

HỆ THỐNG TOÀN BỘ KIẾN THỨC SINH HỌC PHỔ THÔNG

CƠ SỞ VẬT CHẤT VÀ CƠ CHẾ DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ PHÂN TỬ (ADN – ARN – PRÔTÊIN)

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 %

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

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

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 :

$$N = C \times 20 \Rightarrow C = \frac{N}{20}$$

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

$3,4 \text{ \AA}$

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

Đơn vị thường dùng :

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

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 : $H = 2A + 3G$ 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 : $2\left(\frac{N}{2} - 1\right)$

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

c) Số liên kết hoá trị đường – photphat trong gen (HT_{D-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 H₃PO₄ vào thành phần đường. Do đó số liên kết hoá trị Đ – P trong cả ADN là :

$$HT_{D-P} = 2\left(\frac{N}{2} - 1\right) + N = 2(N - 1)$$

PHẦN II. CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

I. TÍNH SỐ NUCLEÔTIT 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 : $Tổng\ số\ ADN\ con = 2^x$

- 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.

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

+ 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 :

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

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

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

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 lk 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 :

$$\text{- Tổng số liên kết hiđrô bị phá vỡ : } \sum H \text{ bị phá vỡ} = H (2^x - 1)$$

$$\text{- Tổng số liên kết hiđrô được hình thành : } \sum H \text{ hình thành} = H 2^x$$

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

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

- 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

$$\sum HT \text{ hình thành} = \left(\frac{N}{2} - 1 \right) (2 \cdot 2^x - 2) = (N - 2) (2^x - 1)$$

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 nhân 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 lk 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

$$\text{ribônu của ARN bằng số nu 1 mạch của ADN} \quad rN = rA + rU + rG + rX = \frac{N}{2}$$

- 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 .

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

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

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

$$+ \text{ Số lượng : } A = T = rA + rU$$

$$G = X = rG + rX$$

$$+ \text{ Tỉ lệ \% : } \% A = \% T = \frac{\% rA + \% rU}{2}$$

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

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 Å⁰ . Vì vậy chiều dài ARN bằng chiều dài ADN tổng hợp nên ARN đó

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

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 H₃PO₄ vào thành phần đường . Do đó số liên kết hoá 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 RIBÔNUCLEOTIT 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 :

$$\begin{array}{l} \text{a. Số liên kết hidro :} \quad H_{đứt} = H_{ADN} \\ \quad \quad \quad \quad \quad \quad \quad \quad H_{hình\ thành} = H_{ADN} \\ \quad \quad \quad \quad \quad \quad \quad \quad \Rightarrow H_{đứt} = H_{hình\ thành} = H_{ADN} \end{array}$$

b. Số liên kết hoá trị : $HT_{hình\ thành} = rN - 1$

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 tgian 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 H₂O tạo ra

-Hai a amin nối nhau bằng 1 liên kết péptit , 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) Loxin : Leu |
| 5) Izoloxin : Ile | 6) Xerin : 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 mật mã

	U	X	A	G	
U	UUU	UXU	UAU	UGU	U X A G
	UUX	UXX	UAX	UGX	
	UUA	UXA	UAA **	UGA **	
	UUG	UXG	UAG **	UGG	
	phe	Ser	Tyr	Cys	
	Leu		**	Trp	

X	XUU	Leu	XXU	Pro	XAU	His	XGU	Arg	U
	XUX		XXX		XAX		XGX		
	XUA		XXA		XAA		XGA		
	XUG		XXG		XAG		XGG		
A	AUA	He	AXU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUX		AXX		AA X		AGX		
	AUA		AXA		AAA		AGA		
	AUG *Met		AXG		AA G		AGG		
G	GUU	Val	GXU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gli	U
	GUX		GXX		GAX		GGX		
	GUA		GXA		GAA		GGA		
	GUG *Val		GXG		GAG		GGG		

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 :

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

• 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) .

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

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

$$\sum \text{aa}_P = \text{Số P} . \left(\frac{rN}{3} - 2 \right)$$

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 lk 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 bấy 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 ... là 2 y.

z phân tử' giải mã 1 lần \rightarrow ... 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.

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

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)

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

* 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 polipeptit mà mỗi riboxom đó giải mã được :

$$\sum \text{aa}_{td} = \text{a}_1 + \text{a}_2 + \dots + \text{a}_x$$

Trong đó : x = số ribôxôm ; $\text{a}_1, \text{a}_2 \dots$ = 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:

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

B. CƠ SỞ VẬT CHẤT VÀ CƠ CHẾ DI TRUYỀN Ở CẤP ĐỘ TẾ BÀO (NST)

PHẦN I . NHIỆM SẮC THỂ VÀ CƠ CHẾ NGUYÊN PHÂN

I. TÍNH SỐ TẾ BÀO CON TẠO THÀNH

Tb sản bằng cách phân đôi trở thành 2 tế bào con \rightarrow số tế bào ở thế hệ sau gấp đôi số tế bào ở thế hệ trước

- Từ 1 tế bào ban đầu : + Qua 1 đợt phân bào tạo 2^1 tế bào con
+ Qua 2 đợt phân bào tạo 2^2 tế bào con
 \Rightarrow Số tế bào con tạo thành từ 1 tế bào ban đầu qua x đợt phân bào $A = 2^x$

- Từ nhiều tế bào ban đầu :
+ a_1 tế bào qua x_1 đợt phân bào \rightarrow tế bào con $a_1 \cdot 2^{x_1}$
+ a_2 tế bào qua x_2 đợt phân bào \rightarrow tế bào con $a_2 \cdot 2^{x_2}$
 \Rightarrow Tổng số tế bào con sinh ra $\sum A = a_1 \cdot 2^{x_1} + a_2 \cdot 2^{x_2} + \dots$

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

Khi tự nhân đôi, mỗi nửa của nhiễm sắc thể ban đầu tạo thêm nữa mới từ nguyên liệu của môi trường nội bào để trở thành 2 nhiễm sắc thể giống hệt nó. (Do đó có thể quan niệm là 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 trong tế bào mẹ số đợt tự nhân đôi của nhiễm sắc thể = số đợt nguyên phân của tế bào .

- **Số NST tương đương với nguyên liệu được môi trường nội bào cung cấp** bằng tổng số NST sau cùng trong tất cả tế bào con trừ số NST ban đầu tế bào mẹ

- Tổng số NST sau cùng trong tất cả tế bào con : $2n \cdot 2^x$

- Số NST ban đầu trong tế bào mẹ : $2n$

Vậy tổng số NST tương đương với nguyên liệu được cung cấp khi 1 tế bào $2n$ phải qua x đợt ng phân là :

$$\sum NST = 2n \cdot 2^x - 2n = 2n (2^x - 1)$$

- **Số NST chứa hoàn toàn nguyên liệu mới**

Dù ở đợt nguyên phân nào , trong số NST của tế bào con cũng có 2 NST mang 1/2 NST cũ của 1 NST ban đầu

\rightarrow số NST có chứa 1/2 NST cũ = 2 lần số NST ban đầu . Vì vậy , số NST trong tế bào con mà mỗi NST này đều được cấu thành từ nguyên liệu mới do môi trường nội bào cung cấp là :

$$\sum NST mới = 2n \cdot 2^x - 2 \cdot 2n = 2n (2^x - 2)$$

III. TÍNH THỜI GIAN NGUYÊN PHÂN

1. Thời gian của 1 chu kì nguyên phân :

Là thời gian của 5 giai đoạn , có thể được tính từ đầu 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

- **Tốc độ nguyên phân không thay đổi :**

Khi thời gian của đợt nguyên phân sau luôn luôn bằng thời gian của đợt nguyên phân trước .

$$\sum TG = \text{thời gian mỗi đợt} \times \text{số đợt nguyên phân}$$

- **Tốc độ nguyên phân thay đổi**

Nhanh dần đều : khi thời gian của đợt phân bào sau ít hơn thời gian của đợt phân bào trước là 1 hằng số (ngược lại , thời gian của nguyên phân giảm dần đều)

Ví dụ : Thời gian của đợt nguyên phân 1 : 30 phút 30 phút

Thời gian của đợt nguyên phân 2 : 28 phút 32 phút

Thời gian của đợt nguyên phân 3 : 36 phút 34 phút

Nhanh dần đều

chậm dần đều

Vậy : Thời gian 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

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

PHẦN 2 . CƠ CHẾ GIẢM PHÂN VÀ THỤ TINH

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

1. **Tạo giao tử** (Kiểu NST giới tính : đực XY ; cái XX)

- Ở vùng chín , mỗi tế bào sinh dục sơ khai (tế bào sinh tinh) qua giảm phân cho 4 tinh trùng và gồm 2 loại X và Y có tỉ lệ bằng nhau .

- Số tinh trùng hình thành = Số tế bào sinh tinh x 4

- Số tinh trùng X hình thành = Số tế bào Y hình thành

- Ở vùng chín , mỗi tế bào sinh dục sơ khai (tế bào sinh trứng) qua giảm phân chỉ cho 1 tế bào trứng gồm 1 loại X , 3 tế bào kia là thể định hướng (về sau bị tiêu biến)

- Số trứng hình thành = Số tế bào trứng x 1

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

2. Tạo hợp tử

- Một tinh trùng loại X kết hợp với trứng tạo thành 1 hợp tử XX, còn tinh trùng loại Y kết hợp với trứng tạo thành 1 hợp tử XY

- Tinh trùng X x Trứng X → Hợp tử XX (cái)

- Tinh trùng Y x Trứng X → Hợp tử XY (đực)

- Mỗi tế bào trứng chỉ kết hợp với một tinh trùng để tạo thành 1 hợp tử .

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

3 Tỉ lệ thụ tinh (hiệu suất thụ tinh) :

- Tỉ lệ thụ tinh của tinh trùng = Số tinh trùng thụ tinh : Tổng số tinh trùng hình thành

- Tỉ lệ thụ tinh của trứng = Số trứng thụ tinh : Tổng số trứng hình thành

III. TÍNH SỐ LOẠI GIAO TỬ VÀ HỢP TỬ KHÁC NHAU VỀ NGUỒN GỐC VÀ CẤU TRÚC NST

1, Sự phân li và tổ hợp của NST trong quá trình giảm phân

a) Ở phân bào I :

- Từ kì sau đến kì cuối , mỗi NST kép trong cặp tương đồng phân li về 1 tế bào , có khả năng tổ hợp tự do với các NST kép của các cặp khác theo nhiều kiểu .

- Nếu có trao đổi đoạn trong cặp NST thì chỉ thay đổi dạng trong số kiểu đó , chứ không làm tăng số kiểu tổ hợp

+ Số kiểu tổ hợp : 2^n (n số cặp NST tương đồng)

+ Các dạng tổ hợp : dùng sơ đồ phân nhánh hoặc cách nhân đại số

b) Ở phân bào II

- Từ kì sau đến kì cuối , mỗi NST đơn trong NST kép phân li về 1 giao tử và có khả năng tổ hợp tự do với các NST đơn của những cặp khác tạo thành nhiều kiểu tổ hợp , do đó phát sinh nhiều loại giao tử

- Nếu có trao đổi đoạn xảy ra tại 1 điểm trong cặp NST thì cứ mỗi cặp có trao đổi đoạn sẽ làm số loại giao tử tăng gấp đôi

+ Số kiểu giao tử : 2^{n+m} (m : số cặp NST có trao đổi đoạn)

+ Dạng tổ hợp : dùng sơ đồ phân nhánh hoặc cách nhân đại số

C. CÁC QUY LUẬT DI TRUYỀN
PHẦN I . CÁC ĐỊNH LUẬT CỦA MENDEL
A. TÓM TẮT LÝ THUYẾT

I. MỘT SỐ KHÁI NIỆM VÀ THUẬT NGỮ

- 1. Alen :** là các trạng thái khác nhau của cùng một gen . Các alen có vị trí tương ứng trên 1 cặp NST tương đồng (lôcut) . VD: **gen quy định màu hạt** có 2 alen : A -> hạt vàng ; a -> hạt xanh .
- 2. Cặp alen :** là 2 alen giống nhau hay khác nhau thuộc cùng một gen nằm trên 1 cặp NST tương đồng ở vị trí tương ứng trong tế bào lưỡng bội . DV : AA , Aa , aa
 - Nếu 2 alen có cấu trúc giống nhau -> **Cặp gen đồng hợp** . VD : AA , aa
 - Nếu 2 alen có cấu trúc khác nhau -> **Cặp gen dị hợp** . VD di5Aa , Bb
- 3. Thể đồng hợp :** là cá thể mang 2 alen giống nhau thuộc cùng 1 gen .
VD : aa , AA , BB, bb
- 4. Thể dị hợp :** là cá thể mang 2 alen khác nhau thuộc cùng 1 gen .
VD : Aa , Bb , AaBb
- 5. Tính trạng tương phản :** là 2 trạng thái khác nhau của cùng một tính trạng nhưng biểu hiện trái ngược nhau
VD : thân cao và thân thấp là 2 trạng thái của tính trạng chiều cao thân , thành cặp tính trạng tương phản
- 6. Kiểu gen :** là tổ hợp toàn bộ các gen trong tế bào của cơ thể sinh vật
VD : Aa , Bb , $\frac{AB}{Ab}$, $\frac{BV}{bv}$, $\frac{Bv}{bV}$
- 7. Kiểu hình :** Là tổ hợp toàn bộ các tính trạng và đặc tính cơ thể
Vd : ruồi dấm có kiểu hình thân xám cánh dài hoặc thân đen cánh ngắn

II CÁC ĐỊNH LUẬT CỦA MENDEL

A. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU DI TRUYỀN CỦA MENDEL : có 2 phương pháp

1. Phương pháp phân tích cơ thể lai :

- a. Chọn dòng thuần :** trồng riêng và để tự thụ phấn , nếu đời con hoàn toàn giống bố mẹ thì thứ đậu đó thuần chủng về tính trạng nghiên cứu .
 - b. Lai các cặp bố mẹ thuần chủng khác nhau về một hoặc vài cặp tính trạng tương phản .** VD : P_{tc} : vàng x xanh
 - c. Sử dụng thống kê toán học trên số lượng lớn cá thể lai** để phân tích quy luật di truyền từ P -> F
- 2. Lai phân tích :** là phép lai giữa cơ thể mang tính trạng trội với cơ thể mang tính trạng lặn để kiểm tra kiểu gen của cá thể mang tính trạng trội là đồng hợp hay dị hợp
- Nếu thế hệ lai sinh ra đồng tính thì cơ thể có kiểu hình trội có kiểu gen đồng hợp
 - Nếu thế hệ lai sinh ra phân tính thì cơ thể có kiểu hình trội có kiểu gen dị hợp
- VD : Lai phân tích đậu hạt vàng (có KG AA hoặc Aa) với đậu hạt xanh (KG : aa)
- + Nếu F_a **đồng tính** hạt vàng thì cây đậu hạt vàng muốn tìm KG có KG đồng hợp trội (AA)
 - + Nếu F_a **phân tính** (1 vàng : 1 xanh) thì cây đậu hạt vàng muốn tìm KG có KG dị hợp trội (Aa)

B. LAI MỘT CẶP TÍNH TRẠNG

- 1. Khái niệm :** phép lai trong đó cặp bố mẹ thuần chủng khác nhau về 1 cặp TT tương phản đem lai
- 2. Thí nghiệm :** Lai 2 thứ đậu Hà Lan thuần chủng khác nhau về 1 cặp tính trạng tương phản là hạt vàng với hạt lục , thu được F₁ đồng loạt hạt vàng . Cho F₁ tự thụ , F₂ thu được ¾ hạt vàng ; ¼ hạt xanh

3. Nội dung định luật :

- a. Định luật đồng tính :** Khi lai bố mẹ khác nhau về 1 cặp tính trạng tương phản , thì F₁ có kiểu hình đồng nhất biểu hiện tính trạng 1 bên của bố hoặc mẹ . Tính trạng biểu hiện ở F₁ là tính trạng trội , tính trạng không biểu hiện ở F₁ là tính trạng lặn
- b. Định luật phân tính :** Khi cho các cơ thể lai F₁ tự thụ phấn hoặc giao phấn thì F₂ có sự phân li kiểu hình theo tỉ lệ xấp xỉ 3 trội : 1 lặn

4. Giải thích định luật :

- a. Theo Mendel :** thế hệ lai F₁ không sinh giao tử lai mà chỉ sinh ra giao tử thuần khiết
- b. Theo thuyết NST** (cơ sở tế bào học của định luật đồng tính và phân tính)

5. Điều kiện nghiệm đúng của định luật đồng tính và phân tính :

- Bố mẹ phải thuần chủng và khác nhau 1 cặp tính trạng tương phản đem lai
- Tính trạng trội phải trội hoàn toàn
- Số cá thể phân tích phải lớn

6. Ý nghĩa :

- **Định luật đồng tính :** lai các giống thuần chủng tạo ưu thế lai ở F₁ do các cặp gen dị hợp quy định .
- **Định luật phân tính :** không dùng F₁ làm giống vì F₂ xuất hiện tính trạng lặn không có lợi

- **Ứng dụng định luật đồng tính và phân tính trong phép lai phân tích** : cho phép lai xác định được kiểu gen của cơ thể mang tính trạng trội là thể đồng hợp hay dị hợp

C . LAI HAI VÀ NHIỀU CẶP TÍNH TRẠNG

1. **Khái niệm** : Là phép lai trong đó cặp bố mẹ thuần chủng đem lai phân biệt nhau về 2 hay nhiều cặp tính trạng tương phản . VD : Lai giữa đậu Hà Lan hạt vàng, trơn với hạt xanh, nhăn

2 Thí nghiệm của Mendel

a. thí nghiệm và kết quả :

- Lai giữa 2 thứ đậu thuần chủng khác nhau 2 cặp tính trạng tương phản : hạt vàng vỏ trơn với hạt xanh vỏ nhăn , thu được F₁ đồng loạt hạt vàng trơn .

- Cho các cây F₁ vàng trơn tự thụ phấn hoặc giao phấn với nhau , F₂ thu được tỉ lệ xấp xỉ : 9 vàng , trơn ; 3 vàng ,nhăn ; 3 xanh trơn ; 1 xanh , nhăn .

b. Nhận xét :

- F₂ xuất hiện 2 loại kiểu hình mới khác bố mẹ là vàng nhăn và xanh trơn được gọi là **biến dị tổ hợp**

- **Mỗi** tính trạng xét riêng tuân theo định luật đồng tính ở F₁ và phân tính ở F₂

+ Xét riêng :

* F₁ :100% hạt vàng → F₂ :hạt vàng / hạt xanh = 9+ 3 /3+1 = 3 / 1

* F₁ : 100% hạt trơn → F₂ : hạt trơn / hạt nhăn = 9+3 / 3+1 = 3 / 1

+ Xét chung 2 tính trạng :

Ở F₂ = (3V :1X) (3T : 1N) = (9 V-T : 3V – N : 3 X-T : 1 X-N)

Vậy mỗi cặp tính trạng di truyền không phụ thuộc vào nhau

3. **Nội dung định luật phân li độc lập** : Khi lai 2 bố mẹ thuần chủng, khác nhau về 2 hay nhiều cặp tính trạng tương phản thì sự di truyền của cặp tính trạng này không phụ thuộc vào sự di truyền của cặp tính trạng kia , do đó ở F₂ xuất hiện những tổ hợp tính trạng khác bố mẹ gọi là **biến dị tổ hợp**

4 . Giải thích định luật phân li độc lập của Mendel theo thuyết NST (cơ sở TB học)

-Gen trội A : hạt vàng ; gen lặn a : hạt xanh . Gen trội B : hạt trơn ; gen lặn b : hạt nhăn

- Mỗi cặp gen qui định 1 cặp tính trạng và nằm trên 1 cặp NST tương đồng riêng

- P_{tc} : vàng trơn x xanh nhăn → F₁ : 100% vàng trơn . F₁ x F₁ -> F₂ gồm :

+ 9 kiểu gen : 1AABB: 2 AaBB: 2 AABb : 4 AaBb : 1AAbb : 2 Aabb: 1aaBB :2aaBb: 1aabb.

+ 4 kiểu hình : 9 vàng trơn : 3 vàng nhăn : 3 xanh trơn : 1 xanh nhăn

5 . Điều kiện nghiệm đúng :

- Bố mẹ phải thuần chủng và khác nhau về các cặp tính trạng tương phản đem lai

- Tính trạng trội phải trội hoàn toàn .

- Số cá thể phân tích phải lớn .

- Các cặp gen xác định các cặp tính trạng tương phản nằm trên các cặp NST tương đồng khác nhau .

- Các cặp gen phải tác động riêng rẽ lên sự hình thành tính trạng

6 . **Ý nghĩa** : : Sự phân li độc lập và tổ hợp tự do của NST và gen trong giảm phân , thụ tinh làm tăng biến dị tổ hợp là nguồn nguyên liệu cho chọn giống và tiến hoá , giải thích sự đa dạng của sinh vật

D. DI TRUYỀN TÍNH TRẠNG TRUNG GIAN (trội không hoàn toàn)

1 . **Thí nghiệm** : Lai 2 thứ hoa Dạ Lan thuần chủng : hoa đỏ : AA với hoa trắng aa , được các cây F₁ đều có hoa màu hồng (Aa) . Cho các cây F₁ tự thụ phấn (hoặc giao phấn) , ở F₂ phân li theo tỉ lệ : 1 đỏ : 2 hồng : 1 trắng

* **Nhận xét** : Thể đồng hợp và dị hợp có kiểu hình khác nhau

2 . **Nội dung định luật** : Khi lai 2 cơ thể bố mẹ khác nhau về 1 cặp tính trạng , thì F₁ đồng loạt mang tính trạng trung gian giữ bố và mẹ .

3 . Giải thích :

- Tính trạng màu hoa do một cặp gen quy định , AA : hoa đỏ ; aa : hoa trắng ; Aa : hoa hồng .

- Sơ đồ lai : P : AA (hoa đỏ) x aa (hoa trắng)

G_p : A a

F₁ : Aa (100% hoa hồng)

F₁ x F₁ : Aa (hoa hồng) x Aa (hoa hồng)

G_{F1} : A , a A , a

F₂ : AA (1 đỏ) : 2 Aa (2 hồng) : aa (1 trắng)

B. PHƯƠNG PHÁP GIẢI

I. TÍNH SỐ LOẠI VÀ THÀNH PHẦN GEN GIAO TỬ

1. Số loại giao tử :

Không tùy thuộc vào kiểu gen trong KG mà tùy thuộc vào số cặp gen dị hợp trong đó :

- + Trong KG có 1 cặp gen dị hợp $\rightarrow 2^1$ loại giao tử
- + Trong KG có 2 cặp gen dị hợp $\rightarrow 2^2$ loại giao tử
- + Trong KG có 3 cặp gen dị hợp $\rightarrow 2^3$ loại giao tử
- + Trong KG có n cặp gen dị hợp $\rightarrow 2^n$ loại giao tử

2. Thành phần gen (KG) của giao tử :

Trong tế bào (2n) của cơ thể gen tồn tại thành từng cặp tương đồng, còn trong giao tử (n) chỉ còn mang 1 gen trong cặp

- + Đối với cặp gen đồng hợp AA (hoặc aa) : cho 1 loại giao tử A (hoặc 1 loại giao tử a)
 - + Đối với cặp gen dị hợp Aa: cho 2 loại giao tử với tỉ lệ bằng nhau giao tử A và giao tử a
 - + Suy luận tương tự đối với nhiều cặp gen dị hợp name trên các cặp NST khác nhau, thành phần kiểu gen của các loại giao tử được ghi theo sơ đồ phân nhánh (sơ đồ Auerbac) hoặc bằng cách nhân đại số
- Ví dụ : Kiểu gen : AaBbDd \rightarrow giao tử : ABD, ABd, AbD, Abd
aBD, aBd, abD, abd

II. TÍNH SỐ KIỂU TỔ HỢP, KIỂU GEN, KIỂU HÌNH VÀ CÁC TỈ LỆ PHÂN LI Ở ĐỜI CON

1. Số kiểu tổ hợp :

Mỗi loại giao tử được tổ hợp tự do với các loại giao tử cái tạo thành nhiều kiểu tổ hợp trong các hợp tử. Vì vậy số kiểu tổ hợp giữa các loại giao tử đực và cái là :

Số kiểu tổ hợp = số loại giao tử đực x số loại giao tử cái

Chú ý : + Biết kiểu tổ hợp \Rightarrow biết số loại giao tử đực, giao tử cái \Rightarrow biết được cặp gen dị hợp trong kiểu gen của cha mẹ

+ Kiểu tổ hợp khác nhau nhưng có thể đưa đến kiểu gen giống nhau \Rightarrow số KG \leq số kiểu tổ hợp.

2. Số loại giao tử và tỉ lệ phân li về kiểu gen(KG), kiểu hình (KH):

Sự di truyền của các gen là độc lập với nhau \Rightarrow sự tổ hợp tự do giữa các cặp gen cũng như giữa các cặp tính trạng. Vì vậy, kết quả về kiểu gen cũng như về kiểu hình ở đời con được tính như sau :

+ Tỉ lệ KG chung của nhiều cặp gen = các tỉ lệ KG riêng rẽ của mỗi cặp gen nhân với nhau

\Rightarrow **Số KG tính chung = số KG riêng của mỗi cặp gen nhân với nhau**

+ Tỉ lệ KH chung của nhiều cặp tính trạng = các tỉ lệ KH riêng rẽ của mỗi cặp tính trạng nhân với nhau

III. TÌM KIỂU GEN CỦA BỐ MẸ

1. Kiểu gen riêng của từng loại tính trạng :

Xét riêng kết quả đời con lai F_1 của từng loại tính trạng

a) **F_1 đồng tính** : + Nếu bố mẹ (P) có KH khác nhau thì F_1 nghiệm đúng ĐL đồng tính của Mendel \Rightarrow tính trạng biểu hiện ở F_1 là tính trạng trội và thế hệ P đều thuần chủng : AA x aa .

+ Nếu P cùng kiểu hình và F_1 mang tính trạng trội thì 1 trong 2P có KG đồng hợp trội AA, P còn lại có thể là AA hoặc Aa

+ Nếu P không rõ KH và F_1 mang tính trạng trội, thì 1 trong 2 P là đồng hợp trội AA, P còn lại tùy ý : AA, Aa hoặc aa .

b) **F_1 phân tính nếu có tỉ lệ** :

• **F_1 phân tính theo tỉ lệ 3:1**

F_1 nghiệm đúng định luật phân tính của Mendel \Rightarrow tính trạng $\frac{3}{4}$ là tính trạng trội, $\frac{1}{4}$ là tính trạng lặn và P

đều dị hợp Aa x Aa

Chú ý : Trong trường hợp trội không hoàn toàn thì tỉ lệ F_1 là 1:2:1. Trong trường hợp có gen gây chết ở trạng thái đồng hợp thì tỉ lệ F_1 là 2:1 .

• **F_1 phân tính theo tỉ lệ 1:1**

F_1 là kqua đặc trưng của phép lai ptích thể dị hợp \Rightarrow 1 bên P có KG dị hợp Aa, P còn lại đồng hợp aa

• **F_1 phân tính không rõ tỉ lệ**

Dựa vào cá thể mang TT lặn ở F_1 là aa \Rightarrow P đều chứa gen lặn a, phối hợp với KH của P suy ra KG của P

2. Kiểu gen chung của nhiều loại tính trạng

a) **Trong phép lai không phải là phép lai phân tích.**

Kết hợp kết quả về KG riêng của từng loại tính trạng với nhau .

Ví dụ : Ổ cà chua

A : quả đỏ ; a quả vàng

B : quả tròn ; b quả bầu dục

Cho lai 2 cây chưa rõ KG và KH với nhau thu được F₁ gồm : 3 cây đỏ tròn ; 3 đỏ bầu dục ; 1 vàng tròn ; 1 vàng bầu dục . Các cặp gen nằm trên các cặp NST khác nhau . Tìm KG 2 cây thuộc thế hệ P

- Xét riêng từng cặp tính trạng :

+ F₁ gồm (3+3) đỏ : (1 + 1) vàng = 3 đỏ : 1 vàng (theo ĐL đồng tính) =>P : Aa x Aa

+ F₁ gồm (3 + 1) tròn : (3 + 1) bầu dục = 1 tròn : 1 bầu dục (lai phân tích dị hợp) => P : Bb x bb

- Xét chung : Kết hợp kết quả về KG riêng của mỗi loại TT ở trên => KG của P là : AaBb x AaBb .

b) Trong phép lai phân tích .

Không xét riêng từng loại tính trạng mà phải dựa vào kết quả của phép lai để xác định tỉ lệ và thành phần gen của mỗi loại giao tử sinh ra => KG của cá thể đó

IV CÁCH NHẬN ĐỊNH QUY LUẬT DI TRUYỀN

1) Căn cứ vào phép lai không phải là phép lai phân tích :

- Tìm tỉ lệ phân tính về KH ở thế hệ con đối với mỗi loại tính trạng

- Nhân tỉ lệ KH riêng rẽ của loại tính trạng này với tỉ lệ KH riêng của loại tính trạng kia . Nếu thấy kết quả tính được phù hợp với kết quả phép lai => 2 cặp gen quy định 2 loại tính trạng đó nằm trên 2 cặp NST khác nhau , di truyền theo quy luật phân li độc lập của Mendel (trừ tỉ lệ 1:1 nhân với nhau)

Ví dụ : Cho lai 2 thứ cà chua : quả đỏ thân cao với quả đỏ thân thấp thu được 37,5% quả đỏ thân cao : 37,5% quả đỏ thân thấp : 12,5% quả vàng thân cao , 12,5% quả vàng thân thấp . Biết rằng mỗi tính trạng do 1 gen quy định

Giải

+ Xét riêng từng tính trạng ở thế hệ con

- (37,5% + 37,5%) đỏ : (12,5% + 12,5%) vàng = 3 đỏ : 1 vàng

- (37,5% + 12,5%) cao : (37,5% + 12,5%) thấp = 1 cao : 1 thấp

+ Nhân 2 tỉ lệ này (3 đỏ : 1 vàng) (1 cao : 1 thấp) = 3 đỏ cao : 3 đỏ thấp : 1 vàng cao : 1 vàng thấp . phù hợp với phép lai trong đề bài . Vậy 2 cặp gen quy định 2 cặp nằm trên 2 cặp NST khác nhau

2) Căn cứ vào phép lai phân tích :

Không xét riêng từng loại tính trạng mà dựa vào kết quả phép lai để xác định tỉ lệ và loại giao tử sinh ra của các cá thể cần tìm .

Nếu kết quả lai chứng tỏ cá thể dị hợp kép cho ra 4 loại giao tử tỉ lệ bằng nhau => 2 cặp gen đó nằm trên 2 cặp NST khác nhau .

PHẦN II LIÊN KẾT GEN - HOÁN VỊ GEN

A. TÓM TẮT LÝ THUYẾT

I. LIÊN KẾT GEN HOÀN TOÀN :

1. Thí nghiệm của Mogan :

a. Đối tượng nghiên cứu : Ruồi giấm có những điểm thuận lợi trong nghiên cứu di truyền : dễ nuôi trong ống nghiệm , đẻ nhiều , vòng đời ngắn (10 -14 ngày / thế hệ) , số lượng NST ít (2n = 8) , nhiều biến dị dễ thấy .

b. Nội dung thí nghiệm :

- Lai 2 dòng ruồi giấm thuần chủng khác nhau về 2 cặp tính trạng tương phản là ruồi thân xám , cánh dài với ruồi thân đen cánh ngắn . Được F₁ đồng loạt ruồi thân xám cánh dài .

Vậy , theo định luật đồng tính của Mendel : thân xám cánh dài là tính trạng trội hoàn toàn so với thân đen ., cánh ngắn và F₁ có kiểu gen dị hợp 2 cặp gen .

- Lai phân tích ruồi đực F₁ thân xám , cánh dài với ruồi cái thân đen , cánh ngắn . ở F₂ thu được 50% thân xám cánh dài ; 50% thân đen cánh ngắn

c. Nhận xét :

- Nếu 2 tính trạng do 2 cặp gen nằm trên 2 cặp NST khác nhau di truyền phân li độc lập thì kết quả lai phân tích thu được 4 loại kiểu hình với tỉ lệ bằng nhau .

- Kết quả thí nghiệm chỉ thu được 2 loại kiểu hình giống bố mẹ . Ruồi cái là thể đồng hợp về 2 cặp gen lặn chỉ cho 1 loại giao tử , chứng tỏ ruồi cái F₁ dị hợp 2 cặp gen nhưng chỉ cho

2 loại giao tử với tỉ lệ bằng nhau chứ không phải là 4 loại giao tử giống như phân li độc lập của Mendel

Như vậy , có sự di truyền liên kết giữa 2 tính trạng màu sắc thân và hình dạng cánh . Tính trạng thân xám luôn đi kèm với tính trạng cánh dài ; tính trạng thân đen luôn đi kèm với tính trạng cánh ngắn .

2. Giải thích cơ sở tế bào học (vẽ sơ đồ phân li NST)

- Quy ước : B : thân xám , b : thân đen ; V cánh dài , v : cánh ngắn
- Kết quả thí nghiệm trên chỉ có thể giải thích được nếu thừa nhận các gen B và V cùng nằm trên 1 NST (kí hiệu BV), các gen b và v cùng nằm trên 1 NST (kí hiệu bv) trong cặp tương đồng .
- Sơ đồ lai : (HS tự viết)

3. Nội dung định luật liên kết gen hoàn toàn :

- Các gen phân bố trên NST tại những vị trí xác định gọi là lôcut .
- Trong tế bào , số lượng gen lớn hơn số lượng NST nhiều nên trên mỗi NST phải mang nhiều gen .
- Các gen nằm trên 1 NST phân li cùng nhau trong quá trình phân bào và **làm thành 1 nhóm gen liên kết**
 - Số nhóm gen liên kết ở mỗi loài là tương ứng với số NST đơn bội (n) của loài đó .
 - Số nhóm tính trạng di truyền liên kết tương ứng với nhóm gen liên kết

4. Ý nghĩa của di truyền liên kết :

- liên kết gen làm hạn chế sự xuất hiện của biến dị tổ hợp , bảo toàn những tính trạng giống bố mẹ
- Liên kết gen đảm bảo sự di truyền bền vững từng nhóm tính trạng qui định bởi các gen trên 1 NST
- Trong chọn giống , tiến hành lai tạo ra giống mới có các gen quý (qui định nhóm tính trạng tốt) nằm trong cùng 1 nhóm gen liên kết luôn đi kèm với nhau

II. LIÊN KẾT GEN KHÔNG HOÀN TOÀN :

1. Thí nghiệm : Khi cho lai ruồi cái F₁ thân xám cánh dài giao phối với ruồi cái thân đen cánh ngắn . Thu được ở F₂ : 41% thân xám cánh dài ; 41% thân đen cánh ngắn ; 9% thân xám cánh ngắn ; 9% thân đen cánh dài .

* Nhận xét :

- Nếu chỉ có hiện tượng liên kết gen thì F₂ chỉ có 2 loại kiểu hình là xám, dài và đen, ngắn .
- Thực tế ở F₂ có 4 loại kiểu hình , trong đó có 2 loại kiểu hình mới là thân xám cánh ngắn và thân đen , cánh dài với tỉ lệ thấp là kết quả của hiện tượng hoán vị gen giữa 2 trong 4 crômatit của cặp NST kép

2 Giải thích bằng cơ sở tế bào học : (vẽ sơ đồ phân li NST)

- **Viết sơ đồ lai** (HS tự viết)

- **Tần số hoán vị gen (P)** = \sum tỉ lệ % các loại giao tử có gen hoán vị

VD : thí nghiệm trên thì => tần số hoán vị = 9% Bv + 9% bV = 18 %

B PHƯƠNG PHÁP GIẢI

I TÍNH SỐ LOẠI VÀ THÀNH PHẦN GIAO TỬ

1) Các gen liên kết hoàn toàn :

a) Trên 1 cặp NST (1 nhóm gen)

- Các gen đồng hợp tử → 1 loại giao tử

Ví dụ : $\frac{Ab}{Ab} \rightarrow 1$ loại giao tử Aa ; $\frac{ABd}{ABd} \rightarrow \underline{ABd}$

- Nếu có 1 cặp gen dị hợp trở lên → 2 loại giao tử tỉ lệ tương đương

Ví dụ : $\frac{AB}{Ab} \rightarrow \underline{AB} = \underline{Ab}$; $\frac{AB}{ab} \rightarrow \underline{AB} = \underline{ab}$; $\frac{ABD}{abd} \rightarrow \underline{ABD} = \underline{abd}$

b) Trên nhiều cặp NST (nhiều nhóm gen) nếu mỗi nhóm gen có ít nhất 1 cặp gen dị hợp

Số loại giao tử = 2ⁿ với n = số nhóm gen (số cặp NST)

* Tìm thành phần gen mỗi loại giao tử : dùng sơ đồ phân nhánh hoặc nhân đại số là mỗi loại giao tử của mỗi nhóm gen này phối hợp đủ kiểu với các loại giao tử của nhóm gen kia

Ví dụ : Cơ thể có KG $\frac{AB}{ab} \cdot \frac{DE}{de} \rightarrow 4$ loại giao tử : AB.DE ; AB.de ; ab.DE ; ab.de

Vì số nhóm gen là 2 → số loại giao tử 2² = 4 loại giao tử

2) Các gen liên kết không hoàn toàn .

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

a) Trường hợp 2 cặp gen dị hợp :

* Số loại giao tử : 2² = 4 loại tỉ lệ không bằng nhau

Thành phần gen :

+ 2 loại giao tử bình thường mang gen liên kết tỉ lệ mỗi loại giao tử này > 25% .

+ 2 loại giao tử HVG mang tổ hợp gen chéo nhau do 2 gen tương ứng đổi chỗ , tỉ lệ mỗi loại giao tử này < 25% .

Ví dụ : Cơ thể có KG $\frac{AB}{ab}$ liên kết không hoàn toàn tạo giao tử :

+ 2 loại giao tử bình thường tỉ lệ cao là : $\underline{AB} = \underline{ab} > 25\%$.

+ 2 loại giao tử HVG tỉ lệ thấp là : $\underline{Ab} = \underline{aB} < 25\%$

b) Trường hợp 3 cặp gen dị hợp

• Có xảy ra trao đổi chéo 2 chỗ :

VD : Cơ thể có KG $\frac{ABD}{abd}$

*Số loại giao tử tạo ra = 8 loại

*Thành phần KG các loại giao tử :

+ Giao tử bình thường : $\underline{ABD} = \underline{abd}$

+ Giao tử TĐC 1 chỗ : $\underline{Abd} = \underline{aBD} = X_1$; $\underline{ABd} = \underline{abD} = X_2$

+ Giao tử TĐC 2 chỗ : $\underline{AbD} = X_3$

• Không xảy ra TĐC 2 chỗ :

VD : Cơ thể có KG $\frac{ABD}{abd}$

*Số loại giao tử tạo ra = 6 loại giao tử

*Thành phần KG các loại giao tử :

+ Giao tử bình thường : $\underline{ABD} = \underline{abd}$

+ Giao tử TĐC 1 chỗ : $\underline{Abd} = \underline{aBD} = X_1$; $\underline{ABd} = \underline{abD} = X_2$

II. TẦN SỐ TRAO ĐỔI CHÉO VÀ KHOẢNG CÁCH TƯƠNG ĐỐI GIỮA 2 GEN TRÊN 1 NST

1) Tần số TĐC (tần số HVG) : p

Tần số TĐC giữa 2 gen trên cùng NST bằng tổng tỉ lệ 2 giao tử HVG .

$$\text{Do đó : Tỉ lệ mỗi loại giao tử bình thường} = \frac{100\% - p}{2} = \frac{1-p}{2}$$

$$\text{Tỉ lệ mỗi loại giao tử HVG} = \frac{p}{2}$$

* Tần số TĐC thể hiện lực liên kết giữa các gen . Thường các gen có xu hướng chủ yếu là liên kết \rightarrow tần số HVG $< 50\%$.

Trong trường hợp đặc biệt , các tế bào sinh dục sơ khai đều xảy ra TĐC giống nhau \rightarrow tần số HVG $p = 50\%$. Do đó , cơ thể dị hợp tử kép cho 4 loại giao tử tỉ lệ tương đương giống với trường hợp phân li độc lập .

2) Khoảng cách tương đối giữa các gen trên cùng 1 NST

+ Tần số HVG thể hiện khoảng cách tương đối giữa 2 gen : 2 gen càng nằm xa nhau thì tần số HVG càng lớn và ngược lại các gen càng nằm xa nhau thì tần số HVG càng nhỏ .

+ Dựa vào tần số HVG \Rightarrow khoảng cách giữa các gen \Rightarrow vị trí tương đối (locut) trong nhóm gen liên kết .

Qui ước : 1 cM (centimorgan) = 1% HVG

III. TÍNH TẦN SỐ HOÁN VỊ GEN

1) Trong phép lai phân tích :

Tần số HVG $p = (\text{Số cá thể hình thành do TĐC} : \text{Tổng số cá thể nghiên cứu}) \times 100\%$

Ví dụ : Lai phân tích ruồi cái thân xám cánh dài thuộc KG đôi $\frac{Ab}{aB}$ được thế hệ lai gồm 376 con xám ngắn :

375 con đen dài : 124 con xám dài : 125 con đen ngắn

Giải

Xám dài và đen ngắn là 2 KH do TĐC tạo ra :

$$\Rightarrow \text{Tần số HVG} = \frac{124 + 125}{376 + 375 + 124 + 125} \cdot 100 = 25\%$$

2) Trong các phép lai khác . giải bằng đại số

+ Đặt P : Tần số HVG \Rightarrow tỉ lệ giao tử HVG là $\frac{p}{2}$

$$\text{tỉ lệ giao tử BT là } \frac{1-p}{2}$$

+ Dựa vào loại KH mà đề bài cho biết lập tỉ lệ :

Tỉ lệ các KG làm nên KH theo ẩn số $p = \text{Số cá thể thuộc KH biết được} : \text{Tổng số cá thể thu được}$

Vd : cho cây thân cao hạt dài có KG $\frac{Ab}{aB}$ tự thụ phấn ở F_1 thu được 4000 cây , trong đó có 260 cây thấp tròn

+ Đặt p = Tần số HVG \Rightarrow tỉ lệ giao tử HVG là $\frac{p}{2}$

+ F_1 thu được cây thấp tròn ($\frac{ab}{ab}$) có tỉ lệ $\frac{160}{4000} = \frac{4}{100}$

Tỉ lệ KG làm nên cây thấp tròn là $(\frac{p}{2})^2 \cdot \frac{ab}{ab}$

\Rightarrow phương trình $(\frac{p}{2})^2 = \frac{4}{100}$ được $p = 40\%$

IV . CÁCH NHẬN ĐỊNH QUY LUẬT DI TRUYỀN

1) Dựa vào phép lai không phải là phép lai phân tích

+ Tìm tỉ lệ phân tính về KH ở thế hệ lai đối với mỗi loại tính trạng .

+ Nhân 2 tỉ lệ KH riêng của 2 loại tính trạng với nhau . Nếu kết quả không phù hợp đề bài \Rightarrow 2 cặp gen quy định 2 cặp tính trạng đó nằm trên cùng 1 cặp NST

2) Dựa vào phép lai phân tích

Nếu kết quả lai chứng tỏ cá thể dị hợp kép cho 2 loại giao tử hoặc 4 loại giao tử có tỉ lệ không bằng nhau \Rightarrow 2 cặp gen nằm trên cùng 1 cặp NST

PHẦN III. TƯƠNG TÁC GEN

A . TÓM TẮT LÝ THUYẾT

I. TÍNH TRẠNG ĐA GEN (tương tác gen / Nhiều gen chi phối một tính trạng)

1 . TÁC ĐỘNG BỔ TRỢ

a. Khái niệm : Tác động bổ trợ là kiểu tác động qua lại của 2 hay nhiều cặp gen thuộc những lôcut khác nhau (không alen) làm xuất hiện 1 tính trạng mới

b. Nội dung định luật :

+ Hai hoặc nhiều gen không alen có thể tác động lên sự hình thành tính trạng

+ Các dạng tác động khác nhau cho tỉ lệ kiểu hình ở F_2 là biến dạng của (9 : 3 : 3 : 1)

c. Các dạng tác động bổ trợ : Các tỉ lệ : 9 : 3 : 3 : 1 ; 9 : 6 : 1 : 9 : 7 . ta chỉ xét 1 dạng tỉ lệ : 9 : 6 : 1.

c 1 . Thí nghiệm 1 : khi lai 2 thứ bí quả tròn thuần chủng với nhau , F_2 thu được 3 loại kiểu hình với tỉ lệ : 9 dẹt : 6 tròn : 1 dài

c 2 Giải thích : F_2 có tỉ lệ kiểu hình 9 : 6 : 1 = 16 tổ hợp = 4 loại giao tử (? F_1) x 4 loại giao tử (? F_1) . Nghĩa là F_1 mỗi bên cho 4 loại giao tử với tỉ lệ bằng nhau . Vậy F_1 mỗi bên đều phải dị hợp ít nhất 2 cặp gen , nhưng chỉ quy định 1 tính trạng . Vậy tính trạng dạng quả do 2 cặp gen nằm trên 2 cặp NST tương đồng khác nhau tác động tác động qua lại cùng qui định

- **Qui ước gen :** giả sử 2 cặp gen tương tác là Aa và Bb :

+ Các kiểu gen có 2 gen trội (A-B-) tác động bổ trợ hình thành bí quả DE5T'.

+ Các kiểu gen chỉ có 1 gen trội : A-bb hoặc aaB- qui định bí quả tròn

+ Kiểu gen có 2 cặp gen lặn (aabb) tác động bổ trợ hình thành bí quả dài

- **Sơ đồ lai :**

+ P_{TC} : AA bb (quả tròn) x aa BB (quả tròn)

+ G_P : Ab aB

+ F_1 : Aa Bb (100% quả dài)

+ $F_1 \times F_1$: Aa Bb (quả dài) x Aa Bb (quả dài)

+ G_{F_1} : AB , Ab , aB , ab ; AB , Ab , aB , ab

F_2 : $\frac{9(A-B-)}{9 \text{ quả dẹt}}$: $\frac{3(A-bb) : 3(aaB-)}{6 \text{ quả tròn}}$: 1 aabb

1 quả dài

2. TÁC ĐỘNG ÁT CHẾ :

a. Khái niệm : là trường hợp một gen này kiểm hãm hoạt động của một gen khác , không cùng lôcut.

b. Các dạng tương tác át chế : Át chế gen trội (12:3:1; 13: 3) và át chế do gen lặn (9 : 4 : 3 :)

. Ta chỉ xét 1 dạng tỉ lệ 12 : 3 : 1

b1. Thí nghiệm : Cho lai ngựa lông xám thuần chủng với ngựa lông hung thuần chủng , được F_1 toàn lông xám . Cho các con ngựa F_1 giao phối với nhau , F_2 có sự phân li kiểu hình theo tỉ lệ : 12xám : 3 đen : 1 hung

b2 . Giải thích : (tương tự tác động bổ trợ)

*** Trường hợp A át chế :**

- Các kiểu gen có mặt gen trội A (A-B- ; A- bb) át chế hoạt động cặp gen B, b → qui định lông xám .

- Các kiểu gen (aaB-) có gen trội B không bị át chế → qui định màu đen

- Kiểu gen có 2 cặp gen lặn aabb → qui định lông hung

- Sơ đồ lai :

+ P_{TC} : AABB(xám) x aabb(hung)

+G_P: Ab aB

+ F₁ AaBb (100% xám)

+ F₁ x F₁: AaBb (xám) x AaBb (xám)

+G_{F1} : AB , Ab , aB , ab ; AB , Ab , aB , ab

F₂ : $\frac{9(A-B-)}{12 \text{ xám}}$: $\frac{3(A-bb)}{3 \text{ đen}}$: $\frac{3(aaB-)}{3 \text{ đen}}$: $\frac{1 aabb}{1 \text{ hung}}$

*** Trường hợp B át chế :**

- Các kiểu gen có mặt gen trội B (A-B- ; aaB-) át chế hoạt động cặp gen B,b → qui định lông xám .

- Các kiểu gen (A-bb) có gen trội A không bị át chế → qui định màu đen

- Kiểu gen có 2 cặp gen lặn aabb → qui định lông hung

- Sơ đồ lai :

+ P_{TC} : AABB(xám) x aabb(hung)

+G_P: Ab aB

+ F₁ AaBb (100% xám)

+ F₁ x F₁: AaBb (xám) x AaBb (xám)

+G_{F1} : AB , Ab , aB , ab ; AB , Ab , aB , ab

F₂ : $\frac{9(A-B-)}{12 \text{ xám}}$: $\frac{3(aaB-)}{3 \text{ đen}}$: $\frac{3(A-bb)}{3 \text{ đen}}$: $\frac{1 aabb}{1 \text{ hung}}$

3 TÁC ĐỘNG CỘNG GỘP :

a. Khái niệm : Tác động cộng gộp là kiểu tác động củ nhiều gen , trong đó mỗi mgen đóng góp 1 phần như nhau vào sự pháy triển của cùng 1 tính trạng .

b. Thí nghiệm : Lai giống lau mì hạt đỏ thuần chủng(TC) với giống hạt trắng TC , ở F₁ thu được toàn hạt đỏ đến F₂ có sự phân li kiểu hình : 15 đỏ : 1 trắng .Màu đỏ có độ đậm nhạt khác nhau , từ đỏ thắm đến đỏ nhạt

c. Giải thích : Màu sắc hạt lau mì ở F₂ có tỉ lệ phân li kiểu hình là 15 :1 gồm 16 tổ hợp , nên màu sắc phải do 2 cặp gen nằm trên 2 cặp NST khác nhau tương tác qui định .

- **Qui ước :** Giả sử 2 cặp gen tương tác là Aa, Bb

+ Các kiểu gen có mặt gen trội (A-B- : A-bb: aaB-) đều qui định hạt màu đỏ . Số lượng gen trội trong kiểu gen càng nhiều thì màu đỏ càng đậm.

+ Kiểu gen không có mặt gen trội nào cả (aabb) → qui định hạt trắng

- Sơ đồ lai :

+ P_{TC} : AABB(đỏ) x aabb(trắng)

+G_P: Ab aB

+ F₁ AaBb (100% đỏ)

+ F₁ x F₁: AaBb (đỏ) x AaBb (đỏ)

+G_{F1} : AB , Ab , aB , ab ; AB , Ab , aB , ab

F₂ : $\frac{9(A-B-)}{15 \text{ đỏ (đậm } \rightarrow \text{ nhạt)}}$: $\frac{3(A-bb)}{1 \text{ trắng}}$: $\frac{3(aaB-)}{1 \text{ trắng}}$: $\frac{1 aabb}{1 \text{ trắng}}$

II . GEN ĐA HIỆU (một gen chi phối nhiều tính trạng)

1 . Ví dụ

- Ở đậu Hà Lan : Thứ hoa tím thì hạt nâu , nách lá có chấm đen ; thứ hoa trắng thì hạt nhạt nách lá không chấm nâu .

- Ở ruồi Giấm : Các gen qui định cánh ngắn thì đốt thân ngắn , lông cứng , hình dạng cơ quan sinh dục thay đổi , đẻ trứng ít , tuổi thọ giảm ấu trùng suy yếu Còn gen quy định cánh dài thì thân đốt dài , lông mềm đẻ trứng nhiều , tuổi thọ cao , ấu trùng mạnh ...

2. Giải thích : Mỗi nhóm tính trạng trên đều do 1 gen qui định .

B PHƯƠNG PHÁP GIẢI

I. CÁC KIỂU TƯƠNG TÁC

Mỗi kiểu tương tác có 1 tỉ lệ KH tiêu biểu dựa theo biến dạng của $(3:1)^2$ như sau :

1 Kiểu hỗ trợ có 3 tỉ lệ KH : 9:3:3:1 ; 9:6:1 ; 9:7 .

a) Hỗ trợ gen trội hình thành 4 KH : 9:3:3:1

A-B- ≠ A-bb ≠ aaB- ≠ aabb thuộc tỉ lệ : 9:3:3:1

b) Hỗ trợ gen trội hình thành 3 KH : 9:6:1

A-B- ≠ (A-bb = aaB-) ≠ aabb thuộc tỉ lệ : 9:6:1

c) Hỗ trợ gen trội hình thành 2 KH : 9:7

A-B- ≠ (A-bb = aaB- = aabb) thuộc tỉ lệ : 9:7

2. Kiểu át chế có 3 tỉ lệ KG : 12:3:1 ; 13:3 ; 9:4:3

a) Át chế gen trội hình thành 3 KH : 12:3:1

(A-B- = A-bb) ≠ aaB- ≠ aabb thuộc tỉ lệ : 12:3:1

b) Át chế gen trội hình thành 2 KH : 13:3

(A-B- = A-bb = aabb) ≠ aaB- thuộc tỉ lệ : 13:3

c) Át chế gen lặn hình thành 3 KH : 9:4:3

A-B- ≠ (A-bb = aabb) ≠ aaB- thuộc tỉ lệ : 9:4:3

3. Tác động cộng gộp (tích lũy) hình thành 2 KH : 15:1

A-B- ≠ (A-bb = aabb) ≠ aaB-

Tổng quát n cặp gen tác động cộng gộp => tỉ lệ KH theo hệ số mỗi số hạng trong triển khai của nhị thức Newton $(A+a)^n$

II. XÁC ĐỊNH SỐ CẶP GEN TƯƠNG TÁC (Để nhận định quy luật di truyền)

• Thường dựa vào kết quả phân tích thế hệ lai => số kiểu tổ hợp giao tử => số loại giao tử của bố mẹ => số cặp gen tương tác .

• Tỉ lệ kiểu phân tích có thể thuộc 16 kiểu tổ hợp như : 9:6:1 ; 9:7 hoặc 8 kiểu tổ hợp như 4:3:1 ; 6:1:1 Hoặc 4 kiểu tổ hợp như : 3:1 ; 1:2:1 ... (xem bảng ghi các kiểu tương tác tương ứng)

III. DỰ ĐOÁN KIỂU TƯƠNG TÁC

• Sau khi xác định kiểu tương tác , đồng thời xác định kiểu gen bố mẹ => viết sơ đồ lai có thể có của phép lai đó để thấy tỉ lệ KG theo dạng nào , đối chiếu với tỉ lệ KH của đề bài => dự đoán kiểu tương tác

PHẦN IV DI TRUYỀN LIÊN KẾT VỚI GIỚI TÍNH

I. XÁC ĐỊNH KIỂU NST GIỚI TÍNH

1. Trong thiên nhiên , đã gặp 1 số kiểu NST giới tính như sau : XX, XY , XO ... (XX là đồng giao tử , XY hoặc XO là dị giao tử)

- Đực XY , cái XX : người , động vật có vú , ruồi giấm ...

- Đực XX , cái XY : các loại chim , bướm tằm , ếch nhái , bò sát .

- Đực XO ; cái XX : bọ xít , châu chấu , rệp

- Đực XX ; cái XO : bọ nhậy .

2. Nếu cá thể được đề cập trong đề bài không nêu loài nào => kiểu NST giới tính có thể xác định theo cách : - Dựa vào cá thể mang tính trạng lặn ở thế hệ có tỉ lệ phân tích 3:1 . Vì tính trạng này dễ xuất hiện ở cá thể XY => giới tính của cá thể đó thuộc NST giới tính XY

- Dùng cách loại suy , lần lượt thử từng kiểu NST giới tính => kiểu nào cho kết quả phù hợp với đề bài thì nhận

Ví dụ : cho 1 cá thể mang 1 cặp gen dị hợp quy định cánh thẳng giao phối với cá thể khác được F₁ gồm 256 con cánh thẳng : 85 con cánh cong (chỉ toàn con đực)

=> - Cặp gen dị hợp quy định cánh thẳng => cánh thẳng là tính trạng trội , cánh cong là tính trạng lặn .
 - F₁ có tỉ lệ 3 cánh thẳng : 1 cánh cong . Nhưng tính trạng lặn cánh cong chỉ biểu hiện ở con đực => NST giới tính của con đực là XY , con cái XX .

II . DI TRUYỀN LIÊN KẾT VỚI GIỚI TÍNH

A. Khái niệm : là hiện tượng di truyền các tính trạng mà cá gen xác định chúng nằm trên các NST giới tính

B. Gen trên NST X (Qui luật di truyền chéo)

1 .Thí nghiệm : Moocgan đã lai ruồi giấm mắt đỏ với mắt trắng

-Lai thuận :

- + P : ♀ (mắt đỏ) x ♂ (mắt trắng)
- + F₁ : 100% mắt đỏ
- + F₂ : 3 mắt đỏ : 1 mắt trắng (toàn con đực)

-Lai nghịch :

- + P : ♀ (mắt trắng) x ♂ (mắt đỏ)
- + F₁ : 1 ♀ mắt đỏ : 1 ♂ mắt trắng
- + F₂ : 1 ♀ mắt đỏ : 1 ♀ mắt trắng : 1 ♂ mắt đỏ : 1 ♂ mắt trắng

2 . Giải thích :

- F₁ đồng loạt mắt đỏ , theo định luật đồng tính thì mắt đỏ trội hoàn toàn so với mắt trắng .

Qui ước : W : mắt đỏ ; w : mắt trắng .

- Nếu gen nằm trên NST thường thì F₂ (trong phép lai thuận) mắt trắng phân bố ở cả giới đực và cái . Thực tế ở F₂ màu mắt trắng chỉ có ở con đực , Vì vậy gen qui định màu mắt ở ruồi phải nằm trên NST giới tính X , không có alen trên Y .

- Sơ đồ lai :

+ **Phép lai thuận :**

P : X^WX^W (♀ mắt đỏ) x X^wY (♂ mắt trắng)

G : X^W , X^W ; X^w , Y

F₁ : X^WX^w , X^WY (100% mắt đỏ)

F₁ x F₁ : X^WX^w x X^WY

G : X^W , X^w ; X^W , Y

F₂ : X^WX^W : X^WX^w : X^WY : X^wY

3 mắt đỏ

: 1 mắt trắng

+ **Phép lai nghịch:**

P : X^wX^w (♀ mắt trắng) x X^WY (♂ mắt đỏ)

G : X^w ; X^w , Y

F₁ : X^WX^w (50% ♀ mắt đỏ) , X^wY (♂ mắt trắng)

F₁ x F₁ : X^WX^w x X^wY

G : X^W , X^w ; X^w , Y

F₂ : X^WX^w : X^wX^w : X^WY : X^wY

1 ♀ mắt đỏ : 1 ♀ mắt trắng : 1 ♂ mắt đỏ : 1 ♂ mắt trắng

Vậy, ở phép lai thuận gen lặn trên X do bỏ truyền cho **con gái** và biểu hiện ở **cháu trai**

3 . Nội dung định luật :

- **Di truyền chéo :** tính trạng của bố truyền cho con cái (gái) , tính trạng của mẹ truyền cho con đực .

- **Hai phép lai thuận nghịch cho:** kết quả khác nhau .

C . GEN TRÊN NST Y :(quy luật di truyền thẳng)

-NST Y ở đa số loài hầu như không mang gen , nên hầu như gen trên NST X hiếm có gen tương ứng trên Y . Tuy nhiên , ở 1 số loài động vật , NST Y cũng mang gen .

- NST Y ở người có đoạn mang gen tương ứng với gen trên X, nhưng cũng có đoạn gen trên Y mà không có gen tương ứng trên X

Ví dụ : Ở người tật dính ngón tay số 2 và số 3 do gen lặn (a) trên NST Y gây ra và chỉ biểu hiện ở nam giới

P: XX x XY^a

G: X ; X, Y^a

F₁: XX (50% gái BT) : XY^a (50% trai dính ngón)

- **Nội dung di truyền thẳng :** tính trạng qui định bởi gen nằm trên NST Y di truyền 100% ở các cặp NST giới tính XY (100% con trai)

D. Ý nghĩa : hiện tượng di truyền liên kết với giới tính được ứng dụng để phân biệt giới đực hoặc giới cái ở giai đoạn sớm phát triển của cá thể lúc hình thái giới tính chưa thể hiện ra kiểu hình, nhờ đó có thể chọn lọc để tăng năng suất.

Ví dụ : Ở gà người ta sử dụng gen trội A trên NST giới tính X xác định lông vằn, để phân biệt trống, mái khi mới nở. Gà trống con X^AX^A có lông vằn ở đầu rõ hơn so với con mái X^AY.

II CÁCH NHẬN ĐỊNH QUY LUẬT DI TRUYỀN :

1. Dựa vào kết quả của phép lai thuận nghịch

- Nếu kết quả lai thuận nghịch khác nhau thì gen quy định tính trạng được xét nằm trên NST giới tính.

- Nếu tính trạng đã cho thấy xuất hiện chỉ ở giới đực qua các thế hệ (di truyền thẳng) => gen nằm trên NST Y. Ngược lại thì gen nằm trên NST X

2. Dựa vào sự di truyền chéo hoặc tính trạng biểu hiện không đồng đều trên giới đực và cái :

a. **Di truyền chéo :** tính trạng của con đực giống tính trạng của mẹ và tính trạng của cái con giống bố là có sự di truyền chéo => gen nằm trên NST giới tính X

b. Tính trạng không biểu hiện đồng đều ở 2 giới :

Cùng 1 thế hệ nhưng tính trạng nào đó chỉ xuất hiện ở giới đực, còn giới cái thì không hoặc ngược lại => gen nằm trên NST giới tính

Chú ý : thực tế gen nằm trên NST giới tính cũng có những trường hợp tác động với gen nằm trên NST thường để hình thành 1 tính trạng. Cũng có các gen nằm trên cùng 1 NST giới tính X tác động riêng rẽ hoặc tương tác qua lại với nhau.

*** CHÚ Ý CÁCH NHẬN ĐỊNH CÁC QUY LUẬT DI TRUYỀN

1. Các quy luật Mendel : (phân li độc lập)

- Hai hay nhiều cặp gen nằm trên 2 hay nhiều cặp NST tương đồng

- Hai hay nhiều cặp gen quy định 2 hay nhiều cặp tính trạng

2. Các quy luật của Moocgan :

- Hai hay nhiều cặp gen cùng nằm trên 1 cặp NST

- Hai hay nhiều cặp gen cùng quy định 2 hay nhiều tính trạng

3. Các qui luật tương tác gen :

- Hai hay nhiều cặp gen nằm trên 2 hay nhiều cặp NST

- Hai hay nhiều cặp gen cùng qui định 1 cặp tính trạng

PHẦN V. ĐỘT BIẾN

A. ĐỘT BIẾN GEN (ĐBG)

I. Các dạng đột biến gen và sự biến đổi trong cấu trúc của gen :

- Đột biến gen là những biến đổi trong cấu trúc gen ở 1 hoặc 1 số cặp Nu.

- cấu trúc của gen bị biến đổi về số lượng hoặc thành phần hoặc trình tự các Nu trong gen

a) So sánh gen bình thường và gen Đột biến nhận thấy :

Hai gen có số Nu không thay đổi -> gen đột biến có thể biến đổi về thành phần và trình tự các Nu :

- Đột biến thay thế kiểu đồng hoán hoặc dị hoán.

+ Thay thế kiểu đồng hoán : thay thế 1 cặp A-T bằng 1 cặp G-X hoặc thay thế 1 cặp G-X bằng 1 cặp A-T

- + Thay thế kiểu dị hoán : thay thế 1 cặp A-T bằng 1 cặp T-A hoặc thay thế 1 cặp G-X bằng 1 cặp X-G
- Đột biến gen dạng đảo vị trí .

b) So sánh gen bình thường và gen đột biến nhận thấy :

Hai gen có số lượng từng loại Nu giống nhau -> (không thay đổi về thành phần và số lượng Nu) -> Gen ĐB có biến đổi về trình tự Nu :

- ĐBG dạng thay thế kiểu dị hoán .
- ĐBG dạng đảo vị trí

c) So sánh gen bình thường và gen đột biến nhận thấy : Hai gen có số lượng Nu giống nhau , hai gen khác nhau về thành phần từng loại Nu => ĐBG dạng thay thế kiểu đồng hoán

d) So sánh gen bình thường và gen đột biến nhận thấy :

Hai gen có số lượng Nu chênh lệch nhau 1 cặp Nu :

- ĐBG dạng thêm 1 cặp Nu
- ĐBG dạng mất 1 cặp Nu

II. Tỷ lệ gen đột biến :

- Gen tiền ĐB : gen có biến đổi cấu trúc ở 1 mạch . Gen tiền ĐB có thể được enzym sửa chữa thành gen bình thường .

- Gen ĐB : gen có biến đổi 1 cặp Nu trên 2 mạch đơn .

+ Gen < nhân đôi > gen tiền ĐB < nhân đôi > gen ĐB

$$x=1$$

$$x=1$$

+ Tỷ lệ gen đột biến = (Số gen ĐB : Tổng số gen tạo ra) . 100

B. ĐỘT BIẾN NHIỄM SẮC THỂ (ĐBNST)

I. Đột biến thể dị bội NST :

- Là ĐB xảy ra tại 1 hay 1 số cặp của NST . Có các dạng : thể 3 nhiễm (2n+1) ; thể 1 nhiễm (2n- 1) ; thể khuyết nhiễm (2n -2) ; thể đa nhiễm

- Cơ chế : cơ thể 2n giảm phân ở 1 số tế bào sinh dục sơ khai có 1 hoặ 1 số cặp nào đó của NST không phân li tạo ra giao tử ĐB (n+1) hoặc (n-1) hoặc (n-2)

$$P: \quad 2n \quad \quad \quad x \quad \quad \quad 2n$$

$$G_p: (n+1) (n-1) \quad \quad \quad n$$

$$F (\text{hợp tử}) : 2n+1 \xrightarrow{NP} \text{thể 3 nhiễm}$$

$$F (\text{hợp tử}) : 2n-1 \xrightarrow{NP} \text{thể 1 nhiễm}$$

II .Thể đa bội (3n hoặc 4n)

- Thể đa bội là những biến đổi trong toàn bộ cấu trúc NST , lớn hơn bội số 2n như : 3n , 4n , 5n , 6n ...

-Cơ chế :

+ Tế bào soma 2n hoặc tế bào tiền phôi 2n , trong nguyên phân các NST không phân li tạo ra tế bào 4n , các tế bào 4n nguyên phân bình thường cho ra các tế bào con 4n ...

- TB soma 2n $\xrightarrow{NP(DB)}$ TB soma 4n \xrightarrow{NP} Mô , cơ quan 4n

- TB tiền phôi 2n $\xrightarrow{NP(DB)}$ TB tiền phôi 4n \xrightarrow{NP} cơ thể 4n

+ Tế bào sinh dục 2n giảm phân , sự không phân li các NST trong 1 lần phân bào tạo ra giao tử đột biến 2n .

- Nếu giao tử 2n kết hợp giao tử 2n \rightarrow hợp tử 4n

$$P: 2n \quad \quad \quad x \quad \quad \quad 2n$$

$$G_p \quad 2n \quad \quad \quad 2n$$

$$F (\text{hợp tử}) \quad \quad \quad 4n$$

$$\Rightarrow F (\text{hợp tử}) 4n \xrightarrow{NP} \text{cơ thể 4n}$$

- Nếu giao tử 2n kết hợp giao tử n \rightarrow hợp tử 3n

$$P: 2n \quad \quad \quad x \quad \quad \quad 2n$$

$$G_p \quad 2n \quad \quad \quad n$$

F (hợp tử) $3n$
 \Rightarrow F (hợp tử) : $3n \xrightarrow{NP}$ cơ thể $3n$