**SỞ GIÁO DỤC VÀ ĐÀO TẠO QUẢNG TRỊ**

**HƯỚNG DẪN CHẤM ĐỀ THI CHÍNH THỨC MÔN THI SINH HỌC (Vòng 2)**

**KỲ THI CHỌN HỌC SINH GIỎI LỚP 12**

**VÀ CHỌN ĐỘI TUYỂN DỰ THI QUỐC GIA**

**Khóa ngày 05 tháng 11 năm 2021**

*(Hướng dẫn chấm có ... trang)*

***Câu 1. (1,5 điểm)***

*Một nhà khoa học đã tinh sạch ADN thu được từ các tế bào mô cơ ở các pha khác nhau trong chu kì tế bào. Bằng kỹ thuật phù hợp, nhà khoa học đã tách và đo riêng rẽ lượng ADN của nhân và của ty thể. Hãy cho biết hàm lượng tương đối của ADN nhân và ADN ty thể trong tế bào thay đổi như thế nào ở các pha khác nhau của chu kì tế bào? Giải thích.*

|  |  |
| --- | --- |
| Nội dung | Điểm |
| - ADN trong nhân tế bào thay đổi liên quan đến các pha của chu kì tế bào:  + Ở pha G1: hàm lượng ADN không thay đổi do các gen trong tế bào xảy ra quá trình phiên mã và dịch mã để tổng hợp các chất cần cho tăng trưởng kích thước và chuẩn bị tổng hợp ADN.  + Ở pha S: diễn ra quá trình tổng hợp ADN, hàm lượng ADN tăng dần trong pha S và đạt đến lượng gấp đôi so với pha G1 khi kết thúc pha S và bắt đầu pha G2.  + Ở pha G2: ADN tiếp tục được biểu hiện để tổng hợp các chất cần thiết cho sự phân chia, không tăng hàm lượng so với cuối pha S.  + Ở pha M: Nhân tế bào phân chia, sự phân ly nhiễm sắc thể về 2 cực tế bào và kết thúc phân chia nhân sẽ tạo ra 2 nhân tế bào có hàm lượng ADN tương đương và giảm đi một nửa so với pha G2, trở về bằng pha G1. Sự phân chia tế bào chất sẽ tạo ra 2 tế bào con, trong mỗi tế bào lượng ADN sẽ không thay đổi so với tế bào ban đầu ở pha G1.  - ADN trong ty thể:  + Hàm lượng ADN tăng dần từ pha G1 đến bắt đầu pha M, vì trong tế bào đang tăng trưởng để chuẩn bị cho phân chia, aDN ty thể nhân đôi độc lập với ADN nhân. Khi tế bào tăng trưởng về kich thước và lượng các chất, ADN ty thể cũng nhân đôi tăng dần, vì thế hàm lượng ADN ty thể cũng tăng dần từ pha G1 đến bắt đầu pha M.  + Ở pha M, khi tế bào chất phân chia, ADN ty thể sẽ được phân chia tương đối đồng đều về 2 tế bào con, mỗi tế bào con có hàm lượng ADN trở về tương đương tế bào ban đầu. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

**Câu 2.** *(1,5 điểm)*

*Nấm men Saccharomyces cerevisiae là sinh vật đơn bào. Quá trình tổng hợp axit amin trong tế bào nấm men xảy ra qua con đường trao đổi chất nhờ các enzim. Các enzim này được mã hóa bởi các gen khác nhau. Quá trình tổng hợp một axit amin cụ thể có thể bị gián đoạn do các đột biến gen mã hóa loại enzim quan trọng nào đó trong chuỗi chuyển hóa.*

*Một nhà nghiên cứu đã tiến hành các thí nghiệm để xác định khả năng phát triển của nấm men trên các môi trường khác nhau về hàm lượng axit amin. Nấm men có thể phát triển dưới dạng cả tế bào đơn bội và lưỡng bội. Nhà nghiên cứu đã thử nghiệm 3 chủng nấm men đơn bội khác nhau gồm: chủng đột biến 1, chủng đột biến 2 và chủng kiểu dại. Trong đó, mỗi chủng đột biến đều có một đột biến lặn duy nhất. Các điều kiện khác của thí nghiệm là đầy đủ cho nấm men và như nhau ở các ống nghiệm. Dữ liệu kết quả được thể hiện trong bảng sau:*

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| *Thí nghiệm* | *Môi trường* | *Các chủng* | | |
| *Kiểu dại* | *Đột biến 1* | *Đột biến 2* |
| *Thí nghiệm I* | *Đủ các loại axit amin* | *+* | *+* | *+* |
| *Thí nghiệm II* | *Không có axit amin* | *+* | *−* | *−* |
| *Thí nghiệm III* | *Thiếu mêtiônin, đủ các loại axit amin khác* | *+* | *−* | *+* |
| *Thí nghiệm IV* | *Thiếu lơxin, đủ các loại axit amin khác* | *+* | *+* | *−* |

*Dữ liệu mô tả sự sinh trưởng của thể đơn bội Saccharomyces cerevisiae trong các môi trường có thành phần axit amin khác nhau (Dấu +: Có khuẩn lạc; Dấu −: Không có khuẩn lạc).*

***a)*** *Đưa ra lý do để giải thích làm thế nào chủng đột biến 1 có thể phát triển trên môi trường thí nghiệm I nhưng không thể phát triển trên môi trường thí nghiệm III.*

***b)*** *Tại sao nói đột biến 1 và đột biến 2 là đột biến gây ra khuyết dưỡng?*

***c)*** *Nấm men có thể dung hợp hai tế bào đơn bội để tạo ra tế bào lưỡng bội. Lấy dòng đơn bội của đột biến 1 dung hợp với dòng đơn bội của đột biến 2 để tạo ra các tế bào lưỡng bội. Các tế bào lưỡng bội này có phát triển được trong các môi trường thí nghiệm từ I đến IV ở trên hay không? Giải thích.*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Ý** | **Nội dung** | **Điểm** |
| **a** | - Đột biến 1 không thể tự tổng hợp methionin mà phải sử dụng methionin có sẵn mặt trong môi trường. | **0,25đ** |
| **b** | - Ở thí nghiệm II, kiểu dại có thể sinh trưởng bình thường trong môi trường không có axit amin, còn đột biến 1 và 2 không sinh trưởng.  - Ở thí nghiệm III đột biến 1 không phát triển => ít nhất là khuyết Methionine.  - Ở thí nghiệm IV đột biến 2 không phát triển => ít nhất khuyết Leucine.  ***HS giải thích trọn vẹn thì cho 0,5đ, thiếu 1 trong các ý trên cho 0,25đ*** | **0,5đ** |
| **c** | - Thể lưỡng bội có thể phát triển được trong tất cả các môi trường của 4 thí nghiệm.  - Thí nghiệm I phát triển được, vì môi trường đầy đủ các chất.  - Thí nghiệm II phát triển được, vì: có sự bổ sung cho nhau => đột biến 1 có khả năng tổng hợp leucine và đột biến 2 tổng hợp được methionine.  - Thí nghiệm III, IV đều phát triển được, là do có sự bổ sung cho nhau => Thí nghiệm III, đột biến 2 bổ sung cho đột biến 1 và thí nghiệm IV bổ sung cho đột biến 2.  ***HS giải thích trọn vẹn thì cho 0,75đ, thiếu 1 trong các ý trên cho 0,5đ, thiếu 2 ý cho 0,25đ*** | **0,75đ** |

***Câu 3. (2,5 điểm)***

*Khung đọc mở (ORF) được định nghĩa là đoạn trình tự của hệ gen có khả năng được dùng để mã hóa một chuỗi polipeptit. ORF được xác định là đoạn trình tự nằm giữa một bộ ba mở đầu (start codon) và một bộ ba mã kết thúc (stop codon) có cùng khung đọc. Có 3 đoạn ADN mạch đơn được tìm thấy ở thực khuẩn thể (phagơ) như sau:*

*Đoạn ADN 1: 3’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXGTAATXAAAXTGG-5’.*

*Đoạn ADN 2: 3’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXXTAATXAAAXTGG-5’.*

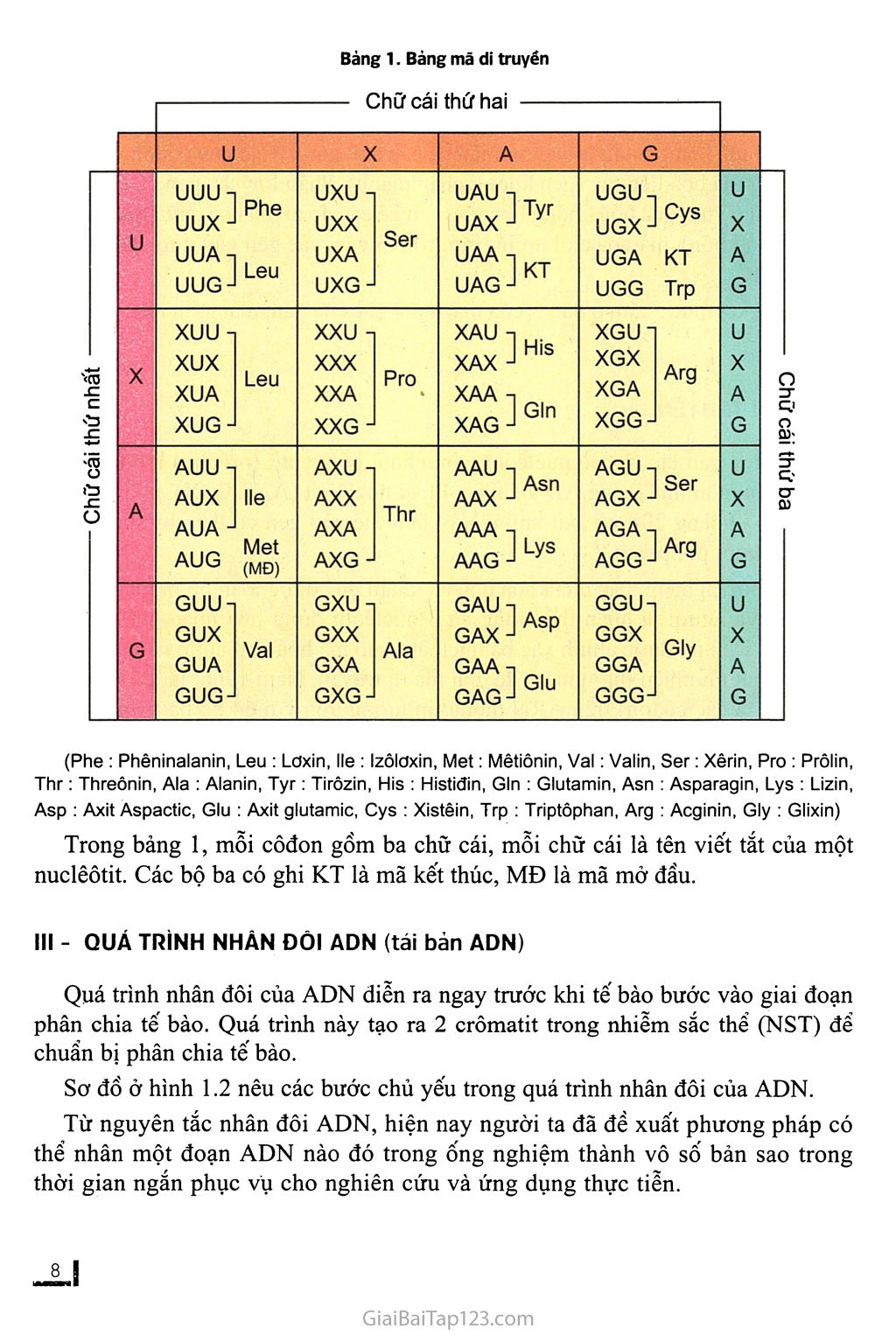
*Đoạn ADN 3: 5’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXXTAATXAAAXTGG-3’.*

*Hãy cho biết số khung đọc mở có trong mỗi đoạn ADN sợi kép tương ứng là bao nhiêu?*

|  |  |
| --- | --- |
| Nội dung | Điểm |
| + ADN1: phiên mã tạo ra mARN:  3’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXGTAATXAAAXTGG-5’.  mARN:5’-GUXAAUGUUXAA**AUG**UUAUUAAGGGUGGXAUUAGUU**UGA**XX-3’  (1) (2) (1) (2)  - Nếu mạch ADN 1 làm nhiệm vụ phiên mã thì sẽ tạo ra được 1 mARN có chứa 2 khung đọc mã.  - Nếu mạch bổ sung với mạch ADN nói trên làm nhiệm vụ phiên mã thì sẽ có trình tự nucleotit tương tự với mạch ADN1 chỉ có thay T bằng U. Nhưng vì mã di truyền đọc theo chiều 5’ đến 3’ nên phải đọc ngược lại:  5’-GGUXAAAXUA**AUG**XXAXXXUUAAUAAXAUUUGAAXAU**UGA**X-3’  Với phân tử mARN này chỉ có 1 khung đọc mã.  => Vậy trong đoạn ADN1 sợi kép sẽ có 3 khung đọc mã.  + ADN2: phiên mã tạo ra mARN:  - Nếu mạch ADN 2 làm nhiệm vụ phiên mã thì sẽ tạo ra được 1 mARN như sau:  mARN: 5’-GUXAAUGUUXAA**AUG**UUAUUAAGGGUGGGAUUAGUU**UGA**XX-3’  (1) (2) (1) (2)  - Với mARN này có 2 khung đọc mã.  - Nếu mạch bổ sung với mạch ADN2 làm nhiệm vụ phiên mã:  3’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXXTAATXAAAXTGG-5’.  => 5’-GGUXAAAXUAAUXXXAXXXUUAAUAAXAUUUGAAXAUUGAX-3’  - Với mARN không có bộ ba mở đầu nên không có khung đọc mã.  => ADN2 có 2 khung đọc mã.  + ADN3:  Đoạn ADN 3: 5’-XAGTTAXAAGTTTAXAATAATTXXXAXXXTAATXAAAXTGG-3’.  mARN: 3’-GUXAAUGUUXAAAUGUUAUUAAGGGUGGGAUUAGUUUGAXX-5’.  - Đọc ngược lại:  5’-XXAGUUUGAUUAGGGUGGGAAUUAUUGUAAAXUUGUAAXUG-3’  => mARN này không có bộ ba mã mở đầu nên không có khung đọc mã.  Mạch bổ sung với mạch ADN3:  mARN: 5’-XAGUUAXAAGUUUAXAAUAAUUXXXAXXXUAAUXAAAXUGG-3’.  => mARN này không có bộ ba mã mở đầu nên không có khung đọc mã.  => ADN 3 không có khung đọc mã. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

***Câu 4. (2,5 điểm)***

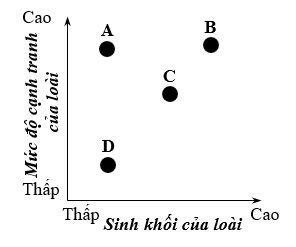
*Enzim tổng hợp triptophan kiểu dại ở E.coli chứa glixin (Gly) ở vị trí 38. Có hai thể đột biến được phân lập là A23 và A46. Trong đó, thể đột biến A23 được thay thế glixin thành acginin (Arg) và thể đột biến A46 được thay thế glixin thành axit glutamic (Glu). Cả hai thể đột biến khi được nuôi cấy trên môi trường tối thiểu thì từ dòng A23 tạo ra được 4 thể đột biến mới, còn từ dòng A46 tạo ra được 3 thể đột biến mới.*

*Bảng dưới đây thể hiện các axit amin được thay thế ở vị trí 38 của các dòng đột biến A23 và A46:*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| *Dòng đột biến* | *Thể đột biến* | *Axit amin ở*  *vị trí 38* |
| *A23* | *1* | *Izôlơxin (Ile)* |
| *2* | *Threônin (Thr)* |
| *3* | *Xêrin (Ser)* |
| *4* | *Glixin (Gly)* |
| *A46* | *1* | *Glixin (Gly)* |
| *2* | *Alanin (Ala)* |
| *3* | *Valin (Val)* |

*Sử dụng bảng mã di truyền, hãy tìm bộ ba quy định axit amin ở vị trí 38 của dòng kiểu dại, dòng đột biến A23 và dòng đột biến A46 cũng như ở các thể đột biến của A23 và A46, biết rằng chỉ có đột biến điểm xảy ra ở vị trí axit amin 38. Giải thích.*

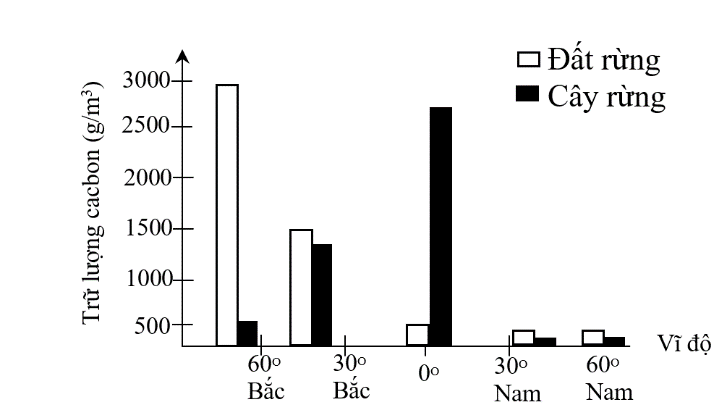
|  |  |
| --- | --- |
| Nội dung | Điểm |
| - Kiểu dại có chứa Glyxin ở vị trí 38 có các codon: GGU, GGA, GGG, GGX.  - Dòng đột biến A23 được thay thế bởi acginin có các codon:  XGU, XGA, XGG, XGX, AGA, AGG.  => Đột biến thay thế xảy ra ở nucleotit *thứ nhất trong một codon* và kết quả thay *G bằng X hoặc G bằng A.*  - Đột biến ở A23 tạo ra dòng đột biến thứ 1 có Izolơxin ở vị trí 38, các codon tương ứng với izolơxin: AUU, AUX, AUA.  => So sánh 6 codon ở A23 thì chỉ có thay thế ở *vị trí thứ 2 trong codon* *AGA* => đột biến 1 của A23 là *AUA kết quả thay G bằng U*.  - Đột biến ở A23 tạo ra dòng đột biến thứ 2 có threônin ở vị trí thứ 38, các codon tương ứng: AXU, AXA, AXX, AXG.  => So sánh với A23 thì chỉ có thay thế *ở vị trí thứ 2 trong codon* *AGA* => đột biến 2 của A23 là *AXA* *kết quả là thay G bằng X*.  - Đột biến ở A23 tạo ra dòng đột biến thứ 3 tạo ra có xêrin ở vị trí 38, các codon tương ứng: UXU, UXA, UXG, UXX, AGU, AGX.  => So sánh với A23 thì chỉ có thay thế ở *vị trí thứ 3 trong codon* *AGA* => đột biến 3 của A23 là *AGU kết quả là thay A bằng U*.  - Đột biến ở A23 tạo dòng đột biến thứ 4 tạo ra glixin ở vị trí 38, các codon tương ứng : GGU, GGA, GGG, GGX.  => So sánh với A23 thì chỉ có thay thế *ở vị trí thứ 1 trong codon AGA* => đột biến 4 của A23 là *GGA kết quả là thay A bằng G*.  => Thể đột biến A23 ở vị trí 38 mang codon *AGA*.  => Kiểu dại ở vị trí 38 mang codon *GGA*. Đây là dạng đột biến thay thế nucleotit ở vị trí thứ nhất trong codon GGA.  - Dòng đột biến A46: được thay thế bởi glutamic, có các codon tương ứng: GAA, GAG.  => So sánh với các bộ của kiểu dại chứa glixin => thể đột biến A46 có codon *GAA*, đây là dạng đột biến thay thế dẫn đến kết quả *G được thay bằng A* *xảy ra ở vị trí thứ 2 của condon GGA.*  - Đột biến ở A46 tạo dòng đột biến thứ 1 tạo ra glyxin ở vị trí 38, các codon tương ứng: GGU, GGA, GGG, GGX.  => So sánh với thể đột biến A46 thì chỉ thay thế *ở vị trí thứ 2 trong codon GAA*. Đây là đột biến thay thế dẫn đến kết quả *A bằng G*. => dòng đột biến này mang codon *GGA*.  - Đột biến ở A46 tạo dòng đột biến thứ 2 tạo ra alanin ở vị trí thứ 38, các codon tương ứng: GXU, GXA, GXG, GXX.  => So sánh với thể đột biến A46 thì chỉ thay thế ở *vị trí thứ 2 của codon GAA*. Đây là dạng đột biến thay thế dẫn đến kết quả *A bằng X*. => dòng đột biến này mang codon *GXA*.  - Đột biến ở A46 tạo dòng đột biến thứ 3 tạo ra valin ở vị trí 38, có các bộ ba tương ứng: GUU, GUA, GUG, GUX.  => So sánh với thể đột biến A46 thì chỉ thay thế *vị trí thứ 2 của codon GAA*. Đây là dạng đột biến thay thế dẫn đến kết quả *A được thay bằng U*. => dòng đột biến này mang codon *GUA*.  *Tóm lại:*  - Thể dại: GGA.  - Thể đột biến A23: AGA.  - Đột biến 1: AUA.  - Đột biến 2: AXA.  - Đột biến 3: AGU.  - Đột biến 4: GGA.  - Thể đột biến A46: GAA.  - Đột biến 1: GGA.  - Đột biến 2: GXA.  - Đột biến 3: GUA. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

**Câu 5. (1,5 điểm)**

Trong hình bên, kí hiệu A, B, C, D là các loài khác nhau trong một hệ sinh thái. Hãy cho biết:

Mỗi kí hiệu đó tương ứng với mỗi loài nào sau đây: loài thứ yếu, loài ưu thế, loài ngẫu nhiên hay loài chủ chốt? Giải thích.

|  |  |
| --- | --- |
| **Nội dung** | **Điểm** |
| - Loài A là loài chủ chốt:  Vì là loài động vật ăn thịt, hung dữ có sinh khối thấp nhưng hoạt động mạnh, làm biến đổi mạnh hệ sinh thái thông qua khống chế chuỗi thức ăn.  - Loài B là loài ưu thế:  + Vì loài có số lượng cá thể nhiều, sinh khối lớn và hoạt động mạnh, làm biến đổi hệ sinh thái, tác động mạnh mẽ làm thay đổi các nhân tố vô sinh của hệ sinh thái.  + Loài ưu thế thường là thực vật có kích thước lớn.  - Loài C là loài thứ yếu:  Vì: những loài luôn cạnh tranh với loài ưu thế và thay thế loài ưu thế ở những giai đoạn tiếp theo của diễn thế sinh thái.  +Loài thứ yếu có đặc điểm gần giống với loài ưu thế, thường là thực vật có số lượng cá thể nhiều, sinh khối lớn và hoạt động mạnh làm thay đổi các nhân tố vô sinh của hệ sinh thái.  - Loài D là loài ngẫu nhiên.  Vì: loài có sinh khối thấp, tác động yếu và không thường xuyên tới các nhân tố sinh thái của hệ sinh thái. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

*****Câu 6. (1,5 điểm)***

*Hình dưới đây mô tả kết quả nghiên cứu trữ lượng cacbon có trong đất rừng và cây rừng phân bố theo vĩ độ.*

*Căn cứ vào biểu đồ bên, hãy giải thích tại sao trữ lượng cacbon trong đất rừng, cây rừng không giống nhau ở các vĩ độ nghiên cứu?*

|  |  |
| --- | --- |
| **Nội dung** | **Điểm** |
| - Khi di chyển từ xích đạo đến cực bắc, trữ lượng cacbon trong cây rừng giảm dần nhưng trong đất rừng lại tăng dần.  - Vì:  - Khi di chuyển từ xích đạo tới vùng cực, nhiệt độ, lượng mưa, số giờ nắng trong năm giảm dần. Tất cả các nhân tố sinh thái này đều tác động, làm giảm cường độ quang hợp của thực vật nên lượng chất hữu cơ tích lũy trong cây giảm.  - Các nhân tố sinh thái đó đồng thời cũng tác động lên sinh vật phân giải, làm giảm khả năng hoạt động của sinh vật phân giải nên lượng mùn hữu cơ còn lại trong đất rừng cao.  - Khi di chuyển từ xích đạo đến vĩ độ 600Nam, lượng cacbon trong đất rừng cây rừng giảm rất mạnh, giảm hơn rất nhiều so với vĩ độ tương đương ở bán cầu Bắc.  - Ngoài nguyên nhân giống như trên còn một nguyên nhân nữa ảnh hưởng đến trữ lượng cacbon của các vĩ độ nghiên cứu của bán cầu Nam là do phần lớn diện tích nam bán cầu là đại dương nên diện tích đất có rừng rất thấp. | **0,5đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

***Câu 7. (2,0 điểm).***

*a. Dựa vào lý thuyết tiến hóa, hãy giải thích vì sao một quần thể động vật sinh sản hữu tính sau khi bị suy giảm số lượng quá mức do yếu tố ngẫu nhiên, được phục hồi số lượng như ban đầu những vẫn có nguy cơ bị tuyệt chủng. Trong hoàn cảnh đó, để làm giảm nguy cơ tuyệt chủng của quần thể nên áp dụng những biện pháp gì? Giải thích.*

*b. Những người có kiểu gen dị hợp về hêmôglôbin hình lưỡi liềm có ưu thế chọn lọc ở những vùng sốt rét lưu hành. Những người mắc bệnh hồng cầu lưỡi liềm thường chết. Nếu hệ số chọn lọc các đồng hợp tử có kiểu hình bình thường là 0,2. Hãy tính tần số alen hồng cầu hình lưỡi liềm khi quần thể ở trạng thái cân bằng.*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Ý** | **Nội dung** | **Điểm** |
| a | - Khi bị giảm kích thước quá mức thì các yếu tố ngẫu nhiên sẽ tác động mạnh làm giảm hoặc biến mất một số alen dẫn đến làm nghèo nàn vốn gen của quần thể.  - Sự phục hồi số lượng cá thể của quần thể từ một số ít cá thể còn sống sót tuy có tham gia làm tăng số lượng cá thể nhưng sự đa dạng di truyền của quần thể vẫn không tăng lên vì các cá thể này giao phối gần với nhau.  - Để tăng độ đa dạng di truyền của quần thể thì phải di – nhập gen từ các quần thể khác tới. Có biện pháp làm tăng đột biến và biến dị tổ hợp trong quần thể. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |
| b | - Nếu thể dị hợp có ưu thế chọn lọc so với các đồng hợp tử, thì tần số alen lặn ở trạng thái cân bằng sẽ là: s1/(s1 + s2). Trong đó s1 = hệ số chọn lọc đồng hợp tử trội, s2 = hệ số chọn lọc đồng hợp tử lặn.  Cho s2 là hệ số chọn lọc của kiểu gen HbsHbs và s1 là hệ số chọn lọc của kiểu gen HbAHbA. Vì cá thể hồng cầu hình liềm chết nên s2 = 1 và s1 = 0,2.  Ta có: q = 0,2/(1 + 0,2) = 0,17 và p = 1/(1 + 0,2) = 0,83.  => Tần số alen *hồng cầu hình lưỡi liềm khi quần thể ở trạng thái cân bằng là 0,17.*  ***HS có thể giải cách khác nhưng đúng đáp án vẫn cho điểm tối đa.*** | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

***Câu 8. (3,0 điểm)***

*Một sinh vật có 4 gen A, B, C và D, mỗi gen có 2 alen. Cho một cá thể dị hợp tử về các gen này giao phối với một cá thể đồng hợp tử lặn. Kết quả lai tạo ra các cá thể con với tỉ lệ kiểu hình được trình bày trong bảng sau:*

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Kiểu hình | Tỷ lệ % số cá thể đời con | Kiểu hình | Tỷ lệ % số cá thể đời con |
| A-B-C-D- | 6,15 | aaB-C-D- | 6,15 |
| A-B-C-dd | 13,85 | aaB-C-dd | 13,85 |
| A-B-ccD- | 1,35 | aaB-ccD- | 1,35 |
| A-B-ccdd | 3,65 | aaB-ccdd | 3,65 |
| A-bbC-D- | 3,65 | aabbC-D- | 3,65 |
| A-bbC-dd | 1,35 | aabbC-dd | 1,35 |
| A-bbccD- | 13,85 | aabbccD- | 13,85 |
| A-bbccdd | 6,15 | aabbccdd | 6,15 |

*Biết mỗi gen quy định một tính trạng, trội lặn hoàn toàn, không có đột biến xảy ra, tính trạng không phụ thuộc vào điều kiện môi trường, không xảy ra tần số hoán vị gen 50%.*

*a. Hãy xác định kiểu gen của cá thể đem lai phân tích.*

*b. Nếu hệ số nhiễu = 1 – (tần số trao đổi chéo kép quan sát được/tần số trao đổi chéo kép lý thuyết) thì hệ số nhiễu là bao nhiêu?*

*c. Nếu hai dòng thuần chủng được lai với nhau tạo ra cá thể dị hợp tử về tất cả các cặp gen nói trên. Hãy viết kiểu gen của các cá thể dị hợp tử này.*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Ý** | **Nội dung** | **Điểm** |
| a | - Nếu 4 gen liên kết (cùng nằm trên 1 NST) thì đời con chỉ có hai lớp kiểu hình có tỷ lệ cao, theo giả thiết có 4 kiểu hình có tỷ lệ cao => có gen phân ly độc lập.  - 4 lớp kiểu hình cao gồm: A-B-C-dd, A-bbccD-, aaB-C-dd, aabbccD- => A phân ly độc lập còn B, C và D liên kết.  - Trong đó, B-C-dd và bbccD- có tỷ lệ kiểu hình bé nhất => giao tử trao đổi chéo kép.  => Kiểu gen cá thể đem lai: Aa | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |
| b | 2. - Khoảng cách giữa gen B và gen D:  4(6,15+1,35 ) = 30cM.  - Khoảng cách giữa gen B và gen C:  4(3,65+1,35 ) = 20cM.  => Hệ số nhiễu: 1 – 4(0,0135)/0,06 = 0,1. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,5đ** |
| c | 3. Kiểu gen của F1:  - P: AA x aa => F1: Aa.  - P: aa x AA => F1: Aa.  - P: AA x aa => F1: Aa.  - P: aa x AA => F1: Aa.  - P: AA x aa => F1: Aa.  - P: aa x AA => F1: Aa.  - P: AA x aa => F1: Aa.  - P: aa x AA => F1: Aa. | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |

***Câu 9. (2,0 điểm)***

*a. Cho cây lúa mì có kiểu gen Aabb tự thụ phấn thu được 4 loại hạt với các kiểu gen khác nhau. Quá trình giảm phân diễn ra bình thường. Hãy xác định kiểu gen của tế bào phôi và kiểu gen của tế bào nội nhũ trong mỗi hạt.*

*b. Dựa vào cơ sở di truyền và biến dị, hãy giải thích hiện tượng một đột biến gen làm hạt nảy mầm ngay trên cây?*

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Ý** | **Nội dung** | **Điểm** |
| a | |  |  |  | | --- | --- | --- | | Hạt | Kiểu gen phôi | Kiểu gen nội nhũ | | Hạt 1 | AAbb | AAAbbb | | Hạt 2 | Aabb | Aaabbb | | Hạt 3 | Aabb | AAabbb | | Hạt 4 | aabb | aaabbb | | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ** |
| b | - Trạng thái ngủ của hạt liên quan đến tỉ lệ ABA/GA cao trong hạt.  - Đột biến gen quy định tổng hợp ABA => không tổng hợp được enzim tạo ABA => ABA thấp so với GA => hạt nảy mầm.  - Hoặc đột biến gen điều hòa tổng hợp GA => gen luôn tổng hợp enzim GA => GA có nồng độ cao => hạt nảy mầm. | **0,5đ**  **0,5đ** |

***Câu 10. (2,0 điểm)***

*Một cặp vợ chồng cả hai đều mắc chứng “điếc” do mang một số alen lặn ở 3 gen liên quan đến thính giác: d1 là lặn so với D1, d2 là lặn so với D2, d3 là lặn so với D3. Đồng hợp tử đột biến ở bất cứ 1 trong 3 gen này đều gây “điếc”. Ngoài ra, đồng hợp tử lặn đồng thời ở 2 trong 3 gen này gây chết ở giai đoạn phôi (sảy thai sớm) với độ thâm nhập (độ biểu hiện) là 25%. Đồng hợp tử lặn ở cả 3 gen gây sảy thai sớm với độ thâm nhập là 75%. Với kiểu gen của mẹ là D1d1D2d2d3d3 và của bố là d1d1D2d2D3d3 thì xác suất con của họ được sinh ra (không tính sảy thai) có thính giác bình thường là bao nhiêu? Giải thích.*

|  |  |
| --- | --- |
| **Nội dung** | **Điểm** |
| - Tính tỷ lệ cho từng cặp gen, rồi sử dụng nguyên tắc nhân xác suất (áp dụng cho 3 cặp gen) từ phép lai D1d1D2d2d3d3 × d1d1D2d2D3d3 thu được tỷ lệ:  3/16 D1-D2-D3- *(bình thường)* : 3/16 D1-D2-d3d3  (điếc do 1 gen) : 3/16 d1d1D2-D3- (điếc do 1 gen) : 1/16 D1-d2d2D3- (điếc do 1 gen) : 1/16 D1-d2d2d3d3 (điếc do 2 gen) : 3/16 d1d1D2-d3d3 (điếc do 2 gen) : 1/16 d1d1d2d2D3- (điếc do 2 gen) : 1/16 d1d1d2d2d3d3 (điếc do 3 gen).  - Như vậy tỉ lệ kiểu hình (chưa tính độ thâm nhập của gen) là 3/16 bình thường: 7/16 điếc do 1 gen: 5/16 điếc do 2 gen: 1/16 điếc do 3 gen.  Áp dụng độ thâm nhập của gen cho tính trạng “gây chết” với độ thâm nhập không hoàn toàn (dưới 100%) với trường hợp chết do 2 hoặc 3 gen:  - Với 2 gen: 1/4 chết; 3/4 sống và điếc, như vậy ta có 5/16 điếc do 2 gen × 3/4 sống = 15/64 sống và điếc do 2 gen.  - Với 3 gen: 3/4 chết; 1/4 sống và điếc, như vậy ta có 1/16 điếc do 3 gen × 1/4 sống = 1/64 sống và điếc do 3 gen.  Tổng cộng ta có:  3/16 bình thường : 7/16 điếc do 1 gen : 15/64 điếc do 2 gen : 1/64 điếc do 3 gen = 12/64 bình thường : 28/64 điếc do 1 gen:15/64 điếc do 2 gen : 1/64 điếc do 2 gen : 1/64 điếc do 3 gen = 56/64 trẻ sống và 8/64 trẻ chết trong giai đoạn phôi (sảy thai).  Như vậy, trong số trẻ sống (56/64), xác suất trẻ bình thường (không bị điếc) là: 12/56 × 100% = 21,4%.  ***HS có thể giải cách khác nhưng đúng kết quả vẫn cho điểm tối đa.*** | **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,25đ**  **0,5đ**  **0,5đ** |

--------- **HẾT**---------