
CÁC CÔNG THỨC TÍNH TOÁN

PHẦN I. CẤU TRÚC ADN

I. Tính số nuclêôtit của ADN hoặc của gen

1. Đối với mỗi mạch của gen :

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

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

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

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

2. Đối với cả 2 mạch :

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

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

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

Chú ý : khi tính tỉ lệ %

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

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

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

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

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

3. Tổng số nu của ADN (N)

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

. Vì vậy , tổng số nu của ADN được tính là :

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

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

4. Tính số chu kì xoắn (C)

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

$$N = C \times 20 \Rightarrow C = \frac{N}{20}; \quad C = \frac{l}{34}$$

5. Tính khối lượng phân tử ADN (M) :

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

$$M = N \times 300 \text{ đvc}$$

6. Tính chiều dài của phân tử ADN (L) : Phân tử ADN là 1 chuỗi gồm 2 mạch đơn chạy song song và xoắn đều đặn quanh 1 trục . vì vậy chiều dài của ADN là chiều dài của 1 mạch và bằng chiều dài trục của nó . Mỗi

mạch có $\frac{N}{2}$ nuclêôtit, độ dài của 1 nu là $3,4 \text{ \AA}$

$$l = \frac{N}{2} \cdot 3,4 \text{ \AA} \Rightarrow N = \frac{l \times 2}{3,4}$$

Đơn vị thường dùng :

- 1 micrômet = 10^4 angstrom (A^0)
- 1 micrômet = 10^3 nanômet (nm)
- 1 mm = 10^3 micrômet = 10^6 nm = 10^7A^0

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

1. Số liên kết Hidrô (H)

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

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

Vậy số liên kết hidrô của gen là :

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

2. Số liên kết hoá trị (HT)

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

Trong mỗi mạch đơn của gen , 2 nu nối với nhau bằng 1 lk hoá trị , 3 nu nối nhau bằng 2 lk hoá trị ... $\frac{N}{2}$ nu nối nhau bằng $\frac{N}{2} - 1$

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

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

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

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

$$HT_{Đ-P} = 2(\frac{N}{2} - 1) + N = 2(N - 1)$$

PHẦN II. CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

I. TÍNH SỐ NUCLÊÔTIT TỰ DO CẦN DÙNG

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

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

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

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

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

$$N_{td} = N$$

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (x đợt)

+ Tính số ADN con

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

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

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

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

Vậy :

$$\text{Tổng số ADN con} = 2^x$$

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

$$\text{Số ADN con có 2 mạch đều mới} = 2^x - 2$$

+ **Tính số nu tự do cần dùng :**

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

- Tổng số nu sau cùng trong các ADN con : $N \cdot 2^x$
- Số nu ban đầu của ADN mẹ : N

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

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

- Số nu tự do mỗi loại cần dùng là:

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

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

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

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

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

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

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

1. Qua 1 đợt tự nhân đôi

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

Khi ADN tự nhân đôi hoàn toàn :

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

$$H_{\text{bị đứt}} = H_{ADN}$$

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

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

b. Số liên kết hoá trị được hình thành :

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

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

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

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (x đợt)

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

- Tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ :

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

- Tổng số liên kết hiđrô được hình thành :

$$\sum H_{\text{hình thành}} = H \cdot 2^x$$

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

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

- Số liên kết hoá trị nối các nu trong mỗi mạch đơn : $\frac{N}{2} - 1$
 - Trong tổng số mạch đơn của các ADN con còn có 2 mạch cũ của ADN mẹ được giữ lại
 - Do đó số mạch mới trong các ADN con là $2 \cdot 2^x - 2$, vì vậy tổng số liên kết hoá trị được hình thành là :
- $$\sum \text{HT hình thành} = \left(\frac{N}{2} - 1\right) (2 \cdot 2^x - 2) = (N-2) (2^x - 1)$$

III. TÍNH THỜI GIAN SAO MÃ

Có thể quan niệm sự liên kết các nu tự do vào 2 mạch của ADN là đồng thời, khi mạch này tiếp nhận và đóng góp được bao nhiêu nu thì mạch kia cũng liên kết được bấy nhiêu nu

Tốc độ tự sao : Số nu được tiếp nhận và liên kết trong 1 giây

1. Tính thời gian tự nhân đôi (tự sao)

Thời gian để 2 mạch của ADN tiếp nhận và liên kết nu tự do

- Khi biết thời gian để tiếp nhận và liên kết trong 1 nu là dt , thời gian tự sao được tính là :

$$TG \text{ tự sao} = dt \cdot \frac{N}{2}$$

- Khi biết tốc độ tự sao (mỗi giây liên kết được bao nhiêu nu) thì thời gian tự nhân đôi của ADN là :

$$TG \text{ tự sao} = N : \text{tốc độ tự sao}$$

PHẦN III . CẤU TRÚC ARN

I.TÍNH SỐ RIBÔNUCLEÔTIT CỦA ARN :

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

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

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

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

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

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

+ Số lượng :

$$A = T = rA + rU$$

$$G = X = rG + rX$$

+ Tỉ lệ % :

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

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

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

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

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

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

1 Tính chiều dài :

- ARN gồm có mạch rN ribônu với độ dài 1 nu là $3,4 \text{ \AA}$. Vì vậy chiều dài ARN bằng chiều dài ADN tổng hợp nên ARN đó

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

2 . Tính số liên kết hoá trị Đ –P:

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

+ Trong mỗi ribônu có 1 liên kết hoá trị gắn thành phần axit H_3PO_4 vào thành phần đường . Do đó số liên kết hóa trị loại này có trong rN ribônu là rN

Vậy số liên kết hoá trị Đ –P của ARN :

$$HT_{ARN} = rN - 1 + rN = 2 \cdot rN - 1$$

PHẦN IV . CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

I. TÍNH SỐ RIBONUCLÊOTIT TỰ DO CẦN DÙNG

1 . Qua 1 lần sao mã :

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

$$\begin{array}{l} A_{ADN} \text{ nối } U_{ARN} \quad ; \quad T_{ADN} \text{ nối } A_{ARN} \\ G_{ADN} \text{ nối } X_{ARN} \quad ; \quad X_{ADN} \text{ nối } G_{ARN} \end{array}$$

Vì vậy :

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

$$\begin{array}{l} rA_{td} = T_{gốc} \quad ; \quad rU_{td} = A_{gốc} \\ rG_{td} = X_{gốc} \quad ; \quad rX_{td} = G_{gốc} \end{array}$$

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

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

2. Qua nhiều lần sao mã (k lần)

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

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

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

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

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

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

* Chú ý : Khi biết số ribônu tự do cần dùng của 1 loại :

+ Muốn xác định mạch khuôn mẫu và số lần sao mã thì chia số ribônu đó cho số nu loại bổ sung ở mạch 1 và mạch 2 của ADN => Số lần sao mã phải là ước số giữa số ribônu đó và số nu loại bổ sung ở mạch khuôn mẫu .

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

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

1 . Qua 1 lần sao mã :

a. Số liên kết hidro :

$$H_{đứt} = H_{ADN}$$

$$H_{\text{hình thành}} = H_{ADN}$$

$$\Rightarrow H_{đứt} = H_{\text{hình thành}} = H_{ADN}$$

b. Số liên kết hoá trị :

$$HT \text{ hình thành} = rN - 1$$

2. Qua nhiều lần sao mã (K lần) :

a. Tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ

$$\sum H \text{ phá vỡ} = K \cdot H$$

b. Tổng số liên kết hoá trị hình thành :

$$\sum HT \text{ hình thành} = K (rN - 1)$$

III. TÍNH THỜI GIAN SAO MÃ :

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

***Thời gian sao mã** :

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

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

$$TG \text{ sao mã} = dt \cdot rN$$

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

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

- Đối với nhiều lần sao mã (K lần) :

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

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

+ Nếu TG chuyển tiếp giữa 2 lần sao mã liên tiếp đáng kể là Δt thì thời gian sao mã nhiều lần là :

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

PHẦN IV . CẤU TRÚC PRÔTÊIN

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

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

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

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

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

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

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

II. TÍNH SỐ LIÊN KẾT PEPTIT

- Số liên kết peptit hình thành = số phân tử H_2O tạo ra

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

$$\text{Số liên kết peptit} = m - 1$$

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

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

- | | | | |
|-------------------|-----------------------|--------------------|----------------------|
| 1) Glixêrin : Gly | 2) Alanin : Ala | 3) Valin : Val | 4) Lơxin : Leu |
| 5) Izolơxin : Ile | 6) Xerine : Ser | 7) Treonin : Thr | 8) Xistein : Cys |
| 9) Metionin : Met | 10) A. aspartic : Asp | 11)Asparagin : Asn | 12) A glutamic : Glu |

- 13) Glutamin :Gln 14) Arginin : Arg 15) Lizin : Lys 16) Phenilalanin :Phe
 17) Tirozin: Tyr 18) Histidin : His 19) Triptofan : Trp 20) Prôlin : pro

Bảng bộ ba mã mã

	<i>U</i>	<i>X</i>	<i>A</i>	<i>G</i>	
<i>U</i>	UUU } UUX } phe UUA } UUG } Leu	UXU } UXX } UXA } Ser UXG }	UAU } Tyr UAX } UAA ** UAG **	UGU } UGX } Cys UGA ** UGG } Trp	U X A G
<i>X</i>	XUU } XUX } Leu XUA } XUG }	XXU } XXX } Pro XXA } XXG }	XAU } His XAX } XAA } XAG } Gln	XGU } XGX } XGA } Arg XGG }	U X A G
<i>A</i>	AUA } He AUX } AUA } AUG * Met	AXU } AXX } Thr AXA } AXG }	AAU } Asn AAX } AAA } AAG } Lys	AGU } AGX } Ser AGA } AGG } Arg	U X A G
<i>G</i>	GUU } GUX } Val GUA } GUG * Val	GXU } GXX } GXA } Ala GXG }	GAU } GAX } Asp GAA } GAG } Glu	GGU } GGX } GGA } Gli GGG }	U X A G

Kí hiệu : * mã mở đầu ; ** mã kết thúc

PHẦN V . CƠ CHẾ TỔNG HỢP PRÔTÊIN

I .TÍNH SỐ AXIT AMIN TỰ DO CẦN DÙNG :

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

1) Giải mã tạo thành 1 phân tử prôtêin:

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

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

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

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

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

2) Giải mã tạo thành nhiều phân tử prôtêin :

- Trong quá trình giải mã , tổng hợp prôtêin , mỗi lượt chuyển dịch của ribôxôm trên mARN sẽ tạo thành 1 chuỗi polipeptit .
- Có n riboxom chuyển dịch qua mARN và không trở lại là có n lượt trượt của ribôxôm . Do đó số phân tử prôtêin (gồm 1 chuỗi polipeptit) = số lượt trượt của ribôxôm .
- Một gen sao mã nhiều lần, tạo nhiều phân tử mARN cùng loại . Mỗi mARN đều có n lượt ribôxôm trượt qua thì quá trình giả mã bởi K phân tử mARN sẽ tạo ra số phân tử prôtêin :

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

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

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

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

- Tổng số a amin tham gia cấu trúc prôtêin để thực hiện chức năng sinh học (không kể a amin mở đầu) :

$$\sum \text{aaP} = \text{Số P} \cdot \left(\frac{rN}{3} - 2 \right)$$

II. TÍNH SỐ PHÂN TỬ NƯỚC VÀ SỐ LIÊN KẾT PEPTIT

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

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

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

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

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

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

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

III. TÍNH SỐ ARN VẬN CHUYỂN (tARN)

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

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

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

y phân tử giải mã 2 lần $\rightarrow \dots$ là 2 y .
z phân tử' giải mã 1 lần $\rightarrow \dots$ là z

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

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

IV. SỰ DỊCH CHUYỂN CỦA RIBOXOM TRÊN ARN THÔNG TIN

1. Vận tốc trượt của riboxom trên mARN

- Là độ dài mARN mà riboxom chuyển dịch được tron 1 giây.
- Có thể tính vận tốc trượt bằng cách chia chiều dài mARN cho thời gian riboxom trượt từ đầu nọ đến đầu kia. (trượt hết Marn)

$$v = \frac{l}{t} (A^0/s)$$

* Tốc độ giải mã của RB :

- Là số axit amin của chuỗi polipeptit kéo dài trong 1 giây (số bộ ba được giải trong 1 giây) = Số bộ ba mà RB trượt trong 1 giây .
- Có thể tính bằng cách chia số bộ ba của mARN cho thời gian RB trượt hết mARN.

Tốc độ giải mã = số bộ của mARN : t

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

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

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

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

Gọi Δt : khoảng thời gian ribôxôm sau trượt chậm hơn ribôxôm trước

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

VI. TÍNH SỐ A AMIN TỰ DO CẦN DÙNG ĐỐI VỚI CÁC RIBÔXÔM CÒN TIẾP XÚC VỚI mARN

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

$$\sum aa_{td} = a_1 + a_2 + \dots + a_x$$

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

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

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

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

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

PHẦN VI: DI TRUYỀN VÀ BIẾN DỊ

I/ LAI MỘT CẶP TÍNH TRẠNG:

* Các bước làm bài tập lai:

- **Xác định trội, lặn.**
- **Quy ước gen.**
- **Xác định kiểu gen của P**
- **Viết sơ đồ lai.**
- **Tính tỉ lệ kiểu gen, kiểu hình.**
 1. Từ kiểu gen và kiểu hình ở P → kiểu gen và kiểu hình ở đời con.
 2. Từ kiểu hình ở đời con → Kiểu gen và kiểu hình ở P
- Con lai có kiểu hình khác so với P thì kiểu hình đó là tính trạng lặn.
 3. Từ tỉ lệ kiểu hình ở đời con → kiểu gen và kiểu hình P
- F1 đồng tính → P thuần chủng, tương phản (AA x aa)
- F1 (1 : 1) → Đây là kết quả của phép lai phân tích mà cá thể mang tính trạng trội có kiểu gen dị hợp. (Aa x aa)
 - Tỉ lệ (1:1) → Có 2 tổ hợp. Vậy = 2 gt x 1 gt → (Aa x aa)
- F1 (3:1) → P đều dị hợp (Aa x Aa)
 - Tỉ lệ (3:1) → có 4 tổ hợp → ♂ 2 gt x ♀ 2 gt → (Aa x Aa)
- F1 đồng tính trung gian → P thuần chủng tương phản và cá thể mang tính trạng trội là trội không hoàn toàn.
- F1 (1:2:1) → P đều dị hợp và cá thể mang tính trạng trội là trội không hoàn toàn.

II/ LAI HAI CẶP TÍNH TRẠNG:

1. Từ kiểu gen và kiểu hình ở P → kiểu gen và kiểu hình ở P.
2. Từ số lượng kiểu hình ở đời con → kiểu gen và kiểu hình ở P
 - Xét từng cặp tính trạng:
 - Thống kê số liệu thu được và đưa về tỉ lệ
 - Xác định trội - lặn.
 - Quy ước gen.
 - Xác định kiểu gen của từng cặp.
 - Xác định kiểu gen của P
 - Viết sơ đồ lai.
3. Từ tỉ lệ kiểu hình ở đời con → kiểu gen và kiểu hình P
 - F1 (9:3:3:1) → 16 tổ hợp → 4gt x 4 gt . Để cho 4 loại giao tử → dị hợp 2 cặp gen (AaBb) → (AaBb x AaBb)
→ (9:3:3:1) → (3:1) x (3:1) → (Aa x Aa) x (Bb x Bb) → (AaBb x AaBb)
 - F1 (3:3:1:1) → 8 tổ hợp → 4gt x 2gt. → (AaBb x Aabb) hay (AaBb x aaBb)
→ (3:3:1:1) → (3:1) x (1:1) → (Aa x Aa) x (Bb x bb) → (AaBb x Aabb)
 - F1(1:1:1:1) → Đây là kết quả của phép lai phân tích mà cá thể mang tính trạng trội có kiểu gen dị hợp 2 cặp tính trạng. → (AaBb x aabb)
→ (1:1:1:1) → (1:1) x (1:1) → (Aa x aa) x (Bb x bb) → (AaBb x aabb)
→ (1:1:1:1) → 4 tổ hợp → 2gt x 2gt → Tùy vào kiểu hình ở P
→ (1:1:1:1) → 4 tổ hợp → 4gt x 1gt → (AaBb x aabb)

III/ DI TRUYỀN LIÊN KẾT:

Tỉ lệ phân ly kiểu hình ở đời con mỗi tính trạng là 3:1 mà có 2 tính trạng vẫn là 3:1 → Chứng tỏ mỗi tính trạng đều có kiểu gen dị hợp, 2 cặp gen xác định 2 cặp tính trạng liên kết hoàn toàn trên 1 NST.

$$\text{Tỉ lệ } 3:1 \rightarrow \text{Dị hợp đều} \rightarrow P \left(\frac{BV}{BV} \times \frac{bv}{bv} \right)$$

$$\text{Tỉ lệ } 1:2:1 \rightarrow \text{Dị hợp chéo} \rightarrow P \left(\frac{Bv}{Bv} \times \frac{bV}{bV} \right)$$
