

Генетический код (иРНК от 5' к 3' концу)

Первое основание	Второе основание				Третье основание
	У	Ц	А	Г	
У	Фен Фен Лей Лей	Сер Сер Сер Сер	Тир Тир — —	Цис Цис — Три	У Ц А Г
Ц	Лей Лей Лей Лей	Про Про Про Про	Гис Гис Глн Глн	Арг Арг Арг Арг	У Ц А Г
А	Иле Иле Иле Мет	Тре Тре Тре Тре	Асн Асн Лиз Лиз	Сер Сер Арг Арг	У Ц А Г
Г	Вал Вал Вал Вал	Ала Ала Ала Ала	Асп Асп Глу Глу	Гли Гли Гли Гли	У Ц А Г

Правила пользования таблицей

Первый нуклеотид в триплете берётся из левого вертикального ряда; второй — из верхнего горизонтального ряда и третий — из правого вертикального. Там, где пересекутся линии, идущие от всех трёх нуклеотидов, и находится искомая аминокислота.

Известно, что комплементарные цепи нуклеиновых кислот антипараллельны (концу в одной цепи соответствует 3'-конец другой цепи). Синтез нуклеиновых кислот начинается с 5'-конца. Рибосома движется по иРНК

в направлении от 5'-к 3'-концу. Все виды РНК синтезируются на ДНК-матрице. Фрагмент молекулы ДНК, на которой синтезируется участок центральной петли тРНК, имеет следующую последовательность нуклеотидов (нижняя цепь — матричная):

5'-ЦГААГГТГАЦААТГТ-3'
3'-ГЦТТЦЦАЦТГТТАЦА-5'.

Установите нуклеотидную последовательность участка тРНК, который синтезируется на данном фрагменте и определите аминокислоту, которую будет переносить эта тРНК в процессе биосинтеза белка, если третий триплет с 5' конца соответствует антикодону тРНК. Ответ поясните. Для решения задания используйте таблицу генетического кода. При написании нуклеиновых кислот указывайте направление цепи.

ИЛИ

У бактерий имеется специфический тип РНК, образующий шпильчатую структуру благодаря комплементарным участкам. Шпильчатая структура позволяет этой РНК попадать в рибосому. После шпильки через несколько нуклеотидов располагается открытая рамка считывания, которая начинается с аланинового кодона. Фрагмент молекулы ДНК, на которой синтезируется участок РНК, имеет следующую последовательность нуклеотидов (нижняя цепь — матричная):

5'-АЦГЦЦТАЦТГЦАТАГГЦААГЦАЦЦТГАТАГГЦ-3'
3'-ТГЦГГАТГАЦГТАТЦЦГТТЦГТГГАЦТАТЦЦГ-5'

Установите нуклеотидную последовательность участка РНК, который синтезируется на данном фрагменте. Установите вторичную структуру участка РНК. Установите последовательность начала открытой рамки считывания на данном участке РНК. Определите последовательность фрагмента полип

ептида, который кодируется данным фрагментом РНК. Для решения задания используйте таблицу генетического кода. При написании нуклеиновых кислот указывайте направление цепи.

ИЛИ

Для соматической клетки животного характерен диплоидный набор хромосом. Определите хромосомный набор (n) и число молекул ДНК (c) в клетке при гаметогенезе в метафазе II мейоза и анафазе II мейоза. Объясните полученные результаты.

ИЛИ

Окраска шерсти у полёвки обыкновенной (*Microtus arvalis*) контролируется одним геном. Доминантные гомозиготы имеют серый цвет; рецессивные гомозиготы — белый. Гетерозиготы имеют промежуточную окраску.

В равновесной популяции полёвок обыкновенных на 1000 особей приходится 90 белых. Популяция попала в новые условия, при которых в результате интенсивного отлова хищниками погибло 50 % серых особей. Рассчитайте частоты аллелей и частоту (долю) особей с серой окраской в изначальной популяции, а также частоты (доли) всех фенотипов в популяции после отлова хищниками. Поясните ход решения. При расчётах округляйте значения до четвёртого знака после запятой.

ИЛИ

При каждом раунде репликации ДНК полимераза вносит ошибки в последовательность нуклеотидов. Чем раньше существовал общий предок двух видов, тем больше различий (нуклеотидных замен) накапливается между последовательностями ДНК потомков этого предка. Филогенетические деревья позволяют продемонстрировать эволюционную связь между потомками общего предка.

Ниже приведено выравнивание последовательностей смысловых цепей гомологичных участков одного из генов трёх штаммов бактерии и их известного общего предка. Изменённые нуклеотиды в выравнивании выделены полужирным шрифтом.

Предок	5'-ГТАЦТ	АТГЦГ	АТЦАТ	ЦЦТГГ	ЦТАТЦ	ТАГТА	ТТТЦА-3'
Штамм А	5'-ГТАЦТ	АТГЦГ	АТЦАТ	ЦАТГГ	АТАТЦ	ТАГТА	ГТТЦА-3'
Штамм В	5'-ГТАЦТ	АТГТГ	АГЦАТ	ЦЦТГГ	ЦТАТЦ	ГАЦГА	ТТТЦА-3'
Штамм С	5'-ГТАЦТ	АТГЦГ	АГЦАТ	ЦГТГГ	ЦТАТЦ	ГАГГА	ТАТЦА-3'
	1	5	10	15	20	25	30 35

Постройте филогенетическое древо для данных трёх штаммов на основании представленных последовательностей нуклеотидов. Укажите порядок возникновения трёх штаммов. Рассчитайте, когда существовал последний общий предок штаммов В и С при условии, что на приведённом участке за сто поколений возникает три нейтральных* мутации. Приведите расчёты, аргументируя ответ. Считайте, что одно поколение у данного вида бактерии сменяется за 20 минут, а также, что все мутации, которые произошли в данном участке гена, нейтральные. При ответе округляйте значения до первого знака после запятой.

Нейтральные мутации — это изменения в последовательности ДНК, которые не оказывают никакого влияния на приспособленность организма.