác với ADN)</li></ul> <p>Liên kết tạo mạch ARN giống ở ADN.</p> <p><b>3. Các loại ARN:</b></p> <p>Có rất nhiều loại ARN khác nhau, nhưng tiêu biểu và hay gặp là:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- mARN: ARN thông tin: mang thông tin mã hóa cho a.a</li><li>- tARN: ARN vận chuyển: mang a.a tham gia quá trình dịch mã.</li><li>- rARN: ARN riboxom: tham gia cấu trúc ribxom.</li></ul> <p>Ngoài ra còn có ARN mạch đơn, kép là vật chất di truyền ở virus, nhiều phân tử ARN rất nhỏ có chức năng điều hoà, ARN có chức năng như 1 enzym (ribozim)</p> <p>Mỗi loại ARN có cấu trúc, thời gian tồn tại trong tế bào khác nhau phù hợp với chức năng.</p> <p><b>II. CHỨC NĂNG ARN</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- mARN truyền thông tin di truyền từ ADN đến ribôxôm để tổng hợp prôtêin.</li><li>- tARN vận chuyển axit amin đến ribôxôm.</li></ul>

-rARN cùng với prôtêin cấu tạo nên ribôxôm là nơi tổng hợp nên prôtêin.

#### IV. Củng cố

So sánh cấu trúc của AND và ARN

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

### TUẦN 7: HỆ THỐNG CÔNG THỨC VỀ CẤU TRÚC ARN

#### I. TÍNH SỐ RIBÔNUCLÊÔTIT CỦA ARN :

- ARN thường gồm 4 loại ribônu : A , U , G , X và được tổng hợp từ 1 mạch ADN theo NTBS . Vì vậy số ribônu của ARN bằng số nu 1 mạch của ADN

$$rN = rA + rU + rG + rX = \frac{N}{2}$$

- Trong ARN A và U cũng như G và X không liên kết bổ sung nên không nhất thiết phải bằng nhau . Sự bổ sung chỉ có giữa A, U, G, X của ARN lần lượt với T, A, X, G của mạch gốc ADN . Vì vậy số ribônu mỗi loại của ARN bằng số nu bổ sung ở mạch gốc ADN .

$$rA = T \text{ gốc} ; rU = A \text{ gốc}$$

$$rG = X \text{ gốc} ; rX = G \text{ gốc}$$

\* **Chú ý :** Ngược lại , số lượng và tỉ lệ % từng loại nu của ADN được tính như sau :

+ Số lượng :

+ Tỉ lệ % :

$$A = T = rA + rU$$

$$G = X = rR + rX$$

$$\% A = \% T = \frac{\%rA + \%rU}{2}$$

$$\% G = \% X = \frac{\%rG + \%rX}{2}$$

#### II. TÍNH KHỐI LƯỢNG PHÂN TỬ ARN ( $M_{ARN}$ )

Một ribônu có khối lượng trung bình là 300 đvc , nên:

$$M_{ARN} = rN . 300\text{đvc} = \frac{N}{2} . 300 \text{ đvc}$$

#### III. TÍNH CHIỀU DÀI VÀ SỐ LIÊN KẾT HOÁ TRỊ Đ – P CỦA ARN

##### 1 Tính chiều dài :

- ARN gồm có mạch rN ribônu với độ dài 1 nu là 3,4 Å<sup>0</sup> . Vì vậy chiều dài ARN bằng chiều dài ADN tổng hợp nên ARN đó

$$\text{- Vì vậy } L_{ADN} = L_{ARN} = rN . 3,4\text{Å}^0 = \frac{N}{2} . 3,4 \text{ Å}^0$$

##### 2 . Tính số liên kết hoá trị Đ – P:

+ Trong chuỗi mạch ARN : 2 ribônu nối nhau bằng 1 liên kết hoá trị , 3 ribônu nối nhau bằng 2 liên kết hoá trị ...Do đó số liên kết hoá trị nối các ribônu trong mạch ARN là rN – 1

+ Trong mỗi ribônu có 1 liên kết hoá trị gắn thành phần axit H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub> vào thành phần đường . Do đó số liên kết hóa trị loại này có trong rN ribônu là rN

$$\text{Vậy số liên kết hoá trị Đ – P của ARN : } HT_{ARN} = rN - 1 + rN = 2 . rN - 1$$

#### IV. BÀI TẬP VẬN DỤNG

Bài 1: Hai đoạn ARN chứa

- ARN thứ nhất dài 0,51 μm và có tỉ lệ từng loại ribonucleôti như sau : A : T : G : X = 1 : 2 : 3 : 4

- ARN thứ hai dài bằng phân nửa chiều dài của gen thứ nhất và có số lượng ribonucleôtit từng loại như sau:

$A = T/2 = G/3 = X/4$  Hãy xác định :

1. Chiều dài và khối lượng của mỗi ARN
2. Tính số ribonu từng loại trên mỗi ARN
3. Số liên kết hydrô và số liên kết hóa trị của mỗi ARN

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 7: BÀI 4 – CƠ CHẾ PHIÊN MÃ ( SAO MÃ – TỔNG HỢP ARN)

### I.Mục tiêu:

#### 1.Kiến thức

- Học sinh trình bày được cơ chế phiên mã tạo ARN
- Hiểu được ý nghĩa của các ARN trong di truyền

#### 2.Kỹ năng

Phân tích, tổng hợp kiến thức

#### 3.Giáo dục

- Lòng yêu thích môn học và giải thích được hiện tượng di truyền

### II.Phương pháp:

Phân tích, khái quát và tổng hợp kiến thức

### III. Tiến trình bài giảng

Hoạt động thầy - trò	Nội dung ghi bảng
<p>Việc ARN pol nhận biết điểm khởi đầu phiên mã của 1 gen là cực kì quan trọng đối với sự phiên mã của gen. 1 khi ARN pol đã bám vào ADN, gần như chắc chắn nó sẽ phiên mã. ARN pol thì luôn rà soát dọc sợi ADN, trong khi gen thì có gen được phiên mã nhiều, gen phiên mã ít. Căn bản của sự khác nhau này là ở cái gọi là ái lực của gen đối với ARN pol. Ái lực càng cao, gen càng có nhiều ARN pol chạy qua, càng nhiều phân tử protein được tổng hợp. Ái lực này phụ thuộc vào hàng loạt protein, và đặc biệt là trình tự ở vùng điều hòa của gen.</p> <p>Việc cắt bỏ intron khá phức tạp. Cần có những</p>	<p><b>I. QUÁ TRÌNH PHIÊN MÃ</b></p> <p><b>1. Khái niệm:</b> Là quá trình truyền thông tin di truyền từ phân tử ADN mạch kép sang ARN mạch đơn (sgk Sinh 12 nâng cao). Quá trình này có nhiều tên gọi: phiên mã, tổng hợp ARN, sao mã... Định nghĩa như vậy <b>không có nghĩa rằng</b> tất cả các đoạn ADN đều sẽ được phiên mã trở thành ARN. Chỉ có gen (định nghĩa phía trên) mới được phiên mã. Quá trình phiên mã chỉ xảy ra trên 1 mạch của gen, mạch này được gọi là mạch gốc.</p> <p><b>2. Yếu tố tham gia</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Enzim: cần nhiều enzim khác nhau, và các yếu tố trợ giúp. Vai trò chính là của ARN polymeraza (ARN pol)</li> <li>- Khuôn: 1 mạch của ADN. Chiều tổng hợp mạch mới từ 5'-3'.</li> <li>- Nguyên liệu: Các riboNu và nguồn cung cấp năng lượng (ATP, UTP, GTP...)</li> </ul> <p><b>3. Diễn biến</b></p> <p><b>a. Mở đầu:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- ARN pol nhận biết điểm khởi đầu phiên mã.</li> <li>- ADN tháo xoắn, tách mạch tại vị trí khởi đầu phiên mã.</li> <li>- Các riboNu tới vị trí ADN tách mạch, liên kết với ADN mạch khuôn theo nguyên tắc bổ sung, cụ thể: A (ADN) liên kết với U môi trường (mt)</li> </ul>

<p>đoạn trình tự đặc biệt để phức hệ cắt intron có thể nhận biết được. Do vậy, nếu có đột biến xảy ra làm thay đổi trình tự này, khiến phức hệ cắt intron không nhận ra intron, không cắt intron, đều có thể dẫn đến thay đổi cấu trúc protein. Vì vậy, không hoàn toàn đúng khi nói rằng đột biến ở intron là không gây hại.</p> <p>Sau khi cắt intron, việc sắp xếp lại các exon cũng là vấn đề. Sự sắp xếp khác nhau có thể dẫn đến các phân tử mRNA trưởng thành khác nhau, và đương nhiên là quy định các protein khác nhau. Đây là 1 hiện tượng được thấy đối với gen quy định tổng hợp kháng thể ở người. Vì vậy, chỉ 1 lượng rất nhỏ gen nhưng có thể tổng hợp rất nhiều loại kháng thể khác nhau.</p> <p>Trên thực tế, ở sinh vật nhân sơ, quá trình phiên mã (tổng hợp mRNA) và quá trình dịch mã (tổng hợp protein) gần như xảy ra đồng thời.</p>	<p>T (ADN) liên kết với A mt G (ADN) liên kết với X mt X (ADN) liên kết với G mt - Hình thành liên kết photphodiester giữa các riboNu -&gt; tạo mạch.</p> <p><b>b. Kéo dài:</b> - ARN pol di chuyển trên mạch gốc theo chiều 3'-5', cứ như thế, các riboNu liên kết tạo thành phân tử ARN. - ARN tách dần khỏi mạch ADN, 2 mạch ADN sau khi ARN pol đi qua lại liên kết trở lại.</p> <p><b>c. Kết thúc:</b> Nhờ tín hiệu kết thúc, ARN pol kết thúc việc tổng hợp ARN, rời khỏi ADN. Phân tử ARN được tạo ra ở sinh vật nhân sơ, qua 1 vài sơ chế nhỏ có thể làm khuôn để tổng hợp protein. Còn ở sinh vật nhân thực, do gen là gen phân mảnh (có xen kẽ exon và intron), nên phân tử ARN được tạo ra có cả đoạn tương ứng intron, exon. Phân tử này được gọi là tiền mRNA. Tiền mRNA sẽ được cắt bỏ các intron để tạo thành phân tử mRNA trưởng thành. Phân tử mRNA trưởng thành này mới làm khuôn tổng hợp protein. Ở sinh vật nhân thực, hệ enzym phức tạp hơn, có nhiều loại ARN pol tổng hợp từng loại mRNA, tARN, rARN. <b>Lưu ý:</b> Khi nói quá trình phiên mã xảy ra theo chiều 5'-3' mạch mới, hay trên mạch khuôn là 3'-5' <b>không có nghĩa rằng</b> mạch 3'-5' của ADN luôn là mạch khuôn. Phân tử ARN pol hoạt động tại đơn vị là gen. Nếu ADN có mạch 1 và 2, có thể đối với gen này, mạch gốc là mạch 1, còn gen kia thì mạch gốc lại là mạch 2.</p> <p><b>II. Ý NGHĨA CỦA QUÁ TRÌNH PHIÊN MÃ</b> <b>Kết quả:</b> 1 đoạn phân tử ADN tổng hợp được một phân tử ARN. - <b>Ý nghĩa:</b> Hình thành ARN trực tiếp tham gia quá trình tổng hợp protein quy định tính trạng.</p>
--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

#### IV. Củng cố:

##### 1. Nguyên tắc bổ sung được thể hiện trong cơ chế dịch mã là :

- A. A liên kết U ; T liên kết A ; G liên kết X ; X liên kết G.
- B. A liên kết X ; G liên kết T.
- C. A liên kết U ; G liên kết X.
- D. A liên kết T ; G liên kết X.

##### 2. Nguyên tắc bổ sung được thể hiện trong cơ chế phiên mã là :

- A. A liên kết U ; T liên kết A ; G liên kết X ; X liên kết G.
- B. A liên kết X ; G liên kết T.

- C. A liên kết U ; G liên kết X.  
 D. A liên kết T ; G liên kết X.

Ngày soạn:.....

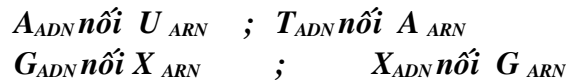
Ngày giảng:.....

## TUẦN 8: HỆ THỐNG CÔNG THỨC CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

### I. TÍNH SỐ RIBÔNUCLÊOTIT TỰ DO CẦN DÙNG

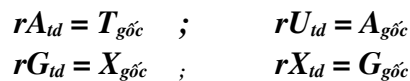
#### 1. Qua 1 lần sao mã :

Khi tổng hợp ARN , chỉ mạch gốc của ADN làm khuôn mẫu liên các ribônu tự do theo NTBS :



Vì vậy :

+ Số ribônu tự do mỗi loại cần dùng bằng số nu loại mà nó bổ sung trên mạch gốc của ADN



+ Số ribônu tự do các loại cần dùng bằng số nu của 1 mạch ADN

$$rN_{td} = \frac{N}{2}$$

#### 2. Qua nhiều lần sao mã ( k lần )

Mỗi lần sao mã tạo nên 1 phân tử ARN nên số phân tử ARN sinh ra từ 1 gen bằng số lần sao mã của gen đó .

$$\text{Số phân tử ARN} = \text{Số lần sao mã} = K$$

+ Số ribônu tự do cần dùng là số ribônu cấu thành các phân tử ARN . Vì vậy qua K lần sao mã tạo thành các phân tử ARN thì tổng số ribônu tự do cần dùng là:

$$\sum rN_{td} = K \cdot rN$$

+ Suy luận tương tự , số ribônu tự do mỗi loại cần dùng là :

$$\begin{array}{l} \sum rA_{td} = K \cdot rA = K \cdot T_{gốc} \quad ; \quad \sum rU_{td} = K \cdot rU = K \cdot A_{gốc} \\ \sum rG_{td} = K \cdot rG = K \cdot X_{gốc} \quad ; \quad \sum rX_{td} = K \cdot rX = K \cdot G_{gốc} \end{array}$$

\* Chú ý : Khi biết số ribônu tự do cần dùng của 1 loại : + Muốn xác định mạch khuôn mẫu và số lần sao mã thì chia số ribônu đó cho số nu loại bổ sung ở mạch 1 và mạch 2 của ADN => Số lần sao mã phải là ước số giữa số ribônu đó và số nu loại bổ sung ở mạch khuôn mẫu .

+ Trong trường hợp căn cứ vào 1 loại ribônu tự do cần dùng mà chưa đủ xác định mạch gốc , cần có số ribônu tự do loại khác thì số lần sao mã phải là ước số chung giữa số ribônu tự do mỗi loại cần dùng với số nu loại bổ sung của mạch gốc

### II. TÍNH SỐ LIÊN KẾT HIĐRÔ VÀ LIÊN KẾT HOÁ TRỊ Đ - P :

#### 1. Qua 1 lần sao mã :

a. Số liên kết hidro :

$$\begin{array}{l} H \text{ đứt} = H_{ADN} \\ H \text{ hình thành} = H_{ADN} \\ \Rightarrow H \text{ đứt} = H \text{ hình thành} = H_{ADN} \end{array}$$

b. Số liên kết hoá trị :

$$HT \text{ hình thành} = rN - 1$$

## 2. Qua nhiều lần sao mã ( K lần ) :

a. Tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ

$$\sum H \text{ phá vỡ} = K \cdot H$$

b. Tổng số liên kết hoá trị hình thành :  $\sum HT \text{ hình thành} = K ( rN - 1 )$

## III. TÍNH THỜI GIAN SAO MÃ :

\* **Tốc độ sao mã** : Số ribônu được tiếp nhận và liên kết nhau trong 1 giây .

\***Thời gian sao mã** :

- **Đối với mỗi lần sao mã** : là thời gian để mạch gốc của gen tiếp nhận và liên kết các ribônu tự do thành các phân tử ARN

+ Khi biết thời gian để tiếp nhận 1 ribônu là dt thì thời gian sao mã là :

$$TG \text{ sao mã} = dt \cdot rN$$

+ Khi biết tốc độ sao mã ( mỗi giây liên kết được bao nhiêu ribônu ) thì thời gian sao mã là :

$$TG \text{ sao mã} = rN : \text{tốc độ sao mã}$$

- Đối với nhiều lần sao mã ( K lần ) :

+ Nếu thời gian chuyển tiếp giữa 2 lần sao mã mà không đáng kể thì thời gian sao mã nhiều lần là :

$$TG \text{ sao mã nhiều lần} = K \text{ TG sao mã 1 lần}$$

+ Nếu TG chuyển tiếp giữa 2 lần sao mã liên tiếp đáng kể là  $\Delta t$  thì thời gian sao mã nhiều lần là :

$$TG \text{ sao mã nhiều lần} = K \text{ TG sao mã 1 lần} + (K-1) \Delta t$$

## III. BÀI TẬP VẬN DỤNG

**Bài tập 1** : Trên mạch thứ nhất của gen có chứa A, T, G, X lần lượt có tỉ lệ là 20% : 40% : 15% : 25%. Tìm tỉ lệ từng loại nucleotit của **mARN được tổng hợp từ mạch bổ sung của mạch gen trên?**

**Bài tập 2** : Một gen có 80 vòng xoắn. Tính chiều dài và khối lượng **mARN được tổng hợp từ gen đó ?**

**Bài tập 3** : Mạch đơn thứ nhất của một gen có chiều dài  $0,408(\mu m)$ . Hiệu số giữa số Guanin trên gen với 1 loại Nucleotit nào đó bằng 10% số Nucleotit của gen. Tính số lượng từng loại Nucleotit của gen ? **Tính số nu từng loại của ARN được tổng hợp từ gen trên**

**Bài tập 4** : Một gen dài  $0,255(\mu m)$  có số Nucleotit loại Xitozin là 150.

1) Tính khối lượng và số vòng xoắn của gen ?

2) Xác định số lượng và tỉ lệ mỗi loại Nucleotit ?

3) Trên mạch thứ nhất của gen có số Timin là 450 và số Guanin là 30.

Tính số Nucleotit từng loại

4) **Khi gen sao mã 5 lần môi trường nội bào cung cấp bao nhiêu nu mỗi loại?**

**Bài tập 5** : Một ARN có 5998 liên kết hoá trị và 4050 liên kết Hidro. Tính số lượng từng loại Nucleotit trên ARN

**Bài tập 6** : Cho phân tử ADN có tất cả 620 Nucleotit. Số lượng Adenin trên mạch thứ nhất gấp 3 lần số Adenin trên mạch thứ hai. Số Xitozin trên mạch thứ hai bằng một nửa số Xitozin trên mạch thứ nhất.

1. Tính số lượng mỗi loại Nucleotit trên mỗi mạch đơn của phân tử ADN biết rằng có 50 Guanin trên mạch thứ nhất.

2. **Khi gen sao mã 3 lần môi trường nội bào cung cấp bao nhiêu nu mỗi loại?**



Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 9: MÃ DI TRUYỀN VÀ CƠ CHẾ DỊCH MÃ

### I. Mục tiêu

1. **Kiến thức:** Sau khi học xong bài học sinh cần phải:

- Nêu được khái niệm và các đặc điểm chung của mã di truyền.
- Trình bày được cơ chế dịch mã

2. **Kĩ năng:**

- Rèn kĩ năng tư duy, phân tích, tổng hợp và khái quát hóa.
- Phát triển năng lực suy luận logic của học sinh.

3. **Thái độ:**

- HS có quan niệm đúng về tính vật chất của hiện tượng di truyền.

### II. Thiết bị dạy học

- Hình 2.1 - 2.4 SGK. Sơ đồ khái quát quá trình dịch mã. Sơ đồ động cơ chế dịch mã.
- Máy chiếu, máy tính và phiếu học tập.

### III. Phương pháp

- Dạy học nêu vấn đề kết hợp phương tiện trực quan với hỏi đáp tìm tòi và hoạt động nhóm.

### IV. Tiến trình tổ chức bài học

1. **Ôn định tổ chức lớp:**

2. **Kiểm tra bài cũ:**

- Nguyên tắc bổ sung và bán bảo toàn thể hiện như thế nào trong cơ chế tự sao của ADN?

3. **Bài mới:** ADN - gen mang thông tin di truyền dưới dạng các mã bộ 3. Thông tin di truyền là thông tin về cấu trúc phân tử Protein tương ứng. Vậy làm thế nào mà phân tử Protein được tổng hợp và thể hiện chức năng của mình?

Hoạt động của thầy và trò	Nội dung
<p><b>Hoạt động 1: Tìm hiểu mã di truyền</b> <b>HS: Mục II, bảng 1 - Bảng mã di truyền SGK SGK</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Mã di truyền là gì?</li><li>- Tại sao mã di truyền là mã bộ ba?</li><li>+ ADN chỉ có 4 loại Nu, Pr lại có 20 loại aa</li><li>+ Nếu 1 Nu mã hoá 1 aa thì có <math>4^1 = 4</math> tổ hợp chưa đủ để mã hoá cho 20 aa.</li><li>+ Nếu 2 Nu mã hoá 1 aa thì có <math>4^2 = 16</math> tổ hợp chưa đủ để mã hoá cho 20 aa.</li><li>+ Nếu 3 Nu mã hoá 1 aa thì có <math>4^3 = 64</math> tổ hợp, đủ để mã hoá cho 20 aa.</li><li>- Mã di truyền có những đặc điểm gì ?</li></ul>	<p><b>I. Mã di truyền</b></p> <p><b>1. Khái niệm</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Mã di truyền: Trình tự các Nu trong gen quy định trình tự các aa trong phân tử prôtêin</li></ul> <p><b>2. Đặc điểm</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Mã di truyền là mã bộ ba: 3 Nu kế tiếp nhau trên mạch gốc của gen mã hoá cho 1 aa hoặc làm nhiệm vụ kết thúc sự tổng chuỗi Polipeptit.</li><li>- Mã di truyền được đọc theo 1 chiều từ 5' → 3'</li><li>- Mã di truyền được đọc liên tục theo từng cụm 3 Nu, các bộ ba không gối lên nhau.</li><li>- Mã di truyền là đặc hiệu, không 1 bộ ba nào mã hoá đồng thời 2 hoặc 1 số aa khác nhau</li></ul>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Mã di truyền có tính thoái hoá: mỗi aa được mã hoá bởi 1 số bộ ba khác nhau.</li> <li>- Mã di truyền có tính phổ biến: Các loài sinh vật đều có một bộ mã di truyền.</li> </ul>
<p><b>Hoạt động 2: Tìm hiểu về cơ chế dịch mã</b></p> <p>HS: - Sơ đồ động quá trình dịch mã          - Hình 2.3 - Sơ đồ cơ chế dịch mã          → Thảo luận</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Thành phần tham gia dịch mã?</li> <li>- aa được hoạt hoá nhờ gắn với chất nào?</li> <li>- Mục đích của việc gắn aa hoạt hoá với tARN?</li> </ul> <p>- Vị trí tiếp xúc, gắn mARN với Ribosom?</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Diễn biến giải mã, liên kết đặc trưng?</li> <li>- Sự chuyển vị Ribosom kết thúc khi nào?</li> <li>- Hiện tượng xảy ra ở chuỗi polipeptit sau khi đã tổng hợp xong?</li> <li>- Một Ribosom trượt hết mARN tổng hợp được bao nhiêu phân tử prôtêin?</li> </ul>	<p><b>II. Dịch mã</b></p> <p><b>1. Hoạt hoá a.a</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- aa tự do gắn với ATP → aa hoạt hóa.</li> <li>- aa hoạt hóa liên kết với tARN tương ứng → phức hợp aa - tARN</li> </ul> <p><b>2. Tổng hợp chuỗi polipeptit</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>Mở đầu:</b> mARN tiếp xúc với RBX ở mã mở đầu (AUG), tARN mang aa mở đầu (Met) đến RBX; đối mã của nó khớp với mã của aa mở đầu/mARN theo NTBS</li> <li>- <b>Kéo dài:</b> aa1- tARN tới vị trí bên cạnh, đối mã của nó khớp với mã của aa1 /mARN theo NTBS. Aa1 được giải phóng hình thành liên kết peptit giữa aa1-aa mở đầu.</li> <li>- RBX dịch chuyển 1 bộ ba/mARN, tARN ban đầu rời khỏi RBX. aa2 – tARN đến RBX, đối mã của nó khớp với mã của aa2-tARN theo NTBS, aa2 giải phóng hình thành liên kết peptit với aa1...</li> <li>- <b>Kết thúc:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Sự chuyển vị lại xảy ra đến khi RBX tiếp xúc với mã kết thúc/mARN( UAA, UAG,UGA), tARN cuối cùng rời khỏi RBX, chuỗi polipeptit được giải phóng.</li> <li>- Nhờ enzym đặc hiệu aa mở đầu được tách khỏi chuỗi polipeptit, để chuỗi tiếp tục hình thành cấu trúc bậc cao hơn tạo protein hoàn chỉnh.</li> </ul> </li> <li>* Lưu ý: mARN sử dụng tổng hợp vài chục chuỗi polipeptit rồi tự hủy, còn RBX được sử dụng nhiều lần.</li> <li>- Trong cùng lúc mARN có thể có nhiều RBX (gọi là chuỗi polixom) trượt qua để tổng hợp được nhiều chuỗi polipeptit cùng loại đáp ứng nhu cầu protein của cơ thể.</li> </ul>

**Củng cố:** Phân biệt các bước cơ chế phiên mã và dịch mã

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 10: CẤU TRÚC PRÔTÊIN & CƠ CHẾ TỔNG HỢP PRÔTÊIN

### I. TÍNH SỐ BỘ BA MẬT MÃ - SỐ AXIT AMIN

+ Cứ 3 nu kế tiếp nhau trên mạch gốc của gen hợp thành 1 bộ ba mã gốc, 3 ribônu kế tiếp của mạch ARN thông tin (mARN) hợp thành 1 bộ ba mã sao. Vì số ribônu của mARN bằng với số nu của mạch gốc, nên số bộ ba mã gốc trong gen bằng số bộ ba mã sao trong mARN.

$$\text{Số bộ ba mật mã} = \frac{N}{2.3} = \frac{rN}{3}$$

+ Trong mạch gốc của gen cũng như trong số mã sao của mARN thì có 1 bộ ba mã kết thúc không mã hoá a amin. Các bộ ba còn lại có mã hoá a.amin

$$\text{Số bộ ba có mã hoá a amin (a.amin chuỗi polipeptit)} = \frac{N}{2.3} - 1 = \frac{rN}{3} - 1$$

+ Ngoài mã kết thúc không mã hóa a amin, mã mở đầu tuy có mã hóa a amin, nhưng a amin này bị cắt bỏ không tham gia vào cấu trúc prôtêin

$$\text{Số a amin của phân tử prôtêin (a.amin prô hoàn chỉnh)} = \frac{N}{2.3} - 2 = \frac{rN}{3} - 2$$

### II. TÍNH SỐ LIÊN KẾT PEPTIT

- Số liên kết peptit hình thành = số phân tử H<sub>2</sub>O tạo ra

- Hai a amin nối nhau bằng 1 liên kết péptit, 3 a amin có 2 liên kết peptit .....chuỗi polipeptit có m là a amin thì số liên kết peptit là :

$$\text{Số liên kết peptit} = m - 1$$

### III. TÍNH SỐ CÁCH MÃ HÓA CỦA ARN VÀ SỐ CÁCH SẮP ĐẶT A AMIN TRONG CHUỖI POLIPEPTIT

**Các loại a amin và các bộ ba mã hoá:** Có 20 loại a amin thường gặp trong các phân tử prôtêin như sau :

- |                   |                       |                     |                       |
|-------------------|-----------------------|---------------------|-----------------------|
| 1) Glixêrin : Gly | 2) Alanin : Ala       | 3) Valin : Val      | 4) Lợxin : Leu        |
| 5) Izolợxin : Ile | 6) Xerin : Ser        | 7) Treonin : Thr    | 8) Xistein : Cys      |
| 9) Metionin : Met | 10) A. aspartic : Asp | 11)Asparagin : Asn  | 12) A glutamic : Glu  |
| 13) Glutamin :Gln | 14) Arginin : Arg     | 15) Lizin : Lys     | 16) Phenilalanin :Phe |
| 17) Tirozin: Tyr  | 18) Histidin : His    | 19) Triptofan : Trp | 20) Prôlin : pro      |

### IV. TÍNH SỐ AXIT AMIN TỰ DO CẦN DÙNG :

Trong quá trình giải mã, tổng hợp prôtêin, chỉ bộ ba nào của mARN có mã hoá a amin thì mới được ARN mang a amin đến giải mã.

#### 1) Giải mã tạo thành 1 phân tử prôtêin:

+ Khi ribôxôm chuyển dịch từ đầu này đến đầu nọ của mARN để hình thành chuỗi polipeptit thì số a amin tự do cần dùng được ARN vận chuyển mang đến là để giải mã mở đầu và các mã kế tiếp, mã cuối cùng không được giải. Vì vậy số a amin tự do cần dùng cho mỗi lần tổng hợp chuỗi polipeptit là :

$$\text{Số a amin tự do cần dùng : Số aa}_{td} = \frac{N}{2.3} - 1 = \frac{rN}{3} - 1$$

+ Khi rời khỏi ribôxôm, trong chuỗi polipeptit không còn a amin tương ứng với mã mở đầu. Do đó, số a amin tự do cần dùng để cấu thành phân tử prôtêin (tham gia vào cấu trúc prôtêin để thực hiện chức năng sinh học) là :

**Số a amin tự do cần dùng để cấu thành prôtêin hoàn chỉnh :**

$$\text{Số aa}_p = \frac{N}{2.3} - 2 = \frac{rN}{3} - 2$$

## 2) Giải mã tạo thành nhiều phân tử prôtêin :

Trong quá trình giải mã, tổng hợp prôtêin, mỗi lượt chuyển dịch của ribôxôm trên mARN sẽ tạo thành 1 chuỗi polipeptit.

Có n riboxom chuyển dịch qua mARN và không trở lại là có n lượt trượt của ribôxôm. Do đó số phân tử prôtêin (gồm 1 chuỗi polipeptit) = số lượt trượt của ribôxôm.

Một gen sao mã nhiều lần, tạo nhiều phân tử mARN cùng loại. Mỗi mARN đều có n lượt ribôxôm trượt qua thì quá trình giả mã bởi K phân tử mARN sẽ tạo ra số phân tử prôtêin :

$$\sum \text{số P} = \text{tổng số lượt trượt RB} = \mathbf{K \cdot n}$$

Tổng số axit amin tự do thu được hay huy động vừa để tham gia vào cấu trúc các phần tử protein vừa để tham gia mã mở đầu. Vì vậy :

Tổng số axit amin tự do được dùng cho quá trình giải mã là số axit amin tham gia vào cấu trúc phân tử protein và số axit amin tham gia vào việc giải mã mở đầu (được dùng 1 lần mở mà thôi).

$$\sum \text{aa}_{td} = \text{Số P} \cdot \left( \frac{rN}{3} - 1 \right) = \mathbf{Kn} \left( \frac{rN}{3} - 1 \right)$$

Tổng số a amin tham gia cấu trúc prôtêin để thực hiện chức năng sinh học (không kể a amin mở đầu) :  $\sum \text{aaP} = \text{Số P} \cdot \left( \frac{rN}{3} - 2 \right)$

## V. TÍNH SỐ PHÂN TỬ NƯỚC VÀ SỐ LIÊN KẾT PEPTIT

Trong quá trình giải mã khi chuỗi polipeptit đang hình thành thì cứ 2 axit amin kế tiếp nối nhau bằng liên kết peptit thì đồng thời giải phóng 1 phân tử nước, 3 axit amin nối nhau bằng 2 liên kết peptit, đồng thời giải phóng 2 phân tử nước... Vì vậy :

Số phân tử nước được giải phóng trong quá trình giải mã tạo 1 chuỗi polipeptit là

$$\text{Số phân tử H}_2\text{O giải phóng} = \frac{rN}{3} - 2$$

Tổng số phân tử nước được giải phóng trong quá trình tổng hợp nhiều phân tử protein (mỗi phân tử protein là 1 chuỗi polipeptit).

$$\sum \text{H}_2\text{O giải phóng} = \text{số phân tử prôtêin} \cdot \frac{rN}{3} - 2$$

Khi chuỗi polipeptit rời khỏi riboxom tham gia chức năng sinh học thì axit amin mở đầu tách ra 1 mối liên kết peptit với axit amin đó không còn  $\rightarrow$  số liên kết peptit thực sự tạo lập được là  $\frac{rN}{3} - 3 = \text{số aa}_P - 1$ . vì vậy tổng số liên kết peptit thực sự hình thành trong các phân tử protein là :

$$\sum \text{peptit} = \text{Tổng số phân tử protein} \cdot \left( \frac{rN}{3} - 3 \right) = \text{Số P(số aa}_P - 1)$$

## VI. TÍNH SỐ ARN VẬN CHUYỂN ( tARN)

Trong quá trình tổng hợp protein, tARN mang axit amin đến giải mã. Mỗi lượt giải mã, tARN cung cấp 1 axit amin  $\rightarrow$  một phân tử ARN giải mã bao nhiêu lượt thì cung cấp bấy nhiêu axit amin.

Sự giải mã của tARN có thể không giống nhau : có loại giải mã 3 lần, có loại 2 lần, 1 lần.

- Nếu có x phân tử giải mã 3 lần  $\rightarrow$  số aadó chúng cung cấp là 3x.

y phân tử giải mã 2 lần  $\rightarrow$  ... là 2y.

z phân tử giải mã 1 lần  $\rightarrow$  ... là z

-Vậy tổng số axit amin cần dùng là do các phân tử tARN vận chuyển 3 loại đó cung cấp  $\rightarrow$  phương trình.

$$3x + 2y + z = \sum \text{aa tự do cần dùng}$$

## VII. SỰ DỊCH CHUYỂN CỦA RIBOXOM TRÊN ARN THÔNG TIN

### 1. Vận tốc trượt của riboxom trên mARN

Là độ dài mARN mà riboxom chuyển dịch được trong 1 giây.

Có thể tính vận tốc trượt bằng cách chia chiều dài mARN cho thời gian riboxom trượt từ đầu nó đến đầu kia. (trượt hết mARN)  $v = \frac{l}{t}$  (A<sup>0</sup>/s)

\* Tốc độ giải mã của RB :

- Là số axit amin của chuỗi polipeptit kéo dài trong 1 giây (số bộ ba được giải trong 1 giây) = Số bộ ba mà RB trượt trong 1 giây.

Có thể tính bằng cách chia số bộ ba của mARN cho thời gian RB trượt hết mARN.

**Tốc độ giải mã = số bộ ba của mARN : t**

### 2. Thời gian tổng hợp 1 phân tử protein (phân tử protein gồm 1 chuỗi polipeptit)

- Khi riboxom trượt qua mã kết thúc, rời khỏi mARN thì sự tổng hợp phân tử protein của riboxom đó được xem là hoàn tất. Vì vậy thời gian hình thành 1 phân tử protein cũng là thời gian riboxom trượt hết chiều dài mARN ( từ đầu nọ đến đầu kia ).

$$t = \frac{l}{t}$$

### 3. Thời gian mỗi riboxom trượt qua hết mARN ( kể từ lúc ribôxôm 1 bắt đầu trượt )

Gọi  $\Delta t$  : khoảng thời gian ribôxôm sau trượt chậm hơn ribôxôm trước

- Đối với RB 1 : t
- Đối với RB 2 : t +  $\Delta t$
- Đối với RB 3 : t + 2 $\Delta t$
- Tương tự đối với các RB còn lại

## VIII. TÍNH SỐ A AMIN TỰ DO CẦN DỪNG ĐỐI VỚI CÁC RIBÔXÔM CÒN TIẾP XÚC VỚI mARN

Tổng số a amin tự do cần dùng đối với các riboxom có tiếp xúc với 1 mARN là tổng của các dãy polipeptit mà mỗi riboxom đó giải mã được :

$$\sum a_{id} = a_1 + a_2 + \dots + a_x$$

**Trong đó :** x = số ribôxôm ;  $a_1, a_2 \dots$  = số a amin của chuỗi polipeptit của RB1 , RB2 ....

\* Nếu trong các riboxom cách đều nhau thì số a amin trong chuỗi polipeptit của mỗi riboxom đó lần lượt hơn nhau là 1 hằng số :  $\rightarrow$  số a amin của từng riboxom hợp thành 1 dãy cấp số cộng :

- Số hạng đầu  $a_1$  = số 1 a amin của RB1
- Công sai d = số a amin ở RB sau kém hơn số a amin trước đó .
- Số hạng của dãy x = số riboxom có tiếp xúc mARN ( đang trượt trên mARN )

Tổng số a amin tự do cần dùng là tổng của dãy cấp số cộng đó:

$$S_x = \frac{x}{2} [2a_1 + (x - 1) d]$$

## BÀI TẬP VẬN DỤNG

**Bài 1: Phân tử mARN thứ nhất dài 2773,6 A<sup>0</sup> ; phân tử thứ hai có 881 liên kết photpho dieste dịch mã cần tất cả 1346 axit amin. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1 và 2.**

1. Số lần dịch mã cho mARN thứ nhất và mARN thứ hai lần lượt là:

- A.3 và 1      B.2 và 3      C.1 và 3      D.3 và 2

2.Số liên kết peptit trong các phân tử protein hoàn chỉnh được tổng hợp từ cả hai phân tử mARN là:

- A. 1338 (liên kết)      B. 756 (lk)      C.1686 (lk)      D.1342(lk)

**Bài 2: 1 gen phân mảnh có 1155 cặp N ,các đoạn không mã hóa chiếm tỉ lệ 1/5 so với chiều của gen .Quá trình dịch mã huy động tất cả 7675 lượt tARN . Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1đến 3.**

1. Có bao nhiêu chuỗi polipeptit được tổng hợp?

- A. 1 (chuỗi)      B.5(chuỗi)      C.15(chuỗi)      D.25(chuỗi).

2. Nếu số lần dịch mã của mỗi riboxom đều bằng nhau thì số riboxom tham gia dịch mã và số lượt trượt của mỗi lần lượt là:

- A.1 và 25 hoặc 25 và 1      B. 5 và 5.  
C.1 và 25 hoặc 25 và 1 hoặc 5 và 5      D.3 và 5 hoặc 5 và 3 hoặc 15 và 1

3. Nếu có 3 loại riboxom dịch mã 1 lần ,2 lần ,3 lần có tỉ lệ theo thứ tự 2: 4: 5 . Tổng số riboxom tham gia quá trình là:



C.6237 (axit amin)

D. 12516(axit amin).

**Bài 10.** Gen có 102 chu kì ,phiên mã một lần .Quá trình dịch mã cần được cung cấp tất cả 5085 axit amin .Số riboxom bằng nhau trên mỗi mARN và số lần dịch mã của mỗi riboxom có giá trị lần lượt là.  
A. 3 , 5      B.5 , 3      C. 15 , 1 hoặc 1 ,15      D.A hoặc B hoặc C.



Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 12 CÁC BÀI TẬP DI TRUYỀN TỔNG HỢP

**Bài 1: Số chu kì xoắn của một gen là 96 .Dùng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 4.**

1. Chuỗi polipeptit vừa được tổng hợp từ gen có chiều dài trung bình là:

- A. 960 A<sup>0</sup>      B.957 A<sup>0</sup>      C.954 A<sup>0</sup>      D.1917 A<sup>0</sup>.

2. Khối lượng trung bình của chuỗi polipeptit vừa được tổng hợp là:

- A. 95700 (đvC)      B.957(đvC)  
C. 35200 (đvC)      D.35090 (đvC)

3. Có bao nhiêu liên kết peptit được thành lập khi tổng hợp 1 chuỗi polipeptit .

b Khi riboxom dịch mã 1 lần ,khối lượng nước được giải phóng là:

- A.5724(đvC)      B. 5706 (đvC).  
C.5742(đvC)      D. 5760(đvC).

**Bài 2: Một gen dài 3141,6 A<sup>0</sup> phiên mã 7 lần , mỗi phân tử mARN đều có 6 riboxom dịch mã lặp lại lần**

**2.Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 4.**

1. Có bao nhiêu phân tử protein được tổng hợp ?

- A. 12      B.14      C.42      D.84

2. Số axit amin cần được môi trường cung cấp là :

- A.12894 (axit amin)      B. 25788(axit amin).  
C.25704 (axit amin)      D. 25872(axit amin)

3.Khối lượng p.tử nước được giải phóng trong quá trình phân mã là: A. 464184 (đvC)

B. 465696 (đvC).

- C. 462672 (đvC)      D. 5508 (đvC).

4.Nếu quá trình dịch mã đã giải phóng khối lượng nước là 38556 đvC thì quá trình này cần được cung cấp bao nhiêu axit amin ?

- A.2149 (axit amin)      B. 2143 (axit amin ).  
C.2142 (axit amin)      D. 2141 (axit amin).

**Bài 3: Gen cấu trúc tổng hợp protein hoàn chỉnh chứa 253 axit amin .Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 3.**

1.Gen cấu trúc nói trên có bao nhiêu cặp N?

- A. 1530 (cặp)      B.765 (cặp)      C.762(cặp)      D.1524(cặp).

2.Có bao nhiêu liên kết peptit được thành lập ?

- A. 253      B. 252      C.251      D.254

3. Khối lượng nước được giải phóng khi riboxom dịch mã 1 lần là:

- A. 4518 (đvC)      B.4572(đvC).      C. 4554 (đvC)      D. 4536 (đvC)

**Bài 4:Gen phân mảnh dài 4926,6 A<sup>0</sup> chứa các exon và intron xen kẽ nhau và bắt đầu bằng đoạn exon có số N theo tỉ lệ 2:5:3:6:7 .Gen phiên mã 5 lần ,mỗi mARN đều có 7riboxom dịch mã một lần .Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 3.**

1. Chiều phân tử protein thực hiện được chức năng sinh lí của nó là :

- A. 1443 A<sup>0</sup>      B. 687 A<sup>0</sup>      C.753 A<sup>0</sup>      D. 750 A<sup>0</sup>.

2. Số aa cần được mt cung cấp để thành lập các chuỗi polipeptit ban đầu được bao nhiêu ?

- A.8750(aa)      B.8785 (aa)      C. 8820(aa)      D.8050(aa).

3.K lượng nước được giải phóng trong quá trình dịch mã là:

- A. 4500 (đvC)      B.4142(đvC)      C.157500(đvC)      D.144270(đvC).

**Bài 5: Một gen chứa 3120 liên kết hidro .Quá trình phiên mã của gen cần được cung cấp tất cả 3600 rN thuộc các loại .Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1 đến 2**

1. Gen dài bao nhiêu angstrom ? A.2040 A<sup>0</sup>      B.8160 A<sup>0</sup>      C.4080 A<sup>0</sup>      D.3060 A<sup>0</sup>

2.số liên kết hidro bị hủy qua uqas trình phiên mã nói trên là:

- A. 3120(liên kết)      B.9360(lk)      C.6240(lk)      D. 12480(lk)

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

### TUẦN 13 CÁC BÀI TẬP DI TRUYỀN TỔNG HỢP (TIẾP)

**Bài 1: P.tử mARN tr.thành dài 0,3672 nm có tỉ lệ các loại rN A:U:G:X l.lượt 3:2:8:7.S.dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1- 4.**

1. Nếu các bộ ba đều được dịch mã ,khi tổng hợp 1 chuỗi polipeptit mt cần cung cấp rN tự do mỗi loại A,U,X,G cho các đối mã của các tARN lần lượt là : A. 108 ,162,432 ,378. B. 162 ,108 , 378 , 432.

C 108 ,162 ,378 ,432 . D.162 , 108,432, 378 .

2. Quá trình dịch mã cần 1795 lượt tARN sẽ tương ứng với số rN A,U,G,X trong các đối mã lần lượt bằng bao nhiêu ?

A. 108 , 162 ,432 ,378 . B.540,810,1890 ,2160.

C.540 ,810 ,2160, 1890. D.162 ,108 ,378 ,432 .

3. Nếu mã kết thúc là UAG ,có 1 riboxom dịch mã 1 lần thì mt sẽ phải cung cấp từng loại rN A,U,G,X cho các đối mã tARN lần lượt là:

A.108 ,162 ,432 ,378 . B. 107 ,161,432,377.

C.162 ,108,378,432. D.107,161,378,431 .

4. Nếu mã k. thúc UAA ,có 3 riboxom đều dịch mã lặp lại lần 2 thì mt sẽ phải cung cấp từng loại rN A,U,G,X cho các đối mã của tARN lần lượt là

A.107,161,432,377. B.108,162, 432,378.

C.642,960,2268,2592. D.642, 966,2592,2262.

**Bài 2: Gen có 360 nucleotit loại guanin và số nucleotit loại addenin chiếm 30% tổng số nucleotit của gen. Sau quá trình phiên mã đã hình thành tất cả 2697 liên kết hóa trị trong các phiên bản. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 4.**

**Câu 1.** Số lần phiên mã của gen là :

A. 4 B. 3 C. 5 D. 2

**Câu 2.** tổng số rN đòi hỏi mt phải cung cấp cho quá trình bằng bao nhiêu

A. 1800 (Rnu) B. 3600 (Rnu) C. 2700 (Rnu) D. 900 (Rnu)

**Câu 3.** Quá trình đã phân hủy bao nhiêu liên kết hidro ?

A. 8640 B. 0 C.2700 D. 6480 .

**Câu 4.** Nếu mã mạch gốc của gen có 180 timin và 30% N loại X thì quá trình phiên mã cần cung cấp từng loại rN A,U,G,X lần lượt là

A. 540.1080, 810,270 B. 360,180 ,90, 270

C. 1080,540 ,270,810. D. 180,3670,270,90.

**Bài 3: Gen có klượng  $504.10^3$  đvC và G=20% .Mạch thứ nhất của gen có 126 Nucleotit loại T và 5% N loại X. Khi gen phiên mã phân tử mARN có 40% rN loại U . Sử dụng các dữ kiện trên từ 1 đến 3 .**

**Câu 1.** Số Nucleotit mỗi loại của gen là :

A A = T = 1008(nu);G = X = 672(Nu); B.A = T = 504; G = X = 336 (nu)

C. A=T=336 (nu);G = X = 504(Nu); D. A = T = 588;G = X =252 (Nu)

**Câu 2.** Số nu mỗi loại A, T, G, X của mạch bổ sung với mạch khuôn lần lượt là? A. 126, 378, 42, 294.

B. 378, 126, 294, 42.

C. 126, 378, 294, 42. D. 378, 126, 42, 294.

**Câu 3.** Tỉ lệ % rN mỗi loại A, U, G, X của mARN lần lượt là?

A. 45%,15%,35%,5% B.15%,45%, 35%,5%

C. 15%,45%, 5%,35% D. 45%, 15%,5%,35%

**Bài 4. Gen dài 0,51 um tổng hợp p.tử mARN có G-A=20% và X-U=40% số rN của mạch .Mạch khuôn của gen là mạch thứ nhất có 120 nu loại A .Quá trình phiên mã cần môi trường cung cấp 540 rN loại A.Sdụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 4**

1. Số nucleotit mỗi loại của gen là:

A. A = T = 900(nu); G = X = 600(Nu); B. A = T = 450; G = X = 1050 (nu)

C. A = T = 600 (nu); G = X = 900(Nu); D. A = T = 300; G = X = 1200 (Nu)

2. Số rN mỗi loại A, U, G, X của một phân tử mARN lần lượt là :

A. 120, 180, 720, 480 B. 280, 120, 480, 720

C. 180, 120, 480, 720, D. 180, 120, 720, 480

3. Số rN từng loại A, U, G, X mt cần phải cung cấp cho quá trình phiên mã của gen là :

A. 540, 360, 1440, 2160 B. 280, 120, 480, 720

C. 360, 240, 960, 1440 D. 720, 480, 1920, 2580

**Bài 5: Gen có 90 chu kì xoắn và tỉ lệ  $X+G/A+T=1,5$ . Mạch thứ I của gen có 90 N loại T và  $X=40\%$  số N mỗi mạch. Gen phiên mã cần được cc 450 rN loại U. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1- 4**

1. Số lượng từng loại N của gen là :

A. A = T = 360(nu); G = X = 840(Nu); B. A = T = 360; G = X = 540(nu)

C. A = T = 180 (nu); G = X = 720(Nu); D. A = T = 540; G = X = 360 (Nu)

2. Số lượng từng loại Nu A, T, G, X của mạch thứ hai của gen lần lượt là:

A. 270, 90, 360, 180 B. 90, 270, 180, 360 C. 270, 90, 180, 360 D. 90, 270, 360, 180

3. Tỉ lệ phần trăm từng loại rN A, U, X, G của mARN lần lượt là:

A. 10%, 30%, 40%, 20% B. 10%, 30%, 20%, 40% C. 30%, 10%, 20%, 40% D. 30%, 10%, 40%, 20%

4. Số rN mỗi loại A, U, G, X mt cần cung cấp cho quá trình phiên mã lần lượt là:

A. 90, 270, 360, 180. B. 450, 1350, 1800, 900 C. 1350, 450, 900, 1800 D. 270, 90, 180, 360.

Ngày soạn:.....

Ngày giảng:.....

## TUẦN 14: ÔN TẬP – KIỂM TRA 60'

### I. Trắc nghiệm:

**Câu 1.** Thứ tự các phân tử tham gia vào quá trình sinh tổng hợp prôtêin như thế nào?

A. mARN tARN ADN Polypeptit. B. ADN mARN Polypeptit tARN.

C. tARN Polypeptit ADN mARN. D. ADN mARN tARN Polypeptit

**Câu 2.** Mạch thứ nhất của gen có tỉ lệ các loại nu lần lượt A: T: G: X= 1: 2: 3: 4. Khi gen sao mã 4 lần, môi trường nội bào cung cấp 720 nu loại Adênin. Cho biết mạch gốc của gen có  $X = 3T$ . Số axitamin trong chuỗi pôlipeptit hoàn chỉnh do gen điều khiển tổng hợp là bao nhiêu?

A. 299(aa). B. 599 (aa). C. 298 (aa). D. 598 (aa).

**Câu 3.** Số lượng từng loại nu A, T, G, X trong mạch đơn thứ 2 lần lượt là:

A. 75, 75, 225, 225 B. 150, 150, 450, 450 C. 300, 300, 900, 900. D. 125, 125, 375, 375.

**Câu 4.** Tỉ lệ % từng loại nu của gen là:

A. A = T = 37,5%; G = X = 12,5% B. A = T = 30%; G = X = 20%

C. A = T = 10%; G = X = 40% D. A = T = 12,5%; G = X = 27,5%

**Câu 5.** Số lượng từng loại nu của trên là:

A. A = T = 300(Nu); G = X = 900(Nu); B. A = T = 150(Nu); G = X = 450(Nu) C. A = T = 450; G = X = 150(Nu)

D. A = T = 125(Nu); G = X = 425 (N)

**Bài 6.** Gen có 150 chu kì xoắn và 3900 liên kết hidro. Mạch thứ nhất của gen có 300 nucleotit loại G. Mạch kia có số nucleotit loại T chiếm 10% số nucleotit của mạch .

1. Số lượng từng loại nucleotit của gen là:

A. A = T = 900(Nu); G = X = 600(Nu); B. A = T = 1050(Nu); G = X = 450(Nu) C. A = T = 600; G = X = 900(Nu)

D. A = T = 1200(Nu); G = X = 300(Nu)

2. Số lượng từng loại nucleotit A, T, G, X trong mạch đơn thứ nhất lần lượt là: A. 450, 150, 300, 600

B. 150, 450, 300, 600 C. 450, 150, 600, 300 D. 150, 450, 600, 30

3. Tỉ lệ phần trăm từng loại nucleotit A, T, X, G trong mạch đơn thứ hai lần lượt là: A. 10%, 30%, 20%, 40%

B. 30%, 10%, 20%, 40%

C. 10%, 20%, 30%, 40% D. 30%, 10%, 40%, 20%.

**Câu 7: Một gen phân mảnh có 1155 cặp N, các đoạn không mã hóa chiếm tỉ lệ 1/5 so với chiều của gen. Quá trình dịch mã huy động tất cả 7675 lượt tARN. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1 đến 3.**

1. Có bao nhiêu chuỗi polipeptit được tổng hợp?

- A. 1 (chuỗi)      B. 5 (chuỗi)      C. 15 (chuỗi)      D. 25 (chuỗi).

2. Nếu số lần dịch mã của mỗi riboxom đều bằng nhau thì số riboxom tham gia dịch mã và số lượt trượt của mỗi lần trượt là:

- A. 1 và 25 hoặc 25 và 1      B. 5 và 5.  
C. 1 và 25 hoặc 25 và 1 hoặc 5 và 5      D. 3 và 5 hoặc 5 và 3 hoặc 15 và 1

3. Nếu có 3 loại riboxom dịch mã 1 lần, 2 lần, 3 lần có tỉ lệ theo thứ tự 2: 4: 5. Tổng số riboxom tham gia quá trình là:

- A. 25 (riboxom)      B. 11 (riboxom)  
C. 6 (riboxom)      D. 10 (riboxom)

**Bài 8. Gen dài 0,51 um tổng hợp p.tử mARN có G-A=20% và X-U=40% số rN của mạch. Mạch khuôn của gen là mạch thứ nhất có 120 nu loại A. Quá trình phiên mã cần môi trường cung cấp 540 rN loại A. Sdụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 4**

1. Số nucleotit mỗi loại của gen là:

- A. A = T = 900(nu); G = X = 600(Nu);      B. A = T = 450; G = X = 1050 (nu)  
C. A=T=600 (nu); G = X = 900(Nu);      D. A = T = 300; G = X = 1200 (Nu)

2. Số rN mỗi loại A, U, G, X của một phân tử mARN lần lượt là :

- A. 120, 180, 720, 480      B. 280, 120, 480, 720  
C. 180, 120, 480, 720,      D. 180, 120, 720, 480

3. Số rN từng loại A, U, G, X mt cần phải cung cấp cho quá trình phiên mã của gen là :

- A. 540, 360, 1440, 2160      B. 280, 120, 480, 720  
C. 360, 240, 960, 1440      D. 720, 480, 1920, 2580

**Bài 9: Một gen chứa 3120 liên kết hidro. Quá trình phiên mã của gen cần được cung cấp tất cả 3600 rN thuộc các loại. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1 đến 2**

1. Gen dài bao nhiêu angstrom ?

- A. 2040 A<sup>0</sup>      B. 8160 A<sup>0</sup>      C. 4080 A<sup>0</sup>      D. 3060 A<sup>0</sup>

2. số liên kết hidro bị hủy qua quá trình phiên mã nói trên là:

- A. 3120 (liên kết)      B. 9360 (lk)      C. 6240 (lk)      D. 12480 (lk)

**Bài 10: Gen có 90 chu kì xoắn và tỉ lệ X+G/A+T=1,5. Mạch thứ I của gen có 90 N loại T và X=40% số N mỗi mạch. Gen phiên mã cần được cc 450 rN loại U. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu 1- 4**

1. Số lượng từng loại N của gen là :

- A. A = T = 360(nu); G = X = 840(Nu);      B. A = T = 360; G = X = 540(nu)  
C. A=T=180 (nu); G = X = 720(Nu);      D. A = T = 540; G = X = 360 (Nu)

2. Số rN mỗi loại A, U, G, X mt cần cung cấp cho quá trình phiên mã lần lượt là:

- A. 90, 270, 360, 180.      B. 450, 1350, 1800, 900.  
C. 1350, 450, 900, 1800      D. 270, 90, 180, 360.

**II. Tự luận:**

**Bài 1.** Một trong hai mạch đơn của gen có tỉ lệ A:T:G:X lần lượt là: 15%:30%:30%:25%. Gen đó dài 0,306mm.

1. Tính tỉ lệ % và số lượng từng loại nu của mỗi mạch đơn và của cả gen.

2. Tính số chu kì xoắn và khối lượng trung bình của gen.

3. Tính số liên kết hydro và số liên kết hóa trị giữa đường với a.photphoric trong gen.

**Bài 2: Gen phân mảnh dài 4926,6 A<sup>0</sup> chứa các exon và intron xen kẽ nhau và bắt đầu bằng đoạn exon có số N theo tỉ lệ 2:5:3:6:7. Gen phiên mã 5 lần, mỗi mARN đều có 7 riboxom dịch mã một lần. Sử dụng dữ kiện trên trả lời các câu từ 1 đến 3.**

1. Chiều phân tử protein thực hiện được chức năng sinh lí là bao nhiêu

2. Số aa cần được mt cung cấp để thành lập các chuỗi polipeptit ban đầu được bao nhiêu ?

3. K lượng nước được giải phóng trong quá trình dịch mã là:



