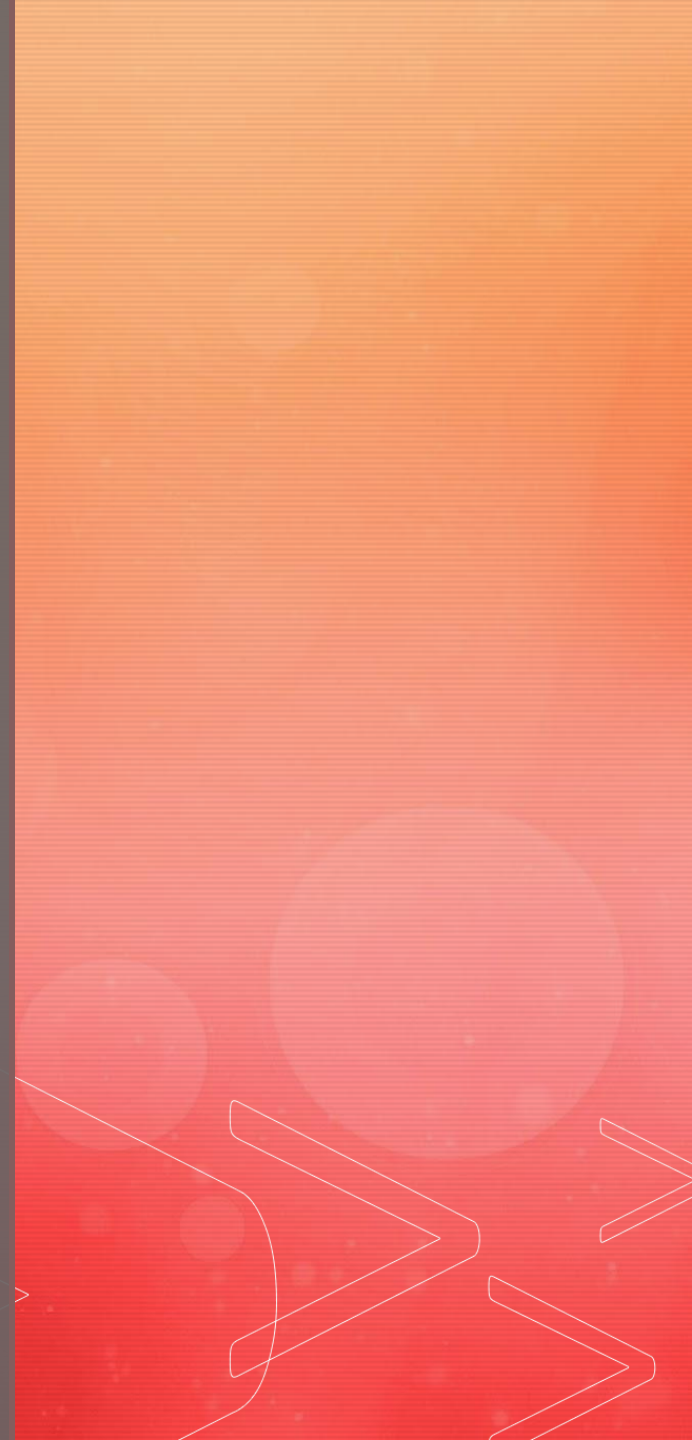


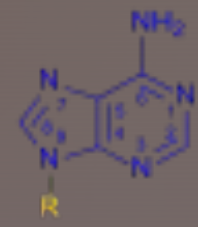
Задачи молекулярная биология



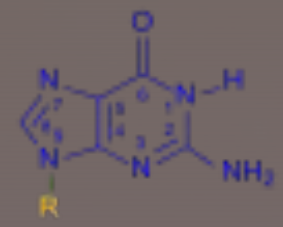
Строение нуклеотида



Пурины

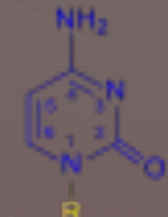


Аденин

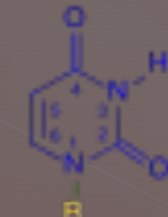


Гуанин

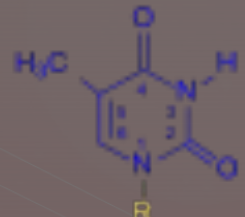
Пиримидины



Цитозин



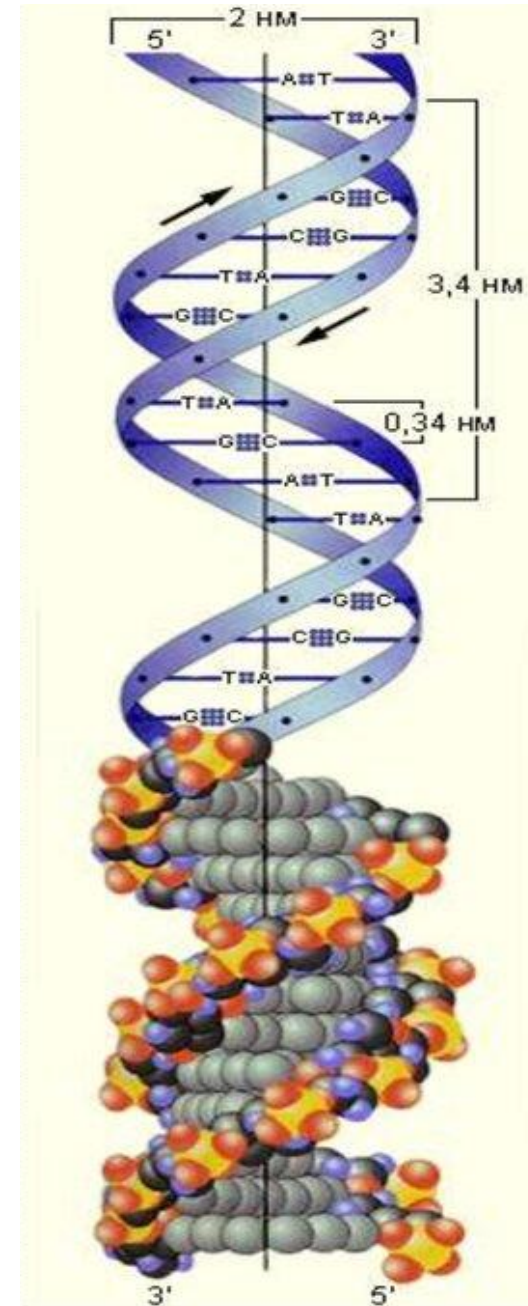
Урацил



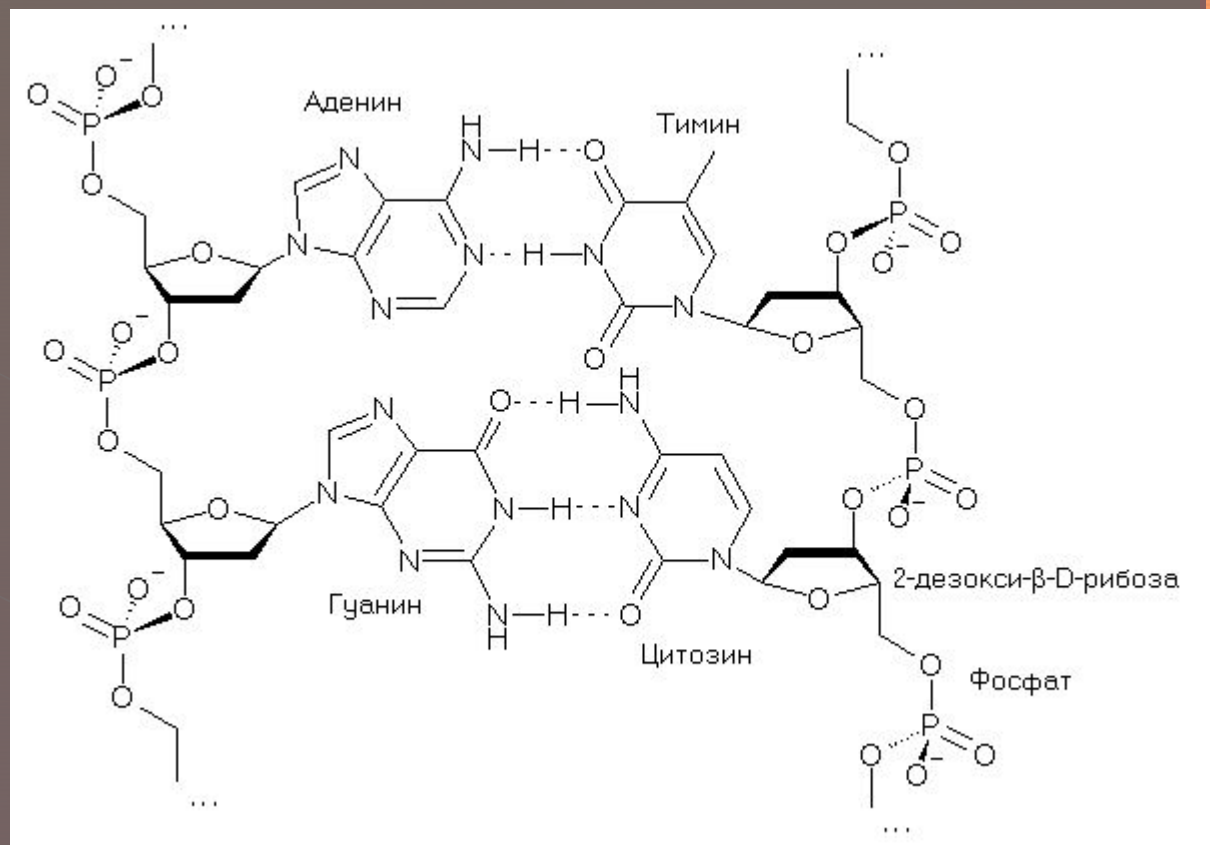
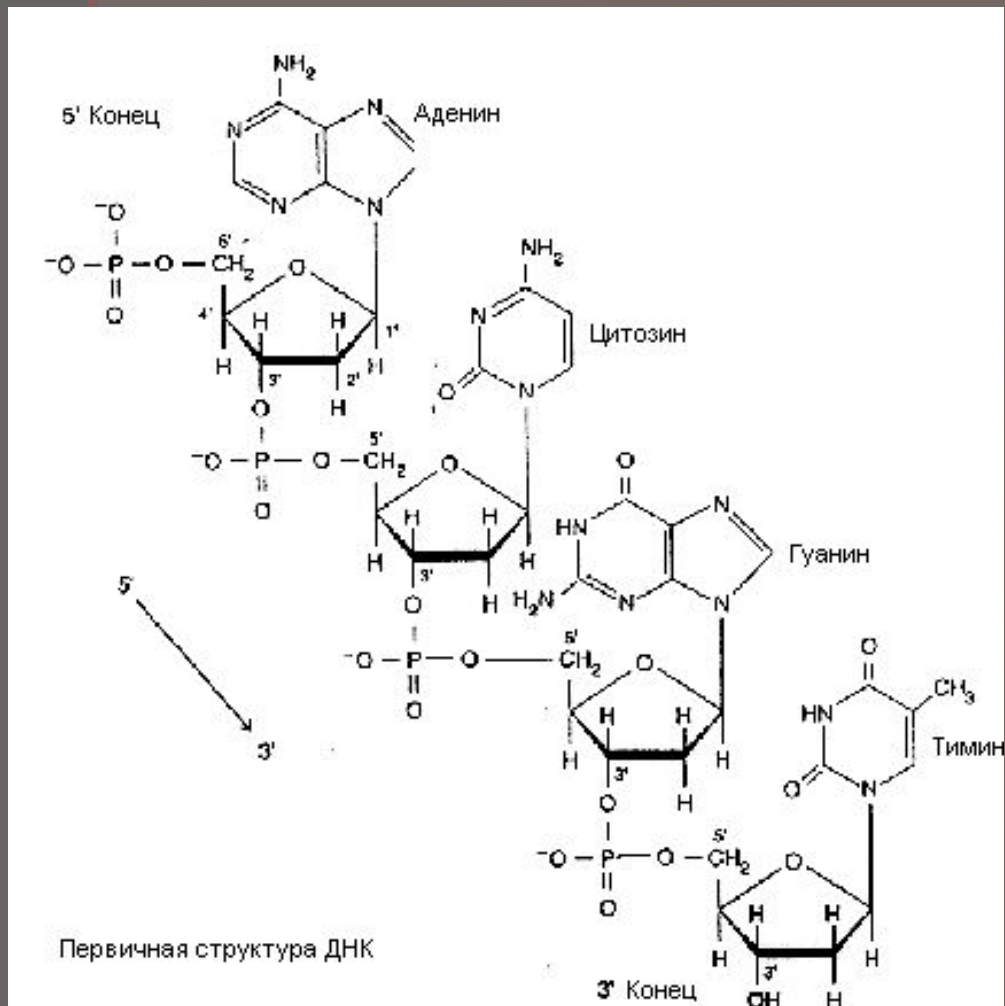
Тимин

Параметры цепи ДНК

- Две цепи ДНК закручены в спираль вокруг общей оси
- Цепи комплементарны и антипаралельны
- Азотистые основания находятся внутри молекулы ДНК, снаружи сахаро-фосфатный скелет
- Диаметр спирали – 2 нм
- Один виток спирали - 10 п.н. = 3,4 нм
- Расстояние между нуклеотидами – 0,34 нм



Фосфодиэфирная и водородная связи



Пептидная связь



Таблица генетического кода

Нуклеотид					
1-й	2-й				3-й
	У	Ц	А	Г	
У	УУУ } Фенилаланин УУЦ } УУА } Лейцин УУГ }	УЦУ } УЦЦ } Серин УЦА } УЦГ }	УАУ } Тирозин УАЦ } УАА } стоп-кодоны УАГ }	УГУ } Цистеин УГЦ } УГА } стоп-кодон УГГ } Триптофан	У Ц А Г
Ц	ЦУУ } ЦУЦ } Лейцин ЦУА } ЦУГ }	ЦЦУ } ЦЦЦ } Пролин ЦЦА } ЦЦГ }	ЦАУ } Гистидин ЦАЦ } ЦАА } Глютамин ЦАГ }	ЦГУ } ЦГЦ } Аргинин ЦГА } ЦГГ }	У Ц А Г
А	АУУ } АУЦ } Изолейцин АУА } Метионин АУГ } старт-кодон	АЦУ } АЦЦ } Треонин АЦА } АЦГ }	ААУ } ААЦ } Аспарагин ААА } Лизин ААГ }	АГУ } Серин АГЦ } АГА } Аргинин АГГ }	У Ц А Г
Г	ГУУ } ГУЦ } Валин ГУА } ГУГ }	ГЦУ } ГЦЦ } Аланин ГЦА } ГЦГ }	ГАУ } Аспарагиновая ГАЦ } кислота ГАА } Глутаминовая ГАГ } кислота	ГГУ } ГГЦ } Глицин ГГА } ГГГ }	У Ц А Г

Генетический код — это система записи генетической информации о последовательности расположения аминокислот в белках в виде последовательности нуклеотидов в ДНК или РНК.

Свойства генетического кода:

- 1. **Код триплетен.** Одна аминокислота кодируется тремя нуклеотидами.
- 2. **Код универсален.** Все живые организмы (от бактерии до человека) используют единый генетический код.
- 3. **Код вырожден.** Одна аминокислота кодируется более чем одним триплетом.
- 4. **Код однозначен.** Каждый триплет соответствует только одной аминокислоте.
- 5. **Код не перекрывается.** Один нуклеотид не может входить в состав нескольких кодонов в цепи мРНК.

Последовательность нуклеотидов в молекуле ДНК определяет её специфичность, а также специфичность белков организма, которые кодируются этой последовательностью. Эти последовательности индивидуальны и для каждого вида организмов, и для отдельных особей вида.

Что нужно знать

- Один шаг это полный виток спирали ДНК–поворот на 360°
- Один шаг составляют 10 пар нуклеотидов
- Длина одного шага – 3,4 нм
- Расстояние между двумя нуклеотидами – 0,34 нм
- Молекулярная масса одного нуклеотида – 345 г/моль
- Молекулярная масса одной аминокислоты – 120 г/мол
- В молекуле ДНК: А+Г=Т+Ц
- (Правило Чаргаффа: $\sum(A) = \sum(T)$, $\sum(G) = \sum(C)$, $\sum(A+G) = \sum(T+C)$)

Что нужно знать

- Комплементарность нуклеотидов: А=Т; Г=Ц
- Цепи ДНК удерживаются водородными связями, которые образуются между комплементарными азотистыми основаниями: аденин с тиминном соединяются 2 водородными связями, а гуанин с цитозином тремя.
- Вычисление молекулярной массы белка:
 - $M_{\min} = (a:v) * 100\%$
- где M_{\min} – минимальная молекулярная масса белка,
- а – атомная или молекулярная масса компонента,
- в – процентное содержание компонента.

Типы задач

- Определение последовательности нуклеотидов ДНК, иРНК, и антикодонов тРНК.
- Определение последовательности аминокислот в молекуле белка по таблице генетического кода.
- Влияние мутации гена на последовательность аминокислот в молекуле белка
- Определение длины и массы ДНК, иРНК
- Определение массы белка
- Определение количества нуклеотидов, их процентное соотношение в ДНК, иРНК
- Структура и функции гена*
- Рестрикционные карты*

ЗАДАЧА 2. В биосинтезе фрагмента молекулы белка участвовали последовательно молекулы тРНК с антикодонами АГЦ, АЦЦ, ГУА, ЦУА, ЦГА. Определите аминокислотную последовательность синтезируемого фрагмента молекулы белка и нуклеотидную последовательность участка двухцепочечной молекулы ДНК, в которой закодирована информация о первичной структуре фрагмента белка.

Решение

1. По антикодонам тРНК находим участок иРНК, на котором синтезируется фрагмент белка.

Антикодоны тРНК: АГЦ, АЦЦ, ГУА, ЦУА, ЦГА

иРНК: УЦГУГГЦАУГАУГЦУ

2. По кодонам иРНК находим последовательность аминокислот в белке.

Белок: сер-три-гис-асп-ала

3. По фрагменту иРНК находим участок одной цепи ДНК.

ДНК, цепь I: АГЦАЦЦГТАЦТАЦГА

ДНК, цепь II: ТЦГТГГЦАТГАТГЦТ

ЗАДАЧА 3. Начальный участок цепи инсулина представлен следующими аминокислотами: фен-лей-иле-тир. Определите количественные соотношения комплементарных пар оснований (А + Т) / (Г + Ц) во фрагменте молекулы ДНК, кодирующей этот участок инсулина.

Решение

1. С помощью таблицы генетического кода определяем последовательность нуклеотидов в иРНК.

Белок: фен-лей-иле-тир

иРНК: УУУЦУУАУУУАУ

2. Используя принцип комплементарности, определяем последовательность нуклеотидов в первой и второй цепи ДНК.

ДНК, цепь I: АААГААТАААТА

ДНК, цепь II: ТТТЦТТАТТТАТ

3. Считаем число адениновых, гуаниновых, цитозиновых и тиминовых нуклеотидов и определяем их количественное соотношение пар комплементарных оснований в данном фрагменте молекулы ДНК.

$$\frac{A + T}{Г + Ц} = \frac{11 + 11}{1 + 1} = \frac{22}{2} = \frac{11}{1}$$

- Задача: ДНК фага имеет молекулярную массу 10^6 . Сколько белков может быть в ней закодировано, если принять, что типичный белок состоит из 50 аминокислот? Определите, что имеет большую молекулярную массу – ген или белок.

Решение:

1. Определяем молекулярную массу одного белка, зная, что средняя молекулярная масса аминокислоты 120.

$$50 * 120 = 6000$$

2. Определяем молекулярную массу одного гена. По условию задачи типичный белок состоит из 50 аминокислот, значит, один ген состоит из 50 триплетов (соответственно из 150 нуклеотидов). Известно, что средняя молекулярная масса нуклеотида – 345

$$150 * 345 = 51750$$

3. Определяем число белков, закодированных в ДНК фага.

$$10^6 = 1\ 000\ 000$$

$$1\ 000\ 000 : 51750 = 19$$

Таким образом молекулярная масса гена больше молекулярной массы белка.

- Задача: В составе участка одной цепи ДНК обнаружено 720 нуклеотидов, 120 из которых входят в состав интронов. Определите длину первоначальной пре-иРНК, длину иРНК и число аминокислот, входящих в состав синтезированного полипептида.

- Решение:

- 1. Определяем количество нуклеотидов в составе иРНК, зная, что оно равно числу экзонов ДНК.

$$720 - 120 = 600$$

- 2. Определяем длину пре-иРНК и иРНК, зная что длина одного нуклеотида составляет 0,34 нм.

- $\text{длина пре-иРНК: } 0,34 * 720 \text{ нуклеотидов} = 244,8 \text{ нм}$

- $\text{длина иРНК: } 0,34 * 600 \text{ нуклеотидов} = 204 \text{ нм}$

- 3. Определяем число аминокислот в полипептиде, зная, что одна аминокислота кодируется тремя нуклеотидами.

- $600 : 3 = 200 \text{ аминокислот}$

Задача:

Молекулярная масса фрагмента ДНК составит 90 000. Из общего числа нуклеотидов этого фрагмента на долю тиминовых приходится 85. Определите количество гуаниновых, цитозиновых и адениновых нуклеотидов в данном фрагменте ДНК. Какова длина этого фрагмента ДНК?

Решение:

1. Определяем общее число нуклеотидов, входящих в две цепи ДНК, зная что средняя молекулярная масса одного нуклеотида равна 345.

$$90\ 000 : 345 = 260 \text{ нуклеотидов}$$

2. Применение правила Чаргаффа. В фрагменте 85 тиминовых, следовательно 85 адениновых нуклеотидов. Находим количество цитозиновых и гуаниновых.

$$260 - (85 + 85) = 90$$

$$90 : 2 = 45 \text{ (Г или Ц).}$$

3. Определяем длину фрагмента ДНК, зная, что всего он содержит 260 нуклеотидов, по 130 в каждой цепи.

$$\text{Длина ДНК} = 0,34 \text{ нм} * 130 = 44,2 \text{ нм.}$$

Задача:

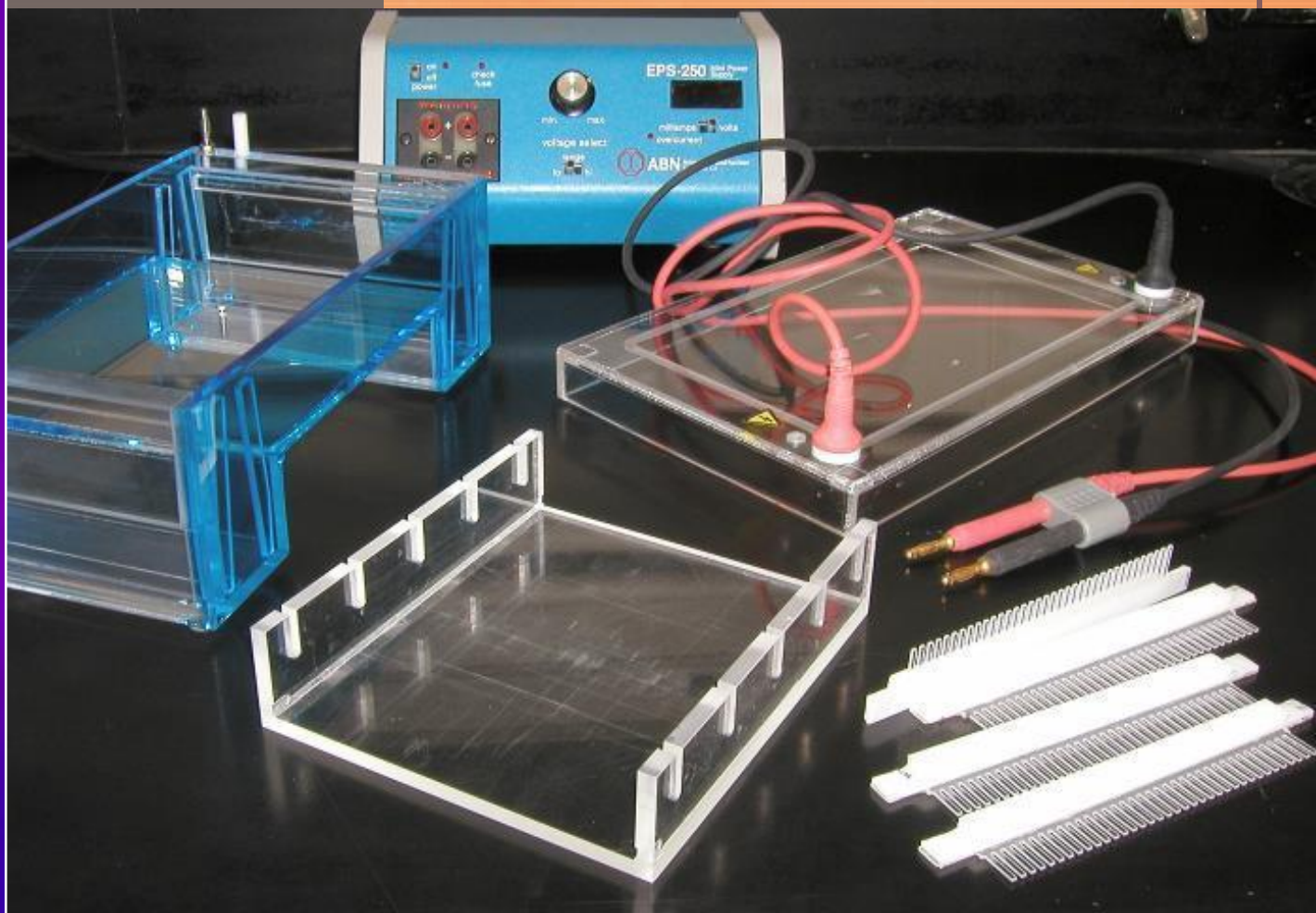
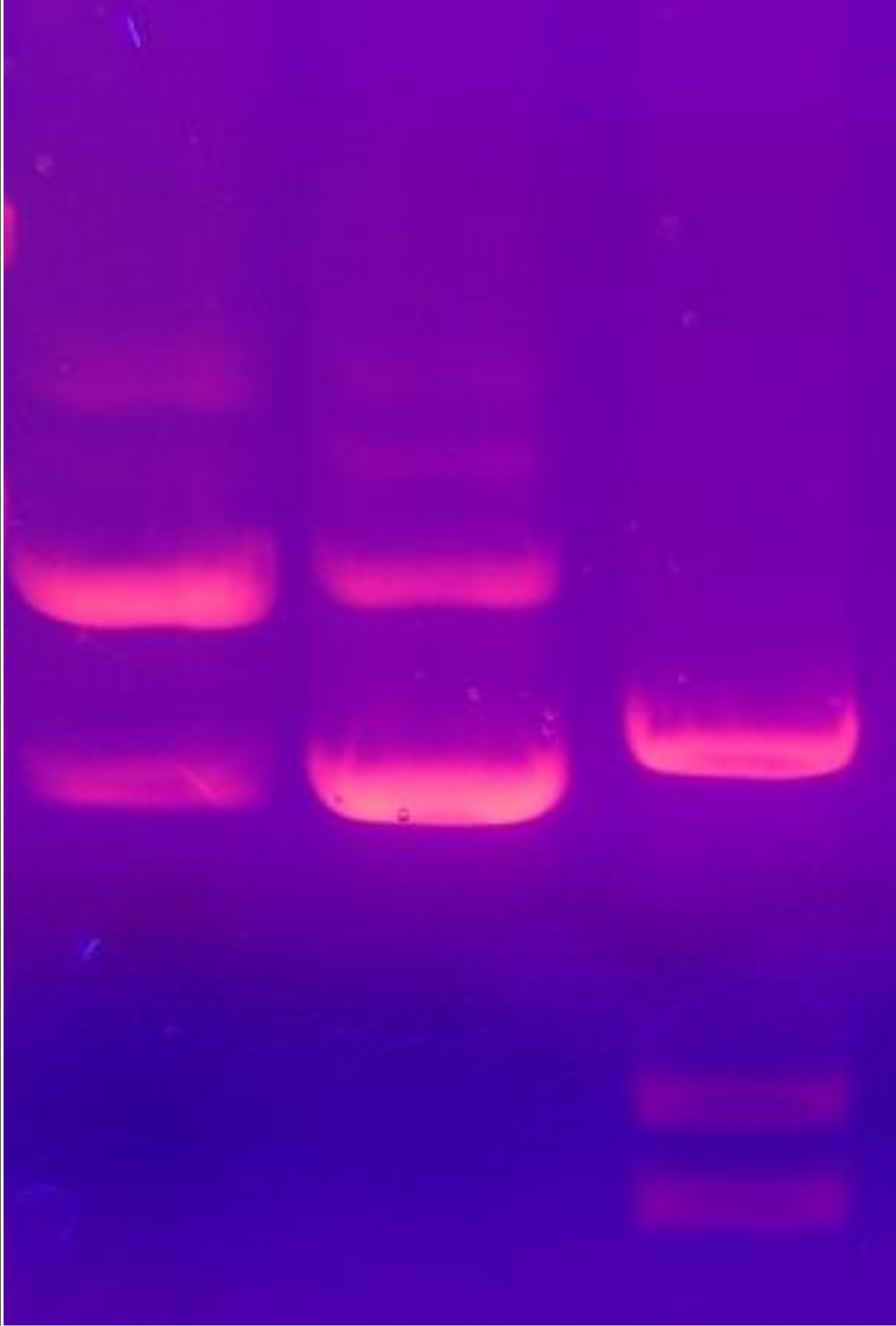
Используя таблицу генетического кода, заполните приведенную ниже таблицу. Отметьте 5`- и 3`- концы нуклеиновых кислот, а также N- и C- концы полипептида. Транскрипция и трансляция проходят в направлении слева направо.

С												2хцепочечная ДНК
						Т	Г	А				
	С	А				U						мРНК
									Г	С	А	Антикодоны тРНК
			Trp									Аминокислоты, составляющие белок

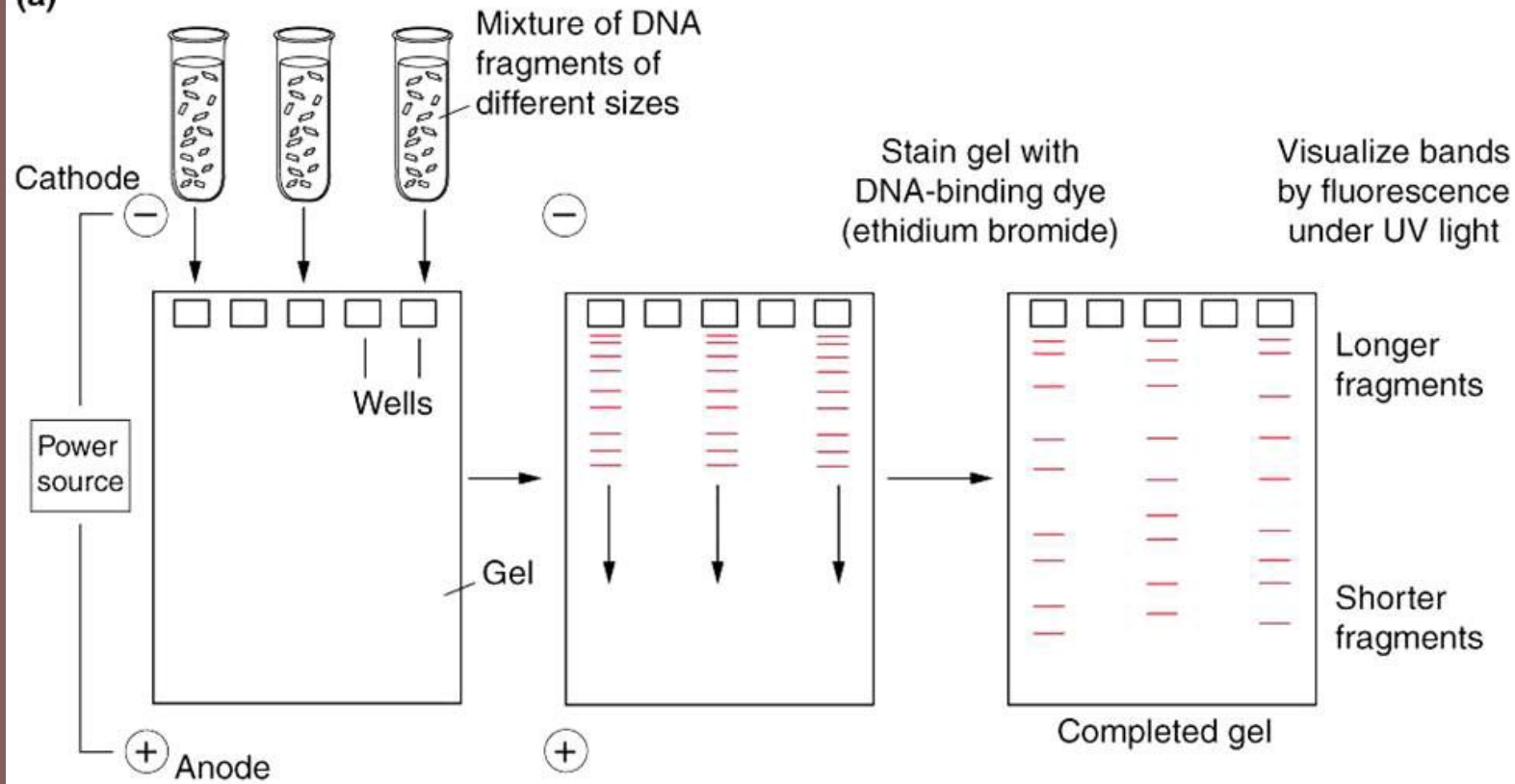
Решение:

	C	G	T	A	C	C	A	C	T	G	C	A	2хцепочечная ДНК	
	G	C	A	T	G	G	T	G	A	C	G	T		
5'	G	C	A	U	G	G	U	G	A	C	G	U	мРНК	3'
	C	G	U	A	C	C	A	C	U	G	C	A	Антикодоны тРНК	
N	Ala			Trp			–			Arg			Аминокислоты, составляющие белок	C

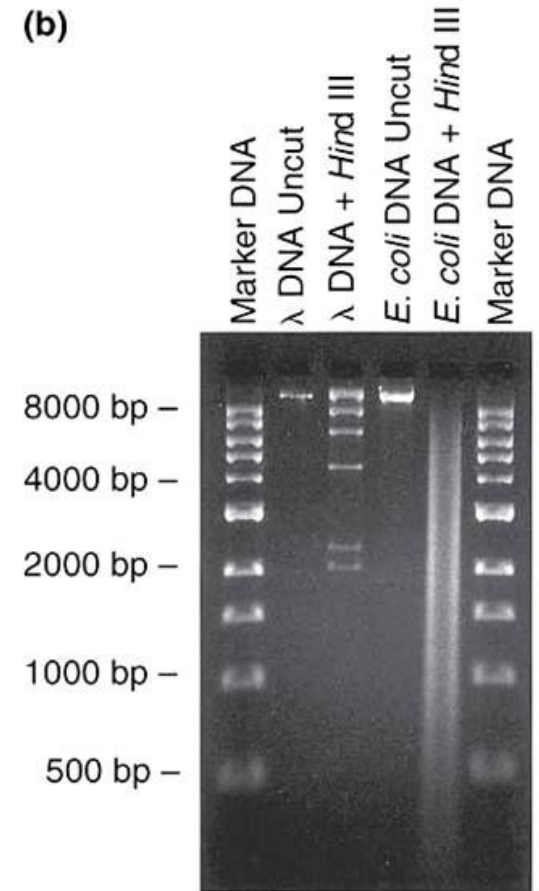
Электрофорез -
метод исследования
биологических
макромолекул.



(a)



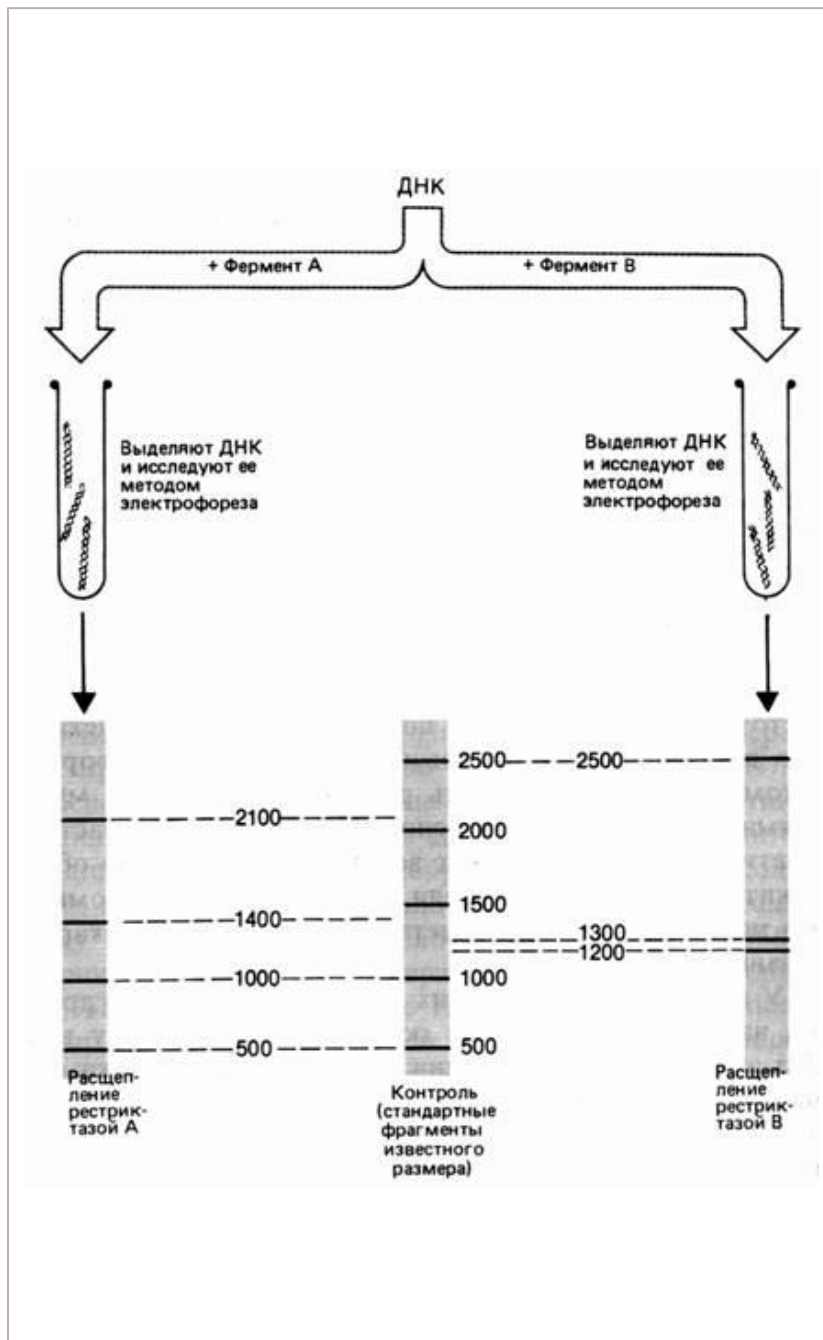
(b)

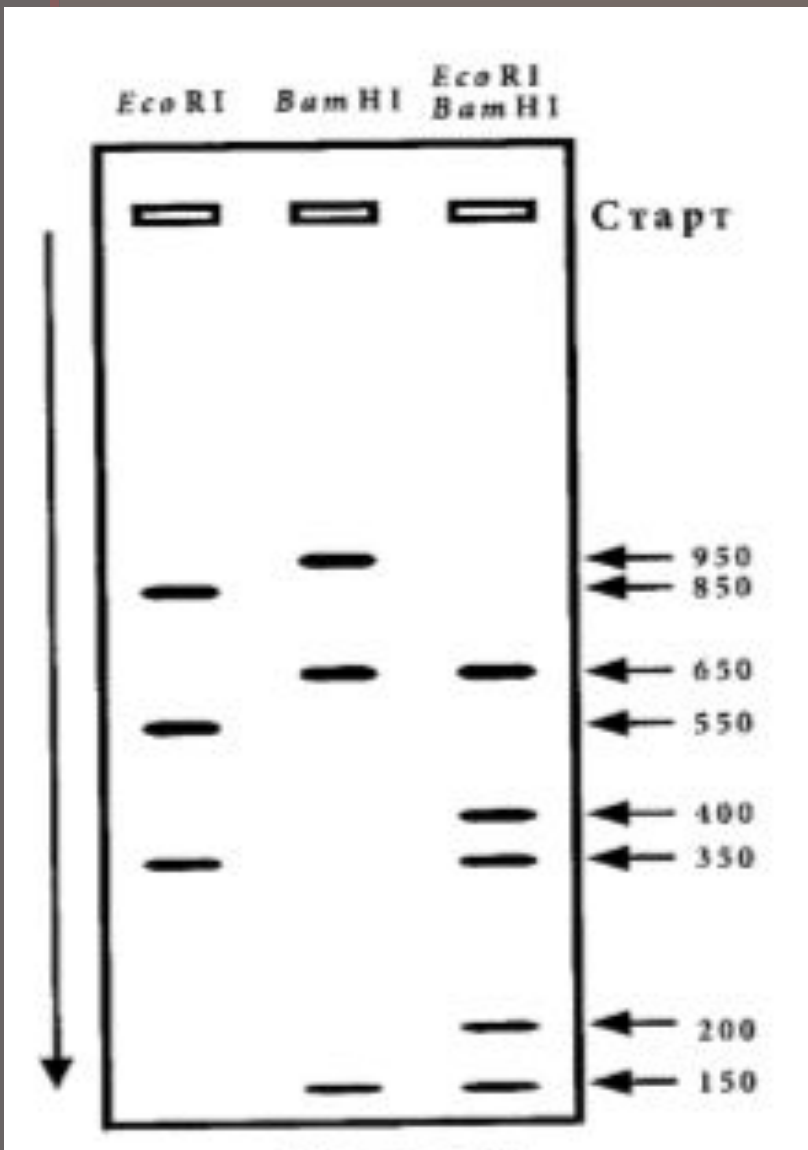


Процедура електрофореза

Рестрикционный анализ

Позволяет идентифицировать на ДНК биологически важные участки. Поскольку рестрикционная карта отражает расположение определенной последовательности нуклеотидов в данном участке, сравнение таких карт для двух или более родственных генов позволяет оценить гомологию между ними. Анализируя рестрикционные карты, можно сравнивать определенные участки ДНК разных видов животных без определения их нуклеотидной последовательности. А также позволяет увидеть крупные генетические изменения, такие как делеции или инсерции. При этом происходит уменьшение или увеличение рестрикционных фрагментов, а также исчезновение или возникновение сайтов рестрикции.





Задача:

Линейный фрагмент ДНК обработали рестриктазой *EcoRI*, рестриктазой *BamHI* и их смесью. Продукты реакции разделили в агарозном геле и окрасили бромистым этидием. Результаты электрофореза представлены на рисунке. Цифры указывают приблизительные размеры фрагментов в п.н. Постройте рестрикционную карту фрагмента.

Решение:

