

ЕГЭ-2023 по биологии. Решаем новые задачи по молекулярной биологии

Чередниченко Ирина Петровна,
к.п.н, методист-эксперт Центра методической поддержки
педагогов ГК «Просвещение»

Сарычева Наталья Юрьевна,
к.б.н., доцент кафедры физиологии человека и животных
Биологического факультета МГУ,
автор учебников издательства «Просвещение»

Задания линии 28 (молекулярная биология)

Проверяют умения решать задачи по цитологии, обосновывать ход решения и объяснять полученный результаты

Все задания по молекулярной биологии / цитогенетике предусматривают применение знаний об особенностях строения ДНК, РНК, белка, правила Чаргаффа, сущности генетического кода, сущности процессов транскрипции и трансляции и проверяют умения использовать для решения задачи таблицу генетического кода.

Алгоритм обучения выполнению заданий линии 28 (молекулярная биология)

1. Внимательное изучение по тексту и рисункам учебников материала о сущности, этапах, механизме и условиях процессов метаболизма (**матричных реакций**);
2. Отработка умения анализировать условие задачи, соотносить его с учебным материалом о процессах метаболизма
3. Отработка умения соблюдать требования при решении задач
4. Отработка алгоритмов решения задач разного вида с опорой на фактические знания и с использованием справочного материала
5. Тренировка в формулировании/написании последовательных, полных аргументированных ответов
6. Выполнение готовых заданий данного типа, с учетом критериев.

Задания линии 28 (молекулярная биология) – критерии оценивания

Содержание верного ответа и указания к оцениванию (правильный ответ должен содержать следующие позиции)	Баллы
Схема решения задачи включает: 1) нуклеотидная последовательность участка тРНК: 5'-ЦГААГГУГАЦААУГУ-3'; 2) нуклеотидная последовательность антикодона 5'-УГА-3' (УГА) (третий триплет) соответствует кодону на иРНК 5'-УЦА-3' (УЦА); 3) по таблице генетического кода этому кодону соответствует аминокислота сер, которую будет переносить данная тРНК	
Ответ включает в себя все названные выше элементы и не содержит биологических ошибок	3
Ответ включает в себя два из названных выше элементов, которые не содержат биологических ошибок	2
Ответ включает в себя один из названных выше элементов, который не содержит биологических ошибок	1
Ответ неправильный	0
<i>Максимальный балл</i>	3

«Правильный ответ должен содержать следующие позиции».

В решении задач с использованием генетического кода при написании последовательности нуклеотидов во фрагментах молекул ДНК, иРНК допускается запись через тире между триплетами или нуклеотидами, так как это соответствует связи нуклеотидов между собой в единую цепь. Недопустимо разделение триплетов в сплошной цепи ДНК или иРНК запятыми.

Ошибкой считается запись антикодонов разных молекул тРНК через тире между триплетами, что означает связывание их в единую цепь. Это свидетельствует о непонимании участником экзамена того, что антикодоны принадлежат разным молекулам тРНК и не связаны в единую цепь. За такую ошибку снимается 1 балл. При записи фрагмента молекулы полипептида аминокислоты могут быть соединены друг с другом с помощью тире или написаны без разделительных знаков, одним словом. Запятые между аминокислотами одной цепи считаются ошибкой.

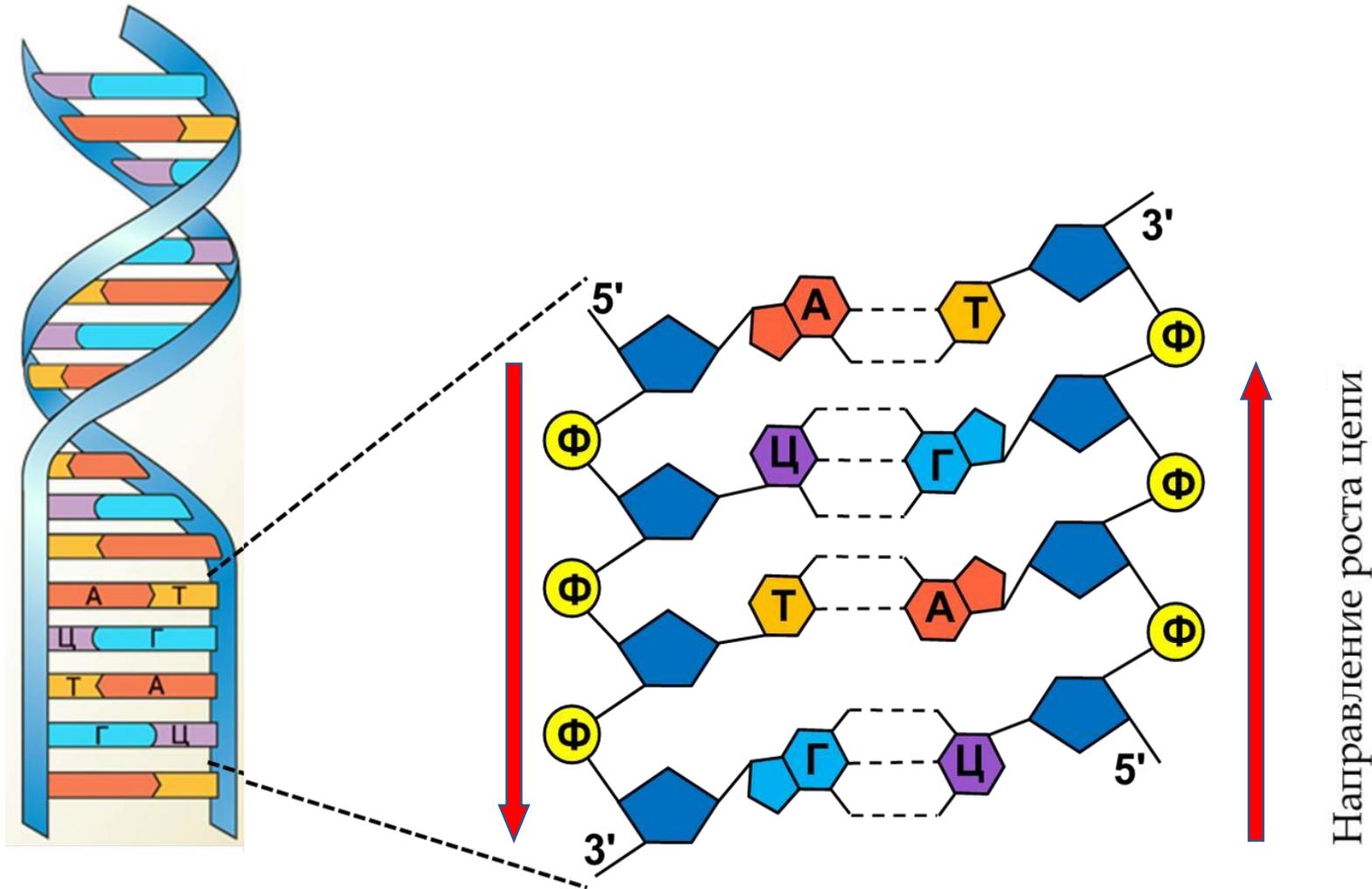
Указание в ответе нуклеотида или кодона в молекуле иРНК, как гена, считается ошибкой, так как ген – это участок молекулы ДНК. Элемент ответа не засчитывается.

Следует помнить, что отсутствие пояснения, если это требуется в задании, не дает возможность выставить высший балл.

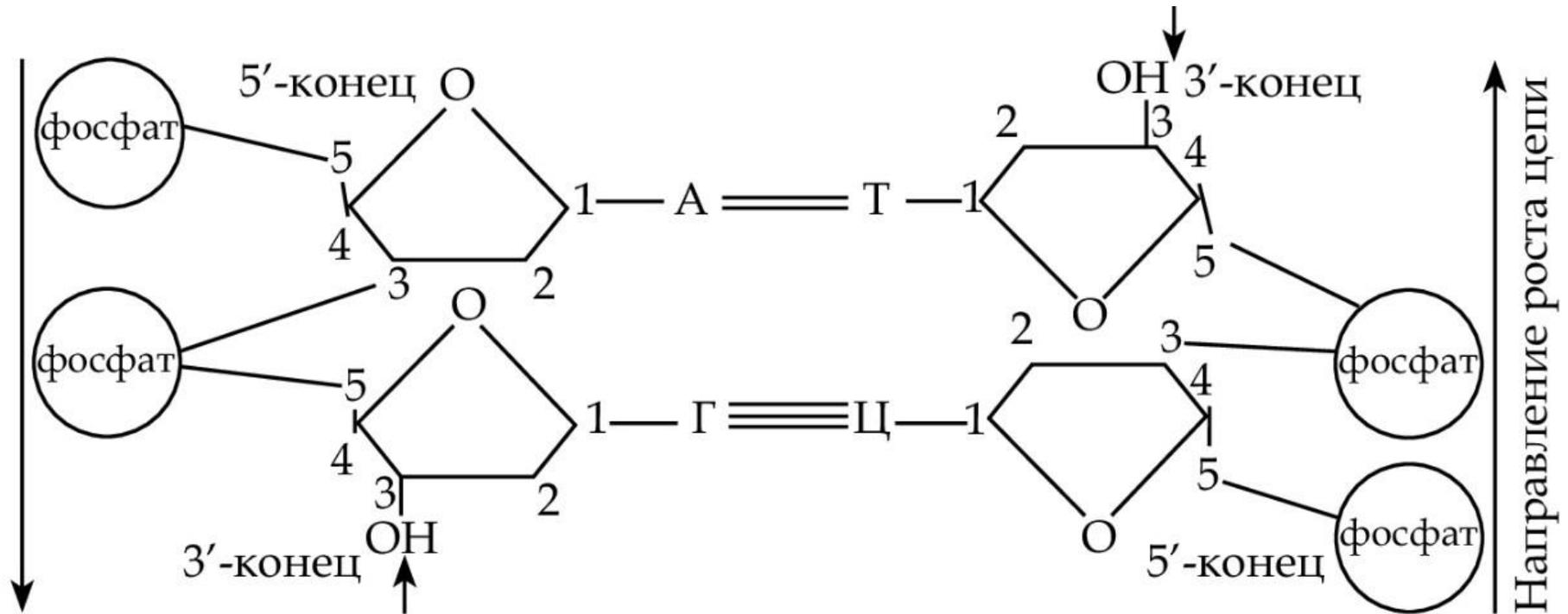
ВНИМАНИЕ!

**Так как в задаче указываются концы ДНК и РНК (3' и 5'), необходимо ОБЯЗАТЕЛЬНО!
применить следующие принципы и факты о строении нуклеиновых кислот**

➤ Принципы строения ДНК: нерегулярность, антипаралельность, комплементарность, наличие регулярной вторичной структуры

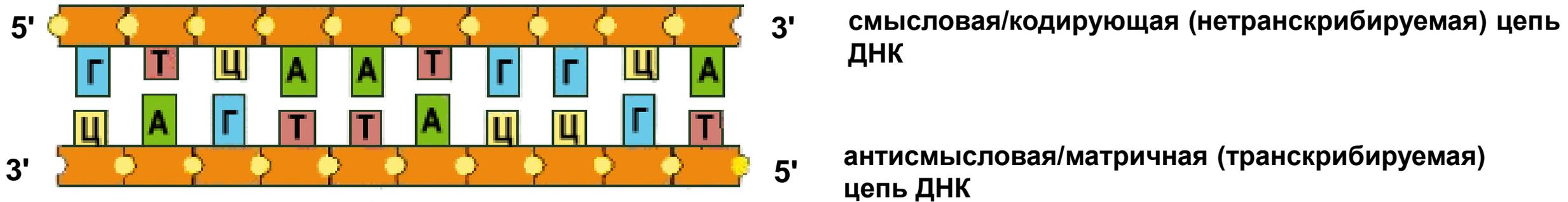


➤ Цепи ДНК антипаралельны

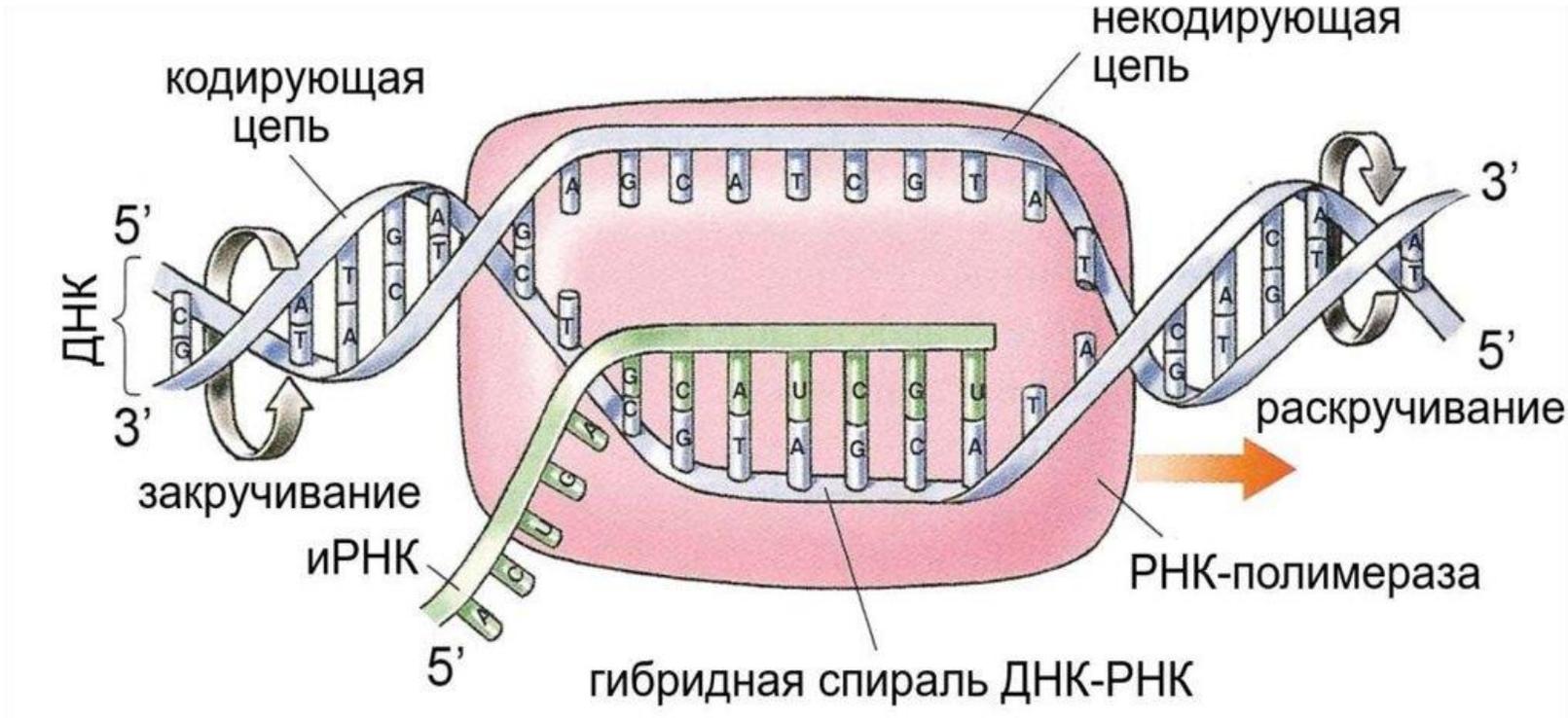


- Матрицей для синтеза всех! видов РНК (иРНК, тРНК, рРНК, регуляторной РНК) служит матричная (транскрибируемая) цепь ДНК

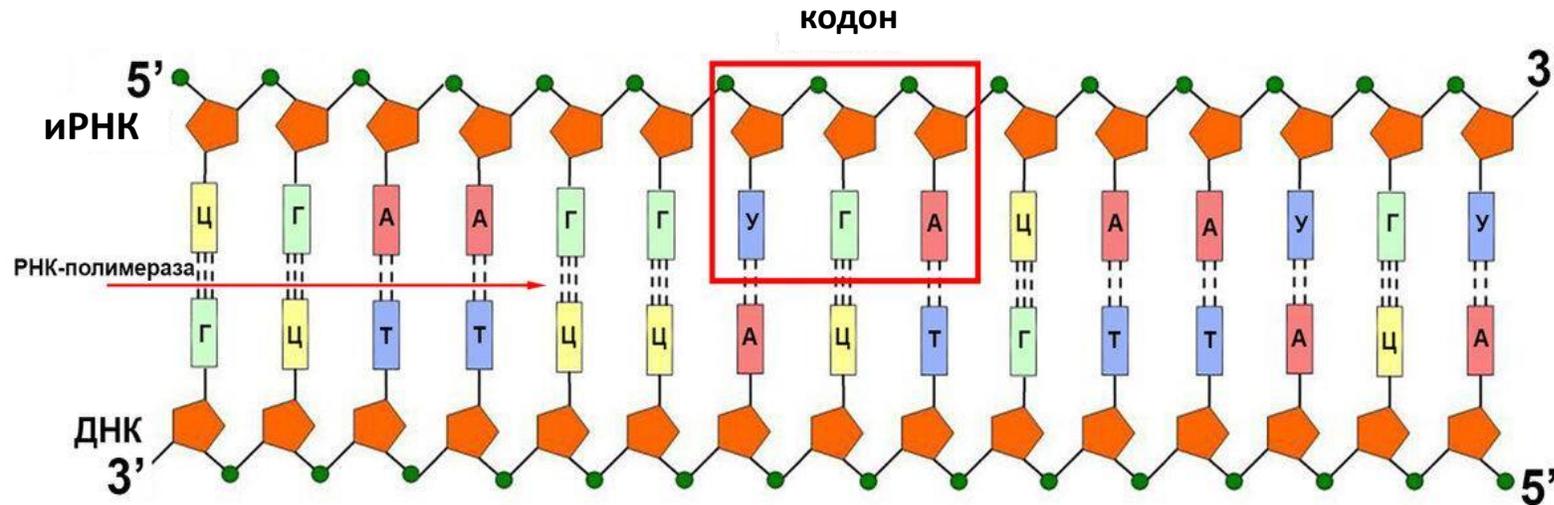
ДНК



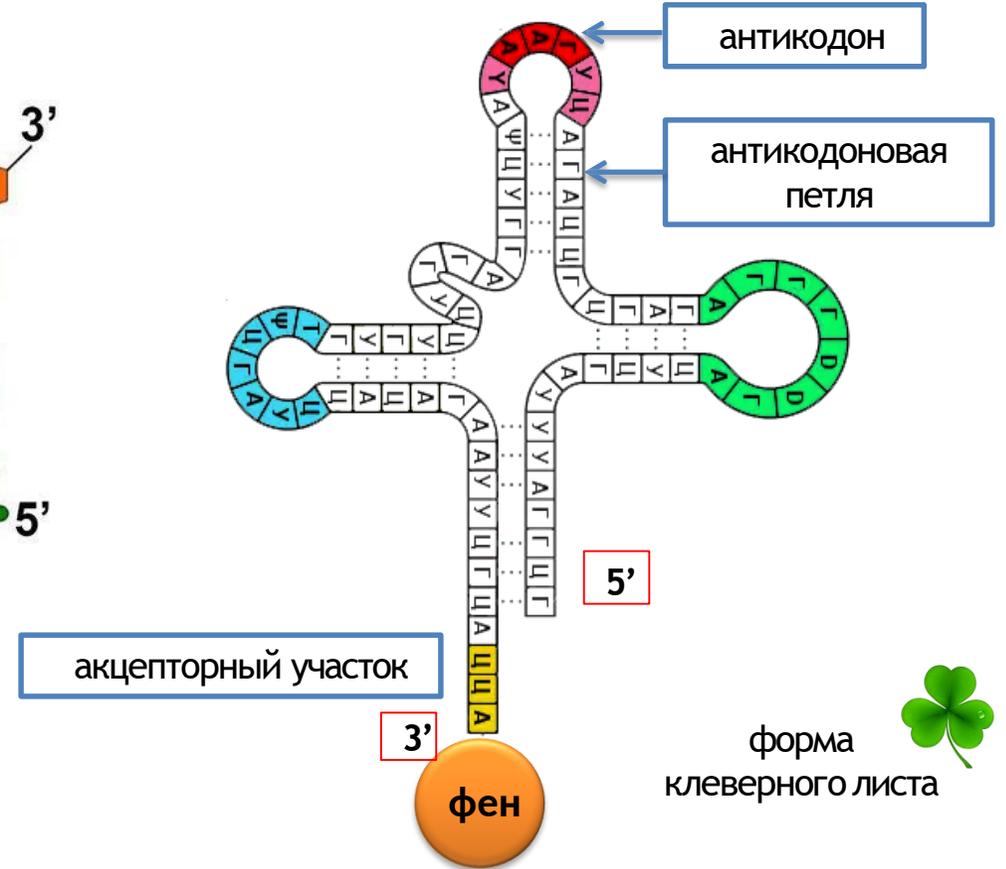
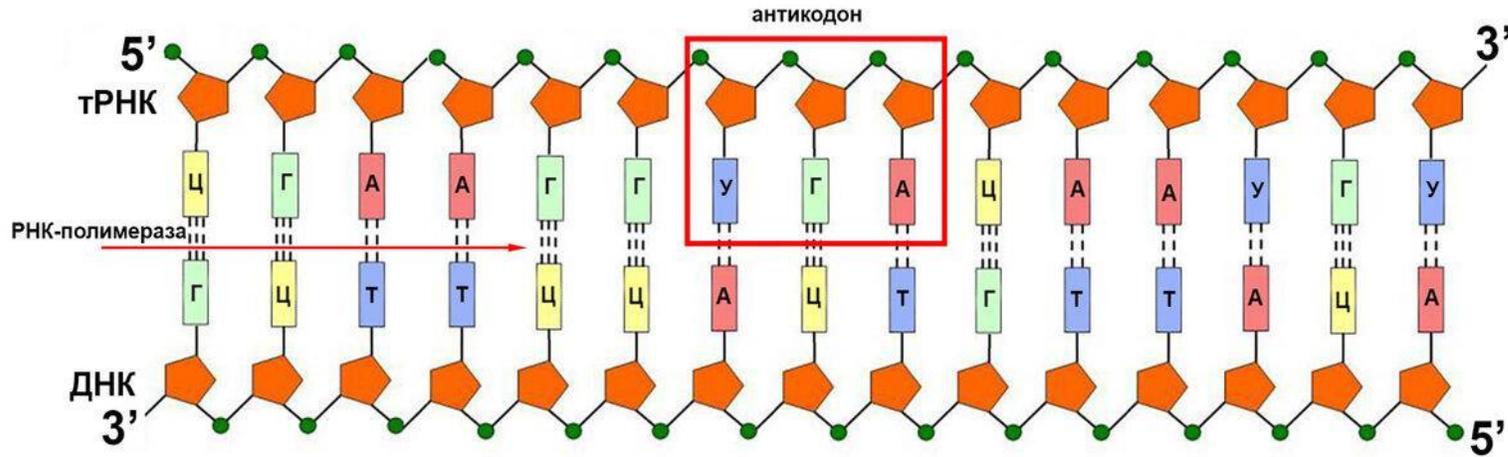
- При транскрипции РНК строится по матричной (транскрибируемой) цепи ДНК
- РНК-полимераза движется по молекуле ДНК в направлении от 3' → 5' концу



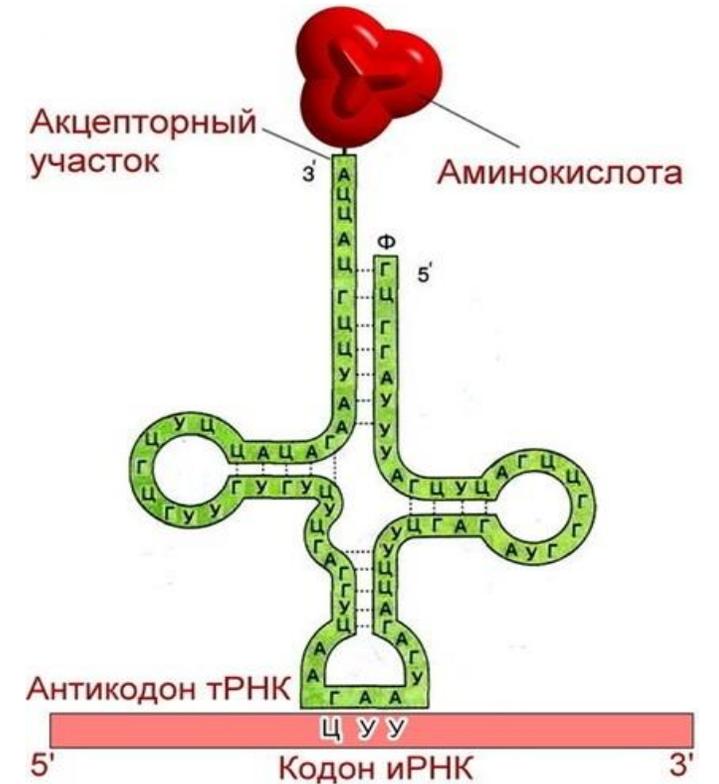
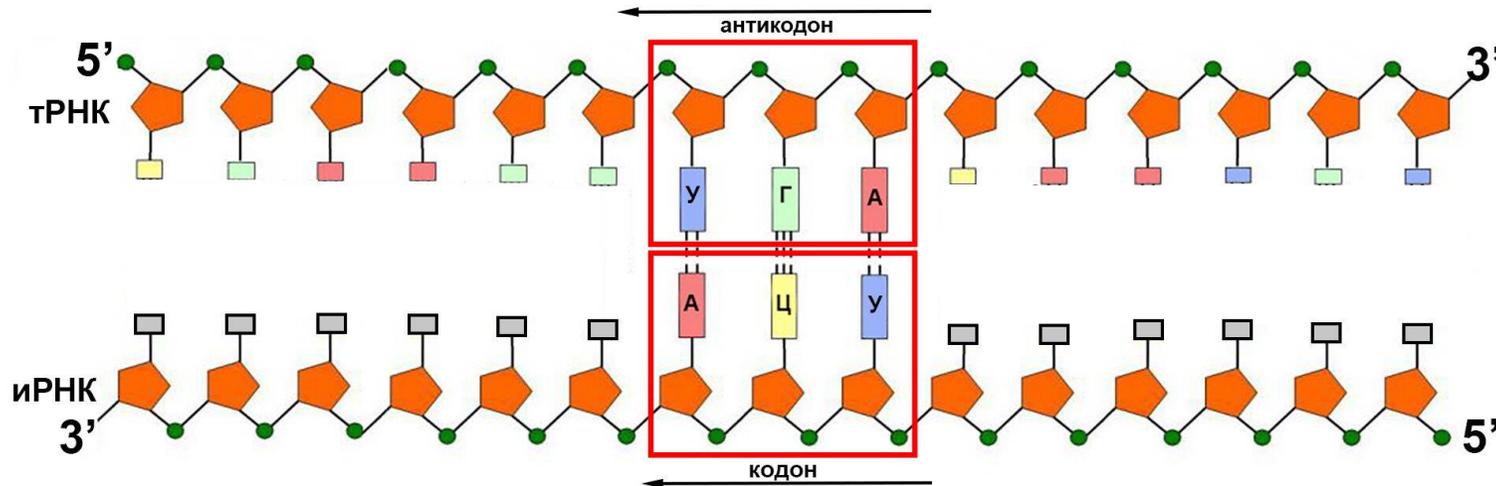
- При транскрипции синтез цепи РНК (любой!) идет антипаралельно (от 5' → 3' концу) и комплементарно матричной (транскрибируемой) ДНК: Т=А, А=У; Г Ц ≡
- Кодоны генетического кода «читаются» в направлении 5' → 3'



При транскрипции синтез цепи РНК (любой!) идет антипараллельно: от 5' → 3' концу



- иРНК транслируется в направлении $5' \rightarrow 3'$
- При трансляции кодон иРНК и антикодон тРНК спариваются комплементарно и антипараллельно:
 кодон на иРНК "читается" в направлении $5' \rightarrow 3'$
 антикодон на тРНК "читается" в направлении $3' \rightarrow 5'$



Правила решения задач, следующие из этих принципов

Ход решения задачи должен соответствовать последовательности процессов, протекающих при реализации наследственной информации

ДНК записывается в виде двух цепей:

ВЕРХНЯЯ – смысловая/кодирующая, нетранскрибируемая 5' → 3'

НИЖНЯЯ – антисмысловая/матричная, транскрибируемая 3' → 5'

иРНК записывается в направлении 5' → 3'.

В таблице генетического кода кодоны иРНК читаются в направлении 5' → 3'.

Антикодоны тРНК, которые участвуют в трансляции записываются в направлении 3' → 5' - концы не указываются.

Антикодоны отделяются запятой, так как они принадлежат разным молекулам тРНК

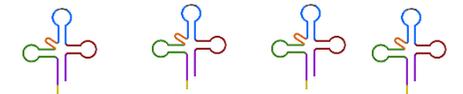
Отдельные **короткие** последовательности ДНК и РНК (отдельные триплеты ДНК, кодоны иРНК, и антикодоны тРНК) записываются в ответах **всегда** в направлении 5' → 3'



ДНК смысловая 5' - ГТГ **АГГ** АЦЦТЦГ - 3'
ДНК транскрибируемая 3' - ЦАЦ **ТЦЦ** ТГГАГЦ - 5'

иРНК 5' - ГУГ **АГГ** АЦЦУЦГ - 3'

тРНК ЦАЦ, **ЦЦУ**, ГГУ, ЦГА



Назовите второй триплет смысловой цепи ДНК : 5' - **АГГ** - 3'
Назовите второй триплет матричной цепи ДНК : 5' - **ЦЦТ** - 3'
(в решении 3' - **ТЦЦ** - 5')

Назовите второй кодон иРНК : 5' - **АГГ** - 3'

Назовите второй антикодон тРНК : 5' - **УЦЦ** - 3'

(в решении 3' - **ЦЦУ** - 5')

Правила решения задач, следующие из этих принципов

Если в задаче даны антикодоны тРНК, то они по умолчанию записаны в направлении от 5' → 3' и, чтобы получить по ним правильную иРНК, необходимо их перевернуть в направлении от 3' → 5' и тогда получится антипараллельная комплементарная иРНК от 5' → 3'

Например:

Даны антикодоны тРНК: Г У А, **Ц Ц У**, А Ц Г (по умолчанию от 5' → 3')

Переворачиваем их: А У Г, **У Ц Ц**, Г Ц А (теперь они от 3' → 5')

Кодоны иРНК: 5' У А Ц **А Г Г** Ц Г У 3'

Общие правила решения задач

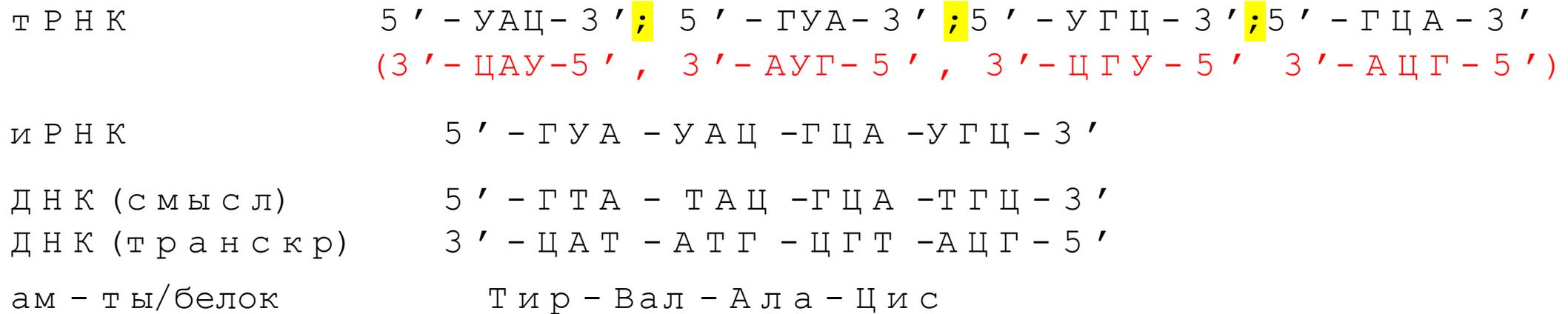
1. Внимательно прочитать текст задачи, выделить все условия
2. Каждое действие обосновать теоретически (кратко и полно)
3. Аккуратно оформить запись решения:
 - цепи ДНК, иРНК, тРНК, белка - прямые, подписанные
 - символы нуклеотидов четкие, расположены на одной линии по горизонтали
 - цепи ДНК, иРНК, тРНК размещать на одной строке без переноса
 - аминокислоты белка записывать через дефис
5. Ответы дать **на все!** вопросы и выписать их в конце решения

Задача 1.

Даны антикодоны тРНК.

Молекулы тРНК, несущие соответствующие антикодоны, входят в рибосому в следующем порядке:

УАЦ, ГУА, УГЦ, ГЦА. Определите последовательность нуклеотидов смысловой и транскрибируемой цепей ДНК, иРНК и аминокислот в молекуле синтезируемого фрагмента белка. Ответ поясните. Для решения задания используйте таблицу генетического кода. При выполнении задания учитывайте, что антикодоны тРНК антипараллельны кодонам иРНК.



Задача 2.

Некодирующая и кодирующая область гена. Открытая рамка считывания. Транскрибируемая цепь известна. **иРНК содержит более одного стоп-кодона.**

Ген имеет кодирующую и некодирующую области. Кодирующая область гена называется открытой рамкой считывания. **Фрагмент конца гена** имеет следующую последовательность нуклеотидов (нижняя цепь транскрибируемая):

5'-ТГЦГЦГТААЦТГЦГАТГТГАГЦТАТАЦЦ-3'

3'-АЦГЦГЦАТТГАЦГЦТАЦАЦТЦГАТАТГГ-5'

1. Определите верную открытую рамку считывания
 2. Найдите последовательность аминокислот во фрагменте конца полипептидной цепи.
 3. Известно, что конечная часть полипептида, кодируемая этим геном, имеет длину более четырех аминокислот.
- Объясните последовательность решения задачи.

Принцип решения задачи

1. Строим иРНК (комплементарность и антипараллельность).
2. Выписываем стоп-кодоны (по таблице генетического кода).
3. Начиная с конца иРНК ищем все возможные антикодоны и выделяем их.
4. Определяем тот антикодон, расположение которого удовлетворяет условиям задачи.
5. Определяем открытую рамку считывания.
6. Записываем иРНК с учетом найденной открытой рамки считывания. Учитываем, что стоп-кодон **НЕ ВХОДИТ** в открытую рамку считывания.
7. Определяем аминокислотную последовательность по таблице генетического кода.
8. Записываем последовательность аминокислот.

Решение

3'-АЦГЦГЦАТТГАЦГЦТАЦАЦТЦГАТАТГГ-5' ДНК транскр.
5'-УГЦГЦГУААЦУГЦГАУГУГАГЦУАУАЦЦ-3' иРНК

Стоп кодоны: 5' –УАА – 3' 5' –УАГ – 3' 5' –УГА – 3'

1-й случай. Стоп кодон УГА. В этом случае кодонов в цепи иРНК более 4-х, что удовлетворяет условию задачи

2-й случай. Стоп-кодон УАА. В этом случае кодонов в цепи иРНК только два, что не удовлетворяет условию задачи.

Запишем иРНК, учитывая обнаруженную открытую рамку считывания:

5' - ЦГЦ-ГУА-АЦУ-ГЦГ-АУГ-3'

Найдем последовательность аминокислот:

арг-вал-тре-ала-мет

Задача 3.

Некодирующая и кодирующая область гена. Транскрибируемая цепь ДНК **не определена**.

Ген имеет кодирующую и некодирующую области. Фрагмент начала гена имеет следующую последовательность нуклеотидов:

5'–ЦТТААЦГЦТААТААТЦАТАГ–3'

3'–ГААТТГЦГАТТАГТАТЦ–5'

1. Определите последовательность аминокислот во фрагменте полипептидной цепи
2. Объясните последовательность решения задачи.
3. При ответе учитывайте, что полипептидная цепь начинается с **ак*** **Мет**.

***ак -аминокислота**

Принцип решения задачи

1. Кодон иРНК, соответствующий **ак Мет** – 5' -АУГ- 3' (знаем или по таблице генетического кода)
2. Найдем триплет в ДНК транскрибируемой комплементарный и антипараллельный этому кодону – 3' -ТАЦ- 5'
3. Найдем этот триплет в одной или другой цепи ДНК. Это будет началом гена.
4. Построим иРНК, начиная с кодона АУГ.
5. Определим последовательность **ак** по таблице генетического кода.

Решение

1. Предположим, что нижняя цепь – транскрибируемая. В ней нет триплета ТАЦ.
2. Предположим, что верхняя цепь транскрибируемая. Перепишем ее, начиная с 3' - конца.
3. Найдем триплет ТАЦ. Начало гена – третий нкд:

3'-ГАТАЦТААТААТЦГЦААТТЦ-5' ДНК транкр.

4. Запишем иРНК, соответствующую открытой рамке считывания:

5'-АУГ-АУУ-АУУ-АГЦ-ГУУ-ААГ-3' иРНК

5. Определим последовательность **ак** по таблице генетического кода:

мет-иле-иле-сер-вал-лиз

Задача 4.

Некодирующая и кодирующая область гена. Транскрибируемая цепь известна.

иРНК содержит более одного кодона АУГ.

Ген имеет кодирующую и некодирующую области. Фрагмент начала гена имеет следующую последовательность нуклеотидов (нижняя цепь транскрибируемая):

5'–АТЦАТГТАТГГЦТАГАГЦТАТТ–3'

3'–ТАГТАЦАТАЦЦГАТЦТЦГАТАА–5'

Определите последовательность аминокислот во фрагменте полипептидной цепи, объясните последовательность решения задачи. При ответе учитывайте, что полипептидная цепь начинается с аминокислоты **Мет**.

Известно, что итоговый фрагмент полипептида, кодируемый этим геном, имеет длину более четырех аминокислот.

Принцип решения задачи

1. Кодон иРНК, соответствующий аминокислоты мет – 5' -АУГ- 3'
2. Построим иРНК (комплиментарную и антипараллельную)
3. Определим возможные кодоны АУГ в иРНК;
4. Найдем кодон АУГ, соответствующий условию задачи, учитывая возможность появления стоп-кодонов в цепи иРНК
5. Построим иРНК, начиная с АУГ – это открытая рамка считывания.
6. Определим последовательность аминокислот по таблице ген. кода.

Решение

3'–ТАГТАЦАТАЦЦГАТЦТЦГАТАА–5' ДНК транскриб.

5'–АУЦАУГУАУГГЦУАГАГЦУАУУ–3' и РНК

Стоп-кодоны: 5'–УАА–3' 5'–УАГ–3' 5'–УГА–3'

Предположим, что начало гена с 4-го нкд. Однако, в этом случае появляется стоп-кодон УАГ, пептид содержит менее 4-х аминокислот, что не соответствует условию задачи.

Предположим, что начало гена с 8-го нкд. В этом случае кодонов в иРНК четыре, они кодируют четыре аа, что соответствует условию.

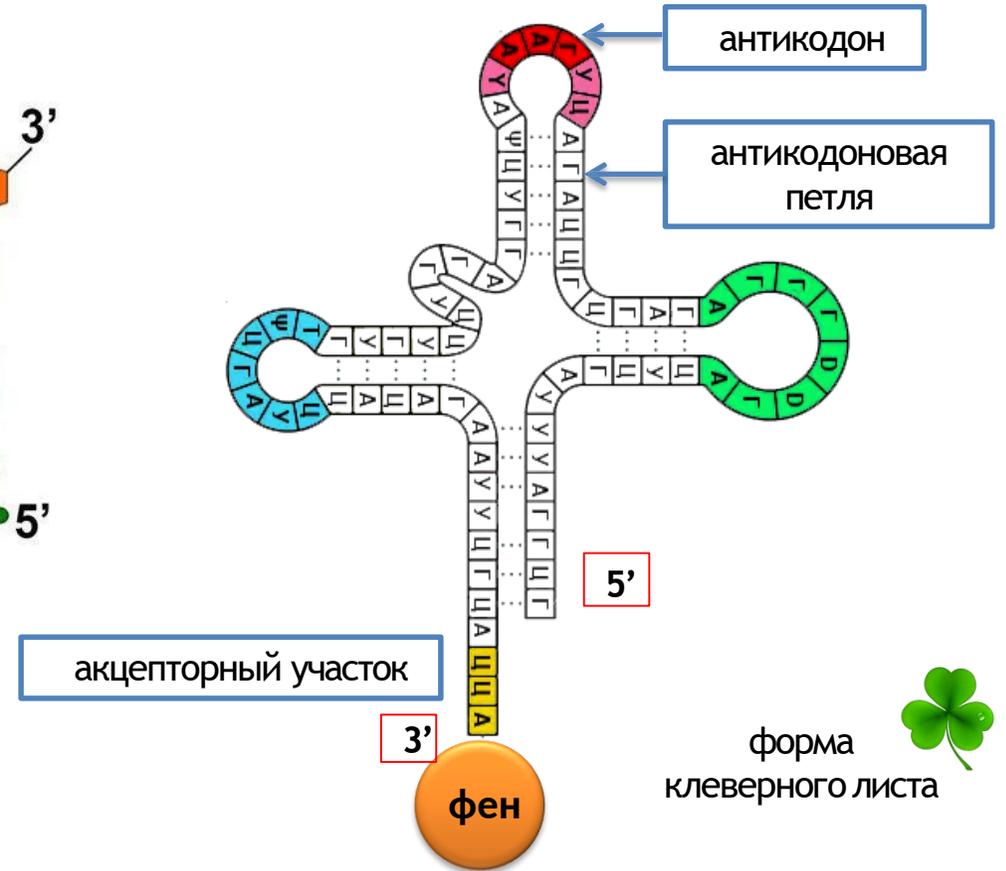
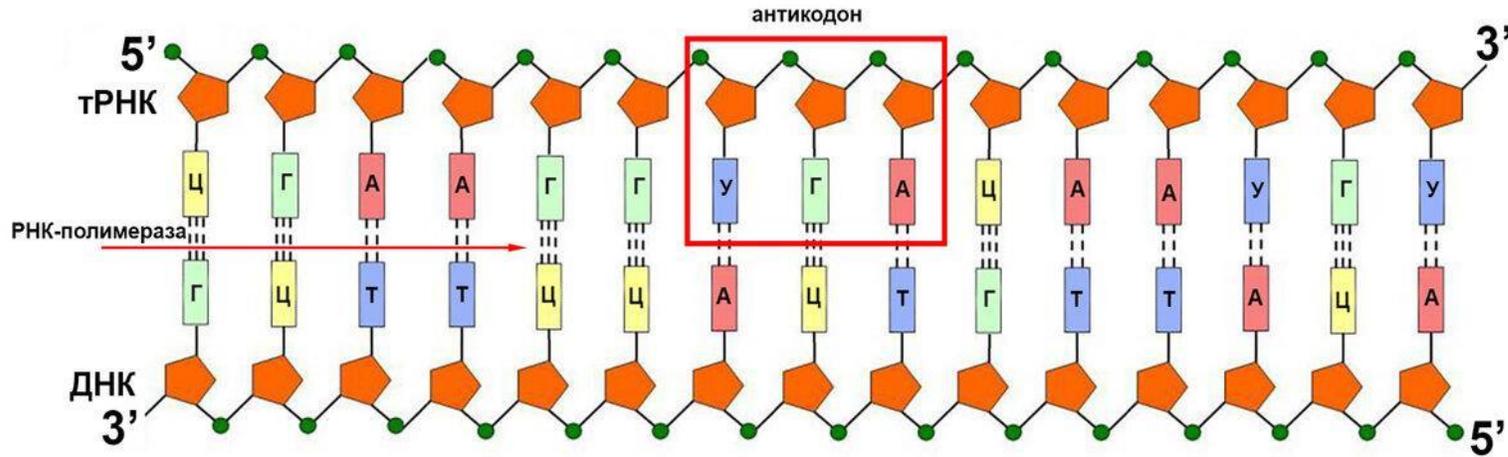
Запишем иРНК, начиная с кодона АУГ

5'– АУГ-ГЦУ-АГА-ГЦУ-АУУ–3' - это открытая рамка считывания

Определим последовательность аминокислот:

мет-ала-арг-ала-иле

При транскрипции синтез цепи РНК (любой!) идет антипараллельно: от 5' → 3' концу



Задача 5.

Нахождение **палиндрома** и установление вторичной структуры центральной петли т-РНК.

Известно, что все виды РНК синтезируются на ДНК-матрице. Комплементарные цепи нуклеиновых кислот антипараллельны (5'– концу водной цепи соответствует 3'– конец другой цепи). Синтез нуклеиновых кислот начинается с 5'– конца. Рибосома движется по и-РНК в направлении от 5'– к 3'– концу. **В цепи РНК и ДНК могут иметься специальные комплементарные участки – палиндромы**, благодаря которым у молекулы может возникать вторичная структура. Фрагмент молекулы ДНК, на которой синтезируется участок центральной петли т-РНК, имеет следующую последовательность нуклеотидов (нижняя цепь – матричная):



1. Установите нуклеотидную последовательность участка т-РНК, который синтезируется на данном фрагменте.
2. Найдите на данном участке палиндром и установите вторичную структуру центральной петли т-РНК.
3. Определите аминокислоту, которую будет транспортировать эта т-РНК в процессе биосинтеза белка, если антикодон равноудалён от концов палиндрома.
4. Объясните последовательность ваших действий при решении задачи.

Для решения задачи используйте таблицу генетического кода. При написании последовательности нуклеотидов в цепи нуклеиновой кислоты указывайте 5'– и 3'– концы.

Принцип решения задачи

1. По транскрибируемой цепи ДНК по принципу комплементарности и с учетом антипараллельности определяем нуклеотидную последовательность участка центральной петли т-РНК.

Помним, что по условию антикодон равноудален от концов центральной петли тРНК.

Считаем количество нуклеотидов в этом фрагменте тРНК, (их 17). Находим нуклеотид в середине цепочки. Находим антикодон.

Слева и справа от антикодона стоят нуклеотиды, они не комплементарны друг другу., следовательно, не входят в палиндром и образуют петлю.

2. Мысленно полученную цепочку складываем пополам (5'–конец складываем с 3'–концом).

3. Находим комплементарные участки – это **ПАЛИНДРОМ**.

Оставшиеся не комплементарные нуклеотиды образуют петлю.

В центре петли находим антикодон.

6. По принципу комплементарности и антипараллельности по антикодону т-РНК определяем кодон и-РНК.

7. **ОБЯЗАТЕЛЬНО** определяем и записываем 5'– и 3'– концы.

8. **ПОМНИМ**, что в таблице генетического кода принято кодоны и-РНК записывать с 5'– конца на 3'–конец.

9. По таблице генетического кода по кодону и-РНК определяем аминокислоту.

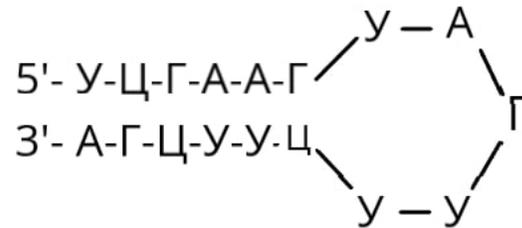
1. Нуклеотидная последовательность участка центральной петли т-РНК:



1. По условию антикодон равноудален от концов центральной петли тРНК. Считаем количество **нкд*** в этом фрагменте тРНК, (их 17).
2. Находим нкд в середине цепочки.
3. Находим антикодон (в этой задаче петле 17 нкд, находим середину, это нкд Г, следовательно антикодон - АГУ.) Слева и справа от него стоят нуклеотиды (в этой задаче это У и У) они не комплементарны друг другу, следовательно, не входят в палиндром и образуют петлю.

2. палиндром: 5' –УЦГААГ– 3' или 3' –АГЦУУЦ– 5';

3. вторичная структура т-РНК:



4. нуклеотидная последовательность антикодона т-РНК 5' –АГУ– 3', т.к. антикодон тРНК комплементарен и антипараллелен кодону иРНК, то получаем зеркальный вариант антикодона 3' - УГА - 5', что соответствует кодону и-РНК 5' –АЦУ– 3';

5. по таблице генетического кода этому кодону и-РНК (АЦУ) соответствует аминокислота **тре (треонин)**, которую будет переносить данная т-РНК.

***нкд - нуклеотид**

Какие учебники использовать?

УМК по биологии В.И.Сивоглазова. Базовый уровень

§ 16. ПЛАСТИЧЕСКИЙ ОБМЕН В КЛЕТКЕ. БИОСИНТЕЗ БЕЛКА В КЛЕТКЕ. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД

- Какова биологическая роль белков и нуклеиновых кислот?
- Где и как происходит биосинтез белка?

Любая клетка содержит в своих структурах тысячи белков. Есть очень часто встречающиеся белки, характерные для множества клеток, но есть и уникальные (ферменты, регуляторные белковые молекулы), которые встречаются только в одном виде клеток. И все эти белки необходимо синтезировать в самой клетке, тем более что их молекулы живут не очень долго, и приблизительно за 200—250 дней белки животного организма практически полностью обновляются. Кроме того, многие клетки должны синтезировать белки «на экспорт», например клетки эндокринных желёз, выделяющие в кровь белковые гормоны.

Синтез белка, как и любой другой процесс ассимиляции, требует затрат, которые покрываются за счёт молекул АТФ.

Генетический код. Любой белок состоит из мономеров, которыми являются аминокислоты. Каждой аминокислоте белка соответствует последовательность из трёх расположенных друг за другом нуклеотидов ДНК — триплет, или кодон. Это свойство генетического кода получило название *триплетность*. К настоящему времени составлена карта генетического кода, т. е. известно, какие триплеты и ДНК соответствуют каждой из 20 аминокислот, входящих в состав белков (табл. 6).

Как известно, в состав ДНК могут входить четыре азотистых основания: аденин (А), тимин (Т), гуанин (Г), цитозин (Ц). Число сочетаний из 4 по 3 составляет $4^3 = 64$, т. е. ДНК может кодировать 64 аминокислоты. Но в составе белков обнаружено немногим более 20 аминокислот. Оказалось, что многим аминокислотам соответствует более одного триплета (от 2 до 6) (см. табл. 6). Это свойство генетического кода получило название *вырожденность*. Считается, что вырожденность повышает надёжность хранения и передачи наследственной информации.

Ещё одно важнейшее свойство генетического кода — *специфичность*, или *однозначность*, т. е. один триплет кодирует всегда одну строго определённую кислоту.

Следующее свойство кода — *неперекрываемость*, т. е. триплеты следуют один за другим, не наезжая друг на друга.

Универсальность кода указывает на то, что генетический код один для всех живых существ на Земле. Это ещё одно доказательство единства происхождения жизни на нашей планете.

Наконец, последнее свойство генетического кода — это наличие в нём триплетов, которые не кодируют какую-то аминокислоту, а являются «знаками препинания», обозначающими конец синтеза белка именно в этом месте.

Транскрипция. Носителем генетической информации о первичной структуре белка является ген — участок ДНК, расположенный в ядре. Но синтез белка происходит на рибосомах, расположенных в цитоплазме клетки. Рисковать уникальной молекулой ДНК для синтеза копий одной и той же молекулы белка опасно. Поэтому с нужного участка ДНК снимается копия из нуклеотидов — синтезируется молекула иРНК. Таких копий клетка может синтезировать любое количество (рис. 54). После этого иРНК выходит в цитоплазму через ядерные поры. Этот процесс синтеза иРНК называется *транскрипцией*.

Ключевые слова: генетический код, триплет, кодон, свойства кода (вырожденность, специфичность, или однозначность, неперекрываемость, универсальность), транскрипция, иРНК-полимераза, промотор, терминатор, трансляция, антикодоны.



Выводы

Первичная последовательность аминокислот в белке зашифрована в генетическом коде ДНК: каждой аминокислоте белка соответствуют три нуклеотида ДНК (триплет). Сначала происходит транскрипция — перенос информации из последовательности нуклеотидов ДНК в последовательность нуклеотидов иРНК. иРНК выходит в цитоплазму, взаимодействует с рибосомами, и этот комплекс обеспечивает трансляцию — перенос информации из последовательности нуклеотидов иРНК в последовательность аминокислот белка. На синтез белка тратится много АТФ.

Думай, делай выводы, действуй

Проверь свои знания

1. Что такое генетический код?
2. Как осуществляется процесс трансляции?
3. Какова роль старт-кодона?
4. На чём основан матричный синтез белка?

Выполни задания

1. Назовите и охарактеризуйте основные этапы биосинтеза б
2. Составьте определения понятий: *генетический код, тран*

Обсуди с товарищами

Как передаётся наследственная информация в клетке?

Выскажи мнение

Нарушения в генетическом аппарате называются мутациями. ними в работе организма, а часто и к его гибели.

Проводим исследование

Решение элементарных задач в молекулярной биологии

Участок цепи ДНК, кодирующий первичную структуру полипептида. Определите число нуклеотидов на иРНК, кодирующую аминокислот в полипептиде и количество тРНК, необходимых аминокислот к месту синтеза. Ответ поясните.

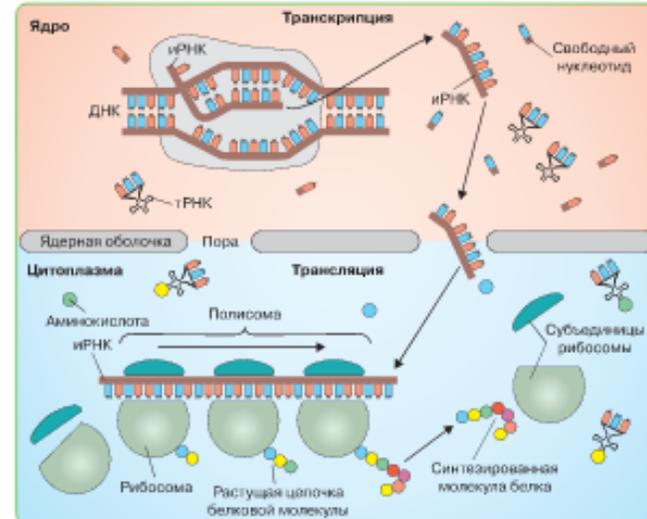
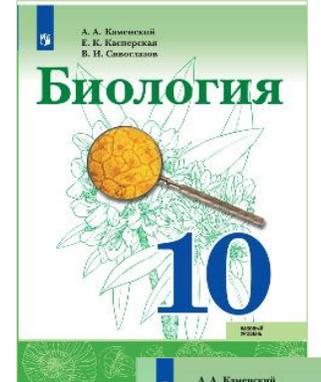


Рис. 56. Общая схема биосинтеза белка



Какие учебники использовать?

Шаги к успеху

Решение задач на определение последовательности нуклеиновых кислот.

При решении задач на определение последовательности ДНК и РНК нужно помнить следующие правила:

1. Важнейшим свойством нуклеиновых кислот является комплементарность нуклеотидов: А—Т и Г—Ц. В молекуле иРНК вместо тимина имеется урацил, комплементарный аденину (А—У).
2. В молекуле ДНК количество аденина всегда равно количеству тимина, а гуанина — цитозину: А = Т, Г = Ц; количество пуринов равно количеству пиримидинов: А + Г = Т + Ц (оба этих положения входят в правило Чаргаффа, названное так по имени английского биохимика Эрвина Чаргаффа, который сформулировал его в 1949—1951 гг.).

Давайте попробуем решить некоторые задачи на определение нуклеотидного состава ДНК и РНК.

Условие. Фрагмент одной из цепей ДНК имеет следующее строение: 5'-АТГЦЦА-АЦГТГГ-3'. Постройте комплементарную ей молекулу РНК.

Решение. Сначала нужно записать в строчку схему строения участка ДНК. Потом, помня о том, что согласно принципу комплементарности аденин ДНК всегда соответствует урацилу, гуанин — цитозину, цитозин — гуанину, а тимин — аденину РНК, начинаем писать под обозначением каждого нуклеотида ДНК начальную букву того нуклеотида РНК, что ему комплементарен, например: под А пишем У, под Т—А, и т. п. В итоге получаем последовательность следующего строения: УАЦГГУ-УГЦАЦЦ. Зная, что синтезированная цепь антипараллельна матричной цепи ДНК, а последовательности в цепях нуклеотидов записываются в направлении от 5'-конца к 3'-концу, комплементарная РНК будет иметь следующую последовательность: ЦЦАЦГУУГГЦАУ.

Ответ. 5'-ЦЦАЦГУУГГЦАУ-3'

УМК «Линия жизни» под ред. В.В. Пасечника. 10-11 . Углублённый уровень

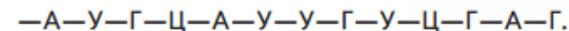


Готовимся к экзамену

1. ЗАДАЧИ НА ОПРЕДЕЛЕНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ДНК И РНК

Используя алгоритм решения, приведённый на с. 103, решите следующие задачи на определение последовательности белков и нуклеиновых кислот:

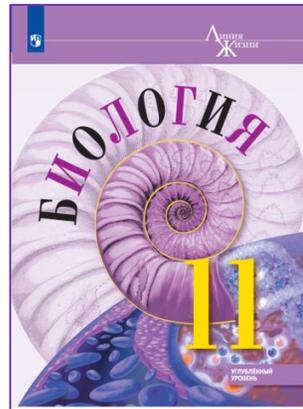
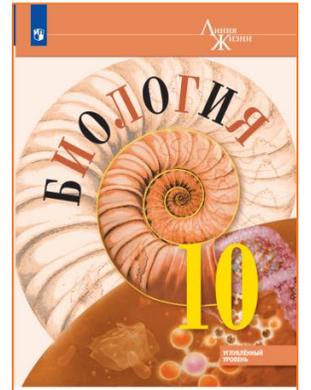
1. Определите последовательность нуклеотидов участка матричной ДНК, на основе которого была синтезирована следующая молекула иРНК:



2. Имеется молекула иРНК с последовательностью нуклеотидов АУГ—ААА—УУА—ЦАУ—УУУ—ГАЦ—АГЦ—УГА. Определите нуклеотидную последовательность ДНК, антипараллельной гену (матричной цепи ДНК), с которого шло считывание данной РНК.

3. Исследования показали, что в иРНК содержится 34 % гуанина, 18 % урацила, 28 % цитозина и 20 % аденина. Определите процентный состав азотистых оснований в участке ДНК, являющейся матрицей для данной иРНК.

4. В кодирующей части гена, доля цитозина составляет 15 %. Как доля количество урацила в молекуле иРНК, синтезированной на основе этого гена?



Какие учебники и пособия использовать?

УМК по биологии. 10-11 классы. Углубленный уровень (под ред. В.К. Шумного, Г.М. Дымшица) Биология. 10-11 классы. Практикум



Задачник

Химия клетки и молекулярная биология

ПРИМЕРЫ РЕШЕНИЯ ЗАДАЧ

1. В результате мутации в одном из белков термофильной бактерии, живущей в гидротермальном источнике, произошла замена аминокислоты цистеина на аминокислоту тирозин. Какие последствия для бактерии может иметь такое изменение?

Решение. Цистеин — серусодержащая аминокислота, участвующая в образовании дисульфидных связей (дисульфидных мостиков), поддерживающих третичную структуру белка. Для термофильных организмов жесткость третичной структуры белков является жизненно важной, так как обуславливает их термостабильность. Замена цистеина на другую аминокислоту приведет к тому, что в данном месте белка не будет дисульфидного мостика, в результате чего третичная структура белка может потерять устойчивость к действию высоких температур.

Ответ. Замена может оказаться смертельной для бактерии из-за снижения термостабильности белка.

4. Как может сказаться на функционировании белка замена аминокислоты лейцина на серин? серина на цистеин?

5. Известно, что гистоны — самые консервативные белки, так как подавляющее большинство замен аминокислот в них несовместимо с жизнью организма. Гистон H4 коровы отличается от гистона H4 гороха всего двумя аминокислотными заменами — изолейцином на валин и аргинина на лизин. Чем различаются соответствующие участки ДНК этих организмов? Почему эти замены не сказываются на их жизнеспособности?

6. Короткая цепь белкового гормона инсулина состоит из 21 аминокислоты. Один и тот же ее участок у разных млекопитающих отличается аминокислотами в определенных положениях.

Вид	Положение аминокислоты						
	5	6	7	8	9	10	11
Человек	Гли	Цис	Цис	Тре	Сер	Иле	Цис
Кролик	Гли	Цис	Цис	Тре	Сер	Иле	Цис
Корова	Гли	Цис	Цис	Ала	Сер	Вал	Цис
Коза	Гли	Цис	Цис	Ала	Сер	Вал	Цис
Овца	Гли	Цис	Цис	Ала	Гли	Вал	Цис
Свинья	Гли	Цис	Цис	Тре	Сер	Иле	Цис
Лошадь	Гли	Цис	Цис	Тре	Гли	Иле	Цис
Кит-полосатик	Гли	Цис	Цис	Ала	Сер	Тре	Цис
Кашалот	Гли	Цис	Цис	Тре	Сер	Иле	Цис

Определите, какие участки молекулы важны для функционирования белка и почему.

7. Для определения последовательности аминокислотных остатков в полипептиде, содержащем 12 аминокислот: два Ала, Арг, Асп, Вал, Гис, два Илей, Лиз, Мет, Тир, Фен, провели следующие реакции:

а) деградацией по Эдману отщепили аминокислоту с N-конца;

б) с помощью карбоксипептидазы отщепили аминокислоту с C-конца;

в) воздействуя цианистым бромом, разорвали пептидную связь за метионином;

г) с помощью трипсина разорвали пептидную связь за лизином и аргинином;

д) с помощью химотрипсина разорвали пептидную связь за фенилаланином, триптофаном, тирозином и лейцином;

е) с помощью кислой фосфатазы разорвали пептидную связь за аспарагиновой кислотой и глутаминовой кислотой.

В результате этих реакций полипептид разделили на более короткие фрагменты. Были получены следующие результаты:

а) деградация по Эдману отщепляет Ала;

б) карбоксипептидаза отщепляет Вал;

в) обработка цианистым бромом дает два фрагмента: 1) Арг, Вал, Илей и 2) два Ала, Асп, Гис, Илей, Лиз, Мет, Тир, Фен;

г) обработка трипсином дает 3 фрагмента: 1) Вал, Илей; 2) Ала, Илей, Лиз и 3) Ала, Асп, Арг, Гис, Мет, Тир, Фен;

д) обработка химотрипсином дает три фрагмента: 1) Фен; 2) 2 Ала, Илей, Лиз, Тир; 3) Арг, Асп, Мет, Илей, Гис, Вал;

е) обработка кислой фосфатазой дает два фрагмента: 1) Вал, Арг, Гис, Илей, Мет; 2) 2 Ала, Асп, Илей, Лиз, Тир, Фен.

Определите последовательность аминокислотных остатков в полипептиде.

8. В лаборатории при изучении одной из цепей ДНК определили последовательность нуклеотидов в ней:

3'...АЦЦТАЦГТГТТААЦЦАГТГАЦГ...5'

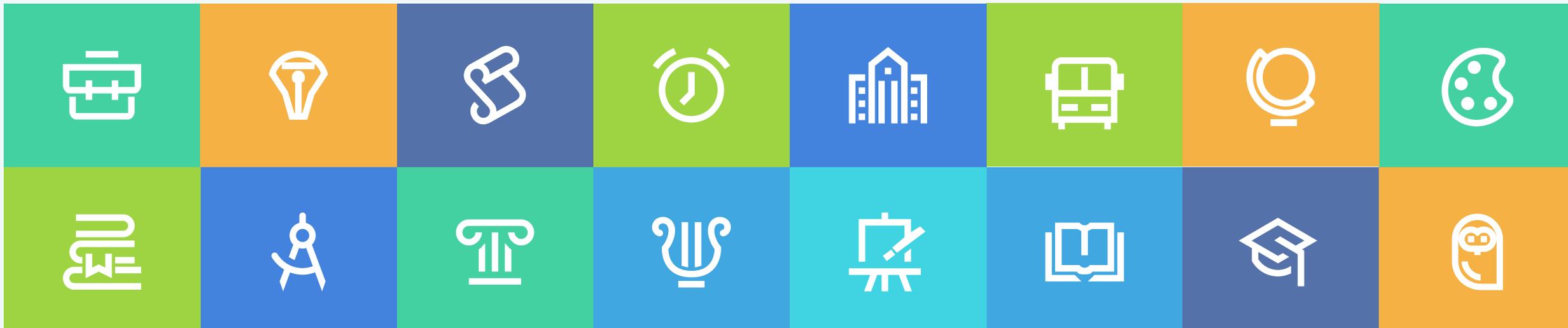
Как будет выглядеть соответствующий участок нативной ДНК?

9. Участок информационной РНК имеет следующий состав:

...ААУ УГУ ЦАУ АУГ ГУЦ ЦУЦ АУУ УАУ АЦА ГУЦ ААА...
Определите соотношение нуклеотидных пар АТ/ГЦ в транскрибированном фрагменте ДНК.

10. В смеси содержатся два фрагмента ДНК:
...АТТЦААТАТАТГТТТЦА... и ...АЦЦГТЦТЦГТГТТЦЦ...





Группа компаний «Просвещение»

Адрес: 127473, г. Москва, ул. Краснопролетарская, д. 16, стр. 3, подъезд 8, бизнес-центр «Новослободский»

Горячая линия: vopros@prosv.ru



Методист-эксперт Центра методической поддержки педагогов и образовательных организаций, к.п.н:

Чередниченко Ирина Петровна

E-mail: ICherednichenko@prosv.ru