

Sprawdzian zaliczeniowy przedmiotu Genetyka ogólna
Termin pierwszy, 24 stycznia 2005 – 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 nie wykazujące oddziaływań genetycznych oraz, że krótkie uszy i krótki ogon determinowane są przez allele recesywne. Po uzyskaniu pokolenia F1 wykonano krzyżówki testowe osobników z pokolenia F1 osobnikiem rodzicielskim o krótkich uszach i krótkim ogonie. Uzyskano 44 króliki o długich uszach i długim ogonie, 36 królików o krótkich uszach i krótkim ogonie, 8 królików o długich uszach i krótkim ogonie, 12 królików o krótkich uszach i długim ogonie.

Jaka jest odległość między genami determinującymi badane cechy? (z)

Korzystając z testu χ^2 udowodnij, że geny determinujące badane cechy rzeczywiście są ze sobą sprzężone. (*)

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{wart.obserwowane} - \text{wart.oczekiwane})^2}{\text{wart.oczekiwane}}$$

d.f \ P	0,05	0,001
1	3,8	10,3
2	6,0	13,8
3	7,8	16,2

tabela prawdopodobieństwa

U – długie uszy

u – krótkie uszy

O – długi ogon

o – krótki ogon

Krzyżówka testowa: *UO* / *uo* x *uo* / *uo*

F2:

rodzicielskie:

UO / *uo*, długie uszy, długi ogon 44

uo / *uo*, krótkie uszy, krótki ogon 36

rekombinanty:

Uo / *uo*, długie uszy, krótki ogon 8

uO / *uo*, krótkie uszy, długi ogon 12

Odległość między genami = $(8+12)/44+36+8+12 = 0,2 = 20cM$

UO / *uo*, długie uszy, długi ogon, obs. = 44, ocz. = 25, współczynnik do $\chi^2 = 14,44$

uo / *uo*, krótkie uszy, krótki ogon, obs. = 36, ocz. = 25, współczynnik do $\chi^2 = 4,84$

Uo / *uo*, długie uszy, krótki ogon, obs. = 8, ocz. = 25, współczynnik do $\chi^2 = 11,56$

uO / *uo*, krótkie uszy, długi ogon, obs. = 12, ocz. = 25, współczynnik do $\chi^2 = 6,76$

$\chi^2 = 37,6$

$p < 0,001$ – prawdopodobieństwo, że geny nie są sprzężone, a odchylenie od rozkładu mendlowskiego wzięło się z przypadku jest mniejsze od 0,001

Pytanie 2.

Na podstawie tabeli kodu genetycznego odczytaj sekwencję najdłuższego białka, które może być kodowane przez następującą sekwencję DNA. (z)

gggatgtctgctacattaatgtctcatgaaagaaaagtttaagata

Met Ser Ala Thr Leu Met Ser His Glu Arg Lys Val

	U	C	A	G	
U	UUU } Phe UUC } UUA } UUG } Leu	UCU } Ser UCC } UCA } UCG } Leu	UAU } Tyr UAC } UAA } Stop UAG } Stop	UGU } Cys UGC } UGA } Stop UGG } Trp	U C A G
C	CUU } CUC } CUA } CUG } Leu	CCU } CCC } CCA } CCG } Pro	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG } Gln	CGU } CGC } CGA } CGG } Arg	U C A G
A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG } Met	ACU } ACC } ACA } ACG } Thr	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG } Lys	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG } Arg	U C A G
G	GUU } GUC } GUA } GUG } Val	GCU } GCC } GCA } GCG } Ala	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG } Glu	GGU } GGC } GGA } GGG } Gly	U C A G

UUU	22.3	UCU	10.9	UAU	18.0	UGU	5.3
UUC	15.7	UCC	9.3	UAC	12.0	UGC	6.0
UUA	14.7	UCA	9.7	UAA	2.0	UGA	1.0
UUG	12.8	UCG	8.5	UAG	0.3	UGG	13.8
CUU	12.4	CCU	7.8	CAU	12.4	CGU	19.2
CUC	10.1	CCC	5.6	CAC	8.9	CGC	18.6
CUA	4.4	CCA	8.7	CAA	14.4	CGA	4.0
CUG	46.6	CCG	19.7	CAG	28.3	CGG	6.4
AUU	29.5	ACU	10.9	AAU	22.3	AGU	10.6
AUC	22.9	ACC	21.6	AAC	21.2	AGC	15.0
AUA	7.9	ACA	10.5	AAA	35.3	AGA	4.3
AUG	26.1	ACG	13.8	AAG	12.9	AGG	2.5
GUU	20.0	GCU	17.3	GAU	32.7	GGU	25.1
GUC	14.2	GCC	24.0	GAC	18.9	GGC	26.0
GUA	11.8	GCA	21.6	GAA	38.1	GGA	10.5
GUG	23.7	GCG	28.4	GAG	18.8	GGG	11.6

Częstość występowania danego kodonu
[liczba wystąpień na tysiąc]

Na podstawie tabeli wykorzystania kodonów u *E. coli* zmień sekwencję DNA, aby ekspresja w *E. coli* mogła być jak najwyższa. (*)

gggatgagcgcgaccctgatgagccatgaacgtaaagtgttaagata

Pytanie 3.

Wymień co najmniej osiem poziomów na których regulowana jest ekspresja genów. (z)
dostęp do DNA, inicjacja transkrypcji, terminacja transkrypcji, splicing, stabilność RNA, inicjacja translacji, transport białka, cięcie białka, modyfikacje posttranslacyjne białka, degradacja białka.....

Co to jest i na których poziomach regulacji ekspresji genów działa interferencja RNA? (*)

Interferencja RNA to zjawisko w którym dwuniciowe cząsteczki RNA (dwuniciowość świadczy o nieprawidłowej budowie) są cięte na krótkie, 20-25 nukleotydowe fragmenty. Fragmenty te powodują specyficzne wobec sekwencji hamowanie ekspresji genów na poziomie struktury chromatyny, stabilności mRNA i translacji.

Pytanie 4.

Co to jest i na czym polega ewolucja? (z). *Ewolucja jest to zjawisko zmieniania się gatunków pod wpływem doboru naturalnego. Podstawą do jej działania jest losowa zmienność genetyczna wynikająca z rekombinacji i mutacji. Na bazie tej zmienności działa ukierunkowany dobór naturalny wybierający organizmy najlepiej dostosowane w danych warunkach, czyli wydające najwięcej potomstwa.*

Wymień i krótko scharakteryzuj mechanizmy powstawania nowych alleli i nowych genów (*). *Nowe allele powstają najczęściej na drodze mutacji, z tym że zdecydowana większość mutacji ma działanie neutralne lub uszkadzające funkcję genu. Tylko znikomy ułamek mutacji ma efekt adaptacyjny. Nowe geny powstają na skutek duplikacji – wtedy jedna kopia nadal spełnia pierwotną funkcję, a druga kopia może nabyć nową funkcję,*

duplikacji lub tasowania domen – przebudowa struktury modularnej białka łatwo może doprowadzić do nabycia nowej funkcji

horyzontalnego przepływu genów – nabycia genów od innych gatunków.

Pytanie 5.

Czym różni się udoskonalanie organizmów użytkowych na drodze hodowli od udoskonalania na drodze modyfikacji genetycznych (z)? *Udoskonalanie na drodze hodowli polega na krzyżowaniu i selekcji i bazuje tylko na naturalnie występujących cechach. Modyfikacje genetyczne polegają na sztucznym wprowadzeniu genów normalnie nie występujących w danym gatunku i umożliwiają nadanie organizmom zupełnie nowych cech.*

Wymień i scharakteryzuj sposoby zwiększania wydajności organizmów użytkowych na drodze modyfikacji genetycznych (*).

Uodpornienie na szkodniki – wprowadzenie genu, którego produkt jest trujący dla szkodników.

Uodpornienie na herbicyd – wprowadzenie genu nadającego oporność na herbicyd, opryskanie tym herbicydem umożliwi oczyszczenie pola z chwastów.

Poprawa składu – wprowadzenie genów kodujących cenne białka......