



ĐẠI HỌC
HOA SEN

www.hoasen.edu.vn

SỔ TAY SINH HỌC

$rAtd = Tgốc; rUtd = Agốc$
 $rGtd = Xgốc; rXtd = Ggốc$

Số liên kết hóa trị = $n - 1 + n = 2 \cdot n - 1$

Số liên kết hóa trị = $n - 1 + n = 2 \cdot n - 1$

Số phân tử ADN = số liên kết của gen

$rNtd = \frac{N}{2}$

Σ

H bị đứt = H của ADN

$rN =$

$\Sigma rGtd = x$
 $\Sigma rXtd = x$
 $\Sigma rGtd = x$
 $\Sigma rXtd = x$

ADN (dùng mạch 2 của ADN làm mạch gốc)

TÀI LIỆU THAM KHẢO

(Lưu hành nội bộ)

MÔI TRƯỜNG & TƯƠNG LAI

Môi trường bền vững sẽ tạo đà phát triển cho các hệ số hạ tầng kinh tế, an sinh xã hội, giáo dục... Vì vậy, toàn nhân loại cần hợp sức gìn giữ môi trường trước những tác động tiêu cực của hiện tượng biến đổi khí hậu. Đây cũng chính là lý do mà Nghị định thư Kyoto, Hội nghị hàng năm về biến đổi khí hậu của Liên hiệp quốc, Hội nghị nhóm công tác ASEAN về biến đổi khí hậu... lần lượt ra đời.

Tại Việt Nam, cùng với mục đích trên, hàng loạt những tổ chức phi chính phủ đã xuất hiện như Trung tâm môi trường và phát triển nguồn lực cộng đồng (CECAD), Tổ chức Enda Việt Nam, Mạng lưới các tổ chức phi chính phủ Việt Nam và biến đổi khí hậu (VNGO&CC)...

Còn bạn... Bạn sẽ làm gì để bảo vệ lá phổi xanh của chúng ta?

HỌC ĐỂ GIỮ LẤY MÀU XANH CỦA TRÁI ĐẤT

Bạn hãy nghĩ về những điều bạn sẽ học được từ các trường Đại học chuyên sâu về lĩnh vực môi trường được áp dụng trong các dự án của riêng bạn. Chẳng hạn khi theo học ngành học này, bạn sẽ làm được gì, sẽ ứng dụng ra sao vào thực tiễn?

Đơn cử như khi theo học ngành Công nghệ kỹ thuật môi trường (chương trình Quản lý công nghệ môi trường) tại Đại học Hoa Sen, bạn sẽ nắm vững các nguyên lý cơ bản để quản lý các hệ thống bảo vệ môi trường hợp chuẩn với lợi ích cao nhất, đồng thời được đào tạo những tố chất chuyên nghiệp của một chuyên viên tư vấn thực thụ.

RỘNG MỞ TƯƠNG LAI

Sau khi ra trường, chức danh kỹ sư chuyên nghiên cứu và thiết kế các công nghệ xử lý môi trường hay chuyên gia tư vấn, giám sát và vận hành các công nghệ xử lý hiện đại sẽ là những vị trí đầy năng động dành cho bạn.

Để có được những cơ hội nghề nghiệp hấp dẫn đó, bạn phải tự rèn luyện cho mình những thuật toán Sinh từ cơ bản đến nâng cao ngay từ bây giờ. Đừng quá lo lắng trước giờ ôn tập môn Sinh đầy cam go phía trước, bởi lẽ Đại học Hoa Sen sẽ thân tặng bạn Sổ tay Sinh học bao gồm phần tổng hợp kiến thức và công thức toán Sinh, giúp bạn có sự chuẩn bị tốt nhất cho kỳ thi Đại học - Cao đẳng 2012.



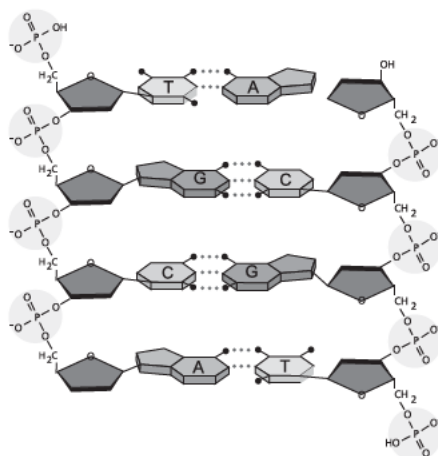
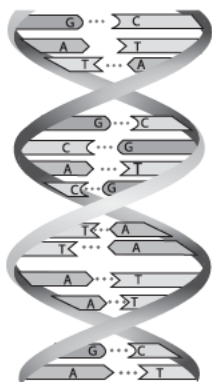
Ngành

CÔNG NGHỆ KỸ THUẬT MÔI TRƯỜNG

Sổ tay này sẽ là một hành trang hữu ích dành cho bạn và bạn hãy giữ lại để truyền tiếp cho các thế hệ đàn em nhé!

ÔN TẬP 1

VẬT CHẤT VÀ CƠ CHẾ DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ PHÂN TỬ



Phần I: CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

A. CẤU TRÚC ADN

1. Mỗi phân tử ADN là một chuỗi xoắn kép gồm 2 mạch đơn. Mỗi mạch đơn là một polymer (chất trùng hợp) gồm các đơn phân là các loại nucleotit A, T, G, X liên kết lại với nhau, mỗi vòng xoắn (chu kỳ xoắn) dài 34Å và gồm 10 cặp nucleotit.
2. Một đoạn ADN mang thông tin di truyền quy định cấu trúc của một loại protein được gọi là gen cấu trúc.



B. CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

1. Chuỗi xoắn kép của ADN duỗi ra và 2 mạch đơn tách ra ở 1 đầu (quá trình xảy ra tuần tự cho đến khi hai mạch tách rời nhau hoàn toàn). Mỗi mạch liên kết với các nucleotit tự do theo nguyên tắc bổ sung để trở thành 2 ADN con giống hệt ADN mẹ ban đầu.
2. Cơ chế này đảm bảo sự nhân đôi chính xác của ADN và nhiễm sắc thể, đồng thời truyền đạt thông tin di truyền từ thế hệ này sang thế hệ khác.

Phần II: CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

A. CẤU TRÚC ARN

1. Phân tử ARN là chuỗi xoắn đơn chỉ gồm 1 mạch, cấu thành từ 4 loại ribonucleotit: A, U, G, X. Có 3 loại ARN là: ARN thông tin (ARNm), ARN vận chuyển (ARNt), ARN riboxom (ARNr).
2. ARNm làm nhiệm vụ truyền đạt thông tin quy định cấu trúc của protein, cứ 3 ribonucleotit đứng kế cạnh trên ARNm là 1 bộ ba mã sao mã hoá cho 1 axit amin. Lưu ý phân tử ARNm hoàn thiện luôn có 1 bộ mã mở đầu (AUG hoặc GUG) và 1 mã kết thúc (UAA hoặc UAG hoặc UGA).

B. CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

1. Chuỗi xoắn kép ADN ở một gen cấu trúc nào đó dẫn xoắn và tách mạch, hai mạch đơn rời nhau ra. Chỉ 1 trong 2 mạch của đoạn gen này làm mạch mang mã gốc liên kết ribonucleotit tự do của môi trường theo nguyên tắc bổ sung để tạo nên chuỗi poliribonucleotit (ARNm).
2. Cơ chế này bảo đảm sự truyền đạt thông tin di truyền từ ADN trong nhân tế bào đến riboxom ở ngoài tế bào chất, đồng thời tạo ra các yếu tố trực tiếp tham gia vào quá trình tổng hợp protein.

Phần III: CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỔNG HỢP PROTEIN

A. CẤU TRÚC CỦA PROTEIN

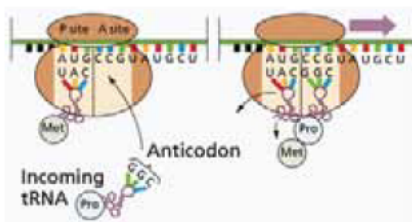
1. Mỗi phân tử protein là 1 hay nhiều chuỗi polipeptit, cấu thành từ hơn 20 loại axit amin.
2. Protein liên quan đến toàn bộ hoạt động sống của tế bào, làm biểu hiện thành các tính trạng và tính chất của cơ thể sinh vật.

B. CƠ CHẾ TỔNG HỢP PROTEIN

1. Riboxom đến tiếp xúc với ARNm ở vị trí mã mở đầu và chuyển dịch qua từng bộ ba mật mã trên ARNm. Trong khi đó, ARNt có bộ ba đối mã tương ứng mang axit amin tiến vào bổ sung với bộ ba mã sao. Sau khi bổ sung với bộ ba mã sao trên ARNm, axit amin mang trên ARNt sẽ được xúc tác bởi men đặc hiệu để thực hiện phản ứng liên kết peptit giữa 2 axit amin với nhau, đến đây ARNt hết nhiệm vụ sẽ tách khỏi ARNm đi vào tế bào chất để thực hiện một đợt vận chuyển axit amin khác. Các axit amin lần lượt nối nhau tạo thành chuỗi polipeptit. Đến khi riboxom trượt đến bộ ba mã sao cuối cùng là bộ ba mã kết

thức thì không có ARNt nào đến giải mã, riboxôm trượt qua mã kết thúc và chuỗi polipeptit rời khỏi riboxôm, đồng thời axit amin mở đầu (methionine) tách ra khỏi cấu trúc của polipeptit, chuỗi axit amin còn lại hình thành bậc cấu trúc cao hơn.

2. Cơ chế này bảo đảm protein luôn được đổi mới, mà vẫn giữ được cấu trúc đặc thù cho mỗi loại, do đó làm biểu hiện tính trạng đặc trưng của loài qua các thế hệ.



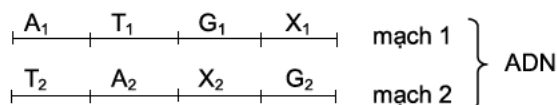
NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHẦN CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI ADN

I. CẤU TRÚC ADN

A. TÍNH SỐ NUCLEOTIT CỦA ADN:

1. Trong một mạch:

★ADN có hai mạch nên khi làm toán nên ghi chú rõ mạch 1, mạch 2 (và số nucleotit từng loại của mỗi mạch) trên sơ đồ như sau:



Hai mạch của ADN bổ sung nhau nên số nucleotit và chiều dài của 2 mạch bằng nhau.

★Dựa vào sơ đồ trên ta nhận thấy số nucleotit mỗi loại ở mạch 1 bằng số nucleotit loại bổ sung của mạch 2

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

2. Đối với cả 2 mạch:

★Tổng số nucleotit mỗi loại của cả ADN là số nucleotit loại đó ở cả 2 mạch.

$$\begin{aligned}
 A &= T = A_1 + A_2 = T_1 + T_2 = A_1 + T_1 = A_2 + T_2 \\
 G &= X = G_1 + G_2 = X_1 + X_2 = G_1 + X_1 = G_2 + X_2
 \end{aligned}$$

★Khi tính tỉ lệ thì lưu ý:

$$\begin{aligned}
 \%A &= \%T = \frac{\%A_1 + \%A_2}{2} = \frac{\%T_1 + \%T_2}{2} \\
 \%G &= \%X = \frac{\%G_1 + \%G_2}{2} = \frac{\%X_1 + \%X_2}{2}
 \end{aligned}$$

★Tổng số 2 loại nucleotit khác nhóm bổ sung luôn bằng phân nửa số nucleotit của ADN, hoặc bằng 50% số nucleotit của ADN.

★Một chu kỳ xoắn gồm 10 cặp nucleotit (= 20 nucleotit). Khi biết được số chu kỳ xoắn thì tổng số nucleotit của ADN là:

$$N = 20 \times \text{Số chu kỳ xoắn}$$

★Một nucleotit có khối lượng trung bình là 300 đơn vị carbon (C). Khi biết số nucleotit của ADN thì suy ra được khối lượng phân tử của ADN là:

$$\text{Khối lượng phân tử ADN} = \text{số nucleotit của ADN} \times 300$$

B. TÍNH CHIỀU DÀI

Chiều dài của ADN là chiều dài của một mạch đơn, chiều dài của 1 nucleotit là $3,4\overset{0}{\text{Å}}$. Do đó khi biết số nucleotit của 1 mạch của ADN thì chiều dài của ADN là:

$$L = \text{số nucleotit của một mạch ADN} \times 3,4\overset{0}{\text{Å}}$$

Các đơn vị thường dùng:

1 micromet (μm)	$= 10^4 \overset{0}{\text{anstrom (Å)}}$
1 micromet (μm)	$= 10^3 \text{nanomet (nm)}$
1 mm	$= 10^3 \mu\text{m} = 10^6 \text{nm} = 10^7 \overset{0}{\text{Å}}$

C. TÍNH SỐ LIÊN KẾT HYDRO VÀ SỐ LIÊN KẾT HOÁ TRỊ GIỮA ĐƯỜNG – PHOSPHAT (Đ – P)

1. Số liên kết hydro:

★ A mạch này nối với T ở mạch kia bằng 2 liên kết hydro, nên số liên kết hydro của các cặp A và T là: 2A (hoặc 2T)

★ G mạch này nối với X ở mạch kia bằng 3 liên kết hydro, nên số liên kết hydro của các cặp G và X là: 3G (hoặc 3X). Do đó số liên kết hydro của cả ADN là:

$$\text{Số liên kết hydro} = 2A + 3G \text{ (hoặc } 2T + 3X)$$

2. Số liên kết hoá trị Đ – P:

★ Trong mỗi mạch đơn 2 nucleotit đứng kế cận nhau nối với nhau bằng 1 liên kết cộng hóa trị,

3 nucleotit nối nhau bằng 2 liên kết cộng hóa trị, $\frac{N}{2}$ nucleotit nối nhau bằng $\frac{N}{2} - 1$ liên kết hóa trị.

Do đó tổng số liên kết hóa trị giữa Đ – P trong cả ADN (2 mạch) là: $2(\frac{N}{2} - 1)$

★ Trong mỗi nucleotit có 1 liên kết hóa trị gắn thành phần axit phosphoric vào thành phần đường. Do đó số liên kết hoá trị loại này có trong tất cả các nucleotit của phân tử ADN là N liên kết (N là số nucleotit của ADN).

Từ đó suy ra tổng số liên kết hóa trị Đ – P trong phân tử ADN là:

$$\text{Số liên kết hóa trị} = 2(\frac{N}{2} - 1) + N = 2(N - 1)$$

II. CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI ADN

A. TÍNH SỐ NUCLEOTIT TỰ DO CẦN DÙNG:

1. Qua một đợt tự nhân đôi (tự sao):

Khi phân tử ADN tự nhân đôi, hai mạch sau khi tách ra đều liên kết với các nucleotit tự do của môi trường, do đó:

★ Số nucleotit tự do mỗi loại cần dùng bằng số nucleotit mà nó bổ sung.

★ Số nucleotit tự do cần dùng bằng chính số nucleotit của ADN.

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (a đợt):

★ Tổng số ADN con:

* 1 phân tử ADN qua 1 đợt tự nhân đôi tạo ra $2 = 2^1$ ADN con.

* 1 phân tử ADN qua 2 đợt tự nhân đôi tạo ra $4 = 2^2$ ADN con.

* 1 phân tử ADN qua 3 đợt tự nhân đôi tạo ra $8 = 2^3$ ADN con.

Như vậy số ADN con tạo ra từ 1 ADN mẹ qua a đợt tự nhân đôi là: 2^a

Nhận xét: trong tổng số ADN con tạo ra luôn vẫn có 2 phân tử ADN con mà trong mỗi ADN con này chứa 1 mạch cũ của phân tử ADN ban đầu. Do đó số ADN con còn lại có cả 2 mạch cấu thành hoàn toàn từ nucleotit mới của môi trường nội bào $\Rightarrow$ Số ADN con có 2 mạch đều mới = $2^a - 2$.

★ Tính số nucleotit tự do cần dùng: Số nucleotit tự do cần dùng khi ADN trải qua a đợt tự nhân đôi bằng tổng số nucleotit sau cùng có trong các ADN con trừ cho số nucleotit ban đầu của ADN mẹ, trong đó:

* Tổng số nucleotit sau cùng trong các ADN con: $N.2^a$

* Số nucleotit ban đầu của ADN mẹ: N

Do đó tổng số nucleotit tự do cần dùng cho 1 phân tử ADN qua a đợt tự nhân đôi là:

$$\text{Tổng số nucleotit tự do} = N.2^a - N = N(2^a - 1)$$

B. TÍNH SỐ LIÊN KẾT HYDRO HOẶC SỐ LIÊN KẾT HOÁ TRỊ Đ-P ĐƯỢC HÌNH THÀNH HOẶC BỊ PHÁ VỠ:

1. Qua một đợt tự nhân đôi (tự sao):

★ Số liên kết hydro bị phá vỡ và số liên kết hydro được hình thành: Khi ADN tự nhân đôi:

* Giữa 2 mạch của ADN các liên kết hydro giữa 2 mạch đều bị phá vỡ, nên số liên kết hydro bị phá vỡ bằng tổng số liên kết hydro của ADN $\Rightarrow H \text{ bị đứt} = H_{\text{ADN}}$

* Có 2 phân tử ADN con được hình thành nên số liên kết hydro được hình thành là tổng số liên kết hydro của 2 ADN con $\Rightarrow H \text{ hình thành} = 2 \cdot H_{\text{ADN}}$

★ Số liên kết hoá trị được hình thành: trong quá trình tự nhân đôi của 1 ADN tạo 2 ADN con, trong đó một mạch của mỗi một ADN con giữ nguyên, mạch mới tạo ra theo nguyên tắc bổ sung được liên kết hoá trị để hình thành 2 mạch mới. Do đó số liên kết hoá trị được hình thành bằng số liên kết hoá trị nối các nucleotit với nhau trong 2 mạch của ADN.

$$\text{Liên kết hóa trị hình thành} = 2\left(\frac{N}{2} - 1\right) = N - 2 \quad (N \text{ là số nucleotit của ADN})$$

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (a đợt):

★ Tổng số liên kết hydro bị phá vỡ và tổng số liên kết hydro được hình thành:

* Tổng số ADN con hình thành qua a đợt tự nhân đôi là 2^a phân tử.

* Tổng số ADN mới hoàn toàn là $2^a - 1$ (1 là phân tử ADN ban đầu)

* Tổng số liên kết hydro bị phá vỡ khi hình thành các ADN con mới là: $H(2^a - 1)$

* Tổng số liên kết hydro được hình thành là tổng số liên kết hydro trong tất cả các ADN con: $H.2^a$

★ Tổng số liên kết hoá trị được hình thành: Liên kết hoá trị được hình thành là những liên kết hoá trị nối các nucleotit tự do lại thành chuỗi mạch nucleotit mới.

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

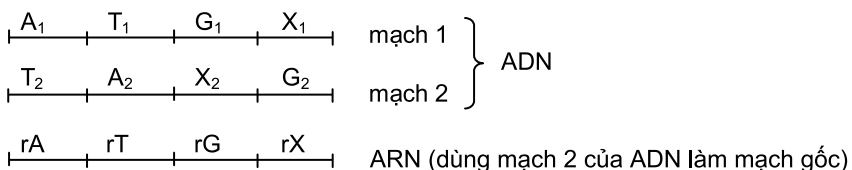
* Số mạch mới được tạo ra trong các ADN con là $2.2^a - 2$, do đó tổng số liên kết hoá trị được

$$\text{hình thành là: } \left(\frac{N}{2} - 1\right)(2.2^a - 2) = (N - 2)(2^a - 1).$$

NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHẦN CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

I. Cấu trúc ARN

A. TÍNH SỐ RIBONUCLEOTIT CỦA ARN: (phải vẽ sơ đồ khi làm toán)



- ★ ARN gồm 4 loại ribonucleotit, A, U, G, X và được tổng hợp từ 1 trong hai mạch của ADN dựa theo nguyên tắc bổ sung. Do đó số ribonucleotit của ARN bằng số nucleotit của 1 mạch ADN.
Số ribonucleotit của ARN = số nucleotit của một mạch của gen.

- ★ Số ribonucleotit của mỗi loại trong phân tử ARN (A, U, G, X) bằng chính số nucleotit mỗi loại trên mạch gốc của ADN.

$$rA = T_{\text{gốc}}; rG = X_{\text{gốc}}; rU = A_{\text{gốc}}; rX = G_{\text{gốc}}$$

Lưu ý: căn cứ trên số ribonucleotit bổ sung của một loại nào đó trên ARN có thể suy ra mạch nào của gen là mạch gốc.

- ★ Một ribonucleotit có khối lượng trung bình là 300 đơn vị C. Khi biết khối lượng của ARN thì số ribonucleotit của nó sẽ là:

$$rN = \frac{\text{Khối lượng phân tử}}{300}$$

B. TÍNH CHIỀU DÀI VÀ SỐ LIÊN KẾT HÓA TRỊ Đ-P CỦA ARN:

- ★ Tính chiều dài: ARN có tổng ribonucleotit là rN, độ dài của 1 ribonucleotit là $3,4\text{\AA}$, do đó chiều dài của ARN là: Chiều dài l = $rN \cdot 3,4\text{\AA}$ (Lưu ý: chiều dài của ARN cũng chính là chiều dài gen (ADN) tổng hợp ra nó).

- ★ Tính số liên kết hóa trị Đ-P:

+ Trong mạch ARN: cứ 2 ribonucleotit nối nhau bằng 1 liên kết hóa trị giữa H_3PO_4 của carbon C_5 với C_3 của đường ribose, do đó để tạo thành một mạch ARN gồm tổng số rN sẽ có số liên kết hóa trị giữa Đ-P là:

$$rN - 1$$

+ Trong mỗi một ribonucleotit đã sẵn có 1 liên kết giữa H_3PO_4 với C_5 của đường ribose, do đó trong tổng số rN sẽ có rN mỗi liên kết hóa trị này giữa Đ-P. Như vậy tổng số liên kết hóa trị giữa Đ-P của ARN là:

$$\text{Số liên kết hóa trị} = rN - 1 + rN = 2 \cdot rN - 1$$

II. CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN:

A. TÍNH SỐ RIBONUCLEOTIT TỰ DO CẦN DÙNG:

1. Qua một lần sao mã:

- ★ Dựa trên nguyên tắc bổ sung số ribonucleotit tự do mỗi loại cần dùng khi sao mã tạo ARN bằng số nucleotit loại mà nó bổ sung trên mạch gốc ADN. Từ đó ta có:

$$\begin{aligned} rA_{\text{td}} &= T_{\text{gốc}}; rU_{\text{td}} = A_{\text{gốc}} \\ rG_{\text{td}} &= X_{\text{gốc}}; rX_{\text{td}} = G_{\text{gốc}} \end{aligned}$$

Lưu ý: Khi biết số ribonucleotit tự do của một loại nào đó cần dùng, và số nucleotit loại bổ sung ở mạch ADN nào đó bằng với số ribonucleotit này thì có thể suy ra mạch đó là mạch gốc

- ★ Số ribonucleotit tự do các loại cần dùng bằng số nucleotit của một mạch ADN

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

2. Qua nhiều lần sao mã (x lần):

- ★ Mỗi lần sao mã tạo nên một phân tử ARN, do đó số phân tử sinh ra từ một gen bằng số lần sao mã của gen đó.

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

- ★ Khi qua x lần sao mã tạo thành các phân tử ARN thì tổng số ribonucleotit tự do cần dùng sẽ là:

$$\begin{aligned} \Sigma rA_{\text{td}} &= x \cdot rA = x \cdot T_{\text{gốc}}; \Sigma rG_{\text{td}} = x \cdot rG = x \cdot X_{\text{gốc}} \\ \Sigma rU_{\text{td}} &= x \cdot rU = x \cdot A_{\text{gốc}}; \Sigma rX_{\text{td}} = x \cdot rX = x \cdot G_{\text{gốc}} \end{aligned}$$

B. TÍNH SỐ LIÊN KẾT HYDRO VÀ LIÊN KẾT HÓA TRỊ Đ – P

1. Qua một lần sao mã:

- ★ Trong quá trình tổng hợp ARN, 2 mạch của gen hay ADN tách rời nhau làm đứt các liên kết hydro của ADN. Do đó số liên kết hydro bị đứt bằng số liên kết hydro trong ADN.

$$H \text{ bị đứt} = H \text{ của ADN}$$

- ★ Khi tiếp nhận ribonucleotit tự do bổ sung vào nucleotit mạch gốc của gen để tạo thành ARN, các liên kết hydro được hình thành. Do đó các liên kết hydro được hình thành này bằng với số liên kết hydro của ADN. Sau khi hình thành ARN tách rời khỏi mạch gốc của gen, các liên kết hydro này lại bị đứt. Từ đó ta có:

$$H \text{ đứt} = H \text{ hình thành} = H \text{ của gen (ADN)}$$

- ★ Trong quá trình các ribonucleotit tự do đến bổ sung với mạch gốc của gen để tạo thành mạch ARN, chúng lần lượt nối với nhau bằng liên kết hóa trị Đ – P. Do đó số liên kết hóa trị được hình thành bằng số liên kết hóa trị Đ – P trong 1 mạch của ADN:

$$\text{Liên kết hóa trị hình thành} = rN - 1$$

2. Qua nhiều lần sao mã (x lần):

Khi qua x lần sao mã thì có x ARN tạo ra và có:

- + Số liên kết hydro bị phá vỡ = x . số liên kết hydro của gen
- + Số liên kết hóa trị hình thành = x . số liên kết hóa trị của một mạch gen = x(rN – 1)

C. THỜI GIAN SAO MÃ

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

2. **Thời gian sao mã:**

- ★ Thời gian sao mã cho một lần tổng hợp ARN = thời gian tiếp nhận 1 ribonucleotit x số ribonucleotit của ARN hoặc nếu đã biết tốc độ sao mã thì:

$$\text{Thời gian sao mã} = \frac{rN}{\text{tốc độ sao mã}}$$

- ★ Thời gian sao mã cho nhiều lần (x lần)

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

$$\text{Thời gian sao mã x lần} = x \cdot \text{thời gian sao mã 1 lần}$$

+ Nếu thời gian sao mã giữa 2 lần sao mã liên tiếp đáng kể là Δt , thời gian sao mã x lần là:

$$\text{Thời gian sao mã x lần} = x \cdot \text{thời gian sao mã 1 lần} + (x - 1)\Delta t$$

NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHẦN CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỔNG HỢP PROTEIN

I. CẤU TRÚC PROTEIN

A. TÍNH SỐ BỘ BA MẬT MÃ – SỐ AXIT AMIN

- ★ Cứ 3 nucleotit kế tiếp nhau trên mạch gốc của gen hợp thành một bộ ba mã gốc – 3 ribonucleotit kế tiếp nhau trên mạch ARNm hợp thành 1 bộ ba mã sao. Do số ribonucleotit của ARNm bằng số nucleotit của mạch gốc gen, nên số bộ ba mã sao trên ARNm bằng số bộ ba mã gốc trên gen.

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

- ★ Trong số bộ ba mã gốc của gen cũng như số bộ ba mã sao của ARNm có 1 bộ ba mã kết thúc không mã hóa cho axit amin. Các bộ ba còn lại mã hóa cho axit amin.

$$\text{Số bộ ba có mã hóa axit amin} = \frac{N}{2.3} - 1 = \frac{rN}{3} - 1$$

- ★ Mã mở đầu tuy có mã hóa cho axit amin (Methionin), nhưng axit amin này không tham gia vào cấu trúc của phân tử protein. Do đó số axit amin thật sự của phân tử protein là:

$$\text{Số axit amin của phân tử protein} = \frac{N}{2.3} - 2 = \frac{rN}{3} - 2$$

B. TÍNH SỐ LIÊN KẾT PEPTIT CỦA PHÂN TỬ PROTEIN

Cứ 2 axit amin kề nhau nối với nhau bằng 1 liên kết peptit; 3 axit amin nối nhau bằng 2 liên kết peptit. ...

Nếu phân tử protein có x axit amin thì số liên kết peptit sẽ là:

$$\text{Số liên kết peptit} = x - 1$$

II. CƠ CHẾ TỔNG HỢP PROTEIN

A. TÍNH SỐ AXIT AMIN TỰ DO CẦN DÙNG

Trong quá trình giải mã để tổng hợp protein, các mã sao nào có ý nghĩa (có mã hóa cho axit amin) thì sẽ được ARN vận chuyển mang axit amin đến giải mã.

1. Trường hợp tổng hợp 1 phân tử protein:

- ★ Riboxom chuyển dịch từ mã mở đầu cho đến mã kết thúc hình thành chuỗi polipeptit. Số axit amin tự do cần dùng ARN vận chuyển mang đến để giải mã cho các bộ ba mã sao có ý nghĩa, như vậy chỉ có mã kết thúc không có ý nghĩa là không giải mã. Do đó số axit amin tự do cần dùng cho mỗi lần tổng hợp chuỗi polipeptit là:

$$\text{Số axit amin tự do cần dùng} = \frac{N}{2.3} - 1 = \frac{rN}{3} - 1$$

- ★ Sau khi chuỗi polipeptit hình thành rời khỏi riboxom, thì axit amin tương ứng với mã khởi đầu (methionin) tách ra khỏi chuỗi polipeptit. Do đó số axit amin tự do cần dùng để cấu thành phân tử protein là:

$$\text{Số axit amin tự do dùng để cấu thành protein hoàn chỉnh} = \frac{N}{2.3} - 2 = \frac{rN}{3} - 2$$

2. Trường hợp tổng hợp nhiều phân tử protein:

- ★ Trong quá trình giải mã, tổng hợp protein, mỗi lượt chuyển dịch của riboxom trên ARNm tạo thành 1 chuỗi polipeptit. Từ đó ta có thể suy ra các hệ quả:

+ Nếu có n riboxom trượt qua trên ARNm (không trở lại) $\Rightarrow$ số phân tử protein tạo ra = số lượt trượt của riboxom.

+ Nếu 1 gen sao mã nhiều lần (x lần), tạo x phân tử ARNm cùng loại. Mỗi một ARNm có n riboxom trượt qua thì quá trình giải mã x phân tử ARNm sẽ tạo ra số phân tử protein là:

$$\text{Tổng số phân tử protein tạo ra} = x \cdot n$$

+ Tổng số axit amin tự do tham gia vào quá trình giải mã vừa để tạo ra các protein cấu trúc vừa để giải mã mở đầu, do đó:

- Tổng số axit amin tự do cần dùng để giải mã (bao gồm số axit amin tham gia vào cấu trúc các phân tử protein và số axit amin của mã mở đầu):

$$\text{Tổng số axit amin tự do} = \text{tổng số phân tử protein} \cdot \left(\frac{rN}{3} - 1\right) = x \cdot n \cdot \left(\frac{rN}{3} - 1\right)$$

- Tổng số axit amin tham gia vào cấu trúc thật sự các phân tử protein để thực hiện chức năng sinh học (không tính mã mở đầu):

$$\text{Tổng số axit amin tham gia cấu trúc protein} = \text{tổng số phân tử protein} \cdot \left(\frac{rN}{3} - 2\right)$$

B. TÍNH SỐ PHÂN TỬ NƯỚC, SỐ LIÊN KẾT PEPTIT

- ★ Cứ 2 phân tử axit amin thì có 1 liên kết peptit được hình thành và giải phóng ra 1 phân tử nước. Do đó để giải mã 1 phân tử protein tạo ra số liên kết peptit và giải phóng số phân tử nước là:

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

★ Tổng số phân tử nước giải phóng và số liên kết peptit tạo ra trong quá trình tổng hợp nhiều phân tử protein là:

$$\text{Tổng số phân tử H}_2\text{O giải phóng} = \text{tổng số liên kết peptit} = \text{số phân tử protein} \cdot \left(\frac{rN}{3} - 2\right)$$

★ Khi các phân tử protein (các chuỗi polipeptit) được tạo ra hoàn chỉnh sẵn sàng tham gia vào các quá trình sinh học thì axit amin mở đầu tách ra, do đó:

- Trong 1 phân tử protein, số liên kết peptit thật sự tham gia trong cấu trúc của phân tử protein là:

$$\text{Số liên kết peptit thực sự của 1 protein} = \frac{rN}{3} - 3 = \text{số axit amin} - 1$$

- Trong nhiều phân tử protein (n phân tử), số liên kết peptit là:

$$\text{Tổng số liên kết peptit thực sự của n protein} = n \cdot \left(\frac{rN}{3} - 3\right) = n \cdot (\text{số axit amin} - 1)$$

C. TÍNH SỐ ARN VẬN CHUYỂN (ARNt)

Trong quá trình giải mã tổng hợp protein, mỗi một phân tử ARNt mang đến riboxom 1 axit amin, từ đó ta có thể suy ra các hệ quả:

- Một phân tử ARNt có thể đến riboxom giải mã 1 hay nhiều lần, nếu có x phân tử đến riboxom giải mã n lần thì số axit amin do chúng mang lại là: $x \cdot n$
- Tổng số axit amin cần dùng sẽ là: tổng số các đợt (1, 2, 3, ... n đợt) các ARNt (x, y, z, ...) đến riboxom giải mã.

D. SỰ DI CHUYỂN RIBOXOM TRÊN ARNm

1. Vận tốc riboxom:

★ Đây là đoạn đường riboxom đi được trên ARNm trong đơn vị thời gian 1 giây, từ đó ta có thể tính vận tốc này theo công thức:

$$v = \frac{\text{Chiều dài ARNm}}{\text{Thời gian riboxom trượt hết ARNm}} \quad (\text{Å/s})$$

★ Tốc độ giải mã của riboxom là số axit amin gắn thêm vào chuỗi polipeptit trong đơn vị thời gian 1 giây, từ đó ta có thể tính tốc độ giải mã bằng cách chia số bộ ba của ARNm cho thời gian trượt hết ARNm:

$$\text{Tốc độ giải mã} = \frac{\text{Số bộ ba của ARNm}}{\text{Thời gian riboxom trượt hết ARNm}}$$

2. Thời gian tổng hợp xong 1 phân tử protein

Khi riboxom trượt hết chiều dài phân tử ARNm qua bộ ba mã chấm câu (mã kết thúc) thì quá trình tổng hợp 1 phân tử protein kết thúc. Do đó thời gian tổng hợp 1 phân tử protein là thời gian riboxom trượt hết chiều dài ARNm:

$$\text{Thời gian tổng hợp 1 phân tử protein} = v = \frac{\text{Chiều dài ARNm}}{\text{Vận tốc của riboxom}}$$

3. Thời gian tổng hợp nhiều phân tử protein (n phân tử)

Kể từ khi riboxom đầu tiên bắt đầu tiếp xúc và trượt; Δt là khoảng thời gian chênh lệch giữa 2 riboxom kề nhau. Ta lần lượt có thời gian của từng riboxom được tính:

- Với Rb1: t
- Với Rb2: t + Δt
- Với Rb3: t + 2 Δt
- Với Rb4: t + 3 Δt
- Với Rbn: t + n Δt

E. TÍNH THỜI GIAN TỔNG HỢP CÁC PHÂN TỬ PROTEIN TRÊN ARNm

Mô tả quá trình:

+ Trên 1 phân tử ARNm có n riboxom trượt qua, thời gian để tổng hợp xong các phân tử protein (n phân tử) là thời gian ARNm đó tiếp xúc với các riboxom bao gồm:

- Thời gian riboxom thứ nhất tiếp xúc với ARNm cho đến khi nó rời khỏi ARNm (= thời gian tổng hợp xong 1 phân tử protein):

$$t = \frac{\text{Chiều dài ARNm}}{\text{Vận tốc của riboxom}} = \frac{1}{v}$$

- Thời gian kể từ khi riboxom thứ 1 rời khỏi ARNm đến khi riboxom cuối cùng (riboxom thứ n) rời khỏi ARNm, thời gian này bằng tổng khoảng cách thời gian giữa 2 riboxom kế tiếp:

$$t' = \Sigma \Delta t = \Delta t_1 + \Delta t_2 + \Delta t_3 + \dots + \Delta t_n$$

$$\text{Hoặc } t' = \frac{\Sigma \Delta l}{v} = \frac{\Delta l_1 + \Delta l_2 + \Delta l_3 + \dots + \Delta l_n}{v} \quad (\text{trong đó } \Delta l \text{ là khoảng cách giữa 2 riboxom kế tiếp})$$

- Từ đó ta có thời gian tổng hợp các phân tử protein trên 1 phân tử ARNm là:

$$T = t + t' = \frac{1}{v} + \frac{\Sigma \Delta l}{v}$$

+ Trên nhiều phân tử ARNm (có a phân tử ARNm)

- Nếu thời gian chuyển tiếp giữa ARNm này qua ARNm kế tiếp không đáng kể thì thời gian tổng hợp các phân tử protein của a phân tử ARNm là:

$$\Sigma T = a \cdot t + t'$$

- Nếu thời gian chuyển tiếp của riboxom từ ARNm này sang ARNm kế tiếp là đáng kể thì thời gian tổng hợp các phân tử protein của a phân tử ARNm là:

$$\Sigma T = a \cdot t + t' + (a - 1)\Delta T \quad (\text{với } \Delta T \text{ là khoảng thời gian chuyển tiếp giữa 2 phân tử ARNm})$$

F. TÍNH SỐ AXIT AMIN TỰ DO CẦN DÙNG ĐỐI VỚI CÁC RIBOXOM CÒN TIẾP XÚC VỚI ARNm

Trong quá trình tổng hợp protein, tổng số axit amin tự do cần dùng đối với các riboxom tiếp xúc với 1 ARNm là tổng số axit amin của dãy polipeptit mà mỗi riboxom đó giải mã được:

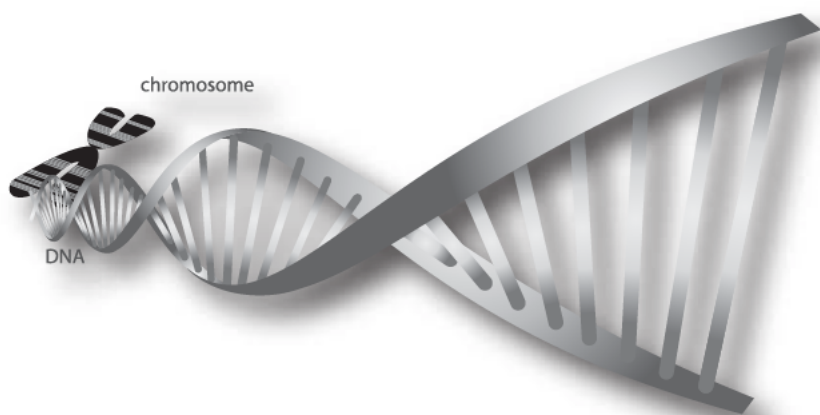
$$\text{Tổng số axit amin tự do} = a_1 + a_2 + \dots + a_n$$

Trong đó x = số riboxom; $a_1, a_2 \dots a_n$ là số axit amin của chuỗi polipeptit của $rb_1, rb_2 \dots rbn$.

Các riboxom cách đều nhau nên số axit amin của từng riboxom hợp thành 1 dãy cấp số cộng.

ÔN TẬP 2

DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ TẾ BÀO



Phần I: NHIỄM SẮC THỂ VÀ CƠ CHẾ NGUYÊN PHÂN

A. NHIỄM SẮC THỂ

1. Mỗi nhiễm sắc thể được cấu thành từ 1 phân tử ADN và các phân tử protein hình cầu gọi là histon. Sợi ADN quấn quanh các phân tử protein này tạo thành các đơn vị gọi là nucleosom.
2. Nhiễm sắc thể là vật chất di truyền ở cấp tế bào. Mỗi loài có bộ nhiễm sắc thể đặc trưng về số lượng hình dạng và cấu trúc của các nhiễm sắc thể. Và tính đặc trưng đó được ổn định nhờ các cơ chế nguyên phân, giảm phân và thụ tinh.

B. CƠ CHẾ NGUYÊN PHÂN

1. Nguyên phân là cách phân chia tế bào của hợp tử, tế bào sinh dưỡng và tế bào sinh dục sơ khai (ở vùng sinh sản).
2. Cơ chế này đảm bảo tính ổn định về số lượng và cấu trúc của nhiễm sắc thể qua các thế hệ tế bào của một cơ thể, đồng thời là cơ chế ổn định bộ nhiễm sắc thể đặc trưng của loài sinh sản vô tính.

Phần II: CƠ CHẾ GIẢM PHÂN VÀ THỤ TINH

1. Giảm phân là cách phân bào ở các loài sinh vật sinh sản hữu tính. Ở động vật, quá trình này xảy ra ở vùng chín của cơ quan sinh dục là tinh hoàn hay buồng trứng.
2. Thụ tinh là sự phối hợp của nhân 2 tế bào đơn bội (tinh trùng và trứng) tạo thành hợp tử để về sau sinh trưởng và phát triển thành cá thể mới. Trong thụ tinh, mỗi nhiễm sắc thể từ giao tử đực của cha tái tổ hợp với một nhiễm sắc thể tương ứng từ giao tử cái của mẹ thành từng cặp nhiễm sắc thể tương đồng trong hợp tử, dẫn tới khôi phục $2n$ nhiễm sắc thể đặc trưng cho thế hệ sau.
3. Giảm phân tạo ra nhiều loại giao tử chứa n nhiễm sắc thể, kết hợp với thụ tinh làm khôi phục $2n$ đặc trưng của loài dưới nhiều dạng vừa bảo đảm tính di truyền của loài vừa tạo ra sự phong phú đa dạng cho sinh vật.

NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHẦN NHIỄM SẮC THỂ VÀ CƠ CHẾ NGUYÊN PHÂN

A. TÍNH SỐ TẾ BÀO CON TẠO THÀNH

Tế bào sinh sản nguyên phân theo cách phân đôi trở thành 2 tế bào con, kết quả là số tế bào con ở thế hệ sau gấp đôi thế hệ trước.

★ Từ 1 tế bào ban đầu

Qua 1 đợt phân bào tạo ra 2^1 tế bào con

Qua 2 đợt phân bào tạo ra 2^2 tế bào con

Qua x đợt phân bào tạo ra 2^x tế bào con

Như vậy: Số tế bào con tạo thành từ 1 tế bào ban đầu qua x đợt phân bào là $A = 2^x$.

★ Từ nhiều tế bào ban đầu

Từ a_1 tế bào qua x đợt phân bào tạo ra $a_1 \cdot 2^x$ tế bào

Từ a_2 tế bào qua y đợt phân bào tạo ra $a_2 \cdot 2^y$ tế bào

Như vậy: Tổng số tế bào con sinh ra $= a_1 \cdot 2^x + a_2 \cdot 2^y + \dots$

B. TÍNH SỐ NHIỄM SẮC THỂ TƯƠNG ĐƯƠNG VỚI NGUYÊN LIỆU ĐƯỢC CUNG CẤP TRONG QUÁ TRÌNH TỰ NHÂN ĐÔI CỦA NHIỄM SẮC THỂ

Khi tự nhân đôi, mỗi nhiễm sắc thể ban đầu tạo thêm 1 nhiễm sắc thể mới từ nguyên liệu của môi trường nội bào để trở thành 2 nhiễm sắc thể giống hệt nhau (một nhiễm sắc thể cũ tạo thêm một nhiễm sắc thể mới).

Mỗi đợt nguyên phân có 1 đợt tự nhân đôi của các nhiễm sắc thể. Như vậy trong tế bào mẹ số đợt tự nhân đôi của nhiễm sắc thể = số đợt nguyên phân của tế bào.

+ Số nhiễm sắc thể được tạo ra thêm với nguyên liệu do môi trường nội bào cung cấp bằng tổng số nhiễm sắc thể sau cùng có trong tất cả tế bào con trừ cho số nhiễm sắc thể ban đầu có trong tế bào mẹ.

- Tổng số nhiễm sắc thể sau cùng trong tất cả tế bào con: $2n.2^x$

- Số nhiễm sắc thể ban đầu trong tế bào mẹ = $2n$

Như vậy tổng số nhiễm sắc thể được tạo ra thêm với nguyên liệu do môi trường nội bào cung cấp từ 1 tế bào mẹ có $2n$ nhiễm sắc thể trải qua x đợt nguyên phân là:

Tổng số nhiễm sắc thể = $2n.2^x - 2n = 2n(2^x - 1)$

+ Số nhiễm sắc thể chứa hoàn toàn nguyên liệu mới

Dù ở đợt nguyên phân nào, trong số nhiễm sắc thể của tế bào con cũng có 2 nhiễm sắc thể mang $\frac{1}{2}$ nhiễm sắc thể cũ của một nhiễm sắc thể ban đầu, nghĩa là trong số nhiễm sắc thể trong một tế bào có chứa $\frac{1}{2}$ nhiễm sắc thể cũ. Vì vậy, số nhiễm sắc thể trong các tế bào con mà mỗi nhiễm sắc thể này đều được cấu thành từ nguyên liệu mới do môi trường nội bào cung cấp là:

Tổng số nhiễm sắc thể mới = $2n.2^x - 2.2n = 2n.(2^x - 2)$

C. TÍNH THỜI GIAN NGUYÊN PHÂN

1. Thời gian của 1 chu kì nguyên phân:

Là thời gian của 5 giai đoạn phân bào gồm: kì trung gian, kì đầu, kì giữa, kì sau, kì cuối. Như vậy có thể được tính từ kì trước đến hết kì trung gian hoặc từ đầu kì trung gian đến hết kì cuối.

2. Thời gian qua các đợt nguyên phân:

Là tổng thời gian của các đợt nguyên phân liên tiếp. Có thể có 2 trường hợp:

+ *Tốc độ nguyên phân không thay đổi*: thời gian của đợt nguyên phân sau luôn bằng thời gian của đợt nguyên phân trước.

Σ thời gian = thời gian mỗi đợt x số đợt nguyên phân

+ *Tốc độ nguyên phân thay đổi*: nhanh dần đều khi thời gian của đợt phân bào sau ít hơn thời gian đợt phân bào trước là 1 hằng số, (ngược lại, thời gian của nguyên phân giảm dần đều). Do đó thời gian nguyên phân qua các đợt phân bào liên tiếp là tổng của dãy cấp số cộng mà mỗi số hạng là thời gian của 1 đợt nguyên phân.

NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHÂN CƠ CHẾ GIÂM PHÂN VÀ THỤ TINH

A. TÍNH SỐ GIAO TỬ HÌNH THÀNH VÀ SỐ HỢP TỬ TẠO RA

1. Tạo giao tử (kiểu nhiễm sắc thể giới tính: đực XY, cái XX)

★ Số tinh trùng hình thành = số tế bào sinh tinh x 4

Số tinh trùng X hình thành = số tinh trùng Y hình thành

★ Số trứng hình thành = số tế bào sinh trứng x 1

Số thể định hướng = số tế bào sinh trứng x 3

2. Tạo hợp tử

★ Số hợp tử tạo thành = số tinh trùng thụ tinh = số trứng thụ tinh

★ Số hợp tử XX = số tinh trùng X thụ tinh

Số hợp tử XY = số tinh trùng Y thụ tinh

3. Tỷ lệ thụ tinh (hiệu suất thụ tinh)

★ Tỷ lệ thụ tinh của tinh trùng =
$$\frac{\text{Số tinh trùng thụ tinh}}{\text{Tổng số tinh trùng hình thành}}$$

★ Tỷ lệ thụ tinh của trứng =
$$\frac{\text{Số trứng thụ tinh}}{\text{Tổng số trứng hình thành}}$$

B. TÍNH SỐ LOẠI GIAO TỬ VÀ HỢP TỬ KHÁC NHAU VỀ NGUỒN GỐC VÀ CẤU TRÚC NHIỄM SẮC THỂ

1. Sự phân li và tổ hợp của nhiễm sắc thể trong quá trình giảm phân

★ Ở lần phân bào I

- Số kiểu tổ hợp là 2^n (n = số cặp nhiễm sắc thể tương đồng)
- Các dạng tổ hợp viết theo kiểu sơ đồ phân nhánh hoặc nhân đại số

★ Ở lần phân bào II

- Số kiểu giao tử là 2^{n+m} (n = số cặp nhiễm sắc thể có trao đổi đoạn)

2. Sự tái tổ hợp nhiễm sắc thể trong quá trình thụ tinh

- Khi thụ tinh, 1 nhiễm sắc thể từ giao tử đực tổ hợp với 1 nhiễm sắc thể tương đồng của giao tử cái tạo thành từng cặp nhiễm sắc thể tương đồng trong hợp tử.
- Số kiểu tổ hợp hợp tử = số loại giao tử đực x số loại giao tử cái.

3. Số loại giao tử chứa nhiễm sắc thể của cha hoặc mẹ và số loại hợp tử được di truyền nhiễm sắc thể từ ông, bà

- Số loại giao tử chứa a nhiễm sắc thể có nguồn gốc từ cha hoặc mẹ ($a \leq n$) là số lượng tổ hợp chập a từ n phần tử nhiễm sắc thể của giao tử:

$$C_n^a = \frac{n!}{a!(n-a)!}$$

4. Số loại hợp tử được di truyền a nhiễm sắc thể từ ông, bà

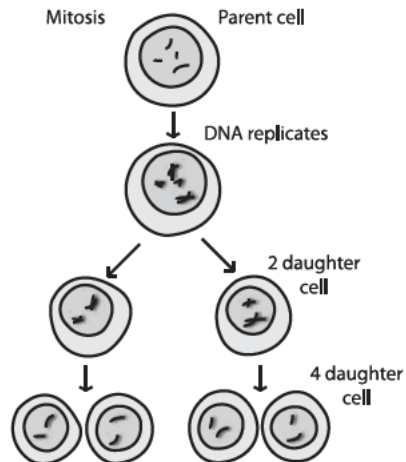
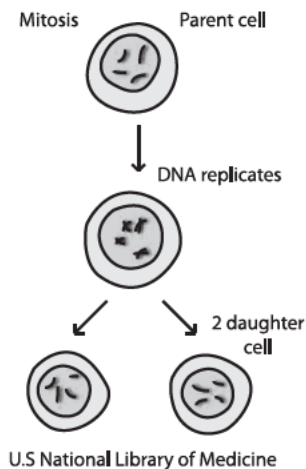
Số loại hợp tử được di truyền a nhiễm sắc thể từ ông hay bà là số kiểu tổ hợp giữa các loại giao tử đực chứa a nhiễm sắc thể của cha với tất cả các loại giao tử cái của mẹ:

$$\frac{n!}{a!(n-a)!} 2^n$$



ÔN TẬP 3

CÁC QUY LUẬT DI TRUYỀN



Phần I: CÁC ĐỊNH LUẬT CỦA MENĐEN

I. TÓM TẮT LÝ THUYẾT

A. LAI MỘT CẶP TÍNH TRẠNG – ĐỊNH LUẬT ĐỒNG TÍNH – ĐỊNH LUẬT PHÂN TÍNH

1. Nội dung định luật

★ Định luật đồng tính

Nếu ở thế hệ bố mẹ thuần chủng (về một hay nhiều cặp tính trạng). Các cơ thể lai F_1 đồng tính, mang tính trạng trội của bố hoặc mẹ.

★ Định luật phân tính

Thế hệ F_1 tự thụ phấn cho F_2 có sự phân tính theo tỉ lệ xấp xỉ 3 trội : 1 lặn.

★ Trường hợp trội không hoàn toàn

Nếu ở thế hệ bố mẹ thuần chủng (về một hay nhiều cặp tính trạng), nhưng tính trạng trội không hoàn toàn lấn át tính trạng lặn, ở thế hệ F_1 biểu hiện tính trạng trung gian giữa bố và mẹ.

2. Giải thích:

Khi cho lai 2 giống thuần chủng, sơ đồ lai:

$$\begin{array}{lcl} P: & AA & \times \quad aa \\ Gt P: & A & a \\ F_1: & Aa & \\ \text{Cho } F_1 \text{ tự giao với nhau:} & & \\ F_1: & Aa & \times \quad Aa \\ Gt F_1: & A, a & A, a \\ F_2: & \frac{1}{4} AA : \frac{1}{4} Aa : \frac{1}{4} aA : \frac{1}{4} aa & \end{array}$$

Tỉ lệ kiểu gen: $1AA : 2Aa : 1aa$

Tỉ lệ kiểu hình:

- Nếu gen trội A (trội hoàn toàn) át chế a $\rightarrow$ AA và Aa có cùng kiểu hình $\rightarrow$ tỉ lệ 3:1

- Nếu gen trội A (trội không hoàn toàn) không át chế a $\rightarrow$ kiểu hình AA khác Aa $\rightarrow$ tỉ lệ 1:2:1

B. LAI HAI HAY NHIỀU CẶP TÍNH TRẠNG – ĐỊNH LUẬT PHÂN LI ĐỘC LẬP

1. Nội dung định luật:

Sự di truyền của cặp tính trạng này không phụ thuộc vào cặp tính trạng kia. Nếu khảo sát n cặp tính trạng thì tỉ lệ phân tính ở F_2 là $(3:1)^n$

2. Sơ đồ lai

$$\begin{array}{lcl} P: & AABB & \times \quad aabb \\ Gt P: & AB & ab \\ F_1: & AaBb & \\ Gt F_1: & AB, Ab, aB, ab & \end{array}$$

Sự kết hợp ngẫu nhiên và đầy đủ của các loại giao tử này tạo ra:

+ Số tổ hợp giao tử là: $4 \times 4 = 16$ kiểu tổ hợp

+ 16 kiểu tổ hợp giao tử này có 9 kiểu gen với tỉ lệ:

+ Số kiểu hình:

- Nếu gen trội hoàn toàn (A át a, B át b) số kiểu hình là 4;

tỉ lệ kiểu hình $(3:1)^2 = (9:3:3:1) = 56,25\% : 18,75\% : 18,75\% : 6,25\%$.

- Nếu gen trội không hoàn toàn (A không át a, B không át b) số kiểu hình là 9;

tỉ lệ kiểu hình $(1:2:1)^2$ (số kiểu hình bằng số kiểu gen) $(1:2:1 : 2:4:2 : 1:2:1) = 6,25\% : 12,5\% : 6,25\% : 12,25\% : 12,25\% : 6,25\%$.

4. Lai phân tích trong trường hợp gen trội hoàn toàn

Khi lai phân tích các thể dị hợp tử 2 cặp gen thì tỉ lệ kiểu hình là: 1:1:1:1 (cho thấy tỉ lệ tương đương nhau của các loại giao tử của cá thể đem lai).

II. PHƯƠNG PHÁP GIẢI TOÁN

❖VẤN ĐỀ I: TÍNH SỐ LOẠI GIAO TỬ – CÁCH VIẾT GIAO TỬ

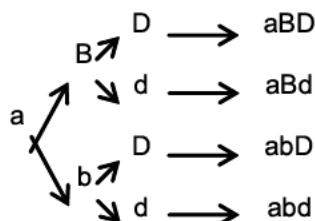
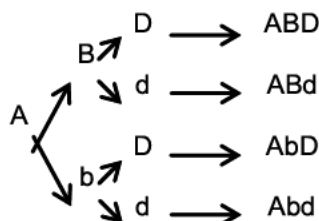
1. Số loại giao tử:

Số loại giao tử tùy thuộc vào số cặp gen dị hợp tử. Số loại giao tử của một cá thể có n cặp gen dị hợp tử = 2^n với tỉ lệ bằng nhau.

2. Cách viết giao tử:

Trong tế bào sinh dưỡng của cơ thể của sinh vật gen tồn tại thành từng cặp, trong giao tử chỉ còn mang 1 gen của cặp đó.

Cá thể có kiểu gen AaBbCCDd sẽ cho 8 loại giao tử (dị hợp 3 cặp $\rightarrow 2^3 = 8$ loại giao tử).



❖VẤN ĐỀ II: TÍNH SỐ KIỂU TỔ HỢP GIAO TỬ – KIỂU GEN, KIỂU HÌNH VÀ TỈ LỆ PHÂN LI ĐỜI CON

1. Số kiểu tổ hợp giao tử:

Các loại giao tử tổ hợp tự do với nhau để tạo thành các hợp tử. Do đó số kiểu tổ hợp giao tử (= số loại giao tử) tích số giữa số loại giao tử đực và số loại giao tử cái.

2. Nhận xét:

- TLKG tính chung của các cặp gen = tích số giữa các TLKG riêng của mỗi cặp gen.
- Số KG tính chung của các cặp gen = tích số giữa các số KG riêng của mỗi cặp gen.
- TLKH tính chung của các cặp tính trạng = tích số giữa các TLKH riêng của mỗi cặp tính trạng.
- Số KH tính chung của các cặp tính trạng = tích số giữa các số KH riêng của mỗi cặp tính trạng.

❖VẤN ĐỀ III: CÁCH NHẬN ĐỊNH QUY LUẬT DI TRUYỀN

1. Dựa vào phép lai không phải là lai phân tích:

- Tìm tỉ lệ phân tính kiểu hình ở thế hệ con đối với từng cặp tính trạng.
- Tính tỉ lệ kiểu hình chung bằng cách nhân với nhau TLKH của từng cặp tính trạng; nếu thấy kết quả tính phù hợp với tỉ lệ kiểu hình của định luật phân li độc lập thì có thể kết luận các cặp gen trên nằm trên các cặp nhiễm sắc thể khác nhau và tuân theo quy luật phân li độc lập.

2. Dựa vào phép lai phân tích: Từ tỉ lệ phân tính kiểu hình của phép lai:

- Nếu tỉ lệ này tương đương nhau $\Rightarrow$ các cặp gen đó nằm trên các cặp nhiễm sắc thể khác nhau.
- Suy ra được kiểu gen của cá thể đem lai phân tích.

Phần II: CÁC ĐỊNH LUẬT LIÊN KẾT – HOÁN VỊ GEN

I. TÓM TẮT LÝ THUYẾT

A. NỘI DUNG ĐỊNH LUẬT LIÊN KẾT – HOÁN VỊ GEN

1. Định luật liên kết gen:

Các gen cùng nằm trên 1 nhiễm sắc thể thì phân li cùng với nhau trong quá trình tạo giao tử, dẫn đến sự di truyền thành từng nhóm tính trạng. Số nhóm gen liên kết bằng với số nhóm nhiễm sắc thể trong giao tử (= n nhóm).

2. Định luật hoán vị gen:

Hai gen tương ứng trên một cặp nhiễm sắc thể tương đồng có thể đổi chỗ cho nhau do hiện tượng trao đổi đoạn trong quá trình giảm phân tạo giao tử.

B. THÍ DỤ MINH HỌA – GIẢI THÍCH

1. Thí dụ:

Ở ruồi giấm, đem cho lai 2 dòng thuần chủng khác nhau về 2 cặp tính trạng: thân xám – cánh dài, và thân đen – cánh ngắn.

- Ở F_1 thu được toàn ruồi có kiểu hình đồng nhất là thân xám – cánh dài.
- Tụ giao F_1 thu được F_2 có 4 kiểu hình với tỉ lệ: xám dài – xám ngắn – đen dài – đen ngắn.
- Khi cho ruồi đực F_1 lai phân tích cho kết quả 50% xám dài : 50% đen ngắn.
- Khi cho ruồi cái F_1 lai phân tích cho kết quả 40% xám dài : 40% đen ngắn : 10% xám ngắn : 10% đen dài.

2. Giải thích: Quy định gen: B: thân xám; b: thân đen – V: cánh dài; v: cánh ngắn.

a. Trường hợp cả 2 ruồi đực và cái đều có liên kết và hoán vị gen (tỉ lệ hoán vị 20%)

- Sơ đồ lai:

$$P: \frac{BV}{BV} \times \frac{bv}{bv}$$

$$Gt P: \underline{BV}, \underline{bv}$$

$$F_1: \frac{BV}{bv} \rightarrow \text{đem } F_1 \text{ tụ giao}$$

$$Gt F_1: \underline{BV}, \underline{bv}, \underline{Bv}, \underline{bV}$$

- Bảng tổ hợp F_2 :

	<u>BV</u> (40%)	<u>bv</u> (40%)	<u>Bv</u> (10%)	<u>bV</u> (10%)
<u>BV</u> (40%)	$\frac{BV}{BV}$ (16%) X – D	$\frac{BV}{bv}$ (16%) X – D	$\frac{BV}{Bv}$ (4%) X – D	$\frac{BV}{bV}$ (4%) X – D
<u>bv</u> (40%)	$\frac{BV}{bv}$ (16%) X – D	$\frac{bv}{bv}$ (16%) Đ – N	$\frac{Bv}{bv}$ (4%) X – N	$\frac{bV}{bv}$ (4%) Đ – D
<u>Bv</u> (10%)	$\frac{BV}{Bv}$ (4%) X – D	$\frac{Bv}{bv}$ (4%) X – N	$\frac{Bv}{Bv}$ (1%) X – N	$\frac{Bv}{bV}$ (1%) X – D
<u>bV</u> (10%)	$\frac{BV}{bV}$ (4%) X – D	$\frac{bV}{bv}$ (4%) Đ – D	$\frac{Bv}{bV}$ (1%) X – D	$\frac{bV}{bV}$ (1%) Đ – D

Kết luận:

Ở thế hệ F_2 có 4 kiểu hình với tỉ lệ: 66% xám dài – 9% xám ngắn – 9% đen dài – 16% đen ngắn.

b. Trường hợp ruồi đực liên kết gen hoàn toàn: phép lai phân tích ruồi đực F_1 :

Hai gen B và V cùng nằm trên 1 nhiễm sắc thể trong khi hai gen b và v nằm trên nhiễm sắc thể kia và chúng liên kết hoàn toàn với nhau, dẫn đến kết quả là ruồi đực F_1 cho 2 loại giao tử BV và bv
Sơ đồ lai:

$$\begin{array}{l}
 - F_1 - 1: \quad \text{Ruồi đực } F_1 \quad \frac{BV}{bv} \times \text{Ruồi cái lặn} \quad \frac{bv}{bv} \\
 - \text{Gt } F_1 - 1: \quad \quad \quad \underline{BV}, \underline{bv} \quad \quad \quad \underline{bv} \\
 - F_2 - 1: \quad \quad \quad \frac{BV}{bv} : \frac{bv}{bv} \text{ (50\% xám dài : 50\% đen ngắn)}
 \end{array}$$

c. Trường hợp ruồi cái liên kết gen không hoàn toàn: phép lai phân tích ruồi cái F_1 :

Hai gen B, V và hai gen b, v đã liên kết không hoàn toàn, dẫn đến kết quả tạo ra 4 loại giao tử: ngoài 2 loại giao tử bình thường BV và bv còn xuất hiện 2 loại giao tử có hoán vị gen giữa 2 gen B và b với tỉ lệ thấp hơn.
Sơ đồ lai:

$$\begin{array}{l}
 - F_1 - 1: \quad \text{Ruồi cái } F_1 \quad \frac{BV}{bv} \times \text{Ruồi đực lặn} \quad \frac{bv}{bv} \\
 - \text{Gt } F_1 - 1: \quad 40\% \underline{BV}, 40\% \underline{bv}, 10\% \underline{Bv}, 10\% \underline{bV} \quad \quad \quad \underline{bv} \\
 - F_2 - 1: \quad 40\% \frac{BV}{bv} : 40\% \frac{bv}{bv} : 10\% \frac{Bv}{bv} : 10\% \frac{bV}{bv} \\
 \quad \quad \quad (40\% \text{ xám dài} : 40\% \text{ đen ngắn} : 10\% \text{ xám ngắn} : 10\% \text{ đen dài})
 \end{array}$$

II. PHƯƠNG PHÁP GIẢI TOÁN**❖ VẤN ĐỀ I: TÍNH SỐ LOẠI VÀ THÀNH PHẦN GEN CỦA GIAO TỬ****1. Các gen liên kết hoàn toàn:****a. Khảo sát trên 1 cặp nhiễm sắc thể (một nhóm gen)**

- Các cặp gen đồng hợp tử $\rightarrow$ 1 loại giao tử. Ví dụ: $\frac{AbC}{AbC} \rightarrow$ 1 loại giao tử AbC
- Nếu có 1 cặp gen dị hợp tử trở lên $\rightarrow$ 2 loại giao tử tỉ lệ tương đương (1:1).

Ví dụ: $\frac{ABC}{AbC} \rightarrow$ 2 loại giao tử ABC và AbC

AbC

b. Trên nhiều cặp nhiễm sắc thể (nhiều nhóm gen) nếu mỗi nhóm gen đều có ít nhất 1 cặp dị hợp tử.

- Số loại giao tử = 2^n với n là số nhóm gen (số cặp nhiễm sắc thể)

- Ví dụ: cơ thể có kiểu gen: $\frac{AB}{ab} \frac{DE}{de} \rightarrow$ số nhóm gen là 2 – số loại giao tử $2^2 = 4$ loại.

Các loại giao tử này có kiểu gen: $(AB\ ab)(DE\ de) = ABDE : ABde : abDE : abde$

2. Các gen liên kết không hoàn toàn:

Mỗi nhóm gen phải chứa 2 cặp dị hợp tử trở lên mới phát sinh giao tử mang tổ hợp gen chéo (giao tử hoán vị gen) trong quá trình giảm phân.

a. Trường hợp 2 cặp dị hợp:

- Số loại giao tử $2^2 = 4$ loại với tỉ lệ không bằng nhau.
 - 2 loại giao tử bình thường mang gen liên kết, tỉ lệ mỗi loại giao tử > 25%
 - 2 loại giao tử hoán vị gen mang tổ hợp chéo các gen liên kết, tỉ lệ giao tử < 25%

- Ví dụ: Cơ thể có kiểu gen: $\frac{AB}{ab}$ liên kết không hoàn toàn
 - 2 loại giao tử bình thường tỉ lệ cao là: $\frac{AB}{ab} = \frac{ab}{ab} > 25\%$
 - 2 loại giao tử hoán vị tỉ lệ thấp là: $\frac{AB}{ab} = \frac{ab}{ab} < 25\%$

b. Trường hợp 3 cặp gen dị hợp:

- Có xảy ra trao đổi chéo 2 chỗ. Ví dụ cơ thể có kiểu gen $\frac{ABC}{abc}$

- Số loại loại giao tử là 8 loại.
- Thành phần gen của các loại giao tử:

$ABC = abc$ (giao tử bình thường) (chiếm tỉ lệ nhiều nhất)

$Abc = aBC$ (trao đổi chéo tại 1 chỗ xảy ra giữa 2 gen AB và ab) (chiếm tỉ lệ x_1)

$ABc = abC$ (trao đổi chéo tại 1 chỗ xảy ra giữa 2 gen BC và bc) (chiếm tỉ lệ x_2)

$AbC = aBc$ (trao đổi chéo tại 2 chỗ xảy ra giữa AB và ab; BC và bc) (chiếm tỉ lệ x_3)

❖ VẤN ĐỀ II: TẦN SỐ TRAO ĐỔI CHÉO

1. Tần số trao đổi chéo (tần số hoán vị gen) P:

Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen trên cùng nhiễm sắc thể bằng tổng tỉ lệ 2 loại giao tử hoán vị gen.

2. Khoảng cách tương đối giữa các gen trên cùng 1 nhiễm sắc thể:

Tần số trao đổi chéo cho thấy khoảng cách tương đối giữa 2 gen.

Quy ước 1 cM (centimorgan) = 1% hoán vị gen.

❖ VẤN ĐỀ III: TÍNH TẦN SỐ HOÁN VỊ GEN

1. Trong phép lai phân tích

$$\text{Tần số hoán vị gen } P = \frac{\text{Số cá thể hình thành do trao đổi chéo}}{\text{Tổng số cá thể nghiên cứu}} \times 100\%$$

2. Trong các phép lai khác:

$$- \frac{\text{Số cá thể thuộc kiểu hình biết được}}{\text{Tổng số cá thể thu được}} = \text{tỉ lệ các kiểu gen làm nên kiểu hình theo P}$$

- Tính được giá trị P

Phần III: ĐỊNH LUẬT TƯƠNG TÁC GEN

I. TÓM TẮT LÝ THUYẾT

A. NỘI DUNG ĐỊNH LUẬT TƯƠNG TÁC GEN

Hai hay nhiều cặp gen tác động qua lại với nhau cùng quy định một tính trạng. Do sự tác động qua lại này mà ở thế hệ đời con xuất hiện những tính trạng mới khác với bố mẹ. Các cặp gen cùng tương tác với nhau để quy định một tính trạng có thể nằm trên 2 cặp nhiễm sắc thể khác nhau, do đó chúng tuân theo quy luật phân li độc lập.

B. GIẢI THÍCH

Hai cặp gen nằm trên 2 cặp nhiễm sắc thể khác nhau tác động lên 1 tính trạng thì ở F_2 xuất hiện 16 tổ hợp = $(3:1)^2$, và có 4 tổ hợp kiểu gen với tỉ lệ 9 A-B- : 3 A-bb : 3 aaB- : 1 aabb; nghĩa là 2 cặp gen phân li và tổ hợp tự do như trường hợp lai 2 tính của MenĐen. Có 3 loại tác động tương hỗ giữa 2 cặp gen:

+ Tác động bổ trợ: Các gen không alen (khác vị trí hay locút) tác động cùng nhau xác định sự phát triển của 1 tính trạng mới.

+ Tác động át chế: Tác động của gen này làm cho đặc điểm của gen đã có không biểu hiện được (gen át chế có thể là gen trội hoặc cặp gen lặn)

+ Tác động cộng gộp: Mỗi gen đóng góp 1 phần như nhau vào sự phát triển tính trạng.

II. PHƯƠNG PHÁP GIẢI TOÁN

Mỗi kiểu tương tác theo một tỉ lệ kiểu hình tiêu biểu dựa trên sự biến đổi của tỉ lệ $(3:1)^2$ bao gồm:

Loại tương tác	Kiểu gen quy định kiểu hình	Tỉ lệ kiểu hình
1. Hỗ trợ của gen trội hình thành 4 kiểu hình	$A - B - \neq A - bb \neq aaB - \neq aabb$	9 : 3 : 3 : 1
2. Hỗ trợ của gen trội hình thành 3 kiểu hình	$A - B - \neq (A - bb = aaB -) \neq aabb$	9 : 6 : 1
3. Hỗ trợ của gen trội hình thành 2 kiểu hình	$A - B - \neq (A - bb = aaB - = aabb)$	9 : 7
4. Át chế của gen trội hình thành 3 kiểu hình	$(A - B - = A - bb) \neq aaB - \neq aabb$	12 : 3 : 1
5. Át chế của gen trội hình thành 2 kiểu hình	$(A - B - = A - bb = aabb) \neq aaB -$	13 : 3
6. Át chế của gen lặn hình thành 3 kiểu hình	$A - B - \neq (A - bb = aabb) \neq aaB -$	9 : 4 : 3
7. Tác động tích lũy (cộng gộp) hình thành 2 kiểu hình	$(A - B - = A - bb = aaB -) \neq aabb$	15 : 1

MỤC LỤC

ÔN TẬP 1 VẬT CHẤT VÀ CƠ CHẾ DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ PHÂN TỬ	3
NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ CẤU PHÂN TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI ADN	5
NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHÂN CẤU TRÚC VÀ CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN	7
ÔN TẬP 2 DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ TẾ BÀO	14
NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHÂN NHIỆM SẮC THỂ VÀ CƠ CHẾ NGUYÊN PHẦN	15
NHỮNG ĐIỀU CẦN NẮM KHI GIẢI TOÁN VỀ PHÂN CƠ CHẾ GIẢM PHÂN VÀ THỤ TINH	16
ÔN TẬP 3 CÁC QUY LUẬT DI TRUYỀN	19

CƠ HỘI NGHỀ NGHIỆP HẤP DẪN

DÀNH CHO NHÂN LỰC NGÀNH CÔNG NGHỆ KỸ THUẬT MÔI TRƯỜNG



Ngành nghề trong lĩnh vực môi trường
thuộc top 10 nghề tốt nhất tại Mỹ

1	Software Developer
2	Physical Therapist
3	Financial Adviser
4	Civil Engineer
5	Marketing Specialist
6	Management Consultant
7	Information Technology Consultant
8	Database Administrator
9	Financial Analyst
10	Environmental Engineer

(nguồn: <http://money.cnn.com/magazines/moneymag/best-jobs/>)



Giai đoạn từ 2011 - 2015, cần bổ sung thêm 45.000 cán bộ công chức và 30.000 người lao động trong lĩnh vực môi trường (*Để án phát triển đào tạo nhân lực ngành tài nguyên và môi trường giai đoạn 2011 - 2015 và định hướng đến năm 2020 của Bộ Tài nguyên - Môi trường*)



ĐẠI HỌC
HÒA SEN

93 Cao Thắng, Q.3, TP. Hồ Chí Minh
ĐT: (848) 3830 1877
Fax : (848) 3925 7851

www.hoasen.edu.vn