



TÓM TẮT

CÔNG THỨC SINH HỌC 10

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 .

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

- 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 %

$$\%A = \% T = \dots$$

$$\%G = \% X = \dots$$

* **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 :

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

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

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 :

$$N = C \times 20 \Rightarrow C = N/20$$

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 nuclêôtit, độ dài của 1 nu là 3,4 Å

$$l = . 3,4\text{Å} \Rightarrow N =$$

Đơn vị thường dùng :

- 1 micrômet = 10⁴ angstrom (Å)
- 1 micrômet = 10³ nanômet (nm)
- 1 mm = 10³ micrômet = 10⁶ nm = 10⁷ Å

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

1. Số liên kết Hidrô (H)

+ A của mạch này nối với T ở mạch kia bằng 2 liên kết hidrô
+ G của mạch này nối với X ở mạch kia bằng 3 liên kết hidrô
Vậy số liên kết hidrô của gen là :

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

2. Số liên kết hoá trị (HT)

a) Số liên kết hoá trị nối các nu trên 1 mạch gen : - 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 ... nu nối nhau bằng - 1

b) Số liên kết hoá trị nối các nu trên 2 mạch gen : 2(- 1)

+ Do số liên kết hoá trị nối giữa các nu trên 2 mạch của ADN : 2(- 1)

c) Số liên kết hoá trị đường – photphát trong gen (HTĐ-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 :
 $HTĐ-P = 2(- 1) N = 2(N - 1)$

PHẦN II. CƠ CHẾ TỰ NHÂN ĐÔI CỦA ADN

I. TÍNH SỐ NUCLÊÔTIT TỰ DO CẦN DÙNG

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

+ Khi ADN tự nhân đôi hoàn toàn 2 mạch đều liên kết các nu tự do theo NTBS : A ADN nối với T Tự do và ngược lại ; G ADN nối với X Tự do và ngược lại . Vì vậy số nu tự do mỗi loại cần dùng bằng số nu mà loại nó bổ sung

$$A_{td} = T_{td} = A = T ; G_{td} = X_{td} = G = X$$

Số nu tự do cần dùng bằng số nu của ADN

$$N_{td} = N$$

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (x đợt)

Tính số ADN con

- 1 ADN mẹ qua 1 đợt tự nhân đôi tạo 2 = 2¹ ADN con

- 1 ADN mẹ qua 2 đợt tự nhân đôi tạo 4 = 2² ADN con

- 1 ADN mẹ qua 3 đợt tự nhân đôi tạo 8 = 2³ 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.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 :

$$td = N \cdot 2^x - N = N(2^x - 1)$$

- Số nu tự do mỗi loại cần dùng là:

$$td = td = A(2^x - 1)$$

$$td = td = G(2^x - 1)$$

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

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

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

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

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

$$H \text{ bị đứt} = H \text{ ADN}$$

- 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 hình thành = 2 . HADN

b. Số liên kết hoá trị được hình thành :

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

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

HT được hình thành = 2 (- 1) = N- 2

2. Qua nhiều đợt tự nhân đôi (x đợt)

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

- Tổng số liên kết hidrô bị phá vỡ :

H bị phá vỡ = H (2x – 1)

- Tổng số liên kết hidrô được hình thành :

H hình thành = H 2x

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

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

- Số liên kết hoá trị nối các nu trong mỗi mạch đơn : - 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 2.2x - 2 , vì vậy tổng số liên kết hoá trị được hình thành là :

- HT hình thành = (- 1) (2.2x – 2) = (N-2) (2x – 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 1 liên kết trong 1 nu là dt , thời gian tự sao được tính là :

TG tự sao = dt .

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

TG tự sao = N : tốc độ tự sao

PHẦN III . CẤU TRÚC ARN

I.TÍNH SỐ RIBONUCLÊÔTIT CỦA ARN :

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

$$rN = rA + rU + rG + rX =$$

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

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

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

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

Số lượng :

$$A = T = rA + rU$$

$$G = X = rG + rX$$

Tỉ lệ % :

$$\% A = \% T =$$

$$\% G = \% X =$$

II. TÍNH KHỐI LƯỢNG PHÂN TỬ ARN (MARN)

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

$$MARN = rN \cdot 300\text{đvc} = \dots 300 \text{ đvc}$$

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 A₀ . Vì vậy chiều dài ARN bằng chiều dài ADN tổng hợp nên ARN đó

$$- \text{ Vì vậy } L_{ARN} = L_{ADN} = rN \cdot 3,4A_0 = \dots 3,4 A_0$$

2 . Tính số liên kết hoá trị Đ –P:

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

Trong mỗi ribônu có 1 liên kết hoá trị gắn thành phần axit H₃PO₄ vào thành phần đường . Do đó số liên kết hóa trị loại này có trong rN ribônu là rN

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

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

PHẦN IV . CƠ CHẾ TỔNG HỢP ARN

I. TÍNH SỐ RIBONUCLÊOTIT TỰ DO CẦN DÙNG

1 . Qua 1 lần sao mã :

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

AADN nối U ARN ; TADN nối A ARN

GADN nối X ARN ; XADN nối G ARN

Vì vậy :

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

$rA_{td} = T_{gốc}$; $rU_{td} = A_{gốc}$

$rG_{td} = X_{gốc}$; $rX_{td} = G_{gốc}$

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

$rN_{td} =$

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 .

+ Số phân tử ARN = 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:

$rN_{td} = K \cdot rN$

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

$rA_{td} = K \cdot rA = K \cdot T_{gốc}$; $rU_{td} = K \cdot rU = K \cdot A_{gốc}$

$rG_{td} = K \cdot rG = K \cdot X_{gốc}$; $rX_{td} = K \cdot rX = K \cdot G_{gốc}$

* **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 HIDRÔ VÀ LIÊN KẾT HOÁ TRỊ Đ – P :

1 . Qua 1 lần sao mã :

a. Số liên kết hidro :

H đứt = H ADN

H hình thành = H ADN

=> H đứt = H hình thành = H AND

b. Số liên kết hoá trị :

HT hình thành = $rN - 1$

2. Qua nhiều lần sao mã (K lần) :

a. Tổng số liên kết hidrô bị phá vỡ

H phá vỡ = $K \cdot H$

b. Tổng số liên kết hoá trị hình thành :

$$\text{HT hình thành} = K (rN - 1)$$

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 :

$$\text{TG sao mã} = dt \cdot rN$$

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

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

- Đối với nhiều lần sao mã (K lần) :

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

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

t thời gian sao mã nhiều lần là : Δ Nếu TG chuyển tiếp giữa 2 lần sao mã liên tiếp đáng kể là

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