BTVN: ĐS - DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ - MỨC ĐỘ VẬN DỤNG - PHẦN 1

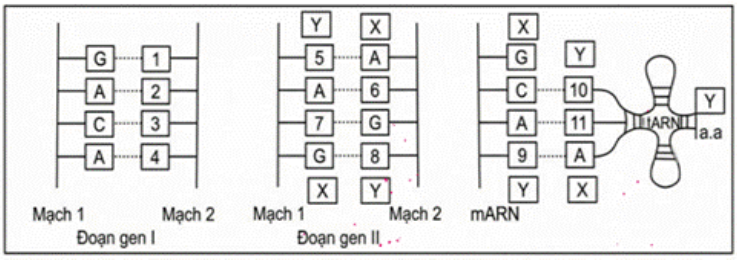
MÔN: SINH HỌC 12

THỰC HIỆN: BAN CHUYÊN MÔN TUYENSINH247.COM

MỤC TIÊU

- ✓ *Vận dụng các công thức và quy luật di truyền phân tử để xử lý các số liệu về cấu trúc gene, quá trình truyền đạt thông tin di truyền và hậu quả của đột biến gene.*
- ✓ *Rèn luyện năng lực tính toán nhanh, phân tích mối quan hệ nhân quả và định hướng giải quyết các dạng toán phân tử trong cấu trúc câu hỏi Đúng/Sai.*
- ✓ *Nâng cao tư duy độc lập, tính kiên nhẫn và sự chính xác khi xử lý các dữ kiện bài toán có tính liên kết cao.*

Câu 1: (ID: 971057) Cho sơ đồ hình vẽ mô tả hai đoạn gene (I, II) và phân tử tRNA đang thực hiện dịch mã trên phân tử mRNA (được phiên mã từ một trong hai gene đoạn gene I, II). Biết các ký hiệu A, G, C là các nucleotide của gene; các số từ 1 đến 11 là các nucleotide chưa biết; (a.a) là amino acid; X và Y là ký hiệu chiều của các mạch.



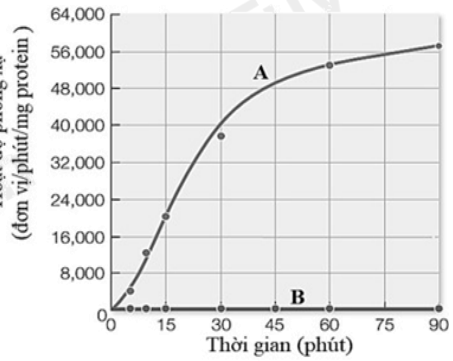
a) Trong quá trình phiên mã tạo ra mRNA, mạch 2 của đoạn gene II đóng vai trò là mạch khuôn.

b) Các nucleotide tương ứng với các vị trí số 1, 2, 3, 4 trên đoạn gene I lần lượt là C, T, G, T.

c) Đầu X của các mạch polynucleotide trong sơ đồ tương ứng với đầu 5' và đầu Y tương ứng với đầu 3'.

d) Nếu xảy ra đột biến điểm thay thế cặp G - C ở vị trí liền kề với nucleotide cuối cùng (theo chiều phiên mã) của đoạn gene II bằng cặp T - A, quá trình dịch mã sẽ kết thúc sớm do xuất hiện bộ ba kết thúc UAA.

Câu 2: (ID: 966908) Biết rằng bộ ba UUU mã hoá cho amino acid phenylalanine, bộ ba CCC mã hoá cho amino acid proline. Tiến hành thí nghiệm theo các bước sau:



1. Chuẩn bị 2 ống nghiệm chứa dịch chiết tế bào vi khuẩn, đánh số thứ tự I và II. Trong dịch chiết có đầy đủ các thành phần cần thiết cho quá trình dịch mã nhưng không có mRNA.

2. Bổ sung phenylalanine (dư) có đánh dấu phóng xạ vào mỗi ống.

3. Bổ sung mRNA polyU (chỉ gồm các nucleotide loại U) vào ống I, bổ sung nước cất vào ống II.

4. Kiểm tra hoạt độ phóng xạ trong các mẫu protein thu được ở mỗi ống theo thời gian. Kết quả thu được như đồ thị dưới đây.

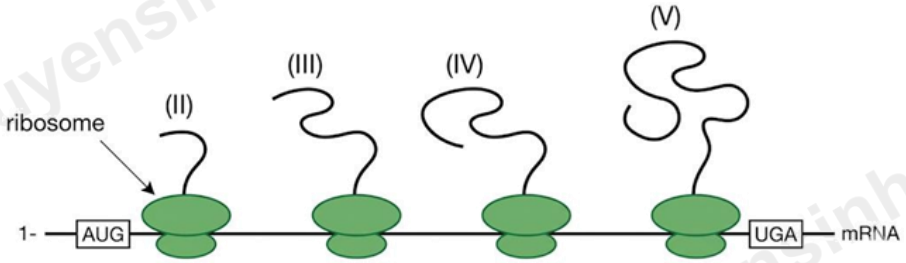
a) Mục đích thí nghiệm là nghiên cứu ảnh hưởng của nồng độ amino acid đến tốc độ dịch mã.

b) Kết quả thí nghiệm cho thấy quá trình tổng hợp protein có thể xảy ra mà không cần mRNA.

c) Nếu giữ nguyên thành phần của ống I và bổ sung mRNA poly C (chỉ gồm các nucleotide loại C) vào ống II thì kết quả thí nghiệm vẫn giống đồ thị ở hình bên.

d) Đường A tương ứng với kết quả thí nghiệm ở ống I. Đường B tương ứng với kết quả thí nghiệm ở ống II.

Câu 3: (ID: 966584) Hình sau mô tả một phân tử mRNA dịch mã cùng lúc với 4 ribosome (II), (III), (IV), (V).



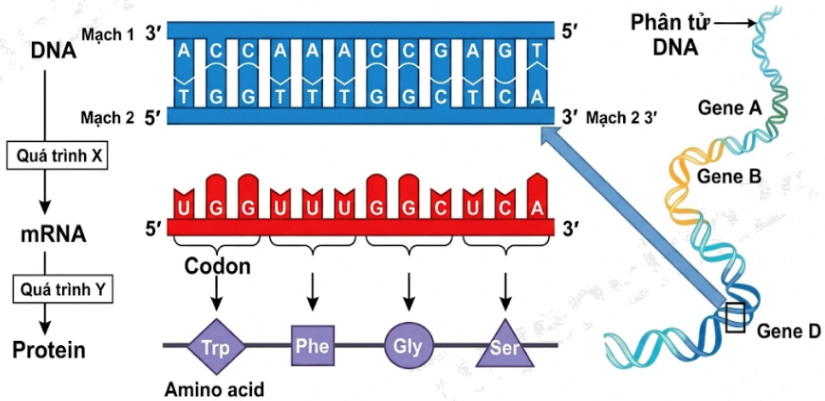
a) Mô hình trên là quá trình dịch mã polysome.

b) Đầu (1) của mRNA là (3').

c) Trong quá trình dịch mã ribosome (II) tiếp xúc với mRNA đầu tiên.

d) Khi dịch mã xong tiến hành điện di 4 phân tử (II, III, IV, V). Cả 4 phân tử trên đều cùng tốc độ di chuyển.

Câu 4: (ID: 962555) Hình sau đây, mô tả mối quan hệ giữa Gene – RNA – Protein ở sinh vật nhân sơ. X và Y là các quá trình của cơ chế di truyền ở cấp độ phân tử. Mỗi nhận định sau đúng hay sai?



Hình mô tả mối quan hệ giữa Gene – RNA - Protein ở sinh vật nhân sơ

a) Mạch 1 của gene D là mạch làm khuôn cho quá trình X.

b) Nhờ quá trình X và Y mà vật liệu di truyền được truyền lại cho đời sau.

c) Một đột biến thay thế làm codon 5'UGG3' trên mRNA (mã hóa Trp) thành 5'UGA3' làm cho chuỗi polipeptide bị rút ngắn, mất 1 amino acid so với bình thường.

d) Nếu chỉ xét trong đoạn trình tự nucleotide của gene D ở hình trên thì có tối đa 3 trường hợp đột biến thay thế một cặp nucleotide làm xuất hiện mã kết thúc sớm.

Câu 5: (ID: 962406) Thí nghiệm tổng hợp DNA, RNA, protein nhân tạo bằng cách bố trí ba ống nghiệm I, II, III và bổ sung thêm các thành phần như ở bảng sau:

Ống nghiệm	Thành phần riêng	Thành phần chung
I	Các yếu tố cần cho tái bản DNA	Gene P; phân tử mRNA; các loại nucleotide tự do A, T, U, G, C; 20 loại amino acid tự do.
II	Các yếu tố cần cho quá trình phiên mã	
III	Các yếu tố cần cho quá trình dịch mã	

Khi tiến hành do sơ ý, nhãn đánh dấu các ống nghiệm bị nhòe không còn phân biệt được các ống nghiệm I, II, III nên nhóm nghiên cứu đã ghi tạm thời lại các nhãn là X, Y, Z và xác định tỉ lệ các loại nucleotide tự do A, T, U, G, C còn lại trong mỗi ống nghiệm sau một thời gian thí nghiệm để đánh dấu lại và thu được kết quả như sau:

Ống nghiệm	Nồng độ các loại nucleotide còn lại trong mỗi ống nghiệm (%)				
	A	T	U	G	C
X	100	100	100	100	100
Y	35	100	25	25	15
Z	15	15	100	35	35

a) Các ống nghiệm X, Y, Z lần lượt tương ứng với các ống nghiệm III, II, I.

b) Trong quá trình thí nghiệm, ở ống nghiệm I cần tăng nhiệt độ để phá vỡ các liên kết hydrogen giữa hai mạch đơn của DNA. Nếu một gene Q dài bằng gene P nhưng có tỉ lệ (A + T)/(G + C) lớn hơn gene P thì nhiệt độ cần để tách hoàn toàn hai mạch đơn của gene Q lớn hơn so với gene P.

c) Muốn thu được đột biến gene với tần số cao thì nên sử dụng các tác nhân gây đột biến gene tác động vào ống nghiệm Y.

d) Trong quá trình thí nghiệm, ở ống nghiệm III, nếu cả 20 loại amino acid tự do được sử dụng để dịch mã thì chỉ có 20 loại tRNA được huy động để vận chuyển các amino acid đó.

Câu 6: (ID: 760087) Nghiên cứu enzyme E ở hai loài trong cùng một chi, người ta xác định được hai biến thể enzyme E1 và E2, chúng cùng xúc tác cho một phản ứng trong tế bào. Hai biến thể này không chỉ có cùng số lượng amino acid trong chuỗi polypeptide mà trình tự các amino acid cũng giống nhau ở hầu hết các đoạn, ngoại trừ một đoạn kí hiệu là S1 ở biến thể E1 và S2 ở biến thể E2. Trình tự amino acid và trình tự nucleotide của các biến thể là như sau. Trình tự amino acid và trình tự nucleotide của các biến thể là như sau:

Đoạn DNA ở mạch khuôn của E_1:

3‘ CAG – GTA – TAA – GTT – TTT – GGA – AGT – CGA 5’.

Đoạn S_1 của biến thể E_1: Val – His – Ile – Gln – Lys – Pro – Ser – Ala.

Đoạn S_2 của biến thể E_2: Val – Leu – Ile – Gln – Asn – Pro – Ser – Ala.

Biết gene mã hoá biến thể E_2 được hình thành từ gene mã hoá biến thể E_1 do xuất hiện hai đột biến điểm. Một số loại amino acid và các codon tương ứng có thể có trên phân tử mRNA thể hiện ở *bảng* sau:

Amino acid	Các codon tương ứng	Amino acid	Các codon tương ứng
Ala	5'-GCU, GCC, GCA, GCG- 3'	Lys	5'-AAA, AAG- 3'
Asn	5' -AAU, AAC- 3'	Pro	5'-CCU, CCC, CCA, CCG- 3'
His	5' -CAU, CAC- 3'	Val	5'-GUU, GUC, GUA, GUG- 3'
Ile	5' -AUU, AUC, AUA- 3'	Gln	5'-CAA, CAG- 3'
Leu	5' -UUA, UUG, CUU, CUC, CUA, CUG- 3'	Ser	5' -UCU, UCC, UCA, UCG, AGU, AGC- 3'

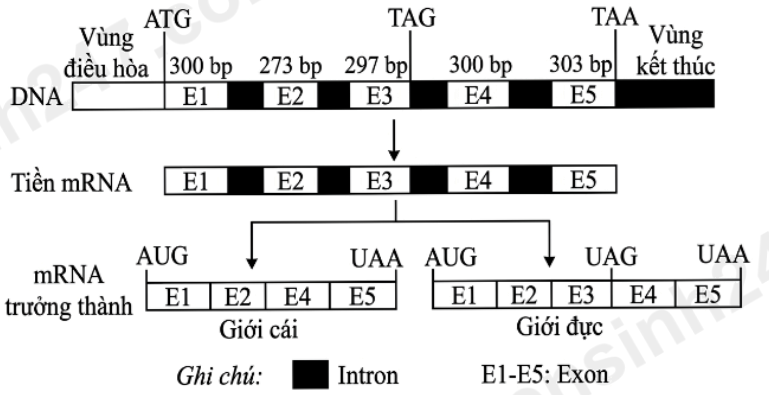
a) Tỉ lệ A/G của đoạn gene mã hoá S_1 là 5/3.

b) Đoạn gene mã hoá S_1 có thể đã xảy ra đột biến thay thế cặp nucleotide T = A bằng cặp A = T ở hai vị trí để tạo ra S_1.

c) Nếu phân li các đoạn gene mã hoá S_1 và S_2 thành các mạch đơn, sau đó cho chúng bắt cặp thành từng đôi ngẫu nhiên với nhau thì tổ hợp hai mạch bắt cặp chính xác tối đa chiếm tỉ lệ 1/18.

d) Trong cùng điều kiện phản ứng, người ta nhận thấy hiệu quả xúc tác của biến thể E_2 thấp hơn E_1, chứng tỏ đột biến này làm thay đổi cấu trúc, chức năng của protein nên hiệu quả xúc tác phản ứng của E_2 kém hơn.

Câu 7: (ID: 972920) Hình bên thể hiện cấu trúc của một gene trên NST X, không có allele tương ứng trên NST Y và mRNA ở hai giới (cái và đực) của một loài côn trùng. Biết rằng, hai bộ ba kết thúc TAG và TAA lần lượt nằm ở phía đầu tận cùng của exon E3 và E5; các thành phần khác (không được mô tả trên hình) của tiền mRNA hoặc mRNA trưởng thành ở hai giới là giống nhau; chuỗi polypeptide hoàn chỉnh là sản phẩm của quá trình dịch mã đã được cắt bỏ amino acid mở đầu; XX quy định giới tính cái, XY quy định giới tính đực.



Các số trên hình tương ứng với số lượng cặp nucleotide (bp) ở các đoạn E1 - E5.

a) Phân tử tiền mRNA ở giới cái dài hơn ở giới đực.

b) Phân tử mRNA trưởng thành ở giới cái và ở giới đực có trình tự nucleotide giống nhau.

c) Chuỗi polypeptide hoàn chỉnh ở giới cái nhiều hơn ở giới đực 102 amino acid.

d) Ở giới đực, đột biến thay thế cặp A-T thành cặp C-G làm bộ ba TAA biến đổi thành bộ ba TCA dẫn đến thay đổi chiều dài chuỗi polypeptide.

Câu 8: (ID: 967331) Một operon X có các vùng trình tự quy định chức năng được kí hiệu A, B, C, D tổng hợp các enzyme 1 và enzyme 2 phân giải chất X. Trong đó, mỗi vùng trình tự đã kí hiệu từ A đến D sẽ là một trong các vị trí sau: gene tổng hợp enzyme 1; gene tổng hợp enzyme 2; vùng khởi động (promoter); vùng vận

hành (operator). Biết rằng, gene điều hòa điều khiển hoạt động operon X tổng hợp protein điều hòa có chức năng bình thường. Kết quả chọn lọc các chủng vi khuẩn thu được khi nuôi cấy trong điều kiện môi trường có chất X và không có chất X thể hiện bảng sau:

Các chủng vi khuẩn	Không có chất X		Có chất X	
	Enzyme 1	Enzyme 2	Enzyme 1	Enzyme 2
Không mang đột biến	–	–	+	+
Đột biến vùng A	–	–	–	+
Đột biến vùng B	–	–	–	–
Đột biến vùng C	–	–	+	–
Đột biến vùng D	+	+	+	+

Biết (+) enzyme được tổng hợp, (-) enzyme không được tổng hợp

a) Trình tự A là vùng vận hành.

b) Vùng B là trình tự promoter của operon X.

c) Vùng C là gene tổng hợp enzyme 1, vùng D là gene tổng hợp enzyme 2.

d) Trong operon X, thứ tự các đoạn trình tự tính từ promoter được xếp theo thứ tự là CDAB.

Câu 9: (ID: 961954) Operon M ở một chủng vi khuẩn chứa 3 gene mã hóa 3 enzyme là E1, E2, E3. Operon này có 5 vùng trình tự nucleotide chưa biết rõ chức năng và vị trí sắp xếp. Operon M được điều hòa bởi chất X. Để làm sáng tỏ chức năng của các vùng trình tự, người ta đã theo dõi ảnh hưởng của các đột biến dựa trên quá trình tổng hợp các enzyme được đánh giá thông qua sự có mặt và vắng mặt của chất X thể hiện trong bảng dưới đây

	Có mặt X			**Vắng mặt X**		
	E1	**E2**	**E3**	**E1**	**E2**	**E3**
Không có đột biến	+++	+++	+++	+	+	+
Đột biến ở vùng I	+	+	+	+	+	+
Đột biến ở vùng II	+++	+++	–	+	+	–
Đột biến ở vùng III	+++	–	+++	+	–	+
Đột biến ở vùng IV	–	+++	+++	–	+	+
Đột biến ở vùng V	–	–	–	–	–	–

"+++" là sản phẩm nhiều; "+" là có sản phẩm; "–" là không có sản phẩm

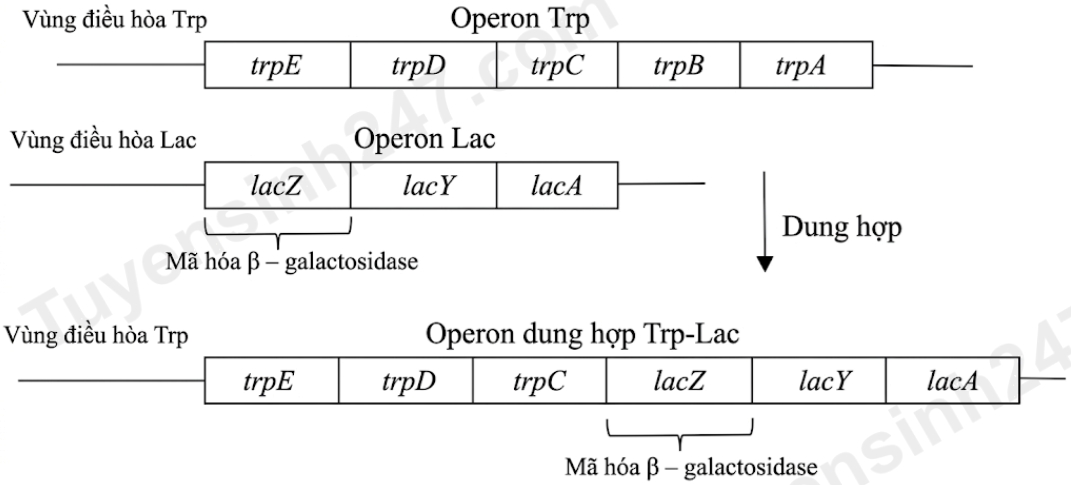
a) Ở trạng thái không đột biến và vắng mặt chất X, cả 3 enzyme (E1, E2, E3) được tổng hợp ở mức độ cực đại.

b) Chất X là yếu tố ức chế hoạt động phiên mã của operon M.

c) Trình tự 1 là vùng liên kết đặc hiệu của chất X, có vai trò kiểm soát hoạt động của operon. Trình tự V là vùng khởi động P.

d) Các trình tự tổng hợp enzyme E1, E2, E3 lần lượt là vùng IV, III, II.

Câu 10: (ID: 959656) Ở vi khuẩn *E.coli* kiểu dại, sự biểu hiện của gene lacZ (thuộc operon Lac) là mã hóa β-galactosidase và phụ thuộc vào sự có mặt của glucose, lactose trong môi trường. Bằng kỹ thuật gây đột biến chuyển đoạn, người ta đã tạo ra được vi khuẩn mang operon dung hợp giữa operon Trp (mã hóa enzyme sinh tổng hợp tryptophan) và operon Lac (mã hóa enzyme cần thiết cho phân giải đường lactose) như hình. Biết rằng sự hoạt động của operon Trp là khi thiếu tryptophan, protein ức chế bất hoạt, operon hoạt động; còn khi có tryptophan, protein ức chế hoạt động, operon bị "tắt".



Dựa vào hình vẽ, có các nhận định về cơ chế điều hòa của operon dung hợp Trp–Lac sau:

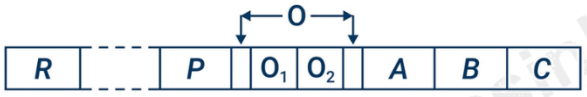
a) Trong operon dung hợp Trp–Lac, sự điều hòa biểu hiện của gene *lacZ* phụ thuộc vào nồng độ tryptophan trong môi trường.

b) Khi thiếu tryptophan, vi khuẩn mang operon dung hợp Trp–Lac có thể tổng hợp được β-galactosidase, kể cả khi không có lactose.

c) Trong môi trường chỉ thiếu tryptophan, vi khuẩn mang operon dung hợp Trp–Lac vẫn biểu hiện gene mã hóa enzyme phân giải lactose.

d) Vi khuẩn mang operon dung hợp Trp–Lac vẫn cần lactose trong môi trường để tạo β-galactosidase.

Câu 11: (ID: 958540) Hình dưới đây mô tả operon M ở một loài vi khuẩn:



Các gene cấu trúc A, B, C mã hóa cho các enzyme tương ứng A, B, C tham gia vào quá trình phân giải chất M. Gene điều hoà R mã hóa cho R-protein. Khi ở trạng thái tự do, R-protein bám vào vùng O ở một trong hai vị trí đặc hiệu O_1, O_2 (có trình tự nucleotide giống nhau), ngăn cản RNA polymerase liên kết với vùng P (promoter). Khi liên kết với chất M, R-protein bị biến đổi cấu hình không gian và không liên kết được với vùng O.

Có 2 chủng vi khuẩn (1 và 2) bị đột biến ở gene R.

	mRNA	R – protein có hoạt tính
Chủng 1	100%	0%
Chủng 2	0%	0%

Bảng thể hiện hàm lượng mRNA của gene R và lượng R - protein có hoạt tính ở mỗi chủng.

Mỗi kết luận sau là đúng hay sai?

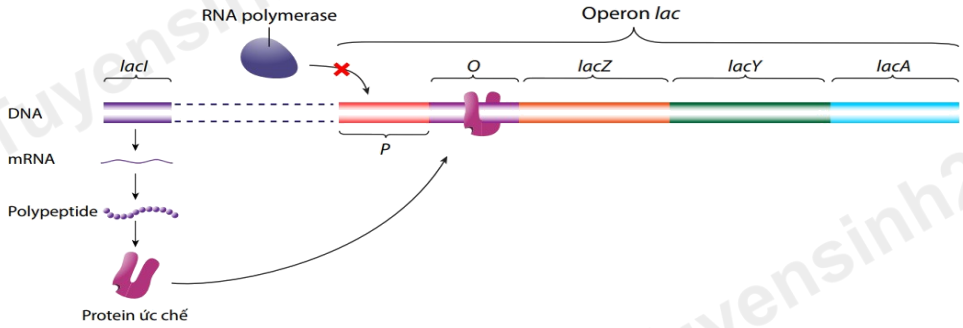
a) Chủng 1 bị đột biến ở vùng mã hóa của gene R.

b) Khi không có M, R - protein liên kết với vùng O, ngăn cản RNA polymerase bám vào vùng P. Khi RNA polymerase không bám được vào vùng P, operon không thể phiên mã.

c) Khi không có chất M, các gene A, B, C không phiên mã.

d) Nếu đột biến hỏng vùng O thì mRNA vẫn có thể được sinh ra liên tục, còn nếu đột biến hỏng vùng O1 và O2 thì mRNA không tạo thành.

Câu 12: (ID: 820039) Monod và Jacob đã nghiên cứu phát hiện ra cơ chế điều hoà hoạt động của operon lac ở vi khuẩn vào năm 1950, mô hình này được minh họa trong hình sau:



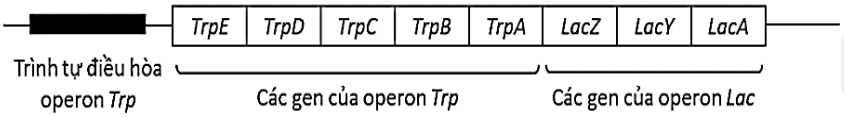
a) Các gene lacZ, lacY, lacA sẽ được phiên mã nếu vùng O không liên kết được với protein ức chế.

b) Các đột biến khác nhau ở lacI có thể ảnh hưởng khác nhau tới hoạt động phiên mã ở operon lac.

c) Operon lac là mô hình điều hòa hoạt động gene có ở cả sinh vật nhân sơ và sinh vật nhân thực.

d) Khi có đột biến điểm xảy ra tại vùng mã hóa của gene lacZ thì gene lacZ sẽ không được phiên mã.

Câu 13: (ID: 791464) Để nghiên cứu về sự điều hòa theo mô hình operon ở tế bào vi khuẩn *E. Coli*, các nhà khoa học đã thiết kế một "operon lai", trong đó chứa trình tự các gene của operon tryptophan (Trp) và operon Lactose (Lac), có trình tự điều hòa của operon Trp (như hình dưới đây).



Giả sử sự sinh trưởng của tế bào vi khuẩn *E.coli* có liên hệ mật thiết với sự có mặt của acid amin tryptophan và chất cho carbon. Chuyển plasmid tái tổ hợp chứa "operon lai" vào dòng tế bào vi khuẩn *E. Coli* đột biến mất trình tự operon Trp và operon Lac.

Môi trường nuôi cấy	Đường glucose	Đường lactose	Acid amin tryptophan
1	Có	Không	Không
2	Không	Có	Không
3	Có	Không	Có
4	Không	Có	Có

Biết rằng operon Trp (Operon tryptophan) trong điều kiện môi trường có tryptophan, operon trp bị bất hoạt bởi phức hệ tryptophan − protein ức chế; trong khi nếu vắng amino acid này thì operon hoạt động. Do đó, operon này là một loại operon ức chế. Các vi khuẩn vẫn có khả năng sinh trưởng bình thường như các chủng kiểu dại. Mỗi phát biểu sau đúng hay sai?

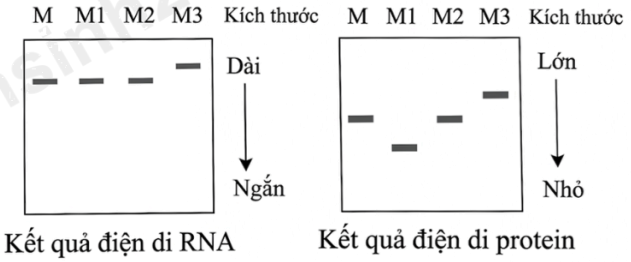
a) Môi trường 3, RNA−polymerase không bám được vào vùng promoter nên 2 hệ enzyme không tổng hợp được.

b) Môi trường 2, các gene TrpE → LacA đều hoạt động.

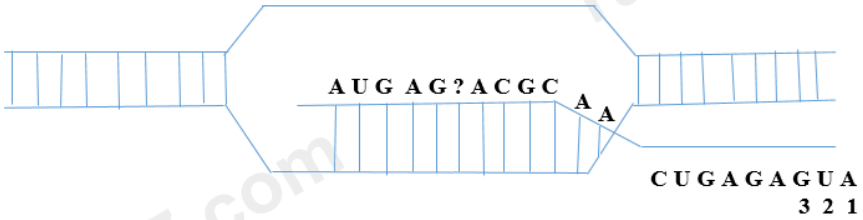
c) Môi trường 1, các gene cấu trúc được biểu hiện nên lượng β−galactosidase tăng lên

d) Ở môi trường 4 thì lượng β−galactosidase là tối đa.

Câu 14: (ID: 967227) Ở một loài vi khuẩn, gene M mã hóa cho một loại enzyme hoạt động trong tế bào chất. Có ba đột biến điểm khác nhau xảy ra trên các exon của gene M tạo ra các allele M1, M2 và M3. Để xác định dạng đột biến tạo ra các allele trên, người ta tiến hành tách chiết mRNA trưởng thành và protein của mỗi allele, sau đó điện di và so sánh với mRNA và protein của allele M. Kết quả điện di thu được như sau:



Giả sử hình dưới mô tả một giai đoạn phiên mã của dòng đột biến M1. Vị trí nucleotide 1-2-3 là bộ ba mở đầu; các nucleotide còn lại của gene không được thể hiện trên hình.



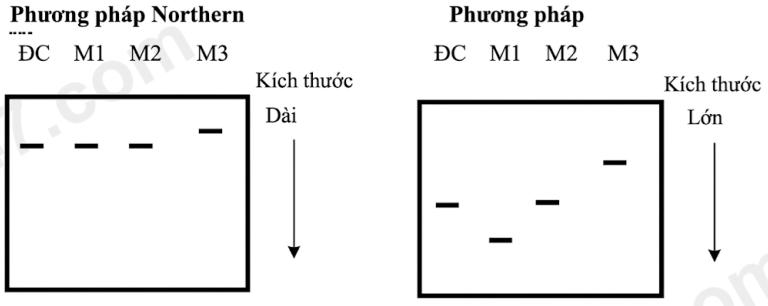
a) Nếu nucleotide "?" trên hình là U thì phân tử mRNA này khi làm khuôn để dịch mã sẽ tạo ra chuỗi polypeptide có 5 amino acid (không kể amino acid mở đầu).

b) Cả 3 đột biến đều làm thay đổi số liên kết hydrogen trong phân từ DNA.

c) Allele M2 là đột biến thay thế một cặp nucleotide dẫn đến có thể sai khác một amino acid trong protein.

d) Allele M3 là đột biến thêm cặp nucleotide.

Câu 15: (ID: 966044) Có 3 loại đột biến xảy ra ở cùng một gene ký hiệu các thể đột biến này lần lượt là M1, M2 và M3. Để xác định các dạng đột biến trên thuộc loại nào người ta dùng phương pháp Northern (phân tích RNA) và Western (phân tích protein). Kết quả phân tích mRNA và protein của các thể đột biến và kiểu dại (ĐC) bằng hai phương pháp trên thu được như hình dưới đây.



Mỗi kết luận về các thể đột biến M1, M2, M3 sau đây là đúng hay sai?

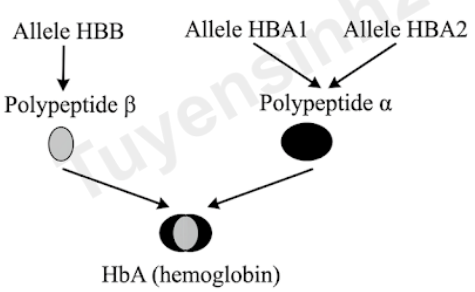
a) M1 là đột biến thay thế làm xuất hiện bộ ba kết thúc sớm

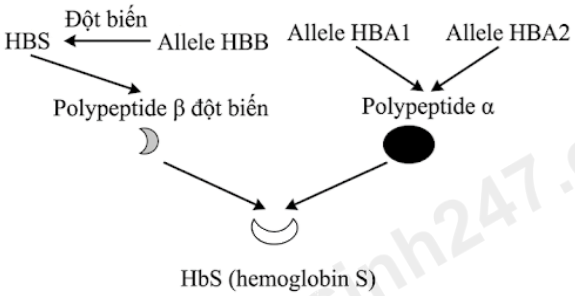
b) M1, M2, M3 là đột biến thêm cặp nucleotide.

c) M3 là dạng đột biến thêm cặp nucleotide.

d) M2 là dạng đột biến thay thế cặp nucleotide làm thay đổi amino acid của chuỗi polypeptide

Câu 16: (ID: 962552) HbA là loại hemoglobin phổ biến nhất ở cơ thể người, được cấu tạo từ 2 chuỗi polypeptide α và 2 chuỗi polypeptide β. Trong đó 2 chuỗi polypeptide α do hai gene cùng nằm trên NST số 16 là HBA1 và HBA2 quy định, polypeptide β do gene HBB nằm trên NST số 11 quy định. Khi gene HBB bị đột biến thay thế một cặp T – A bằng A – T tạo ra allele HBS, HBS mã hóa ra chuỗi polypeptide β đột biến khác chuỗi polypeptide β bình thường 1 amino acid.





Tế bào hồng cầu có HbS sẽ có dạng hình liềm, khả năng vận chuyển oxygen kém, dễ vỡ gây tắc mạch máu.

a) Phân tử Hb được hình thành từ sản phẩm của 3 gene không allele.

b) Sự hình thành HBS là do đột biến đồng thời ở cả 3 gene không allele cùng quy định.

c) HBB và HBS có tổng số liên kết hydrogen bằng nhau.

d) Có thể phát hiện sớm bệnh hồng cầu hình liềm bằng phương pháp nghiên cứu di truyền tế bào.

Câu 17: (ID: 735240) Ở sinh vật nhân sơ, allele B bị đột biến thay thế một cặp nucleotide ở giữa vùng mã hóa của gene tạo thành allele b, làm cho côđon 5'UGG3' trên mRNA được phiên mã từ allele B trở thành côđon 5'UGA3' trên mRNA được phiên mã từ allele b.

a) Allele B ít hơn allele b một liên kết hydrogen.

b) Chuỗi polypeptide do allele B quy định tổng hợp khác với chuỗi polypeptide do allele b quy định tổng hợp 1 amino acid.

c) Đột biến xảy ra có thể làm thay đổi chức năng của prôtêin và biểu hiện ra ngay thành kiểu hình ở cơ thể sinh vật.

d) Chuỗi polypeptide do allele B quy định tổng hợp dài hơn chuỗi polypeptide do allele b quy định tổng hợp.

Câu 18: (ID: 708630) Gene B có 65 chu kỳ xoắn và có 1669 liên kết hydrogen, gene B bị đột biến thành allele b. Một tế bào chứa cặp gene Bb nguyên phân bình thường hai lần liên tiếp, môi trường nội bào đã cung cấp 1689 nucleotide loại thymine và 2211 nucleotide loại cytosine. Theo lí thuyết, xét tính đúng/sai của các kết luận sau đây:

a) Dạng đột biến đã xảy ra với gene B là thay thế 1 cặp G - C bằng 1 cặp A - T.

b) Tổng số liên kết hydrogen của gene b là 1666.

c) Số nucleotide từng loại của gene b là A = T = 282, G = C = 368.

d) Tổng số nucleotide của gene b là 1300 nucleotide.

Câu 19: (ID: 963724) Ở một sinh vật nhân sơ, do đột biến điểm mà từ allele A đã hình thành các allele A_1, A_2, A_3. Phân tích DNA người ta thu được trình tự các nucleotide trên mạch gốc của các allele theo bảng sau:

Mạch gốc của allele A	Mạch gốc của allele A_1
3'…TAC TTC AAA CCG CCC…5'	3'…TAC TTC AAA CCA CCC…5'
Mạch gốc của allele A_2	Mạch gốc của allele A_3
3'…TAC ATC AAA CCG CCC…5'	3'…TAC TTC AAA TCG CCC…5'

Biết rằng các codon sẽ mã hóa cho các amino acid sau:

5'AUG3' → Met; 5'AAG3' → Lys; 5'UUU3' → Phe; (5'GGC3'; 5'GGG3' và 5'GGU3') → Gly; 5'AGC3' → Ser

a) Allele A nhiều hơn 1 liên kết hydrogen so với allele A_1.

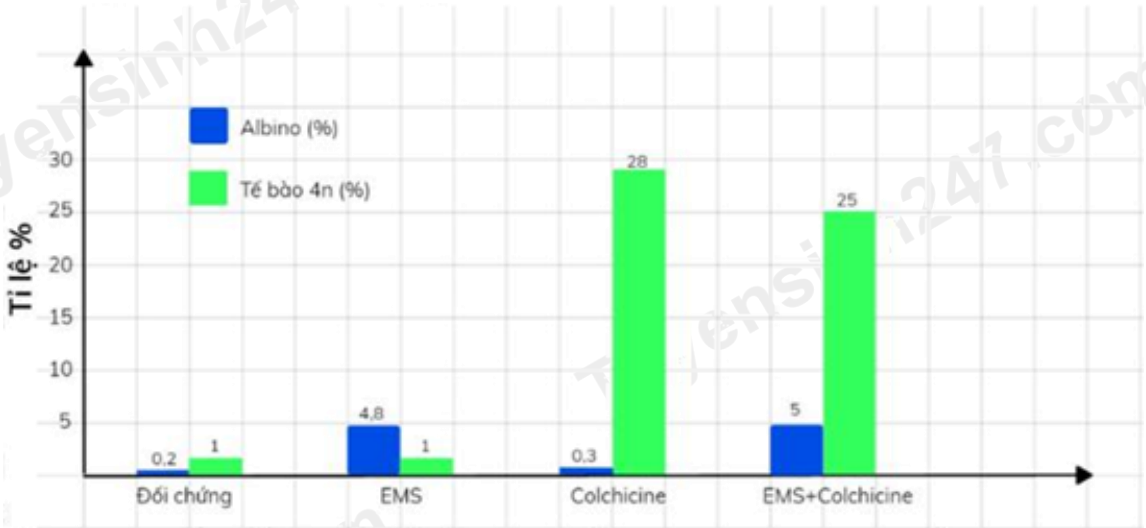
b) Chuỗi polypeptide tạo ra bị thay đổi từ ít đến nhiều theo thứ tự là A_1 → A_3 → A_2.

c) Cả 3 allele đột biến chỉ làm thay đổi một amino acid trong chuỗi polypeptide tạo ra.

d) Chuỗi polypeptide do allele A_2 tạo ra ngắn hơn chuỗi polypeptide do các allele khác tạo ra.

Câu 20: (ID: 955790) Một nhà khoa học tiến hành thí nghiệm trên đối tượng hạt cây Arabidopsis như sau: Hạt được chia 4 lô giống nhau, mỗi lô được xử lý một loại tác nhân: lô Đối chứng (xử lý nước cất); lô EMS (xử lý bằng hóa chất EMS 0,2%), lô Colchicine (xử lý bằng colchicine 0,05%), và lô EMS + colchicine (xử lý đồng thời EMS 0,2% và colchicine 0,05%). Sau xử lý,

gieo hạt trong điều kiện như nhau. Ở thế hệ cây con, ghi nhận tỉ lệ % cây bị bạch tạng (Albino, do rối loạn cơ chế tổng hợp diệp lục) và tỉ lệ % tế bào rễ có bộ NST 4n (quan sát trên tiêu bản hiển vi). Kết quả được thể hiện trong Hình 2.



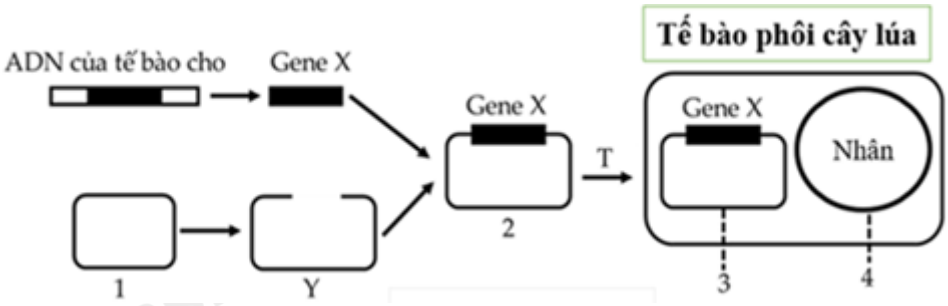
a) So sánh kết quả ở 4 lô cho thấy, nhiều khả năng EMS là tác nhân gây đột biến gene, colchicine là tác nhân gây đột biến số lượng NST.

b) Kết quả ở lô đối chứng chứng tỏ các tế bào đột biến tứ bội đã sẵn có từ trước xử lý.

c) Kết quả thí nghiệm cho phép kết luận đột biến tứ bội dễ phát sinh hơn so với đột biến gene.

d) Thí nghiệm cho phép xác định ảnh hưởng của EMS lên tỉ lệ xuất hiện cây albino ở loài Arabidopsis.

Câu 21: (ID: 743114) Nhà nghiên cứu sinh học Ingo Potrykus đã tạo thành công giống lúa vàng (golden rice) giàu β-caroten, góp phần cải thiện tình trạng thiếu vitamin A ở trẻ em. Ông đã thực hiện quy trình chuyển gene X có khả năng tạo β-caroten từ một loài thực vật vào tế bào phôi của cây lúa (Oryza sativa). Quy trình này sử dụng vector chuyển gene là Ti plasmid của vi khuẩn đất Agrobacterium tumefaciens. Một trong những giai đoạn quan trọng của quy trình này được biểu diễn trong hình.



Xét các nhận định nào sau đây:

a) Giống lúa vàng (*golden rice*) là thành tựu của lai hữu tính giữa lúa (*Oryza sativa*) và loài thực vật cho gene X.

b) Gene X khi được biến nạp vào tế bào cây lúa thành công có thể được biểu hiện và tạo sản phẩm là β-caroten.

c) Để tạo được cấu trúc Y từ cấu trúc (1), cần có sự tham gia của enzyme cắt restrictaza.

d) Cấu trúc (2) là Ti plasmid của vi khuẩn *Agrobacterium tumefaciens.*

Câu 22: (ID: 962075) Cho biết các codon mã hóa các amino acid tương ứng sau: GGG – Gly; CCC – Pro; GCU – Ala; CGA – Arg; UCG – Ser; AGC – Ser; UAC – Tyr. Một đoạn mạch khuôn của một gene ở vi khuẩn mang thông tin mã hóa cho đoạn polypeptide có 5 amino acid có trình tự các nucleotide là: 3’ CCC-AGC-ATG-CGA-GGG 5’

Các nhận định dưới đây đúng hay sai?

a) Trình tự của 5 amino acid do đoạn gene này quy định tổng hợp là Gly – Ser – Tyr – Ala – Pro.

b) Nếu đột biến mất cặp C-G ở vị trí thứ nhất thì trình tự và thành phần các amino acid trong đoạn polypeptide sẽ bị thay đổi.

c) Nếu đột biến thêm một cặp nucleotide sau vị trí cặp nucleotide thứ 15 thì trình tự và thành phần tất cả các amino acid trong đoạn polypeptide sẽ bị thay đổi.

d) Nếu cặp G–C ở vị trí thứ 9 bị thay thế bằng cặp T–A thì đoạn polypeptide sẽ còn lại 2 amino acid.

Câu 23: (ID: 961885) Một operon X có các vùng trình tự quy định chức năng được ký hiệu M, N, P, Q, tổng hợp các enzyme 1 và enzyme 2 phân giải chất X. Trong đó, mỗi vùng trình tự M, N, P, và Q sẽ là một trong các vị trí sau:

(1) Gene tổng hợp enzyme 1.
(2) Gene tổng hợp enzyme 2.
(3) Vùng khởi động (promoter).
(4) Vùng vận hành (operator).

Biết rằng, gene điều hòa điều khiển hoạt động operon X tổng hợp protein điều hòa có chức năng bình thường. Kết quả theo dõi lượng enzyme 1 và enzyme 2 của các chủng vi khuẩn khi nuôi cấy trong điều kiện môi trường có chất X hoặc không có chất X được thể hiện ở bảng dưới đây, biết (+) enzyme được tổng hợp; (-) enzyme không được tổng hợp.

Các chủng vi khuẩn	Không có chất X		Có chất X	
	Enzyme 1	Enzyme 2	Enzyme 1	Enzyme 2
Không mang đột biến	–	–	+	+
Đột biến ở vùng M	–	–	–	+
Đột biến ở vùng N	–	–	–	–
Đột biến ở vùng P	–	–	+	–
Đột biến ở vùng Q	+	+	+	+

a) Trình tự M trong operon X là gene tổng hợp enzyme 1.

b) Vùng P trong operon X là gene mã hóa enzyme 2.

c) Nếu vùng N bị đột biến, enzyme 2 sẽ không được tổng hợp khi có chất X, nhưng enzyme 1 vẫn có thể được tổng hợp.

d) Khi đột biến xảy ra ở vùng Q của operon, enzyme 1 và enzyme 2 vẫn được tổng hợp ngay cả khi không có chất X.

Câu 24: (ID: 956388) Biết rằng có xảy ra 3 đột biến điểm ở vị trí giữa vùng mã hoá của gene ở tế bào nhân sơ. Chuỗi polypeptide của gene bình thường (gene A) và chuỗi polypeptide do các gene đột biến quy định chỉ khác nhau 1 amino acid. Người ta thu thập được bảng sau khi tìm hiểu về các dạng đột biến đã xảy ra:

	Gene A	Allele A_1	Allele A_2	Allele A_3
Amino acid ở vị trí đột biến	Trp	Ser	Pro	Gln
Codon mã hoá amino acid	UGG	AGU, AGC, UCU, UCC, UCA, UGG	CCG, CCU, CCC, CCA	CAA, CAG

a) Đột biến đã làm thay đổi số lượng nucleotide của các allele so với gene bình thường.

b) Thứ tự các đột biến xảy ra theo sơ đồ: A → A_2 → A_3 → A_1.

c) Allele A_2 có số lượng liên kết hydrogen nhiều hơn gene A.

d) Có thể sử dụng 5-bromouracil để gây ra một trong số các đột biến trên.

Câu 25: (ID: 950607) Virus viêm gan B (HBV) là một loại virus DNA thuộc họ Hepadnaviridae, gây tổn thương gan nghiêm trọng với nguy cơ dẫn đến xơ gan và ung thư gan. HBV xâm nhập tế bào gan, DNA của virus được đưa vào nhân tế bào. Từ đó, virus tạo RNA trung gian (pgRNA), rồi enzyme phiên mã ngược dùng RNA trung gian để tổng hợp DNA mới. Để ngăn chặn sự phát triển của HBV, bệnh nhân được sử dụng thuốc kháng virus lamivudine ức chế enzyme phiên mã ngược. Lamivudine tương tự cytidine, nhưng thiếu nhóm 3'-OH cần thiết cho quá trình kéo dài chuỗi DNA, khiến quá trình nhân bản HBV bị dừng lại.

a) Sau thời gian điều trị bằng thuốc lamivudine đã đạt hiệu quả, người bệnh ngưng sử dụng thuốc vẫn đảm bảo virus không nhân lên trong cơ thể.

b) Lamivudine gây độc cho tế bào gan vì lamivudine ức chế quá trình tái bản DNA của tế bào gan.

c) Quá trình tổng hợp DNA từ RNA trung gian của virus là quá trình phiên mã ngược.

d) HIV (Human immunodeficiency virus) là loại virus gây suy giảm hệ miễn dịch ở người, có vật chất di truyền là phân tử RNA sợi đơn. Khi xâm nhập vào tế bào chủ, virus tổng hợp DNA sợi kép từ RNA của virus (nhờ enzyme phiên mã ngược). Do đó lamivudine cũng ức chế sự nhân lên của HIV.

----- HẾT -----

HƯỚNG DẪN GIẢI CHI TIẾT

THỰC HIỆN: BAN CHUYÊN MÔN TUYENSINH247.COM

1. S, Đ, S, S	**2. S, S, Đ, Đ**	**3. Đ, S, S, Đ**	**4. Đ, S, S, S**	**5. Đ, S, Đ, S**
6. Đ, Đ, Đ, Đ	**7. S, S, Đ, S**	**8. S, Đ, S, S**	**9. S, S, Đ, Đ**	**10. Đ, Đ, Đ, S**
11. Đ, Đ, Đ, S	**12. Đ, Đ, S, S**	**13. Đ, Đ, Đ, S**	**14. S, S, Đ, Đ**	**15. S, S, Đ, Đ**
16. Đ, S, Đ, S	**17. Đ, Đ, Đ, Đ**	**18. Đ, S, Đ, Đ**	**19. Đ, Đ, S, Đ**	**20. Đ, Đ, S, Đ**
21. S, Đ, Đ, S	**22. Đ, Đ, S, Đ**	**23. Đ, Đ, S, Đ**	**24. S, S, S, Đ**	**25. S, S, Đ, Đ**

Câu 1 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào nguyên tắc bổ sung trong cơ chế di truyền phân tử.

Cách giải:

a) Sai. Trong quá trình phiên mã tạo ra mRNA, mạch 1 của đoạn gene II đóng vai trò là mạch khuôn.

b) Đúng. Các nucleotide tương ứng với các vị trí số 1, 2, 3, 4 trên đoạn gene I lần lượt là C, T, G, T.

c) Sai. Đầu X của các mạch polynucleotide trong sơ đồ tương ứng với đầu 3' và đầu Y tương ứng với đầu 5'.

d) Sai. Xuất hiện bộ ba AUU.

Đáp án: S, Đ, S, S

Câu 2 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào điều kiện thí nghiệm.

Cách giải:

a) Sai. Vì 2 ống đều bổ sung phenylalanin.

b) Sai. Ở ống B không có hoạt độ phóng xạ.

c) Đúng. Vì bổ sung C thì ống B vẫn không phát huỳnh quang.

d) Đúng. Vì B có UUU liên kết với tRNA mang phenylalanin nên có hoạt độ phóng xạ.

Đáp án: S, S, Đ, Đ

Câu 3 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế dịch mã và đặc điểm polysome.

Cách giải:

a) Đúng. Nhiều ribosome cùng dịch mã 1 mRNA → polysome.

b) Sai. Đầu khởi đầu là 5’, không phải 3’.

c) Sai. Ribosome gắn vào đầu 5’ trước → (IV) dịch mã trước.

d) Đúng. Khi dịch mã xong tiến hành điện di 4 phân tử (II, III, IV, V). Cả 4 phân tử trên đều cùng tốc độ di chuyển.

Đáp án: Đ, S, S, Đ

Câu 4 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức về các cơ chế di truyền cấp độ phân tử để giải bài tập.

Cách giải:

a) Đúng. Vì trình tự mạch 1 của gen D bổ sung với trình tự nucleotit trên phân tử mRNA.

b) Sai. Vì quá trình nhân đôi DNA giúp vật liệu di truyền được truyền lại cho đời sau.

c) Sai. Vì nếu đột biến thay thế khiến codon 5' UGG 3' trở thành codon 5' UGA 3' thì sẽ xuất hiện mã kết thúc sớm → Trình tự amino acid của chuỗi polipeptit sẽ thay đổi từ vị trí này.

d) Sai. Chỉ có tối đa 2 trường hợp xuất hiện mã kết thúc sớm, đó là codon 5' UGG 3' và 5' UCA 3'.

Đáp án: Đ, S, S, S

Câu 5 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào đặc điểm của các quá trình:

- Tái bản DNA: sử dụng A, T, G, C.
- Phiên mã: sử dụng A, U, G, C.
- Dịch mã: không tiêu thụ nucleotide.

So sánh tỉ lệ nucleotide còn lại sau thí nghiệm để xác định ống nghiệm.

Cách giải:

a) Đúng vì X có nồng độ các Nu không đổi → tổng hợp Pr (ống III); Y có T không đổi → phiên mã (ống II); Z có U không đổi → nhân đôi (ống I).

b) Sai vì các gene có chiều dài bằng nhau thì số liên kết hóa trị bằng nhau, gene nào có tỷ lệ (A + T)/(G + C) càng cao thì số liên kết hydrogen càng nhỏ → nhiệt độ tách hai mạch đơn càng nhỏ.

c) Đúng vì muốn thu được đột biến gen xuất hiện với tần số cao thì sử dụng các tác nhân đột biến tác động vào ống nghiệm diễn ra nhân đôi → sai sót trong lắp ghép các nucleotide tăng.

d) Sai vì phiên mã từ B sang A nên B là 5' và A là 3'

Đáp án: Đ, S, Đ, S

Câu 6 (VD):

Phương pháp:

- Đọc hiểu thông tin và bảng biểu trong bài.
- Vận dụng kiến thức về di truyền phân tử để trả lời câu hỏi.

Cách giải:

a - **Đúng.**

Mạch khuôn: 3' CAG GTA TAA GTT TTT GGA AGT CGA 5'.

→ Mạch mã hoá: 5' GTC CAT ATT CAA AAA CCT TCA GCT 3'

→ A= T = 15.

→ G = C = 9.

→ A/G của đoạn gene mã hoá S1 là 15/9 = 5/3.

b - **Sai.**

Ta có:

Đoạn S1 của biến thể E1	Val	**His**	Ile	Gln	**Lys**	Pro	Ser	Ala
Đoạn S2 của biến thể E2	Val	**Leu**	Ile	Gln	**Asn**	Pro	Ser	Ala

→ E2 khác E1 ở hai amino acid: Leu ở E2 thay thế cho His ở E1, Asn ở E2 thay thế cho Lys ở E1

Hai đột biến điểm thay thế cặp nucleotde này bằng cặp nucleotide khác đã xảy ra ở bộ ba **GTA (mã hóa His)** và **TTT (mã hóa Lys)**.

Xét đột biến chuyển His thành Leu

- Trước đột biến: His được mã hóa bởi bộ ba **CAU**

- Mà Leu được mã hóa bởi: UUA, UUG, **CUU**, CUC, CUA hoặc CUG.

→ Khả năng cao nhất: đột biến đã chuyển CAU thành CUU

→ Trên mạch DNA khuôn, đột biến đã chuyển bộ ba **GTA** thành **GAA** (1)

Tức là, đột biến đã làm thay thế cặp **T = A** bằng cặp **A = T**

Xét đột biến chuyển Lys thành Asn

- Trước đột biến: Lys được mã hóa bởi bộ ba **AAA**

- Mà Asn được mã hóa bởi bộ ba **AAU** hoặc **AAC**

→ Cả hai khả năng đều có thể xảy ra

TH1: Đột biến chuyển AAA thành AAU

→ Trên mạch DNA khuôn, đột biến đã chuyển bộ ba **TTT** thành **TTA**

→ thay thế cặp **T = A** bằng cặp **A = T**

TH2: Đột biến chuyển AAA thành AAC

→ Trên mạch ADN khuôn, đột biến đã chuyển bộ ba **TTT** thành **TTG**. (2)

→ thay thế cặp **T = A** bằng cặp **G ≡ C**

Từ (1) và (2) → Trình tự nucleotide trên mạch DNA khuôn mã hóa đoạn S2 của enzyme E2 là

3’ CAG **GAA** TAA GTT **TTA** GGA AGT CGA 5’

Hoặc 3’ CAG **GAA** TAA GTT **TTG** GGA AGT CGA 5’

c - **Sai.** Mỗi đoạn gene có 2 mạch.

Đoạn gene S1 → mạch S1.1 và mạch S1.2.

Đoạn gene S2 → mạch S2.1 và mạch S2.2.

Khi các đoạn gene bị phân li thành 2 mạch, sau đó tổ hợp lại thành gene ngẫu nhiên thì ta có biểu thức $C^2_4 = 6$

Trong đó, số tổ hợp chính xác là 2 (S1.1 – S1.2 và S2.1 – S2.2).

→ tổ hợp hai mạch bắt cặp chính xác tối đa chiếm tỉ lệ 2/6 = 1/3.

d - **Đúng.** Sự xuất hiện của Leu thay thế His, Asn thay thế Lys đã làm thay đổi trình tự và thành phần các amio acid trong chuỗi polypeptide → làm thay đổi cấu trúc bậc 1 của protein → làm thay đổi cấu trúc không gian 3 chiều (bậc 3, bậc 4) → ảnh hưởng tới chức năng của protein → hiệu quả xúc tác phản ứng của E2 kém hơn E1.

Đáp án: Đ, Đ, Đ, Đ

Câu 7 (VD):

Phương pháp:

Áp dụng cơ chế điều hòa biểu hiện gene thông qua quá trình cắt nối exon chọn lọc (alternative splicing) ở sinh vật nhân thực.

Xác định chính xác thành phần exon có trên mRNA trưởng thành của mỗi giới để tính toán số nucleotide, từ đó xác định vị trí codon kết thúc thực tế và tính số amino acid trong chuỗi polypeptide hoàn chỉnh (chuỗi polypeptide sau khi loại bỏ amino acid mở đầu).

Đánh giá ảnh hưởng của đột biến gen dựa trên vị trí xảy ra đột biến so với vùng dịch mã thực tế.

Cách giải:

a) Phân tử tiền mRNA ở cả hai giới sẽ bằng nhau vì chưa trải qua quá trình hoàn thiện mRNA. → Sai

b) Phân tử mRNA trưởng thành của giới cái có exon E1,2,4,5 còn giới đực có exon E1,2,3,4,5 nên trình tự nucleotide sẽ khác nhau. → Sai

c) Chuỗi polypeptide hoàn chỉnh là chuỗi polypeptide đã bị cắt bỏ aa mở đầu.

Số Nu của mRNA giới cái là : E1 + E2 + E4 + E5 = 300 + 273 + 300 + 303 = 1176

Số bộ ba mã hoá aa trên chuỗi polypeptide là 1176/3 -1 (1 bộ ba kết thúc ko mã hoá aa) = 392 – 1=391

Chuỗi polypeptide hoàn chỉnh có aa là là 391 – 1 (1aa mở đầu) = 390

Tuy nhiên, bộ ba UAG ở cuối exon E3 , vì vậy dịch mã sẽ từ bộ ba AUG đầu tiên đến bộ ba UAG, nên ta chỉ tính các Nu từ E1 đến E3, tổng có số Nu là 300 + 273 + 297 = 870

Chuỗi polypeptide hoàn chỉnh có số aa mã hoá là $\frac{870}{3}$ - 2 (bỏ 1 aa mở đầu và 1 aa kết thúc) = 288

Vậy chuỗi polypeptide hoàn chỉnh ở giới cái nhiều hơn giới đực là 390 – 288 = 102 aa → Đúng

d) Vì ở mRNA ở đực dịch mã từ AUG đến UAG (từ E1 đến E3) nên khi đột biến TAA (sau exon5) cũng không ảnh hưởng gì đến chuỗi polypeptide cả. → Sai

Đáp án: S, S, Đ, S

Câu 8 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế hoạt động của operon Lac.

Cách giải:

a) Sai. A là vùng cấu trúc của gene cấu trúc quy định enzyme 1.

b) Đúng. Vùng B là trình tự promoter của operon X.

c) Sai. Vùng C là gene tổng hợp enzyme 2.

d) Sai. Trong operon X, thứ tự các đoạn trình tự tính từ promoter được xếp theo thứ tự là DBAC.

Đáp án: S, Đ, S, S

Câu 9 (VD):

Phương pháp:

Phân tích bảng để hiểu vai trò của chất X trong điều hòa biểu hiện Operon M.

Cách giải:

a) Sai. Ở trạng thái không có đột biến, khi có mặt chất X, 3 enzyme tạo ra sản phẩm nhiều, còn khi vắng mặt X, 3 enzyme có sản phẩm nhưng không nhiều → X là chất hoạt hóa operon M.

b) Sai. Ở trạng thái không có đột biến, khi có mặt chất X, 3 enzyme tạo ra sản phẩm nhiều, còn khi vắng mặt X, 3 enzyme có sản phẩm nhưng không nhiều → X là chất hoạt hóa operon M.

c) Đúng. Khi đột biến ở vùng trình tự I, sự có mặt chất X và không có mặt chất X không làm thay đổi lượng sản phẩm của 3 gene mã hóa cho 3 loại enzyme E1, E2 và E3

→ I là vùng trình tự Operator, liên kết đặc hiệu với X và vai trò kiểm soát hoạt động của operon M.

d) Đúng. Nếu bị đột biến ở vùng II, enzyme E3 sẽ không được tạo ra cả khi có mặt hoặc không có mặt X

→ vùng II là vùng trình tự mã hóa cho enzyme E3.

Nếu bị đột biến ở vùng III, enzyme E2 sẽ không được tạo ra cả khi có mặt hoặc không có mặt X

→ vùng III là vùng trình tự mã hóa cho enzyme E2.

Nếu bị đột biến ở vùng IV, enzyme E1 sẽ không được tạo ra cả khi có mặt hoặc không có mặt X

→ vùng IV là vùng trình tự mã hóa cho enzyme E1.

Đáp án: S, S, Đ, Đ

Câu 10 (VD):

Phương pháp:

Trong một Operon, các gene cấu trúc (như lacZ, lacY, lacA hoặc trpE, trpD...) luôn chịu sự kiểm soát của cùng một vùng điều hòa (bao gồm vùng khởi động P và vùng vận hành O) đứng trước chúng.

Phân tích hình vẽ: Trong operon dung hợp, cụm gene lacZ, lacY, lacA đã bị cắt khỏi vùng điều hòa Lac và gắn vào sau các gene của operon Trp. Do đó, toàn bộ cụm gene này bây giờ chịu sự chỉ huy của Vùng điều hòa Trp.

Cách giải:

a) Đúng. Sự biểu hiện lacZ phụ thuộc vào nồng độ Trp trong môi trường

b) Đúng. Khi thiếu tryptophan, protein ức chế bị bất hoạt, các gene được phiên mã tạo ra các sản phẩm kể cả khi không có lactose

c) Đúng

d) Sai. Vì lacZ lúc này dưới sự kiểm soát của operon Trp, nó không cần lactose để khởi động.

Đáp án: Đ, Đ, Đ, S

Câu 11 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế hoạt động của operon:

- Gene R mã hóa protein ức chế (R-protein).

- Không có M → R-protein hoạt động → bám O → ngăn phiên mã.

- Có M → R-protein mất hoạt tính → operon được phiên mã.

- Dựa vào bảng mRNA và R-protein để suy ra vị trí đột biến.

Cách giải:

Chủng 1: R-protein mất hoạt tính → đột biến vùng mã hóa gene R → operon phiên mã liên tục.

Chủng 2: không có mRNA → đột biến promoter (P) → không phiên mã được.

a) Đúng. Chủng 1 đột biến ở vùng mã hóa gene R.

b) Đúng. Không có M, R-protein bám O, ngăn RNA pol → operon không phiên mã.

c) Đúng. Không có M, các gene A, B, C không phiên mã.

d) Sai. Đột biến O_1 → mRNA vẫn tạo liên tục; nếu đột biến cả O_1 và O_2 → vẫn phiên mã (vì không còn vị trí bám ức chế) → phát biểu "mRNA không tạo thành".

Đáp án: Đ, Đ, Đ, S

Câu 12 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức về quá trình điều hoà biểu hiện hoạt động ở operon lac

Cách giải:

a) Đúng

b) Đúng các đột biến có thể làm ảnh hưởng đến protein ức chế nên sẽ ảnh hưởng đến hoạt động của operon

c) Sai vì operon là mô hình điều hoà ở nhân sơ

d) Sai các gene vẫn được phiên mã

Đáp án: Đ, Đ, S, S

Câu 13 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức liên quan đến điều hoà biểu hiện gene và suy luận kết quả của các đột biến có thể gây ra.

Cách giải:

– Môi trường nuôi cấy 1:

+ Không có acid amin tryptophan liên kết protein ức chế *(protein ức chế do gene điều hòa của operon tryp mã hóa)* nên protein ức chế không thể hiện hoạt tính và không liên kết vào Operater của operon lai. Điều này làm cho RNA polymerase có thể bám được vào vùng promoter của operon lai và tiến hành quá trình phiên mã và tổng hợp được phân tử mARN mang thông tin của 2 operon.

– Môi trường nuôi cấy 2:

Tương tự môi trường nuôi cấy 1, ngoài tổng hợp được enzyme cho Tryp còn tổng hợp enzyme phân giải lactose sử dụng được nguồn cacbon.

– Môi trường nuôi cấy 3:

+ Có acid amin tryptophan liên kết protein ức chế do gene điều hòa của operon tryp mã hóa nên protein ức chế có thể thể hiện hoạt tính và liên kết vào Operater của operon lai. Điều này làm cho ARN polymerase không thể bám được vào vùng promoter của operon lai và tiến hành quá trình phiên mã nên không tổng hợp được phân tử mARN mang thông tin của 2 operon. Vì thế tế bào vi khuẩn *E. Coli* không tổng hợp được cả 2 hệ enzyme.

– Môi trường nuôi cấy 4:

Tương tự môi trường nuôi cấy 3, vi khuẩn *E.coli* không tổng hợp được cả hai hệ enzyme. Dù có Tryp từ môi trường thì vẫn không dùng được lactose

→ Nên môi trường nuôi cấy 4 không có khuẩn lạc xuất hiện.

a) Đúng, **b)** Đúng, **c)** Đúng, **d)** Sai.

Đáp án: Đ, Đ, Đ, S

Câu 14 (VD):

Phương pháp:

Sử dụng sơ đồ điện di và vận dụng kết quả về quá trình dịch mã, đột biến gene.

Cách giải:

a) Sai. Nếu nucleotide ? là U thì sẽ tạo thành bộ ba UGA (bộ ba kết thúc)

→ Trình tự nucleotide của mRNA trên là 18 nucleotide (tính tới bộ ba kết thúc)

→ Chuỗi polypeptide có số amino acid là: $\frac{18}{3} - 2 = 4$.

→ Vậy có 4 bộ ba mã hóa amino acid.

b) Sai. M1 là đột biến mất nucleotide, M2 là đột biến thay thế nucleotide và M3 là đột biến thêm nucleotide.

c) Đúng. Allele M2 là đột biến nhầm nghĩa thay thế một acid amin.

d) Đúng. M1 là đột biến mất nucleotide, M2 là đột biến thay thế nucleotide và M3 là đột biến thêm nucleotide.

Đáp án: S, S, Đ, Đ

Câu 15 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào sơ đồ điện di.

Cách giải:

Theo như hình mô tả, thể M1 là đột biến mất nucleotide, M2 là đột biến thay thế nucleotide và M3 là đột biến thêm nucleotide.

+ Thể M1, kích thước giảm đi

+ Thể M2, kích thước giữ nguyên

+ Thể M3, kích thước lớn hơn.

Đáp án: S, S, Đ, Đ

Câu 16 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức về đặc điểm của đột biến gene và các bệnh tật di truyền ở người.

Cách giải:

a) Đúng. Phân tử Hb được hình thành từ sản phẩm của 3 gene không allele.

b) Sai. HBS hình thành là do đột biến ở allele HBB quy định, tạo ra polypeptide β bị đột biến.

c) Đúng. Đột biến thay thế A-T thành T-A nên không thay đổi số liên kết hydrogene.

d) Sai. Bệnh hồng cầu hình liềm có thể được phát hiện sớm qua phương pháp phân tích di truyền phân tử.

Đáp án: Đ, S, Đ, S

Câu 17 (VD):

Phương pháp:

Gene B ban đầu: 5'UGG3'

Gene B sau đột biến thành b: 5'UGA3'

Cách giải:

Ý 1. Đúng đây là đột biến thay thế 1 cặp nu là G-X và A-T trong đó G liên kết với X bằng 3 liên kết hydrogen, A liên kết với T chỉ bằng 2 liên kết hydrogen.

Ý 2. Đúng, do 5'UGG3' quy định aa loại Tritophan; 5'UGA3' quy định mã kết thúc.

3. Đúng.

4. Đúng, do bộ ba 5'UGA3' là codon kết thúc, mang tín hiệu kết thúc dịch mã, nên chuỗi polipeptit ngắn hơn.

Đáp án: Đ, Đ, Đ, Đ

Câu 18 (VD):

Phương pháp:

Áp dụng các công thức:

- Công thức liên hệ giữa chu kỳ xoắn và tổng số nucleotit $C = \frac{N}{20}$ (Å).

- Công thức tính số liên kết hydrogen : H=2A +3G

- Số nucleotide môi trường cung cấp cho quá trình nhân đôi n lần: $N_{mt} = N \times (2n - 1)$.

Cách giải:

$N_B = 65 \times 20 = 1300$

$H_B = 2A_B + 3G_B = 1669$

Ta có hệ phương trình $\begin{cases} 2A_B + 2G_B = 1300 \\ 2A_B + 3G_B = 1669 \end{cases} \Leftrightarrow \begin{cases} A_B = T_B = 281 \\ G_B = C_B = 369 \end{cases}$

gene Bb nguyên phân bình thường hai lần liên tiếp, môi trường nội bào đã cung cấp 1689 nucleotide loại thymine và 2211 nucleotide loại cytosine

$T_{mt} = (T_B + T_b)(2^2 - 1) = 1689 \rightarrow T_b = 282$

$C_{mt} = (C_B + C_b)(2^2 - 1) = 2211 \rightarrow C_b = 368$

$H_b = 1668$

Xét các phát biểu :

a) đúng, b) sai, c) đúng, d) đúng.

Đáp án: Đ, S, Đ, Đ

Câu 19 (VD):

Phương pháp:

Xác định dạng đột biến điểm và hậu quả dịch mã.

Cách giải:

a) Đúng vì đột biến thay cặp G-C bằng cặp A-T làm giảm 1 liên kết hydrogen.

b) Đúng vì:

+ allele A1: Thay từ CCG → CCA làm codon GGC → GGU nhưng đều mã hóa 1 amino acid → chuỗi polypeptide không đổi.

+ allele A2: Xuất hiện mã kết thúc sớm làm mất nhiều amino acid.

+ allele A3: Thay từ CCG → TCG làm codon GGC →AGC → chuỗi polypeptide đổi từ Gly → Ser.

c) Sai vì allele A2 bị thay đổi nhiều amino acid.

d) Đúng vì triplet ATC → codon: 5'UAG3' là codon kết thúc.

Đáp án: Đ, Đ, S, Đ

Câu 20 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào tác dụng của EMS và colchicine trong thực nghiệm thực vật và kết quả quan sát.

Cách giải:

a) Đúng. So sánh các lô cho thấy: khi có EMS, tỉ lệ albino tăng rõ so với đối chứng → EMS nhiều khả năng làm tăng biến đổi di truyền dẫn tới xuất hiện kiểu hình albino; trong khi tỉ lệ 4n ở lô EMS không tăng rõ so với đối chứng → chưa có bằng chứng EMS làm tăng tế bào đa bội 4n. Ngược lại, ở lô colchicine tỉ lệ tế bào 4n tăng mạnh so với đối chứng → phù hợp với tác động lên phân bào và gây đa bội; còn tỉ lệ albino không tăng rõ → chưa có bằng chứng colchicine làm tăng tỉ lệ albino theo chỉ số này. Vì vậy, nhiều khả năng EMS chủ yếu liên quan đến đột biến gene (qua chỉ dấu albino), còn colchicine chủ yếu gây đột biến số lượng NST (qua chỉ dầu tế bào 4n).

b) Đúng. Lô đối chứng có sẵn 1% tế bào 4n.

c) Sai. Không thể kết luận đột biến tứ bội "dễ phát sinh hơn" đột biến gene vì hai chỉ số không cùng thước đo: 4n được đo ở mức tế bào, còn albino là kiểu hình ở mức cơ thể và không đại diện cho toàn bộ đột biến gene; thêm nữa, cá thể albino có thể giảm sức sống hoặc khó ghi nhận đầy đủ.

d) Đúng. Thí nghiệm có lô EMS và lô đối chứng, đồng thời ghi nhận tỉ lệ albino ở cả hai, nên cho phép đánh giá ảnh hưởng của EMS lên tỉ lệ xuất hiện cây albino.

Đáp án: Đ, Đ, S, Đ

Câu 21 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức về đặc điểm của công nghệ chuyển gene sinh vật.

Cách giải:

a) sai vì đang là thành tựu của công nghệ chuyển gene tế bào.

b) đúng.

c) đúng, enzyme restrictaza đóng vai trò là enzym cắt.

d) sai vì cấu trúc Ti plasmid của vi khuẩn Agrobacterium tumefaciens là cấu trúc (1), cấu trúc (2) là DNA tái tổ hợp.

Đáp án: S, Đ, Đ, S

Câu 22 (VD):

Phương pháp:

Dựa vào nguyên tắc phiên mã và dịch mã: mạch khuôn DNA → mRNA (A–U, T–A, G–C, C–G), sau đó xác định codon để suy ra amino acid.

Cách giải:

Mạch khuôn: 3’ CCC – AGC – ATG – CGA – GGG 5’

mRNA tổng hợp: 5’ GGG – UCG – UAC – GCU – CCC 3’

→ Amino acid: Gly – Ser – Tyr – Ala – Pro

a) Đúng. Trình tự amino acid là Gly – Ser – Tyr – Ala – Pro.

b) Đúng. Nếu mất 1 cặp nucleotide ở vị trí đầu → đột biến lệch khung đọc → trình tự và thành phần amino acid thay đổi.

c) Sai. Nếu thêm 1 cặp nucleotide sau vị trí 15 (sau bộ ba cuối) → không làm thay đổi 5 amino acid đã mã hóa.

d) Đúng. Nếu cặp G–C ở vị trí 9 → T–A: ATG → ATT → mRNA UAA (codon kết thúc) → chuỗi polypeptide chỉ còn 2 amino acid.

Đáp án: Đ, Đ, S, Đ

Câu 23 (VD):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đã học về điều hòa biểu hiện của gene.

Cách giải:

a) Đúng. Vì đột biến vùng M → enzyme 1 không được tổng hợp.

b) Đúng. Vì đột biến vùng P → enzyme 2 không được tổng hợp.

c) Sai. Vì đột biến vùng N cả 2 enzyme đều không được tổng hợp. N là vùng khởi động.

d) Đúng. Vì đột biến vùng Q (vùng vận hành) thì gene mã hóa enzyme 1 và enzyme 2 vẫn được tổng hợp ngay cả khi không có chất X.

Đáp án: Đ, Đ, S, Đ

Câu 24 (VD):

Phương pháp:

Phân tích các amino acid ở vị trí đột biến.

Cách giải:

a) Sai. Đột biến không làm thay đổi số lượng nucleotide của các allele so với gene bình thường.

b) Sai. Thứ tự các đột biến xảy ra theo sơ đồ: A → A_1 → A_2 → A_3.

c) Sai. Allele A_2 có số lượng liên kết hydrogen bằng gene A vì thay G bằng C.

d) Đúng. Có thể sử dụng 5-bromouracil để gây ra một trong số các đột biến trên (A_1 → A_2).

Đáp án: S, S, S, Đ

Câu 25 (VD):

Phương pháp:

Cơ chế nhân bản của HBV: Khác với các virus DNA thông thường, HBV có giai đoạn phiên mã ngược (RNA → DNA) nhờ enzyme đặc hiệu.

Cơ chế của Lamivudine: Thuốc này là một chất tương tự nucleotide (cytidine). Khi enzyme phiên mã ngược lắp nhầm Lamivudine vào chuỗi đang tổng hợp, do thiếu nhóm 3'-OH, liên kết phosphodiester không thể hình thành với nucleotide kế tiếp, dẫn đến kết thúc sớm quá trình tổng hợp chuỗi DNA.

Tính đặc hiệu: Enzyme phiên mã ngược (Reverse Transcriptase) chủ yếu có ở virus, không có trong quá trình tái bản DNA bình thường của tế bào người (tế bào gan).

Cách giải:

Xét các phát biểu dựa trên dữ kiện bài toán:

a) Sai: HBV có khả năng tồn tại dưới dạng cccDNA (DNA vòng khép kín bền vững) trong nhân tế bào gan. Thuốc Lamivudine chỉ ức chế quá trình nhân bản mới, không tiêu diệt được cccDNA đang có sẵn. Nếu ngưng thuốc, virus có thể tái hoạt động từ nguồn cccDNA này.

b) Sai: Tế bào gan người sử dụng enzyme DNA\ polymerase của vật chủ để tái bản DNA. Enzyme này có khả năng kiểm tra và loại bỏ các sai sót (hoặc có độ đặc hiệu khác), nên Lamivudine chủ yếu tác động lên enzyme phiên mã ngược của virus mà không gây độc trực tiếp cho quá trình tái bản DNA của người.

c) Đúng: Theo định nghĩa, quá trình tổng hợp DNA từ khuôn mẫu RNA là quá trình phiên mã ngược.

d) Đúng: HIV cũng là virus sử dụng enzyme phiên mã ngược để chuyển đổi RNA thành DNA khi xâm nhập tế bào. Vì Lamivudine ức chế enzyme này bằng cách kết thúc chuỗi DNA sớm, nên nó cũng có hiệu quả trong việc ức chế sự nhân lên của HIV.

Đáp án: S, S, Đ, Đ