ΑΠΑΝΤΗΣΕΙΣ

ΘΕΜΑ 1ο

1. γ, **2.** β, **3.** β, **4.** α, **5.** γ

ΘΕΜΑ 2ο

1. Σχολικό βιβλίο σελ. 13,14 «Την ίδια εποχή … τόσο περισσότερο DNA περιέχει σε κάθε κύτταρό του»

2. Σχολικό βιβλίο σελ. 91 Από «Οι περισσότερες από τις μεταλλάξεις…. αλλά και στις υπόλοιπες».

3. Οι μηχανισμοί που εξασφαλίζουν την ακρίβεια στην αντιγραφή του DNA είναι 3:
α. Η **συμπληρωματικότητα των βάσεων**. Κάθε αλυσίδα λειτουργεί σαν καλούπι για την σύνθεση μιας νέας συμπληρωματικής αλυσίδας. Έτσι τα δυο θυγατρικά κύτταρα που προκύπτουν είναι πανομοιότυπα με το μητρικό.
β. Η **επιδιορθωτική δράση των DNA πολυμερασών**. Οι DNA πολυμεράσες μπορούν να «βλέπουν» και να απομακρύνουν νουκλεοτίδια που οι ίδιες τοποθετούν κατά παράβαση του κανόνα συμπληρωματικότητας και να τοποθετούν τα σωστά.
γ. **Τα επιδιορθωτικά ένζυμα**. Τα λάθη που δεν διορθώνονται από τις DNA πολυμεράσες επιδιορθώνονται σε μεγάλο ποσοστό από ειδικά επιδιορθωτικά ένζυμα. Έτσι ο αριθμός των λαθών περιορίζεται στους ευκαρυωτικούς οργανισμούς σε ένα στα 10^{10}

4. Σχολικό βιβλίο σελ. 61 «Η μέθοδος αλυσιδωτής αντίδρασης πολυμεράσης… DNA από απολιθώματα»

ΘΕΜΑ 3ο

1. Τα ένζυμα που χρησιμοποιούνται για την κατασκευή μιας cDNA βιβλιοθήκης είναι τα εξής:
α. **Αντίστροφη μεταγραφάση**: συνθέτει μονόκλωνα DNA (cDNA) με πρότυπο τα απομονωμένα μόρια mRNA.
β. **DNA πολυμεράση**: μετατρέπει τα μονόκλωνα συμπληρωματικά DNA (cDNA) σε δίκλωνα μόρια DNA

γ. **Περιοριστικές ενδονουκλεάσες**: κόβοντας με την ίδια περιοριστική ενδονουκλεάση τόσο τα δίκλωνα μόρια DNA όσο και τους φορείς κλωνοποίησης δημιουργούνται μονόκλωνα συμπληρωματικά άκρα για την κατασκευή των ανασυνδυασμένων μορίων DNA.
δ. **DNA δεσμάση**: δημιουργεί φωσφοδιεστερικούς δεσμούς.

2. α. Πρόκειται για κλειστή καλλιέργεια που περιλαμβάνει τις φάσεις: λανθάνουσα (0 ως t1), εκθετική (t1ως t2), στατική (t2ως t3), και θανάτου (t3 και έπειτα).
β. Μετά τη συλλογή της από βιοαντιδραστήρα, η προϊνσουλίνη μετατρέπεται σε ινσουλίνη με την επίδραση ειδικού ενζύμου με την απομάκρυνση του ενδιάμεσου πεπτιδίου.
γ. Σχολικό βιβλίο σελ 117 « Η ινσουλίνη είναι μια ορμόνη… στον κόσμο πάσχουν από διαβήτη»

3. Για να αποσαφηνιστεί η χρωμοσωμική σύσταση των 2 κυττάρων θα ελέγξουμε πόσα χρωμοσώματα και πόσες βάσεις έχει κάθε κύτταρο στη μετάφαση. Για τους υπολογισμούς αυτούς πρέπει να λάβουμε υπόψη ότι πριν την αντιγραφή κάθε χρωμόσωμα αποτελείται από ένα μόριο DNA. Μετά την αντιγραφή και μέχρι και τη μετάφαση της μίτωσης ένα χρωμόσωμα αποτελείται από 2 μόρια DNA ή 2 αδελφές χρωματίδες. Συνεπώς, στον καρυότυπο:
1° κύτταρο: 18 χρωμοσώματα και $8x10^8$ ζ. β.
2° κύτταρο: 18 χρωμοσώματα και $8x10^8$ ζ. β.
β. Τα κύτταρα είναι πιθανό να προέρχονται από οργανισμούς του ίδιου είδους, διότι ο αριθμός και το μήκος των μορίων DNA ενός ευκαρυωτικού κυττάρου είναι χαρακτηριστικά για τα διάφορα είδη οργανισμών.

ΘΕΜΑ 4°

1. Γνωρίζουμε από τα δεδομένα της άσκησης ότι στην αλληλουχία που μας δίδεται περιέχεται ένα πλήρες γονίδιο, γεγονός που σημαίνει ότι περιέχονται τόσο τα κωδικόνια έναρξης όσο και τα λήξης. Το mRNA είναι πανομοιότυπο με την κωδική αλυσίδα του DNA με μόνη διαφορά ότι όπου έχουμε U στο mRNA στο DNA έχουμε T. Άρα για να εντοπίσουμε την κωδική αλυσίδα πρέπει να βρούμε την αλληλουχία ATG που αντιστοιχεί στο κωδικόνιο έναρξης AUG του mRNA. Αυτό εντοπίζεται στο τέταρτο νουκλεοτίδιο της πρώτης αλυσίδας:

CTG**ATG**TCGAGTATTGCATGACGTCCATAGTAAC**TAG**CT

GACTACAGCTCATAACGTACTGCAGGTATCATTGATCGA

Αν τώρα χωρίσουμε την αλληλουχία που ακολουθεί σε κωδικόνια (τριπλέτες) παραλείποντας το εσώνιο τότε εντοπίζουμε και το κωδικόνιο λήξης **TAG**. Η συγκεκριμένη αλυσίδα διαβασμένη από αριστερά προς τα δεξιά είναι η μόνη που περιέχει και τις δύο περιοχές. Άρα συμπεραίνουμε ότι πρόκειται για την κωδική αλυσίδα και εφόσον έχει τα ίδια άκρα με το mRNA το οποίο έχει κατεύθυνση 5′ – 3΄, τα άκρα της είναι αυτά που φαίνονται παρακάτω. Η συμπληρωματική της θα είναι η μη κωδική ή αλλιώς μεταγραφόμενη. Ως μέρος της αιτιολόγησης πρέπει να αναφερθεί ότι ο γενετικός κώδικας είναι κωδικός τριπλέτας, είναι συνεχής, μη επικαλυπτόμενος και διαθέτει κωδικόνια έναρξης και λήξης.

Κωδική αλυσίδα

5′–CTG**ATG**TCGAGTATTGCATGACGTCCATAGTAAC**TAG**CT**–3′**

3′- GACTACAGCTCATAACGTACTGCAGGTATCATTGATCGA**–5′**

Μη κωδική αλυσίδα – Μεταγραφόμενη

Η αλληλουχία του πρόδρομου mRNA θα είναι η ακόλουθη:

5′CUG**AUG**UCGAGUAUUGCAUGACGUCCAUAGUAAC**UAG**CU**3′**

Ενώ μετά την διαδικασία της ωρίμανσης και αφαίρεσης του εσωνίου η αλληλουχία του ώριμου mRNA θα είναι η ακόλουθη

5′-CUG**AUG**UCGAGUAUCCAUAGUAAC**UAG**CU-**3′**

Στην μεταλλαγμένη αλληλουχία βλέπουμε ότι στο επόμενο κωδικόνιο του κωδικονίου έναρξης έχουμε μια αντικατάσταση βάσης που οδηγεί στην αλλαγή του κωδικονίου TCG σε TAG

CTGATG**TCG** → CTGATG**TAG**

Το **TAG** της κωδικής αλυσίδας είναι το αντίστοιχο του **UAG** στο mRNA, γεγονός που σημαίνει ότι δημιουργήθηκε ένα κωδικόνιο πρόωρης λήξης στην αλληλουχία του mRNA που δεν επιτρέπει στην αλληλουχία να μεταφραστεί οπότε και δεν παράγεται η εν λόγω πρωτεΐνη.

Από τα Φροντιστήρια Πουκαμισάς Ηρακλείου
συνεργάστηκαν οι Βιολόγοι:
Ε. Ανδρώνης, Α. Μαρή