BTVN: DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ - MỨC ĐỘ THÔNG HIỂU

CHUYÊN ĐỀ: DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ

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 trả lời ngắn.*
- ✓ *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: 973049) Một phân tử DNA mạch kép có tỉ lệ nucleotide loại G chiếm 30%. Tỉ lệ phần trăm nucleotide loại A của phân tử DNA này là bao nhiêu %?

(Chỉ điền phần số)

□□□□

Câu 2: (ID: 973048) Mạch thứ nhất của gene có trình tự nucleotide là 3'CCCATAAGCGTGCT 5'. Tỉ lệ $\frac{(A+G)}{(T+C)}$ ở mạch thứ 2 của gene là:

(viết kết quả dưới dạng số thập phân, làm tròn đến chữ số thứ 2 sau dấu phẩy)

□□□□

Câu 3: (ID: 973044) Từ một phân tử DNA ban đầu, sau 3 lần tái bản liên tiếp (không xảy ra sai sót) sẽ tạo ra bao nhiêu phân tử DNA con?

□□□□

Câu 4: (ID: 966046) Khi nghiên cứu gene của 1 chủng vi khuẩn thu được bảng sau:

Chủng vi khuẩn	Số lượng nitrogenous (đơn vị: nucleotide)			
	A	T	G	C
Mạch 1	900	600	900	900

Tỉ lệ $\frac{A+G}{T+C}$ ở mạch 2 của gene là bao nhiêu? Hãy thể hiện kết quả bằng số thập phân và làm tròn đến 2 chữ số sau dấu phẩy.

□□□□

Câu 5: (ID: 961404) Nhiệt độ làm tách hai mạch của phân tử DNA được gọi là nhiệt độ nóng chảy. Dưới đây là nhiệt độ nóng chảy của 4 phân tử DNA có khối lượng bằng nhau:

Phân tử	1	2	3	4
Nhiệt nóng chảy DNA	46,2°C	75,56°C	84,47°C	56,93°C

Phân tử DNA nào trong 4 phân tử trên có tỉ lệ nucleotide loại Guanine cao nhất?

▢▢▢▢

Câu 6: (ID: 955796) Một phân tử nucleic acid mạch kép có tỉ lệ từng loại nitrogenous base của từng mạch được thể hiện ở Bảng 3.

	A	T	G	C
Mạch 1	0,35	0,21	?	?
Mạch 2	?	?	?	0,21

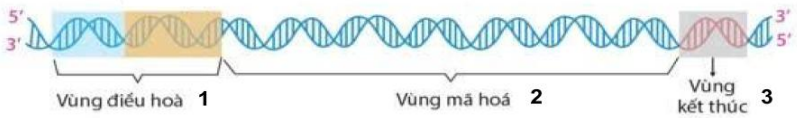
Biết rằng tổng tỉ lệ 4 loại nitrogenous base trên mỗi mạch đơn là 1,00. Theo lí thuyết, guanine (G) ở mạch 2 chiếm tỉ lệ bao nhiêu?

▢▢▢▢

Câu 7: (ID: 955794) Cho một đoạn DNA mạch thẳng có mạch 1 mang trình tự nucleotide: 5'ATGCCGTACAAGCTTGATCCCGAGTACGTTGCCAGGTTATCAAGCTTCGATCGGATAAGCTTTCCGGGAAGGA3'. Biết enzyme cắt giới hạn nhận biết trình tự 5'-AAGCTT-3' và cắt giữa G và C. Sau khi enzyme cắt hoàn toàn đoạn DNA này, đoạn ngắn nhất thu được có bao nhiêu cặp nucleotide?

▢▢▢▢

Câu 8: (ID: 809236) Quan sát hình dưới đây và xác định vị trí (số) nào trên hình có trình tự khởi động cần thiết cho sự khởi đầu tổng hợp RNA?



▢▢▢▢

Câu 9: (ID: 966589) Người ta chuyển một số vi khuẩn *E.coli* mang các phân tử DNA vùng nhân chỉ chứa N^{15} sang môi trường chỉ có N^{14}. Các vi khuẩn nói trên thực hiện nhân đôi ba lần liên tiếp tạo ra 1200 phân tử DNA vùng nhân chỉ chứa N^{14}. Sau đó chuyển các vi khuẩn sang môi trường chứa N^{15} và cho chúng nhân đôi tiếp hai lần nữa. Số phân tử DNA chỉ chứa N15 sau khi kết thúc quá trình nhân đôi trên là bao nhiêu?

▢▢▢▢

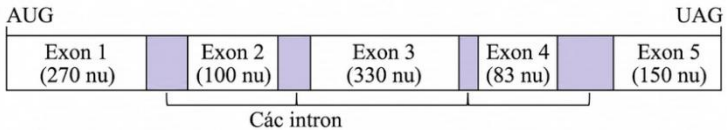
Câu 10: (ID: 813681) Có bao nhiêu thành phần sau đây tham gia vào quá trình tái bản ở sinh vật nhân sơ?

(1) Enzyme tháo xoắn (2) DNA polymerase (3) Enzyme ligase

(4) Enzyme cắt giới hạn (5) RNA polymerase (6) mạch DNA làm khuôn

▢▢▢▢

Câu 11: (ID: 962415) Cho biết một bản sao sơ cấp pre-mRNA vừa được phiên mã từ một gene phân mảnh có các exon và intron với số nucleotide tương ứng như sau:



Sau quá trình phiên mã và cắt nối, thu được một số loại mRNA có trình tự exon dưới đây:

Loại (1): Exon 1, 2, 5 Loại (2): Exon 1, 5

Loại (3): Exon 1, 4, 5 Loại (4): Exon 1, 2, 3, 4, 5

Hãy cho biết loại mRNA nào nêu trên có khả năng hoạt động bình thường? *(Viết liền các loại đúng theo thứ tự từ nhỏ đến lớn)*

▢▢▢▢

Câu 12: (ID: 810932) Cho các sự kiện diễn ra trong quá trình phiên mã:

(1) RNA polymerase bắt đầu tổng hợp mRNA tại vị trí đặc hiệu (khởi đầu phiên mã).

(2) RNA polymerase bám vào vùng điều hòa làm gene tháo xoắn để lộ ra mạch gốc có chiều 3' – 5'.

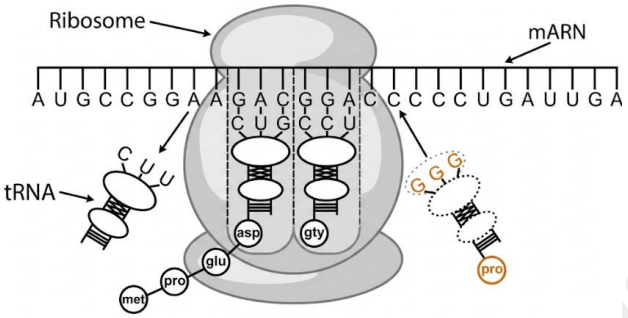
(3) RNA polymerase trượt dọc theo mạch mã gốc của gene có chiều 3' – 5' để kéo dài chuỗi polynucleotide.

(4) Khi RNA polymerase di chuyển tới cuối gene, gặp tín hiệu kết thúc thì quá trình phiên mã dừng lại.

Trình tự đúng của các sự kiện diễn ra trong quá trình phiên mã là:

▢▢▢▢

Câu 13: (ID: 963519) Hình dưới đây mô tả quá trình dịch mã chuỗi polypeptide.



Toàn bộ quá trình trên sẽ cần bao nhiêu lượt tRNA tham gia?

▢▢▢▢

Câu 14: (ID: 956161) Tại một phòng thí nghiệm, một nhóm nhà khoa học tổng hợp các phân tử mRNA nhân tạo rồi đưa các mRNA này vào các ống nghiệm có sẵn phức hợp tổng hợp protein. Nguyên liệu trong mỗi ống nghiệm chỉ có 1 loại amino acid. Kết quả thí nghiệm được thể hiện ở bảng sau:

Loại mRNA	**Ống nghiệm tổng hợp được proteinn**
Chỉ có nucleotide loại A	Ống có Lysine (Lys)
Chỉ có nucleotide loại U	Ống có Phenylalanine (Phe)
Chỉ có nucleotide loại G	Ống có Glycine (Gly)
Chỉ có nucleotide loại C	Ống cóGroline (Pro)

Hãy sắp xếp các nhận xét đúng theo thứ tự từ nhỏ đến lớn.

(1) Mỗi loại amino acid Lys, Phe, Gly, Pro đều được mã hóa bởi duy nhất 1 codon.

(2) Trong bảng mã di truyền, codon 5'UUU3' mã hóa cho amino acid Phe.

(3) Quá trình dịch mã nhân tạo diễn ra ngay cả khi không có codon mở đầu.

(4) Nếu cho các loại amino acid khác nhau vào cùng một ống nghiệm, có thể thu được protein có nhiều hơn 2 loại amino acid.

□□□□

Câu 15: (ID: 849677) Bảng sau đây cho biết các codon mã hóa các amino acid tương ứng (đánh số từ 1 đến 6)

Codon	5'GGG3'	5'CCC3'	5'GCU3'	5'CGA3'	5'UCG3'	5'AGC3'
Amino acid	1	2	3	4	5	6

Một đoạn mạch khuôn của một gene ở vi khuẩn có trình tự nucleotide là 3'-GGGCCCAGCCGA-5'. Nếu đoạn mạch khuôn này mang thông tin mã hóa cho đoạn polypeptide có 4 amino acid thì trình tự các amino acid đó sẽ như thế nào? *(Viết liền các chữ số tương ứng với trình tự các amino acid).*

□□□□

Câu 16: (ID: 795449) Cho đoạn mạch khuôn của gene có trình tự nucleotide như sau:

3' TAC TAT GAT TAA CAT AAT TCT GGT ATT 5'

Gene này thực hiện phiên mã và dịch mã thì số amino acid trong phân tử protein hoàn chỉnh tương ứng bằng bao nhiêu?

□□□□

Câu 17: (ID: 795448) Một đoạn phân tử protein có trình tự amino acid Val−Tyr−Ile−Lys. Biết các amino acid được quy định bởi các bộ ba như sau:

Val: GUU, GUC, GUA, GUG

Tyr: UAU, UAC

Ile: AUU, AUC, AUA

Lys: AAA, AAG

Theo lí thuyết có bao nhiêu đoạn phân tử DNA khác nhau cùng quy định đoạn phân tử protein nói trên?

□□□□

Câu 18: (ID: 815146) Cho sơ đồ thể hiện quá trình truyền đạt thông tin di truyền như sau. Vị trí số mấy trong sơ đồ thể hiện quá trình phiên mã ngược?



□□□□

Câu 19: (ID: 762754) Một đoạn mạch khuôn của gene cấu trúc mã hóa cho 4 amino acid có trình tự các bộ ba nucleotide như sau: 3'… AAT TGA GGA CGA …5'.

Biết rằng một số amino acid trong chuỗi polipeptid do gene trên quy định được mã hóa bởi những codon khác nhau đọc theo trình tự từ đầu 5'→3' trên mRNA và được đánh số tương ứng như sau:

1. Leucine (Leu): 5'UUA3'; 5'UUG3'; 5'CUU3'; 5'CUC3'.
2. Serine (Ser): 5'UCU3'; 5'UCC3'; 5'UCA3'; 5'UCG3'.
3. Threonine (Thr): 5'ACU3'; 5'ACC3'; 5'ACG3'; 5'ACA3'.
4. Alanine (Ala): 5'GCU3'; 5'GCC3'; 5'GCA3'; 5'GCG3'.
5. Proline (Pro): 5'CCU3'; 5'CCC3'; 5'CCA3'; 5'CCG3'.

Hãy viết liền trình tự các amino acid (theo số) tương ứng trong chuỗi polipeptid được mã hóa bởi đoạn gene trên?

▢▢▢▢

Câu 20: (ID: 966873) Ở vi khuẩn *E. coli* kiểu dại, sự biểu hiện của gene *lacZ, lacY, lacA* của operon *lac* phụ thuộc vào sự có mặt của lactose trong môi trường nuôi cấy. Mỗi chủng vi khuẩn *E. coli* chỉ mang 1 đột biến (do đột biến nhân tạo) được nuôi trong môi trường không có lactose và có lactose. Sự biểu hiện "+" và không biểu hiện "-" gene của các chủng được thể hiện ở bảng thông tin bên.

Chủng vi khuẩn	Môi trường không có lactose			Môi trường có lactose		
	lac Z	*lac Y*	*lac A*	*lac Z*	*lac Y*	*lac A*
1	+	+	+	+	+	+
2	-	-	-	-	-	-
3	-	-	-	+	+	-
4	-	-	-	+	+	+

Dựa vào kết quả bảng thông tin cho biết chủng vi khuẩn nào là chủng *E. coli* kiểu dại?

▢▢▢▢

Câu 21: (ID: 966730) Bằng kỹ thuật gây đột biến nhân tạo, người ta đã tạo ra 5 chủng vi khuẩn *E. coli*, mỗi chủng chỉ có một trong số các đột biến sau đây:

– Chủng 1: Đột biến làm mất chức năng của protein do gene cấu trúc l*acA* quy định.

– Chủng 2: Đột biến làm mất chức năng của protein do gene cấu trúc l*acZ* quy định.

– Chủng 3: Đột biến làm mất chức năng của protein do gene điều hoà l*acI* quy định.

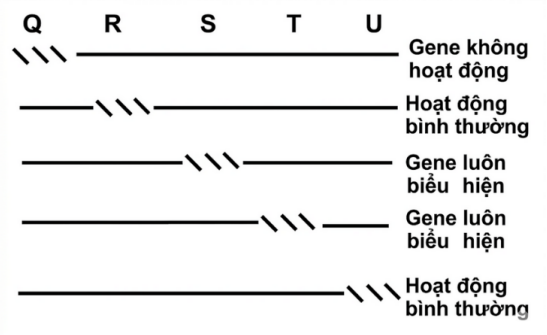
– Chủng 4: Đột biến làm vùng khởi động (P) của gene điều hòa l*acI* bị mất chức năng.

– Chủng 5: Đột biến làm vùng khởi động (P) của operon bị mất chức năng.

Những chủng vi khuẩn nào có các gene cấu trúc của operon *lac* được phiên mã khi môi trường có đường lactose? *(Viết liền các chữ số theo thứ tự từ bé đến lớn).*

▢▢▢▢

Câu 22: (ID: 960851) Giả sử một Operon có các trình tự nucleotide được kí hiệu Q, R, S, T, U. Hình bên thể hiện các đột biến mất đoạn (đoạn bị mất kí hiệu \ \ ) và hậu quả xảy ra ở các trình tự.



Theo lý thuyết, trong các nhận định sau, có mấy nhận định không đúng?

(1) Vùng S và T là vùng có liên quan đến các gene điều hòa và vùng vận hành O.

(2) Vùng Q có thể liên quan đến vùng vận hành.

(3) Đoạn U là vùng liên quan tới gene cấu trúc.

(4) Đoạn R, U liên quan đến gene điều hòa.

☐☐☐☐

Câu 23: (ID: 950608) Trong mô hình điều hòa operon Lac ở vi khuẩn *E. coli*, có các sự kiện được mô tả khi môi trường nuôi cấy bổ sung lactose như sau:

1. Lactose được chuyển hóa thành dạng đồng phân là allolactose trong tế bào, allolactose liên kết và làm thay đổi cấu hình protein điều hòa.

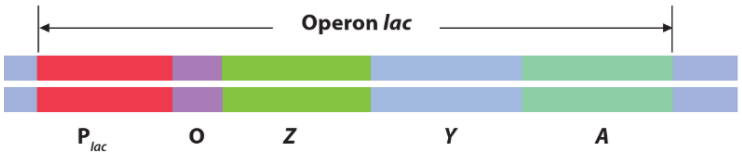
2. Các enzyme B-galactosidase, permease và transacetylase được tổng hợp với tốc độ nhanh chóng.

3. Enzyme RNA polymerase liên kết với vùng khởi động của operon Lac, khởi động phiên mã các gene cấu trúc.

4. Protein điều hòa mất hoạt tính ức chế và không liên kết với vùng vận hành của operon Lac. Hãy viết liền các số tương ứng với các sự kiện theo trình tự của quá trình điều hoà operon Lac khi môi trường nuôi cấy bổ sung lactose.

☐☐☐☐

Câu 24: (ID: 848564) Hình mô tả các thành phần của operon lac, có bao nhiêu phát biểu đúng về hình này?



(1) Vùng P là nơi tương tác của enzyme phiên mã RNA - polymerase.

(2) Vùng O là nơi tương tác của protein ức chế và có thể không chịu tác động của protein ức chế.

(3) Nếu gene cấu trúc lacZ bị đột biến thì các gene còn lại lacY và lacA cũng biến đổi theo.

(4) Vùng P luôn liên kết với enzyme RNA polymerase khi không có protein ức chế.

☐☐☐☐

Câu 25: (ID: 806517) Trong các phát biểu sau, có bao nhiêu phát biểu **không** đúng khi nói về quá trình điều hòa hoạt động của gene theo mô hình operon Lac ở vi khuẩn *E.coli*?

(1) Khi môi trường không có lactose, gene điều hòa không tổng hợp protein điều hòa.

(2) Khi môi trường có lactose, protein điều hòa bám vào vùng operator nên vùng promoter bắt đầu hoạt động.

(3) Quá trình điều hòa hoạt động của gene chủ yếu xảy ra ở mức độ trước phiên mã.

(4) Phiên mã của nhóm gene cấu trúc lacZ, lacY, lacA chỉ có thể xảy ra khi tế bào vi khuẩn có sản phẩm của gene điều hòa.

(5) Operon là cụm gồm 1 số gene cấu trúc do 1 gene điều hòa nằm trước nó điều khiển.

(6) Trong cấu trúc của một operon Lac, nằm ngay trước vùng mã hóa các gene cấu trúc là vùng promoter.

☐☐☐☐

Câu 26: (ID: 788473)

Đoạn đầu vùng mã hoá của gene cấu trúc ở một sinh vật nhân sơ có trình tự các nucleotide trên mạch bổ sung là:

5'…ATG TCC TAC TCT ATT CTA GCG GTC AAT...3'

Tác nhân đột biến làm mất cặp nucleotide thứ 16 (G – C) thì chuỗi polypeptide tương ứng được tổng hợp từ gene đột biến có số amino acid là bao nhiêu (tính cả amino acid mở đầu)?

☐☐☐☐

Câu 27: (ID: 962879) Trong một nghiên cứu y học phân tử tại Viện Huyết học – Truyền máu Trung ương, các nhà khoa học tiến hành phân tích trình tự chuỗi amino acid đầu mạch β–hemoglobin của hai nhóm người:

Nhóm 1: Người khỏe mạnh bình thường.

Nhóm 2: Bệnh nhân mắc thiếu máu hồng cầu hình liềm (sickle-cell anemia).

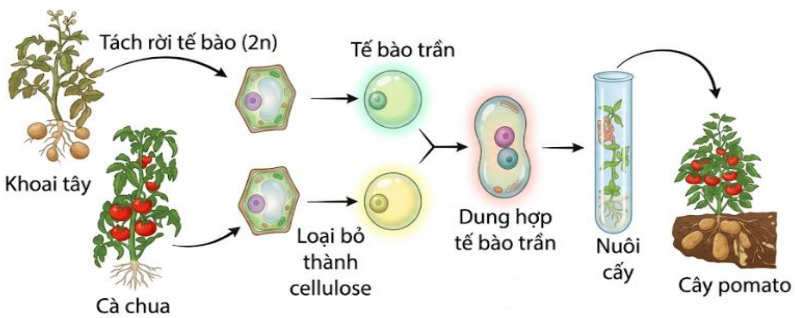
Kết quả phân tích 7 amino acid đầu mạch β–hemoglobin ở hai nhóm như sau:

Loại hemoglobin	**Trình tự 7 amino acid đầu mạch**
HbA (bình thường)	Valin – Histidin – Leucin – Threonin – Prolin – Glutamic acid – Glutamic acid
HbS (Bệnh nhân)	Valin – Histidin – Leucin – Threonin – Prolin – Valin – Glutamic acid

Chuỗi polypeptide trong phân tử HbS đã bị thay đổi amino acid thứ mấy so với chuỗi polypeptide do gene HbA?

☐☐☐☐

Câu 28: (ID: 967232) Hình dưới đây mô tả quy trình công nghệ tạo ra cây Pomato từ cây khoai tây và cây cà chua:



Khi phân tích hình, một học sinh đã đưa ra những kết luận sau:

(1) Quy trình công nghệ được mô tả là kỹ thuật lai tế bào sinh dưỡng.

(2) Dung hợp tế bào trần là giai đoạn tạo ra tế bào trần từ các tế bào bình thường ban đầu.

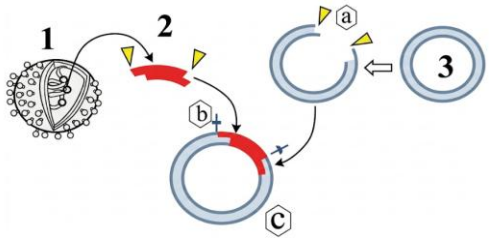
(3) Enzyme có thể được sử dụng trong quy trình công nghệ này là restrictase.

(4) Cây Pomato mang vật chất di truyền của 2 loài khác nhau.

Có bao nhiêu kết luận đúng?

☐☐☐☐

Câu 29: (ID: 966049) Hình bên dưới mô tả một giai đoạn trong sản xuất vaccine phòng bệnh viêm gan B do virus Hepatitis B. Có bao nhiêu nhận định dưới đây sai so với sơ đồ?



1. Virus Hepatitis B

2. Gene cắt từ hệ gene virus

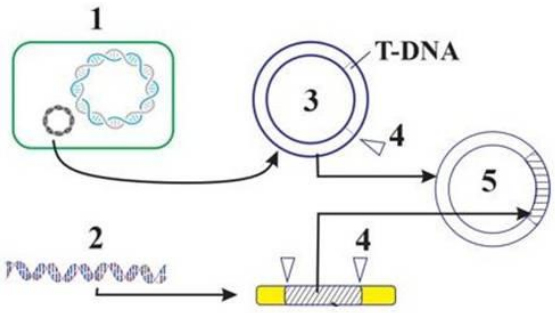
3. Plasmid của vi khuẩn

4. a là enzyme cắt giới hạn

5. b là enzyme nối ligase để giúp sự liên kết giữa gene cần chuyển và thể truyền bằng liên kết Hydrogen để tạo DNA tái tổ hợp

☐☐☐☐

Câu 30: (ID: 815230) Hình sau đây mô tả một giai đoạn của nguyên lý tạo thực vật biến đổi gene. Hãy cho biết số mấy trong hình là DNA tái tổ hợp?



☐☐☐☐

----- HẾT -----

HƯỚNG DẪN GIẢI CHI TIẾT

THỰC HIỆN: BAN CHUYÊN MÔN TUYENSINH247.COM

1. 20	**2. 1,33**	**3. 8**	**4. 0,83**	**5. 3**
6. 0,23	**7. 12**	**8. 1**	**9. 3600**	**10. 5**
11. 24	**12. 2134**	**13. 8**	**14. 234**	**15. 2153**
16. 7	**17. 49**	**18. 3**	**19. 1354**	**20. 4**
21. 1234	**22. 2**	**23. 1432**	**24. 2**	**25. 3**
26. 9	**27. 6**	**28. 2**	**29. 1**	**30. 5**

Câu 1 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đã học về cấu tạo DNA.

Cách giải:

Ta có %A + %G = 50%. Với %G = 30% thì %A = 50% - 30% = 20%.

Đáp án: 20

Câu 2 (TH):

Phương pháp:

Các nucleotide ở hai mạch của gene liên với nhau theo nguyên tắc bổ sung: A với T, G với C và ngược lại

$A_1 = T_2$; $T_1 = A_2$;

$G_1 = C_2$; $C_1 = G_2$

Cách giải:

Tỉ lệ $\frac{(A+G)}{(T+C)}$ ở đoạn mạch thứ nhất là: $\frac{6}{8}$

Do A liên kết với T và G liên kết với C → $A_1 = T_2$, $T_1 = A_2$, $G_1 = C_2$, $C_1 = G_2$

→ Tỉ lệ ở đoạn mạch thứ 2 là $\frac{8}{6} = \frac{4}{3} \approx 1{,}33$.

Chú ý: Tỷ lệ ở mạch bổ sung bằng nghịch đảo của mạch gốc và ngược lại.

Đáp án: 1,33

Câu 3 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đã học về tái bản DNA.

Cách giải:

Số phân tử DNA con được tạo ra sau k lần tái bản là 2^k. Với k = 3, số DNA con là $2^3 = 8$.

Đáp án: 8

Câu 4 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào tỉ lệ nucleotide ở mạch 1 của gene.

Cách giải:

$A_2 = T_1 = 600$

$T_2 = A_1 = 900$

$G_2 = C_1 = 900$

$C_2 = G_1 = 900$

$\rightarrow \frac{A_2 + G_2}{T_2 + C_2} = \frac{600 + 900}{900 + 900} \approx 0,83.$

Đáp án: 0,83

Câu 5 (TH):

Phương pháp:

- Trong phân tử DNA, các nucleotide giữa hai mạch liên kết với nhau bằng liên kết hydro theo cặp:

+ A liên kết với T bằng 2 liên kết hydro.

+ G liên kết với C bằng 3 liên kết hydro.

- Là nhiệt độ mà tại đó hai mạch của DNA tách rời nhau do các liên kết hydro bị phá vỡ. Do cặp G-C có nhiều liên kết hydro hơn cặp A-T, nên phân tử DNA nào có tỉ lệ G-C càng cao thì cấu trúc càng bền vững và nhiệt độ nóng chảy càng cao.

Cách giải:

Nhiệt độ nóng chảy tỉ lệ thuận với tỉ lệ G-C trong phân tử DNA

→ Phân tử 3 có nhiệt độ nóng chảy lớn nhất nên sẽ có tỉ lệ nucleotide loại Guanine cao nhất.

Đáp án: 3

Câu 6 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào NTBS của các nucleotide trên DNA.

Cách giải:

C2 = G1 = 0,21 → C1 = G2 = 1 - 0,21 - 0,21 - 0,35 = 0,23.

Đáp án: 0,23

Câu 7 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào enzyme cắt giới hạn: Enzyme nhận biết 5'-AAGCTT-3' và cắt giữa G và C, tức sau G: 5'–AA|GCTT–3'. Muốn tìm đoạn ngắn nhất, ta cần đếm khoảng 2 vị trí cắt gần nhau nhất.

Cách giải:

AAGCTT xuất hiện ở:

- Vị trí 10–15: AAGCTT → cắt giữa G (vị trí 12) và C (13)

- Vị trí 50–55: AAGCTT → cắt giữa G (52) và C (53)

- Vị trí 63–68: AAGCTT → cắt giữa G (65) và C (66)

→ Đoạn ngắn nhất = 12 cặp nucleotide.

Đáp án: 12

Câu 8 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào vai trò các thành phần của gene.

Vùng điều hoà có trình tự khởi động cần thiết cho sự khởi đầu tổng hợp RNA và có vai trò điều hoà lượng sản phẩm của gene.

Vùng mã hoá chứa thông tin di truyền quy định trình tự RNA hoặc chuỗi polypeptide.

Vùng kết thúc mang tín hiệu kết thúc quá trình tổng hợp RNA.

Cách giải:

Vùng điều hoà có trình tự khởi động cần thiết cho sự khởi đầu tổng hợp RNA và có vai trò điều hoà lượng sản phẩm của gene.

Đáp án: 1

Câu 9 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào công thức nhân đôi DNA.

Cách giải:

Gọi số vi khuẩn ban đầu là a (vi khuẩn).

→ $a \times 2^3 = 1200 + 2a \rightarrow a = 200$.

Sau 3 lần nhân đôi ở môi trường N^{14} ta có: 400 DNA chứa cả N^{14} và N^{15}, 1200 DNA chỉ chứa N^{14}

Sau đó chuyển các vi khuẩn sang môi trường chứa N^{15} và cho chúng nhân đôi tiếp hai lần nữa, ta được:

400 DNA chứa cả N^{14} và N^{15} tạo 1200 DNA chỉ chứa N^{14}

1200 DNA chỉ chứa N^{14} tạo 2400 DNA chỉ chứa N^{14}

→ Tổng: 1200 + 2400 = 3600.

Đáp án: 3600

Câu 10 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đã học về diễn biến quá trình tái bản DNA.

Cách giải:

Những thành phầnthamgia vào quá trình nhân đôi ở sinh vật nhân sơ là : (1), (2), (3), (5), (6).

Đáp án: 5

Câu 11 (TH):

Phương pháp:

Protein hoạt động bình thường khi tổng số nucleotide của các exon sau cắt nối chia hết cho 3 (không làm lệch khung đọc).

Cách giải:

Loại (1): 1 + 2 + 5 = 270 + 100 + 150 = 520 → không chia hết cho 3 → không bình thường.

Loại (2): 1 + 5 = 270 + 150 = 420 → chia hết cho 3 → bình thường.

Loại (3): 1 + 4 + 5 = 270 + 83 + 150 = 503 → không chia hết cho 3 → không bình thường.

Loại (4): 1 + 2 + 3 + 4 + 5 = 270 + 100 + 330 + 83 + 150 = 933 → chia hết cho 3 → bình thường.

Đáp án: 24

Câu 12 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đã học về RNA và quá trình phiên mã.

Cách giải:

Trình tự đúng là: (2) → (1) → (3) → (4)

Đáp án: 2134

Câu 13 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế dịch mã, mỗi codon trên mRNA cần 1 tRNA tương ứng mang amino acid.

Cách giải:

Có 9 bộ ba trong đó có 8 bộ ba mã hóa và 1 bộ ba kết thúc → Cần 8 tRNA tham gia.

Đáp án: 8

Câu 14 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào bảng mã di truyền và tính thoái hóa của mã di truyền.

Cách giải:

(1) Sai – Các amino acid này đều do nhiều codon mã hóa (mã di truyền thoái hóa).

(2) Đúng – 5'UUU3' mã hóa Phe.

(3) Đúng – Hệ in vitro vẫn dịch mã được dù không có codon mở đầu.

(4) Đúng – Nếu cho nhiều loại aa vào cùng ống, vẫn chỉ tạo chuỗi lặp 1 loại aa theo mRNA tương ứng (≥ 1 loại aa, không bị giới hạn 2).

→ Các nhận định đúng: (2), (3), (4).

Đáp án: 234

Câu 15 (TH):

Phương pháp:

Bước 1: Xác định trình tự mRNA dựa trên mạch khuôn của gene theo nguyên tắc bổ sung ($A_{khuôn}$ – U_{mRNA}, $T_{khuôn}$ – A_{mRNA}, $G_{khuôn}$ – C_{mRNA}, $C_{khuôn}$ – G_{mRNA}) và ngược chiều (3' → 5' của DNA tương ứng 5' → 3' của mRNA).

Bước 2: Chia trình tự mRNA thành các bộ ba (codon) theo chiều 5' → 3'.

Bước 3: Tra bảng mã di truyền để xác định trình tự các amino acid tương ứng.

Cách giải:

Xác định trình tự mRNA:

- Mạch khuôn DNA: 3' - GGG CCC AGC CGA - 5'

- Mạch mRNA: 5' - CCC GGG UCG GCU - 3'

Xác định trình tự amino acid:

- Codon 1 (5'CCC3'): Mã hóa cho amino acid 2.

- Codon 2 (5'GGG3'): Mã hóa cho amino acid 1.

- Codon 3 (5'UCG3'): Mã hóa cho amino acid 5.

- Codon 4 (5'GCU3'): Mã hóa cho amino acid 3.

→ Kết quả: Trình tự các amino acid là 2153.

Đáp án: 2153

Câu 16 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đặc điểm của Cơ chế di truyền cấp phân tử – Phiên mã và dịch mã.

Cách giải:

+ mRNA do mạch khuôn của gene mã hóa: 5' AUG AUA CUA AUU GUA UUA AGA CCA UAA 3'

→ 9 bộ ba mã hóa amino acid.

+ Phân tử protein hoàn chỉnh có 7 amino aicd (bộ ba kết thúc không mã hóa amino acid và cắt đi amino acid Met hoặc fMet)

Đáp án: 7

Câu 17 (TH):

Phương pháp:

Vận dụng kiến thức đặc điểm của bô ba thoái hóa.

Cách giải:

Dựa vào tính chất của mã thoái hóa (nhiều bộ ba cùng mã hóa 1 amino acid) thì chuỗi amino acid trên có thể do 4.3.2.2 = 49 đoạn phân tử DNA quy định.

Đáp án: 49

Câu 18 (TH):

Phương pháp:

Xác định vị trí của quá trình phiên mã ngược dựa vào các mũi tên trên sơ đồ truyền đạt thông tin di truyền.

Cách giải:

- Phiên mã ngược là quá trình tổng hợp DNA từ RNA (đi ngược so với chiều truyền thống).

- Trên sơ đồ, mũi tên (3) thể hiện chiều tổng hợp từ RNA về DNA, đúng với phiên mã ngược.

Đáp án: 3

Câu 19 (TH):

Phương pháp:

Áp dụng nguyên tắc bổ sung trong quá trình phiên mã: A-U; T-A; G-C; C-G.

Áp dụng nguyên tắc bổ sung trong quá trình dịch mã: A-U; U-A; G-C; C-G.

Cách giải:

DNA: 3'… AAT TGA GGA CGA …5'.

mRNA: 5' ...UUA ACU CCU GCU ...3'

Amino acid: Leu - Thr - Pro - Ala

Đáp án: 1354.

Đáp án: 1354

Câu 20 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế hoạt động của operon Lac.

Cách giải:

Chủng *E. coli* kiểu dại thì không tạo sản phẩm khi không có lactose và tạo sản phẩm khi có lactose → Chủng 4.

Đáp án: 4

Câu 21 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế điều hoà hoạt động của operon lac.

Cách giải:

(1), (2): Đột biến ở gene cấu trúc → không ảnh hưởng điều hoà → có lactose vẫn phiên mã.

(3): Mất chức năng lacI → không tạo protein ức chế → luôn phiên mã → có lactose vẫn phiên mã.

(4): Mất vùng khởi động của lacI → không tạo protein ức chế → luôn phiên mã → có lactose vẫn phiên mã.

(5): Mất vùng khởi động operon → không phiên mã trong mọi trường hợp.

→ Các chủng có phiên mã khi có lactose: 1, 2, 3, 4.

Đáp án: 1234

Câu 22 (TH):

Phương pháp:

Nếu mất một vùng mà gene không hoạt động → Vùng đó có thể là vùng khởi động (P) nơi enzyme phiên mã bám vào.

Nếu mất một vùng mà gene luôn biểu hiện → Vùng đó có thể là vùng vận hành (O) hoặc gene điều hòa (R) vì đã mất đi sự ức chế.

Nếu mất một vùng mà gene vẫn hoạt động bình thường → Vùng đó có thể nằm ngoài operon hoặc là vùng không trực tiếp điều khiển.

Nếu mất một vùng dẫn đến mất chức năng protein → Vùng đó là gene cấu trúc.

Cách giải:

Mất đoạn Q: Gene không hoạt động. Điều này cho thấy Q là vùng khởi động (P). Khi mất vùng này, RNA polymerase không thể bám vào để bắt đầu phiên mã.

Mất đoạn R hoặc U: Gene hoạt động bình thường. Điều này cho thấy R và U không tham gia trực tiếp vào việc ngăn chặn hay khởi động phiên mã của Operon đang xét.

Mất đoạn S hoặc T: Gene luôn biểu hiện (phiên mã liên tục). Điều này chứng tỏ S và T có liên quan đến cơ chế ức chế. S và T có thể là vùng vận hành (O) hoặc gene điều hòa (R) quy định protein ức chế.

1) Đúng: Như đã phân tích, khi mất S hoặc T, gene luôn biểu hiện, chứng tỏ chúng liên quan đến vùng vận hành (O) hoặc gene điều hòa.

2) Sai: Vùng Q khi bị mất làm gene không hoạt động, nên Q phải là vùng khởi động (P), không phải vùng vận hành.

3) Sai: Nếu U liên quan đến gene cấu trúc, khi mất đoạn U thì gene sẽ không thể tạo ra sản phẩm bình thường hoặc không hoạt động, nhưng ở đây kết quả cho thấy gene vẫn "Hoạt động bình thường". Do đó, U không phải là gene cấu trúc của Operon này.

4) Đúng.

Nhận định không đúng là (2) và (3).

Đáp án: 2

Câu 23 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế hoạt động của Operon Lac khi có đường Lactose (chất cảm ứng):

- Chất cảm ứng (allolactose) bám vào protein ức chế.
- Protein ức chế bị biến đổi cấu hình, không bám được vào vùng vận hành (O).
- Vùng khởi động (P) được tự do, RNA polymerase bám vào để tiến hành phiên mã.
- Các gene cấu trúc (Z, Y, A) phiên mã và dịch mã tạo ra enzyme phân giải đường.

Cách giải:

Dựa trên các sự kiện đề bài cho, ta sắp xếp theo trình tự thời gian như sau:

Sự kiện 1: Lactose vào tế bào biến đổi thành allolactose và liên kết làm thay đổi cấu hình protein điều hòa.

Sự kiện 4: Protein điều hòa bị mất hoạt tính và rời khỏi vùng vận hành (O).

Sự kiện 3: Khi vùng O trống, RNA polymerase mới có thể liên kết vào vùng khởi động (P) để bắt đầu phiên mã.

Sự kiện 2: Kết quả của phiên mã và dịch mã là các enzyme (Z, Y, A) được tổng hợp để tiêu thụ lactose.

Đáp án: 1432

Câu 24 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào cơ chế điều hòa biểu hiện gene của operon Lac để xác định các ý đúng.

Cách giải:

Ý 1 đúng: Vùng khởi động P là trình tự nucleotide đặc hiệu, nơi enzyme RNA polymerase bám vào để bắt đầu quá trình phiên mã các gene cấu trúc.

Ý 2 đúng: Vùng vận hành O là nơi protein ức chế bám vào để ngăn chặn phiên mã. Nếu môi trường có lactose, chất này sẽ liên kết và làm biến đổi cấu hình protein ức chế, làm protein này không tương tác được với vùng O

Ý 3 sai: Các gene lacZ, lacY, lacA là các đơn vị chức năng riêng biệt nằm kế tiếp nhau. Đột biến ở gene này thường không làm thay đổi trình tự nucleotide của gene kia

Ý 4 sai: khi không có protein ức chế, RNA polymerase có thể bám vào vùng P để phiên mã các gene cấu trúc, nhưng liên kết này không phải luôn luôn xảy ra

Đáp án: 2

Câu 25 (TH):

Phương pháp:

– Mô hình operon Lac ở vi khuẩn E.coli điều hòa hoạt động trước phiên mã, khi có hoặc không có lactose.

– Protein ức chế (repressor) do gene điều hòa (R) tạo ra, có thể gắn vào vùng vận hành (operator – O) để ngăn phiên mã.

– Khi có lactose, lactose sẽ gắn vào protein ức chế làm nó mất khả năng gắn vào operator, giúp enzyme RNA polymerase bám vào promoter và phiên mã.

Cách giải:

(1) Sai – Gene điều hòa (R) luôn hoạt động, kể cả khi không có lactose → vẫn tổng hợp protein ức chế.

(2) Sai – Khi có lactose, protein điều hòa bị bất hoạt, không bám vào operator, nên RNA polymerase mới có thể hoạt động.

(3) Đúng – Điều hòa operon Lac xảy ra chủ yếu trước phiên mã.

(4) Sai – Khi protein điều hòa bị bất hoạt (do có lactose) → phiên mã mới xảy ra, chứ không phải luôn cần có protein điều hòa.

(5) Đúng – Operon gồm các gene cấu trúc + vùng điều hòa (khởi động, vận hành), do gene điều hòa R nằm ngoài điều khiển.

(6) Đúng – Trình tự cấu trúc: Promoter → Operator → Gene cấu trúc.

Đáp án: 3

Câu 26 (TH):

Phương pháp:

Từ mạch bổ sung, suy ra mạch khuôn.

Từ mạch khuôn, suy ra trình tự mARN.

Dịch mã mARN thành chuỗi amino acid.

Xác định vị trí nucleotide thứ 16 trên mạch bổ sung.

Thay đổi trình tự mARN do đột biến mất cặp nucleotide.

Dịch mã mARN đột biến thành chuỗi amino acid.

Đếm số amino acid trong chuỗi polypeptide sau đột biến.

Cách giải:

Mạch khuôn (mạch gốc): 3'...TAC AGG ATG AGA TAA GAT CGC CAG TTA...5'

mARN trước đột biến: 5'...AUG UCC UAC UCU AUU CUA GCG GUC AAU...3'

Chuỗi amino acid trước đột biến: Met-Ser-Tyr-Ser-Ile-Leu-Ala-Val-Asn

Vị trí đột biến: Nucleotide thứ 16 trên mạch bổ sung là G.

mARN sau đột biến: 5'...AUG UCC UAC UCU AUU CU_CG GUC AAU...3' (mất cặp G-C)

Chuỗi amino acid sau đột biến: Met-Ser-Tyr-Ser-Ile-Leu-Arg-Val-Asn

Số amino acid: 9

Đáp án: 9

Câu 27 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào trình tự các aa trên chuỗi polypeptide để so sánh.

Cách giải:

Chuỗi polypeptide trong phân tử HbS đã bị thay đổi amino acid thứ 6 so với chuỗi polypeptide do gene HbA.

Đáp án: 6

Câu 28 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào kiến thức về lai tế bào sinh dưỡng (dung hợp tế bào trần).

Cách giải:

(1) Đúng. Quy trình công nghệ được mô tả là kỹ thuật lai tế bào sinh dưỡng.

(2) Sai (đó là giai đoạn tạo tế bào trần, không phải dung hợp).

(3) Sai (dùng enzyme phân giải thành tế bào trần, không phải restrictase).

(4) Đúng. Cây Pomato mang vật chất di truyền của 2 loài khác nhau.

→ Có 2 kết luận đúng.

Đáp án: 2

Câu 29 (TH):

Phương pháp:

Dựa vào các bước của kĩ thuật chuyển gene.

Cách giải:

(1) Đúng: Hình (1) là virus HBV – nguồn lấy gene mã hóa kháng nguyên.

(2) Đúng: Gene cần chuyển được tách/cắt ra từ vật liệu di truyền của virus (thực tế thường tách gene HBsAg).

(3) Đúng: Hình (3) là plasmid – thể truyền dùng trong công nghệ DNA tái tổ hợp.

(a) Đúng: Enzyme cắt giới hạn dùng để cắt plasmid (và đoạn DNA chứa gene) tạo đầu dính/đầu bằng phù hợp.

(b) Sai ở chỗ liên kết: DNA ligase không tạo liên kết hydrogen, mà tạo liên kết phosphodiester (cộng hoá trị) nối các nucleotide ở "xương sống" đường–phosphate. Liên kết hydrogen là liên kết giữa các base bổ sung (A–T, G–C) khi hai mạch bắt cặp.

Đáp án: 1

Câu 30 (TH):

Phương pháp:

- Nguyên lý tạo cây biến đổi gen thường sử dụng vi khuẩn Agrobacterium tumefaciens mang plasmid Ti.
- Vùng T-DNA của plasmid được cắt bỏ gen gây u, chèn gen mong muốn → tạo DNA tái tổ hợp.
- DNA tái tổ hợp chính là plasmid Ti đã mang thêm gen cần chuyển.

Cách giải:

- Trong hình, số 3 là plasmid Ti ban đầu.
- Sau khi chèn gen mong muốn (số 4) vào vùng T-DNA, ta được plasmid mang gen ngoại lai (số 5).
- Đây chính là DNA tái tổ hợp.

Đáp án: 5