

MỤC LỤC

CHƯƠNG 1: DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ	11
A. Lí thuyết trọng tâm	11
I. Các khái niệm cơ bản	11
II. Các kiến thức cần lưu ý	11
III. Câu hỏi ôn tập	17
B. Hướng dẫn giải bài tập	30
I. Các phương pháp giải và công thức	30
II. Bài tập tự luận	35
III. Câu hỏi trắc nghiệm	42
CHƯƠNG 2: DI TRUYỀN HỌC MENDEN	56
A. Lí thuyết trọng tâm	56
I. Các khái niệm cơ bản	56
II. Các kiến thức cần lưu ý	57
III. Câu hỏi ôn tập	60
B. Hướng dẫn giải bài tập	64
I. Các phương pháp giải và công thức	64
II. Bài tập tự luận	70
III. Câu hỏi trắc nghiệm	87
CHƯƠNG 3: DI TRUYỀN HỌC NHIỄM SẮC THỂ	100
A. Lí thuyết trọng tâm	100
I. Các khái niệm cơ bản	100
II. Các kiến thức cần lưu ý	100
III. Câu hỏi ôn tập	110
B. Hướng dẫn giải bài tập	120
I. Các phương pháp giải và công thức	120
II. Bài tập tự luận	128
III. Câu hỏi trắc nghiệm	153
CHƯƠNG 4: TƯƠNG TÁC GEN	186
A. Lí thuyết trọng tâm	186
I. Các khái niệm cơ bản	186
II. Các kiến thức cần lưu ý	186
III. Câu hỏi ôn tập	189
B. Hướng dẫn giải bài tập	194
I. Các phương pháp giải và công thức	194
II. Bài tập tự luận	197
III. Câu hỏi trắc nghiệm	208
CHƯƠNG 5: DẠNG BÀI VỀ PHÉP LAI	230
I. Dạng bài tìm số phép lai phù hợp với tỉ lệ kiểu gen hoặc kiểu hình ở đời con với loài lưỡng bội	230
II. Bài tập có lời giải	236
III. Bài tập tự luận	243

CHƯƠNG 6: DI TRUYỀN HỌC QUẦN THỂ 245

A. Lí thuyết trọng tâm	245
I. Các khái niệm cơ bản	245
II. Các kiến thức cần lưu ý	245
III. Câu hỏi ôn tập	247
B. Hướng dẫn giải bài tập	250
I. Các phương pháp giải và công thức	250
II. Bài tập tự luận	270
III. Câu hỏi trắc nghiệm	290

CHƯƠNG 7: ĐỘT BIẾN 313

A. Lí thuyết trọng tâm	313
I. Các khái niệm cơ bản	313
II. Các kiến thức cần lưu ý	314
III. Câu hỏi ôn tập	320
B. Hướng dẫn giải bài tập	331
I. Các phương pháp giải và công thức	331
II. Bài tập tự luận	338
III. Câu hỏi trắc nghiệm	352

CHƯƠNG 8: DI TRUYỀN NGƯỜI VÀ BÀI TOÁN XÁC SUẤT 368

A. Lí thuyết trọng tâm	368
I. Các khái niệm cơ bản	368
II. Các kiến thức cần lưu ý	368
III. Câu hỏi ôn tập	373
B. Hướng dẫn giải bài tập	378
I. Các phương pháp giải và công thức	378
II. Bài tập tự luận	380
III. Câu hỏi trắc nghiệm	395

CHƯƠNG 9: ỨNG DỤNG DI TRUYỀN HỌC 423

A. Lí thuyết trọng tâm	423
I. Các khái niệm cơ bản	423
II. Các kiến thức cần lưu ý	423
III. Câu hỏi ôn tập	428
B. Hướng dẫn giải bài tập	438
I. Các phương pháp giải và công thức	438
II. Bài tập tự luận	438
III. Câu hỏi trắc nghiệm	440

CHƯƠNG 10: CÁC DẠNG BÀI TẬP SINH LỚP 10 442

A. Bài tập sinh học tế bào	442
I. Nguyên phân	442
II. Giảm phân và thụ tinh	446
B. Bài tập tự luận	450

CHƯƠNG 11: CÁC DẠNG BÀI TẬP SINH LỚP 11 454

A. Các dạng bài tập	454
B. Bài tập tự luận	465

Đề tự luyện số 1 466

CHƯƠNG 1: DI TRUYỀN HỌC PHÂN TỬ

A. LÝ THUYẾT TRỌNG TÂM

I. Các khái niệm cơ bản

Nucleotit (viết tắt là Nu) là đơn phân cấu tạo nên axit nucleic.

Gen là một đoạn của phân tử ADN mang thông tin mã hóa cho một sản phẩm xác định (chuỗi polipeptit hay ARN).

Điểm khởi đầu sao chép ADN (điểm bắt đầu nhân đôi ADN) là một trình tự Nu đặc biệt giúp các enzym tham gia vào quá trình nhân đôi ADN nhận biết và khởi đầu quá trình sao chép.

Quá trình nhân đôi ADN (hay còn gọi là tái bản) là quá trình tổng hợp hai phân tử ADN con từ một phân tử ADN mẹ ban đầu.

Quá trình phiên mã là sự truyền thông tin di truyền từ phân tử ADN mạch kép sang phân tử ARN mạch đơn (quá trình tổng hợp ARN).

Mạch khuôn (mạch mã gốc) là một trong hai mạch của gen dùng để tổng hợp ARN. Mạch còn lại là mạch bổ sung hay mạch mã hóa.

Dịch mã là quá trình mã di truyền trong phân tử mARN được chuyển thành trình tự các axit amin trong chuỗi polipeptit của protein.

Codon là bộ ba trên mARN (bộ ba mã sao).

Anticodon là bộ ba đối mã trên tARN.

Riboxom là bào quan được cấu tạo từ rARN và protein, là nơi diễn ra quá trình dịch mã.

Chú ý: Nhiều riboxom cùng hoạt động trên 1 phân tử mARN gọi là poliriboxom hay polixom, xuất hiện ở cả sinh vật nhân sơ và sinh vật nhân thực.

Điều hòa hoạt động của gen được hiểu là gen có được phiên mã và dịch mã hay không.

Ở sinh vật nhân sơ, trên ADN các gen có liên quan về chức năng thường được phân bố thành một cụm có chung một cơ chế điều hòa được gọi là **Operon**.

Vùng vận hành (O) là vị trí tương tác với protein ức chế.

Vùng khởi động (P) là vị trí tương tác của ARN polymeraza để khởi đầu quá trình phiên mã.

Mã mở đầu là vị trí mà tại đó quá trình dịch mã bắt đầu ứng với bộ ba 5' AUG 3' trên mARN và 3' TAX 5' trên mạch gốc của gen.

Mã kết thúc là vị trí mà tại đó quá trình dịch mã kết thúc ứng với một trong ba bộ ba 5' UAA 3', 5' UAG 3', 5' UGA 3' trên mARN hoặc tương ứng là 3' ATT 5', 3' ATX 5', 3' AXT 5' trên mạch gốc của gen.

II. Các kiến thức cần lưu ý

Nucleotit gồm có 2 loại là deoxiribonucleotit (tham gia cấu tạo nên ADN) và ribonucleotit (tham gia cấu tạo nên ARN). Trong cuốn sách này thống nhất gọi deoxiribonucleotit và ribonucleotit là nucleotit.

Quan niệm về mối liên hệ giữa gen và sản phẩm của gen đúng nhất hiện nay là: một chuỗi polipeptit được quy định bởi một gen.

LƯU Ý

Nắm vững các thuật ngữ sẽ giúp các bạn hiểu đúng câu hỏi cũng như các dữ kiện của bài tập.

CHÚ Ý

Cả bộ ba mở đầu và bộ ba kết thúc đều nằm trong vùng mã hóa của gen cấu trúc. Các bạn có thể nhớ rằng các đặc điểm liên quan đến dịch mã thuộc về vùng mã hóa của gen, còn quá trình phiên mã liên quan đến cả 3 vùng trình tự.

Cấu trúc của một gen mã hóa protein điển hình theo mạch mã gốc:



- **Vùng điều hòa:** mang tín hiệu khởi động và kiểm soát quá trình phiên mã.
- **Vùng mã hóa:** mã hóa các axit amin.
- **Vùng kết thúc:** mang tín hiệu kết thúc quá trình phiên mã.

Gen ở sinh vật nhân thực hầu hết là gen phân mảnh. Trong một gen phân mảnh số đoạn intron luôn nhỏ hơn số đoạn exon. Một số gen ở sinh vật nhân thực không phân mảnh như gen quy định Inteferon, gen quy định protein histon,...

Gen sinh vật nhân sơ chủ yếu là gen không phân mảnh, chỉ có các đoạn exon. Người ta đã tìm thấy một số gen của vi khuẩn cổ chứa intron (vi khuẩn toàn gen không phân mảnh).

Vật chất di truyền ở virus là ADN hoặc ARN mà không bao giờ chứa cả 2, có thể mạch đơn hoặc kép, có thể dạng thẳng hoặc vòng.

Phân loại gen:

- Theo cấu trúc có gen phân mảnh và gen không phân mảnh.
- Theo chức năng có gen cấu trúc và gen điều hòa.

Bộ ba (triplet): Có 64 bộ ba, trong đó có 61 bộ ba mã hóa và ba bộ ba kết thúc.

Đặc điểm của mã di truyền:

- Là mã bộ ba, đọc liên tiếp không chồng gối lên nhau.
- Có tính thoái hóa (dư thừa) nghĩa là nhiều bộ ba có thể cùng mã hóa cho 1 loại axit amin.
- Có tính phổ biến nghĩa là tất cả các loài trong sinh giới đều sử dụng chung bộ mã di truyền trừ một vài ngoại lệ.
- Có tính đặc hiệu nghĩa là mỗi bộ ba chỉ quy định 1 loại axit amin.

ADN được cấu tạo theo các nguyên tắc:

- Nguyên tắc đa phân: đại phân tử cấu tạo từ các đơn phân là Nu.
- Nguyên tắc bổ sung: các Nu trên 2 mạch liên kết với nhau bằng liên kết hidro, trong đó, A liên kết với T bằng 2 liên kết hidro, G liên kết với X bằng 3 liên kết hidro.
- Cấu trúc mạch kép: 2 mạch của ADN cùng xoắn quanh 1 trục tưởng tượng, các vòng xoắn xếp chồng lên nhau.
- Nguyên tắc đối song song: 2 mạch ADN có chiều ngược nhau, khoảng cách giữa 2 mạch là 20 Å.

Khi xét đến độ bền vững của các phân tử ADN, bỏ qua các yếu tố khác thì phân tử ADN nào có số liên kết càng lớn thì càng bền vững tức là số lượng Nu loại G (X) càng lớn thì càng bền vững.

Chức năng của ADN:

- Lưu giữ thông tin di truyền.
- Truyền đạt thông tin di truyền.

Quá trình nhân đôi của sinh vật nhân sơ, nhân thực và virus dạng sợi kép đều theo nguyên tắc bổ sung, nguyên tắc bán bảo tồn, nguyên tắc khuôn mẫu

Enzim tham gia: enzim tháo xoắn, enzim tổng hợp đoạn mồi (ARN polimeraza), enzim tổng hợp ADN (ADN polimeraza), enzim nối ligaza.

Cụ thể hơn ta có thứ tự các enzim tham gia vào quá trình tái bản ADN ở vi khuẩn và chức năng của mỗi loại enzim như sau:

LƯU Ý

Với các câu hỏi liên quan đến độ bền vững của phân tử ADN thì hãy đưa về tỉ lệ A/G, tỉ lệ này càng cao thì phân tử ADN đó càng kém bền vững.

LƯU Ý

Quá trình nhân đôi ADN có rất nhiều thành phần tham gia: ADN mẹ, 8 loại Nu từ môi trường, hệ enzym và protein.

Helicaza có chức năng tháo xoắn chuỗi xoắn kép tại vị trí chạc sao chép.

Sau đó là **protein SSB** liên kết ổn định 2 mạch đơn cho đến khi sao chép.

Gyaza (Topoisomeraza) có chức năng làm giảm lực xoắn căng phía trước chạc sao chép.

Primaza (họ ARN polimeraza) có chức năng tổng hợp đoạn mồi ARN tại đầu 5' của mạch dẫn đầu và tại mỗi đoạn Okazaki của mạch ra chậm.

ADN polimeraza III sử dụng mạch ADN mẹ làm khuôn tổng hợp mạch ADN mới bằng việc bổ sung các Nu vào đầu 3' của đoạn mạch sẵn có hoặc đoạn mồi ARN qua liên kết cộng hóa trị.

ADN polimeraza I có chức năng loại bỏ các ribonucleotit thuộc đoạn mồi bắt đầu từ đầu 5', rồi thay thế chúng bằng các deoxiribonucleotit.

ADN ligaza có chức năng nối đầu 3' của đoạn ADN đã thay thế đoạn mồi với phần còn lại của mạch dẫn đầu, hoặc nối các đoạn Okazaki của mạch ra chậm.

Các ADN polimeraza khác có nhiệm vụ chủ yếu là sửa sai.

Bản chất của các enzym cũng là protein.

Nguyên liệu tham gia tái bản ADN: 8 loại Nu

- 4 loại A, T, G, X tổng hợp ADN có thành phần đường là deoxiribozo tạo mạch ADN.

- 4 loại A, U, G, X tổng hợp đoạn mồi có thành phần đường là ribozo (riboNu) tạo đoạn mồi.

Quá trình tổng hợp ADN:

- Hai mạch được tổng hợp cùng lúc trong đó một mạch được tổng hợp liên tục còn một mạch được tổng hợp gián đoạn (tổng hợp từng đoạn Okazaki). Nguyên nhân là do enzym ADN chỉ xúc tác tổng hợp mạch mới theo chiều 5' → 3' và 2 mạch của ADN được cấu tạo đối song song ngược chiều.

- Cần tổng hợp mồi là do ADN polimeraza không tự tổng hợp được mạch mới nếu không có vị trí 3'-OH trước đó. Vì thế trên hai mạch liên tục mỗi đầu cần 1 mồi, mạch gián đoạn thì mỗi Okazaki cần một mồi.

- Mỗi đơn vị nhân đôi gồm hai chạc chữ Y hay còn gọi là chạc ba sao chép, sinh vật nhân sơ có duy nhất một đơn vị nhân đôi. Mỗi đơn vị nhân đôi có một điểm khởi đầu tái bản.

- Trên một chạc chữ Y thì một mạch mới được tổng hợp liên tục, một mạch được tổng hợp gián đoạn. Trên cả đơn vị cũng như cả phân tử ADN thì cả 2 mạch mới đều được tổng hợp gián đoạn.

- Enzim ligaza tác động lên cả 2 mạch mới được tổng hợp trong 1 đơn vị tái bản.

Quá trình phiên mã:

- Diễn ra với nguyên liệu là 4 loại Nu A, U, G, X để tạo nên ARN và enzym ARN polimeraza.

- Quá trình phiên mã được bắt đầu từ một trình tự Nu đặc biệt trên gen gọi là vị trí khởi đầu phiên mã hay promoter. Cần lưu ý là quá trình phiên mã không liên quan đến mã mở đầu hay mã kết thúc của gen mà chỉ liên quan đến các trình tự Nu đặc biệt ảnh hưởng đến quá trình phiên mã.

- Quá trình phiên mã gồm 3 giai đoạn là khởi đầu, kéo dài và kết thúc.

- Trong phiên mã, ARN polimeraza có chức năng tháo xoắn ADN đồng thời tổng hợp luôn mạch ARN mà không cần enzym tháo xoắn như trong quá trình nhân đôi ADN.

Sinh vật nhân sơ có một loại enzym ARN polimeraza duy nhất tổng hợp cả ba loại ARN còn **sinh vật nhân thực** thì ba loại enzym ARN polimeraza tổng hợp ba loại ARN chính.

CHÚ Ý

Điều quan trọng cần nhớ ở đây là enzym ADN polimeraza không có khả năng tự tổng hợp mạch mới, nhờ có enzym primaza tổng hợp đoạn mồi cung cấp vị trí 3'-OH tự do mà ADN polimeraza có thể hoạt động.

LƯU Ý

Rõ ràng cấu trúc của mARN sẽ không giống hết cấu trúc của gen, sẽ có những trình tự ở vùng điều hòa và vùng kết thúc của gen không được phiên mã. Trong các bài tập liên quan đến phiên mã ta coi như mARN là bản sao của gen để dễ tính toán nhưng điều này theo lí thuyết là không chính xác.

CHÚ Ý

Sinh vật nhân sơ gen không phân mảnh nên không có quá trình biến đổi mARN sau phiên mã, đồng thời, việc không có màng nhân giúp phiên mã và dịch mã có thể diễn ra trong cùng một khoảng thời gian và không gian.

- **Sinh vật nhân sơ:** mARN được tổng hợp xong dùng để tổng hợp protein ngay hoặc có thể mARN đang được tổng hợp thì cũng được dịch mã ngay.
- **Sinh vật nhân thực:** mARN tổng hợp xong cần biến đổi để tạo thành mARN trưởng thành. Đó là quá trình gắn chóp 7 - methyl guanozin ở đầu 5' và đuôi poly A ở đầu 3' và quá trình cắt intron và nối các exon, do đó tạo nhiều loại mARN trưởng thành từ một gen duy nhất.

- Cả 3 loại mARN, tARN và rARN đều có cấu trúc mạch đơn. Trong đó, mARN dạng mạch thẳng còn tARN và rARN có những đoạn mà phân tử cuộn gấp lại và liên kết với nhau bằng các liên kết hidro (tARN có khoảng 30-40% liên kết hidro trong phân tử, rARN có khoảng 70% liên kết hidro trong phân tử).
- Thực tế quá trình phiên mã không sao chép toàn bộ các nucleotit trên gen mã hóa sang mARN mà chủ yếu xét đến các vùng mã hóa được sao chép.

Quá trình dịch mã có sự tham gia của ba loại ARN:

- mARN** mang thông tin từ gen, liên kết với riboxom trong suốt quá trình dịch mã.
- tARN** mang axit amin đến riboxom để tạo chuỗi polipeptit, liên kết với riboxom trong thời gian rất ngắn.
- rARN** cấu tạo nên riboxom.

Quá trình dịch mã gồm có hai giai đoạn:

- **Hoạt hóa axit amin** nhờ các enzym thông qua ATP qua đó axit amin liên kết với tARN tạo thành phức hợp axit amin-tARN.

- **Dịch mã và hình thành chuỗi polipeptit:**

- + Bắt đầu dịch mã riboxom liên kết vào đầu 5' của mARN, tiểu phần nhỏ liên kết trước.
- + Axit amin mở đầu của sinh vật nhân thực là metionin, của sinh vật nhân sơ là foocmin metionin và đều do bộ ba 5' AUG 3' trên mARN quy định.
- + Ở sinh vật nhân thực, tiểu đơn vị nhỏ của riboxom liên kết với tARN gắn với metionin sau đó mới liên kết vào mARN. Ở sinh vật nhân sơ, tiểu đơn vị nhỏ của riboxom sau khi gắn vào mARN thì tARN mang foocmin metionin mới tiến vào.
- + Bộ ba kết thúc trên mARN sẽ không có axit amin tương ứng trên tARN mang tới, thay vào đó là một phân tử protein có cấu trúc giống tARN không mang axit amin, do đó kết thúc quá trình dịch mã.

- Người ta thấy rằng ứng với 61 bộ ba mã hóa chỉ có khoảng 45 loại tARN khác nhau mang các axit amin. Trong đó, riêng ứng với axit amin metionin ở nhân thực hay foocmin metionin ở nhân sơ có 2 loại tARN (1 loại chuyên mang axit amin khởi đầu dịch mã còn 1 loại tARN chuyên mang axit amin bình thường trong chuỗi). Như vậy, tARN cũng có tính thoái hóa - tức là 1 loại tARN cũng có thể mang các axit amin ứng với các codon khác nhau. Có lẽ là do Nu thứ 3 trong anticodon linh hoạt nên có thể thay đổi trong quá trình dịch mã.

- Sau khi quá trình dịch mã kết thúc axit amin mở đầu (metionin ở nhân thực và f-metionin ở nhân sơ) sẽ tách ra khỏi chuỗi để tạo thành chuỗi polipeptit hoàn chỉnh ở một số loại chuỗi và axit amin mở đầu cũng có thể không tách khỏi chuỗi polipeptit. Việc loại bỏ axit amin mở đầu phụ thuộc vào axit amin đứng sau nó: nếu là Lysin thì axit amin mở đầu được giữ lại còn nếu là Alanin thì axit amin mở đầu được loại bỏ,...Việc loại bỏ axit amin mở đầu có lẽ là do axit amin mở đầu có ảnh hưởng đến chức năng của protein hoặc ảnh hưởng đến độ bền vững của phân tử protein đó.

Poliriboxom giúp tổng hợp nhiều chuỗi polipeptit cùng loại trong một thời gian ngắn. Chú ý là mỗi riboxom trượt sẽ tổng hợp nên 1 chuỗi polipeptit.

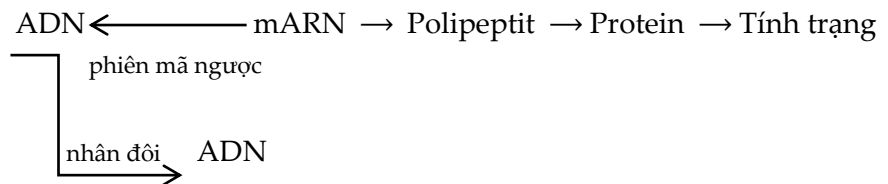
Riboxom giúp cho sự hình thành liên kết peptit. Riboxom liên kết được với mARN trong dịch mã là do tương tác giữa các phân tử rARN trong riboxom với mARN.

Hai loại axit amin duy nhất chỉ do một bộ ba mã hóa là metionin (f -metionin) và tryptophan

Mã di truyền là mã bộ ba $\Rightarrow$ được hình thành qua quá trình tiến hóa lâu dài.

Tính thoái hóa của mã di truyền chủ yếu nằm ở vị trí Nu thứ 3 trong bộ ba. Nu thứ 3 này có tính linh hoạt, các bộ ba cùng quy định 1 loại axit amin khác nhau ở Nu thứ 3 này. Vì vậy đột biến thay thế nếu rơi vào Nu vị trí thứ 3 sẽ không gây hậu quả nghiêm trọng. Cũng có trường hợp tính thoái hóa rơi vào Nu thứ nhất với 2 loại axit amin là Leu và Arg. Như vậy, Nu ở vị trí thứ hai của các bộ ba mã hóa có tính đặc thù tuyệt đối.

Cơ chế của hiện tượng di truyền ở cấp độ phân tử:



- Trong tế bào có rất nhiều gen, nhưng ở từng thời điểm chỉ có một số ít gen hoạt động (ước tính khoảng 20% số gen trong tế bào hoạt động tại mỗi thời điểm). Các tế bào có kiểu gen giống nhau nhưng lại biểu hiện khác nhau là do các gen của chúng biểu hiện khác nhau. Đó là nhờ quá trình điều hòa hoạt động của gen.

Điều hòa hoạt động của gen được hiểu là gen có được phiên mã hoặc dịch mã hay không – điều hòa lượng sản phẩm do gen tạo ra.

- **Điều hòa hoạt động của gen ở sinh vật nhân sơ** nhìn chung chủ yếu vẫn được thực hiện ở mức độ điều hòa phiên mã. Ở sinh vật nhân thực, điều hòa hoạt động của gen diễn ra ở nhiều mức độ.

- **Điều hòa hoạt động của gen ở sinh vật nhân thực** phức tạp hơn ở sinh vật nhân sơ do:

- + ADN của sinh vật nhân thực liên kết với protein histon.
- + mARN của sinh vật nhân thực cần biến đổi.
- + Nhu cầu protein ở sinh vật nhân thực là khác nhau ở từng giai đoạn, còn của sinh vật nhân sơ là tương đối ổn định trong suốt quá trình sống.
- + Số lượng Nu là rất lớn nhưng chỉ có một lượng nhỏ là mã hóa thông tin di truyền.
- + Điều hòa ở sinh vật nhân thực qua nhiều cấp độ khác nhau: NST tháo xoắn, phiên mã, sau phiên mã,...

- **Điều hòa ở vi khuẩn** theo cơ chế Operon: ở E.coli có Operon Lac hoạt động theo cơ chế của Jacop và Mono đưa ra.

Thành phần của Operon Lac:

- Vùng khởi động (P), vùng vận hành (O) và cụm gen cấu trúc theo thứ tự là Z, Y, A.
- Gen ức chế R không thuộc Operon.

- Do cụm gen cấu trúc có cùng cơ chế điều hòa nên chúng sẽ có số lần nhân đôi và phiên mã bằng nhau.

- Chất ức chế là protein ức chế do gen ức chế tổng hợp, ở trạng thái bình thường

KHẲNG ĐỊNH

Nếu đột biến rơi vào Nu thứ hai trong một bộ ba mã hóa nào đó thì chắc chắn nó làm thay đổi chuỗi polipeptit.

MỞ RỘNG

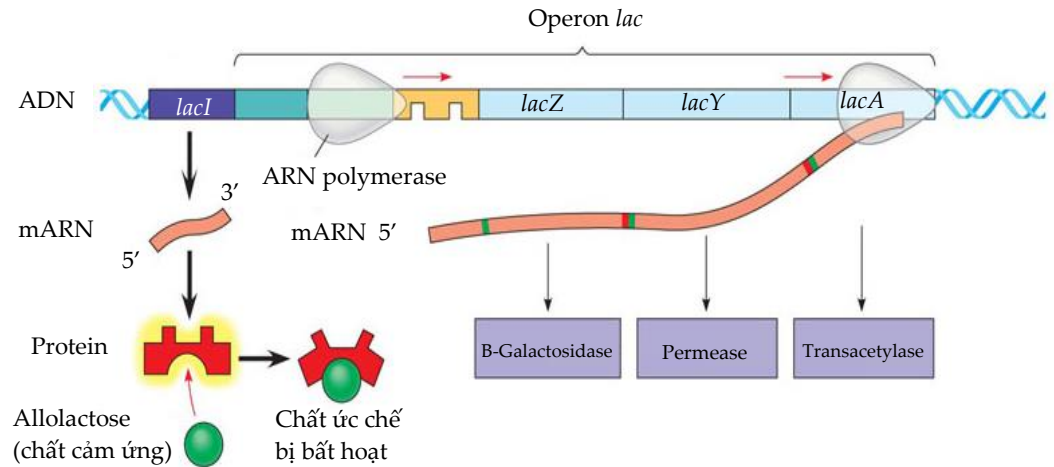
Quá trình từ mARN $\rightarrow$ ADN được gọi là quá trình phiên mã ngược, quá trình này chỉ diễn ra ở 1 số loại virus có vật chất di truyền là ARN (Ví dụ: HIV,...)

CHÚ Ý

Có nhiều mô hình Operon có ở vi khuẩn và cơ chế điều hòa, mô hình đề cập ở đây cũng chỉ là mô hình đơn giản nhất mà thôi.

protein liên kết với vùng vận hành (O) và làm bất hoạt các gen cấu trúc (đối với Operon Lac).

- ARN polymeraza sẽ liên kết vào vùng khởi động (P) để khởi động quá trình phiên mã.
- Khi có chất cảm ứng là Lactozơ thì một đồng phân của lactozơ là allactozơ (lactozơ tăng thì allactozơ tăng) liên kết với protein ức chế làm biến đổi cấu hình của protein do đó nó không liên kết được với vùng vận hành nữa và các gen cấu trúc được biểu hiện.



MỞ RỘNG

Ngoài cơ chế điều hòa ngược âm tính còn có cơ chế điều hòa ngược dương tính: khi có protein hoạt hóa liên kết với vùng điều hòa của gen thì gen sẽ được phiên mã mạnh hơn.

- Operon Lac chỉ hoạt động khi protein ức chế bị bất hoạt không liên kết với vùng (O), tuy nhiên nếu không có CAP liên kết với promoter thì tốc độ phiên mã là rất thấp.

- Nếu trong tế bào có cả đường glucozơ và đường lactozơ thì tế bào ưu tiên sử dụng glucozơ và khi đó sản phẩm chuyển hóa khi phân giải glucozơ sẽ ức chế Operon Lac hoạt động.

- Điều hòa hoạt động của gen ở sinh vật nhân thực:

- + **Trước phiên mã:** Gen được lặp lại nhiều lần, bất hoạt gen bằng metyl hóa hoặc khử acetyl hóa,... Ở người hiện tượng nữ giới có 2 NST X nhưng 1 NST X được bất hoạt tạo thành thể Barr.
- + **Phiên mã:** Nhờ các yếu tố tăng cường, yếu tố bất hoạt hoặc các yếu tố phiên mã đặc thù ở sinh vật nhân thực,... Ở sinh vật nhân sơ chủ yếu là nhờ mô hình Operon.
- + **Sau phiên mã:** Cắt nối intron và exon, phân hủy mARN,...
- Dịch mã: nhờ các yếu tố ở vùng đầu 5' và 3' của mARN.
- + **Sau dịch mã:** Biến đổi protein mới thực hiện được chức năng, phân hủy protein,...

III. Câu hỏi ôn tập

Câu 1: Dựa vào chức năng, gen được chia ra làm mấy loại gen:

- A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 2: Phát biểu nào sau đây là đúng?

- A. Trong gen phân mảnh, số intron = số exon - 1
B. Trong gen phân mảnh, số exon = số intron - 1
C. Trong gen không phân mảnh, số intron = số exon - 1
D. Trong gen không phân mảnh, số exon = số intron - 1

Câu 3: Nguyên tắc cấu tạo nào giúp tăng độ bền vững trong cấu trúc không gian của AND:

- A. Bổ sung B. Ngược chiều
C. Mạch kép D. Đa phân

Câu 4: Thành phần nào của ADN tạo nên thông tin di truyền?

- A. Nhóm photphat
B. Gốc đường
C. Liên kết photphodiester giữa các Nu
D. Bazonito

Câu 5: Nguyên tắc nào giúp đảm bảo sự chính xác trong quá trình sao chép của AND?

- A. Bổ sung B. Bán bảo tồn
C. Ngược chiều D. Nửa gián đoạn

Câu 6: Nguyên liệu tham gia vào quá trình tái bản ADN cần số loại Nu là:

- A. 4 B. 5 C. 6 D. 8

Câu 7: Ở vi khuẩn E.coli, ARN polymeraza có chức năng gì trong quá trình tái bản ADN?

- A. Mở xoắn phân tử ADN làm khuôn
B. Tổng hợp đoạn ARN mỗi có nhóm 3'-OH tự do
C. Nối các đoạn ADN ngắn thành đoạn ADN dài
D. Nhận ra vị trí khởi đầu đoạn ADN được nhân đôi

Câu 8: Trong tế bào nhân thực, loại ARN nào đa dạng nhất?

- A. snARN B. tARN C. rARN D. mARN

Câu 9: Vì sao quá trình sao chép ADN của sinh vật nhân thực là khá nhanh

- A. ADN polymeraza sao chép với tốc độ nhanh
B. ADN có cấu trúc mạch kép
C. Có nhiều đơn vị sao chép
D. Nhiều loại protein tham gia hỗ trợ

Câu 10: Chọn phát biểu sai:

- A. Ở sinh vật nhân thực, đa số ADN bị ngăn dần sau mỗi chu kỳ sao chép do ADN mạch thẳng.
B. Ở sinh vật nhân sơ, ADN không bị ngăn dần do ADN mạch vòng
C. Ở sinh vật nhân thực, trong các tế bào xoma đoạn mồi ở đầu mạch sau khi bị loại bỏ sẽ không được thay thế
D. Ở sinh vật nhân sơ, do ADN mạch vòng nên không cần đoạn mồi ở đầu mạch mà vẫn sao chép được toàn bộ ADN

Câu 11: Tác nhân nào được dùng để chứng minh mã di truyền là mã bộ ba?

- A. 5-BU B. Tia tử ngoại
C. Acridin D. NMU

Câu 12: Loại ARN nào có số lượng lớn nhất trong tế bào?

- A. siARN B. tARN C. rARN D. mARN

Câu 13: Có mấy loại ARN tham gia vào quá trình dịch mã?

- A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 14: Vì sao ARN có hoạt tính như enzym

- A. Là đại phân tử
B. Được phiên mã từ ADN
C. Mạch đơn
D. Có khả năng tự xúc tác

Câu 15: Quá trình phiên mã gồm mấy giai đoạn

- A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 16: mARN không được tổng hợp theo nguyên tắc nào?

- A. Bổ sung B. Ngược chiều
C. Khuôn mẫu D. Bán bảo tồn

Câu 17: Chiều tổng hợp của ARN polymeraza và chiều của ARN lần lượt là

- A. 5' → 3' và 3' → 5' B. 3' → 5' và 5' → 3'
C. 5' → 3' và 5' → 3' D. 3' → 5' và 3' → 5'

Câu 18: Số loại đơn phân của axit nucleic tham gia vào quá trình phiên mã là:

- A. 4 B. 5 C. 6 D. 8

Câu 19: Vì sao mARN ở sinh vật nhân thực tồn tại lâu trong tế bào?

- A. Trong tế bào không có enzym phân hủy
B. Chứa intron
C. Chứa mũ 7 metyl guanin và đuôi poli A
D. Do chưa tổng hợp ngay protein

Câu 20: Liên kết nào chủ yếu giúp tạo nên cấu trúc bậc 2 của protein?

- A. liên kết hidro B. liên kết peptit
C. liên kết disulfua D. liên kết ion

Câu 21: Trong cấu trúc bậc một của chuỗi polipeptit có chứa loại liên kết gì?

- A. Hidro B. Disulfua C. Hóa trị D. Ion

Câu 22: Loại axit nucleic nào liên kết với ribosom trong suốt thời gian dịch mã?

- A. ADN B. mARN C. rARN D. tARN

Câu 23: Phát biểu nào đúng?

- A. Số axit amin được tổng hợp bằng số codon trên mARN.
B. Số axit amin trong chuỗi polipeptit hoàn chỉnh bằng số lượt tARN.
C. Số axit amin được tổng hợp bằng số lượt tARN.
D. Số lượt tARN bằng số codon trên mARN.

Câu 24: Ở sinh vật nhân thực, số lượng axit amin metionin trong một chuỗi polipeptit bất kì là:

- A. Khi mới tổng hợp là một, chuỗi hoàn chỉnh là 0.
B. Cả khi mới tổng hợp và khi hoàn chỉnh đều là 1.
C. Cả khi mới tổng hợp và khi hoàn chỉnh đều là 0.
D. Không xác định.

Câu 25: tARN đầu tiên mang anticodon là:

- A. 3' UAX 5' B. 5' UAX 3'
C. 3' XUA 5' D. 5' AUX 3'

Câu 26: Chọn phát biểu đúng?

- A. Mỗi ribosom chỉ tổng hợp một loại protein nhất định.
B. Mỗi ribosom thường chỉ được sử dụng một lần.

C. Nhiều riboxom được dùng để tổng hợp một loại polipeptit.

D. Một chuỗi polipeptit có thể được tổng hợp bởi nhiều riboxom.

Câu 27: Câu nào dưới đây nói về mối quan hệ giữa gen và tính trạng là đúng nhất?

- A. Một gen quy định một protein
- B. Một chuỗi polipeptit quy định bởi một gen
- C. Một protein quy định bởi một gen
- D. Một gen quy định một chuỗi polipeptit

Câu 28: Trong cơ chế điều hòa Operon Lac ở E.coli thì khi có Lactozo protein ức chế sẽ:

- A. Không được tổng hợp
- B. Mất cấu hình không gian
- C. Biến đổi cấu hình không gian
- D. Bị biến tính

Câu 29: Trong cơ chế điều hòa Operon Lac ở E.coli, khi không có lactozo thì:

- A. Protein ức chế bám vào vùng khởi động, ARN polymeraza bám vào vùng vận hành
- B. Protein ức chế bám vào vùng vận hành, ARN polymeraza không bám vào vùng khởi động
- C. Protein ức chế bám vào vùng vận hành, ARN polymeraza bám vào vùng khởi động
- D. Protein ức chế bám vào vùng khởi động, ARN polymeraza không bám vào vùng vận hành

Câu 30: Điều hòa hoạt động của gen ở sinh vật nhân sơ chủ yếu diễn ra ở giai đoạn:

- A. Trước phiên mã
- B. Phiên mã
- C. Dịch mã
- D. Sau dịch mã

Câu 31: Trong một số trường hợp ở E.Coli, khi môi trường không có đường Lactozo nhưng Operon Lac vẫn hoạt động tổng hợp các enzym phân giải đường lactozo. Khả năng nào sau đây có thể xảy ra?

- A. Vùng khởi động của gen điều hòa bị đột biến nên tổng hợp quá nhiều protein ức chế
- B. Đột biến xảy ra ở nhóm gen cấu trúc Z, Y, A làm enzym ARN polymeraza hoạt động mạnh hơn bình thường
- C. Đột biến ở vùng vận hành làm protein ức chế không gắn vào vùng vận hành được nên enzym ARN polymeraza hoạt động phiên mã
- D. E.coli tổng hợp dự trữ enzym phân giải đường lactozo

Câu 32: Ở sinh vật nhân thực hoạt động của gen xảy ra sau khi có hiện tượng phiên mã nhưng trước khi bắt đầu dịch mã tổng hợp protein là:

- A. Protein ức chế không hoạt động
- B. Nối các exon thành mARN trưởng thành
- C. Gen đóng xoắn trở lại ban đầu
- D. Cắt các intron, nối các exon thành mARN trưởng thành

Câu 33: Hai phân tử protein có cấu trúc hoàn toàn khác nhau được dịch mã từ hai phân tử mARN khác nhau, tuy nhiên hai phân tử mARN này được tổng hợp từ cùng một gen. Cơ chế nào sau đây có thể giải thích hợp lý nhất cho hiện tượng này?

A. Cơ chế mở xoắn khác nhau của ADN tạo thành hai phân tử mARN khác nhau

B. Một đột biến đã làm thay đổi cấu trúc của gen

C. Quá trình cắt nối các intron và exon tạo nên các mARN khác nhau

D. Hai mARN được tổng hợp từ các Operon khác nhau

Câu 34: Trong quá trình dịch mã một riboxom chứa hai phân tử tARN, một tARN có một polipeptit đính với nó, một tARN có axit amin đính với nó. Điều xảy ra sau đó là:

A. Mạch polipeptit được dịch chuyển và nối với axit amin đơn lẻ

B. Phân tử tARN rời khỏi riboxom cùng với axit amin của nó

C. Phân tử axit amin dịch chuyển và gắn với chuỗi polipeptit

D. Phân tử tARN cùng mạch polipeptit của nó rời khỏi riboxom

Câu 35: Phát biểu nào sai:

A. Sinh vật nhân sơ, sự dịch mã trên một phân tử mARN chỉ tạo một loại chuỗi polipeptit

B. Sinh vật nhân thực, polixom chỉ tổng hợp một loại chuỗi polipeptit duy nhất

C. Sinh vật nhân sơ, mARN đang tổng hợp cũng có thể tham gia dịch mã

D. Sinh vật nhân thực, nhiều riboxom có thể cùng trượt trên 1 phân tử mARN

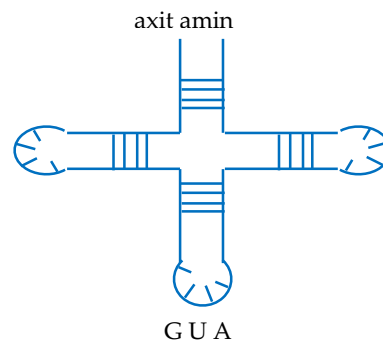
Câu 36: Dạng axit nucleic nào sau đây là phân tử di truyền tìm thấy ở cả ba nhóm: virus, sinh vật nhân sơ và sinh vật nhân thực?

- A. ADN sợi kép thẳng
- B. ADN sợi kép vòng
- C. ADN sợi đơn thẳng
- D. ADN sợi đơn vòng

Câu 37: Một đoạn mạch gốc của gen cấu trúc thuộc vùng mã hóa có 5 bộ ba:

5'.....AAT GTA AXG ATG GXX..... 3'
1 2 3 4 5

Phân tử tARN (hình vẽ bên) giải mã cho codon thứ mấy trên đoạn gen?



- A. Codon thứ 4.
- B. Codon thứ 2.
- C. Codon thứ 1.
- D. Codon thứ 3.

Câu 38: Nhiệm vụ của anticodon là:

- A. xúc tác liên kết axit amin đến nơi tổng hợp
- B. xúc tác vận chuyển axit amin đến nơi tổng hợp
- C. xúc tác hình thành liên kết peptit
- D. nhận biết codon đặc hiệu trên mARN, liên kết bổ sung trong quá trình tổng hợp protein

Câu 39: Điểm giống nhau giữa ADN và ARN ở sinh vật nhân thực là:

- A. được tổng hợp từ mạch khuôn của phân tử ADN mẹ.
- B. trong mỗi một phân tử đều có mỗi liên kết hiđrô và liên kết cộng hóa trị.
- C. đều cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, các đơn phân có cấu tạo giống nhau (trừ Timin của ADN thay bằng Uraxin của ARN).
- D. tồn tại trong suốt thế hệ tế bào.

Câu 40: Nguyên nhân nào khiến ARN có rất nhiều hình dạng khác nhau?

- A. Do chúng được cấu tạo từ một mạch
- B. Do chúng có kích thước ngắn
- C. Do trong tế bào có các loại khuôn tạo hình khác nhau
- D. Do chúng liên kết với nhiều loại protein khác nhau

Câu 41: Các nhà khoa học đã phát hiện ra khi để chung vỏ prôtêin của thể ăn khuẩn T₂ và ADN của thể ăn khuẩn T₄ thì tạo được một thể ăn khuẩn ghép. Nếu ta cho thể ăn khuẩn ghép đó lây nhiễm vào một vi khuẩn, các thể ăn khuẩn nhân bản lên trong tế bào vật chủ sẽ có:

- A. protein của T₄ và ADN của T₂.
- B. protein của T₂ và ADN của T₄.
- C. protein của T₂ và ADN của T₂.
- D. protein của T₄ và ADN của T₄.

Câu 42: Các bộ ba khác nhau bởi:

- (1) Số lượng nucleotit;
- (2) Thành phần nucleotit;
- (3) Trình tự các nucleotit;
- (4) Số lượng liên kết photphodiester.

Câu trả lời đúng là:

- A. 1, 2 và 3. B. 2 và 3. C. 1 và 4. D. 3 và 4

Câu 43: Khi nói về gen phân mảnh, kết luận nào sau đây là đúng?

- A. Gen phân mảnh là thuật ngữ để chỉ tất cả các gen ở sinh vật nhân thực
- B. Một gen phân mảnh phiên mã 1 lần sẽ tổng hợp được nhiều loại phân tử mRNA trưởng thành
- C. Khi gen phân mảnh phiên mã, các đoạn intron không được dùng làm khuôn tổng hợp mRNA
- D. Gen phân mảnh là loại gen không có ở vi khuẩn.

Câu 44: Khi nói về gen phân mảnh phát biểu nào sau đây không đúng?

- A. Có trong nhân của sinh vật nhân thực
- B. Nếu bị đột biến ở đoạn intron thì cấu trúc protein không bao giờ bị thay đổi
- C. Có khả năng tạo ra nhiều loại phân tử mRNA trưởng thành
- D. Không có trong các tế bào của vi khuẩn.

Câu 45: Nhóm sinh vật có gen phân mảnh gồm các exon và intron. Điều khẳng định nào sau đây về sự biểu hiện của gen là đúng?

- A. Mỗi bản sao được tạo ra bởi một promoter (vùng khởi động) riêng biệt.
- B. Trong quá trình hoàn chỉnh mRNA, các intron sẽ bị loại bỏ khỏi mRNA sơ cấp.
- C. Sự dịch mã của mỗi exon được bắt đầu từ bộ ba khởi đầu của từng exon.

D. Trong quá trình dịch mã, các riboxom sẽ nhảy qua vùng intron của mRNA.

Câu 46: Phát biểu nào sau đây không đúng khi nói về gen cấu trúc?

- A. Mỗi gen mã hoá prôtêin điển hình gồm ba vùng trình tự nucleotit: vùng điều hoà, vùng mã hoá, vùng kết thúc.
- B. Phần lớn các gen của sinh vật nhân thực có vùng mã hoá không liên tục, xen kẽ các đoạn mã hoá axit amin (exon) là các đoạn không mã hoá axit amin (intron).

C. Vùng điều hoà nằm ở đầu 5' của mạch mã gốc của gen, mang tín hiệu khởi động và kiểm soát quá trình phiên mã.

D. Gen không phân mảnh là các gen có vùng mã hoá liên tục, không chứa các đoạn không mã hoá axit amin (intron).

Câu 47: Về cấu tạo, ADN và tARN có những điểm khác biệt:

- (1) ADN có cấu tạo 2 mạch, còn tARN chỉ được cấu tạo từ 1 mạch;
- (2) ADN được cấu tạo theo nguyên tắc bổ sung, còn tARN thì không có;
- (3) Đơn phân của ADN có đường và thành phần bazơ khác tARN;
- (4) ADN có khối lượng và kích thước lớn hơn tARN;
- (5) ADN có liên kết hiđrô, còn ARN không có liên kết hiđrô.

Phương án đúng là:

- A. 1, 2, 3, 5 B. 1, 2, 4 C. 1, 3, 5 D. 1, 3, 4

Câu 48: Cho các nhận xét sau:

- (1) Được cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, có tính đa dạng và đặc thù;
- (2) Được cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, có tính đa dạng và đặc thù;
- (3) Các đơn phân liên kết với nhau bằng liên kết cộng hóa trị;
- (4) Được cấu tạo theo nguyên tắc đa phân, có tính đa dạng và đặc thù;

Có bao nhiêu đặc điểm là đặc điểm chung giữa ADN và protein?

- A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 49: Khi nói về cấu trúc không gian của phân tử ADN, có các phát biểu sau:

- (1) Hai mạch của ADN xếp song song và ngược chiều nhau.
- (2) Có cấu trúc hai mạch xoắn kép, đường kính vòng xoắn là 20Å.
- (3) Khoảng cách giữa 2 nucleotit là 3,4Å.
- (4) Các cặp bazơ nitơ liên kết với nhau theo nguyên tắc bổ sung.

Số thông tin chưa chính xác là:

- A. 2 B. 1 C. 4 D. 3

Câu 50: Nhiệt độ nóng chảy của ADN là nhiệt độ để phá vỡ các liên kết hiđrô và làm tách hai mạch đơn của phân tử. Hai phân tử ADN có chiều dài bằng nhau nhưng phân tử ADN thứ nhất có tỉ lệ giữa nucleotit loại $\frac{A}{G}$ lớn

hơn phân tử ADN thứ hai. Kết luận nào sau đây là đúng?

- A. Nhiệt độ nóng chảy của phân tử ADN thứ nhất nhỏ hơn phân tử ADN thứ hai.

B. Nhiệt độ nóng chảy của phân tử ADN thứ nhất bằng phân tử ADN thứ hai.

C. Nhiệt độ nóng chảy của phân tử ADN thứ nhất lớn hơn phân tử ADN thứ hai.

D. Nhiệt độ nóng chảy của phân tử ADN không phụ thuộc vào tỉ lệ A/G.

Câu 51: Khi nói về quá trình nhân đôi ADN, những phát biểu nào sau đây sai?

(1) Quá trình nhân đôi ADN diễn ra theo nguyên tắc bổ sung và bán bảo toàn.

(2) Quá trình nhân đôi ADN bao giờ cũng diễn ra đồng thời với quá trình phiên mã.

(3) Trên cả hai mạch khuôn, ADN polymeraza đều di chuyển theo chiều $5' \rightarrow 3'$ để tổng hợp mạch mới theo chiều $3' \rightarrow 5'$.

(4) Trong mỗi phân tử ADN được tạo thành thì một mạch là mới được tổng hợp, còn mạch kia là của ADN ban đầu.

A. (1), (4). **B.** (1), (3). **C.** (2), (4). **D.** (2), (3).

Câu 52: Cho các phát biểu nào sau khi nói về quá trình nhân đôi ADN?

(1) Enzim nối ligaza có mặt trên cả hai mạch mới đang được tổng hợp trong 1 đơn vị nhân đôi.

(2) Enzim ADN polymeraza trượt theo hai chiều ngược nhau trên cùng một mạch khuôn.

(3) Enzim ADN polymeraza luôn di chuyển sau enzim tháo xoắn.

(4) Trong quá trình nhân đôi ADN trên 1 chạc sao chép, một mạch được tổng hợp liên tục, một mạch được tổng hợp gián đoạn.

Có bao nhiêu phát biểu đúng?

A. 1. **B.** 2. **C.** 3. **D.** 4.

Câu 53: Làm thế nào người ta xác định được ADN được nhân đôi theo nguyên tắc nào?

A. Dùng phương pháp khuếch đại gen trong ống nghiệm.

B. Dùng phương pháp nhiễu xạ rơn - ghen (tia X)

C. Đếm số lượng các đoạn Okazaki của ADN khi nhân đôi.

D. Dùng các nucleotit đánh dấu phóng xạ theo dõi kết quả nhân đôi ADN.

Câu 54: Khi nói về quá trình nhân đôi ADN (tái bản ADN) ở tế bào nhân thực, phát biểu nào sau đây là không đúng?

A. Trong quá trình nhân đôi ADN, enzim nối ligaza tác động lên cả hai mạch đơn mới được tổng hợp từ một phân tử ADN mẹ.

B. Sự nhân đôi ADN xảy ra ở nhiều điểm trong mỗi phân tử ADN tạo ra nhiều đơn vị nhân đôi (đơn vị tái bản).

C. Trong quá trình nhân đôi ADN, enzim ADN polymeraza chỉ trượt trên một mạch của phân tử ADN mẹ.

D. Trong quá trình nhân đôi ADN, có sự liên kết bổ sung giữa A với T, G với X và ngược lại.

Câu 55: Hệ gen người có kích thước lớn hơn hệ gen E. coli khoảng 1000 lần, trong khi tốc độ sao chép ADN của E. coli nhanh hơn ở người khoảng 10 lần. Những cơ chế

nào giúp toàn bộ hệ gen người có thể sao chép hoàn chỉnh chỉ chậm hơn hệ gen E. coli khoảng vài chục lần:

A. Người có nhiều loại ADN polymeraza hơn E.coli

B. Tốc độ sao chép ADN của các enzym ADN polymeraza ở người cao hơn

C. Hệ gen người có nhiều điểm khởi đầu sao chép

D. Ở người, quá trình sao chép không diễn ra đồng thời với các quá trình phiên mã và dịch mã như ở vi khuẩn E.coli.

Câu 56: Khi nói về quá trình dịch mã, có những phát biểu nào sau:

(1) Dịch mã là quá trình tổng hợp prôtêin, quá trình này chỉ diễn ra trong nhân của tế bào nhân thực

(2) Quá trình dịch mã có thể chia thành hai giai đoạn là hoạt hóa axit amin và tổng hợp chuỗi polipeptit

(3) Trong quá trình dịch mã, trên mỗi phân tử mARN thường có một số riboxom cùng hoạt động

(4) Quá trình dịch mã kết thúc khi riboxom tiếp xúc với codon $5' UUG 3'$ trên phân tử mARN

Có bao nhiêu phát biểu đúng?

A. 1 **B.** 2 **C.** 3 **D.** 4

Câu 57: Cho các thông tin sau đây:

(1) mARN sau phiên mã được trực tiếp dùng làm khuôn để tổng hợp protein.

(2) Khi riboxom tiếp xúc với mã kết thúc trên mARN thì quá trình dịch mã hoàn tất.

(3) Nhờ một enzim đặc hiệu, axit amin mở đầu có thể được cắt khỏi chuỗi polypeptit vừa tổng hợp.

(4) mARN sau phiên mã được cắt bỏ intron, nối các exon lại với nhau thành mARN trưởng thành.

Các thông tin về sự phiên mã và dịch mã đúng với cả tế bào nhân thực và nhân sơ là:

A. (2) và (3). **B.** (1) và (4).

C. (3) và (4). **D.** (2) và (4).

Câu 58: Đặc điểm nào sau đây không đúng về quá trình phiên mã và dịch mã ở vi khuẩn?

A. Quá trình phiên mã diễn ra trong nhân, quá trình dịch mã diễn ra trong tế bào chất.

B. Quá trình phiên mã cần có sự tham gia của enzim ARN polymeraza.

C. ARN polymeraza dịch chuyển trên mạch khuôn ADN theo chiều $3' \rightarrow 5'$, riboxom dịch chuyển trên mARN theo chiều $5' \rightarrow 3'$.

D. Quá trình dịch mã có thể bắt đầu sau khi đầu $5'$ của phân tử mARN vừa tách khỏi sợi khuôn.

Câu 59: Trong quá trình dịch mã thực chất của sự hoạt hóa axit amin là:

A. kích hoạt axit amin và gắn đặc hiệu vào $5'-OH$ của tARN nhờ enzim đặc hiệu

B. gắn axit amin vào tARN nhờ enzim nối ligaza

C. gắn axit amin vào tARN ở đầu $5'-OH$ của tARN

D. sử dụng năng lượng ATP để kích hoạt axit amin sau đó gắn vào đầu $3'$ của tARN

Câu 60: Trong quá trình dịch mã tổng hợp chuỗi polypeptit, axit amin thứ $(p + 1)$ được liên kết với axit amin thứ p của chuỗi polipeptit đang được tổng hợp để hình thành liên kết peptit bằng cách:

A. Gốc cacbonyl của axit amin thứ $p + 1$ kết hợp mới nhóm amin của axit amin thứ p

B. Gốc cacbonyl của axit amin thứ p kết hợp với nhóm amin của axit amin thứ $p + 1$

C. Gốc aminuar axit amin thứ $p + 1$ kết hợp với nhóm cacbonyl của axit amin thứ p

D. Gốc amin của axit amin thứ p kết hợp với nhóm cacbonyl của axit amin thứ $p + 1$

Câu 61: Các giai đoạn trong quá trình tổng hợp chuỗi polipeptit bao gồm:

(1) tiểu đơn vị lớn của riboxom kết hợp tạo riboxom hoàn chỉnh;

(2) bộ 3 đối mã của phức hợp mở đầu Met-tARN (UAX) liên kết bổ sung với bộ ba 5' AUG 3' trên mARN;

(3) tiểu đơn vị bé của riboxom gắn với mARN ở vị trí nhận biết đặc hiệu;

(4) aa mở đầu được cắt khỏi chuỗi pôlipeptit;

(5) riboxom tiếp xúc với bộ ba 5' UAG 3' trên mARN;

(6) codon thứ 2 của mARN gắn bổ sung anticodon trong phức hợp aa-tARN,

(7) riboxom dịch đi theo từng codon trên mARN

(8) liên kết peptit thứ nhất được hình thành

(9) giải phóng chuỗi polipeptit hoàn chỉnh.

Thứ tự đúng của các giai đoạn trong quá trình dịch mã là:

A. 3 → 2 → 1 → 6 → 8 → 7 → 5 → 4 → 9

B. 3 → 1 → 2 → 5 → 6 → 4 → 7 → 8 → 9

C. 1 → 3 → 2 → 6 → 7 → 5 → 4 → 8 → 9

D. 2 → 3 → 1 → 8 → 6 → 7 → 5 → 4 → 9

Câu 62: Nội dung nào dưới đây là không đúng khi nói về quá trình dịch mã?

A. Khi dịch mã ngừng lại, một enzym đặc hiệu loại bỏ axit amin mở đầu và giải phóng chuỗi polipeptit.

B. Trong dịch mã ở tế bào nhân thực, tARN mang aa mở đầu là metionin đến riboxom để bắt đầu dịch mã.

C. Trong dịch mã ở tế bào nhân sơ, tARN mang aa mở đầu là foocmin metionin đến riboxom để bắt đầu dịch mã.

D. Khi dịch mã ngừng lại, riboxom tách khỏi mARN và giữ nguyên cấu trúc để tiếp tục dịch mã.

Câu 63: Nhận xét nào không đúng về các cơ chế di truyền ở cấp độ phân tử?

A. Trong quá trình phiên mã tổng hợp ARN, mạch khuôn ADN được phiên mã là mạch có chiều 3' → 5'.

B. Trong quá trình phiên mã tổng hợp ARN, mạch ARN được kéo dài theo chiều 5' → 3'.

C. Trong quá trình nhân đôi ADN, mạch mới tổng hợp trên mạch khuôn ADN chiều 3' → 5' là liên tục còn mạch mới tổng hợp trên mạch khuôn ADN chiều 5' → 3' là không liên tục (gián đoạn).

D. Trong quá trình dịch mã tổng hợp prôtêin, phân tử mARN được dịch mã theo chiều 3' → 5'.

Câu 64: Trong quá trình nhân đôi, enzym ADN polimeraza

A. di chuyển theo sau các enzym xúc tác cho quá trình tháo xoắn và phá vỡ các liên kết hiđrô.

B. di chuyển cùng chiều trên hai mạch của phân tử ADN mẹ.

C. di chuyển ngược chiều nhau trên một mạch của phân tử ADN.

D. nối các đoạn Okazaki lại với nhau thành chuỗi polinucleotit.

Câu 65: Phát biểu nào sau đây chưa chính xác?

A. Enzim phiên mã tác dụng theo chiều 3' → 5' trên mạch mã gốc.

B. Riboxom dịch chuyển trên mARN theo từng bộ ba theo chiều từ 5' → 3'.

C. 1 riboxom có thể tham gia tổng hợp bất cứ loại protein nào.

D. Enzim phiên mã tác dụng từ đầu đến cuối phân tử ADN theo chiều 3' → 5'.

Câu 66: Khi nói về số lần nhân đôi và số lần phiên mã của các gen ở một tế bào nhân thực, trong trường hợp không có đột biến, phát biểu nào sau đây là đúng?

A. Các gen trên các nhiễm sắc thể khác nhau có số lần nhân đôi bằng nhau và số lần phiên mã thường khác nhau.

B. Các gen nằm trên cùng một nhiễm sắc thể có số lần nhân đôi khác nhau và số lần phiên mã thường khác nhau.

C. Các gen trên các nhiễm sắc thể khác nhau có số lần nhân đôi khác nhau và số lần phiên mã thường khác nhau.

D. Các gen nằm trong một tế bào có số lần nhân đôi bằng nhau và số lần phiên mã bằng nhau.

Câu 67: Phát biểu nào sau đây là đúng khi nói tới sự phân hóa về chức năng trong ADN?

A. Chỉ một phần nhỏ ADN mã hóa các thông tin di truyền còn đại bộ phận đóng vai trò điều hòa hoặc không hoạt động.

B. Chỉ một phần nhỏ ADN không mã các hóa thông tin di truyền còn đại bộ phận đóng vai trò mã hóa thông tin di truyền.

C. Chỉ một phần nhỏ ADN mã hóa các thông tin di truyền còn đại bộ phận không hoạt động.

D. Chỉ một phần nhỏ ADN mã hóa các thông tin di truyền còn đại bộ phận đóng vai trò điều hòa.

Câu 68: Thực chất của điều hòa hoạt động của gen chính là

A. điều hòa lượng mARN, tARN, rARN tạo ra để tham gia tổng hợp protein.

B. điều hòa lượng enzym tạo ra để tham gia tổng hợp protein.

C. điều hòa lượng sản phẩm của gen đó được tạo ra.

D. điều hòa lượng ATP cần thiết cho quá trình tổng hợp protein.

Câu 69: Ở sinh vật nhân sơ một nhóm gen cấu trúc có liên quan về chức năng thường được phân bố liền nhau thành từng cụm có chung một cơ chế điều hòa gọi là Operon. Việc tồn tại Operon có ý nghĩa

A. giúp một quá trình chuyển hóa nào đó xảy ra nhanh hơn vì các sản phẩm của gen có liên quan về chức năng cùng được tạo ra đồng thời, tiết kiệm thời gian.

B. giúp tạo ra nhiều hơn sản phẩm của gen vì nhiều gen phân bố thành cụm sẽ tăng cường lượng sản phẩm, vì vậy đáp ứng tốt với sự thay đổi của điều kiện môi trường.

C. giúp cho vùng promoter có thể liên kết dễ dàng hơn với ARN polymerase vì vậy mà gen trong Operon có thể cảm ứng dễ dàng để thực hiện quá trình phiên mã tạo ra sản phẩm khi tế bào cần.

D. giúp cho gen có thể đóng mở cùng lúc vì có cùng một vùng điều hòa vì vậy nếu như đột biến ở vùng điều hòa thì chỉ ảnh hưởng đến sự biểu hiện của một gen nào đó ở trong Operon.

Câu 70: Trong cơ chế điều hòa hoạt động của Operon Lac, sự kiện nào sau đây diễn ra cả khi môi trường có lactozo và khi môi trường không có lactozo?

A. Một số phân tử lactozo liên kết với protein ức chế.

B. Gen điều hòa R tổng hợp protein ức chế.

C. Các gen cấu trúc Z, Y, A phiên mã tạo ra các phân tử mRNA tương ứng.

D. ARN polymeraza liên kết với vùng khởi động của operon Lac và tiến hành phiên mã.

Câu 71: Cho các hiện tượng sau

(1) Gen điều hòa của Operon Lac bị đột biến dẫn tới protein ức chế bị biến đổi cấu trúc không gian và mất chức năng sinh học

(2) Vùng khởi động của Operon Lac bị đột biến làm thay đổi cấu trúc và không còn khả năng gắn kết với enzym ARN polymeraza

(3) Gen cấu trúc Z bị đột biến dẫn tới protein do gen này quy định tổng hợp bị biến đổi không gian và không trở thành enzym xúc tác

(4) Vùng vận hành của Operon Lac bị đột biến làm thay đổi cấu trúc và không còn khả năng gắn kết với protein ức chế

(5) Vùng khởi động của gen điều hòa bị đột biến làm thay đổi cấu trúc và không còn khả năng gắn kết với enzym ARN polymeraza

Trong các trường hợp trên những trường hợp không có đường Lactozo nhưng Operon Lac vẫn thực hiện phiên mã là

A. 2, 4, 5 **B.** 1, 3, 4 **C.** 1, 4, 5 **D.** 1, 3, 5

Câu 72: Điều nào sau đây không đúng về hoạt động của gen tăng cường và gen bất hoạt ở sinh vật nhân thực?

A. Các gen gây bất hoạt tác động lên điều hòa làm ngừng phiên mã.

B. Các gen gây bất hoạt tác động lên gen điều hòa gây bất hoạt gen điều hòa.

C. Các gen gây tăng cường tác động lên gen điều hòa làm tăng sự phiên mã.

D. Các gen tăng cường và bất hoạt đều tham gia điều hòa hoạt động gen.

Câu 73: Cho các phát biểu sau về sinh vật nhân thực:

(1) Chiều dài mRNA so khai đúng bằng chiều dài của gen mã hóa tương ứng.

(2) Phân tử ADN chỉ có một mạch làm khuôn để phiên mã, mạch còn lại là mạch mã hóa.

(3) Nhiều chuỗi polipeptit có thể được tổng hợp từ một phân tử mRNA trưởng thành duy nhất.

(4) Một chuỗi polipeptit có thể được tổng hợp bởi nhiều riboxom.

Số phát biểu đúng là?

A. 1 **B.** 2 **C.** 3 **D.** 4.

Câu 74: Nói về quá trình nhân đôi ADN ở tế bào sinh vật nhân thực, phát biểu nào sai?

A. Cả 2 mạch mới được hình thành đều gián đoạn.

B. Số loại nucleotit là nguyên liệu cho quá trình nhân đôi ADN là 8.

C. Tất cả các gen trên ADN đều nhân đôi với số lần bằng nhau.

D. Quá trình nhân đôi ADN chỉ diễn ra trong nhân tế bào.

Câu 75: Chọn câu sai:

A. Ở sinh vật nhân sơ, sự ghép nối các axit amin có thể diễn ra đồng thời với quá trình ghép nối các ribonucleotit.

B. Quá trình cắt nối intron và exon có thể không xảy ra đối với 1 mRNA của gen sinh vật nhân thực trước khi tổng hợp chuỗi polipeptit.

C. Ở vi khuẩn, 1 gen chỉ cho 1 loại chuỗi polipeptit duy nhất.

D. Ở sinh vật nhân thực, với 1 gen sự phiên mã xảy ra sau đó sẽ luôn dẫn đến sự hình thành các loại chuỗi polipeptit khác nhau.

Câu 76: Nói về phiên mã và dịch mã ở sinh vật nhân sơ, phát biểu nào sai?

A. Chiều dài của mRNA đúng bằng chiều dài của gen mã hóa phân tử mRNA đó.

B. Quá trình phiên mã và dịch mã xảy ra gần như đồng thời.

C. Phân tử mRNA có thể mang thông tin của nhiều loại chuỗi polipeptit.

D. Để nhận biết gen nào cần được phiên mã thì nhờ vào enzym ARN polymeraza và yếu tố xich-ma.

Câu 77: Một nhà khoa học làm thí nghiệm trên mRNA như sau: Ông chọn 2 phân tử mRNA trong tế bào ruồi giấm, mRNA (1) ở trong nhân gây đột biến ở vị trí cắt intron đầu tiên sau đó cho chế biến bình thường; còn mRNA (2) trong tế bào chất thì cắt đi trình tự 7-metyl guanozin ở đầu 5'. Sau đó đánh dấu quan sát, kết quả được dự đoán là:

A. (1) xảy ra dịch mã còn (2) không dịch mã.

B. (1) không dịch mã còn (2) dịch mã.

C. Cả 2 đều không dịch mã.

D. Cả 2 đều dịch mã.

Câu 78: Khi nói về quá trình dịch mã ở sinh vật nhân thực, phát biểu nào sau đây đúng?

A. Khi một riboxom tiếp xúc với mã kết thúc trên mRNA quá trình dịch mã dừng lại, mRNA phân hủy trả các nucleotit về môi trường nội bào.

B. Riboxom dịch chuyển một bộ ba trên mRNA theo chiều 5' → 3' ngay sau khi bộ ba đối mã khớp bổ sung với bộ ba mã sao tương ứng trên mRNA.

C. Trong giai đoạn hoạt hóa, năng lượng ATP dùng để gắn axit amin vào đầu 5' của tARN.

D. Tiểu phần lớn của riboxom gắn với tiểu phần bé tạo thành riboxom hoàn chỉnh sau khi bộ ba đối mã của phức hợp mở đầu Met – tARN bổ sung chính xác với codon mở đầu trên mRNA.

Câu 79: Trong quá trình sinh tổng hợp prôtêin, ở giai đoạn hoạt hóa axit amin, ATP có vai trò cung cấp năng lượng

A. để cắt bỏ axit amin mở đầu ra khỏi chuỗi polipeptit.

B. để gắn bộ ba đối mã của tARN với bộ ba trên mARN.

C. để axit amin được hoạt hóa và gắn với tARN.

D. để các riboxom dịch chuyển trên mARN.

Câu 80: Nói về cơ chế điều hòa hoạt động của Operon Lac khi trong môi trường xuất hiện lactozo cho các phát biểu sau:

(1) Protein ức chế bị biến tính và các gen cấu trúc được phiên mã, dịch mã.

(2) Gen điều hòa R giảm sản xuất protein ức chế.

(3) Enzim ARN-Polimeraza có ái lực mạnh với vùng khởi động P.

Có bao nhiêu phát biểu chính xác?

A. 1. **B.** 2. **C.** 3. **D.** 0.

Câu 81: Chọn phát biểu sai khi nói về quá trình điều hòa hoạt động của gen ở Operon Lac:

A. Protein ức chế luôn luôn được tổng hợp ở mức vừa phải.

B. Khi môi trường có nhiều lactozo thì các gen luôn được phiên mã rất mạnh để tạo sản phẩm.

C. Lactozo không trực tiếp liên kết với protein ức chế.

D. Sự phiên mã tạo 1 phân tử mARN duy nhất khi ARN polymeraza trượt 1 lần.

Câu 82: Cho các phát biểu sau về quá trình dịch mã ở sinh vật nhân thực:

(1) Số lượt tARN bằng số codon trên mARN.

(2) Số axit amin trong phân tử protein có thể bằng số lượt tARN.

(3) Có 2 loại tARN vận chuyển axit amin metionin.

Số phát biểu chưa chính xác là:

A. 0. **B.** 1. **C.** 2. **D.** 3.

Câu 83: Xét một đoạn mạch mã gốc của một gen ở vi khuẩn E. coli có trình tự như sau:

5' ... XTGGGXXXTTT ... 3'

Do tác nhân đột biến đã làm cho bộ ba đầu tiên bị đột biến thay thế ở nucleotit vị trí thứ hai theo chiều mạch gốc. Phát biểu nào là chính xác khi nói về đoạn peptit do đoạn gen đột biến quy định?

A. Đoạn peptit chắc chắn sẽ bị thay đổi.

B. Đoạn peptit có thể sẽ có ít số axit amin hơn so với đoạn peptit do đoạn gen bình thường quy định.

C. Đoạn peptit có thể vẫn giống với đoạn peptit do đoạn gen bình thường quy định.

D. Đột biến làm xuất hiện bộ ba kết thúc do đó đoạn peptit không được tổng hợp.

Câu 84: Khi nói về quá trình phiên mã ở sinh vật nhân sơ, hoạt động nào sau đây là chính xác?

A. ARN polymeraza bắt đầu tổng hợp mARN tại bộ ba mở đầu AUG.

B. ARN polymeraza trượt trên mạch gốc của ADN theo chiều 3' → 5'.

C. Sự phiên mã tạo ra các phân tử ARN thuộc các loại khác nhau từ các gen khác nhau.

D. Quá trình phiên mã và dịch mã có thể diễn ra đồng thời khi mARN chưa chui ra khỏi màng nhân.

Câu 85: Cho các yếu tố sau:

(1) ADN. (2) ARN polymerase.

(3) ADN ligase.

(4) Restrictase.

(5) ADN polymerase.

(6) Riboxom.

(7) Nucleotit.

(8) Protein.

Có bao nhiêu yếu tố tham gia vào quá trình tái bản ADN ở vi khuẩn E. coli?

A. 4. **B.** 5. **C.** 6. **D.** 7.

Câu 86: Khi nói về quá trình phiên mã và dịch mã, điều nào sau đây là sai?

A. Quá trình dịch mã gồm 2 quá trình: hoạt hoá axit amin và tổng hợp chuỗi polypeptit.

B. Trong quá trình dịch mã, đầu tiên, tiểu đơn vị bé của riboxom liên kết với mARN tại vị trí codon mở đầu.

C. Quá trình phiên mã và dịch mã ở sinh vật nhân sơ diễn ra cùng lúc.

D. Hiện tượng pôlixôm có thể xảy ra trên nhiều mARN khác nhau.

Câu 87: Khi nói về sinh vật nhân sơ, điều nào sau đây là đúng?

A. Có các gen là gen không phân mảnh và mỗi gen khi phiên mã có thể tạo ra cả 3 loại ARN.

B. Có bộ NST đơn bội nên quá trình hình thành đặc điểm thích nghi nhanh hơn sinh vật nhân thực.

C. Tất cả sinh vật nhân sơ đều có vật chất di truyền là ADN dạng vòng nên hệ gen là hệ đơn gen.

D. Trong quá trình tái bản, enzym ADN polymeraza là enzym thứ 4 tham gia vào quá trình nhân đôi.

Câu 88: Cho các phát biểu sau:

(1) Trên 1 mạch polinuclêôtit, khoảng cách giữa 2 đơn phân liên tiếp là 0,34 nm.

(2) Khi so sánh các đơn phân của ADN và ARN, ngoại trừ timin và uraxin thì các đơn phân còn lại đều đôi một có cấu tạo giống nhau, ví dụ như đơn phân adenin của ADN và ARN đều có cấu tạo như nhau.

(3) Thông tin di truyền được lưu trữ trong phân tử ADN dưới dạng số lượng, thành phần và trật tự các nuclêôtit.

(4) Trong tế bào, rARN và tARN bền vững hơn mARN.

(5) Ở sinh vật nhân thực quá trình phiên mã còn được gọi là quá trình tổng hợp ARN, xảy ra lúc NST đang chuẩn bị dẫn xoắn.

(6) Trong quá trình nhân đôi ADN, có 4 loại nuclêôtit tham gia vào việc tổng hợp mạch mới.

(7) Quá trình phiên mã ở sinh vật nhân thực, mARN, rARN, tARN được tạo ra bởi 1 loại ARN polymeraza như nhau.

(8) ARN có tham gia cấu tạo 1 số bào quan.

Số phát biểu sai:

A. 6. **B.** 5. **C.** 4. **D.** 3.

Câu 89: Khi nói về quá trình nhân đôi ADN ở tế bào nhân thực, phát biểu nào sau đây không đúng?

A. Trong quá trình nhân đôi ADN, có sự bổ sung giữa A với T, G với X và ngược lại.

B. Trong quá trình nhân đôi ADN số đoạn Okazaki tạo ra luôn nhỏ hơn số đoạn mồi.

C. Trên mạch khuôn có chiều 3' → 5', mạch bổ sung được tổng hợp liên tục.

D. Chỉ có 1 đơn vị tái bản, trong quá trình tái bản ADN cần 2 đoạn mồi cho mỗi đơn vị tái bản.

ĐÁP ÁN

1.B	2.A	3.C	4.D	5.A	6.D	7.B	8.D	9.C	10.D
11.C	12.C	13.C	14.D	15.C	16.D	17.C	18.D	19.C	20.A
21.C	22.B	23.C	24.D	25.A	26.C	27.B	28.C	29.B	30.B
31.C	32.C	33.C	34.A	35.A	36.B	37.A	38.D	39.A	40.A
41.D	42.B	43.D	44.B	45.B	46.C	47.D	48.B	49.B	50.A
51.D	52.C	53.D	54.C	55.C	56.B	57.A	58.A	59.D	60.B
61.A	62.D	63.D	64.A	65.D	66.A	67.A	68.C	69.A	70.B
71.C	72.B	73.A	74.D	75.D	76.A	77.A	78.D	79.C	80.D
81.B	82.C	83.A	84.C	85.C	86.B	87.D	88.B	89.D	

GIẢI THÍCH CHI TIẾT CÁC CÂU HỎI KHÓ**Câu 3: Đáp án C.**

Nguyên tắc mạch kép giúp cho 2 mạch của phân tử ADN liên kết chặt chẽ với nhau theo kiểu xoắn kép do đó rất bền vững. Ngoài ra, do các vòng xoắn chồng lên nhau hình thành các liên kết giữa các bazơ nitơ nên càng làm tăng mức độ bền vững trong cấu trúc không gian của phân tử ADN.

Câu 6: Đáp án D.

Tham gia vào quá trình tái bản có mạch khuôn ADN, các Nu tự do trong môi trường nội bào. Ta thấy rằng các Nu cấu tạo nên ADN là deoxiribonucleotit có phân tử đường deoxiribozo (A, T, G, X). Các Nu cấu tạo nên mạch ADN mới cũng là các Nu thuộc 4 loại trên. Tuy nhiên, quá trình tổng hợp ADN diễn ra cần có sự tham gia của các đoạn mồi. Bản chất của các đoạn mồi này là các đoạn ARN ngắn. Vì vậy, cấu tạo nên các đoạn mồi đó là ribonucleotit có phân tử đường ribozo (rA, rU, rG, rX). Rõ ràng, các deoxiribonucleotit khác ribonucleotit. Vì vậy, ở đây có 8 loại Nu tham gia vào quá trình tái bản ADN.

Câu 8: Đáp án D.

Trong tế bào nhân thực, mRNA là loại ARN đa dạng nhất vì:

- Tế bào nhân thực chứa hàng nghìn hàng vạn gen, mà ta biết rằng gen của sinh vật nhân thực là gen phân mảnh, do đó, từ 1 gen ban đầu trải qua phiên mã với biến đổi mRNA sau phiên mã có thể tạo ra rất nhiều phân tử mRNA trưởng thành khác nhau.

- Tế bào chứa vô số các loại protein khác nhau, tương ứng ta cũng sẽ có vô số các phân tử mRNA.

Câu 10: Đáp án D.

Ta biết rằng, enzym ADN polymeraza chỉ có thể tổng hợp ADN khi có đầu 3'-OH của đoạn mồi hay của đoạn mạch ADN phía trước. Do đó, ở sinh vật nhân thực có ADN mạch thẳng thì các đoạn mồi ở đầu mỗi mạch sau khi bị loại bỏ ADN polymeraza sẽ không thể tổng hợp được đoạn ADN thay thế và gây nên hiện tượng cụt đầu mút ADN sau sao chép. Tuy nhiên, ở tế bào sinh dục thì có 1 loại enzym là Telomerase có hoạt tính ARN polymeraza có khả năng tự xúc tác tổng hợp đoạn ADN thay thế đoạn mồi mà không cần có đầu 3'-OH phía trước do đó ở các tế bào này không có hiện tượng cụt đầu mút ADN sau sao chép. Vì vậy, ở nhân thực chỉ có các ADN ở tế bào xoma là có hiện tượng trên.

Ở sinh vật nhân sơ do ADN là mạch vòng nên khi đoạn mồi ở đầu bị loại bỏ thì vẫn có vị trí 3'-OH ở đầu mạch đối diện nên ADN polymeraza có thể tổng hợp đoạn ADN thay thế và không có hiện tượng cụt đầu mút ADN. Ở cả sinh vật nhân thực hay nhân sơ đều cần có sự tham gia của các đoạn mồi trong quá trình tái bản ADN.

Câu 12: Đáp án C.

Trong tế bào luôn cần tổng hợp số lượng lớn protein cần cho cấu trúc cũng như hoạt động của tế bào do đó quá trình dịch mã diễn ra rất mạnh mẽ. Điều này đồng nghĩa với việc số lượng ribosome cần đảm bảo luôn đủ lớn cho quá trình dịch mã được diễn ra. Do đó, lượng rARN trong tế bào cũng là lớn nhất trong các loại ARN để cấu tạo nên ribosome. Bằng chứng là các gen tổng hợp rARN trong tế bào được lặp lại rất nhiều lần và chúng luôn được hoạt động.

Câu 13: Đáp án C.

Có 3 loại ARN tham gia vào dịch mã là mRNA, tARN và rARN. Cụ thể:

- mRNA mang thông tin quy định chuỗi polipeptit.
- tARN mang các axit amin đến ribosome để lắp ghép.
- rARN cấu tạo nên ribosome là nơi dịch mã xảy ra.

Câu 17: Đáp án C.

Chiều tổng hợp của ARN polymeraza là chiều 5'→3' và do đó phân tử ARN cũng có chiều 5'→3'

Câu 22: Đáp án B

Trong quá trình dịch mã thì mRNA luôn luôn liên kết ribosome. rARN là 1 thành phần cấu tạo nên ribosome nên không thể nói là nó liên kết với ribosome.

Câu 24: Đáp án D.

Trong một chuỗi polipeptit bất kì thì ta không thể xác định có bao nhiêu axit amin methionin vì:

- Ta chưa biết được loại chuỗi đó thì methionin có bị cắt bỏ hay không.
- Ta cũng không thể biết bên trong vùng mã hóa có bao nhiêu bộ ba mã hóa cho methionin.

Câu 26: Đáp án C.

Câu A: Ribosome không có tính đặc hiệu, do đó ribosome có thể tổng hợp các loại protein khác nhau ⇒ SAI.

Câu B: Ribosome thường được sử dụng nhiều lần cho quá trình dịch mã ⇒ SAI.

Câu C: Đây chính là polixom, nhiều ribosome cùng trượt trên 1 mRNA để tổng hợp 1 loại chuỗi polipeptit ⇒ ĐÚNG.

Câu D: Mỗi chuỗi polipeptit chỉ có thể do 1 riboxom tổng hợp $\Rightarrow$ SAI.

Câu 27: Đáp án B.

Gen có thể là gen phân mảnh hoặc không phân mảnh. Do đó, nếu gen phân mảnh thì gen đó có thể quy định nhiều loại chuỗi polipeptit khác nhau nên sẽ cho các loại protein khác nhau. Vì vậy, ta chỉ có thể nói một chuỗi polipeptit quy định bởi một gen, nếu nói ngược lại là chưa chính xác.

Câu 29: Đáp án B.

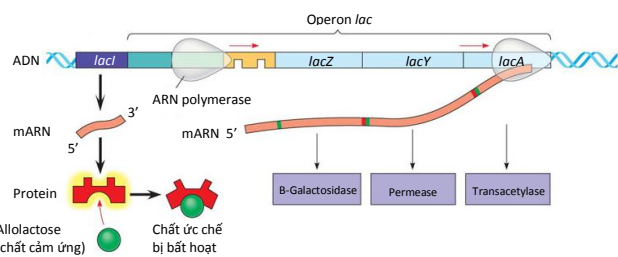
Khi không có lactozo thì protein ức chế hoạt động nó bám vào vùng vận hành O do đó làm mất ái lực của vùng khởi động P đối với enzim ARN polimeraza do đó enzim này không thể bám được vào ADN và tiến hành phiên mã.

Câu 32: Đáp án C.

Ở đây ta chú ý đề hỏi hoạt động của gen chứ không phải của mARN. Do đó, sau khi phiên mã xong thì gen sẽ đóng xoắn trở lại.

Câu 35: Đáp án A.

Câu A: Ở sinh vật nhân sơ thì mARN có cấu trúc đa cistron tức là 1 mARN mang thông tin của nhiều gen. Khi đó, sự dịch mã xảy ra trên 1 phân tử mARN nhưng sẽ cho các loại chuỗi polipeptit khác nhau của các gen khác nhau. Nhìn hình sau ta sẽ thấy điều đó:



$\Rightarrow$ SAI.

Câu B: Sinh vật nhân thực mARN là đơn cistron tức là 1 phân tử mARN chỉ mang thông tin của 1 gen duy nhất, do đó sự dịch mã trên mARN sẽ chỉ cho 1 loại polipeptit duy nhất $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu C: Ở sinh vật nhân sơ do không có màng nhân và gen không phân mảnh do đó mARN đang tổng hợp cũng có thể dịch mã $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu D: Đây chính là nói về polyribosom, có vai trò làm tăng hiệu suất tổng hợp protein ở sinh vật nhân thực $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu 39: Đáp án A.

Câu A: Cả ADN và ARN đều được tổng hợp theo nguyên tắc khuôn mẫu từ phân tử ADN mẹ $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu B: Chỉ có trong ADN và tARN, rARN mới có các liên kết hidro còn mARN dạng mạch đơn thẳng do đó không có liên kết hidro $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Đơn phân cấu tạo nên ADN khác hoàn toàn đơn phân cấu tạo nên ARN, các đơn phân này khác nhau ở thành phần đường. Phân tử đường của các Nu cấu tạo nên ADN là deoxiribozo còn phân tử đường cấu tạo nên các Nu ở ARN là ribozo $\Rightarrow$ SAI.

Câu D: Các phân tử ARN thường không tồn tại suốt thế hệ tế bào mà chỉ tồn tại trong 1 khoảng thời gian nhất định của chu kỳ tế bào $\Rightarrow$ SAI.

Câu 40: Đáp án A.

Nguyên nhân khiến cho ARN có rất nhiều hình dạng khác nhau đó là do chúng có cấu tạo 1 mạch đơn. Chính cấu tạo 1 mạch đã khiến cho chúng rất linh hoạt có thể hình thành các liên kết hidro nội phân tử và tạo nên các vùng chức năng nhất định từ đó có cấu trúc không gian phù hợp với chức năng của chúng.

Câu 41: Đáp án D.

Các phân tử ADN và protein của thể thực khuẩn sẽ do phân tử ADN của vi khuẩn ghép quy định vì đó là vật chất.

Câu 43: Đáp án D.

Câu A: Sinh vật nhân thực hầu hết các gen là phân mảnh, tuy nhiên vẫn có 1 số gen không phân mảnh như gen quy định protein Histon, Inteferon, ... $\Rightarrow$ SAI.

Câu B: Gen khi phiên mã 1 lần sẽ chỉ cho 1 phân tử mARN duy nhất, do đó cũng chỉ có thể tạo 1 loại mARN trưởng thành duy nhất $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Tất cả intron đều được làm khuôn để tổng hợp nên mARN. Sau đó, quá trình biến đổi sau phiên mã sẽ cắt các đoạn intron và nối các exon lại nhau $\Rightarrow$ SAI.

Câu D: Ở vi khuẩn chỉ toàn các gen không phân mảnh. Gen phân mảnh chỉ có ở 1 số vi khuẩn cổ (vi khuẩn và vi khuẩn cổ là sinh vật nhân sơ) và ở sinh vật nhân thực $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu 44: Đáp án B.

Nếu các đột biến gen xảy ra rơi đúng vào vị trí Nu đặc hiệu là nơi bộ máy cắt nối mARN của tế bào nhận ra thì sẽ làm cho đoạn intron đó không bị cắt bỏ và có thể được dịch mã dẫn đến chuỗi polipeptit có thể được dài hơn bình thường.

Câu 47: Đáp án D.

Xét từng ý ta có:

- (1) ADN có cấu tạo 2 mạch song song còn tARN chỉ có 1 mạch duy nhất $\Rightarrow$ ĐÚNG.
- (2) tARN cũng có những đoạn Nu bổ sung với nhau tạo nên các vùng chức năng nhất định $\Rightarrow$ SAI.
- (3) Đơn phân của ADN có thành phần đường là deoxiribozo và chứa bazo loại T còn đơn phân của tARN có thành phần đường là ribozo và chứa bazo loại U $\Rightarrow$ ĐÚNG.
- (4) ADN có khối lượng và kích thước lớn hơn tARN rất nhiều do chúng chứa số lượng Nu lớn hơn tARN $\Rightarrow$ ĐÚNG.
- (5) tARN có những đoạn có trình tự bổ sung với nhau bằng các liên kết hidro $\Rightarrow$ SAI.

Vậy có ý (1), (3) và (4).

Câu 48: Đáp án B.

Xét từng ý ta có:

- (1) ĐÚNG.
- (2) Đơn phân của ADN là các Nu còn đơn phân của protein là các axit amin $\Rightarrow$ SAI.
- (3) Các Nu liên kết với nhau bằng các liên kết photphoeste còn các axit amin liên kết với nhau bằng các liên kết peptit, bản chất 2 loại liên kết trên đều là liên kết cộng hóa trị $\Rightarrow$ ĐÚNG.

(4) ADN chủ yếu chứa C, H, O, N, P còn protein chứa chủ yếu C, H, O, N, S, P $\Rightarrow$ SAI.

Vậy chỉ có 2 ý đúng.

Câu 49: Đáp án B.

Xét từng ý ta có:

(1) Hai mạch của ADN có cấu trúc đối song song ngược chiều $\Rightarrow$ ĐÚNG.

(2) ĐÚNG.

(3) Giữa 2 Nu kế tiếp nhau không có khoảng cách vì chúng nối liền với nhau. Ở đây 3,4 Å là chiều dài của 1 Nu $\Rightarrow$ SAI.

(4) Các bazơ nitơ liên kết với nhau theo nguyên tắc bổ sung trong đó, A liên kết với T còn G liên kết với X $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Vậy có 1 ý là chưa chính xác.

Câu 50: Đáp án A.

Ta biết rằng nhiệt độ nóng chảy của 1 phân tử phụ thuộc vào khối lượng, số liên kết hidro... của phân tử đó. Ở đây 2 phân tử có chiều dài và khối lượng bằng nhau do đó nhiệt độ nóng chảy chỉ còn phụ thuộc vào số lượng liên kết hidro để so sánh.

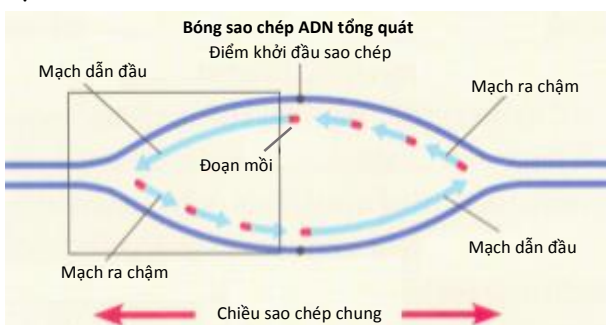
Liên kết hidro trong ADN lại phụ thuộc vào tỉ lệ các bazo trong phân tử ADN đó. A-T có 2 liên kết hidro còn G-X có 3 liên kết hidro vì vậy phân tử ADN nào có tỉ lệ G-X nhiều hơn sẽ có nhiều liên kết hidro hơn. Phân tử nào có tỉ lệ A/G lớn hơn chứng tỏ có tỉ lệ G ít hơn và sẽ có số liên kết hidro ít hơn.

Như vậy, phân tử ADN thứ 2 có số lượng liên kết hidro lớn hơn do đó có nhiệt độ nóng chảy cao hơn.

Câu 52: Đáp án C.

Xét từng ý ta có:

(1) Enzim ligaza tác động lên cả 2 mạch mới được tổng hợp, ở mạch liên tục nó nối đoạn ADN thay thế đoạn mới còn ở mạch gián đoạn nó nối các đoạn Okazaki với nhau. Hơn nữa, trong 1 đơn vị nhân đôi thì cả 2 mạch đều có các đoạn Okazaki do đó enzim ligaza sẽ xuất hiện trên cả 2 mạch. $\Rightarrow$ ĐÚNG.



(2) Trên cùng một mạch khuôn thì enzim ADN polymeraza chỉ trượt theo 1 chiều duy nhất $\Rightarrow$ SAI.

(3) Trong quá trình nhân đôi ADN thì muốn các enzim có thể tác động tổng hợp mạch mới trước tiên cần tách mạch ADN mẹ, do đó các enzim tháo xoắn luôn đi đầu và các enzim ADN polymeraza theo sau $\Rightarrow$ ĐÚNG.

(4) Trong 1 chạc sao chép thì 1 mạch được tổng hợp liên tục và mạch đối diện được tổng hợp gián đoạn $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Vậy có 3 ý đúng.

Câu 56: Đáp án B.

Xét từng ý ta có:

(1) Quá trình dịch mã còn diễn ra trong các bào quan ở các tế bào nhân thực $\Rightarrow$ SAI.

(2) ĐÚNG.

(3) Đây chính là hiện tượng polixom $\Rightarrow$ ĐÚNG.

(4) Quá trình dịch mã kết thúc khi ribosom tiếp xúc với 1 trong 3 bộ ba kết thúc là 5'UAA3', 5'UAG3' hoặc 5'UGA3' $\Rightarrow$ SAI.

Vậy chỉ có 2 ý đúng.

Câu 58: Đáp án A.

Câu A: Ở vi khuẩn chưa có cấu trúc nhân mà chỉ có vùng nhân do chưa có màng nhân. Do đó, phiên mã hay dịch mã đều diễn ra trong tế bào chất $\Rightarrow$ SAI.

Câu B: Phiên mã do enzim ARN polymeraza thực hiện $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu C: ĐÚNG.

Câu D: Ở sinh vật nhân sơ do gen không phân mảnh nên không có quá trình biến đổi mARN sau phiên mã, đồng thời do không có màng nhân nên quá trình phiên mã và dịch mã có thể diễn ra đồng thời để tiết kiệm thời gian $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu 59: Đáp án D.

Sự hoạt hóa axit amin thực chất là do năng lượng giải phóng từ sự phân giải ATP giúp kích hoạt các axit amin từ trạng thái nghỉ sang dạng hoạt động và giúp chúng gắn vào đầu XXA-3'-OH.

Câu 62: Đáp án D.

Khi quá trình dịch mã kết thúc thì ribosom tách khỏi mARN đồng thời tiểu phần lớn và tiểu phần nhỏ cũng tách khỏi nhau. Chúng sẽ lại kết hợp với nhau trong lần dịch mã tiếp theo.

Câu 64: Đáp án A.

Các enzim ADN polymeraza luôn di chuyển sau enzim tháo xoắn và enzim phá vỡ liên kết hidro vì phải tháo xoắn ADN và tách mạch thì ADN polymeraza mới có thể tiếp cận mạch đơn của phân tử ADN mẹ và tổng hợp mạch mới.

Các enzim ADN polymeraza di chuyển cùng chiều nhau trên 1 mạch và ngược chiều nhau trên 2 mạch khuôn của ADN mẹ. ADN polymeraza có chức năng tổng hợp mạch mới hoặc các đoạn Okazaki còn nối các đoạn Okazaki do enzim ligaza thực hiện.

Câu 65: Đáp án D.

Sự phiên mã chỉ diễn ra trên 1 hoặc 1 số gen nào đó, mà gen là 1 đoạn của ADN nên enzim phiên mã cũng chỉ tác dụng trên 1 đoạn gen của ADN chứ không tác dụng hết phân tử ADN.

Câu 66: Đáp án A.

Trong tế bào sự nhân đôi ADN diễn ra đồng loạt, tức là tất cả các ADN đều cùng nhân đôi do đó các gen trên ADN cũng có số lần nhân đôi như nhau.

Tuy nhiên, trong 1 tế bào thì chỉ có 1 số ít gen hoạt động, và do đó sẽ chỉ có 1 số ít gen được phiên mã còn các gen không hoạt động sẽ không phiên mã, tức là các gen khác nhau có số lần phiên mã khác nhau.

Câu 69: Đáp án A.

Operon là tập hợp cụm gen cấu trúc có cùng 1 chức năng nào đó và có cùng cơ chế điều hòa hoạt động. Do đó với

cấu trúc Operon sẽ đảm bảo cho 1 chức năng nào đó của tế bào được diễn ra nhanh chóng hay dừng lại nhanh chóng giúp đạt hiệu quả đồng thời tiết kiệm năng lượng cũng như thời gian cho tế bào.

Câu 70: Đáp án B.

Câu A: Chỉ khi môi trường có lactozo thì lactozo mới liên kết được với protein ức chế ⇒ SAI.

Câu B: Gen điều hòa có đặc điểm là không có vùng vận hành do đó nó không chịu sự kiểm soát của gen khác vì thế gen điều hòa luôn hoạt động với cường độ thấp tức là protein ức chế luôn được tổng hợp ⇒ ĐÚNG.

Câu C: Khi môi trường không có lactozo thì protein ức chế sẽ liên kết với vùng O và do đó sự phiên mã sẽ không diễn ra ⇒ SAI.

Câu D: ARN polimeraza chỉ liên kết được với vùng khởi động và tiến hành phiên mã khi vùng vận hành được giải phóng, khi đó cần phải có lactozo trong tế bào ⇒ SAI.

Câu 71: Đáp án C.

Xét từng ý ta có:

(1) Protein ức chế bị biến đổi cấu trúc không gian nên không thể liên kết với vùng O, do đó ARN polimeraza sẽ bám vào vùng P và phiên mã ⇒ ĐÚNG.

(2) Khi vùng khởi động của Operon bị đột biến thì ARN polimeraza không thể bám vào và do đó phiên mã không thể xảy ra ⇒ SAI.

(3) Gen cấu trúc Z không ảnh hưởng đến việc Operon có được phiên mã hay không ⇒ SAI.

(4) Vùng vận hành bị đột biến không gắn với protein ức chế sẽ làm cho ái lực của vùng P với ARN polimeraza tăng lên, enzym này bám vào vùng P và phiên mã ⇒ ĐÚNG.

(5) Vùng khởi động của gen điều hòa đột biến làm cho gen này không thể tiến hành phiên mã do đó protein ức chế sẽ không được tạo ra, Operon luôn luôn được giải phóng nên các gen cấu trúc được phiên mã ⇒ ĐÚNG. Vậy có 1,4 và 5 là đúng.

Câu 73: Đáp án A.

Xét từng ý ta có:

(1) Sự phiên mã chỉ diễn ra từ trình tự Nu đặc biệt ở vùng điều hòa và kết thúc tại 1 trình tự đặc hiệu khác tại vùng kết thúc của gen, do đó sẽ có những trình tự Nu của gen không được phiên mã và chiều dài mARN sơ khai ngắn hơn gen tương ứng ⇒ SAI.

(2) Phân tử ADN chứa nhiều gen, các gen khác nhau sẽ có mạch mã gốc khác nhau. Với gen này thì mạch 1 làm khuôn phiên mã nhưng với gen khác lại là mạch 2. Như vậy, trên ADN thì không có mạch mã gốc mà chỉ tồn tại khái niệm này trên gen ⇒ SAI.

(3) Từ 1 mARN trưởng thành khi dịch mã bởi nhiều riboxom thì sẽ tổng hợp nên nhiều chuỗi polipeptit cùng loại ⇒ ĐÚNG.

(4) Một chuỗi polipeptit chỉ có thể được tổng hợp bởi 1 riboxom duy nhất ⇒ SAI.

Vậy chỉ có 1 ý đúng.

Câu 75: Đáp án D.

Câu A: Đây chính là cách phát biểu khác của câu ở sinh vật nhân sơ quá trình phiên mã và dịch mã có thể diễn ra

đồng thời ⇒ ĐÚNG.

Câu B: Ở sinh vật nhân thực, các gen không phân mảnh sẽ không có quá trình cắt intron và nối exon ⇒ ĐÚNG.

Câu C: Ở vi khuẩn, gen là loại không phân mảnh do đó từ 1 gen sẽ chỉ có 1 loại mARN duy nhất mã hóa cho 1 loại polipeptit duy nhất ⇒ ĐÚNG.

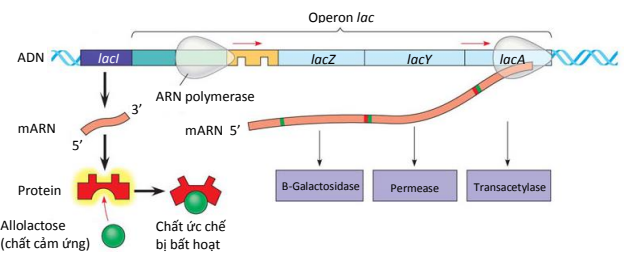
Câu D: Chỉ có các gen phân mảnh mới dẫn đến sự hình thành các loại mARN trưởng thành khác nhau từ đó tổng hợp các loại chuỗi polipeptit khác nhau còn với các gen không phân mảnh thì chỉ cho 1 loại chuỗi polipeptit duy nhất ⇒ SAI.

Câu 76: Đáp án A.

Câu A: Chiều dài của mARN có thể ngắn hơn gen mã hóa nếu mARN là đơn cistron, tức là một mARN mang thông tin của 1 gen duy nhất; khi đó mARN sẽ bắt đầu tương ứng từ điểm bắt đầu phiên mã trên vùng khởi động của gen và kết thúc tương ứng với vị trí kết thúc phiên mã ở vùng kết thúc trên gen. Hoặc mARN có thể dài hơn gen mã hóa nếu mARN là đa cistron như các Operon (xem hình) ⇒ SAI.

Câu B: Do ở sinh vật nhân sơ các gen là gen không phân mảnh do đó sẽ không có quá trình biến đổi mARN sau phiên mã vì vậy các mARN vừa tổng hợp được đoạn ngắn có thể đi ngay vào dịch mã. Hơn nữa, sinh vật nhân sơ không có màng nhân do đó cả phiên mã và dịch mã có thể cùng xảy ra đồng thời ⇒ ĐÚNG.

Câu C: mARN ở sinh vật nhân sơ có thể là đa cistron tức là mARN mang thông tin nhiều chuỗi polipeptit khác nhau (VD: Operon Lac) ⇒ ĐÚNG.



Câu D: Ở sinh vật nhân sơ, ARN polimeraza có khả năng tự nhận biết được gen nào cần phiên mã, thậm chí mạch nào của gen là mạch gốc với sự trợ giúp của yếu tố xích-ma. Ở sinh vật nhân thực thì enzym ARN polimeraza không có khả năng này mà được thực hiện bởi các yếu tố phiên mã ⇒ ĐÚNG.

Câu 77: Đáp án A.

Ở sinh vật nhân thực, mARN trong nhân là mARN sơ khai còn mARN trong tế bào chất là mARN trưởng thành. Quá trình dịch mã có thể xảy ra là nhờ riboxom nhận biết được mARN nhờ vào trình Nu đặc hiệu ở vùng 5' của mARN. Như vậy, phân tử số (1) vẫn có vùng 5' bình thường do đó dịch mã xảy ra còn phân tử số (2) do bị mất vùng 5' nên riboxom không thể nhận biết phân tử mARN và dịch mã sẽ không xảy ra.

Câu 78: Đáp án D.

Câu A: Khi quá trình dịch mã của 1 riboxom dừng lại thì mARN có thể vẫn chưa bị phân hủy mà các riboxom tiếp theo sẽ vào để dịch mã ⇒ SAI.

Câu B: Riboxom dịch chuyển sau khi hình thành liên kết peptit, còn sau khi nhận biết codon thì riboxom vẫn giữ nguyên vị trí để hình thành liên kết peptit $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Axit amin gắn vào đầu 3' của tARN $\Rightarrow$ SAI.

Câu D: ĐÚNG.

Câu 80: Đáp án D.

Xét từng phát biểu ta có:

(1) Khi môi trường có lactozo thì phân tử lactozo biến đổi tạo thành đồng phân là allolactozo, chất này liên kết đặc hiệu với protein ức chế và làm biến đổi cấu hình không gian của phân tử protein này khiến protein ức chế không thể liên kết với vùng O. ARN polimeraza liên kết với vùng P và tiến hành phiên mã. Lưu ý ở đây là làm biến đổi cấu hình không gian của protein chứ không phải là biến tính. Biến tính tức là protein bị mất hết các cấu trúc bậc cao chỉ còn lại liên kết peptit nối giữa các axit amin $\Rightarrow$ SAI.

(2) Gen điều hòa R có đặc điểm là không có vùng vận hành O mà chỉ có vùng khởi động R do đó nó không chịu sự điều hòa của phân tử khác. Chính vì vậy, gen điều hòa R luôn sản xuất protein ức chế không phụ thuộc nồng độ lactozo với tần số vừa phải $\Rightarrow$ SAI.

(3) Khi môi trường có lactozo thì vùng O được giải phóng làm tăng ái lực của vùng P với enzym ARN polimeraza. Tuy nhiên, việc tăng ái lực với enzym ở đây chỉ ở mức độ rất nhỏ tức là ái lực của enzym với vùng P vẫn còn yếu. Ái lực này chỉ tăng lên mạnh khi môi trường không có glucozo hay chính xác là nồng độ ATP trong môi trường giảm, cAMP (sản phẩm khi thủy phân ATP tạo năng lượng cho tế bào) tăng thì khi đó cAMP liên kết với 1 protein dị hình là CAP, CAP được hoạt hóa liên kết vào vị trí đặc thù trên vùng P và làm tăng ái lực của vùng P đối với enzym ARN polimeraza lên rất nhiều lần $\Rightarrow$ SAI. Vậy cả 3 ý đều chưa chính xác.

Câu 81: Đáp án B.

Câu A: Gen điều hòa R có đặc điểm là không có vùng vận hành O mà chỉ có vùng khởi động R do đó nó không chịu sự điều hòa của phân tử khác. Chính vì vậy, gen điều hòa R luôn sản xuất protein ức chế không phụ thuộc nồng độ lactozo với tần số vừa phải $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu B: Khi môi trường có lactozo thì vùng O được giải phóng làm tăng ái lực của vùng P với enzym ARN polimeraza. Tuy nhiên, việc tăng ái lực với enzym ở đây chỉ ở mức độ rất nhỏ tức là ái lực của enzym với vùng P vẫn còn yếu. Ái lực này chỉ tăng lên mạnh khi môi trường không có glucozo hay chính xác là nồng độ ATP trong môi trường giảm, cAMP (sản phẩm khi thủy phân ATP tạo năng lượng cho tế bào) tăng thì khi đó cAMP liên kết với 1 protein dị hình là CAP, CAP được hoạt hóa liên kết vào vị trí đặc thù trên vùng P và làm tăng ái lực của vùng P đối với enzym ARN polimeraza lên rất nhiều lần. Do đó, mức độ phiên mã của cụm gen cấu trúc không chỉ phụ thuộc vào việc có lactozo mà còn phụ thuộc vào việc trong tế bào có glucozo hay không. Nói cách khác, lactozo là điều kiện cần, còn không có glucozo là điều kiện đủ để các gen cấu trúc của Operon Lac được phiên mã mạnh $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Lactozo khi xuất hiện không trực tiếp liên kết với protein ức chế mà nó được biến đổi thành đồng phân là allolactozo. Allolactozo mới trực tiếp liên kết với protein ức chế và làm biến đổi cấu hình không gian của phân tử này $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu D: mARN của Operon là loại đa cistron tức là 1 phân tử mARN mang thông tin của cả 3 gen. Do đó, sự phiên mã sẽ chỉ tạo 1 phân tử mARN duy nhất cho 1 lần trượt của enzym $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu 82: Đáp án C.

Xét từng ý ta có:

(1) Số codon là số bộ ba. Codon thì bao gồm cả bộ ba kết thúc. Ta biết rằng ứng với bộ ba kết thúc trên mARN sẽ không có phân tử tARN nào đến bổ sung. Do đó, số lượt tARN phải nhỏ hơn số codon trên mARN $\Rightarrow$ SAI.

(2) Với những phân tử protein mà được cấu tạo bởi 1 chuỗi polipeptit duy nhất thì số axit amin của protein đó chính bằng số axit amin của chuỗi polipeptit hoàn chỉnh. Ta biết rằng không phải mọi chuỗi polipeptit đều cắt metionin sau khi dịch mã xong mà chỉ có 1 số loại chuỗi nhất định. Với những chuỗi polipeptit mà metionin không bị cắt bỏ thì số axit amin của protein chính bằng số lượt tARN trong dịch mã $\Rightarrow$ ĐÚNG.

(3) Trong tế bào có 2 loại tARN vận chuyển metionin trong đó có 1 loại chuyên vận chuyển metionin có nhiệm vụ mở đầu chuỗi polipeptit còn 1 loại vận chuyển metionin như 1 axit amin bình thường trong chuỗi $\Rightarrow$ ĐÚNG.

Vậy có 2 ý đúng.

Câu 83: Đáp án A.

Mạch mã gốc được đọc theo chiều 3' $\rightarrow$ 5'. Như vậy, bộ ba đầu tiên chính là 3' TTT 5'. Đột biến thay thế nucleotit ở vị trí thứ hai thì chắc chắn sẽ làm thay đổi axit amin của bộ ba bị đột biến. Lí do là vì tính thoái hóa chủ yếu rơi vào nucleotit ở vị trí 3 trong bộ ba, có trường hợp rơi vào nucleotit ở vị trí thứ nhất.

Bộ ba mới do đột biến là 3' XTT 5' là bộ ba mã hóa do đó không thể xuất hiện mã kết thúc ở trường hợp này.

Như vậy, đoạn peptit do gen đột biến tổng hợp sẽ khác với đoạn peptit bình thường ở 1 axit amin.

Câu 84: Đáp án C.

Câu A: Sự phiên mã bắt đầu tại một trình tự nucleotit đặc biệt trên gen gọi là promoter. Enzym ARN polimeraza sẽ liên kết với vùng này và bắt đầu trượt. Bộ ba mở đầu AUG chỉ liên quan đến dịch mã còn không ảnh hưởng gì đến phiên mã $\Rightarrow$ SAI.

Câu B: Sự phiên mã chỉ diễn ra trên 1 đoạn của ADN tức là phạm vi 1 gen. Do đó, enzym ARN polimeraza cũng chỉ trượt trên mạch gốc của gen chứ không phải trượt trên mạch gốc của ADN. Khái niệm mạch gốc chỉ tồn tại trên gen còn trên ADN không có khái niệm này do ADN chứa nhiều gen, các gen khác nhau có mạch gốc khác nhau $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Các loại ARN khác nhau gồm mARN, tARN, rARN do các gen khác nhau quy định. Do đó, sự phiên mã tạo ra các loại ARN này là từ các gen khác nhau

không phải từ 1 gen rồi biến đổi thành các loại ARN khác nhau ⇒ ĐÚNG.

Câu D: Ở sinh vật nhân sơ chưa có màng nhân do đó phiên mã và dịch mã đều xảy ra trong tế bào chất ⇒ SAI.

Câu 85: Đáp án C.

(1) Mạch khuôn ⇒ ĐÚNG.

(2) Enzyme tổng hợp đoạn mồi ⇒ ĐÚNG.

(3) Nối các đoạn Okazaki ⇒ ĐÚNG.

(4) SAI.

(5) Tổng hợp nên mạch mới ⇒ ĐÚNG.

(6) SAI.

(7) Nguyên liệu tổng hợp nên mạch mới ⇒ ĐÚNG.

(8) Các protein cố định mạch, protein enzyme,... ⇒ ĐÚNG.

Câu 86: Đáp án B.

Câu A: ĐÚNG.

Câu B: Trong dịch mã, tiểu đơn vị bé của riboxom nhận biết và liên kết với mARN nhờ vào các trình tự nucleotit đặc biệt nằm ở đầu 5' của nhân sơ gọi là trình tự Shine-Dalgarno và trình tự mũ 7-metyl guanozin đầu 5' ở nhân thực. Sau đó, tiểu đơn vị bé trượt đến mã mở đầu AUG và bắt đầu dịch mã ⇒ SAI.

Câu C: Do ở nhân sơ không có màng nhân và các gen không phân mảnh nên mARN chưa phiên mã xong cũng tham gia dịch mã ngay để tiết kiệm thời gian ⇒ ĐÚNG.

Câu D: Polixom là hiện tượng nhiều riboxom cùng trượt trên 1 mARN do đó nó có thể xảy ra ở nhiều mARN ⇒ ĐÚNG.

Câu 87: Đáp án D.

Câu A: Gen của sinh vật nhân sơ là gen không phân mảnh. Mỗi gen khi phiên mã chỉ cho 1 loại ARN nhất định mà không có 1 gen nào mã hóa cho cả 3 loại ARN ⇒ SAI.

Câu B: Vi khuẩn có hệ gen đơn bội nên đột biến xuất hiện sẽ được biểu hiện ngay ra kiểu hình do đó CLTN tác động và nhanh chóng hình thành nên đặc điểm thích nghi mới. Ở đây dùng thuật ngữ bộ NST đơn bội là chưa chính xác do vật chất di truyền của vi khuẩn là ADN - NST, hay cấu trúc không phải là NST điển hình, mặt khác trong tế bào chỉ chứa 1 phân tử ADN - NST duy nhất ⇒ SAI.

Câu C: Vật chất di truyền của nhân sơ là các phân tử ADN dạng vòng tuy nhiên đây không phải là lí do dẫn đến hệ gen của nhân sơ là đơn gen mà lí do là vì trong tế bào chỉ có 1 phân tử ADN duy nhất nên các gen đều là đơn gen ⇒ SAI.

Câu D: Trong quá trình tái bản ADN ở sinh vật nhân sơ thì trình tự các enzym tham gia như sau:

- Đầu tiên, enzym helicaza có vai trò tháo xoắn chuỗi xoắn kép tại vị trí mở đầu của chạc sao chép và phá vỡ các liên kết hidro tách 2 mạch đơn của phân tử ADN mẹ.

- Sau đó, enzym gyraza (topoisomeraza) có vai trò làm giảm lực xoắn căng phía trước chạc sao chép bằng cách tách tạm thời các mạch ADN cho quay giảm xoắn, rồi nối lại.

- Tiếp đó, enzym primaza thuộc họ ARN - polimeraza tổng hợp đoạn mồi ARN tại đầu 5' của mạch dẫn đầu và tại mỗi đoạn Okazaki của mạch ra chậm.

- Tiếp đến, enzym ADN - polimeraza mới tổng hợp mạch mới bằng cách bổ sung các nucleotit vào đầu 3' - OH của mạch ADN sẵn có hoặc đoạn ARN mồi bằng liên kết cộng hóa trị.

- Cuối cùng, các enzym ligaza sẽ nối các đoạn Okazaki của mạch ra chậm lại với nhau hoặc đoạn thay thế mồi của mạch liên tục.

Như vậy, ADN - polimeraza là enzym thứ 4 tham gia vào quá trình nhân đôi ADN ⇒ ĐÚNG.

Câu 88: Đáp án B.

(1) Trên 1 mạch polinucleotit thì chiều dài của 1 đơn phân là 0,34 nm còn các đơn phân liên nhau và giữa chúng không có khoảng cách ⇒ SAI.

(2) Các đơn phân của ADN và ARN tất cả đều có cấu tạo khác nhau, trong đó, đơn phân cấu tạo nên ADN là deoxiribonucleotit có thành phần đường là deoxiribozo còn đơn phân cấu tạo nên ARN là ribonucleotit có thành phần đường là ribozo ⇒ SAI.

(3) Thông tin di truyền trong ADN được lưu trữ dưới dạng số lượng, thành phần và trật tự sắp xếp các nucleotit dưới dạng mã bộ ba ⇒ ĐÚNG.

(4) Trong tế bào thì tARN và rARN có các liên kết bổ sung (liên kết hidro) giữa các nucleotit trong phân tử do đó nó bền vững hơn so với mARN ở dạng mạch thẳng không có liên kết hidro ⇒ ĐÚNG.

(5) Ở sinh vật nhân thực thì ADN liên kết với protein Histon do đó muốn phiên mã được thì ADN phải được giải phóng khỏi protein tức là lúc NST giãn xoắn ⇒ SAI.

(6) Trong quá trình nhân đôi ADN có 8 loại nucleotit tham gia tạo mạch mới trong đó 4 loại ribonucleotit tham gia tạo đoạn ARN mồi và 4 loại deoxiribonucleotit tham gia kéo dài mạch mới ⇒ SAI.

(7) Quá trình phiên mã ở sinh vật nhân thực, mARN, rARN, tARN được tạo ra bởi 3 loại ARN polimeraza khác nhau, trong đó, ARN polimeraza I tổng hợp nên rARN, ARN polimeraza II tổng hợp nên mARN và ARN polimeraza III tổng hợp nên tARN ⇒ SAI.

(8) rARN cấu tạo nên riboxom là bào quan tham gia dịch mã ⇒ ĐÚNG.

Vậy có 5 ý sai.

Câu 89: Đáp án D.

Câu A: Quá trình nhân đôi ADN diễn ra theo nguyên tắc bổ sung tức là có sự kết hợp giữa A với T, G với X và ngược lại ⇒ ĐÚNG.

Câu B: Trên mạch gián đoạn mỗi Okazaki cần 1 mồi, đồng thời ở mạch liên tục cũng cần 1 mồi khởi đầu, do đó số mồi luôn cần nhiều hơn số đoạn Okazaki ⇒ ĐÚNG.

Câu C: Enzym ADN - polimeraza chỉ có hoạt tính kéo dài mạch theo chiều 5' → 3', tức là nó kéo dài mạch liên tục nếu mạch khuôn là mạch 3' → 5' ⇒ ĐÚNG.

Câu D: Sinh vật nhân thực có nhiều điểm khởi đầu tái bản tức là có nhiều đơn vị tái bản khi nhân đôi, trong đó ở mỗi đơn vị tái bản gồm 2 chạc chữ Y luôn cần số đoạn mồi lớn hơn số đoạn Okazaki là 2 ⇒ SAI.

B. HƯỚNG DẪN GIẢI BÀI TẬP

I. Các phương pháp giải và công thức

1. Bài tập về ADN - gen

1.1. Các công thức

N- Tổng số Nu của gen; M- Khối lượng của gen;

L - Chiều dài (mm, micromet, nm, Å,...);

(Đơn vị: $1 \text{ Å} = 10^{-1} \text{ nm} = 10^{-4} \text{ micromet} = 10^{-7} \text{ mm}$)

C- tổng chu kỳ xoắn

A_1, T_1, G_1, X_1 là số Nu mỗi loại trên mạch 1

A_2, T_2, G_2, X_2 là số Nu mỗi loại trên mạch 2

LƯU Ý

Đây là các công thức bản lề cần phải nhớ vì nó thường là chìa khóa để làm rõ các dữ kiện của đề.

Các công thức cần ghi nhớ

$$N = 2A + 2G = 2T + 2X$$

$$M = N \cdot 300 \text{ (1 Nu có khối lượng 300 đvC)}$$

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

$$C = \frac{N}{20} \text{ (1 chu kỳ xoắn có 10 cặp Nu)}$$

$$A_1 = T_2; A_2 = T_1 \Rightarrow A_1 + A_2 = T_1 + T_2 = A_1 + T_1 = A_2 + T_2 = A = T$$

$$G_1 = X_2; G_2 = X_1 \Rightarrow G_1 + G_2 = X_1 + X_2 = G_1 + X_1 = G_2 + X_2 = G = X$$

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

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

Số liên kết hóa trị

- Trong mỗi Nu có một liên kết cộng hóa trị giữa đường ở vị trí C_5' và axit photphoric, nên số liên kết cộng hóa trị $(C_5' - P) = N$

- Giữa hai Nu kế tiếp nhau có một liên kết cộng hóa trị giữa đường ở vị trí C_3' và axit photphoric nên số liên kết cộng hóa trị: $(C_3' - P) = N - 2$

Tổng số liên kết cộng hóa trị (D - P) trên ADN

$2N - 2$ (với ADN mạch thẳng)

$2N$ (với ADN dạng vòng - sinh vật nhân sơ)

Số liên kết hiđro

Công thức ghi nhớ

$$H = 2A + 3G = 2T + 3X$$

1.2. Phương pháp giải

Dạng bài tìm số Nu của gen

- Các dữ kiện đề bài cho như khối lượng, chiều dài hoặc chu kỳ xoắn ta áp dụng các công thức liên quan sẽ tính được số Nu của gen.

- Đề cho gen có số liên kết hiđro = H và $A = nG$, ta đi lập hệ:
$$\begin{cases} 2A + 3G = H \\ A = nG \end{cases}$$

$\Rightarrow$ Tính được A và G $\Rightarrow$ Số Nu của gen: $N = 2A + 2G$

- Đề cho gen có số liên kết hiđro = H và hiệu số Nu loại A với một loại không bổ sung với nó = n% tổng số Nu, ta lập hệ 3 ẩn 3 phương trình:

$$\begin{cases} A - G = n\%.N \\ A + G = 0,5.N \\ 2A + 3G = H \end{cases} \Rightarrow \text{Tính được } N.$$

CHÚ Ý

Với sinh vật nhân sơ do ADN mạch vòng nên nếu đề cho là ADN thì các công thức tương ứng sẽ là 2N và N. Nếu đề cho là gen các công thức giống như sinh vật nhân thực do ADN của sinh vật nhân sơ chứa nhiều gen nên nói đến gen ta hiểu đó cũng chỉ là 1 đoạn của ADN.

- Đề cho về liên kết cộng hóa trị:

+ Nếu đề cho số liên kết cộng hóa trị hoặc số liên kết (Đ-P) thì ta áp dụng công thức:

$$\text{Số liên kết} = 2N - 2$$

+ Nếu đề cho số liên kết photphodiester hay số liên kết cộng hóa trị giữa các Nu thì ta áp dụng công thức:

$$\text{Số liên kết} = N - 2$$

(Liên kết photphodiester được tính bao gồm $C_3' - P$ và $C_5' - P$)

Dạng bài tính số Nu từng mạch

Đề cho tỉ lệ $A:T:G:X = a:b:c:d$, ta có:

$$A = \frac{N.a}{a+b+c+d}; T = \frac{N.b}{a+b+c+d}; G = \frac{N.c}{a+b+c+d}; X = \frac{N.d}{a+b+c+d}$$

Áp dụng công thức nguyên tắc bổ sung ta tính được số Nu mỗi loại trên từng mạch.

2. Bài tập về quá trình tự sao của ADN

2.1. Các công thức

k - Số lần nhân đôi của gen

Các công thức cần ghi nhớ

- Số Nu môi trường cung cấp cho gen trong quá trình tự sao là:

$$N_{mt} = N.(2^k - 1)$$

- Số gen con tạo ra là: 2^k

- Số gen con lần lượt được sinh ra qua các lần nhân đôi của gen là: $2.2^k - 2$

- Số gen con chứa nguyên liệu mới hoàn toàn là: $2^k - 2$

- Số Nu từng loại môi trường cung cấp cho quá trình nhân đôi là:

$$A_{mt} = T_{mt} = A.(2^k - 1) = T.(2^k - 1)$$

$$G_{mt} = X_{mt} = G.(2^k - 1) = X.(2^k - 1)$$

- Số liên kết hiđro được hình thành là: $2^k.H$

- Số liên kết hiđro bị phá vỡ là: $(2^k - 1).H$

- Số liên kết hóa trị được hình thành là: $(2^k - 1).(N - 2)$

- Số liên kết hóa trị được hình thành trong lần nhân đôi cuối cùng là:

$$2^{k-1}.(N - 2)$$

Tham khảo thêm: Trong một đơn vị nhân đôi:

Số đoạn mồi = Số đoạn Okazaki + 2

Số lượt enzym ligaza = Số đoạn mồi (với sinh vật nhân sơ)

Số lượt enzym ligaza = Số đoạn mồi - 2 (với sinh vật nhân thực)

2.2. Phương pháp giải

- Tìm số Nu của gen sau đó áp dụng công thức để tính.
- Cần chú ý là ADN dạng mạch kép nên để cho số mạch đơn thì ta phải chia cho 2 để tìm số ADN con. Chú ý là trong mỗi gen con thì chứa một mạch của mẹ.
- Dạng bài về quá trình nhân đôi chủ yếu là áp dụng công thức.

3. Bài tập về ARN và quá trình phiên mã của gen (khi coi sự phiên mã là toàn bộ gen)

3.1. Các công thức

r_N - số ribonu của của mARN

r_A, r_U, r_G, r_X - số ribonu mỗi loại của mARN

A_g, T_g, G_g, X_g - số Nu mỗi loại trên mạch gốc của gen

Các công thức cần ghi nhớ

$$r_N = \frac{N}{2}; r_A = T_g; r_U = A_g; r_G = X_g; r_X = G_g$$

$$\text{Khối lượng của mARN} = \frac{M}{2} = r_N \cdot 300$$

$$\text{Chiều dài của mARN} = L = r_N \cdot 3,4$$

CHÚ Ý

Luôn ghi nhớ trình tự mARN xuất phát từ mạch gốc của gen. Ở đây chúng ta coi mARN được sao chép toàn bộ từ gen vì vậy các công thức tính toán trên mARN sẽ xuất phát từ gen.

Số liên kết hóa trị

- Trong mỗi ribonu có một liên kết hóa trị (Đ-P), nên số liên kết này là: r_N
- Giữa hai ribonu kế tiếp có một liên kết hóa trị nên số liên kết này là: $r_N - 1$

Tổng số liên kết hóa trị (Đ - P) của mARN

$$2r_N - 1$$

Phiên mã

t - số lần phiên mã

Các công thức cần ghi nhớ

- Số phân tử mARN tạo ra là: t

- Số ribonu tự do môi trường cung cấp qua t lần phiên mã: $rN_{mt} = t \cdot r_N$

- Số ribonu tự do mỗi loại môi trường cung cấp là:

$$rA_{mt} = t \cdot r_A = t \cdot T_g; rU_{mt} = t \cdot r_U = t \cdot A_g; rG_{mt} = t \cdot r_G = t \cdot X_g; rX_{mt} = t \cdot r_X = t \cdot G_g$$

- Số liên kết hiđro bị đứt = Số liên kết hiđro hình thành = $t \cdot H$

- Số liên kết hóa trị hình thành là: $t \cdot (r_N - 1)$

- Số mã di truyền là: $\frac{N}{2 \cdot 3} = \frac{r_N}{3}$

- Số bộ ba mã hóa là: $\frac{r_N}{3} - 1$

3.2. Phương pháp giải

Áp dụng các công thức tính toán bình thường

Dạng bài về tính số loại mARN trưởng thành tạo ra tối đa (tham khảo)

- Trong một gen phân mảnh có n đoạn exon $\Rightarrow$ số đoạn intron là (n - 1)
- Trong quá trình phiên mã có hiện tượng cắt các intron và nối các đoạn exon lại với nhau để tạo mARN trưởng thành. Khi tạo mARN trưởng thành thì ở hai đầu luôn là hai đoạn exon cố định, do đó ở giữa còn (n - 2) đoạn exon để sắp xếp $\Rightarrow$ Số loại mARN có thể tạo tối đa là (n - 2)!

4. Bài tập về protein và quá trình dịch mã

4.1. Các công thức

r_N - số ribonu của của mARN

n - số chuỗi polipeptit = số lần trượt riboxom

Các công thức cần ghi nhớ

- Số axit amin trong chuỗi được tổng hợp: $\frac{r_N}{3} - 1$

- Axit amin mở đầu sau đó có thể tách khỏi chuỗi polipeptit tạo thành chuỗi hoàn chỉnh nên số axit amin tối thiểu trong chuỗi hoàn chỉnh là:

$$\frac{r_N}{3} - 2$$

- Số axit amin môi trường cung cấp = (số bộ ba - 1) x số chuỗi polipeptit

$$= \left(\frac{r_N}{3} - 1 \right) . n$$

- Số liên kết peptit = Số phân tử nước = Số bộ ba - 2 = $\frac{r_N}{3} - 2$

- Số lượt tARN = Số bộ ba - 1 = $\frac{r_N}{3} - 1$

4.2. Phương pháp giải

Dạng bài tính số axit amin, số liên kết peptit

Tính số axit amin trong chuỗi polipeptit: Trước tiên phải tính được số r_N

Số axit amin trong chuỗi polipeptit được tổng hợp = $\frac{r_N}{3} - 1$

Số axit amin trong chuỗi hoàn chỉnh = $\frac{r_N}{3} - 2$

CHÚ Ý

Luôn tỉnh táo trong việc xác định rõ câu hỏi muốn hỏi điều gì về chuỗi polipeptit, nếu không rất có thể các bạn sẽ bị nhầm lẫn trong tính toán kết quả.

Tính số axit amin môi trường cung cấp: Do axit amin mở đầu cũng vẫn được tính nên ta lấy số axit amin trong chuỗi được tổng hợp nhân với số chuỗi

polipeptit: $aa_{mt} = \left(\frac{r_N}{3} - 1 \right) . n$

Tính số liên kết peptit (chú ý câu hỏi):

- Nếu hỏi số liên kết peptit đã được hình thành:

Số liên kết peptit = số phân tử nước đã tạo ra = $\frac{r_N}{3} - 2$

- Nếu hỏi số liên kết peptit trong chuỗi hoàn chỉnh thì ta áp dụng công thức:

$$\text{Số liên kết peptit} = \frac{r_N}{3} - 3$$

Dạng bài về số lượng và xác suất của mã di truyền và axit amin

- Với một số lượng axit amin nhất định ta có thể tổng hợp nên 1 đoạn polipeptit bất kì. Nếu như có m loại axit amin thì để tổng hợp nên 1 đoạn polipeptit có n axit amin ta có m^n cách khác nhau.

- Mỗi bộ ba được gồm 3 nucleotit liên tiếp có tính theo chiều do đó sự sắp xếp khác nhau của các nucleotit ở 3 vị trí sẽ cho các bộ ba khác nhau.

$$\text{Số loại bộ ba} = (\text{số loại nucleotit})^3$$

LƯU Ý

Để ý câu hỏi là bộ ba hay bộ ba mã hóa, vì nếu như bộ ba mã hóa ta không được tính các bộ ba kết thúc vào kết quả.

- Khi ta có các loại nucleotit với những tỉ lệ nhất định thì khi đó để tính tỉ lệ các loại bộ ba ta có thể dùng hằng đẳng thức hoặc tính trực tiếp.

Nếu cho 3 loại nucleotit với tỉ lệ tương ứng là $A:T:X=1:2:3$. Tính tỉ lệ bộ ba chứa 2 nucleotit loại A.

+ Ta khai triển hằng đẳng thức $\left(\frac{1}{6}A + \frac{2}{6}T + \frac{3}{6}X\right)^3$, sau đó tìm tỉ lệ các bộ ba chứa 2 A.

+ Bộ ba chứa 2 nucleotit loại A tức là vị trí còn lại có thể là T hoặc X. Với mỗi cách chọn T hoặc X ta sẽ có 3 cách hoán đổi cho bộ ba đó.

$$\Rightarrow \text{Tỉ lệ bộ ba chứa 2 nucleotit loại A} = C_3^2 \cdot \left(\frac{1}{6}\right)^2 \cdot \left(\frac{2}{6} + \frac{3}{6}\right) = \frac{5}{72}$$

- Cách sắp xếp axit amin trong mạch polipeptit là:

$$P_m(m_1, m_2, \dots, m_k) = \frac{m!}{m_1! m_2! \dots m_k!}$$

M: là số aa.

m_1 : số aa thuộc loại 1, m_k là số aa thuộc loại k.

$\Rightarrow$ Cách mã hóa dãy axit amin là: $A = A_1^{m_1} . A_2^{m_2} \dots A_k^{m_k}$

m là số aa.

m_i : Số aa thuộc loại i có A_i bộ ba mã hóa

II. Bài tập tự luận

LƯU Ý

Để tính chiều dài của gen các bạn cần tìm được số Nu của gen. Vì vậy, dựa vào 2 dữ kiện số Nu loại X và số liên kết hidro các bạn tìm được số Nu của gen là bài tập được giải quyết.

CHÚ Ý

Luôn nhớ đến nguyên tắc bán bảo tồn trong những bài tập dạng này, đơn giản là từ các ADN mẹ ban đầu, mỗi mạch đơn của ADN mẹ sẽ đi về các ADN con.

Bài 1: Một gen có 915 nucleotit loại X và có 4815 liên kết hidro. Hỏi gen đó dài bao nhiêu?

Lời giải

$$\begin{aligned} \text{Ta có: } \begin{cases} X = G = 915 \\ 2A + 3G = 4815 \end{cases} &\Rightarrow A = \frac{4815 - 3G}{2} = \frac{4815 - 3 \cdot 915}{2} = 1035 \\ \Rightarrow N = 2A + 2G = 2 \cdot 1035 + 2 \cdot 915 = 3900 &\Rightarrow L = \frac{N}{2} \cdot 3,4 = 6630 \text{ (A}^\circ) \end{aligned}$$

Bài 2: Một gen có 3600 liên kết hidro, hiệu số Nu loại A với một loại Nu không bổ sung với nó bằng 10% số Nu của gen. Số Nu mỗi loại của gen là bao nhiêu?

Lời giải

$$\text{Ta có hệ phương trình: } \begin{cases} A - G = 0,1.N \\ A + G = 0,5.N \\ 2A + 3G = 3600 \end{cases} \Rightarrow N = 3000, A = T = 900 \text{ và } G = X = 600$$

Bài 3: Người ta chuyển 1570 vi khuẩn E.coli từ môi trường nuôi cấy với N^{14} sang môi trường nuôi cấy với N^{15} . Sau một thời gian, khi phân tích ADN của E.coli thì tỉ lệ ADN hoàn toàn mang N^{15} chiếm 93,75%. Số E.coli trong quần thể là bao nhiêu?

Lời giải

Đây là bài tập áp dụng nguyên tắc bán bảo toàn trong nhân đôi ADN.

Khi sang môi trường mới E.coli đã phân chia

$\Rightarrow$ Số mạch ADN đơn mang N^{14} vẫn giữ nguyên là: $1570 \cdot 2 = 3140$

$\Rightarrow$ Số này ứng với $100 - 93,75 = 6,25\%$ số vi khuẩn

$\Rightarrow 100\%$ sẽ ứng với số vi khuẩn là: $\frac{3140 \cdot 100}{6,25} = 50240$

Bài 4: Một gen của sinh vật nhân thực có 2998 liên kết photphodiester và 3600 liên kết hidro. Gen tiến hành nhân đôi một số lần và thấy có 14 gen con lần lượt được sinh ra qua các lần nhân đôi. Số Nu mỗi loại môi trường cung cấp cho quá trình trên là bao nhiêu?

Lời giải

- Gen có 2998 liên kết photphodiester

$\Rightarrow$ Số Nu của gen là $2998 + 2 = 3000$

$$\text{Ta có hệ: } \begin{cases} A + G = 1500 \\ 2A + 3G = 3600 \end{cases} \Rightarrow A = 900; G = 600$$

- Gọi k là số lần nhân đôi, ta có: $2 \cdot 2^k - 2 = 14 \Rightarrow k = 3$

$\Rightarrow$ Số Nu mỗi loại môi trường cung cấp là

$$A_{mt} = T_{mt} = 900 \cdot (2^3 - 1) = 6300$$

$$G_{mt} = X_{mt} = 600 \cdot (2^3 - 1) = 4200$$

Bài 5: Một gen dài 0,408 micromet, có $A = 840$. Khi gen phiên mã môi trường nội bào đã cung cấp 4800 Nu tự do. Số liên kết hidro và số bản sao của gen là bao nhiêu?

CHÚ Ý

Bản sao của gen chính là mARN. Tính toán các số liệu của mARN đều xuất phát từ gen.

Lời giải

$$L = 0,408 \text{ micromet} = 4080 \text{ Å}^\circ$$

$$\Rightarrow \frac{N}{2} = \frac{L}{3,4} = \frac{4080}{3,4} = 1200$$

$$\Rightarrow G = 1200 - 840 = 360$$

$$\Rightarrow \text{Số liên kết hidro} = 2A + 3G = 2.840 + 3.360 = 2760$$

Gọi số bản sao của gen là t

$$\text{Ta có: } N_{mt} = \frac{N}{2} \cdot t = 4800 \Leftrightarrow 1200 \cdot t = 4800 \Leftrightarrow t = 4$$

$$\Rightarrow \text{Số bản sao của gen} = 4$$

Bài 6: Hai gen A và B có chiều dài bằng nhau và tổng chiều dài của hai gen là 0,918 micromet. Hai gen này cùng tổng hợp ARN. Trên mỗi đoạn mARN đều có 5 riboxom trượt qua một lượt và tổng số axit amin tự do được môi trường nội bào cung cấp là 17960 axit amin. Tính số lần phiên mã của hai gen. Biết số phân tử protein được dịch mã từ gen A = $\frac{3}{5}$. Số phân tử được dịch mã từ gen B.

Lời giải

$$\text{Chiều dài của mỗi gen} = \frac{9180}{2} = 4590 \text{ Å}^\circ \Rightarrow N_A = N_B = \frac{4590}{3,4} \cdot 2 = 2700$$

Gọi: z là số lần phiên mã của gen A

t là số lần phiên mã của gen B

$\Rightarrow$ Số phân tử protein tạo ra từ gen A là 5z

Số phân tử protein tạo ra từ gen B là 5t

$\Rightarrow$ Số phân tử protein được tạo ra

$$= (\text{Số axit amin môi trường cung cấp}) / (\text{số bộ ba} - 1) = \frac{17960}{\frac{2700}{6} - 1} = 40$$

$$\text{Ta có hệ: } \begin{cases} 5z + 5t = 40 \\ 5z = 3t \end{cases} \Rightarrow z = 3; t = 5$$

$\Rightarrow$ Gen A phiên mã 3 lần, gen B phiên mã 5 lần.

Bài 7: Một gen có 5398 liên kết hóa trị. Số liên kết peptit tối thiểu trong chuỗi polipeptit hoàn chỉnh do gen này tổng hợp là bao nhiêu?

Lời giải

$$\text{Số Nu của gen là: } N = \frac{5398 + 2}{2} = 2700$$

$$\Rightarrow \text{Số bộ ba trên mARN} = \frac{2700}{2,3} = 450$$

$\Rightarrow$ Số liên kết peptit tối thiểu trong chuỗi polipeptit hoàn chỉnh (khi cắt axit amin mở đầu) là: $450 - 3 = 447$

Bài 8: Một gen cấu trúc có vùng mã hóa gồm 7 intron đều bằng nhau và 8 đoạn exon có kích thước bằng nhau và dài gấp 5 lần đoạn intron. mARN trưởng thành mã hóa chuỗi polipeptit gồm 359 axit amin (cả axit amin mở đầu). Tính chiều dài vùng mã hóa của gen.

LƯU Ý

Chỉ có các trình tự exon mới mã hóa cho các axit amin, nghĩa là mARN trưởng thành chỉ gồm các trình tự exon mà không có trình tự intron.

Lời giải

Số Nu của mARN trưởng thành $= (359 + 1) \cdot 3 = 1080$

mARN trưởng thành bao gồm toàn bộ các đoạn exon

$$\Rightarrow \text{Số Nu của một intron} = \frac{1080}{5} = 216$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của intron} = 216 \cdot 7 = 1512$$

$$\Rightarrow \text{Chiều dài vùng mã hóa của gen là: } (1512 + 1080) \cdot 3,4 = 8812,8 \text{ Å}$$

Bài 9: Ở E.Coli, hai gen A và B có tổng chiều dài 0,918 micromet. Phân tử protein hoàn chỉnh do gen A tổng hợp có số axit amin nhiều hơn số axit amin của phân tử protein hoàn chỉnh do gen B tổng hợp là 100 axit amin. Khi hai gen nhân đôi môi trường nội bào cung cấp 28200 Nu tự do để hình thành các gen con. Tính số lần nhân đôi của hai gen.

Lời giải

a) - Gọi N_A là số Nu của gen A, N_B là số Nu của gen B

$$\Rightarrow N_A + N_B = \frac{2 \cdot 9180}{3,4} = 5400 \quad (1)$$

$$\text{Theo bài ra: } \left(\frac{N_A}{6} - 2 \right) - \left(\frac{N_B}{6} - 2 \right) = 100 \Leftrightarrow N_A - N_B = 600 \quad (2)$$

$$\text{Từ (1) và (2)} \Rightarrow N_A = 3000; N_B = 2400$$

- Gọi: x là số lần nhân đôi của gen A

y là số lần nhân đôi của gen B

$$\Rightarrow N_A \cdot (2^x - 1) + N_B \cdot (2^y - 1) = 28200$$

$$\Leftrightarrow 3000 \cdot (2^x - 1) + 2400 \cdot (2^y - 1) = 28200 \Leftrightarrow 5 \cdot 2^x + 4 \cdot 2^y = 56$$

$$\Rightarrow 4 \cdot 2^y = 56 - 5 \cdot 2^x > 0 \Leftrightarrow 2^x < 11,2$$

Thử: $x = 1 \Rightarrow$ loại

$x = 2 \Rightarrow$ loại

$x = 3 \Rightarrow y = 2$

Vậy gen A nhân đôi 3 lần, gen B nhân đôi 2 lần

Bài 10: Một phân tử protein ở sinh vật nhân thực khi tổng hợp đã phải huy động 499 tARN. Các anticodon trong các lượt tARN có 498 U, 3 loại Nu còn lại có số lượng bằng nhau, mã kết thúc trên mARN là UAG

a) Xác định chiều dài của gen cấu trúc. Biết rằng kích thước của các đoạn intron bằng 25% kích thước của các đoạn exon

b) Tính số lượng Nu mỗi loại trên gen cấu trúc. Biết rằng trong các đoạn intron có tỉ lệ A:U:G:X = 2:1:1:1

c) Khi gen nói trên nhân đôi 3 lần, mỗi gen con phiên mã 2 lần. Xác định số lượng Nu mỗi loại cần cung cấp để nhân đôi và số lượng Nu mỗi loại cần cung cấp để phiên mã. Không tính các đoạn ARN mồi.

Lời giải

a) Số lượng Nu của tARN là: $499 \cdot 3 = 1497$

$$\Rightarrow \text{Số Nu 3 loại còn lại do tARN mang đến là: } \frac{1497 - 498}{3} = 333$$

CHÚ Ý

Một cách rất cơ bản, tìm mối liên hệ giữa axit amin và số Nu của gen để thiết lập các phương trình tính toán. Ở bài này hãy chú ý gen của E.Coli là gen không phân mảnh.

LƯU Ý

tARN mang các bộ ba đối mã và chỉ có bộ ba kết thúc là không có tARN đến, do đó, tổng số Nu của các lượt tARN sẽ chỉ kém số Nu trên mARN là 3.

⇒ Số Nu từng loại của tARN là: A = 333; U = 498; G = 333; X = 333

⇒ Số lượng Nu từng loại trên mARN là: A = 498 + 1 = 499; U = 333 + 1 = 334

G = 333 + 1 = 334; X = 333

⇒ Đoạn exon có số lượng Nu là: $499.3 + 3 = 1500$

⇒ Đoạn intron có số lượng Nu là: $1500.0,25 = 375$

⇒ Chiều dài của gen là: $(1500 + 375).3,4 = 6375 \text{ Å}^{\circ}$

b, c) Số lượng Nu mỗi loại trong các đoạn exon là:

$$A = T = 499 + 334 = 833$$

$$G = X = 334 + 333 = 667$$

Số lượng Nu mỗi loại trong intron là:

$$A = T = \frac{375.2}{2+1+1+1} + \frac{375}{2+1+1+1} = 225$$

$$G = X = \frac{375}{2+1+1+1} + \frac{375}{2+1+1+1} = 150$$

⇒ Số Nu mỗi loại trong gen cấu trúc là:

$$A = T = 833 + 225 = 1058$$

$$G = X = 667 + 150 = 817$$

⇒ Số lượng Nu mỗi loại môi trường cung cấp khi gen nhân đôi là:

$$A = T = 1058.(2^3 - 1) = 7406$$

$$G = X = 817.(2^3 - 1) = 5719$$

Số lượng Nu mỗi loại cần cung cấp cho quá trình phiên mã là:

$$r_A = \left(499 + \frac{375.2}{5} \right).2.2^3 = 10384$$

$$r_U = r_G = \left(334 + \frac{375}{5} \right).2.2^3 = 6544$$

$$r_X = \left(333 + \frac{375}{5} \right).2.2^3 = 6528$$

CHÚ Ý

Vận dụng công thức tính số Nu từng loại khi biết tỉ lệ, các bạn dễ dàng giải quyết được ý (b) này. Và hãy nhớ rằng số Nu của gen bằng số Nu của exon và intron cộng lại.

Bài 11: Một gen khi tự nhân đôi tạo thành hai gen con đã hình thành nên 3800 liên kết hidro, trong đó số liên kết hidro giữa các cặp G-X nhiều hơn số liên kết trong các cặp A-T là 1000. Tính chiều dài của gen.

Lời giải

Gọi số liên kết hidro của gen là H, ta có:

$$2.H = 3800 \Rightarrow H = 1900 \Rightarrow 2A + 3G = 1900 \quad (1)$$

$$\text{Lại có: } 2.(3G - 2A) = 1000 \quad (2)$$

$$\text{Từ (1) và (2) } \Rightarrow A = 350; G = 400$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của gen là: } 2.(350 + 400) = 1500$$

$$\Rightarrow \text{Chiều dài của gen là: } L = \frac{1500.3,4}{2} = 2550 \text{ Å}^{\circ}$$

LƯU Ý

Công thức tính số liên kết hidro là dữ kiện luôn tồn tại do đó phải luôn nhớ đến công thức này để thiết lập các phương trình tính toán.

Bài 12: Từ 4 loại đơn phân A, T, G, X tạo ra 64 bộ ba. Xác định

a) Có bao nhiêu bộ ba không chứa A?

b) Có bao nhiêu bộ ba chứa ít nhất 1 A?

CHÚ Ý

Đây là dạng bài tập mà khi nắm vững kiến thức về xác suất tổ hợp thì sẽ giải quyết rất dễ dàng. Luôn nhớ rằng trong 1 bộ ba thì thứ tự của các Nu là có ý nghĩa.

LƯU Ý

Bài này cho ta thấy rõ nhất về thứ tự của các Nu trong bộ ba: ví dụ khi trong bộ ba có 2 U và 1 G thì U có thể nằm ở 3 vị trí trong bộ ba và mỗi vị trí sẽ cho 1 loại bộ ba khác nhau, 2 Nu loại U thì sự hoán đổi vị trí là không có ý nghĩa do đó có C_3^1 loại bộ ba chứa 2 U và 1 G.

CHÚ Ý

NTBS được vận dụng triệt để trong những bài tập dạng này.

Lời giải

a) Bộ ba không chứa A được tạo thành từ 3 loại Nu còn lại.

$$\Rightarrow C_3^3 = 27 \text{ bộ ba không chứa A}$$

b) Số bộ ba chứa ít nhất 1 A = Tổng số bộ ba - Số bộ ba không chứa A = $4^3 - 3^3 = 37$.

Bài 13: Người ta tạo ra một mARN chỉ có hai loại Nu là U và G với tỉ lệ tương ứng là 5:1. Xác định tỉ lệ các bộ ba mã hóa trong mARN?

Lời giải

$$\text{Khả năng U xuất hiện} = \frac{5}{6}$$

$$\text{Khả năng G xuất hiện} = \frac{1}{6}$$

Tỉ lệ xuất hiện các bộ ba mã hóa trên mARN tuân theo quy tắc: $\left(\frac{5}{6}U + \frac{1}{6}G\right)^3$

Vậy ta có:

$$+) \text{ UUU} = \left(\frac{5}{6}\right)^3 = \frac{125}{216}$$

$$+) \text{ Loại 2U + G (UUG, UGU, GUU)} = C_3^1 \cdot \left(\frac{5}{6}\right)^2 \cdot \frac{1}{6} = \frac{75}{216}$$

$$+) \text{ Loại U + 2G (UGG, GUG, GGU)} = C_3^1 \cdot \left(\frac{1}{6}\right)^2 \cdot \frac{5}{6} = \frac{15}{216}$$

$$+) \text{ Loại GGG} = \left(\frac{1}{6}\right)^3 = \frac{1}{216}$$

Bài 14: Trên mạch 1 của gen có tỉ lệ $\frac{A+T}{G+X} = 0,25$. Hỏi tỉ lệ này trên mạch 2 của gen là bao nhiêu?

Lời giải

$$\text{Ta có } A_1 + T_1 = A_2 + T_2; G_1 + X_1 = G_2 + X_2 \Rightarrow \frac{A_2 + T_2}{G_2 + X_2} = \frac{A_1 + T_1}{G_1 + X_1} = 0,25$$

$\Rightarrow$ Đáp án là 0,25.

Bài 15: Người ta chuyển 1 số phân tử ADN của vi khuẩn E.coli chỉ chứa N^{15} sang môi trường chỉ có N^{14} . Tất cả các ADN nói trên đều thực hiện tái bản 5 lần liên tiếp tạo được 512 phân tử ADN. Số phân tử ADN còn chứa N^{15} là bao nhiêu?

Lời giải

$$\text{Gọi số phân tử ADN ban đầu là } x, \text{ ta có: } x \cdot 2^5 = 512 \Rightarrow x = 16$$

Mỗi phân tử ADN có 2 mạch do đó sau khi nhân đôi thì mỗi mạch đơn sẽ đi vào một phân tử ADN con theo nguyên tắc bán bảo toàn. Do đó, các mạch đơn từ các phân tử ban đầu sẽ đi về các ADN con các thế hệ sau.

$$\text{Số mạch đơn chứa } N^{15} \text{ là: } 16 \cdot 2 = 32$$

$\Rightarrow$ Số phân tử ADN còn chứa N^{15} là 32.

Bài 16: Dung dịch có 80% Adênin, còn lại là Uraxin. Với đủ các điều kiện để tạo thành các bộ ba ribonuclêôtit, thì trong dung dịch này có bộ ba mã hoá isoleucin (AUU, AUA) chiếm tỉ lệ bao nhiêu?

LƯU Ý

Ở bài này các bộ ba đưa ra là cụ thể do đó sẽ không tính vào thứ tự Nu nữa.

Lời giải

Ta có $A = 0,8 \Rightarrow U = 0,2$

$\Rightarrow$ Tỷ lệ bộ ba $AUU = 0,8.0,2.0,2 = 0,032$

Tỷ lệ bộ ba $AUA = 0,8.0,2.0,8 = 0,128$

$\Rightarrow$ Tỷ lệ bộ ba mã hóa isoleucine (AUU, AUA) chiếm: $0,032 + 0,128 = 0,16$.

Bài 17: Số liên kết hidro giữa 2 mạch đơn của một phân tử ADN là 8.10^5 , phân tử ADN này có số cặp nucleotit loại G-X nhiều gấp 2 lần số cặp A-T.

a) Xác định số lượng nucleotit từng loại trên phân tử ADN đó.

b) Một đoạn phân tử ADN trên (gen A) tiến hành phiên mã, có số nucleotit loại T và X đều bằng $\frac{1}{200}$ số nucleotit của 2 loại tương ứng trên ADN. Mạch một của gen A có $A = 240$ và $G = 400$. Khi gen này thực hiện phiên mã đã lấy đi của môi trường 1040 U. Tính số nucleotit mỗi loại của mARN phiên mã từ gen trên.

Lời giải

a) Gọi số cặp A-T là $x \Rightarrow$ Số cặp G-X là $2x$

Số liên kết hidro là: $2A + 3G = 2.x + 3.2x = 8.10^5$

$\Rightarrow x = 10^5$ cặp Nu

Số nucleotit từng loại của ADN là: $A = T = 10^5$; $G = X = 2.10^5$

b)

- Số nucleotit từng loại của gen A là:

$$A = T = \frac{1}{200} \cdot 10^5 = 500; G = X = \frac{1}{200} \cdot 2.10^5 = 1000.$$

- Số nucleotit từng loại trên mỗi mạch của gen A là:

$$A_1 = T_2 = 240; T_1 = A_2 = 500 - 240 = 260; G_1 = X_2 = 400; X_1 = G_2 = 1000 - 400 = 600.$$

- Ta thấy rU của môi trường cung cấp là 1040 mà 1040 là bội số của 260 (không phải bội số của 240)

$\Rightarrow$ Mạch 2 là mạch gốc.

- Số Nucleotit từng loại của mARN phiên mã từ gen trên là:

$$rA = T_2 = 240; rU = A_2 = 260; rG = X_2 = 400; rX = G_2 = 600.$$

Bài 18: ADN nhân thực có chiều dài 0,051mm, có 15 đơn vị nhân đôi. Mỗi đoạn okazaki có 1000 nu. Cho rằng chiều dài các đơn vị nhân đôi là bằng nhau, số ARN mỗi cần cho quá trình tái bản là bao nhiêu?

Lời giải

$$\text{Số lượng Nu của ADN} = \frac{(0,051.10^7.2)}{3,4} = 300000.$$

$$\Rightarrow \text{Số lượng Nu của 1 đơn vị nhân đôi} = \frac{300000}{15} = 20000.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của 1 mạch} = \frac{20000}{2} = 10000.$$

$$\Rightarrow \text{Số đoạn Okazaki trong 1 đơn vị nhân đôi} = \frac{10000}{1000} = 10.$$

$$\Rightarrow \text{Số đoạn mỗi ARN cần cho 1 đơn vị nhân đôi} = 10 + 2 = 12.$$

$$\Rightarrow \text{Số đoạn mỗi ARN cần cho quá trình tái bản} = 12.15 = 180.$$

CHÚ Ý

Vận dụng NTBS từ mARN $\Leftrightarrow$ mạch gốc của gen trong các bài tập liên quan đến phiên mã.

LƯU Ý

Đây là dạng bài có thể tham khảo thêm về quá trình nhân đôi ADN.

Bài 19: Trình tự nhận biết của enzyme giới hạn Aval là XYXGRG, trong đó Y là một pyrimidine còn R là một purin. Khoảng cách mong đợi (tính theo cặp bazơ nito) giữa hai điểm cắt của Aval trong một chuỗi ADN dài, có trình tự ngẫu nhiên là bao nhiêu?

Lời giải

Ta thấy rằng Y là pyrimindin nên có thể là T hoặc X còn R là purin nên có thể là A hoặc G.

Cách 1:

Ta có xác suất để bắt gặp 1 bazơ loại X = xác suất bắt gặp 1 bazơ loại G = $\frac{1}{4}$.

Xác suất bắt 1 pyrimidin = xác suất bắt gặp 1 purin = $\frac{1}{2}$.

⇒ Xác suất để bắt gặp trình tự trên = (xác suất bắt gặp 2 X).(xác suất bắt gặp 2 G).(xác suất bắt gặp 1 pyrimidin).(xác suất bắt gặp 1 purin)

$$= \left(\frac{1}{4}\right)^2 \cdot \left(\frac{1}{4}\right)^2 \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \frac{1}{1024}$$

Như vậy, cứ 1024 cặp bazơ ta lại có 1 trình tự như trên.

Cách 2:

Ta thấy rằng trong 6 vị trí thì có 4 vị trí đã xác định, chỉ còn 2 vị trí là Y và R, trong đó mỗi vị trí có 2 cách chọn.

⇒ Số cách chọn có thể có cho đoạn trình tự trên = $2 \cdot 2 = 4$.

Với 1 đoạn trình tự bất kì có 6 vị trí thì ở mỗi vị trí ta có 4 cách chọn (A, T, G, X)

⇒ Tổng số cách chọn cho 1 đoạn trình tự có 6 Nu = 4^6 .

⇒ Xác suất để bắt gặp đoạn trình tự trên = $\frac{4}{4^6} = \frac{1}{1024}$.

Như vậy, cứ 1024 cặp bazơ ta lại có 1 trình tự như trên.

Bài 20: Một gen có chứa 5 đoạn intron, trong các đoạn exon chỉ có 1 đoạn mang bộ ba AUG và 1 đoạn mang bộ ba kết thúc. Sau quá trình phiên mã từ gen trên, phân tử mARN trải qua quá trình biến đổi, cắt bỏ intron, nối các đoạn exon lại để trở thành mARN trưởng thành. Biết rằng các đoạn exon được lắp ráp lại theo các thứ tự khác nhau sẽ tạo nên các phân tử mARN khác nhau. Tính theo lý thuyết, tối đa có bao nhiêu chuỗi polypeptit khác nhau được tạo ra từ gen trên?

Lời giải

Đoạn exon mang bộ ba AUG là đoạn exon cố định đầu vùng mã hóa còn đoạn exon mang bộ ba kết thúc là đoạn exon cố định cuối vùng mã hóa. Khi đó, sự cắt intron và nối các đoạn exon diễn ra thì sự hoán đổi vị trí các đoạn exon chỉ xảy ra giữa các đoạn exon ở giữa.

Gen có 5 đoạn intron ⇒ Số đoạn exon = $5 + 1 = 6$.

⇒ Có 4 đoạn exon có thể hoán đổi vị trí.

⇒ Số loại mARN trưởng thành có thể được tạo ra tối đa = $4! = 24$.

⇒ Số loại chuỗi polypeptit khác nhau được tạo ra từ gen trên là 24.

III. Câu hỏi trắc nghiệm

Câu 1: Người ta tổng hợp nhân tạo đoạn polipeptit gồm 6 axit amin từ các loại axit amin tự nhiên. Hỏi có tối đa bao nhiêu đoạn polipeptit khác nhau có thể được tổng hợp?

- A. 38760 B. $64 \cdot 10^6$ C. 1860480 D. 120

Câu 2: Theo dõi quá trình nhân đôi của một ADN người ta thấy có 80 đoạn Okazaki, 90 đoạn mồi. Hãy xác định ADN trên không phải của loài nào dưới đây?

- A. Người B. Ruồi giấm
C. Vi khuẩn E.coli D. Trùng roi

Câu 3: Người ta tạo ra một mARN chỉ có hai loại là U và A với tỉ lệ tương ứng là 5:1. Tỉ lệ các bộ ba mã hóa trong mARN nói trên là:

- A. $\frac{125}{216}$ B. $\frac{215}{216}$ C. $\frac{200}{216}$ D. $\frac{211}{216}$

Câu 4: Phân tử protein hoàn chỉnh do gen tổng hợp có 298 axit amin. Hỏi tổng chiều dài hai mạch của gen là bao nhiêu?

- A. 5100 A° B. 10200 A° C. 6120 A° D. 3060 A°

Câu 5: Một gen có 120 chu kì xoắn liên tiếp. Biết số Nu loại A bằng 2 lần số Nu loại G. Số liên kết hidro và khối lượng của gen là?

- A. 2800 H và $72 \cdot 10^4$ đvC B. 3200 H và $72 \cdot 10^4$ đvC
C. 2800 H và $36 \cdot 10^4$ đvC D. 3200 H và $36 \cdot 10^4$ đvC

Câu 6: Một gen có 600 cặp Nu, số liên kết photphodiester có trong gen này là:

- A. 2398 liên kết B. 1198 liên kết
C. 599 liên kết D. 598 liên kết

Câu 7: Cặp gen Bb tồn tại trên NST thường và mỗi gen đều có chiều dài 4080 A°, alen B có tỉ lệ $\frac{A}{G} = \frac{9}{7}$, alen b có

tỉ lệ $\frac{A}{G} = \frac{13}{3}$. Cơ thể mang cặp gen Bb giảm phân rối loạn

phân bào I tạo giao tử có cả hai alen của cặp. Số Nu mỗi loại về gen này trong giao tử là:

- A. A = T = 675; G = X = 525
B. A = T = 2325; G = X = 1275
C. A = T = 975; G = X = 225
D. A = T = 1650; G = X = 750

Câu 8: Một đoạn ADN được cấu tạo từ 4 loại Nu A, T, G, X. Số bộ ba chứa ít nhất 2 Nu loại A có thể có là?

- A. 27 B. 37 C. 10 D. 9

Câu 9: Một gen khi tự nhân đôi 3 lần tạo thành 8 gen con và đã hình thành nên 15200 liên kết hidro, trong đó số liên kết hidro giữa các cặp G-X nhiều hơn số liên kết hidro trong các cặp A-T là 4000. Chiều dài của gen là:

- A. 2550 A° B. 3000 A° C. 5100 A° D. 2250 A°

Câu 10: Có 8 phân tử ADN tự nhân đôi một số lần bằng nhau và đã tổng hợp được 48 mạch polinucleotit ở các ADN con mới lấy nguyên liệu hoàn toàn từ môi trường nội bào. Mỗi ADN ban đầu đã nhân đôi bao nhiêu lần?

- A. 5 lần B. 4 lần C. 3 lần D. 2 lần

Câu 11: Nghiên cứu một phân tử mARN trong tế bào chất của người đang tổng hợp protein có 1200 Nu. Gen phiên mã ra mARN có chiều dài là?

- A. 4080 A°
C. 5100 A°

- B. Lớn hơn 4080 A°
D. Nhỏ hơn 4080 A°

Câu 12: Một phân tử mARN có thành phần cấu tạo gồm hai loại Nu là A và U đang tham gia dịch mã. Theo lí thuyết, trong môi trường nội bào có tối đa bao nhiêu loại tARN trực tiếp tham gia vào quá trình dịch mã dựa trên thông tin di truyền của phân tử mARN nói trên. Biết rằng mỗi loại bộ ba trên mARN ứng với một bộ ba đối mã trên tARN?

- A. 4 B. 16 C. 8 D. 7

Câu 13: Gen B dài 3060 A° và có 2200 liên kết Hidro. Gen B bị đột biến thành gen b chỉ mã hóa được chuỗi polipeptit hoàn chỉnh gồm 297 axit amin. Khi giải mã một mARN sao từ gen b đã có 5 riboxom tham gia, nếu mARN chỉ qua mỗi riboxom một lần thì môi trường đã cung cấp bao nhiêu axit amin

- A. 1490 B. 1485 C. 1495 D. 1500

Câu 14: Cho biết trên một đoạn mạch bổ sung của đoạn mã hóa trong ADN của vi khuẩn có trình tự

5'...GTXTAXTGTXATAX...3'

Biết các bộ ba mã hóa:

XUG: **Leu**; GUX, GUU: **Val**; UXA: **Ser**; XAU: **His**;

AUA: **Ile**; UAX: **Tyr**; AAX: **Asn**; UGU: **Cys**; AXU: **Thr**.

Nếu đột biến làm mất Nu thứ 5 trên mạch bổ sung (5' → 3') thì cấu trúc của chuỗi polipeptit tương ứng là:

- A. NH₂...His-Cys-Asp-Val...COOH
B. NH₂...Val-Cys-Asp-His...COOH
C. NH₂...Val-Asn-Cys-His...COOH
D. COOH...Val-Asn-Cys-His...NH₂

Câu 15: Một mARN ở vi khuẩn có A = 28%; X = 12%; G = 48%, vùng mã hóa của mạch mã gốc của gen tương ứng có lượng G=108. Số lượng từng loại Nu trong các bộ ba đối mã sẽ tham gia dịch mã. Biết bộ ba kết thúc trên mARN là UAG

- A. U = 251; A = 107; X = 431; G = 108
B. A = 251; U = 107; G = 312; X = 215
C. A = 421; U = 251; G = 215; X = 108
D. A = 251; U = 107; G = 416; X = 107

Câu 16: Một phân tử mARN có trình tự Nu như sau

5' AUGUAAXXGXGAUUU...3'

Mạch bổ sung của gen mã hóa ra phân tử mARN trên có trình tự là:

- A. 5' ATGTAAXXGXGATTT...3'
B. 5' UAXAUUGGXGXTTTT...3'
C. 5' TAXATTGGXGXTAAA...3'
D. 5' UAXAUUGGXGXUAAA...3'

Câu 17: Một gen có 900 Nu và có tỉ lệ các loại Nu bằng nhau. Số liên kết hidro của gen là?

- A. 1789 B. 2250 C. 3060 D. 1125

Câu 18: Một gen của sinh vật nhân sơ có G chiếm 20% tổng số Nu của gen. Trên một mạch của gen này có 150 A và 120 T. Số liên kết hidro của gen này là:

- A. 1120 B. 1080 C. 990 D. 1020

Câu 19: Một gen có chiều dài 510 nm và trên mạch một

của gen có $A + T = 600$ Nu. Số Nu mỗi loại của gen trên là:

- A. $A = T = 300$; $G = X = 1200$
- B. $A = T = 1200$; $G = X = 300$
- C. $A = T = 900$; $G = X = 600$
- D. $A = T = 600$; $G = X = 900$

Câu 20: Axit amin Cys được mã hóa bằng hai loại bộ ba, axit amin Ala và Val đều được mã hóa bằng bốn loại bộ ba. Có bao nhiêu cách mã hóa cho một đoạn peptit có 5 axit amin gồm 2 Cys, 2 Ala và 1 Val?

- A. 7680 B. 960 C. 256 D. 3840

Câu 21: Phân tử ADN của một vi khuẩn chỉ chứa N^{14} nếu chuyển sang môi trường nuôi cấy mới chỉ chứa N^{15} thì sau 10 lần phân đôi liên tiếp có tối đa bao nhiêu vi khuẩn con có chứa N^{15} ?

- A. 1023 B. 2046 C. 1024 D. 1022

Câu 22: Một phân tử ADN ở vi khuẩn sau quá trình phiên mã có 15% A, 20% G, 30% U, 35% X. Hãy cho biết trên đoạn phân tử ADN sợi kép mã hóa phân tử ARN này có thành phần như thế nào?

- A. 15% T; 20% X; 30% A; 35% G
- B. 15% G; 30% X; 20% A; 35% T
- C. 17,5% G; 17,5% X; 32,5% A; 32,5% T
- D. 22,5% T; 22,5% A; 27,5% G; 27,5% X

Câu 23: Số mạch đơn ban đầu của một phân tử ADN chiếm 6,25% số mạch đơn có trong tổng số các phân tử ADN con được tái bản từ ADN ban đầu. Trong quá trình tái bản môi trường đã cung cấp nguyên liệu tương đương với 104160 Nu. Phân tử ADN này có chiều dài là:

- A. 11067 A° B. 11804,8 A°
- C. 5712 A° D. 25296 A°

Câu 24: Một phân tử mARN có chiều dài 2040 A° được tách ra từ vi khuẩn E.coli có tỉ lệ các loại Nu A, G, U và X lần lượt là 20%, 15%, 40% và 25%. Người ta sử dụng phân tử mARN này làm khuôn để tổng hợp nhân tạo một đoạn ADN có chiều dài bằng chiều dài phân tử mARN. Tính theo lí thuyết, số lượng Nu mỗi loại cần phải cung cấp cho quá trình tổng hợp một đoạn ADN trên là:

- A. $G = X = 320$; $A = T = 280$
- B. $G = X = 240$; $A = T = 360$
- C. $G = X = 360$; $A = T = 240$
- D. $G = X = 280$; $A = T = 320$

Câu 25: Người ta phải sử dụng một chuỗi poliNu có tỉ lệ $\frac{T+X}{A+G} = 0,25$ làm khuôn để tổng hợp nhân tạo một chuỗi poliNu bổ sung có chiều dài bằng chiều dài của chuỗi khuôn đó. Tính theo lí thuyết, tỉ lệ các loại Nu tự do cần cung cấp cho quá trình tổng hợp này là:

- A. $A + G = 75\%$; $T + X = 25\%$
- B. $A + G = 25\%$; $T + X = 75\%$
- C. $A + G = 20\%$; $T + X = 80\%$
- D. $A + G = 80\%$; $T + X = 20\%$

Câu 26: Một phân tử ADN có cấu trúc xoắn kép. Giả sử phân tử ADN này có tỉ lệ $\frac{A+T}{G+X} = \frac{1}{4}$ thì tỉ lệ Nu loại G của

phân tử ADN này là:

- A. 10% B. 20% C. 25% D. 40%

Câu 27: Một gen ở sinh vật nhân có 3900 liên kết hiđro và có 900 Nu loại G. Mạch một của gen có số Nu loại A chiếm 30% và số Nu loại G chiếm 10% tổng số Nu của mạch. Số Nu mỗi loại ở mạch một của gen này là:

- A. $A = 450$; $T = 150$; $G = 150$; $X = 750$
- B. $A = 750$; $T = 150$; $G = 150$; $X = 150$
- C. $A = 450$; $T = 150$; $G = 750$; $X = 150$
- D. $A = 150$; $T = 450$; $G = 750$; $X = 150$

Câu 28: Phân tử ADN của E.coli có khối lượng là $4,5 \cdot 10^5$ đvC và có hiệu số Nu loại A với một loại Nu không bổ sung với nó bằng 10% tổng số Nu. Số Nu loại A và G, số liên kết hóa trị Đ-P của phân tử ADN này là?

- A. $A = 450$; $G = 300$; liên kết hóa trị = 1498
- B. $A = 300$; $G = 450$; liên kết hóa trị = 2998
- C. $A = 450$; $G = 300$; liên kết hóa trị = 3000
- D. $A = 300$; $G = 450$; liên kết hóa trị = 1500

Câu 29: Một gen của sinh vật nhân thực trong các đoạn intron có số Nu loại A = 450 và số Nu loại T chiếm 45% tổng số Nu loại T của gen. Trong gen có tỉ lệ $\frac{G+X}{A+T} = 0,9$;

55,11% số Nu loại G nằm trong các intron của gen. Hỏi chuỗi polipeptit do gen này tổng hợp hoàn chỉnh có tối thiểu bao nhiêu axit amin?

- A. 318 B. 316 C. 158 D. 156

Câu 30: Một chuỗi polipeptit hoàn chỉnh có 256 liên kết peptit, kích thước các đoạn exon bằng 0,75 các đoạn intron. Gen quy định chuỗi polipeptit này dài bao nhiêu?

- A. 3522,4 A° B. 3508,8 A°
- C. 6164,2 A° D. 3508 A°

Câu 31: Một ADN khi tái bản thấy xuất hiện 146 đoạn mồi và thấy có 5 enzym nhận biết điểm khởi đầu tái bản. Số đoạn Okazaki và số lượt enzym ligaza lần lượt là:

- A. 146 và 136 B. 136 và 146
- C. 144 và 136 D. 136 và 144

Câu 32: Một gen có chiều dài 4080 A° và có 3300 liên kết hiđro. Gen trên phiên mã 5 lần liên tiếp tạo ra 5 mARN. Hỏi môi trường nội bào đã cung cấp bao nhiêu Nu cho quá trình này?

- A. 6000 B. 12000 C. 3000 D. 9000

Câu 33: Hai gen A và B có tổng chiều dài 0,714 micromet. Chuỗi polipeptit hoàn chỉnh do gen A tổng hợp nhiều hơn chuỗi polipeptit do gen B tổng hợp là 100 axit amin. Khi hai gen nhân đôi môi trường đã cung cấp 22200 Nu tự do để hình thành các gen con. Số lần nhân đôi của hai gen A và B lần lượt là:

- A. 2 và 3 B. 3 và 2 C. 3 và 4 D. 4 và 2

Câu 34: Một gen có 900 cặp Nu. Gen có bao nhiêu liên kết photphodiester?

- A. 1798 B. 3598 C. 1800 D. 3600

Câu 35: Trên mạch mã gốc của một gen có 3 loại Nu là A, X, T. Hỏi số bộ ba mã hóa có thể có là bao nhiêu

- A. 27 B. 9 C. 24 D. 12

Câu 36: Một gen có chiều dài 0,51 micromet. Hỏi trong quá trình dịch mã có bao nhiêu phân tử nước được giải

phóng?

- A. 499 B. 497 C. 498 D. 500

Câu 37: Số liên kết hidro giữa hai mạch đơn của một phân tử ADN bằng 8.10^5 , phân tử ADN này có số cặp Nu loại G-X nhiều hơn gấp 2 lần số cặp A-T. Số lượng Nu từng loại của phân tử ADN này là:

- A. $A = T = 2.10^5$; $G = X = 10^5$
 B. $A = T = 3.10^5$; $G = X = 2.10^5$
 C. $A = T = 10^5$; $G = X = 2.10^5$
 D. $A = T = 20.10^4$; $G = X = 4.10^5$

Câu 38: Một phân tử ARN tổng hợp nhân tạo chứa 60% U và 40% A. Xác suất bộ ba kết thúc chiếm bao nhiêu

- A. 28,8% B. 21,6% C. 6,4% D. 9,6%

Câu 39: Xét hai gen A và B: tổng số Nu của hai gen là 5400 Nu, gen A nhiều hơn gen B là 600 Nu; tổng số liên kết hidro của hai gen là 6900 và gen A nhiều hơn gen B là 300 liên kết hidro. Cả hai gen trên đều tiến hành phiên mã. Ở gen A người ta thấy có 3 lượt enzym ARN polimeraza, ở gen B người ta thấy có 4 lượt enzym ARN polimeraza. Số Nu môi trường nội bào cung cấp cho cả hai gen trong quá trình phiên mã trên là?

- A. 9300 B. 24300 C. 24000 D. 8900

Câu 40: Một gen của sinh vật nhân thực có 5 đơn vị tái bản. Trên mỗi chạc tái bản của một đơn vị nhân đôi có 30 đoạn Okazaki. Nếu gen trên nhân đôi 3 lần cần bao nhiêu đoạn mồi?

- A. 2710 B. 2170 C. 1120 D. 1860

Câu 41: Xét một gen của sinh vật nhân thực, trên mạch một của gen có số Nu loại X=360; hiệu số Nu loại X với số Nu loại A bằng 15% số Nu của mạch; hiệu số Nu loại T và số Nu loại A bằng 20% số Nu của mạch. Trên mạch hai của gen có hiệu số Nu loại X với số Nu loại T bằng 5% tổng số Nu của mạch. Số Nu của gen là:

- A. 1200 B. 2400 C. 1800 D. 3600

Câu 42: Ở sinh vật nhân sơ xét một gen phiên mã liên tiếp 3 lần và môi trường nội bào đã cung cấp 4455 Nu. Có 5 riboxom tham gia vào quá trình dịch và đã đều trượt trên mỗi mARN một lần không lặp lại. Tổng số lượt tARN tham gia vào quá trình dịch mã trên là:

- A. 7425 B. 2470 C. 7410 D. 2475

Câu 43: Xét một gen của sinh vật nhân sơ có khối lượng là 9.10^5 đvC. Mạch gốc của gen của gen có tỉ lệ các loại Nu tương ứng như sau $A:T:G:X = 1:3:5:6$. Nếu có một riboxom tham gia dịch mã thì số Nu mỗi loại trong các lượt tARN là bao nhiêu? (biết bộ ba kết thúc là UAG)

- A. $A = 299$; $U = 100$; $G = 500$; $X = 599$
 B. $A = 99$; $U = 300$; $G = 599$; $X = 500$
 C. $A = 99$; $U = 299$; $G = 500$; $X = 600$
 D. $A = 99$; $U = 299$; $G = 500$; $X = 599$

Câu 44: Xét một gen ở E.coli nhân đôi 3 lần liên tiếp và đã được môi trường cung cấp 16800 Nu. Các gen con đều tham gia phiên mã và mỗi mARN đều được 3 riboxom trượt một lần. Tổng số axit amin môi trường cung cấp cho quá trình dịch mã trên là bao nhiêu?

- A. 9576 B. 3192 C. 9600 D. 3200

Câu 45: Trong quá trình dịch mã với sự tham gia của 3 riboxom người ta thấy đã có tất cả 2988 phân tử nước được hình thành. Biết rằng mỗi riboxom trượt trên các phân tử mARN một lần và số axit amin trong mỗi chuỗi polipeptit hoàn chỉnh thuộc từ 350-950. Các chuỗi polipeptit được tổng hợp từ một gen ban đầu. Số Nu môi trường cung cấp cho quá trình phiên mã của gen là:

- A. 2994 B. 3000 C. 1500 D. 1497

Câu 46: Xét một gen phân mảnh có 7 đoạn intron. Số loại mARN trưởng thành tối đa có thể tạo là bao nhiêu?

- A. 5040 B. 40320 C. 720 D. 120

Câu 47: Trên mạch 1 của gen có tỉ lệ $(A+G)/(T+X)=0,25$. Tỉ lệ này trên mạch 2 của gen là:

- A. 0,5 B. 0,25 C. 2 D. 4

Câu 48: Hỗn hợp U và X với tỉ lệ $U:X=5:1$. Xác suất tạo ra loại bộ ba chứa 2U và 1X là:

- A. $\frac{25}{216}$ B. $\frac{75}{216}$ C. $\frac{125}{216}$ D. $\frac{141}{216}$

Câu 49: Một phân tử mARN có tỉ lệ các loại Nucleotit lần lượt là $A:U:G:X=1:3:2:4$. Tính theo lí thuyết, tỉ lệ bộ ba chứa 2A chiếm:

- A. $\frac{1}{1000}$ B. $\frac{3}{1000}$ C. $\frac{3}{64}$ D. $\frac{27}{1000}$

Câu 50: Một đoạn mạch gốc của gen chỉ có 2 loại nucleotit là A và G với tỉ lệ $\frac{A}{G}=4$. Để có đủ các loại mã di truyền

thì đoạn mạch đó ít nhất phải có bao nhiêu nucleotit?

- A. 60 B. 72 C. 90 D. 120

Câu 51: Một gen có tổng số 2128 liên kết hidro. Trên mạch 1 của gen có số nuclêôtit loại A bằng số nucleotit loại T; số nucleotit loại G gấp 2 lần số nucleotit loại A; số nucleotit loại X gấp 3 lần số nucleotit loại T. Số nucleotit loại A của gen là:

- A. 112. B. 448. C. 224. D. 336.

Câu 52: Nuôi 6 vi khuẩn (mỗi vi khuẩn chỉ chứa một ADN và ADN được cấu tạo các Nu có N^{15}) vào môi trường nuôi chỉ có N^{14} sau một thời gian nuôi cấy người ta thu lấy toàn bộ các vi khuẩn, phá màng tế bào của chúng và thu lấy các phân tử ADN (quá trình phá màng tế bào không làm đứt gãy các phân tử ADN) trong các phân tử ADN này, loại ADN có N^{15} chiếm tỉ lệ 6,25%. Số lượng vi khuẩn đã bị phá màng tế bào là:

- A. 96 B. 16 C. 32 D. 192

Câu 53: Bạn nhận được một phân tử axit nucleic mà bạn nghĩ là mạch đơn ADN. Nhưng bạn không chắc. Bạn phân tích thành phần nucleotit của phân tử đó. Thành phần nucleotit nào sau đây khẳng định dự đoán của bạn chắc chắn là đúng?

- A. Adenin 38% - Xitozin 12% - Guanin 12% - Timin 38%
 B. Adenin 22% - Xitozin 32% - Guanin 17% - Uraxin 29%
 C. Adenin 22% - Xitozin 32% - Guanin 17% - Timin 29%
 D. Adenin 38% - Xitozin 12% - Guanin 12% - Uraxin 38%

Câu 54: Trong một quá trình, người ta nuôi một tế bào vi khuẩn E.coli trong môi trường chứa đồng vị N^{14} . Sau một thế hệ người ta chuyển sang môi trường nuôi cấy có chứa đồng vị N^{15} để cho mỗi tế bào nhân đôi 2 lần. Sau đó lại chuyển các tế bào đã được tạo ra sang nuôi cấy trong môi trường có đồng vị N^{14} . Sau một thời gian quan sát thấy có 12 tế bào chứa cả N^{14} và N^{15} . Tổng số tế bào tại thời điểm đầu tiên mà số tế bào chứa cả N^{14} và N^{15} là 12 bằng bao nhiêu?

- A. 12 B. 14 C. 16 D. 32

Câu 55: Một gen ở sinh vật nhân thực có 3900 liên kết hiđro và có 900 nuclêôtit loại guanin. Mạch 1 của gen có số nucleotit loại adenin chiếm 30% và số nucleotit loại guanin chiếm 10% tổng số nucleotit của mạch. Số nucleotit mỗi loại ở mạch 1 của gen này là:

- A. A = 450; T = 150; G = 750; X = 150
B. A = 750; T = 150; G = 150; X = 150
C. A = 150; T = 450; G = 750; X = 150
D. A = 450; T = 150; G = 150; X = 750

Câu 56: Một gen có tổng số 2128 liên kết hiđro. Trên mạch một của gen có số nucleotit loại A bằng số nucleotit loại T; số nucleotit loại G gấp 2 lần số nucleotit loại A; số nucleotit loại X gấp 3 lần số nucleotit loại T. Số nucleotit loại A của gen là

- A. 448. B. 224. C. 112. D. 336

Câu 57: Cho 1 gen phân mảnh ở tế bào nhân thực có 15 đoạn intron và exon, các exon dài bằng nhau và bằng 204 angstrom, các intron dài bằng nhau và bằng 102 angstrom. Kết luận nào đúng:

- A. Trên mạch gốc, nếu thay thế triplet thứ 51 bằng 3'ATT5' thì đoạn gen quy định prôtêin được tổng hợp dài 147 angstrom
B. Trên mạch gốc, nếu trình tự triplet thứ 82 là 3'AXX5' thì đột biến thay cặp ở bộ 3 này sẽ dẫn đến thay đổi thành phần prôtêin được tổng hợp.
C. Trên mạch gốc, nếu có 1 đột biến làm xuất hiện bộ 3 kết thúc ở triplet thứ 117 thì chuỗi polypeptit hoàn chỉnh được tổng hợp chứa 158 axit amin
D. Gen trên có thể mang thông tin tổng hợp 40320 chuỗi polypeptit khác nhau.

Câu 58: Một phân tử ADN có chiều dài 0,408 micromet, trong đó có tích % giữa nuclêôtit loại A với một loại khác là 4% và số nuclêôtit loại A lớn hơn loại G. Số nuclêôtit từng loại của phân tử ADN này là:

- A. A = T = 1192; G = X = 8.
B. A = T = 960; G = X = 240.
C. A = T = 720; G = X = 480.
D. A = T = 1152; G = X = 48.

Câu 59: Một đoạn mạch gốc của gen chỉ có 2 loại nu A và G với tỉ lệ A/G = 4. Để có được 7 loại mã di truyền khác nhau thì đoạn mạch đó có số liên kết H ít nhất là:

- A. 65 B. 78 C. 99 D. 117

Câu 60: Người ta tổng hợp nhân tạo một phân tử mARN với bộ ba mở đầu là 5'AUG 3' và bộ ba kết thúc là 5' UAG 3'. Số lượng nuclêôtit từng loại của phân tử mARN trên là: A = 155; G = 135; X = 160; U = 150. Khi một ribôxôm trượt qua phân tử mARN trên một lần thì số lượng

nuclêôtit từng loại trên các bộ ba đối mã của các phân tử tARN tham gia dịch mã là

- A. A = 149, G = 160, X = 134, U = 154.
B. A = 149, G = 160, X = 154, U = 134.
C. A = 155, G = 135, X = 160, U = 150.
D. A = 150, G = 160, X = 135, U = 155.

Câu 61: Người ta chuyển một số phân tử ADN của vi khuẩn E.coli chỉ chứa N^{15} sang môi trường chỉ có N^{14} . Tất cả các ADN nói trên đều thực hiện tái bản 5 lần liên tiếp tạo được 480 phân tử ADN chỉ chứa N^{14} . Số phân tử ADN ban đầu là:

- A. 32. B. 16. C. 64. D. 5.

Câu 62: Một phân tử ADN khi thực hiện tái bản 1 lần có 100 đoạn Okazaki và 120 đoạn mồi, biết kích thước của các đơn vị tái bản đều bằng 0,408 μ m. Môi trường nội bào cung cấp tổng số nucleotit cho phân tử ADN trên tái bản 4 lần là:

- A. 180000 B. 36000 C. 720000 D. 360000

Câu 63: Giả sử có một dạng sống mà axit nucleic của nó chỉ có một mạch đơn và gồm 3 loại nucleotit (A, U, X). Số bộ ba chứa ít nhất một nucleotit loại X là:

- A. 18 B. 19 C. 8 D. 16

Câu 64: Một đoạn của gen cấu trúc có trật tự nucleotit trên mạch gốc như sau:

3'TAX – AAG – GAG – AAT – GTT- TTA – XXT – XGG- GXG – GXX – GAA – ATT 5'

Nếu đột biến thay thế nuclêôtit thứ 19 là X thay bằng A, thì số axit amin được dịch mã từ gen đột biến là:

- A. 7 aa. B. 6 aa. C. 4 aa. D. 5 aa.

Câu 65: Một gen mạch kép thẳng của sinh vật nhân sơ có chiều dài 4080 Å. Trên mạch 1 của gen có $A_1 = 260$ Nu, $T_1 = 220$ Nu. Gen này thực hiện tự sao một số lần sau khi kết thúc đã tạo ra tất cả 64 chuỗi polinucleotit. Số Nu từng loại mà môi trường nội bào cung cấp cho quá trình tái bản của gen nói trên là:

- A. A = T = 30240; G = X = 45360
B. A = T = 29760; G = X = 44640
C. A = T = 14880; G = X = 22320
D. A = T = 16380; G = X = 13860

Câu 66: Xét 1 gen của vi khuẩn có 1000 liên kết photphodiester và có 1202 liên kết hiđro. Gen trên thực hiện nhân đôi 3 lần liên tiếp. Biết rằng không có đột biến xảy ra. Số nucleotit từng loại môi trường cung cấp cho quá trình trên là:

- A. A = T = 2086; G = X = 1414.
B. A = T = 1400; G = X = 2107.
C. A = T = 2107; G = X = 1400.
D. A = T = 1414; G = X = 2086.

Câu 67: Một gen dài 425 nm và có tổng số Nu loại A và T chiếm 40% tổng số Nu của gen. Mạch 1 của gen có 220 số Nu loại T và số Nu loại X chiếm 20% số Nu của mạch. Theo lí thuyết, có bao nhiêu phát biểu sau đây đúng?

- (1) Mạch 1 của gen có $G/X = 2/3$.
(2) Mạch 2 của gen có $(A+X)/(T+G) = 53/72$.
(3) Mạch 2 của gen có $G/T = 25/28$.

(4) Mạch 2 của gen có 20% số Nu loại X.

A. 1. B. 2. C. 3. D. 4.

Câu 68: Một gen ở sinh vật nhân sơ có 1500 cặp Nu và số Nu loại A chiếm 15% tổng số Nu của gen. Mạch 1 của gen có 150 số Nu loại T và số Nu loại G chiếm 30% tổng số Nu của mạch. Có bao nhiêu phát biểu sau đây đúng?

- (1) Mạch 1 của gen có $G/X = 3/4$.
- (2) Mạch 1 của gen có $(A + G) = (T + X)$.
- (3) Mạch 2 của gen có $T = 2A$.
- (4) Mạch 2 của gen có $(A + X)/(T + G) = 2/3$.

A. 1. B. 2. C. 3. D. 4.

Câu 69: Phân tử mARN của sinh vật nhân sơ có số lượng từng loại nucleotit như sau: 150 xitôzin, 300 uraxin, 450 Adênin và guanin chiếm 40%. Số lượng từng loại nucleotit trong vùng mã hóa của gen mã hóa cho phân tử mARN nói trên là:

- A. A = T = 750; G = X = 900
 B. A = T = 750; G = X = 750
 C. A = T = 600; G = X = 750
 D. A = T = 750; G = X = 600

Câu 70: Một gen nhân đôi liên tiếp nhiều lần trong môi trường chứa toàn bộ các nucleotit tự do có đánh dấu. Các gen con được hình thành cuối quá trình có 14 mạch đơn chứa các nucleotit được đánh dấu và hai mạch chứa các nucleotit bình thường không đánh dấu. Mạch đơn thứ nhất chứa các nucleotit không đánh dấu có T = 480; và X = 240. Mạch đơn thứ hai chứa các nu không đánh dấu có T = 360 và X = 120. Cho các phát biểu sau:

1. Số lần nhân đôi của gen là 4 lần.
2. Số liên kết hidro bị phá vỡ qua 3 lần nhân đôi là 38640 liên kết.
3. Số liên kết hóa trị trong gen ban đầu là 4798 liên kết.
4. Số nucleotit mỗi loại ban đầu lúc chưa nhân đôi là A = T = 840; G = X = 360.

Những phát biểu nào **đúng**?

A. 1, 2 B. 2, 3 C. 3, 4 D. 1, 4

Câu 71: Alen B có 2100 liên kết hidro, số Nuclêôtit loại G là 200 Nuclêôtit. Alen B bị đột biến thành alen b có chiều dài 272 nm và có số liên kết hidro tăng thêm 1. Có bao nhiêu nhận xét đúng dưới đây:

- (1) Alen đột biến b dài hơn alen
- (2) Là loại đột biến thay thế 1 cặp A-T bằng 1 cặp G-X
- (3) Số Nuclêôtit loại G của gen b là 501
- (4) Tỷ lệ A/G của alen b là $\frac{5}{3}$

A. 4 B. 2 C. 3 D. 1

Câu 72: Một gen ở tế bào nhân sơ có 2400 nucleotit. Trên mạch 1 của gen, hiệu số tỉ lệ % giữa A với T bằng 20% số nucleotit của mạch. Trên mạch 2 có số nucleotit loại A chiếm 15% số nucleotit của mạch và bằng $\frac{1}{2}$ số nucleotit của G. Khi gen phiên mã 1 số lần đã lấy từ môi trường nội bào 540 Uraxin. Số lượng nucleotit từng loại trên mARN được tổng hợp từ gen nói trên là

- A. A = 840; U = 360; X = 720; G = 480
 B. A = 420; U = 180; X = 360; G = 240

C. A = 180; U = 420; X = 240; G = 360

D. A = 180; U = 420; X = 360; G = 240

Câu 73: Giả sử gen B ở sinh vật nhân thực gồm 2400 nucleotit và có số nucleotit loại adênin (A) gấp 3 lần số nucleotit loại guanin (G). Một đột biến điểm xảy ra làm cho gen B bị đột biến thành alen b. Alen b có chiều dài không đổi nhưng giảm đi 1 liên kết hidro so với gen B. Cho các phát biểu sau:

1. Số lượng nucleotit từng loại của gen B là A=T= 300; G=X=900.
2. Số lượng nucleotit từng loại của gen b là A=T= 301; G=X= 899.
3. Tổng số liên kết hidro của alen b là 2699 liên kết.
4. Dạng đột biến xảy ra là mất một cặp nucleotit G-X nên số lượng liên kết hidro của alen b giảm so với gen B.
5. Dạng đột biến xảy ra là thay thế cặp G-X bằng cặp A-T. Đây là dạng đột biến có thể làm thay đổi trình tự axit amin trong protein và làm thay đổi chức năng của protein.

Trong số các phát biểu trên, có bao nhiêu phát biểu **đúng**?

A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 74: Cho biết các phân tử tARN mang các bộ ba đối mã vận chuyển tương ứng các acid amin như sau:

- Bộ ba đối mã AGA: vận chuyển acid amin xerin
 Bộ ba đối mã GGG: vận chuyển acid amin prolin
 Bộ ba đối mã AXX: vận chuyển acid amin tryptophan
 Bộ ba đối mã AXA: vận chuyển acid amin cystein
 Bộ ba đối mã AUA: vận chuyển acid amin tyrosine
 Bộ ba đối mã AAX: vận chuyển acid amin leucin

Trong quá trình tổng hợp một phân tử protein, phân tử mARN đã mã hóa được 50 xerin, 70 prolin, 80 tryptophan, 90 cystein, 100 tyrosin và 105 leucin. Biết mã kết thúc trên phân tử mARN này là UAA. Số lượng từng loại nucleotit trên phân tử mARN đã tham gia dịch mã là:

- A. A = 102; U = 771; G = 355; X = 260
 B. A = 770; U = 100; G = 260; X = 355
 C. A = 772; U = 103; G = 260; X = 356
 D. A = 103; U = 772; G = 356; X = 260

Câu 75: Xét một đoạn ADN chứa 2 gen. Gen thứ nhất có tỉ lệ từng loại nucleotide trên mạch đơn thứ nhất là: A: T: G: X = 1: 2: 3: 4. Gen thứ hai có số lượng nucleotide từng loại trên mạch đơn thứ hai là: A = T/2 = G/3 = X/4. Đoạn ADN này có tỉ lệ từng loại nucleotide là bao nhiêu?

- A. A = T = 15%; G = X = 35%.
 B. G = X = 15%; A = T = 35%.
 C. A = T = 45%; G = X = 55%.
 D. G = X = 55%; A = T = 45%.

Câu 76: Ở E.coli, trong quá trình dịch mã của một phân tử mARN, môi trường đã cung cấp 199 axit amin để hình thành nên một chuỗi polipeptit. Gen tổng hợp nên phân tử mARN này có tỉ lệ A/G = 0,6. Khi đột biến gen xảy ra, chiều dài của gen không đổi nhưng tỉ lệ A/G = 60,43% đột biến này thuộc dạng:

- A. Thay thế 4 cặp G-X bằng 4 cặp A-T.
 B. Thay thế 1 cặp A-T bằng 1 cặp G-X.
 C. Thay thế 1 cặp G-X bằng 1 cặp A-T.

D. Thay thế 2 cặp A-T bằng 2 cặp G-X.

Câu 77: Gen D bị đột biến thành gen d. Cặp alen Dd cùng nhân đôi một số lần đã lấy từ môi trường nội bào tổng số nucleotit loại A và G là 93.000, trong đó số nucleotit loại A môi trường cung cấp cho alen D là 21.731, còn số nucleotit loại G môi trường cung cấp cho alen d là 24.800. Biết chiều dài của hai alen đều bằng 510 nm, đột biến chỉ liên quan đến một cặp nucleotit. Khẳng định nào sau đây **không** đúng?

A. Đột biến D thành d là đột biến thay thế cặp G-X thành cặp A-T.

B. Gen D có 701 nucleotit loại T.

C. Cả hai gen đều nhân đôi 5 lần.

D. Tổng số nucleotit loại X môi trường cung cấp cho quá trình nhân đôi của cả hai alen là 49.569 nucleotit.

Câu 78: Một gen có số nucleotit là 1170. Sau đột biến, phân tử protein giảm xuống 1 axit amin và xuất hiện thêm 2 axit amin mới.

(1) Chiều dài của gen đột biến ngắn hơn so với gen ban đầu.

(2) Chiều dài của gen đột biến là 1978,8 Å.

(3) Gen ban đầu xảy ra đột biến, làm mất 3 cặp nucleotit ở 3 bộ ba liên tiếp nhau.

(4) Gen ban đầu xảy ra đột biến, làm mất 3 cặp nucleotit ở 3 bộ ba bất kì ở vùng giữa gen.

(5) Gen ban đầu xảy ra đột biến, làm mất 3 cặp nucleotit ở 1 bộ ba.

Có bao nhiêu phát biểu **đúng**?

A. 1 B. 3 C. 4 D. 2

Câu 79: Một đoạn mạch gốc của gen cấu trúc có trật tự nucleotit như sau: 5'TAX – AAG – GAG – AAT – GTT–XXA – ATG – XGG – GXG – GXX – GAA – XAT3' Nếu xảy ra một đột biến liên quan đến một cặp nucleotit làm cho số axit amin của chuỗi pôlipeptit trong phân tử prôtêin do gen đột biến tổng hợp chỉ còn lại 5 axit amin. Có bao nhiêu trường hợp đột biến sau đây có thể xảy ra?

(1) Mất một cặp nucleotit X-G ở vị trí thứ 16 tính từ đầu 5'.

(2) Thay thế một cặp nucleotit X- G ở vị trí thứ 16 tính từ đầu 5' bằng một cặp nucleotit T-A.

(3) Thay thế một cặp nucleotit X- G ở vị trí thứ 17 tính từ đầu 5' bằng một cặp nucleotit T-A.

(4) Thay thế một cặp nucleotit G-X ở vị trí thứ 21 tính từ đầu 5' bằng một cặp nucleotit X-G.

Số trường hợp là:

A. 1 B. 2 C. 3 D. 4

Câu 80: Gen A có chiều dài 153nm và có 1169 liên kết hidro bị đột biến thành alen a. Cặp gen Aa tự nhân đôi lần nhất đã tạo ra các gen con, tất cả các gen con này lại tiếp tục nhân đôi lần thứ hai. Trong 2 lần nhân đôi, môi trường nội bào đã cung cấp 1083 nucleotit loại adenin và 1617 nucleotit loại guanin. Dạng đột biến đã xảy ra với gen A là:

A. mất một cặp G-X

B. thay thế một cặp A-T bằng một cặp G-X

C. mất một cặp A-T

D. thay thế một cặp G-X bằng một cặp A-T

DÁP ÁN

1.B	2.C	3.D	4.C	5.A	6.B	7.D	8.C	9.D	10.D
11.B	12.D	13.A	14.C	15.A	16.A	17.D	18.B	19.D	20.A
21.C	22.D	23.B	24.B	25.C	26.D	27.A	28.C	29.B	30.C
31.D	32.A	33.B	34.A	35.C	36.C	37.C	38.D	39.A	40.B
41.A	42.C	43.D	44.A	45.B	46.C	47.B	48.D	49.D	50.D
51.C	52.D	53.C	54.C	55.D	56.B	57.C	58.B	59.C	60.A
61.B	62.D	63.B	64.B	65.C	66.C	67.A	68.D	69.B	70.C
71.D	72.B	73.B	74.D	75.A	76.C	77.A	78.B	79.C	80.B

HƯỚNG DẪN GIẢI CHI TIẾT

Câu 1: Đáp án B.

Trong tự nhiên có 20 loại axit amin tham gia cấu tạo nên các chuỗi polipeptit.

⇒ Tổng hợp đoạn polipeptit nhân tạo gồm 6 axit amin sẽ có thể tổng hợp được khác nhau là $20^6 = 64.10^6$

Câu 2: Đáp án C.

- **Cách 1:** Ta gọi số đơn vị nhân đôi là n.

$$\Rightarrow 90 = 80 + 2.n \Rightarrow n = 5$$

Số đơn vị nhân đôi lớn hơn 1 nên đây là ADN của sinh vật nhân thực.

Vì khuẩn E.coli là sinh vật nhân sơ nên đây không phải là ADN của nó.

- **Cách 2:** Ta thấy: số đoạn mồi – số đoạn Okazaki > 2

⇒ Số đơn vị nhân đôi > 1

⇒ Đây không phải là ADN của sinh vật nhân sơ

Câu 3: Đáp án D

Ta có: $U:A=5:1 \Rightarrow$ Tỉ lệ mỗi loại là: $U=\frac{5}{6}$ và $A=\frac{1}{6}$

Bộ ba mã hóa tức là bộ ba mã hóa cho các axit amin và không phải bộ ba kết thúc.

Ta thấy từ 2 loại ribonucleotit là U và A sẽ tạo ra $2^3 = 8$ loại bộ ba trong đó có 1 bộ ba kết thúc là UAA, còn lại là các bộ ba mã hóa.

$$\Rightarrow \text{Tỉ lệ bộ ba UAA} = \frac{6}{5} \cdot \frac{1}{6} \cdot \frac{1}{6} = \frac{5}{216}$$

⇒ Tỉ lệ các bộ ba mã hóa = 1 – tỉ lệ bộ ba kết thúc

$$= 1 - \frac{5}{216} = \frac{211}{216}$$

Câu 4: Đáp án C.

Phân tử protein hoàn chỉnh tức là đã cắt đi axit amin metionin hoặc foomin metionin ở đầu.

⇒ Số lượng nucleotit chứa trong mARN quy định phân tử protein = $(298 + 2) \cdot 3 = 900$.

⇒ Chiều dài 1 mạch của gen = chiều dài mARN
 $= 900 \cdot 3,4 = 3060 \text{ Å}^0$

⇒ Tổng chiều dài 2 mạch của gen = $3060 \cdot 2 = 6120 \text{ Å}^0$

Câu 5: Đáp án A.

Một chu kì xoắn có 10 cặp Nu

⇒ Số lượng Nu của gen = $120 \cdot 10 \cdot 2 = 2400$.

Ta có hệ:

$$\begin{cases} A + G = \frac{2400}{2} = 1200 \\ A = 2G \end{cases} \Rightarrow A = T = 800; G = X = 400.$$

⇒ Số liên kết hiđro của gen
 $= 2A + 3G = 2 \cdot 800 + 3 \cdot 400 = 2800$.

⇒ Khối lượng của gen = $2400 \cdot 300 = 72 \cdot 10^4 \text{ đvC}$.

Câu 6: Đáp án B.

Gen có 600 cặp Nu

⇒ Số Nu của gen = $600 \cdot 2 = 1200$.

⇒ Số liên kết photphodiester có trong gen
 $= 1200 - 2 = 1198$.

Câu 7: Đáp án D.

Số lượng Nu của mỗi gen là:

$$N_B = N_b = \frac{4080 \cdot 2}{3,4} = 2400.$$

+) Xét gen B ta có hệ:

$$\begin{cases} 2 \cdot (A + G) = 2400 \\ \frac{A}{G} = \frac{9}{7} \end{cases} \Rightarrow A = T = 675; G = X = 525.$$

+) Xét gen b ta có hệ:

$$\begin{cases} 2 \cdot (A + G) = 2400 \\ \frac{A}{G} = \frac{13}{3} \end{cases} \Rightarrow A = T = 975; G = X = 225.$$

Giao tử mang cả 2 alen của cặp (Bb) sẽ có tổng số Nu mỗi loại là:

$A = T = 675 + 975 = 1650; G = X = 525 + 225 = 750$.

Câu 8: Đáp án C.

Bộ ba chứa ít nhất 2 Nu loại A gồm có các bộ ba chỉ chứa 2A và bộ ba chứa 3A.

+) Số bộ ba chứa 2A:

$C_3^2 \cdot 3 = 9$ (C_3^2 là cách chọn 2A trong 3 vị trí của bộ ba; 3 là số cách chọn loại Nu khác vào vị trí còn lại)

+) Số bộ ba chứa 3A là 1.

⇒ Tổng số bộ ba chứa ít nhất 2A = $9 + 1 = 10$.

Câu 9: Đáp án D.

Gọi số liên kết hiđro của gen đó là H.

$$\Rightarrow H = \frac{15200}{8} = 1900 \Rightarrow 2A + 3G = 1900. (1)$$

Số liên kết hiđro tạo ra giữa các cặp G-X nhiều hơn trong các cặp A-T là 4000 $\Rightarrow 3G \cdot 8 - 2A \cdot 8 = 4000 (2)$

Giải hệ phương trình (1) và (2) ta được:

$A = T = 350; G = X = 400$.

⇒ Số Nu của gen = $2 \cdot (A + G) = 2 \cdot (350 + 400) = 1500$.

⇒ Chiều dài của gen = $\frac{1500 \cdot 3,4}{2} = 5100 \text{ Å}^0$

Câu 10: Đáp án D.

Tổng số mạch polinucleotit chứa trong các ADN con

$$= 8 \cdot 2 + 48 = 64.$$

⇒ Số phân tử ADN con = $\frac{64}{2} = 32$.

Gọi k là số lần nhân đôi của mỗi gen.

⇒ $8 \cdot 2^k = 32 \Rightarrow k = 2$

Câu 11: Đáp án B.

Ta biết rằng người là sinh vật nhân thực nên có cấu trúc gen phân mảnh. mARN trong tế bào chất tức là mARN đã trưởng thành chỉ chứa các đoạn exon.

⇒ Trong gen chứa cả các đoạn exon sẽ có chiều dài lớn hơn chiều dài của mARN trưởng thành.

Chiều dài của mARN = $1200 \cdot 3,4 = 4080 \text{ Å}^0$

⇒ Chiều dài của gen lớn hơn 4080 Å⁰

Câu 12: Đáp án D.

Với 2 loại Nu là U và A có thể tạo ra $2^3 = 8$ loại bộ ba trong đó có 1 bộ ba kết thúc là UAA

⇒ Còn 7 loại bộ ba mã hóa có trong mARN nói trên

⇒ Tối đa sẽ có 7 loại tARN trực tiếp tham gia vào quá trình dịch mã.

Câu 13: Đáp án A.

Xét gen b thấy chuỗi polipeptit hoàn chỉnh do gen này mã hóa có 297 axit amin

⇒ Số axit amin môi trường cung cấp để tổng hợp 1 chuỗi polipeptit = $297 + 1 = 298$.

⇒ Tổng số axit amin môi trường đã cung cấp
 $= 298 \cdot 5 = 1490$.

Câu 14: Đáp án C.

Khi đoạn mạch bị đột biến mất Nu thứ 5 trên mạch bổ sung (5' → 3') thì trình tự đoạn mạch sau đột biến sẽ là:

5'...GTXAAXTGTAXATAX...3'

⇒ Trình tự của đoạn mARN tương ứng là:

5'...GUXAAXUGUXAUAX...3'

(ta chỉ việc thay T trên mạch bổ sung bằng U là được trình tự của mARN)

⇒ Cấu trúc chuỗi polipeptit tương ứng là:

NH₂...Val-Asn-Cys-His...COOH

Câu 15: Đáp án A.

Tỉ lệ U có trong mARN = $100 - 28 - 12 - 48 = 12\%$.

G trên mạch gốc sẽ tương ứng với X trên mARN.

⇒ Số lượng Nu của mARN = $\frac{108}{12\%} = 900$

⇒ Số lượng từng loại Nu của mARN là:

$A = 900 \cdot 0,28 = 252; U = X = 900 \cdot 0,12 = 108;$

$G = 900 \cdot 0,48 = 432;$

Các Nu trên tARN (bộ ba đối mã) sẽ liên kết theo nguyên tắc bổ sung với các Nu trên mARN.

⇒ Số lượng từng loại Nu trong các bộ ba đối mã trên tARN là: $A = 108 - 1 = 107$; $U = 252 - 1 = 251$; $G = 108$;

$$X = 432 - 1 = 431.$$

Câu 16: Đáp án A.

Ta chỉ cần dịch theo nguyên tắc bổ sung là sẽ tìm được mạch mã hóa bằng cách thay U trên mARN bằng T trên mạch mã hóa.

Câu 17: Đáp án D.

Số lượng từng loại Nu của gen là:

$$A = T = G = X = \frac{900}{4} = 225.$$

⇒ Số liên kết hidro của gen

$$= 2A + 3G = 2.225 + 3.225 = 1125.$$

Câu 18: Đáp án B.

Số Nu loại A của cả gen sẽ bằng tổng số Nu loại A và T trên 1 mạch của gen đó.

⇒ Số Nu loại A của gen = $150 + 120 = 270$.

Mặt khác ta có:

$$A + G = 50\% \Rightarrow A = 50\% - 20\% = 30\%.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của gen} = \frac{270}{30\%} = 900$$

⇒ Số Nu loại G của gen = $900.20\% = 180$.

⇒ Số liên kết hidro của gen

$$= 2A + 3G = 2.270 + 3.180 = 1080.$$

Câu 19: Đáp án D.

$$\text{Số Nu của gen} = \frac{5100.2}{3,4} = 3000.$$

Số Nu loại A = T = 600.

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại G} = X = \frac{3000}{2} - 600 = 900$$

Câu 20: Đáp án A.

Số cách sắp xếp các axit amin trong 5 vị trí của đoạn peptit = $C_5^2.C_3^2 = 30$

Số cách để mã hóa 2 Cys = $2^2 = 4$

Số cách để mã hóa 2 Ala = $2^4 = 16$

Số cách để mã hóa 1 Val = 4.

⇒ Số cách để mã hóa đoạn peptit trên = $30.4.16.4 = 7680$.

Câu 21: Đáp án C.

Khi chuyển sang môi trường N^{15} thì theo nguyên tắc bán bảo toàn, mỗi mạch của ADN mẹ sẽ được giữ lại do đó cả 2 mạch mang N^{14} ban đầu sẽ nằm trong phân tử lai trong đó 1 mạch mang N^{14} còn 1 mạch mang N^{15}

⇒ Tất cả các phân tử ADN đời con đều chứa N^{15}

⇒ Số vi khuẩn chứa N^{15} sau 10 lần phân đôi liên tiếp = $1.2^{10} = 1024$.

Câu 22: Đáp án D.

Số Nu từng loại trên mARN bằng số Nu của loại bổ sung trên mạch mã gốc.

⇒ Thành phần từng loại Nu trong đoạn ADN sợi kép là:

$$\%A = \%T = \frac{\%A + \%U}{2} = \frac{15 + 30}{2} = 22,5\%$$

$$\%G = \%X = \frac{\%G + \%X}{2} = \frac{20 + 35}{2} = 27,5\%$$

Câu 23: Đáp án B.

Một phân tử ADN ban đầu có 2 mạch đơn và chiếm 6,25% số mạch đơn có trong tổng số mạch đơn sau này.

$$\Rightarrow \text{Tổng số mạch đơn} = \frac{2}{6,25\%} = 32.$$

$$\Rightarrow \text{Số phân tử ADN con tạo ra} = \frac{32}{2} = 16.$$

⇒ Phân tử ADN ban đầu đã nhân đôi 4 lần liên tiếp.

Gọi số Nu của phân tử ADN là N.

$$\Rightarrow N.(2^4 - 1) = 104160 \Rightarrow N = 6944.$$

$$\Rightarrow \text{Chiều dài phân tử ADN} = \frac{6944.3,4}{2} = 11804,8 \text{ Å}.$$

Câu 24: Đáp án B.

$$\text{Số lượng Nu của mARN} = \frac{2040}{3,4} = 600.$$

⇒ Số Nu mỗi loại của mARN là:

$$A = 600.0,2 = 120; U = 600.0,4 = 240;$$

$$G = 600.0,15 = 90; X = 600.0,25 = 150.$$

⇒ Số lượng Nu mỗi loại cần phải cung cấp để tổng hợp nên đoạn ADN quy định mARN là:

$$A = T = 120 + 240 = 360; G = X = 90 + 150 = 240.$$

Câu 25: Đáp án C.

Xét chuỗi poliNu ban đầu ta có hệ:

$$\begin{cases} (T + X) = 0,25.(A + G) \\ (T + X) + (A + G) = 1 \end{cases} \Rightarrow T + X = 0,2 \text{ và } A + G = 0,8.$$

Khi tổng hợp đoạn mạch bổ sung thì tỉ lệ $(T + X)$

trên mạch ban đầu sẽ bằng tỉ lệ $(A + G)$ trên mạch bổ sung và ngược lại ⇒ Tỉ lệ các loại Nu tự do cần cung cấp là: $A + G = 0,2$; $T + X = 0,8$.

Câu 26: Đáp án D.

$$\text{Ta có hệ: } \begin{cases} (A + T).4 = (G + X) \\ (A + T) + (G + X) = 1 \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} A + T = 0,2 \\ G + X = 0,8 \end{cases}$$

Phân tử ADN cấu trúc xoắn kép nên có tỉ lệ

$$G = X = \frac{0,8}{2} = 0,4$$

Câu 27: Đáp án A.

Ta có: $2A + 3G = 3900$

$$\Rightarrow 2A + 3.900 = 3900 \Rightarrow A = T = 600.$$

⇒ Số Nu trên một mạch của gen

$$= A + G = 600 + 900 = 1500.$$

⇒ Số Nu từng loại trên mạch một của gen là:

$$A = 1500.0,3 = 450; T = 600 - 450 = 150;$$

$$G = 1500.0,1 = 150; X = 900 - 150 = 750.$$

Câu 28: Đáp án C.

$$\text{Số lượng Nu của phân tử ADN} = \frac{4,5.10^5}{300} = 1500.$$

Ta có hệ:

$$\begin{cases} 2.(A+G)=1500 \\ A-G=0,1.1500=150 \end{cases} \Rightarrow A=T=450; G=X=300.$$

Do phân tử ADN của E.coli là dạng vòng nên số liên kết hóa trị Đ-P trong phân tử = $2.1500 = 3000$.

Câu 29: Đáp án B.

Theo nguyên tắc bổ sung thì trong gen hay trong các đoạn exon hoặc trong các đoạn intron ta luôn có $A=T$ và $G=X$.

$\Rightarrow$ Số Nu loại A (= T) trong các đoạn intron là 450 và chiếm 45% tổng số Nu của gen.

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại A của gen} = \frac{450}{0,45} = 1000.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại A trong các đoạn exon của gen} = 1000 - 450 = 550.$$

$$\text{Ta có: } \frac{G+X}{A+T} = \frac{2G}{2A} = 0,9$$

$$\Rightarrow 2G = 0,9.2.1000 \Rightarrow G = X = 900.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại G nằm trong intron} = 900.0,5511 = 496.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại G nằm trong exon} = 900 - 496 = 404.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu trong các đoạn exon của gen} = 2.(A_{\text{exon}} + G_{\text{exon}}) = 2.(550 + 404) = 954.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của mARN trưởng thành do gen mã hóa} = 954.$$

$$\Rightarrow \text{Số axit amin có trong chuỗi polipeptit hoàn chỉnh do gen tổng hợp} = \frac{954}{3} - 2 = 316.$$

Câu 30: Đáp án C.

$$\text{Số Nu trong mARN trưởng thành} = (256 + 3).3 = 777.$$

$\Rightarrow$ Số Nu trong mARN trưởng thành chính là số Nu trong các đoạn exon.

$$\Rightarrow \text{Số Nu trong các đoạn intron} = \frac{777}{0,75} = 1036.$$

$$\text{Suy ra, chiều dài của gen} = (777 + 1036).3,4 = 6164,2A^\circ$$

Câu 31: Đáp án D.

Mỗi điểm khởi đầu tái bản sẽ được nhận biết bởi 1 enzym nên có 5 enzym nhận biết điểm khởi đầu tái bản sẽ có 5 điểm khởi đầu tái bản ứng với 5 đơn vị nhân đôi và đây là sinh vật nhân thực.

$$\Rightarrow \text{Số đoạn Okazaki} = 146 - 5.2 = 136.$$

Do đây là sinh vật nhân thực nên ta có:

$$\text{Số lượt enzym ligaza} = \text{số đoạn mồi} - 2 = 146 - 2 = 144.$$

Câu 32: Đáp án A.

$$\text{Số Nu trên một mạch của gen} = \frac{4080}{3,4} = 1200.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu môi trường nội bào cung cấp cho quá trình phiên mã trên} = 1200.5 = 6000.$$

Câu 33: Đáp án B.

Gọi số Nu của gen A là N_A ; số Nu của gen B là N_B .

$\Rightarrow$ Tổng chiều dài 2 gen

$$= (N_A + N_B). \frac{3,4}{2} = 0,714.104 = 7140$$

$$\Rightarrow N_A + N_B = 4200. (1)$$

Theo bài ra ta có:

$$\left(\frac{N_A}{6} - 2 \right) - \left(\frac{N_B}{6} - 2 \right) = 100 \Rightarrow N_A - N_B = 600 (2).$$

Giải hệ phương trình (1) và (2) ta được:

$$N_A = 2400; N_B = 1800.$$

Gọi số lần nhân đôi của gen A là a; số lần nhân đôi của gen B là b.

$\Rightarrow$ Số Nu tự do môi trường cung cấp cho quá trình nhân đôi của hai gen là:

$$N_A.(2^a - 1) + N_B.(2^b - 1) = 22200.$$

$$\Rightarrow 2400.(2^a - 1) + 1800.(2^b - 1) = 22200$$

$$\Rightarrow 4.2^a + 3.2^b = 44 \Rightarrow a = 3 \text{ và } b = 2.$$

Câu 34: Đáp án A.

$$\text{Số Nu của gen} = 900.2 = 1800.$$

$$\Rightarrow \text{Số liên kết photphodiester} = N - 2 = 1798.$$

Câu 35: Đáp án C.

Số bộ ba có thể có trên mạch mã gốc = $3^3 = 27$.

Với 3 loại Nu A, X, T thì sẽ tạo thành 3 bộ ba kết thúc là ATT, ATX, AXT.

$$\Rightarrow \text{Tổng cộng sẽ có } 27 - 3 = 24 \text{ bộ ba mã hóa.}$$

Câu 36: Đáp án C.

$$\text{Số Nu của gen} = \frac{2.0,51.10^4}{3,4} = 3000.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu của mARN} = \frac{3000}{2} = 1500.$$

$$\Rightarrow \text{Số phân tử nước được giải phóng} = \frac{1500}{3} - 2 = 498.$$

Câu 37: Đáp án C.

Số liên kết hiđro của gen

$$= 2A + 3G = 2A + 3.2A = 8.10^5$$

$$\Rightarrow A = T = 10^5; G = X = 2.10^5.$$

Câu 38: Đáp án D.

Bộ ba kết thúc tạo thành từ 2 Nu loại U và A là UAA.

$$\Rightarrow \text{Tỉ lệ bộ ba UAA} = 0,6.0,4.0,4 = 0,096.$$

Câu 39: Đáp án A.

Gọi số Nu của gen A là N_A ; số Nu của gen B là N_B .

$$\text{Ta có hệ: } \begin{cases} N_A + N_B = 5400 \\ N_A - N_B = 600 \end{cases} \Rightarrow N_A = 3000; N_B = 2400.$$

$\Rightarrow$ Số Nu môi trường nội bào cung cấp cho cả 2 gen trong

$$\text{quá trình phiên mã là: } \frac{3000}{2}.3 + \frac{2400}{2}.4 = 9300.$$

Câu 40: Đáp án B.

Một đơn vị tái bản gồm 2 chạc tái bản.

$$\Rightarrow \text{Số đoạn Okazaki trên 1 đơn vị tái bản} = 30.2 = 60.$$

$$\Rightarrow \text{Số đoạn mồi có trong 1 đơn vị tái bản} = 60 + 2 = 62.$$

$$\Rightarrow \text{Số đoạn mồi có trên 1 gen khi nhân đôi} = 62.5 = 310.$$

Gen nhân đôi 3 lần thì số gen thực hiện nhân đôi

$$= 2^3 - 1 = 7.$$

$\Rightarrow$ Số đoạn mồi cần trong quá trình nhân đôi

$$= 310.7 = 2170.$$

Câu 41: Đáp án A.

Gọi số Nu trên một mạch của gen là A.

Theo bài ra ta có:

$$X_1 = 360; X_1 - A_1 = 0,15.A \Rightarrow A_1 = X_1 - 0,15.A;$$

$$T_1 - A_1 = 0,2.A$$

$$\Rightarrow T_1 = 0,2.A + A_1 = 0,2.A + X_1 - 0,15.A = 0,05.A + X_1;$$

$$X_2 - T_2 = G_1 - A_1 = 0,05.A$$

$$\Rightarrow G_1 = 0,05.A + A_1 = 0,05.A + X_1 - 0,15.A = X_1 - 0,1.A$$

$$\text{Số Nu trên một mạch của gen} = A_1 + T_1 + G_1 + X_1$$

$$= X_1 - 0,15.A + 0,05.A + X_1 + X_1 - 0,1.A + X_1$$

$$= 4.X_1 - 0,2.A = 4.360 - 0,2.A = 1440 - 0,2.A$$

$$\Rightarrow 1440 - 0,2.A = A \Rightarrow A = 1200.$$

Câu 42: Đáp án C.

$$\text{Số Nu của một mARN} = \frac{4455}{3} = 1485.$$

$$\Rightarrow \text{Số bộ ba mã hóa trên mARN} = \frac{1485}{3} - 1 = 494.$$

$\Rightarrow$ Khi dịch mã một lượt sẽ có 494 lượt tARN tham gia.

Gen phiên mã 3 lần tạo ra 3 mARN, mỗi mARN được 5 riboxom trượt qua nên tổng sẽ có $3.5 = 15$ lượt dịch mã.

$$\Rightarrow \text{Tổng số lượt tARN tham gia} = 494.15 = 7410.$$

Câu 43: Đáp án D.

$$\text{Số Nu của gen} = \frac{9.10^5}{300} = 3000.$$

$\Rightarrow$ Số Nu mỗi loại trên mạch gốc của gen là:

$$A = \frac{3000}{2} \cdot \frac{1}{15} = 100; T = 100.3 = 300;$$

$$G = 100.5 = 500; X = 100.6 = 600.$$

$\Rightarrow$ Số Nu mỗi loại trên mARN là:

$$A = 300; U = 100; G = 600; X = 500.$$

$\Rightarrow$ Số Nu mỗi loại trong các lượt tARN là:

$$A = 100 - 1 = 99; U = 300 - 1 = 299;$$

$$G = 500; X = 600 - 1 = 599.$$

Câu 44: Đáp án A.

Gọi số Nu của gen là N.

$$\Rightarrow N.(2^3 - 1) = 16800 \Rightarrow N = 2400.$$

$\Rightarrow$ Số axit amin cần cung cấp khi dịch mã một lần

$$= \frac{2400}{6} - 1 = 399.$$

Gen nhân đôi mã 3 lần tạo ra 8 gen con, mỗi gen con đều phiên mã tạo ra mARN và mỗi mARN đều được dịch mã 3 lần nên tổng số lần dịch mã $= 8.3 = 24$.

$\Rightarrow$ Tổng số axit amin môi trường cung cấp

$$= 399.24 = 9576.$$

Câu 45: Đáp án B.

Gọi số lần phiên mã của gen là n (n nguyên dương)

$\Rightarrow$ có n phân tử mARN được tạo ra.

$\Rightarrow$ Số axit amin có trong 1 chuỗi polipeptit

$$= \frac{2988}{3n} = \frac{996}{n}$$

$$\text{Theo bài ra} \Rightarrow 350 \leq \frac{996}{n} \leq 950$$

Ta thử lần lượt các giá trị của n:

$n = 1 \Rightarrow$ Số axit amin có trong 1 chuỗi polipeptit

$$= \frac{996}{1} \text{ (loại);}$$

$n = 2 \Rightarrow$ Số axit amin có trong 1 chuỗi polipeptit

$$= \frac{996}{2} = 498 \text{ (thỏa mãn);}$$

$n = 3 \Rightarrow$ Số axit amin có trong 1 chuỗi polipeptit

$$= \frac{996}{3} = 332 \text{ (loại).}$$

Vậy $n = 2$ hay số lần phiên mã là 2 và số axit amin có trong chuỗi polipeptit hoàn chỉnh là 498.

$\Rightarrow$ Số Nu có trong 1 phân tử mARN

$$= (498 + 2).3 = 1500.$$

$\Rightarrow$ Số Nu môi trường cung cấp cho quá trình phiên mã

$$= 1500.2 = 3000.$$

Câu 46: Đáp án C.

Số đoạn exon có trong gen $= 7 + 1 = 8$.

$\Rightarrow$ Số loại mARN trưởng thành tối đa có thể tạo ra

$$= (8 - 2)! = 720.$$

Câu 47: Đáp án D.

Theo nguyên tắc bổ sung ta có:

$$A_1 + G_1 = T_2 + X_2 \text{ và } T_1 + X_1 = A_2 + G_2$$

$$\Rightarrow \frac{A_1 + G_1}{T_1 + X_1} = \frac{T_2 + X_2}{A_2 + G_2} = 0,25$$

$$\Rightarrow \frac{(A_2 + G_2)}{T_2 + X_2} = \frac{1}{0,25} = 4$$

Câu 48: Đáp án B.

Tỉ lệ từng loại Nu là: $U = \frac{5}{6}$ và $X = \frac{1}{6}$.

Số loại bộ ba chứa 2U và 1X là $C_3^2 = 3$.

$\Rightarrow$ Xác suất tạo ra loại bộ ba chứa 2U và 1X

$$= 3 \cdot \left(\frac{5}{6}\right)^2 \cdot \frac{1}{6} = \frac{75}{216}.$$

Câu 49: Đáp án D.

Số loại bộ ba chứa 2A $= C_3^2 = 3$.

Tỉ lệ các loại Nu không phải A: $(U + G + X) = 1 - \frac{1}{10} = \frac{9}{10}$.

$$\Rightarrow \text{Tỉ lệ bộ ba chứa 2A} = 3 \cdot \left(\frac{1}{10}\right)^2 \cdot \frac{9}{10} = \frac{27}{1000}.$$

Câu 50: Đáp án D

Số loại mã di truyền được tạo ra từ A và G là 8.

$\Rightarrow$ Số Nu có trong 8 mã di truyền là $8.3 = 24$.

Ta biết rằng trong 8 mã di truyền này thì với 24 Nu sẽ có

$$A = G = \frac{24}{2} = 12.$$

Vậy để có đủ 8 mã di truyền trên cần ít nhất là 12 Nu loại G.

$\Rightarrow$ Cần ít nhất số Nu loại A $= 12.4 = 48$.

$\Rightarrow$ Số Nu cần ít nhất trên một mạch $= 12 + 48 = 60$.

$\Rightarrow$ Số Nu ít nhất để có đoạn mạch có đủ 8 mã di truyền $= 60.2 = 120$.

Câu 51: Đáp án C.

Ta có: $A_1 = T_1$; $G_1 = 2.A_1$; $X_1 = 3.T_1 = 3.A_1$

$\Rightarrow$ Số Nu từng loại của gen là:

$$A = T = A_1 + T_1 = 2.A_1;$$

$$G = X = G_1 + X_1 = 2.A_1 + 3.A_1 = 5.A_1$$

Số liên kết hidro của gen

$$= 2A + 3G = 2.2.A_1 + 3.5.A_1 = 2128 \Rightarrow A_1 = 112.$$

$$\Rightarrow \text{Số Nu loại A của gen} = 2.A_1 = 2.112 = 224.$$

Câu 52: Đáp án D.

Số mạch ADN ban đầu chứa $N^{15} = 6.2 = 12$.

Khi ADN nhân đôi thì mỗi mạch sẽ được giữ lại theo nguyên tắc bán bảo toàn.

$\Rightarrow$ Trong các phân tử ADN con sẽ có 12 phân tử ADN chứa N^{15}

$$\Rightarrow \text{Số phân tử ADN thu được} = \frac{12}{6,25} = 192.$$

$$\Rightarrow \text{Số lượng vi khuẩn đã bị phá màng} = 192.$$

Câu 53: Đáp án C.

- Phân tử ADN chỉ chứa Timin mà không chứa Uraxin $\Rightarrow$ loại đáp án B và D.

- Phân tử ADN mạch đơn có thể có tỉ lệ $A = T$ và $G = X$ hoặc $A \neq T$ và $G \neq X$ hoặc một trong hai nhưng trường hợp $A = T$ và $G = X$ thì cũng có thể là mạch kép $\Rightarrow$ loại đáp án A.

- Câu C có tỉ lệ $A \neq T$ và $G \neq X$ nên đây chắc chắn là phân tử ADN mạch đơn.

Câu 54: Đáp án C.

Mỗi vi khuẩn E.coli chứa 1 phân tử ADN mạch kép vòng $\Rightarrow$ mỗi ADN mang 2 mạch đơn chứa đồng vị N.

$\Rightarrow$ Ban đầu có 2 mạch N^{14} ; sau 1 thế hệ thì phân tử ADN nhân đôi tạo ra 2 phân tử ADN mang 4 mạch N^{14} .

Sau khi cho vào môi trường N^{15} mỗi phân tử ADN nhân đôi 2 lần $\Rightarrow$ tạo ra $2.2^2 = 8$ phân tử ADN

$\Rightarrow$ Có $8.2 = 16$ mạch đơn trong đó có 4 mạch N^{14} và 12 mạch N^{15} .

$\Rightarrow$ Mỗi mạch đơn sẽ đi vào một phân tử ADN khi chuyển sang môi trường mới.

$\Rightarrow$ Chỉ cần qua lần nhân đôi đầu tiên sẽ thu được ngay 12 tế bào chứa cả N^{14} và N^{15} và 4 tế bào chứa toàn bộ N^{14} . Vậy tổng số tế bào lúc đó là 16.

Câu 55: Đáp án D.

Ta có: $H = 2A + 3G \Leftrightarrow 2A + 3.900 = 3900 \Rightarrow A = 600$

$$\%A_1 = 30\% \Rightarrow A_1 = 30\% \cdot \frac{N}{2} = 450$$

$$\Rightarrow T_1 = A_2 = A - A_1 = 150$$

$$\%G_1 = 10\% \Rightarrow G_1 = 10\% \cdot \frac{N}{2} = 150.$$

$$\text{Vậy } A_1 = 450; T_1 = 150; G_1 = 150$$

Câu 56: Đáp án B.

Gọi số Nu loại A trên mạch 1 là x; ta có:

$$G_1 = 2x; X_1 = 3x$$

$$\Rightarrow A = A_1 + T_1 = x + x = 2x;$$

$$G = G_1 + X_1 = 2x + 3x = 5x$$

$\Rightarrow$ Số liên kết hidro của gen là:

$$2A + 3G = 4x + 15x = 19x = 2128 \Rightarrow x = 112.$$

$$\Rightarrow A = 112.2 = 224$$

Câu 57: Đáp án C.

Trong 1 gen phân mảnh số đoạn exon = intron + 1.

$$\Rightarrow \text{Ta có: intron} + \text{exon} = 15 \Leftrightarrow 2.\text{intron} + 1 = 15.$$

$$\Rightarrow \text{Intron} = 7 \text{ và exon} = 8.$$

Số nucleotit của 1 đoạn exon trên mạch gốc

$$= \frac{204}{3,4} = 60.$$

$$\Rightarrow \text{Số bộ ba của 1 đoạn exon} = \frac{60}{3} = 20.$$

$$\text{Số nucleotit của 1 đoạn intron} = \frac{102}{3,4} = 30.$$

$$\Rightarrow \text{Số bộ ba nucleotit có trong 1 đoạn intron} = \frac{30}{3} = 10.$$

Ta biết rằng trong gen phân mảnh thì 2 đoạn exon là cố định ở 2 đầu của gen còn bên trong sẽ là 1 đoạn exon xen kẽ với 1 đoạn intron.

Câu A: Ta có: $51 = 20 + 10 + 20 + 1$.

$\Rightarrow$ Trên mạch gốc triplet (bộ ba) thứ 51 nằm trong đoạn intron, do đó sự thay thế bằng bộ ba 3'ATT5' là 1 bộ ba kết thúc cũng không có ý nghĩa vì intron không mã hóa axit amin.

$\Rightarrow$ Đoạn gen quy định cho protein là tất cả các đoạn exon.

$$\Rightarrow \text{Chiều dài tất cả các đoạn exon} = 8.204 = 1632.$$

$\Rightarrow$ SAI.

Câu B: Ta có: $82 = 20 + 10 + 20 + 10 + 20 + 2$.

$\Rightarrow$ Trên mạch gốc thì triplet thứ 82 nằm trong đoạn intron do đó nó không tham gia vào việc mã hóa axit amin, khi bộ ba này bị đột biến thì không ảnh hưởng gì đến chuỗi polipeptit được tổng hợp $\Rightarrow$ SAI.

Câu C: Ta có: $117 = 20 + 10 + 20 + 10 + 20 + 10 + 20 + 7$.

$\Rightarrow$ Trên mạch gốc thì triplet thứ 117 nằm trong đoạn intron.

$\Rightarrow$ Đoạn gen mã hóa cho protein là tất cả các đoạn exon.

$\Rightarrow$ Số axit amin có trong protein được tổng hợp = số triplet có trong exon - 2 = $8.20 - 2 = 158$. (axit amin mở đầu và mã kết thúc không được tính nên phải trừ 2)

$\Rightarrow$ ĐÚNG.

Câu D: Ta biết rằng sau khi phiên mã thì xảy ra quá trình cắt intron và nối exon. Trừ 2 đoạn exon ở đầu và cuối được cố định thì các đoạn exon ở giữa có thể tự do sắp xếp, mỗi kiểu sắp xếp sẽ cho ta 1 loại chuỗi polipeptit khác nhau.

$$\Rightarrow \text{Số loại chuỗi polipeptit} = (\text{exon} - 2)! = (8 - 2)! = 720.$$

$\Rightarrow$ SAI.

Câu 58: Đáp án B.

Ta có: $A.G = 0,04$ và $A + G = 0,5$.

$$\Rightarrow A = T = 0,4 \text{ và } G = X = 0,1. (\text{do } A > G)$$

$$\text{Số nucleotit của gen} = \frac{2.0,408.10^4}{2} = 2400.$$

⇒ Số nucleotit từng loại của gen là:

$$A = T = 2400.0,4 = 960;$$

$$G = X = 2400.0,1 = 240.$$

Câu 59: Đáp án C

Với 2 loại Nu A và G thì có thể cho tối đa 8 loại mã di truyền khác nhau. Ta biết rằng A cho 2 liên kết hidro còn G cho 3 liên kết hidro. Vì vậy, để cho 7 loại mã di truyền khác nhau mà cho ít liên kết hidro nhất thì ta loại đi bộ mã di truyền chứa nhiều G nhất và đó là bộ ba GGG.

Trong 8 loại mã di truyền thể tạo được thì sẽ có 24 Nu tham gia trong đó A và G có số lượng bằng nhau là 12.

Nếu bỏ bộ mã GGG đi thì G còn 9.

⇒ Số Nu loại A = $9.4 = 36$.

⇒ Số lượng liên kết hidro = $9.3 + 36.2 = 99$.

Câu 60: Đáp án A.

Các nucleotit trên tARN sẽ bổ sung với các nucleotit trên mARN. Khi dịch mã thì ở mã kết thúc sẽ không có phân tử tARN nào đến bổ sung với mARN do đó ta phải trừ đi số lượng nucleotit bổ sung với mã kết thúc.

Mã kết thúc là UAG ⇒ trừ đi mỗi loại nucleotit trên tARN 1 là A, U và X.

⇒ Số lượng mỗi loại nucleotit trên tARN là:

$$A = 150 - 1 = 149; U = 155 - 1 = 154;$$

$$G = 160; X = 135 - 1 = 134.$$

Câu 61: Đáp án B.

Gọi số phân tử ADN ban đầu là x.

Khi chuyển sang môi trường mới thì tất cả các mạch chứa N^{14} đều đi về các ADN con, trong đó mỗi phân tử ADN con chứa 1 mạch N^{14} và 1 mạch N^{15} .

⇒ Số phân tử ADN chứa cả N^{14} và N^{15} trong phân tử = $2x$.

Qua 5 lần nhân đôi thì tổng số phân tử AND con = $x.2^5$

$$\Rightarrow 2x + 480 = 2^5.x \Rightarrow x = 16.$$

Câu 62: Đáp án D.

Gọi số đơn vị tái bản là n ⇒ $120 = 100 + 2.n \Rightarrow n = 10$.

Số nucleotit trong 1 đơn vị tái bản

$$= \frac{2.0.408.10^4}{3,4} = 2400.$$

⇒ Số nucleotit trên cả phân tử

$$ADN = 2400.10 = 24000.$$

⇒ Số nucleotit môi trường cung cấp khi gen nhân đôi 4 lần = $24000.(2^4 - 1) = 360000$.

Câu 63: Đáp án B.

Số loại bộ ba không chứa nucleotit loại X = $2^3 = 8$.

Tổng số loại bộ ba được tạo ra = $3^3 = 27$.

⇒ Số loại bộ ba chứa ít nhất một nucleotit loại X = $27 - 8 = 19$.

Câu 64: Đáp án B.

Ta thấy bộ ba chứa nucleotit thứ 19 là 3' XXT 5'. Khi xảy ra đột biến thay thế X bằng A thì bộ ba trở thành 3' AXT 5', đây là một bộ ba kết thúc. Như vậy, sự tổng hợp axit amin đến bộ ba này sẽ kết thúc.

Trước bộ ba này có 6 bộ ba từ bộ ba mở đầu do đó sẽ có 6 axit amin được dịch mã.

Câu 65: Đáp án C.

$$\text{Số Nu của gen} = \frac{4080.2}{3,4} = 2400.$$

⇒ Số Nu loại A của gen = $A_1 + T_1 = 260 + 220 = 480$.

⇒ $G = X = 1200 - 480 = 720$.

Gen tự sao tạo ra 64 chuỗi polinucleotit.

$$\Rightarrow \text{Số gen con} = \frac{64}{2} = 32.$$

⇒ Gen tự sao 5 lần liên tiếp.

⇒ Số Nu từng loại mà môi trường nội bào cung cấp cho quá trình tái bản của gen nói trên là:

$$A = T = 480.(2^5 - 1) = 14880;$$

$$G = X = 720.(2^5 - 1) = 22320.$$

Câu 66: Đáp án C.

Ở vi khuẩn ADN mạch vòng kép nhưng xét 1 gen thì chỉ là 1 đoạn trên ADN, do đó gen của vi khuẩn coi như gen của sinh vật nhân thực.

Gen có 1000 liên kết photphodiester ⇒ Số nucleotit của gen = $1000 + 2 = 1002 \Rightarrow 2.(A + G) = 1002$. (1)

Số liên kết hidro của gen là $2A + 3G = 1202$. (2)

Từ (1) và (2) ⇒ $A = T = 301; G = X = 200$.

Khi gen thực hiện nhân đôi 3 lần liên tiếp thì số nucleotit mỗi loại môi trường cung cấp là:

$$A = T = 301.(2^3 - 1) = 2107; G = X = 200.(2^3 - 1) = 1400.$$

Câu 67: Đáp án A.

$$\text{Tổng số Nu của gen} = \frac{425.10}{3,4}.2 = 2500$$

$$\Rightarrow A + T + G + X = 2500.$$

$$\text{Ta có: } \%A = \%T = \frac{40\%}{2} = 20\%;$$

$$\%G = \%X = \frac{100\% - 40\%}{2} = 30\%$$

$$\Rightarrow A = T = 0,2.2500 = 500; G = X = 0,3.2500 = 750.$$

Xét mạch 1 có: $A_1 = A - T_1 = 500 - 220 = 280$;

$$X_1 = 0,2.\frac{N}{2} = 0,2.\frac{2500}{2} = 250;$$

$$\Rightarrow G_1 = \frac{N}{2} - A_1 - T_1 - X_1 = \frac{2500}{2} - 280 - 220 - 250 = 500$$

⇒ Mạch 2 của gen có:

$$A_2 = T_1 = 220; T_2 = A_1 = 280;$$

$$G_2 = X_1 = 250; X_2 = G_1 = 500$$

Xét từng phát biểu:

(1) Mạch 1 của gen có $G/X = 500/250 = 2$

⇒ SAI.

(2) Mạch 2 của gen có

$$(A + X)/(T + G) = (220 + 500)/(280 + 250) = 72/53$$

⇒ SAI.

(3) Mạch 2 của gen có $G/T = 250/280 = 25/28$

⇒ ĐÚNG.

(4) Mạch 2 của gen có số Nu loại X chiếm $500/1250 = 0,4$ ⇒ SAI.

Vậy có 1 ý đúng.

Câu 68: Đáp án D.

Số Nu của gen = 1500.2 = 3000.

$$\Rightarrow A = T = 0,15.3000 = 450; G = X = 1500 - 450 = 1050.$$

Xét mạch 1 của gen có: $A_1 = A - T_1 = 450 - 150 = 300$;

$$G_1 = 0,3.1500 = 450; X_1 = 1500 - 300 - 150 - 450 = 600.$$

Mạch 2 của gen có:

$$A_2 = T_1 = 150; T_2 = A_1 = 300;$$

$$G_2 = X_1 = 600; X_2 = G_1 = 450.$$

Xét các phát biểu:

(1) Mạch 1 của ge có $G/X = 450/600 = 3/4 \Rightarrow$ ĐÚNG.

(2) Mạch 1 của gen có $A+G = 300 + 450 = 750$;

$$T + X = 150 + 600 = 750.$$

$\Rightarrow$ Mạch 1 có $(A+G) = (T+X) \Rightarrow$ ĐÚNG.

(3) Mạch 2 của gen có $T = 300$; $A = 150$.

$\Rightarrow$ Mạch 2 có $T = 2A \Rightarrow$ ĐÚNG.

(4) Mạch 2 của gen có $(A+X)/(T+G)$

$$= (150 + 450)/(300 + 600) = 600/900 = 2/3 \Rightarrow$$
 ĐÚNG.

Vậy có 4 ý đúng.

Câu 69: Đáp án B.

Vì $G = 40\%N \Rightarrow A+X+U = 60\%N$.

$$\Rightarrow N = \frac{900}{0,6} = 1500 \Rightarrow G = 600.$$

Vậy số nucleotit từng loại trong vùng mã hóa của gen mã hóa cho phân tử mRNA là:

$$A = T = 300 + 450 = 750$$

$$G = X = 600 + 150 = 750$$

Câu 70: Đáp án C.

Số lần nhân đôi của gen:

- Số mạch đơn của các gen con được hình thành:

$$14 + 2 = 16$$

- Mỗi gen có 2 mạch đơn suy ra số gen con được hình thành: $16:2 = 8 = 2^3$

Số lần nhân đôi là 3. Vậy 1 sai.

Hai mạch đơn chứa các nucleotit không đánh dấu là hai mạch khuôn của gen ban đầu.

- Số nucleotit mỗi loại ban đầu:

$$A = T = 480 + 360 = 840.$$

$$G = X = 240 + 120 = 360.$$

Vậy 4 đúng.

- Số liên kết hidro bị phá vỡ qua quá trình nhân đôi 3 lần của gen: $(2^3 - 1)H = 19320$ liên kết

Vậy 2 sai.

- Số liên kết hóa trị trong gen ban đầu:

$$2N - 2 = (840 + 360).2 - 2 = 4798 \text{ liên kết.}$$

Vậy 3 đúng.

Câu 71: Đáp án D.

Alen B có: $2A + 3G = 2100$

$$\Rightarrow \text{số Nu loại } T = A = 750 \text{ (Nu)}; G = X = 200 \text{ (Nu)},$$

$$N = 1900 \text{ (Nu)}$$

$$\Rightarrow \text{Chiều dài alen: } B = \frac{1900}{2} \times 3,4 = 323 \text{ (nm)}$$

$$\text{Alen b có tổng số Nu: } N = \frac{2720}{3,4} \times 2 = 1600 \text{ (Nu)}$$

$$\Rightarrow 2A + 2G = 1600 \text{ và } 2A + 3G = 2101$$

$\Rightarrow$ Số Nu từng loại là:

$$A = T = 299 \text{ (Nu)} \text{ và } G = X = 501 \text{ (Nu)}.$$

(1) Sai. Do độ dài của alen B lớn hơn độ dài alen b.

(2) Sai. Khi ta so sánh các loại Nu trong 2 alen thì ta thấy có sự chênh lệch số lượng nhiều giữa các loại Nu trước và sau khi đột biến $\Rightarrow$ đột biến liên quan đến nhiều cặp Nu, chứ không phải đột biến điểm.

(3) Đúng.

(4) Sai. do $\frac{A}{G}$ của alen b = $\frac{299}{501} \approx \frac{1}{2}$ khác với tỉ lệ $\frac{5}{3}$

Câu 72: Đáp án B.

Nhận xét: đáp án B là đáp án đúng.

Do số nu U môi trường cung cấp phải chia hết cho số nu U của mRNA (vì số mRNA là số tự nhiên dương)

Mạch 2 của gen:

$$A_2 = 15\% \times 1200 = 180, G_2 = 180 \times 2 = 360 = X_1$$

$$A_2 = T_1 = 180, A_1 = 180 + 20\% \times 1200 = 420$$

$$\Rightarrow G_1 = 1200 - 420 - 180 - 360 = 240$$

Số lượng từng loại nu trên mRNA là:

$$A = 420; U = 180; X = 360; G = 240$$

Câu 73: Đáp án B.

Gen B: $A + G = 1200$; $A = 3G$

$$\Rightarrow A = T = 900; G = X = 300.$$

Theo đề bài: Gen B bị đột biến thành alen b, alen b có chiều dài không đổi nhưng số lượng liên kết hidro giảm 1 liên kết. Từ đó, ta suy ra đột biến điểm xảy ra chính là dạng đột biến thay thế cặp G-X bằng cặp A-T. Do đó, alen b có $A = T = 901$; $G = X = 299$.

Tổng số liên kết hidro của alen b

$$= 2A + 3G = 2.901 + 3.299 = 2699 \text{ liên kết.}$$

Vậy 1, 2, 4 sai; 3, 5 đúng.

Câu 74: Đáp án D.

Cứ mỗi axit amin được mã hóa bằng 1 mã bộ ba, để tính được tổng số nucleotit chúng ta cần tính tổng số nucleotit tạo nên các axit amin cấu tạo nên protein hoàn chỉnh và axit amin mở đầu, mã kết thúc.

Tổng số nucleotit của mRNA là:

$$(50 + 70 + 80 + 90 + 100 + 105) \times 3 + 6 = 1491$$

Trên phân tử mRNA này mã hóa:

$$50 \text{ xerin} \leftrightarrow 50 \times (2U + 1X)$$

$$90 \text{ cystein} \leftrightarrow 90 \times (2U + 1G)$$

$$70 \text{ prolin} \leftrightarrow 70 \times 3X$$

$$100 \text{ tyrosin} \leftrightarrow 100 \times (1A + 2U)$$

$$80 \text{ tryptophan} \leftrightarrow 80 \times (1U + 2G)$$

$$105 \text{ leucin} \leftrightarrow 105 \times (2U + 1G)$$

Và mã kết thúc: UAA, mã mở đầu: AUG

Mã kết thúc không tham gia dịch mã nhưng vẫn được tính vào số nu của mRNA

Vậy trên mRNA có số lượng nu là:

$$A = 100A + 2A + 1A = 103$$

$$U = 2 \times 50U + 80U + 90 \times 2U + 100 \times 2U + 105 \times 2U + 1U + 1U = 772$$

$$G = 80 \times 2G + 90G + 105G + 1G = 356$$

$$X = 70 \times 3X + 50X = 260$$

Câu 75: Đáp án A.

Gen 1: trên mạch 1 có: A: T: G: X = 1: 2: 3: 4.

→ Trên toàn gen có tỉ lệ:

$$A = T = (1+2)/2 = 1,5$$

$$G = X = (3+4)/2 = 3,5$$

Gen 2: trên mạch 2 có A = T/2 = G/3 = X/4

↔ A: T: G: X = 1: 2: 3: 4

→ Trên toàn gen có tỉ lệ A = T = 1,5; G = X = 3,5

Vậy đoạn ADN này có tỉ lệ từng loại nucleotide là:

$$A = T = 15\% \text{ và } G = X = 35\%$$

Câu 76: Đáp án C.

- Số nuclêôtit của gen khi chưa đột biến:

$$+ N = (199 + 1) \times 6 = 1200 \text{ nuclêôtit}$$

$$+ \begin{cases} 2A + 2G = 1200 \\ A = 0,6G \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} A = T = 225 \\ G = X = 375 \end{cases}$$

- Số nuclêôtit của gen đột biến.

+ Do chiều dài của gen đột biến không thay đổi so với gen chưa đột biến, ta có N = 1200

$$+ \begin{cases} 2A + 2G = 1200 \\ A = 0,6043G \end{cases} \rightarrow \begin{cases} A = T = 226 \\ G = X = 374 \end{cases}$$

→ Gen đột biến:

$$A = T = 225 + 1 = 226; G = X = 375 - 1 = 374$$

→ Thay thế 1 cặp G - X bằng 1 cặp A - T.

Câu 77: Đáp án A.

Số lượng nucleotit trong gen D và d là: $\frac{5100}{3,4} \times 2 = 3000$

Số phân tử ADN được tạo ra từ quá trình nhân đôi là: $\frac{93000}{3000} = 31$

Số lần nhân đôi là $31 + 1 = 2^5 \rightarrow$ phân tử ADN nhân đôi 5 lần.

$$\text{Số lượng T của gen D là: } \frac{21731}{31} = 701$$

$$\text{Số lượng G của gen D là } X = G = 799$$

$$\text{Số lượng G của gen d là: } \frac{24800}{31} = 800$$

→ Đột biến D thành d là đột biến thay thế cặp T-A thành cặp G-X → A sai

Câu 78: Đáp án B.

- Vì sau đột biến phân tử protein giảm một aa và xuất hiện hai aa mới chứng tỏ gen đã xảy ra đột biến mất ba cặp Nu ở ba bộ ba liên tiếp nhau.

- Vì mất Nu nên chiều dài của gen đột biến sẽ ngắn hơn chiều dài của gen ban đầu.

- Chiều dài của gen đột biến là:

$$(1170 - 3 \times 2) : 2 \times 3,4 = 1978,8 \text{ Å}$$

⇒ Có 3 ý đúng là 1,2,3.

Câu 79: Đáp án C.

- Ở phương án 1, mất một cặp nuclêôtit X-G ở vị trí thứ 16 tính từ đầu 5' thì chuỗi polipeptit biến đổi thành: 5'TAX - AAG - GAG - AAT - GTT - XA - ATG - XGG - GXG - GXX - GAA - XAT3'

Nên tạo ra bộ ba 3'AXT5' tại vị trí bộ ba thứ 7 tính từ đầu 3' trên mạch gốc tương ứng với 5'UGA3' nên sẽ kết thúc chuỗi tại vị trí này.

- Ở phương án 2, thay thế một cặp nuclêôtit X-G ở vị trí thứ 16 tính từ đầu 5' bằng một cặp nuclêôtit T-A thì chuỗi polipeptit biến đổi thành: 5'TAX - AAG - GAG - AAT - GTT - TXA - ATG - XGG - GXG - GXX - GAA - XAT3'

Nên tạo ra bộ ba 3'AXT5' tại vị trí bộ ba thứ 7 tính từ đầu 3' trên mạch gốc tương ứng với 5'UGA3' nên sẽ kết thúc chuỗi tại vị trí này.

- Ở phương án 3, thay thế một cặp nuclêôtit X-G ở vị trí thứ 17 tính từ đầu 5' bằng một cặp nuclêôtit T-A. 5'TAX - AAG - GAG - AAT - GTT - XTA - ATG - XGG - GXG - GXX - GAA - XAT3'

Nên tạo ra bộ ba 3'ATX5' tại vị trí bộ ba thứ 7 tính từ đầu 3' trên mạch gốc tương ứng với 5'UAG3' nên sẽ kết thúc chuỗi tại vị trí này.

- Ở phương án 4, thay thế một cặp nuclêôtit G-X ở vị trí thứ 21 tính từ đầu 5' bằng một cặp nuclêôtit X-G. 5'TAX - AAG - GAG - AAT - GTT - XXA - ATX - XGG - GXG - GXX - GAA - XAT3'

Trường hợp này chỉ làm có thể làm thay đổi một bộ ba bình thường thành một bộ ba bình thường khác nên không phù hợp.

Câu 80: Đáp án B.

Gen A có $153 \text{ nm} = 1530 \text{ Å}$ và 1169 Å

→ Số nucleotide của gen = $1530 : 3,4 \times 2 = 900$,

$$2A + 2G = 900, 2A + 3G = 1169$$

$$\rightarrow G = 269; A = T = 181.$$

Trong hai lần nhân đôi của cặp Aa, tạo ra các gen con, môi trường cung cấp A = 1083 → số nu loại A của kiểu gen Aa: $1083 : (2^2 - 1) = 361 \rightarrow$ số nu của alen a: A = 180.

Môi trường cung cấp số nu loại G = 1617 → tổng số nucleotide G của kiểu gen Aa là $1617 : (2^2 - 1) = 539$, số nu của alen a: G = 270.

Nhận xét: Alen a có A-T giảm 1, G-X tăng 1 → đột biến dạng thay thế 1 cặp A-T bằng 1 cặp G-X.