Κεφάλαιο 2: Αντιγραφή, έκφραση, ρύθμιση

Ασκήσεις και λύσεις

Μεθοδολογία, λυμένο παράδειγμα, θεωρία τύπου Β και ασκήσεις τύπου Γ και Δ, όλα με λύσεις.

1 Μεθοδολογία
2 Λυμένο παράδειγμα
3 Πολλαπλής επιλογής
4 Σωστό ή λάθος
5 Ερωτήσεις θεωρίας
6 Ασκήσεις

1 Μεθοδολογία

Οι περισσότερες ασκήσεις του κεφαλαίου είναι μια αλυσίδα «από το γονίδιο στην πρωτεΐνη» ή αντίστροφα. Σε κάθε βήμα γράφε και την αιτιολόγηση: στις Πανελλήνιες βαθμολογείται.

Από το γονίδιο στην πρωτεΐνη

Τι υπολογίζω	Σχέση	Προσοχή
Νουκλεοτίδια πρόδρομου mRNA	**= νουκλεοτίδια μίας αλυσίδας της περιοχής που μεταγράφεται**	Όχι του γονιδίου: το γονίδιο είναι δίκλωνο.
Ώριμο mRNA	**= πρόδρομο − εσώνια**	
Πλαίσιο ανάγνωσης	**= ώριμο − 5΄ και 3΄ αμετάφραστες**	
Κωδικόνια	**= πλαίσιο ÷ 3**	
Αμινοξέα κατά τη σύνθεση	**= κωδικόνια − 1**	Το κωδικόνιο λήξης δεν κωδικοποιεί αμινοξύ.
Πεπτιδικοί δεσμοί	**= αμινοξέα − 1**	Για μία αλυσίδα.
tRNA που χρησιμοποιήθηκαν	**= αμινοξέα**	Ένα tRNA ανά αμινοξύ.
Φωσφοδιεστερικοί mRNA	**= νουκλεοτίδια − 1**	Μονόκλωνο γραμμικό.

Τι υπολογίζω	Σχέση	Προσοχή
Γονίδιο από mRNA	**≥ 2 × νουκλεοτίδια mRNA**	Γράψε «τουλάχιστον»: μπορεί να υπάρχουν εσώνια.
Αμινοξέα από MB	**= MB πρωτεΐνης ÷ μέσο MB αμινοξέος**	
Ραδιενεργή αντιγραφή	**μόρια $2^{ν}$, οι αρχικές αλυσίδες μένουν πάντα 2**	Ημισυντηρητικός μηχανισμός.

Ασκήσεις με αλληλουχία

1. **Βρες την κωδική αλυσίδα.** Ψάξε και στις δύο αλυσίδες, διαβάζοντας 5′→3′, το ATG και, σε ακέραιο αριθμό τριάδων μετά (χωρίς να μετράς εσώνια), ένα από τα TAA, TAG, TGA.
2. **Γράψε το mRNA.** Ίδιο με την κωδική, με U αντί T. Συμπληρωματικό και αντιπαράλληλο με τη μη κωδική.
3. **Αντικωδικόνια.** Συμπληρωματικά και αντιπαράλληλα με τα κωδικόνια, γραμμένα 3′→5′. Στο κωδικόνιο λήξης δεν αντιστοιχεί tRNA.
4. **Αμινοξέα.** Ένα ανά κωδικόνιο, εκτός από το κωδικόνιο λήξης.

Συχνά λάθη

«Βάσεις γονιδίου = βάσεις πρόδρομου mRNA» είναι λάθος: το γονίδιο έχει τις διπλάσιες. Όταν δίνεται DNA σε **νουκλεοτίδια** ή **ζεύγη βάσεων**, πρόσεξε ποιο από τα δύο είναι πριν διαιρέσεις με το 3.

2 Λυμένο παράδειγμα

Δίνεται ασυνεχές γονίδιο ευκαρυωτικού οργανισμού. Το εσώνιο είναι υπογραμμισμένο:
`5′-GACCATGGCTTCAGTAAGCCTTAGCGTGGATACTGATTCGA-3′`
`3′-CTGGTACCGAAGTCATTCGGAATCGCACCTATGACTAAGCT-5′`
α) Ποια είναι η κωδική αλυσίδα; β) Γράψε το πρόδρομο mRNA και τις περιοχές του. γ) Γράψε το ώριμο mRNA. δ) Γράψε τα αντικωδικόνια με τη σειρά. ε) Γράψε το πεπτίδιο και τους πεπτιδικούς δεσμούς του.

1. **α)** Το mRNA είναι ίδιο με την κωδική. Ψάχνω 5′→3′ ATG και κωδικόνιο λήξης σε ακέραιο αριθμό τριάδων, χωρίς να μετρώ το εσώνιο. Η πάνω αλυσίδα έχει ATG GCT TCA | (εσώνιο) | CGT GGA TAC TGA: **κωδική είναι η πάνω**. Η κάτω, διαβασμένη 5′→3′, δεν πληροί τις προϋποθέσεις.
2. **β)** Πρόδρομο: `5′-GACCAUGGCUUCAGUAAGCCUUAGCGUGGAUACUGAUUCGA-3′`. Περιοχές: 5′ αμετάφραστη `GACC`, εξώνιο 1 `AUGGCUUCA`, εσώνιο `GUAAGCCUUAG`, εξώνιο 2 `CGUGGAUACUGA`, 3′ αμετάφραστη `U`

`UCGA`.

3 **γ)** Ριβονουκλεοπρωτεϊνικά σωματίδια κόβουν το εσώνιο και ενώνουν τα εξώνια: `5΄-GACCAUGGCUUCA CGUGGAUACUGAUUCGA-3΄`.

4 **δ)** 3΄-UAC-5΄, 3΄-CGA-5΄, 3΄-AGU-5΄, 3΄-GCA-5΄, 3΄-CCU-5΄, 3΄-AUG-5΄. Το UGA δεν έχει αντικωδικόνιο.

5 **ε)** H_2N – μεθειονίνη – αλανίνη – σερίνη – αργινίνη – γλυκίνη – τυροσίνη – COOH: 6 αμινοξέα, **5 πεπτιδικοί δεσμοί**.

3 Πολλαπλής επιλογής

Οι λύσεις είναι στο τέλος.

1. Τα μόρια που μεταφέρουν τη γενετική πληροφορία από τον πυρήνα στα ριβοσώματα είναι:
   α) πρωτεΐνες
   β) DNA
   γ) RNA (mRNA)
   δ) λιπίδια

2. Κατά την επιμήκυνση της πολυπεπτιδικής αλυσίδας τα αμινοξέα ενώνονται με:
   α) πεπτιδικό δεσμό
   β) ιοντικούς δεσμούς
   γ) δεσμούς υδρογόνου
   δ) δυνάμεις Van der Waals

3. Κατά την πρωτεϊνοσύνθεση το ριβόσωμα μετακινείται:
   α) από το 5΄ προς το 3΄ άκρο του mRNA
   β) από το 3΄ προς το 5΄ άκρο
   γ) από ένα κωδικόνιο λήξης προς το AUG
   δ) τυχαία

4. Οι μεταγραφικοί παράγοντες:
   α) είναι ρυθμιστικά στοιχεία της αντιγραφής
   β) είναι περιοχές του DNA όπου γίνεται η μεταγραφή
   γ) επιτρέπουν στην RNA πολυμεράση τη σωστή έναρξη της μεταγραφής
   δ) είναι πρωτεΐνες που ρυθμίζουν την αντιγραφή

5. Το σύμπλοκο έναρξης της πρωτεϊνοσύνθεσης περιλαμβάνει:
   α) mRNA, μεγάλη υπομονάδα, tRNA-μεθειονίνη
   β) mRNA, μικρή υπομονάδα, tRNA-μεθειονίνη
   γ) DNA, RNA πολυμεράση, υποκινητή
   δ) snRNA και πρωτεΐνες

6. Ποιο ένζυμο σχηματίζει πρωταρχικά τμήματα;

   α) DNA πολυμεράση
   β) DNA δεσμάση
   γ) Πριμόσωμα
   δ) Αντίστροφη μεταγραφάση

---

4 Σωστό ή λάθος

Οι λύσεις είναι στο τέλος.

1. Ο μηχανισμός αντιγραφής του DNA χαρακτηρίζεται συντηρητικός. **Σ / Λ**

2. Η DNA πολυμεράση καταλύει τον σχηματισμό 3΄-5΄ φωσφοδιεστερικών δεσμών. **Σ / Λ**

3. Η DNA ελικάση αποτελείται από νουκλεοτίδια. **Σ / Λ**

4. Κάθε νέα πολυνουκλεοτιδική αλυσίδα συντίθεται με κατεύθυνση 3΄→5΄. **Σ / Λ**

5. Οι DNA ελικάσες σπάνε τους φωσφοδιεστερικούς δεσμούς για να ξετυλιχτεί η έλικα. **Σ / Λ**

6. Υπάρχουν οργανίδια του ευκαρυωτικού κυττάρου όπου γίνονται και τα τρία στάδια του κεντρικού δόγματος. **Σ / Λ**

7. Η αντίστροφη μεταγραφάση υπάρχει σε όλα τα προκαρυωτικά κύτταρα. **Σ / Λ**

8. Το snRNA υπάρχει μόνο στα ευκαρυωτικά κύτταρα. **Σ / Λ**

9. Οι δύο αλυσίδες κάθε νέου μορίου DNA μετά την αντιγραφή είναι αντιπαράλληλες. **Σ / Λ**

10. Οι RNA πολυμεράσες δρουν στον πυρήνα, στα μιτοχόνδρια και τους χλωροπλάστες των ευκαρυωτικών και στο κυτταρόπλασμα των προκαρυωτικών. **Σ / Λ**

11. Ο όρος κωδικόνιο αναφέρεται και στο γονίδιο, όχι μόνο στο mRNA. **Σ / Λ**

12. Ασυνεχή γονίδια υπάρχουν μόνο στους ευκαρυωτικούς οργανισμούς. **Σ / Λ**

13. Οι υποκινητές βρίσκονται πάντα μπροστά από κάθε γονίδιο. **Σ / Λ**

14. Η RNA πολυμεράση των ευκαρυωτικών συντίθεται στον πυρήνα. **Σ / Λ**

15. Οι δύο υπομονάδες του ριβοσώματος είναι πάντα ενωμένες. **Σ / Λ**

16. Η επιμήκυνση σταματά στο κωδικόνιο λήξης επειδή δεν υπάρχει tRNA που να αντιστοιχεί σε αυτό. **Σ / Λ**

17. Πάνω σε ένα ριβόσωμα μπορεί να βρίσκονται ταυτόχρονα έως τρία mRNA. **Σ / Λ**

18. Λάθη που γίνονται κατά τη μεταγραφή κληρονομούνται. **Σ / Λ**

5 Ερωτήσεις θεωρίας

Τύπου Θέματος Β. Οι απαντήσεις είναι στο τέλος.

Αντιγραφή

1. Γιατί ο μηχανισμός αντιγραφής λέγεται ημισυντηρητικός;
2. Γιατί η αντιγραφή μελετήθηκε κυρίως στο E. coli;
3. Ποια ένζυμα συμμετέχουν στην αντιγραφή;
4. Τι είναι το πριμόσωμα και ποιος ο ρόλος του;
5. Ποιος είναι ο ρόλος των DNA πολυμερασών;
6. Πώς εξασφαλίζεται η πιστότητα της αντιγραφής;
7. Γιατί η σύνθεση είναι συνεχής στη μία αλυσίδα και ασυνεχής στην άλλη;
8. Ποιος είναι ο ρόλος της DNA δεσμάσης;
9. Σε ποιες περιπτώσεις και με ποια ένζυμα ξετυλίγεται η διπλή έλικα;
10. Ποια ένζυμα σχηματίζουν 3΄-5΄ φωσφοδιεστερικούς δεσμούς κατά τη ροή της γενετικής πληροφορίας;

Μεταγραφή και ωρίμανση

1. Τι είναι ο υποκινητής και ποιος ο ρόλος του;
2. Ποιοι παράγοντες συμβάλλουν στη σωστή μεταγραφή;
3. Σε ποιες κατηγορίες χωρίζονται τα γονίδια ανάλογα με το προϊόν τους;
4. Πόσα είδη RNA υπάρχουν και ποιος ο ρόλος του καθενός;
5. Σε ποιες περιπτώσεις το RNA ενώνεται με πρωτεΐνες για να αποκτήσει ρόλο;
6. Τι καθορίζει η μεταγραφή στους πολυκύτταρους οργανισμούς;
7. Εκφράζονται όλα τα γονίδια σε ένα ευκαρυωτικό κύτταρο;
8. Γιατί στα προκαρυωτικά η μετάφραση αρχίζει πριν τελειώσει η μεταγραφή;
9. Τι είναι τα ασυνεχή γονίδια και πού υπάρχουν;
10. Περίγραψε την ωρίμανση του mRNA.
11. Ποιες αλληλουχίες του ώριμου mRNA δεν μεταφράζονται;

12. Ποια τμήματα του γονιδιώματος ενός ανθρώπινου κυττάρου δεν μεταγράφονται και ποια μεταγράφονται αλλά δεν μεταφράζονται;

Γενετικός κώδικας και μετάφραση

1. Ποια είναι τα χαρακτηριστικά του γενετικού κώδικα;
2. Γιατί ο γενετικός κώδικας δεν μπορεί να είναι κώδικας δυάδας;
3. Ποια κωδικόνια λέγονται συνώνυμα; Είναι σημαντικά;
4. Ποιο είναι το λάθος στην πρόταση «Ο γενετικός κώδικας μεταφράζει το DNA σε αμινοξέα»;
5. Ποιος είναι ο ρόλος του tRNA στη μετάφραση; Με ποια μόρια συνδέεται;
6. Περίγραψε τον σχηματισμό του συμπλόκου έναρξης. Ποια RNA συμμετέχουν;
7. Ποιος είναι ο ρόλος των κωδικονίων λήξης;
8. Όλα τα πολυπεπτίδια αρχίζουν με μεθειονίνη. Γιατί δεν έχουν όλες οι λειτουργικές πρωτεΐνες πρώτο αμινοξύ τη μεθειονίνη;
9. Με ποιους τρόπους ένα κύτταρο φτιάχνει ταυτόχρονα πολλά μόρια της ίδιας πρωτεΐνης;
10. Μπορεί mRNA ενός οργανισμού να μεταφραστεί σε κύτταρα άλλου; Τι προϊόν θα προκύψει;
11. Αν ένα ώριμο ευκαρυωτικό mRNA τοποθετηθεί σε προκαρυωτικό κύτταρο, θα δώσει την ίδια αλυσίδα;
12. Δύο οργανισμοί φτιάχνουν την ίδια πρωτεΐνη. Έχουν αναγκαστικά ίδια αλληλουχία στο mRNA;
13. Γιατί τα αμινοξέα μιας ευκαρυωτικής πρωτεΐνης είναι λιγότερα από τα κωδικόνια της κωδικής αλυσίδας του γονιδίου;
14. Πώς παράγεται ανθρώπινη ινσουλίνη από βακτήρια;

Ρύθμιση της γονιδιακής έκφρασης

1. Σε τι αποσκοπεί η ρύθμιση στους προκαρυωτικούς; Δώσε παράδειγμα.
2. Ποιες αλληλουχίες περιέχει το οπερόνιο της λακτόζης; Πόσες πρωτεΐνες κωδικοποιεί;
3. Πώς επιτυγχάνεται η καταστολή του οπερονίου της λακτόζης;
4. Ποια είναι η διαφορά επαγωγής και καταστολής του οπερονίου;
5. Σε πόσα και ποια επίπεδα γίνεται η ρύθμιση στα ευκαρυωτικά;
6. Τι είναι η κυτταρική διαφοροποίηση και πού δεν συμβαίνει;
7. Ένα νευρικό κύτταρο έχει το γονίδιο της αιμοσφαιρίνης;

8. Δύο κύτταρα του ίδιου οργανισμού (ηπατικό και λεμφοκύτταρο) έχουν κοινές αλλά και διαφορετικές πρωτεΐνες. Γιατί; Ποιες είναι κοινές;

---

6 Ασκήσεις

Τύπου Θέματος Γ και Δ. Οι αριθμοί είναι αλλαγμένοι σε σχέση με τα συνηθισμένα φυλλάδια. Οι απαντήσεις είναι στο τέλος.

1. Η κωδική αλυσίδα ενός γονιδίου είναι 5΄-ATG-GCA-TTC-AGG-CCT-GAA-TGG-TAG-3΄. Βρες: α) τους δεσμούς υδρογόνου του γονιδίου, β) το πλαίσιο ανάγνωσης του mRNA, γ) τους πεπτιδικούς δεσμούς της αλυσίδας.

2. Τμήμα βακτηριακού DNA αποτελείται από 2.400 νουκλεοτίδια και είναι γονίδιο που μεταφράζεται. Πόσα κωδικόνια έχει το mRNA του και πόσα αμινοξέα η αλυσίδα κατά τη σύνθεσή της;

3. Το RNA που προκύπτει από τη μεταγραφή ενός γονιδίου έχει 12.000 βάσεις, από τις οποίες 15% U και 25% G. Το γονίδιο έχει 32.000 δεσμούς υδρογόνου. Βρες τη σύσταση του γονιδίου σε βάσεις.

4. Ένα γονίδιο έχει τις αλυσίδες:
   `3΄-TACCCAGGTTTCGAATGCCTAACGATT-5΄`
   `5΄-ATGGGTCCAAAGCTTACGGATTGCTAA-3΄`
   Βρες: α) το mRNA, β) τα αντικωδικόνια των tRNA, γ) τους δεσμούς υδρογόνου του γονιδίου, δ) τους φωσφοδιεστερικούς δεσμούς του mRNA, ε) τα αμινοξέα του ολιγοπεπτιδίου.

5. Για τη σύνθεση τμήματος πολυπεπτιδίου χρησιμοποιήθηκαν με τη σειρά tRNA με αντικωδικόνια 3΄-UAC-5΄, 3΄-GGU-5΄, 3΄-CUU-5΄, 3΄-ACG-5΄, 3΄-AAA-5΄. Βρες τη σύσταση σε βάσεις του αντίστοιχου τμήματος DNA και τους δεσμούς υδρογόνου του.

6. Σε ριβοσώματα συντίθεται πρωτεΐνη με 118 πεπτιδικούς δεσμούς κατά τη σύνθεσή της. Το γονίδιό της έχει 950 δεσμούς υδρογόνου. Βρες τη σύστασή του σε βάσεις.

7. Η κωδική αλυσίδα ενός τμήματος DNA έχει 46% A, 46% T, 4% C, 4% G. Γιατί είναι λογικό να κωδικοποιεί μικρές πολυπεπτιδικές αλυσίδες;

8. Γονίδιο 4.500 ζευγών βάσεων έχει 30% A. α) Πόσοι δεσμοί υδρογόνου συγκρατούν τις αλυσίδες; β) Ποιος είναι ο μέγιστος αριθμός αμινοξέων της αλυσίδας που κωδικοποιεί;

9. Μια πρωτεΐνη έχει τέσσερις αλυσίδες, ανά δύο όμοιες (2 Χ και 2 Ψ). Τα πλαίσια ανάγνωσης των δύο mRNA έχουν μαζί 1.026 νουκλεοτίδια και η αλυσίδα Ψ έχει 8 αμινοξέα περισσότερα από τη Χ. Βρες τα αμινοξέα κάθε αλυσίδας και της πρωτεΐνης.

10. Ένας ρετροϊός με γενετικό υλικό $5{\cdot}10^3$ βάσεων μολύνει ένα κύτταρο. Πόσα νουκλεοτίδια του κυττάρου θα χρησιμοποιηθούν και πόσοι φωσφοδιεστερικοί δεσμοί θα σχηματιστούν ώστε να ενσωματωθεί στο DNA του κυττάρου;

11. Για τη σύνθεση ενός τετραπεπτιδίου σε βακτήριο χρησιμοποιήθηκαν tRNA με αντικωδικόνια 3΄-UAC-5΄, 3΄-GGA-5΄, 3΄-UUU-5΄, 3΄-CAG-5΄. Βρες τους φωσφοδιεστερικούς δεσμούς και τους δεσμούς υδρογόνου του γονιδίου.

12. Η κωδική αλυσίδα βακτηριακού γονιδίου είναι 3΄-CTGCAAGTCGGTTTGCCAAAGTAATGC-5΄. Βρες τα tRNA της μετάφρασης και το μήκος της 5΄ και της 3΄ αμετάφραστης περιοχής του mRNA.

13. Σε ένα οργανίδιο, το νουκλεϊκό οξύ αποτελείται από 6 διαφορετικά μονομερή και οι πρωτεΐνες από τα 20 γνωστά αμινοξέα. Πρέπει ο κώδικάς του να είναι τριάδας; Πόσα το πολύ διαφορετικά tRNA μπορεί να έχει; Μπορεί να μεταφράσει mRNA του κυτταροπλάσματος;

14. Τα εξώνια ενός γονιδίου είναι 600 ζεύγη βάσεων και οι 5΄ και 3΄ αμετάφραστες περιοχές έχουν συνολικά 36 βάσεις. Πόσα αμινοξέα έχει το πρωτεϊνικό προϊόν;

15. Σε ζωικό οργανισμό, η σύσταση σε C+G ενός rRNA ήταν 40%, ενώ του γονιδίου που το κωδικοποιεί 62%. Εξήγησε τη διαφορά.

16. Σε βακτήριο παράγεται πρωτεΐνη 3.600 αμινοξέων από 3 ίδιες αλυσίδες. Η κωδική περιοχή αποτελεί το 50% του mRNA. Από πόσα νουκλεοτίδια αποτελείται το τμήμα DNA που την κωδικοποιεί;

17. Το πρόδρομο mRNA ενός ευκαρυωτικού γονιδίου έχει 900 νουκλεοτίδια. Οι αμετάφραστες περιοχές έχουν συνολικά 30. Η αλυσίδα που προκύπτει έχει 250 αμινοξέα. Πόσα νουκλεοτίδια ανήκουν στα εσώνια;

18. Σε mRNA με 160 κωδικόνια (μαζί με το κωδικόνιο λήξης) βρίσκονται ταυτόχρονα 4 ριβοσώματα. Κάποια στιγμή αποσπώνται ταυτόχρονα το 100ό tRNA από το 1ο, το 75ο από το 2ο, το 50ό από το 3ο και το 12ο από το 4ο ριβόσωμα. Βρες: α) τα αμινοξέα που έχουν χρησιμοποιηθεί, β) τους πεπτιδικούς δεσμούς της αλυσίδας του 1ου ριβοσώματος, γ) τα tRNA που χρειάζεται ακόμη το 4ο ριβόσωμα.

19. Από τη μετάφραση ενός mRNA προκύπτουν τρία διαφορετικά πολυπεπτίδια με 95, 60 και 81 αμινοξέα. α) Σε τι κύτταρο και από ποιο τμήμα του γονιδιώματος προέρχεται το mRNA; β) Ποιο είναι το ελάχιστο μήκος του;

20. Πρωτεΐνη τριτοταγούς δομής χάνει κατά την τροποποίησή της 12 αμινοξέα από το αμινικό άκρο. Η τροποποιημένη πρωτεΐνη έχει MB 132.000 και το μέσο MB αμινοξέος είναι 110. Βρες τα νουκλεοτίδια του γονιδίου.

21. Η κωδική αλυσίδα ενός γονιδίου έχει 22% A, 28% T, 18% G. Βρες τη σύσταση του RNA.

22. Σε κάθε αλυσίδα ενός γονιδίου ο αριθμός των A είναι ίσος με τον αριθμό των C, και οι δύο αλυσίδες έχουν τον ίδιο αριθμό A. Το RNA του γονιδίου έχει 120 νουκλεοτίδια με U. Βρες τη σύσταση του γονιδίου και του RNA.

23. Μια πρωτεΐνη έχει δύο αλυσίδες, η μία με διπλάσια αμινοξέα από την άλλη. Το πλαίσιο ανάγνωσης της μεγάλης έχει 135 νουκλεοτίδια περισσότερα από της μικρής. Βρες τα αμινοξέα της πρωτεΐνης (χωρίς τροποποιήσεις).

24. Ένα πλασμίδιο έχει 12.000 ζεύγη βάσεων και συνολικά 5.000 C. α) Πόσα μόρια νερού παράγονται κατά τη σύνθεσή του; β) Πόσοι δεσμοί υδρογόνου; γ) Αν το 15% του αποτελείται από γονίδια, ποιο είναι το συνολικό μήκος των mRNA του;

25. Δίνεται mRNA: 5΄-GAUCAUGGCUUUCAGAGGAUGACCUA-3΄. Βρες το γονίδιο και τα αντικωδικόνια των tRNA.

26. Γονίδιο 1.800 ζευγών βάσεων έχει δύο εσώνια των 150 βάσεων. Πόσα αμινοξέα κωδικοποιεί;

27. Γονίδιο 9.000 ζευγών βάσεων έχει δύο εσώνια των 2.400 ζευγών. Στο ώριμο mRNA η 5΄ αμετάφραστη περιοχή έχει 250 βάσεις και η 3΄ 200. Πόσα αμινοξέα έχει η αλυσίδα;

28. Πρωτεΐνη με δύο αλυσίδες, 120 και 90 αμινοξέων (και οι δύο αρχίζουν με μεθειονίνη). Ποιος είναι ο ελάχιστος αριθμός βάσεων DNA που την κωδικοποιεί;

29. Πόσα κωδικόνια μπορούν να σχηματιστούν από A, U, C, G που περιέχουν: α) ακριβώς δύο G, β) καμία A, γ) τουλάχιστον μία U;

30. Η κωδική αλυσίδα τμήματος DNA είναι 5΄-AGCTTACGGATCAATGCA-3΄. Βρες τους δεσμούς υδρογόνου και τους φωσφοδιεστερικούς δεσμούς του τμήματος.

31. Το πλαίσιο ανάγνωσης ενός mRNA είναι 3΄-GAU-ACU-UGG-AAA-UCC-GUA-5΄. Βρες τους δεσμούς υδρογόνου του γονιδίου.

32. mRNA 125 νουκλεοτιδίων. Πόσα αμινοξέα μπορεί να έχει η αλυσίδα που κωδικοποιεί;

33. Πολυπεπτίδιο 150 αμινοξέων. Από πόσα τουλάχιστον νουκλεοτίδια αποτελείται το mRNA του;

34. Δίνεται τμήμα μιας αλυσίδας DNA: …AAATTCTAACTTGGGTCCGACATAGTTT…
α) Γράψε τη συμπληρωματική και βρες τους δεσμούς υδρογόνου. β) Γράψε το mRNA. γ) Γράψε τα αντικωδικόνια. δ) Πόσα αμινοξέα κωδικοποιούνται; ε) Πού γίνονται αυτές οι διαδικασίες;

35. Ένα δίκλωνο DNA έχει 8.000 άτομα φωσφόρου (φυσιολογικού). Μεταφέρεται σε περιβάλλον με ραδιενεργό ^{32}P και αντιγράφεται. Πόσα άτομα ^{32}P θα υπάρχουν μετά την 1η και μετά την 4η αντιγραφή;

36. Κατά την αντιγραφή ενός τμήματος DNA, οι ελικάσες σπάνε 170 δεσμούς υδρογόνου και η DNA πολυμεράση ενσωματώνει 140 νουκλεοτίδια στις δύο νέες αλυσίδες. Πόσα από αυτά έχουν κάθε βάση;

7 Λύσεις

Πολλαπλής επιλογής

1. **γ.** Το mRNA μεταφέρει την πληροφορία του γονιδίου στα ριβοσώματα.
2. **α.** Ο πεπτιδικός είναι ομοιοπολικός δεσμός ανάμεσα σε διαδοχικά αμινοξέα.
3. **α.** Ξεκινά κοντά στο 5΄ άκρο, στο AUG, και προχωρά προς το 3΄.
4. **γ.** Είναι πρωτεΐνες, όχι αλληλουχίες DNA, και αφορούν τη μεταγραφή.
5. **β.** Η μεγάλη υπομονάδα έρχεται μετά τον σχηματισμό του συμπλόκου έναρξης.
6. **γ.** Το πριμόσωμα συνθέτει μικρά τμήματα RNA στις θέσεις έναρξης.

Σωστό ή λάθος

1. **Λ.** Είναι ημισυντηρητικός.
2. **Σ.** Ενώνει τα νέα νουκλεοτίδια μεταξύ τους.
3. **Λ.** Είναι ένζυμο, άρα πρωτεΐνη από αμινοξέα.
4. **Λ.** Η σύνθεση γίνεται πάντα 5΄→3΄.
5. **Λ.** Σπάνε τους δεσμούς υδρογόνου ανάμεσα στις βάσεις.
6. **Σ.** Μιτοχόνδρια και χλωροπλάστες: έχουν DNA και ριβοσώματα.
7. **Λ.** Υπάρχει στους ρετροϊούς.
8. **Σ.** Τα προκαρυωτικά δεν κάνουν ωρίμανση.
9. **Σ.** Όπως σε κάθε δίκλωνο DNA.
10. **Σ.** Όπου υπάρχει DNA που μεταγράφεται.
11. **Σ.** Μιλάμε για κωδικόνια της κωδικής αλυσίδας.
12. **Λ.** Υπάρχουν και σε ορισμένους ιούς.
13. **Λ.** Στα οπερόνια ένας υποκινητής εξυπηρετεί πολλά δομικά γονίδια.
14. **Λ.** Είναι πρωτεΐνη, άρα συντίθεται στα ριβοσώματα του κυτταροπλάσματος.
15. **Λ.** Ενώνονται κατά την έναρξη και αποχωρίζονται στη λήξη.
16. **Σ.**
17. **Λ.** Ένα ριβόσωμα μεταφράζει ένα mRNA. Ένα mRNA όμως μπορεί να έχει πολλά ριβοσώματα (πολύσωμα).
18. **Λ.** Αφορούν το RNA, όχι το DNA.

Θεωρία: Αντιγραφή

1. Κάθε αλυσίδα της διπλής έλικας λειτουργεί ως καλούπι για τη σύνθεση μιας νέας συμπληρωματικής. Έτσι κάθε θυγατρικό μόριο αποτελείται από μία παλιά (μητρική) και μία νέα αλυσίδα.
2. Το γενετικό υλικό του είναι μικρό, απλούστερα οργανωμένο (χωρίς πολλά επίπεδα πακεταρίσματος) και δεν υπάρχει πυρηνική μεμβράνη.
3. DNA ελικάσες, πριμόσωμα, DNA πολυμεράσες, DNA δεσμάση και επιδιορθωτικά ένζυμα.
4. Σύμπλοκο πολλών ενζύμων που συνθέτει στις θέσεις έναρξης μικρά τμήματα RNA, τα πρωταρχικά τμήματα. Τα χρειάζονται οι DNA πολυμεράσες, που δεν μπορούν να αρχίσουν μόνες τους μια νέα αλυσίδα.
5. Επιμηκύνουν τα πρωταρχικά τμήματα με δεοξυριβονουκλεοτίδια, διορθώνουν λάθη ζευγαρώματος και απομακρύνουν τα πρωταρχικά τμήματα RNA, αντικαθιστώντας τα με DNA.
6. Πρώτα οι DNA πολυμεράσες αναγνωρίζουν και αντικαθιστούν λάθος νουκλεοτίδια. Ό,τι ξεφύγει το διορθώνουν σε μεγάλο ποσοστό τα επιδιορθωτικά ένζυμα. Έτσι τα λάθη περιορίζονται περίπου σε 1 στα 10^{10} νουκλεοτίδια.

7. Οι DNA πολυμεράσες συνθέτουν μόνο 5΄→3΄ και οι δύο μητρικές αλυσίδες είναι αντιπαράλληλες. Στη μία η σύνθεση προχωρά προς το άνοιγμα της έλικας και είναι συνεχής. Στην άλλη γίνεται αντίθετα, σε μικρά κομμάτια που το καθένα ξεκινά με δικό του πρωταρχικό τμήμα.
8. Ενώνει με φωσφοδιεστερικό δεσμό τα κομμάτια της ασυνεχούς αλυσίδας.
9. Στην αντιγραφή, με τις DNA ελικάσες, σε πολλά σημεία ταυτόχρονα. Στη μεταγραφή, με την RNA πολυμεράση, μόνο στην περιοχή του γονιδίου.
10. DNA πολυμεράσες και DNA δεσμάση (αντιγραφή), πριμόσωμα (πρωταρχικά τμήματα), RNA πολυμεράσες (μεταγραφή), αντίστροφη μεταγραφάση (ρετροϊοί).

Θεωρία: Μεταγραφή και ωρίμανση

1. Αλληλουχία DNA μπροστά από ένα γονίδιο (ή από τα δομικά γονίδια ενός οπερονίου), όπου προσδένεται η RNA πολυμεράση, με τη βοήθεια μεταγραφικών παραγόντων, για να αρχίσει η μεταγραφή.
2. Ο υποκινητής, οι μεταγραφικοί παράγοντες και οι αλληλουχίες λήξης της μεταγραφής. Η σωστή αλληλουχία εξασφαλίζεται από τη συμπληρωματικότητα με τη μη κωδική αλυσίδα.
3. Σε γονίδια που μεταγράφονται σε mRNA και μεταφράζονται σε πρωτεΐνες, και σε γονίδια που μεταγράφονται σε tRNA, rRNA ή snRNA, που δεν μεταφράζονται.
4. mRNA: μεταφέρει την πληροφορία στα ριβοσώματα. tRNA: μεταφέρει τα αμινοξέα. rRNA: δομικό συστατικό των ριβοσωμάτων. snRNA: μαζί με πρωτεΐνες καταλύει την ωρίμανση (μόνο ευκαρυωτικά).
5. Το rRNA στα ριβοσώματα και το snRNA στα ριβονουκλεοπρωτεϊνικά σωματίδια της ωρίμανσης.
6. Ποια γονίδια θα εκφραστούν, σε ποιους ιστούς και σε ποια στάδια ανάπτυξης.
7. Όχι. Λόγω της κυτταρικής διαφοροποίησης κάθε κυτταρικός τύπος εκφράζει μόνο ορισμένα γονίδια, παρόλο που έχει όλα τα γονίδια του οργανισμού.
8. Δεν υπάρχει πυρηνική μεμβράνη και το mRNA δεν χρειάζεται ωρίμανση. Επειδή συντίθεται 5΄→3΄, το 5΄ άκρο του είναι ελεύθερο και μπορεί να προσδεθεί αμέσως σε ριβόσωμα.
9. Γονίδια που περιέχουν εσώνια ανάμεσα στα εξώνια. Υπάρχουν στους ευκαρυωτικούς οργανισμούς και σε ορισμένους ιούς.
10. Στον πυρήνα, μικρά ριβονουκλεοπρωτεϊνικά σωματίδια (snRNA και πρωτεΐνες) κόβουν τα εσώνια του πρόδρομου mRNA και συρράπτουν τα εξώνια. Προκύπτει το ώριμο mRNA, που βγαίνει στο κυτταρόπλασμα.
11. Η 5΄ και η 3΄ αμετάφραστη περιοχή στα άκρα του, καθώς και το κωδικόνιο λήξης, που δεν κωδικοποιεί αμινοξύ.
12. Δεν μεταγράφονται: αλληλουχίες ανάμεσα στα γονίδια, ρυθμιστικές περιοχές όπως οι υποκινητές, και γονίδια που δεν εκφράζονται στο κύτταρο. Μεταγράφονται αλλά δεν μεταφράζονται: εσώνια, αμετάφραστες περιοχές και τα γονίδια tRNA, rRNA, snRNA.

Θεωρία: Γενετικός κώδικας και μετάφραση

1. Κώδικας τριπλέτας, συνεχής, μη επικαλυπτόμενος, σχεδόν καθολικός, εκφυλισμένος, με κωδικόνιο έναρξης (AUG) και τρία κωδικόνια λήξης (UAA, UAG, UGA).
2. Με 4 βάσεις, οι δυάδες δίνουν μόνο $4^2 = 16$ συνδυασμούς, λιγότερους από τα 20 αμινοξέα και τα σήματα λήξης. Οι τριάδες δίνουν $4^3 = 64$.
3. Διαφορετικά κωδικόνια για το ίδιο αμινοξύ. Είναι σημαντικά, γιατί μια αλλαγή βάσης σε συνώνυμο κωδικόνιο δεν αλλάζει την πρωτεΐνη.
4. Ο κώδικας αντιστοιχίζει τα κωδικόνια του mRNA σε αμινοξέα. Δεν μεταφράζεται το DNA αλλά το mRNA.
5. Μεταφέρει τα αμινοξέα στο ριβόσωμα. Συνδέεται με ένα συγκεκριμένο αμινοξύ και, με το αντικωδικόνιό του, με το συμπληρωματικό κωδικόνιο του mRNA.
6. Το mRNA προσδένεται με το 5΄ άκρο του στη μικρή υπομονάδα του ριβοσώματος. Στο AUG προσδένεται το tRNA που φέρει μεθειονίνη. Συμμετέχουν mRNA, tRNA και rRNA (της μικρής υπομονάδας).
7. Σηματοδοτούν το τέλος της μετάφρασης και την απελευθέρωση της πολυπεπτιδικής αλυσίδας, αφού δεν αντιστοιχεί σε αυτά tRNA.

8. Μετά τη μετάφραση πολλές πρωτεΐνες τροποποιούνται: αφαιρούνται αμινοξέα από το αρχικό αμινικό άκρο, μαζί με τη μεθειονίνη.
9. Με το πολύσωμα (πολλά ριβοσώματα στο ίδιο mRNA) και με τη μεταγραφή του γονιδίου πολλές φορές, ώστε να υπάρχουν πολλά αντίγραφα του mRNA.
10. Ναι. Επειδή ο γενετικός κώδικας είναι σχεδόν καθολικός, θα προκύψει η ίδια πολυπεπτιδική αλυσίδα.
11. Ναι. Το ώριμο mRNA δεν έχει εσώνια, και ο κώδικας είναι σχεδόν καθολικός.
12. Όχι. Λόγω των συνώνυμων κωδικονίων, η ίδια αλληλουχία αμινοξέων μπορεί να κωδικοποιείται από διαφορετικές αλληλουχίες βάσεων.
13. Το γονίδιο περιέχει εσώνια και αμετάφραστες περιοχές, το κωδικόνιο λήξης δεν κωδικοποιεί αμινοξύ, και μετά τη μετάφραση μπορεί να αφαιρεθούν αμινοξέα.
14. Ο γενετικός κώδικας είναι σχεδόν καθολικός, οπότε το βακτήριο μεταφράζει σωστά την ανθρώπινη πληροφορία, αρκεί να του δοθεί χωρίς εσώνια.

Θεωρία: Ρύθμιση της γονιδιακής έκφρασης

1. Στην προσαρμογή στις αλλαγές του περιβάλλοντος, ώστε να εξασφαλίζονται οι καλύτερες συνθήκες για αύξηση και διαίρεση. Π.χ. τα ένζυμα της λακτόζης παράγονται μόνο όταν υπάρχει λακτόζη.
2. Υποκινητή, χειριστή και τρία δομικά γονίδια, για β-γαλακτοζιδάση, περμεάση και τρανσακετυλάση. Μπροστά υπάρχει ρυθμιστικό γονίδιο για τον καταστολέα. Τα τρία γονίδια δίνουν ένα mRNA και τρία ένζυμα.
3. Ο καταστολέας, που παράγεται συνεχώς από το ρυθμιστικό γονίδιο, δένεται ισχυρά στον χειριστή και εμποδίζει την RNA πολυμεράση να μεταγράψει τα δομικά γονίδια.
4. Στην καταστολή (χωρίς λακτόζη) ο καταστολέας κάθεται στον χειριστή και δεν γίνεται μεταγραφή. Στην επαγωγή η λακτόζη δεσμεύει τον καταστολέα, αυτός αποκολλάται, και η RNA πολυμεράση μεταγράφει. Τα ένζυμα διασπούν τη λακτόζη σε γλυκόζη και γαλακτόζη.
5. Σε τέσσερα: στη μεταγραφή, μετά τη μεταγραφή, στη μετάφραση και μετά τη μετάφραση.
6. Η εξειδίκευση των κυττάρων στα αρχικά στάδια της εμβρυογένεσης, ώστε να εκτελούν διαφορετικές λειτουργίες. Δεν συμβαίνει στους μονοκύτταρους οργανισμούς.
7. Ναι. Όλα τα σωματικά κύτταρα έχουν τα ίδια γονίδια, αφού προέρχονται από το ζυγωτό με μιτώσεις. Το νευρικό κύτταρο απλώς δεν εκφράζει αυτό το γονίδιο.
8. Έχουν τα ίδια γονίδια αλλά, λόγω διαφοροποίησης, εκφράζουν διαφορετικά. Κοινές είναι οι πρωτεΐνες βασικών λειτουργιών: DNA και RNA πολυμεράσες, ελικάσες, δεσμάση, επιδιορθωτικά ένζυμα, πρωτεΐνες ριβοσωμάτων, ιστόνες, ένζυμα της κυτταρικής αναπνοής.

Ασκήσεις

1. α) Στο δίκλωνο γονίδιο: ζεύγη A–T 12, ζεύγη G–C 12. Δεσμοί H = 2·12 + 3·12 = **60**.
   β) Το mRNA είναι ίδιο με την κωδική, με U αντί T: `5′-AUG-GCA-UUC-AGG-CCU-GAA-UGG-UAG-3′`.
   γ) 8 κωδικόνια, το τελευταίο (UAG) λήξης: 7 αμινοξέα, άρα **6** πεπτιδικοί δεσμοί.
2. Το DNA είναι δίκλωνο: 2.400 νουκλεοτίδια = 1.200 ζεύγη. Μεταγράφεται μία αλυσίδα, άρα το mRNA έχει 1.200 νουκλεοτίδια = **400 κωδικόνια**. Χωρίς το κωδικόνιο λήξης: **399 αμινοξέα** (θεωρούμε ότι δεν υπάρχουν αμετάφραστες περιοχές).
3. Το γονίδιο έχει 2·12.000 = 24.000 νουκλεοτίδια: 2A + 2G = 24.000 και 2A + 3G = 32.000. Αφαιρώντας: **G = C = 8.000** και **A = T = 4.000**. Τα ποσοστά του RNA δεν χρειάζονται, αφού αφορούν μόνο τη μία αλυσίδα.
4. Κωδική είναι η αλυσίδα που, διαβασμένη 5′→3′, έχει ATG και, σε ακέραιο αριθμό τριάδων μετά, κωδικόνιο λήξης: η κάτω.
   α) `5′-AUGGGUCCAAAGCUUACGGAUUGCUAA-3′`
   β) 3′-UAC-5′, 3′-CCA-5′, 3′-GGU-5′, 3′-UUC-5′, 3′-GAA-5′, 3′-UGC-5′, 3′-CUA-5′, 3′-ACG-5′
   γ) A–T: 15, G–C: 12, άρα 2·15 + 3·12 = **66**.

δ) 27 νουκλεοτίδια, γραμμικό: **26**.
ε) 9 κωδικόνια − 1 λήξης = **8** αμινοξέα.

5. Κωδικόνια mRNA: AUG CCA GAA UGC UUU. Κωδική αλυσίδα: ATG CCA GAA TGC TTT. Στο δίκλωνο τμήμα: **A = T = 9, G = C = 6**. Δεσμοί H = 2·9 + 3·6 = **36**. Δεν προσθέτουμε κωδικόνιο λήξης, γιατί πρόκειται για τμήμα.
6. 118 δεσμοί → 119 αμινοξέα → 120 κωδικόνια (με λήξη) → 360 νουκλεοτίδια mRNA → 720 νουκλεοτίδια γονιδίου (χωρίς αμετάφραστες περιοχές και εσώνια).
   2A + 2G = 720 και 2A + 3G = 950 → **G = C = 230**, **A = T = 130**.
7. Τα κωδικόνια λήξης στο DNA (TAA, TAG, TGA) αποτελούνται κυρίως από A και T. Σε τόσο πλούσια σε A–T αλληλουχία εμφανίζονται πολύ συχνά, οπότε η μετάφραση σταματά νωρίς. Π.χ. η πιθανότητα για TAA είναι $0{,}46^3 \approx 10\%$, ενώ για ATG μόλις $0{,}46 \cdot 0{,}46 \cdot 0{,}04 \approx 0{,}8\%$.
8. α) 9.000 βάσεις: A = T = 2.700, G = C = 1.800. Δεσμοί H = 2·2.700 + 3·1.800 = **10.800**.
   β) Μεταγράφεται μία αλυσίδα: mRNA έως 4.500 νουκλεοτίδια = 1.500 κωδικόνια, άρα το πολύ **1.499** αμινοξέα.
9. Κωδικόνια συνολικά: 1.026/3 = 342. Αν η Χ έχει x κωδικόνια, η Ψ έχει x + 8: 2x + 8 = 342 → x = 167. Άρα **Χ: 166** και **Ψ: 174** αμινοξέα. Πρωτεΐνη: 2·166 + 2·174 = **680**.
10. Η αντίστροφη μεταγραφάση φτιάχνει μονόκλωνο DNA (5.000) και μετά τη συμπληρωματική του (5.000): **10.000 νουκλεοτίδια**.
    Δεσμοί στο δίκλωνο DNA του ιού: 2·(5.000 − 1) = 9.998. Για την ενσωμάτωση, κάθε άκρο κάθε αλυσίδας ενώνεται με το DNA του κυττάρου: 4 δεσμοί. Σύνολο **10.002**.
11. Κωδικόνια: AUG CCU AAA GUC και ένα κωδικόνιο λήξης. Το γονίδιο (τουλάχιστον) έχει 5 τριάδες = 15 ζεύγη = 30 νουκλεοτίδια. Φωσφοδιεστερικοί: 30 − 2 = **28**.
    Δεσμοί H: με TAA **35**, με TAG ή TGA **36**, γιατί δεν ξέρουμε ποιο κωδικόνιο λήξης υπάρχει.
12. Γραμμένη 5′→3′: `CGTAATGAAACCGTTTGGCTGAACGTC`. mRNA: `5′-CGUA·AUG·AAA·CCG·UUU·GGC·UGA·ACGUC-3′`.
    Αντικωδικόνια: 3′-UAC-5′, 3′-UUU-5′, 3′-GGC-5′, 3′-AAA-5′, 3′-CCG-5′.
    5′ αμετάφραστη: **4** νουκλεοτίδια, 3′ αμετάφραστη: **5**.
13. Αρκεί κώδικας δυάδας: $6^2 = 36$ συνδυασμοί, αρκετοί για 20 αμινοξέα και σήματα λήξης. Χρειάζεται τουλάχιστον ένα κωδικόνιο λήξης, οπότε το πολύ **35** tRNA. mRNA του κυτταροπλάσματος **δεν** μπορεί να μεταφραστεί σωστά: έχει άλλα μονομερή και διαβάζεται ανά τρία.
14. Ώριμο mRNA = 600 νουκλεοτίδια (τα εξώνια μιας αλυσίδας). Πλαίσιο ανάγνωσης: 600 − 36 = 564 = 188 κωδικόνια → **187 αμινοξέα** κατά τη σύνθεση.
15. Το ποσοστό C+G είναι ίδιο στις δύο αλυσίδες ενός DNA και στο RNA που μεταγράφεται από αυτό. Η διαφορά οφείλεται στο ότι το γονίδιο περιλαμβάνει και αλληλουχίες που δεν υπάρχουν στο ώριμο rRNA: ρυθμιστικές περιοχές όπως ο υποκινητής, αλληλουχίες λήξης της μεταγραφής και τμήματα που αφαιρούνται κατά την επεξεργασία του πρόδρομου μορίου. Αυτά είναι πλούσια σε C+G.
16. Κάθε αλυσίδα: 1.200 αμινοξέα → 1.201 κωδικόνια → 3.603 νουκλεοτίδια. Αυτά είναι το 50%, άρα mRNA = 7.206. Το γονίδιο είναι δίκλωνο: **14.412** νουκλεοτίδια. Οι 3 αλυσίδες είναι ίδιες, άρα κωδικοποιούνται από το ίδιο γονίδιο.
17. 250 αμινοξέα → 251 κωδικόνια → 753 νουκλεοτίδια. Ώριμο mRNA = 753 + 30 = 783. Εσώνια = 900 − 783 = **117** νουκλεοτίδια.
18. Όταν αποσπάται το ν-οστό tRNA, η αλυσίδα έχει ήδη ν + 1 αμινοξέα (κρέμεται από το επόμενο tRNA).
    α) 101 + 76 + 51 + 13 = **241**.
    β) 101 αμινοξέα → **100** δεσμοί.
    γ) Η αλυσίδα θα έχει 159 αμινοξέα. Έχουν έρθει 13, άρα χρειάζονται ακόμη **146** tRNA.
19. α) Ένα mRNA για πολλές πρωτεΐνες σημαίνει οπερόνιο, άρα **προκαρυωτικό** κύτταρο. Προέρχεται από τα δομικά γονίδια ενός οπερονίου.
    β) (96 + 61 + 82) κωδικόνια = 239 → **717 νουκλεοτίδια** (χωρίς αμετάφραστες περιοχές και ενδιάμεσες αλληλουχίες).
20. Τροποποιημένη: 132.000/110 = 1.200 αμινοξέα. Αρχικά: 1.212 → 1.213 κωδικόνια → 3.639 νουκλεοτίδια mRNA. Γονίδιο δίκλωνο: τουλάχιστον **7.278** νουκλεοτίδια (χωρίς αμετάφραστες περιοχές και εσώνια).
21. Στην κωδική C = 100 − 68 = 32%. Το RNA είναι ίδιο με την κωδική (U αντί T): **A 22%, U 28%, G 18%, C 32%**.
22. Τα U του RNA αντιστοιχούν στα A της μη κωδικής: $A_{μκ} = 120$, άρα και $A_{κ} = 120$. Τότε $T_{μκ} = T_{κ} = 120$ και $C_{κ} = C_{μκ} = 120$, $G_{κ} = G_{μκ} = 120$. Κάθε αλυσίδα έχει 120 από κάθε βάση. Γονίδιο: **A = T = G = C = 240**. RNA: **120 από κάθε βάση** (25%).

23. Μικρή: y αμινοξέα, (y + 1)·3 νουκλεοτίδια. Μεγάλη: 2y, (2y + 1)·3. Διαφορά: 3y = 135 → y = 45. Πρωτεΐνη: 45 + 90 = **135** αμινοξέα.

24. α) Κυκλικό, 24.000 νουκλεοτίδια: **24.000**.
    β) G = C = 5.000, A = T = 7.000: 2·7.000 + 3·5.000 = **29.000**.
    γ) Γονίδια: 0,15·12.000 = 1.800 ζεύγη. Από κάθε γονίδιο μεταγράφεται μία αλυσίδα: **1.800 νουκλεοτίδια**.

25. Κωδική: `5′-GATCATGGCTTTCAGAGGATGACCTA-3′`, μη κωδική: `3′-CTAGTACCGAAAGTCTCCTACTGGAT-5′`.
    Το πλαίσιο αρχίζει στο πρώτο AUG: AUG GCU UUC AGA GGA UGA. Αντικωδικόνια: 3′-UAC-5′, 3′-CGA-5′, 3′-AAG-5′, 3′-UCU-5′, 3′-CCU-5′.

26. Ώριμο mRNA: 1.800 − 300 = 1.500 νουκλεοτίδια = 500 κωδικόνια → **499** αμινοξέα (χωρίς αμετάφραστες περιοχές).

27. Ώριμο: 9.000 − 4.800 = 4.200. Πλαίσιο: 4.200 − 450 = 3.750 = 1.250 κωδικόνια → **1.249** αμινοξέα.

28. (121 + 91)·3 = 636 νουκλεοτίδια mRNA → τουλάχιστον **1.272** βάσεις DNA.

29. α) Θέσεις για τα δύο G: 3 τρόποι, η τρίτη θέση έχει 3 επιλογές: **9**. β) 3^3 = **27**. γ) 64 − 27 (χωρίς U) = **37**.

30. A+T στην κωδική: 10, G+C: 8. Δεσμοί H = 2·10 + 3·8 = **44**. 18 ζεύγη = 36 νουκλεοτίδια, γραμμικό: **34**.

31. Γραμμένο 5′→3′: AUG CCU AAA GGU UCA UAG. Στην κωδική: A+T = 11, G+C = 7. Δεσμοί H = 2·11 + 3·7 = **43**.

32. Χρειάζεται τουλάχιστον AUG και κωδικόνιο λήξης: ελάχιστο **1** αμινοξύ. Το πολύ 125/3 → 41 κωδικόνια (123 νουκλεοτίδια, 2 περισσεύουν σε αμετάφραστη περιοχή), άρα έως **40** αμινοξέα.

33. 150 + 1 λήξης = 151 κωδικόνια → **453** νουκλεοτίδια. «Τουλάχιστον», γιατί μπορεί να έχει και αμετάφραστες περιοχές.

34. α) Συμπληρωματική: …TTTAAGATTGAACCCAGGCTGTATCAAA…, δεσμοί H = **66**.
    Η δοσμένη αλυσίδα δεν έχει ATG ακολουθούμενο από λήξη σε σωστό πλαίσιο. Η συμπληρωματική, διαβασμένη 5′→3′ (από δεξιά προς αριστερά), έχει: `AAACTATGTCGGACCCAAGTTAGAATTT`, άρα αυτή είναι η κωδική.
    β) `5′-AAACUAUGUCGGACCCAAGUUAGAAUUU-3′`
    γ) 3′-UAC-5′, 3′-AGC-5′, 3′-CUG-5′, 3′-GGU-5′, 3′-UCA-5′
    δ) **5** αμινοξέα: μεθειονίνη – σερίνη – ασπαρτικό οξύ – προλίνη – σερίνη.
    ε) Μεταγραφή στον πυρήνα (και σε μιτοχόνδρια ή χλωροπλάστες), μετάφραση στα ριβοσώματα του κυτταροπλάσματος (και των οργανιδίων).

35. Λόγω του ημισυντηρητικού μηχανισμού, οι αρχικές αλυσίδες (8.000 άτομα) διατηρούνται. Μετά από ν αντιγραφές υπάρχουν $2^ν$ μόρια με 8.000·$2^ν$ άτομα P συνολικά.
    1η: 16.000 − 8.000 = **8.000**. 4η: 128.000 − 8.000 = **120.000**.

36. Το τμήμα: 2A + 2G = 140 και 2A + 3G = 170 → G = 30, A = 40. Οι δύο νέες αλυσίδες μαζί έχουν τη σύσταση ενός δίκλωνου τμήματος: **A = T = 40, G = C = 30**.

Σημειώσεις Βιολογίας Προσανατολισμού Γ′ Λυκείου. Κεφάλαιο 2, ασκήσεις.