

Sprawdzian zaliczeniowy przedmiotu Genetyka ogólna

Przykład – wersja z odpowiedziami

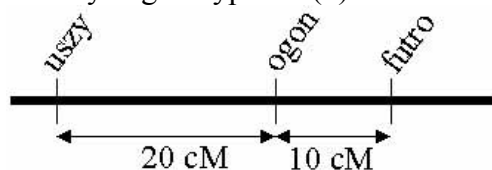
Pytanie 1.

Skrzyżowano pochodzącego z hodowli wsobnej królika o długich uszach i długim ogonie z królikiem o krótkich uszach i krótkim ogonie. Zakładamy, że obie cechy determinowane są przez pojedyncze geny leżące na tym samym chromosomie w odległości 20 centymorganów, geny determinujące te cechy nie wykazują oddziaływań genetycznych oraz, że krótkie uszy i krótki ogon determinowane są przez allele recesywne.

Jakie fenotypy wystąpią w pokoleniach F1 i F2 oraz jakie będą ich proporcje? (z)

Okazało się, że króliki różnią się jeszcze jedną cechą, kolorem sierści na łapach. Te o długich uszach i długim ogonie mają ciemne łapy, te o krótkich uszach i krótkim ogonie mają białe łapy. W F1 wszystkie króliki mają ciemne łapy. Odległości między genami determinującymi trzy badane cechy przedstawione są na mapie genetycznej.

Jakie będą genotypy gamet produkowanych przez pokolenie F1 i jakie będą proporcje gamet o różnych genotypach? (*)



U – długie uszy

u – krótkie uszy

O – długi ogon

o – krótki ogon

P: *UO* / *UO* (bo pochodzi z hodowli wsobnej) $\times$ *uo* / *uo*

F1: wszystkie *UO* / *uo*, długie uszy, długi ogon

F2: gamety *F1* proporcje *F2*

długie uszy, długi ogon $80\%/2 = 40\%$ 66%

krótkie uszy, krótki ogon $80\%/2 = 40\%$ 16%

rekombinanty:

długie uszy, krótki ogon $20\%/2 = 10\%$ 9%

krótkie uszy, długi ogon $20\%/2 = 10\%$ 9%

Ł – ciemne łapy

ł – jasne łapy

P: *UOŁ* / *UOŁ* $\times$ *uoł* / *uoł*

Gamety *F1*:

uszy	ogon	łapy		częstość gamet
<i>U</i>	<i>O</i>	<i>Ł</i>	rodzicielski	$= (1 - 0,18 - 0,08 - 0,02)/2 = 0,36$
<i>u</i>	<i>o</i>	<i>ł</i>	rodzicielski	$= (1 - 0,18 - 0,08 - 0,02)/2 = 0,36$
<i>U</i>	<i>o</i>	<i>ł</i>	rekobinant <i>U-O</i>	$= 0,2/2 - 0,01 = 0,09$
<i>u</i>	<i>O</i>	<i>Ł</i>	rekobinant <i>U-O</i>	$= 0,2/2 - 0,01 = 0,09$
<i>U</i>	<i>O</i>	<i>ł</i>	rekobinant <i>O-Ł</i>	$= 0,1/2 - 0,01 = 0,04$
<i>u</i>	<i>o</i>	<i>Ł</i>	rekobinant <i>O-Ł</i>	$= 0,1/2 - 0,01 = 0,04$
<i>U</i>	<i>o</i>	<i>Ł</i>	rekombinant <i>U-O-Ł</i>	$= 0,2 * 0,1/2 = 0,01$
<i>u</i>	<i>O</i>	<i>ł</i>	rekombinant <i>U-O-Ł</i>	$= 0,2 * 0,1/2 = 0,01$

Pytanie 2.

Napisz co to znaczy, że replikacja DNA jest semikonserwatywna. (z) *Cząsteczka DNA powstała po replikacji ma w sobie jedną nić pochodzącą z cząsteczki macierzystej i jedną nić świeżo zsintetyzowaną.*

Opisz eksperyment dowodzący semikonserwatywnej natury replikacji DNA. (*) *Bakterie hodowano w pożywce zawierającej azot ^{14}N . Następnie przeniesiono do pożywki ze źródłem azotu ^{15}N . Co pewien czas pobierano część bakterii, izolowano DNA i stosując ultrawiórowanie w gradiencie rozdzielano DNA zawierający ^{14}N i ^{15}N . Po czasie odpowiadającym jednemu podziałowi komórkowemu cały DNA miał masę pośrednią, po czasie odpowiadającym dwóm podziałom komórkowym połowa DNA miała masę pośrednią, a połowa wskazującą na zawartość tylko ^{15}N . Wynik ten zgodny jest tylko z teorią semikonserwatywnej replikacji DNA.*

Pytanie 3.

Wymień (z) i krótko scharakteryzuj (*) sekwencje obecne w genomie między genami.

Pseudogeny – uszkodzone, niefunkcjonalne kopie genów powstałe w wyniku duplikacji.

Satelitarny DNA – tandemowe powtórzenia jednostek 1 do ponad 200 nukleotydów, dzielą się na satelity (głównie w centromerach), minisatelity (głównie w telomerach) i mikrosatelity (rozproszone po genomie)

Retrowirusy i retrotranspozony – sekwencje wirusów RNA na stałe wbudowanych do genomu występujące często w ogromnej liczbie kopii, niekiedy silnie zmienione. Najczęściej zawierają gen odwrotnej transkryptazy oraz geny otoczki i rdzenia wirusa. Często zdolne do ekspansji w genomie.

Transpozony – sekwencje zdolne do przemieszczania się w genomie. Zawierają gen transpozazy.

Pytanie 4.

Opisz mechanizm rekombinacji homologicznej (z) oraz rekombinacji umiejscowionej (*).

W rekombinacji homologicznej następuje rozplecenie jednej cząsteczki DNA, następnie jedna jej nić połączona z odpowiednimi białkami dokonuje inwazji drugiej cząsteczki DNA w wyniku czego powstaje heterodupleks. Rozgałęzienie się przemieszcza dzięki aktywności białek RuvA i RuvB, a następnie zostaje rozcięte przez białko RuvC w wyniku czego powstają zrekombinowane cząsteczki DNA.

W rekombinacji umiejscowionej białko rekombinaza przyłącza się do rozpoznawanych motywów sekwencyjnych i następnie przecina poszczególne nici DNA przytrzymując koniec 5' związany do reszty tyrozyny w białku. Następnie dochodzi do połączenia nici DNA w taki sposób, że powstają zrekombinowane cząsteczki DNA.

Pytanie 5.

Wymień etapy uzyskiwania organizmów modyfikowanych genetycznie i przedstaw ich znaczenie (z). Jeden szczegółowo scharakteryzuj (*).

przygotowanie DNA – niezbędne aby transgen mogły zostać wykonane następne etapy wprowadzenie DNA – niezbędne, ponieważ komórki mają mechanizmy broniące przez dostępem obcych cząsteczek DNA

integracja do genomu – niezbędne aby modyfikacja była dziedziczna

selekcja transformantów – niezbędna aby wylapać komórki, które uległy transformacji

odtworzenie organizmu – niezbędne aby z pojedynczej modyfikowanej genetycznie komórki uzyskać cały organizm.

Wprowadzenia DNA można dokonać metodą bezpośrednią (mechanicznie wprowadzając

DNA do komórek) lub metodą pośrednią (wykorzystując organizmy żywe zdolne do wprowadzania DNA do komórek). Metody bezpośrednie to mikroiniekcja, elektroporacja i strzelba genowa. Metody pośrednie oparte są o wykorzystanie wirusów i bakterii

Agrobacterium tumefaciens.