

## Задание № 4, (25 баллов)

### Задание 4, вариант 1.

Гены эукариотических клеток имеют «мозаичное» строение и состоят из кодирующих элементов (экзонов) и некодирующих участков (интронов). По завершении транскрипции образуется «незрелый» (первичный) транскрипт.

Ген, кодирующий полипептид состоит из 4 экзонов.

1. Составьте схему экзон-интронного первичного транскрипта.  
2. Составьте схемы вариантов альтернативного сплайсинга первичного транскрипта, если 1 и 2 экзоны имеют старт-кодоны, 4 экзон несет стоп-кодон.

3. Рассчитайте молекулярную массу белков, полученных в ходе трансляции, где матрицей являлись альтернативно сплайсированные иРНК при условии, что 1 экзон состоит из 300 нуклеотидов, 2 – из 150 нуклеотидов, 3 из 900 нуклеотидов, 4 экзон из 600 нуклеотидов. Молекулярная масса аминокислот в среднем равна 100.

4. Рассчитайте длину транскрибируемого участка гена, если сумма не-транслируемых нуклеотидов равна 6000.

Рассчитайте длину «зрелых» РНК, если расстояние между нуклеотидами равно 0,34 нм

5. Будут ли различаться свойства образовавшихся белков? Могут ли они иметь общие свойства и функцию? Ответ поясните.

### Решение

1. Первичный транскрипт:

Кэп – 1 экзон – интрон – 2 экзон – интрон – 3 экзон – интрон – 4 экзон  
ААААА

2. Возможны три альтернативных варианта сплайсинга зрелых иРНК:

иРНК<sub>1</sub> Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААААА

иРНК<sub>2</sub> Кэп – 1 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААААА

иРНК<sub>3</sub> Кэп – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААААА

3. Находим массу белков

Белок 1. Полипептидная цепь состоит из  $(300+150+900+600):3=650$  аминокислот и ее мол. масса равна 65000 Д

Белок 2. Полипептидная цепь состоит из  $(300+900+600):3=600$  аминокислот и ее мол. масса равна 60000 Д

Белок 3. цепь состоит из  $(150+900+600):3=550$  аминокислот и ее мол. масса равна 55000 Д

4. Длина транскрибируемой части гена равна сумме длин экзонов и интронов:

$(300+150+900+600+6000) \times 0,34=2693$  нм

иРНК<sub>1</sub>  $(300+150+900+600) \times 0,34=663$  нм

иРНК<sub>2</sub>  $(300+900+600) \times 0,34=612$  нм

иРНК<sub>3</sub>  $(150+900+600) \times 0,34=56$  нм

## Задание № 4, (25 баллов)

---

5. Белки будут различаться по молекулярной массе, возможно по заряду молекул, последовательности аминокислот. Это изоформы одного белка, свойства которого определяются последовательностью аминокислот, закодированных в 3 и 4 экзонах. Эти экзоны есть во всех зрелых РНК.

### **Критерии оценивания:**

1. Составлена схема первичного транскрипта - **1 балл**
2. Представлены 3 варианта альтернативного сплайсинга - **6 баллов** (за каждый вариант по 2 балла),
3. Все расчеты выполнены правильно – **6 баллов (по 2 балла в каждом варианте)**,  
Допущена математическая ошибка - 2 балла  
Допущена биологическая ошибка- 0 баллов
4. Правильно выполнен расчет длины транскрибируемой последовательности нуклеотидов гена **6 баллов (по 2 балла в каждом варианте)**
5. Указаны основные отличия синтезированных полипептидов- **2 балла**.  
Указано, что это изоформы одного белка -**2 балла**.  
Указаны экзоны, определяющие общие свойства или функции белка **2 балла**

**Максимальная сумма баллов за все задание –25 баллов**

## Задание № 4, (25 баллов)

### Задание 4, вариант 2.

Гены эукариотических клеток имеют «мозаичное» строение и состоят из кодирующих элементов (экзонов) и некодирующих участков (интронов). По завершении транскрипции образуется «незрелый» (первичный) транскрипт.

Ген, кодирующий белок состоит из 4 экзонов:

1 экзон – 1500 п.н, 2 экзон - 2100 п.н., 3 экзон – 900 п.н., 4 экзон – 1200 п.н.

1. Составьте схему экзон-интронной организации первичного транскрипта

2. Составьте схемы вариантов продуктов альтернативного сплайсинга «зрелых» РНК, если известно, что «зрелая» иРНК<sub>1</sub> состоит из 5700 п.н., иРНК<sub>2</sub> – из 3600 п.н., иРНК<sub>3</sub> из 4200 п.н

3. Укажите экзоны, несущие старт-кодоны и стоп кодон.

4. Рассчитайте молекулярную массу белков, полученных в ходе трансляции, где матрицей являлись альтернативно сплайсированные иРНК, если молекулярная масса аминокислотного остатка 110.

5. Будут ли различаться свойства образовавшихся белков? Могут ли они иметь общие свойства и функцию? Ответ поясните.

Решение

1. первичный транскрипт (пре иРНК)

Кэп – 1 экзон – интрон – 2 экзон – интрон – 3 экзон – интрон – 4 экзон ААА

2. Зрелые иРНК:

иРНК<sub>1</sub>: Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААА

иРНК<sub>1</sub>: 1500+2100+900+1200 п.н.= 5700

иРНК<sub>2</sub>: 5700-3600 = 2100 п.н, след. не включен 2 экзон

иРНК<sub>2</sub>: Кэп – 1 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААА

иРНК<sub>3</sub>: 5700 – 4200 = 1500 п.н., след не включен 1 экзон.

иРНК<sub>3</sub>: Кэп – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон ААА

3. Старт кодоны (аминокислота метионин в 1 и 2 экзонах, стоп кодон - 4 экзон.

4. Находим массу белков

Белок 1: 1500+2100+900+1200=5700 п.н.

5700 : 3 = 1900 аминокислот × 110=209000Д (масса белка 1)

Белок 2: 1500+900+1200=3600 п.н

3600 : 3=1200 аминокислот × 110= 132000Д (масса белка 2)

Белок 3: 2100+900+1200=4200 п.н.

4200 : 3 = 1400 аминокислот × 110 =154000Д (масса 3 белка)

## Задание № 4, (25 баллов)

---

5. Белки различаются по молекулярной массе – изоформы одного белка в клетках разных тканей. Наличие во всех зрелых РНК 3 и 4 экзонов – определяет общие свойства и функции белков.

### **Критерии оценивания:**

1. Составлена схема первичного транскрипта **1 балл**
2. Составлены 3 варианта альтернативного сплайсинга и РНК - **9 баллов**  
(по 3 балла за каждый правильный ответ)
3. Правильно указаны экзоны со стоп кодом и старт кодонами – **4 балла**  
Допущена 1 ошибка -2 балла
4. Правильно выполнены расчеты – **3 балла**  
Допущена математическая ошибка- 2 балла  
Допущена биологическая ошибка – 0 баллов
5. Указаны основные отличия синтезированных полипептидов - **4 балла.**  
Указано, что это изоформы одного белка - **2 балла.**  
Указаны экзоны, определяющие общие свойства или функции белка -**2 балла**

**Максимальная сумма баллов за все задание - 25**

## Задание № 4, (25 баллов)

### Задание 4, вариант 3.

Гены эукариотических клеток имеют «мозаичное» строение и состоят из кодирующих элементов (экзонов) и некодирующих участков (интронов). По завершении транскрипции образуется «незрелый» (первичный) транскрипт.

Первичный транскрипт состоит из 12230 нуклеотидов.

1. Составьте схему экзон-интронной организации первичного транскрипта, в составе которого 5 экзонов. Найдите длину первичного транскрипта и его массу, если расстояние между нуклеотидами 0,34 нм, молекулярная масса нуклеотида равна 300.

2. Составьте схемы возможных вариантов альтернативного сплайсинга «зрелых» РНК, если известно, что старт кодон в 1 и 2 экзонах, стоп-кодон в 4 и 5 экзонах, а белок кодируется триплетами не менее 3 экзонов.

3. Рассчитайте молекулярную массу «зрелых» иРНК, если 1 экзон кодирует – 100 аминокислот, 2 экзон – 50 аминокислот, 3 экзон – 300 аминокислот, 4 экзон – 500 аминокислот, 5 экзон – 600 аминокислот.

4. Рассчитайте молекулярную массу белков, полученных в ходе трансляции, где матрицей являлись альтернативно сплайсированные иРНК, если молекулярная масса аминокислотного остатка 110.

5. Будут ли различаться свойства образовавшихся белков? Могут ли они иметь общие свойства и функцию? Ответ поясните.

### Решение:

1. Схема первичного транскрипта:

Кэп – 1 экзон – интрон – 2 экзон – интрон – 3 экзон – интрон – 4 экзон – интрон – 5 экзон АААА

Находим длину первичного транскрипта

$$12230 \times 0,34 = 4158,2 \text{ нм}$$

Находим массу первичного транскрипта

$$12230 \times 300 = 3669000$$

2. Варианты альтернативного сплайсинга

иРНК<sub>1</sub> Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 5 экзон АААА

иРНК<sub>2</sub> Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон АААА

иРНК<sub>3</sub> Кэп – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон АААА

иРНК<sub>4</sub> Кэп – 2 экзон – 3 экзон – 5 экзон АААА

3. Генетический код триплетен, находим количество нуклеотидов, входящих в состав «зрелых» иРНК, потом молекулярные массы «зрелых» РНК:

$$\text{иРНК}_1 (100+50+300+600) \times 3 = 1050 \times 3 = 3150 \times 300 = 945000$$

$$\text{иРНК}_2 (100+50+300+500) \times 3 = 950 \times 3 = 2850 \times 300 = 855000$$

$$\text{иРНК}_3 (50+300+500) \times 3 = 850 \times 3 = 2550 \times 300 = 765000$$

$$\text{иРНК}_4 (50+300+600) \times 3 = 950 \times 3 = 2850 \times 300 = 855000$$

## Задание № 4, (25 баллов)

---

4. Белок 1:  $1050 \times 110 = 115500$ Д

Белок 2:  $950 \times 110 = 104500$ Д

Белок 3:  $850 \times 110 = 93500$ Д

Белок 4:  $950 \times 110 = 104500$

5. Все белки будут различаться по заряду, т.к. различаются по аминокислотному составу. Белок 2 и 4 имеют одинаковую молекулярную массу, но также разный аминокислотный состав.

Можно предположить, что это изоформы одного белка в клетках разных тканей, т.к. во всех вариантах сплайсинга есть последовательности нуклеотидов 2 и 3 экзонов, определяющих свойства белка.

### **Критерии оценивания:**

1. Составлена схема первичного транскрипта, определена его масса – **3 балла.**

2. Составлены 4 варианта схем альтернативного сплайсинга – **8 баллов** (по 2 балла за каждый правильный вариант).

3. Правильно произведен расчет молекулярных масс «зрелых РНК – **5 баллов.**

Допущена математическая ошибка – 2 балла.

Допущена биологическая ошибка – 0 баллов.

4. Правильно произведен расчет молекулярных масс белков – **2 балла.**

Допущена математическая ошибка – 1 балл.

Допущена биологическая ошибка – 0 баллов.

5. Указано, различия белков, синтезированных на альтернативно сплайсированных РНК - **3 балла.**

Указано, что ген кодирует 4 изоформы одного белка – **3 балла.**

Указаны экзоны, отвечающие за свойства и функции белков – **1 балл.**

**Максимальная сумма баллов за все задание - 25**

## Задание № 4, (25 баллов)

### Задание 4, вариант 4.

Гены эукариотических клеток имеют «мозаичное» строение и состоят из кодирующих элементов (экзонов) и некодирующих участков (интронов). По завершении транскрипции образуется «незрелый» (первичный) транскрипт.

Молекулярная масса первичного транскрипта равна 3690000Д

1. Составьте схему экзон-интронной организации первичного транскрипта и найдите длину первичного транскрипта

2. Укажите возможные варианты альтернативного сплайсинга первичного транскрипта, если стартовые кодоны находятся в 1 2 экзонах, стоп-кодон в 5 экзоне, в состав «зрелых» иРНК входит не менее 4 экзонов

3. Найдите длину и молекулярную массу «зрелых» иРНК, образовавшихся в ходе альтернативного сплайсинга, если расстояние между нуклеотидами 0,34 нм, масса одного нуклеотида 300, 1 экзон кодирует – 100 аминокислот, 2 экзон – 50 аминокислот, 3 экзон – 300 аминокислот, 4 экзон – 500 аминокислот, 5 экзон – 600 аминокислот.

4. Рассчитайте молекулярную массу белков, полученных в ходе трансляции, где матрицей являлись альтернативно сплайсированные иРНК, если молекулярная масса аминокислотного остатка 110.

5. Сделайте предположение сколько белков может синтезироваться при альтернативном сплайсинге «зрелых» иРНК. Могут ли они иметь общие свойства и функцию? Ответ поясните.

#### Решение:

1. Схема первичного транскрипта:

Кэп – 1 экзон – интрон – 2 экзон – интрон – 3 экзон – интрон – 4 экзон – интрон – 5 экзон ААА

2. Варианты альтернативного сплайсинга:

иРНК<sub>1</sub> Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон – 5 экзон ААА

иРНК<sub>2</sub> Кэп – 1 экзон – 3 экзон – 4 экзон – 5 экзон ААА

иРНК<sub>3</sub> Кэп – 1 экзон – 2 экзон – 3 экзон – 5 экзон ААА

иРНК<sub>4</sub> Кэп – 2 экзон – 3 экзон – 4 экзон – 5 экзон ААА

3. Находим количество нуклеотидов в первичном транскрипте:

$$3690000 : 300 = 12230 \text{ п.н.}$$

Находим длину «первичного транскрипта»:

$$12230 \times 0,34 = 4182 \text{ нм}$$

Находим длину «зрелых» иРНК в последовательности: сначала количество нуклеотидов, зная, что генетический код триплетный, затем длину последовательности нуклеотидов:

$$\text{иРНК}_1 (100+50+300+500+600) \text{ аминокислот} \times 3 = 1550 \text{ аминокислот} \times 3 = 4650 \text{ п.н.}$$

$$4650 \text{ п.н.} \times 0,34 = 13950 \text{ нм}$$

## Задание № 4, (25 баллов)

---

иРНК<sub>2</sub> (100+300+500+600) аминокислот × 3 = 1500 аминокислот × 3 = 4500 п.н.

4500 × 0,34 = 1530 нм

иРНК<sub>3</sub> (100+50+300+600) аминокислот × 3 = 1050 аминокислот × 3 = 3150 п.н.

3150 × 0,34 = 1071 нм

иРНК<sub>4</sub> (50+300+500+600) аминокислот × 3 = 1450 аминокислот × 3 = 4350 п.н.

4350 × 0,34 = 1479 нм

4. Находим молекулярную массу белков, синтезированных на «зрелых» иРНК, образовавшихся в результате альтернативного сплайсинга.

Белок 1 = 1550 аминокислот × 110 = 170500Д

Белок 2 = 1500 аминокислот × 110 = 165000Д

Белок 3 = 1050 аминокислот × 110 = 115500Д

Белок 4 = 1450 аминокислот × 110 = 159500Д

5. На основании полученных вариантов альтернативного сплайсинга «зрелых» и РНК можно предположить, что ген кодирует 2 белка. При этом, один из белков кодируется вариантами сплайсинга 1, 2, 3 – изоформы белка в клетках разных тканей. В состав этих «зрелых» РНК входят экзоны 1, 3, 5 – они определяют функциональную специфику изоформ.

Другой белок кодируется 4 вариантом сплайсинга.

### **Критерии оценивания:**

1. Составлена схема первичного транскрипта – **3 балла.**
2. Составлены 4 варианта схем альтернативного сплайсинга - **8 баллов** (по 2 балла за каждый вариант).
3. Найдена длина первичного транскрипта и «зрелых» иРНК - **4 балла.**  
Допущена математическая ошибка – 2 балла.  
Допущена биологическая ошибка – 0 баллов.
4. Выполнен правильно расчет молекулярных масс белков – **4 балла.**  
Допущена математическая ошибка 2 балла.  
Допущена биологическая ошибка – 0 баллов.
5. Указано, что ген кодирует 2 белка – **3 балла.**  
Указаны варианты сплайсинга изоформ белков – **2 балла.**  
Указаны экзоны, отвечающие за свойства и функции белков – **1 балл.**

**Максимальная сумма баллов за все задание - 25**