

ამოცანები ბიოლოგიაში- ცოდნის ტრანსფერი

ავტორი: მარინა სეხნიაშვილი

ბიოლოგიის სწავლების პროცესში მნიშვნელოვან როლს ასრულებს ბიოლოგიური ამოცანების ამოხსნა. ეს მოითხოვს თეორიულ ცოდნაზე დაფუძნებულ ლოგიკურ განსჯას, დაგეგმვას, მოკლე ჩანაწერებისა და გამოთვლების გაკეთებას. ამოცანების ამოხსნა აფართოებს თვალსაწიერს, ავითარებს მეხსიერებას, მეტყველებას, აზროვნებას, ხელს უწყობს ბიოლოგიური თეორიების, კანონზომიერებების, მოვლენების უფრო შეგნებულ ათვისებასა და უკეთ აღქმას.

მოსწავლე მაშინაა წარმატებული და მაშინ აქვს მოქნილი აზროვნება, როცა განსაზღვრულ სიტუაციაში ნასწავლის სხვაგვარ ვითარებაში გამოყენება შეუძლია. ამას უწოდებენ **ცოდნის ტრანსფერს**. ამ თვალსაზრისით განსაკუთრებით მნიშვნელოვანია ისეთ ამოცანებზე მუშაობა, რომლებიც ბიოლოგიაში მიღებული თეორიული ცოდნის ცხოვრებისეულ პრაქტიკასთან დაკავშირებას მოითხოვს. როდესაც მოსწავლე ხედავს მეცნიერების კავშირს ცხოვრებისეულ პრაქტიკასთან, ეს საგანი მისთვის უფრო საინტერესო და გასაგები, მიმზიდველი და ხელმისაწვდომი ხდება.

ბიოლოგიური ამოცანების ამოხსნა შესანიშნავი საშუალებაა მათემატიკასთან, ქიმიასა და ფიზიკასთან საგანთაშორისი კავშირის დასამყარებლად. ბიოლოგიური მოვლენების, პროცესების მთელი წყების ახსნა მოითხოვს გაანგარიშებას, განტოლებების, ქიმიური რეაქციების ტოლობების, ფორმულების, სიმბოლური ნიშნების გამოყენებას. ამრიგად, ბიოლოგიურ ამოცანებზე მუშაობის დროს მოსწავლეები ახდენენ მათემატიკაში, ქიმიასა და ფიზიკაში მიღებული ცოდნის ტრანსფერს. ამიტომ ამოცანების ამოხსნა ბიოლოგიის გაკვეთილებზეც ისეთივე ჩვეულებრივ საქმიანობად შეიძლება იქცეს, როგორცაა მათემატიკის, ფიზიკისა და ქიმიის გაკვეთილებზე.

ამოცანების ამოხსნა როგორც თვითკონტროლისა და კონტროლის საშუალება ეხმარება მოსწავლეს, განსაზღვროს ცოდნისა და უნარების ათვისების ხარისხი და პრაქტიკაში მათი გამოყენების დონე, ხოლო მასწავლებელს – გამოავლინოს მოსწავლეების ცოდნასა და უნარებში არსებული ხარვეზები და შეიმუშაოს მათი აღმოფხვრის ტაქტიკა.

ამოცანების დაგეგმვა და გამოყენება ბიოლოგიის სწავლების ყოველ ეტაპზე შეიძლება. მთავარია, ამას გონივრულად მივუდგეთ: სასურველია, მოსწავლეები ერთი და იმავე თემის გარშემო სხვადასხვა ტიპის ამოცანებზე ვამუშაოთ; ახალი მასალის ახსნის დროს საჭიროა ისეთ ამოცანებზე მუშაობა, რომლებიც მასწავლებელს საშუალებას მისცემს, მოახდინოს შესასწავლი თემის პრაქტიკული გამოყენების ილუსტრირება, ხოლო მოსწავლეებს – უფრო შეგნებულად/გააზრებულად აღიქვან ბიოლოგიის თეორია. რეფლექსიის ეტაპზე კი ამოცანები იმის გამოვლენაში დაგვეხმარება, როგორ გაიგეს და აითვისეს მოსწავლეებმა ახალი მასალა. შინ ამოცანების ამოხსნა მოზარდს დამოუკიდებელ მუშაობას აჩვევს.

განსაკუთრებული მნიშვნელობა ენიჭება ამოცანების ამოხსნას სასწავლო მასალის გამეორებისა და განზოგადების, შეჯამების დროს.

ამოცანების ტიპები უჯრედის ბიოქიმიაში

ამოცანები, რომლებიც უჯრედის ბიოქიმიას ეხება, შეიძლება დავეყოს ხუთ ძირითად ტიპად. პირველი ტიპი დაკავშირებულია დნმ-ს აგებულებასა და თვისებებთან. მეორე ტიპისაა ამოცანები, რომლებიც მოითხოვს ცოდნას მატრიცული სინთეზის რეაქციების შესახებ. მესამე ტიპი ეფუძნება ცოდნას მიტოზისა და მეიოზის პროცესებში უჯრედის გენეტიკური ნაკრების ცვლილების შესახებ. მეოთხე ტიპი ფოტოსინთეზის შესახებ ცოდნას მოითხოვს, მეხუთე კი – ეუკარიოტულ უჯრედებში მიმდინარე დისიმილაციის პროცესის შესახებ ცოდნას.

გთავაზობთ ხუთივე ტიპის ამოცანების მაგალითებს და მათ ამოხსნას. პირველ სტატიაში განვიხილავთ ამოცანების პირველ ორ ტიპს, ხოლო მომდევნოში – დანარჩენ სამს.

დანართში მოცემულია გენეტიკური კოდის ცხრილი, რომელიც საჭიროა ამოცანების ამოსახსნელად.

პირველი ტიპის ამოცანები აფასებს მოსწავლეების ცოდნას დნმ-ს აგებულებისა და თვისებების შესახებ, დნმ-ს მოლეკულის მოდელის შექმნისა და გამოყენების უნარებს.

ძირითადი ინფორმაცია:

- დნმ-ს მოლეკულაში 4 სახეობის ნუკლეოტიდია: ა(ადენინი), თ(თიმინი), გ(გუანინი) და ც(ციტოზინი).

- 1953 წელს უოტსონმა და კრიკმა აღმოაჩინეს, რომ დნმ-ს მოლეკულა ორი სპირალური ჯაჭვისგან შედგება.

ჯაჭვები ერთმანეთის კომპლემენტარულია: ერთ ჯაჭვში არსებული ადენინის პირდაპირ მეორე ჯაჭვში ყოველთვის თიმინია და პირიქით (ა-თ და თ-ა); ერთ ჯაჭვში არსებული ციტოზინის პირდაპირ მეორე ჯაჭვში ყოველთვის გუანინია და პირიქით (ც-გ და გ-ც).

- დნმ-ში ადენინის რაოდენობა თიმინისას უდრის, ხოლო ციტოზინის რაოდენობა - გუანინისას (ა=თ და გ=ც); ადენინისა და გუანინის რაოდენობა ციტოზინისა და თიმინის რაოდენობის ტოლია (ა+გ = ც+თ) (ჩარგაფის წესი).

1. ცნობილია დნმ-ს შემადგენლობაში ერთ-ერთი ნუკლეოტიდის რაოდენობა და %-ული შემცველობა. უნდა განისაზღვროს სხვა ნუკლეოტიდების რაოდენობა და %-ული შემცველობა.

ამოცანა 1: დნმ-ს მოლეკულის ფრაგმენტი შეიცავს 560 ნუკლეოტიდ თიმიინს(თ), რაც ნუკლეოტიდების საერთო რაოდენობის 28%-ს შეადგენს. განსაზღვრეთ დნმ-ს მოცემულ ფრაგმენტში თითოეული დანარჩენი ნუკლეოტიდის რაოდენობა და %-ული შემცველობა.

ამოხსნა: დნმ-ს მოლეკულაში ადენინის რაოდენობა ყოველთვის თიმიინის რაოდენობის ტოლია. შესაბამისად, დნმ-ს ამ ფრაგმენტში ადენინის რაოდენობაც 560-ია და მისი შემცველობაა 28%. ა-სა და თ-ს საერთო რაოდენობაა 1120, რაც 56%-ს შეადგენს. გ+ც პროცენტული შემცველობაა $100\% - 56\% = 44\%$. გ+ც რაოდენობა აღვნიშნოთ X-ით და შევადგინოთ პროპორცია: $X = (1120 \times 44) / 56 = 880$. აქედან გამომდინარე, გ=440, ც=440.

ამოცანა 2: დნმ-ს მოლეკულა შეიცავს 17% ადენინს. განსაზღვრეთ ამ მოლეკულაში სხვა ნუკლეოტიდების %-ული შემცველობა.

ამოხსნა: ადენინის რაოდენობა თიმიინის რაოდენობის ტოლია, შესაბამისად, ამ მოლეკულაში თიმიინის შემცველობაც 17%-ია. გუანინისა და ციტოზინის წილად მოდის $100\% - 17\% - 17\% = 66\%$. რადგან ციტოზინისა და გუანინის რაოდენობა ერთმანეთის ტოლია, $ც=გ=66\%/2=33\%$.

1. ცნობილია დნმ-ს მოლეკულაში ნუკლეოტიდების რაოდენობა და უნდა განისაზღვროს დნმ-ს ჯაჭვის სიგრძე.

ამოცანა: დნმ-ს ფრაგმენტში ნუკლეოტიდების რაოდენობაა 2000. განსაზღვრეთ დნმ-ს მოცემული ფრაგმენტის სიგრძე.

ამოხსნა: მოცემულ ფრაგმენტში 2000 ნუკლეოტიდია, ე.ი. 1000 ნუკლეოტიდური წყვილი. ნუკლეოტიდების ერთი კომპლემენტარული წყვილის სიგრძეა 0,34 ნმ, ამიტომ დნმ-ს მოცემული ფრაგმენტის სიგრძე იქნება: $1000 \times 0,34\text{ნმ} = 340\text{ნმ}$.

III. ცნობილია დნმ-ს მოლეკულის შეფარდებითი მასა და ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასა. უნდა განისაზღვროს დნმ-ს ამ მოლეკულაში ნუკლეოტიდების რაოდენობა.

ამოცანა: დნმ-ს მოლეკულის შეფარდებითი მასაა 69000, ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასა კი – 345. განსაზღვრეთ ნუკლეოტიდების რაოდენობა დნმ-ს მოლეკულაში.

ამოხსნა: რადგან ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასაა 345, დნმ-ს მოლეკულაში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება: $69000/345 = 200$.

1. ცნობილია დნმ-ს მოლეკულის შეფარდებითი მასა და ერთი კონკრეტული ნუკლეოტიდის შეფარდებითი მასა. უნდა განისაზღვროს დნმ-ს ამ მოლეკულაში თითოეული ნუკლეოტიდის რაოდენობა.

ამოცანა: დნმ-ს მოლეკულაში, რომლის შეფარდებითი მასაა 69000, ნუკლეოტიდ ა-ს წილად მოდის 8625. განსაზღვრეთ თითოეული სახის ნუკლეოტიდის რაოდენობა, თუ ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასა 345-ია.

ამოხსნა: ნუკლეოტიდების საერთო რაოდენობაა $69000 / 345 = 200$. ნუკლეოტიდ ა-ს რაოდენობაა $8625 / 345 = 25$. ვინაიდან ა=თ, ნუკლეოტიდ თ-ს რაოდენობაც 25 იქნება. გ-სა და ც-ს რაოდენობა იქნება $200 - 50 = 150$, ვინაიდან გ=ც, თითოეულის რაოდენობა იქნება $150/2=75$.

1. ცნობილია დნმ-ში რომელიმე არაკომპლემენტარული ნუკლეოტიდების რაოდენობა. უნდა განისაზღვროს დნმ-ს რეპლიკაციისთვის საჭირო თავისუფალი ნუკლეოტიდების რაოდენობა.

ამოცანა: დნმ-ს მოლეკულაში ადენინის რაოდენობაა 560, გუანინისა – 440. განსაზღვრეთ დნმ-ს რეპლიკაციისთვის საჭირო თავისუფალი ნუკლეოტიდების რაოდენობა.

ამოხსნა: ვინაიდან ადენინის რაოდენობა უდრის 560-ს, თიმინიც 560 იქნება; ასევე, ვინაიდან გუანინის რაოდენობა 440-ის ტოლია, ციტოზინიც ამდენივე იქნება. დნმ-ს მოლეკულაში ნუკლეოტიდების საერთო რაოდენობა იქნება $560 + 560 + 440 + 440 = 2000$.

დნმ-ს რეპლიკაცია ნიშნავს დნმ-ს გაორმაგებას, ანუ დნმ-ს ორი იდენტური მოლეკულის მიღებას. დნმ-ს ყოველ ახალ მოლეკულაში ერთი ჯაჭვი საწყისი მოლეკულისაა – დედისეულია, ხოლო მეორე – ახლად სინთეზირებული, შვილეული. ამრიგად, ამ მოლეკულის რეპლიკაციისთვის საჭირო იქნება 2000 თავისუფალი ნუკლეოტიდი.

1. ცნობილია დნმ-ს საწყისი მოლეკულის მასა, უნდა განისაზღვროს რეპლიკაციის პროდუქტის მასა.

ამოცანა: დნმ-ს მაკრომოლეკულას რეპლიკაციამდე აქვს 10 მგ მასა და მისი ორივე ჯაჭვი შეიცავს ფოსფორის ნიშნულ ატომებს. განსაზღვრეთ:

ა) როგორი მასა ექნება რეპლიკაციის პროდუქტს და რატომ?

ბ) დნმ-ს შვილეული მოლეკულების რამდენ და რომელ ჯაჭვებში არ იქნება ფოსფორის ნიშნული ატომები და რატომ?

ამოხსნა:

ა) რეპლიკაციის პროდუქტის მასა იქნება 20მგ, რადგან რეპლიკაციის შედეგად მიიღება დნმ-ს ორი იდენტური შვილეული მოლეკულა.

ბ) ფოსფორის ნიშნული ატომები არ იქნება ორ ჯაჭვში – თითოეული მოლეკულის შვილეულ ჯაჭვში, რადგან დნმ-ს ყოველ ახალ მოლეკულაში ერთი ჯაჭვი საწყისი მოლეკულისაა – დედისეულია, ხოლო მეორე – თავისუფალი ნუკლეოტიდებისგან ახლად სინთეზირებული.

VII. ცნობილია დნმ-ს ფრაგმენტის სიგრძე და უნდა განისაზღვროს ამ ფრაგმენტში ნუკლეოტიდების რაოდენობა.

ამოცანა: დნმ-ს ფრაგმენტის სიგრძე 680 ნმ-ია. განსაზღვრეთ ნუკლეოტიდების რაოდენობა მოცემულ ფრაგმენტში.

ამოხსნა: ცნობილია, რომ დნმ-ში ერთი წყვილი ნუკლეოტიდების სიგრძეა 0,34 ნმ. აქედან გამომდინარე, მოცემულ ფრაგმენტში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება $680/0,34=2000$.

VIII. მოცემულია დნმ-ს ფრაგმენტის ნუკლეოტიდური შემადგენლობა, უნდა განისაზღვროს თითოეული ნუკლეოტიდის %-ული შემცველობა.

ამოცანა: დნმ-ს ერთ-ერთი ჯაჭვის ფრაგმენტის ნუკლეოტიდური შემადგენლობა ასეთია: ცთათათაატაატაატაატაატა. განსაზღვრეთ დნმ-ს ამ ფრაგმენტის ორივე ჯაჭვში თითოეული ნუკლეოტიდის %-ული შემცველობა.

ამოხსნა: ამ ფრაგმენტში ნუკლეოტიდების საერთო რაოდენობაა 20, ე.ი. ორივე ჯაჭვში არის 40. ვიცით, რომ დნმ-ში ყოველთვის $A=T$ და $G=C$. დავითვალოთ მოცემულ ფრაგმენტში T -სა და A -ს რაოდენობა. იგივე რაოდენობა იქნება მეორე ჯაჭვში – $T+A=5+7=12$; ანუ ორივე ჯაჭვში $A+T=12+12=24$. იმისთვის, რომ განვსაზღვროთ $A+T$ -ს პროცენტული შემცველობა, შევადგინოთ პროპორცია: თუ 40 ნუკლეოტიდი შეადგენს 100%-ს, მაშინ 24 ნუკლეოტიდი შეადგენს $X\%$ -ს. $X=24 \times 100/40=60\%$. $A=T=60\%/2=30\%$. $G+C$ %-ული შემცველობა იქნება $100\% - 60\% = 40\%$. $G=C=40\% / 2=20\%$.

მეორე ტიპის ამოცანები მოითხოვს ცოდნას ცილების აგებულების, გენეტიკური კოდის, მატრიცული სინთეზის რეაქციების -ტრანსკრიფციისა და ტრანსლაციის შესახებ, აგრეთვე – გენეტიკური კოდის ცხრილზე მუშაობის, უჯრედში მიმდინარე მატრიცული სინთეზის რეაქციების სადემონსტრაციოდ მარტივი მოდელების შექმნისა და გამოყენების უნარებს.

ძირითადი ინფორმაცია:

- ცილის სინთეზისთვის აუცილებელი ამინმჟავები რიბოსომაში მიაქვს ტ-რნმ-ს.
- ტ-რნმ-ს ყოველი მოლეკულა გადაიტანს მხოლოდ ერთ ამინმჟავას.
- ინფორმაცია ცილის მოლეკულის პირველადი სტრუქტურის შესახებ დაშიფრულია დნმ-ს მოლეკულაში.
- ყოველი ამინმჟავა დაშიფრულია სამი ნუკლეოტიდის თანმიმდევრობით. ნუკლეოტიდების ამ თანმიმდევრობას ტრიპლეტი ანუ კოდონი ეწოდება.
- ტრანსკრიფცია არის დნმ-ს მატრიცაზე ი-რნმ-ს სინთეზის პროცესი.

- ტრანსკრიფცია ხორციელდება კომპლემენტარობის პრინციპით.
- რნმ-ს შემადგენლობაში თიმინის ნაცვლად შედის ურაცილი.
- ანტიკოდონი არის სამი ნუკლეოტიდის თანმიმდევრობა ტ-რნმ-ში, რომელიც ი-რნმ-ს კოდონის ნუკლეოტიდების კომპლემენტარულია.
- დნმ-ს აქტიური ჯაჭვი არის გენის ის ჯაჭვი, რომელზედაც ხდება ტრანსკრიპცია.
- ტ-რნმ-სა და ი-რნმ-ს ნუკლეოტიდები ერთნაირია(ა, უ, გ, ც).
- ანტიკოდონი განსაზღვრავს, რომელ ამინჟავას დაიკავშირებს კონკრეტული ტ-რნმ.
- ტრანსლაცია ცილის ბიოსინთეზის პროცესია.
- ტრანსლაცია მიმდინარეობს რიბოსომის ფუნქციურ ცენტრში, რომელშიც არის ი-რნმ-ს ორი ტრიპლეტი, ანუ 6 ნუკლეოტიდი.
- რიბოსომას არ ახასიათებს სპეციფიკურობა, ანუ შეუძლია „მუშაობა“ ნებისმიერ ი-რნმ-ზე.

1. ცნობილია დნმ-ს ერთ-ერთი ჯაჭვის ფრაგმენტის ნუკლეოტიდური შედგენილობა. მის მიხედვით უნდა აიგოს ი-რნმ და განისაზღვროს შესაბამისი ცილის ამინმჟავური თანმიმდევრობა.

ამოცანა: დნმ-ს ერთ-ერთი ჯაჭვის ფრაგმენტს აქვს ასეთი შემადგენლობა: ააგცთაცგთთგ. ამ ფრაგმენტის მიხედვით ააგეთ ი-რნმ და განსაზღვრეთ ამინმჟავების თანმიმდევრობა შესაბამისი ცილის ფრაგმენტში.

ამოხსნა: კომპლემენტარობის პრინციპით ავაგოთ ი-რნმ-ს ფრაგმენტი და დავყოთ იგი ტრიპლეტებად: უუც – ცგა – უგც – ააუ. გენეტიკური კოდის ცხრილის მიხედვით განვსაზღვრავთ ამინმჟავების თანმიმდევრობას: ფენ – არგ – ცის – ასპ.

1. ცნობილია პოლიპეპტიდში ამინმჟავების თანმიმდევრობა. უნდა განისაზღვროს დნმ-ს შესაბამისი უბანში ნუკლეოტიდების თანმიმდევრობა.

ამოცანა: პოლიპეპტიდური ჯაჭვის უბანს აქვს ასეთი აგებულება: ალანინი-ლიზინი-ვალინი-სერინი. განსაზღვრეთ დნმ-ს შესაბამისი უბანში ნუკლეოტიდების თანმიმდევრობა.

ამოხსნა: გენეტიკური კოდის ცხრილის დახმარებით თავდაპირველად განვსაზღვროთ ნუკლეოტიდების თანმიმდევრობა ი-რნმ-ში (ზოგიერთ ამინმჟავას შეესაბამება რამდენიმე ტრიპლეტი. ამოცანის ამოხსნისას, როგორც წესი, მიეთითება პირველი ტრიპლეტი): გცუ-ააა-

გუუ-უცუ. დნმ-ს შესაბამისს უბანში ნუკლეოტიდების თანმიმდევრობა იქნება ი-რნმ-ს კომპლემენტარული: ცგა-თთთ-ცაა-აგა.

III. ცნობილია ცილის მოლეკულაში ამინმჟავების რაოდენობა, უნდა განისაზღვროს ნუკლეოტიდების რაოდენობა გენში ან გენის შესაბამისს ჯაჭვში.

ამოცანა: განსაზღვრეთ, რამდენი ნუკლეოტიდი შედის გენის შემადგენლობაში (დნმ-ს ორივე ჯაჭვი), რომელიც შეიცავს ინფორმაციას ინსულინის შესახებ, რომელიც 51 ამინმჟავას ნაშთისგან შედგება.

ამოხსნა: ერთ ამინმჟავას აკოდირებს ნუკლეოტიდების სამეული – ტრიპლეტი. დნმ-ს ჯაჭვის უბანი, რომელიც შეიცავს ინფორმაციას 51 ამინმჟავიანი ცილის შესახებ, შედგება $51 \times 3 = 153$ ნუკლეოტიდისგან. ვინაიდან გენში შედის ორი ჯაჭვი, მასში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება $2 \times 153 = 306$.

1. მოცემულია ცილაში ამინმჟავების რაოდენობა და უნდა განისაზღვროს გენის სიგრძე.

ამოცანა: ცილის შემადგენლობაში შედის 400 ამინმჟავა. განსაზღვრეთ გენის სიგრძე, რომელიც მას აკოდირებს.

ამოხსნა: შესაბამისი გენის ერთი ჯაჭვი შედგება $400 \times 3 = 1200$ ნუკლეოტიდისგან, ხოლო გენი – 1200 წყვილი ნუკლეოტიდისაგან. ერთი წყვილი ნუკლეოტიდის სიგრძე 0,34 ნმ-ია, აქედან გამომდინარე, მოცემული გენის სიგრძეა $1200 \times 0,34 \text{ ნმ} = 408 \text{ ნმ}$.

1. მოცემულია დნმ-ს უბანში ტრიპლეტების თანმიმდევრობა, უნდა განისაზღვროს შესაბამისი ცილის ამინმჟავური შემადგენლობა და თანმიმდევრობა.

ამოცანა: დნმ-ს მოლეკულის უბანს აქვს შემდეგი აღნაგობა: აცც-ათა-გთც-ცაც-გგა. განსაზღვრეთ ამინმჟავების თანმიმდევრობა პოლიპეპტიდურ ჯაჭვში.

ამოხსნა: თავდაპირველად განვსაზღვროთ ი-რნმ-ს სტრუქტურა: უგგ-უაუ-ცაგ-გუგ-ცცუ. გენეტიკური კოდის ცხრილის დახმარებით დავადგენთ შესაბამისი პოლიპეპტიდური ჯაჭვის აგებულებას: ტრიფტოფანი-თიროზინი-გლუტამინი-ვალინი-პროლინი.

1. მოცემულია ტრანსლაციაში მონაწილე ტ-რნმ-ების რაოდენობა. უნდა განისაზღვროს ამინმჟავების, ი-რნმ-ის ტრიპლეტებისა და ნუკლეოტიდების რაოდენობა.

ამოცანა: ტრანსლაციაში მონაწილეობდა ტ-რნმ-ს 30 მოლეკულა. განსაზღვრეთ ამინმჟავების რაოდენობა, რომელიც შედის სინთეზირებული ცილის მოლეკულაში, ასევე – ტრიპლეტებისა და ნუკლეოტიდების რაოდენობა ი-რნმ-სა და გენში, რომელიც ამ ცილას აკოდირებს.

ამოხსნა: თუ ცილის სინთეზში მონაწილეობდა 30 ტ-რნმ, ეს იმას ნიშნავს, რომ გადაუტანიათ 30 ამინმჟავა და, შესაბამისად, სინთეზირებული ცილა 30 ამინმჟავასგან შედგება. რამდენადაც ერთი ამინმჟავა ერთი ტრიპლეტით კოდირდება, ამ ცილას აკოდირებს 30 ტრიპლეტი. ვიცით,

რომ ტრიპლეტი 3 ნუკლეოტიდისგან შედგება, ამიტომ ნუკლეოტიდების რაოდენობა ი-რნმ-ში იქნება: $30 \times 3 = 90$. რადგან გენი შედგება 2 ჯაჭვისგან, გენში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება: $90 \times 2 = 180$.

VII. მოცემულია ი-რნმ-ს ფრაგმენტის აგებულება. უნდა განისაზღვროს ტ-რნმ-ს ანტიკოდონები და ამინმჟავების თანმიმდევრობა.

ამოცანა: ი-რნმ-ს ფრაგმენტს ასეთი აგებულება აქვს: გაუგაგუაცუცააა. განსაზღვრეთ ტ-რნმ-ის ანტიკოდონები და ამინმჟავების თანმიმდევრობა, რომელიც ამ ფრაგმენტშია კოდირებული. ასევე დაწერეთ დნმ-ს მოლეკულის ფრაგმენტი, რომელზედაც დასინთეზდა ეს ი-რნმ.

ამოხსნა: ი-რნმ დავანაწილოთ ტრიპლეტებად გაუ – გაგ – უაც – უუც – ააა და გენეტიკური ცხრილის გამოყენებით განვსაზღვროთ ამინმჟავების თანმიმდევრობა: ასპ – გლუ – თირ – ფენ – ლიზ. მოცემული ფრაგმენტი შეიცავს 5 ტრიპლეტს, ამიტომ სინთეზში მონაწილეობს ტ-რნმ-ს 5 მოლეკულა. მათი ანტიკოდონები კოდონების კომპლემენტარულია: ცუა, ცუც, აუგ, ააგ, უუუ. ასევე, ი-რნმ-ს მიხედვით კომპლემენტარობის პრინციპით განვსაზღვრავთ დნმ-ს ფრაგმენტს: ცთაცთცათგაატთთ.

VIII. ცნობილია დნმ-ს ფრაგმენტის ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობა. უნდა განისაზღვროს ანტიკოდონების ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობა და მათ მიერ დაკავშირებული ამინმჟავები.

ამოცანა: დნმ-ს ფრაგმენტს აქვს ნუკლეოტიდების შემდეგი თანმიმდევრობა: თთაგცცგათცცგ. განსაზღვრეთ ანტიკოდონების ნუკლეოტიდური თანმიმდევრობა (თუ არ გავითვალისწინებთ ანტიკოდონისა და კოდონის შეწყვილების ე.წ. „ქანაობის“ წესს: ზოგიერთი ტ-რნმ-ს ანტიკოდონს ერთზე მეტი სახეობის კოდონთან დაკავშირება შეუძლია) და ამინმჟავები, რომელთაც ეს ტ-რნმ-ები გადაიტანენ.

ამოხსნა: განვსაზღვროთ ი-რნმ-ს ნუკლეოტიდური შემადგენლობა და დავყოთ ტრიპლეტებად: ააუ – ცგგ – ცუა – გგც. შესაბამისად, ანტიკოდონები იქნება: უუა, გცც, გაუ, ცცგ. გენეტიკური კოდის მიხედვით განვსაზღვროთ კოდონების შესაბამისი ამინმჟავები. შესაბამისად, ამ ამინმჟავებს გადაიტანს ტ-რნმ: ასპარაგინი, არგინინი, ლეიცინი, გლიცინი.

IX. მოცემულია ცილის მოლეკულური მასა. უნდა განისაზღვროს ნუკლეოტიდების რაოდენობა ამ ცილის მაკოდირებელ გენში.

ამოცანა: ადამიანის სისხლის შრატის ალბუმინის მოლეკულის შეფარდებითი მასაა 68400. ერთი ამინმჟავას მოლეკულური მასაა 100. განსაზღვრეთ:

ა) ნუკლეოტიდების რაოდენობა ამ ცილის მაკოდირებელი გენის აქტიურ ჯაჭვში;

ბ) შესაბამისი გენის სიგრძე.

ამოხსნა: თავდაპირველად განვსაზღვროთ ამ ცილაში ამინმჟავების რაოდენობა: $68400/100=684$. ვიცით, რომ ერთ ამინმჟავას აკოდირებს სამი ნუკლეოტიდის თანმიმდევრობა, შესაბამისად, დნმ-ს აქტიურ ჯაჭვში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება: $684 \times 3 = 2052$. ეს იმას ნიშნავს, რომ შესაბამისი გენი შედგება 2052 წყვილი ნუკლეოტიდისგან. ვინაიდან ერთი წყვილი ნუკლეოტიდის სიგრძეა 0,34 ნმ, ამ გენის სიგრძე იქნება: $2052 \times 0,34 \text{ ნმ} = 697,68 \text{ ნმ}$.

1. ცნობილია ანტიკოდონები და უნდა განისაზღვროს შესაბამისი ამინმჟავები.

ამოცანა: ცილის ხელოვნური სინთეზისთვის სისტემაში შეიტანეს ტ-რნმ-ები, რომლებიც შეიცავს ასეთ ანტიკოდონებს: ცგა, უუა, აცა, ცცა. განსაზღვრეთ, რომელ ამინმჟავებს მიეერთებენ ეს ტ-რნმ-ები.

ამოხსნა: ვიცით, რომ ანტიკოდონი კოდონის (ი-რნმ-ს ტრიპლეტის) კომპლემენტარულია. შესაბამისად, კოდონების ნუკლეოტიდური შემადგენლობა ასეთი იქნება: გცუ, ააუ, უგუ, გგუ. გენეტიკური კოდის ცხრილის დახმარებით განვსაზღვრავთ კოდონების შესაბამისს ამინმჟავებს და სწორედ ამ ამინმჟავებს დაიკავშირებს ტ-რნმ-ები: ალანინი, ასპარაგინი, ცისტეინი, გლიცინი.

1. მოცემულია გენის აქტიური ჯაჭვის მოლეკულური მასა. უნდა განისაზღვროს მონომერების რიცხვი შესაბამის ცილაში.

ამოცანა: დნმ-ს უბნის ერთ-ერთი ჯაჭვის მოლეკულური მასაა 72450. განსაზღვრეთ ცილაში მონომერების რიცხვი, რომელიც კოდირებულია დნმ-ს ამ უბანში, თუ ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასაა 345.

ამოხსნა: თავდაპირველად განვსაზღვროთ დნმ-ს ამ უბანში ნუკლეოტიდების რაოდენობა: $72450/345=210$. ვიცით, რომ ერთ ამინმჟავას აკოდირებს სამი ნუკლეოტიდი, ამიტომ ცილაში მონომერების რიცხვი იქნება: $210/3=70$

XII. მოცემულია ცილის მოლეკულური მასა. უნდა განისაზღვროს შესაბამისი გენის მოლეკულური მასა.

ამოცანა: ცილის მოლეკულური მასაა 9000. განსაზღვრეთ გენის მოლეკულური მასა, თუ ცნობილია, რომ ერთი ამინმჟავას მოლეკულური მასა 100-ია, ხოლო ერთი ნუკლეოტიდის მოლეკულური მასა – 345.

ამოხსნა: თავდაპირველად განვსაზღვროთ მოცემულ ცილაში მონომერების (ამინმჟავების) რაოდენობა: $9000/100 = 90$. შემდეგ გავიგოთ დნმ-ს ამ ცილის მაკოდირებელ ჯაჭვში ნუკლეოტიდების რაოდენობა: $90 \times 3 = 270$. შესაბამისად, გენში ნუკლეოტიდების რაოდენობა იქნება: $270 \times 2 = 540$. გენის მოლეკულური მასა იქნება: $540 \times 345 = 186300$.

დანართი – გენეტიკური კოდის ცხრილი

		მეორე ნუკლეოტიდი				
		U	C	A	G	
პირველი ნუკლეოტიდი	U	UUU უფენო- პულა- ნოფო UUC უპენო- ნოფო UUA უპენო- ნოფო UUG უპენო- ნოფო	UCU უპენო- ნოფო UCC უპენო- ნოფო UCA უპენო- ნოფო UCG უპენო- ნოფო	UAU უპენო- ნოფო UAC უპენო- ნოფო UAA უპენო- ნოფო UAG უპენო- ნოფო	UGU უპენო- ნოფო UGC უპენო- ნოფო UGA უპენო- ნოფო UGG უპენო- ნოფო	U C A G
	C	CUU უპენო- ნოფო CUC უპენო- ნოფო CUA უპენო- ნოფო CUG უპენო- ნოფო	CCU უპენო- ნოფო CCC უპენო- ნოფო CCA უპენო- ნოფო CCG უპენო- ნოფო	CAU უპენო- ნოფო CAC უპენო- ნოფო CAA უპენო- ნოფო CAG უპენო- ნოფო	CGU უპენო- ნოფო CGC უპენო- ნოფო CGA უპენო- ნოფო CGG უპენო- ნოფო	U C A G
	A	AAU უპენო- ნოფო AAC უპენო- ნოფო AUA უპენო- ნოფო AUG უპენო- ნოფო	ACU უპენო- ნოფო ACC უპენო- ნოფო ACA უპენო- ნოფო ACG უპენო- ნოფო	AAU უპენო- ნოფო AAC უპენო- ნოფო AAA უპენო- ნოფო AAG უპენო- ნოფო	AGU უპენო- ნოფო AGC უპენო- ნოფო AGA უპენო- ნოფო AGG უპენო- ნოფო	U C A G
	G	GUU უპენო- ნოფო GUC უპენო- ნოფო GUA უპენო- ნოფო GUG უპენო- ნოფო	GCU უპენო- ნოფო GCC უპენო- ნოფო GCA უპენო- ნოფო GCG უპენო- ნოფო	GAU უპენო- ნოფო GAC უპენო- ნოფო GAA უპენო- ნოფო GAG უპენო- ნოფო	GGU უპენო- ნოფო GGC უპენო- ნოფო GGA უპენო- ნოფო GGG უპენო- ნოფო	U C A G