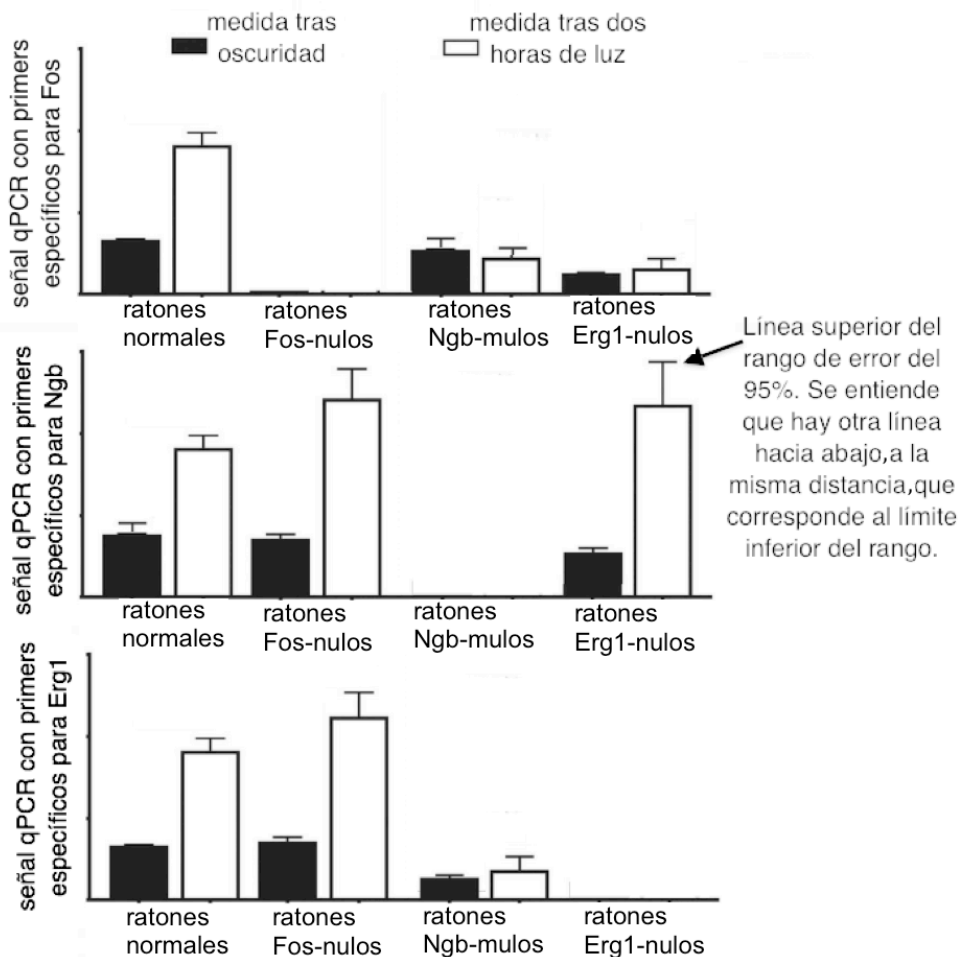


Genética General. Grupo A. Cuarto parcial. 29 de Abril de 2016.

Apellidos	Nombre	Firma:
-----------	--------	--------

1/4- Se dispone de tres líneas de ratones knockout que son nulos para los genes *Ngb*, *Fos* y *Egr1* respectivamente. Estas líneas se derivaron de la misma línea de ratones normales. Los tres genes están de alguna forma implicados en la función visual y se quiere saber cómo interactúan en la acomodación del ojo a las condiciones de luz y oscuridad. Se midió la expresión de cada uno de los tres genes mediante PCR cuantitativa (qPCR) en ratones de las cuatro líneas (las tres líneas knockout y la línea normal) sometidos a oscuridad o a condiciones de luz. Se extrajo ARN de las retinas de estos ratones que se copió a cDNA por transcripción reversa y después se cuantificó mediante qPCR utilizando primers específicos de cada gen. Los resultados se presentan en la figura. Haga un esquema de la posible red de interacciones génicas. **(2 puntos)**



- Normalmente, los tres genes incrementan su expresión en presencia de luz.
- La función de *Ngb* es necesaria para la expresión normal de los genes *Egr1* y *Fos*
- La función de *Egr1* es necesaria para la expresión normal de *Fos* pero no para la expresión de *Ngb*
- No es necesaria la función de *Fos* para la expresión normal de *Ngb* y *Egr1*

Ngb -> Egr1 -> Fos

(se aceptan variaciones sobre esta solución que vengan de una interpretación personal justificada de la significación de algunas de las diferencias en altura entre las barras del histograma)

2/4- El alineamiento de una secuencia de 70pb del gen mitocondrial que codifica el tRNA de la serina en cinco especies (hombre, chimpancé, gorila, orangután y gibón) es el siguiente:

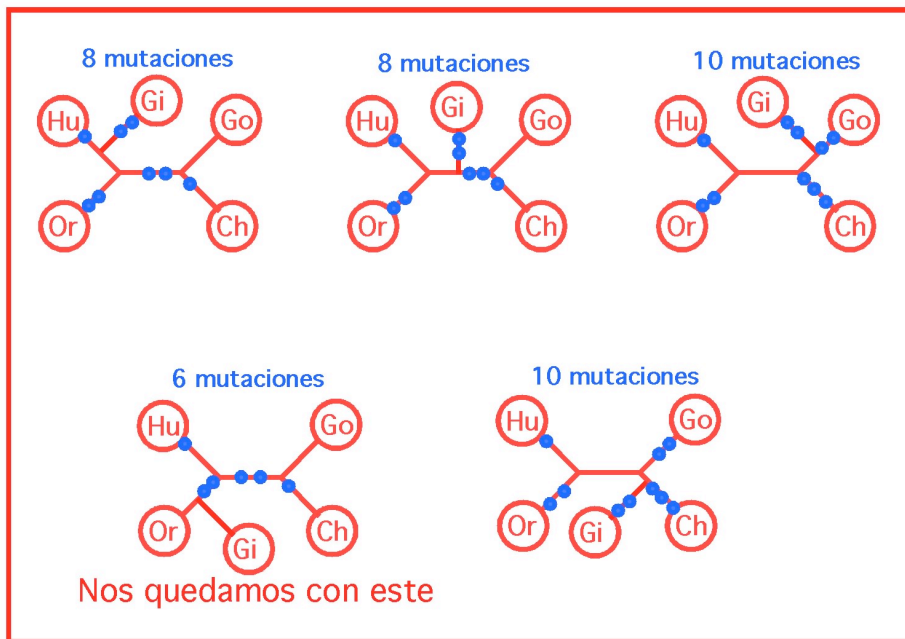
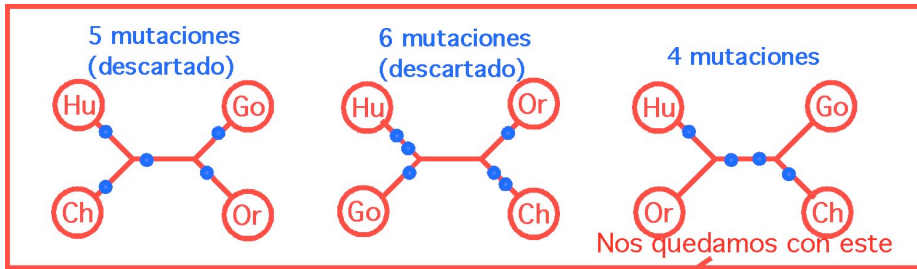
sitios informativos:

* * * * *

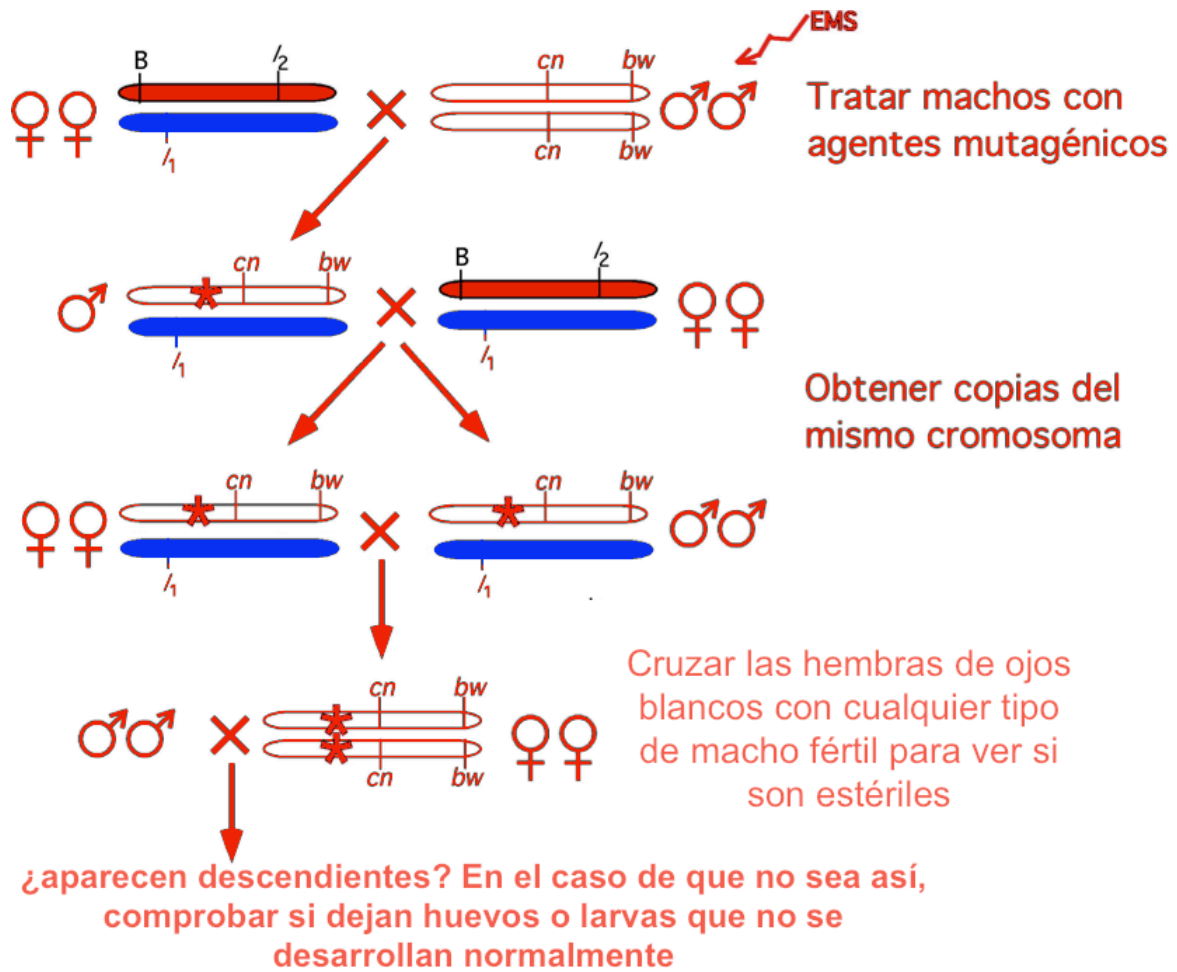
Hu: actttttaaag atccattggt cttaggcccc acaagaactg ctaactcatg cccccatgtc tgacaacatg
 Ch: actttttaaag atccggttggg cttaggcccc **ataagaactg** ctaattcatg **tccccatg**tgacaacatg
 Go: actttttaaag atccattggt cttagg**cacc** **gtaagagctg** ctaactcatg cccccatg**gc** tgacaacatg
 Or: **g**ctttttaaag atcc**c**ttggt cttagg**cacc** acaagaactg ctaact**tcg** **ct**ccccatgtc tgacaacatg
 Gi: actt**c**ttaaag atccattggt cttagg**cacc** acaagaactg ctaactc**ag** **at**ccccatgtc **ta**acaacac**g**
 (se resaltan en negrita las diferencias con la secuencia humana)

A partir de estos datos, elabore una filogenia por el procedimiento que quiera. Si se decide por un método de distancias, utilice directamente la proporción de diferencias entre secuencias (no es necesario que aplique la corrección de Jukes-Cantor o cualquier otra). (2 puntos)

Método de máxima parsimonia. Decidimos arbitrariamente resolver para los cuatro primeros y añadir después el gibón. Otros ordenes de elección podrían dar resultados diferentes (no se garantiza que el árbol filogenético obtenido sea el de menor número de mutaciones).



3/4- Elabore el esquema de un experimento para obtener mutantes de efecto materno que afecten al desarrollo de *Drosophila*. (2 puntos)



El esquema de cruzamientos se repite miles de veces.

Simbolos:

♂ : un solo macho

♂♂ : varios machos

l_1 y l_2 : letales recesivos

B: alelo dominante de un gen que causa un fenotipo visible

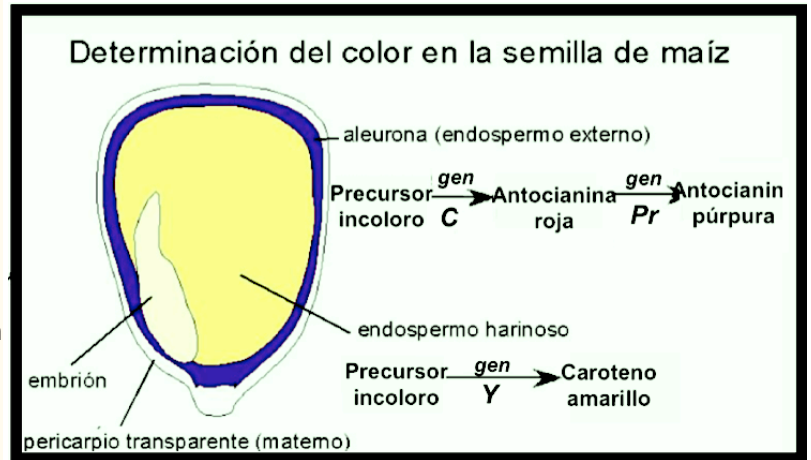
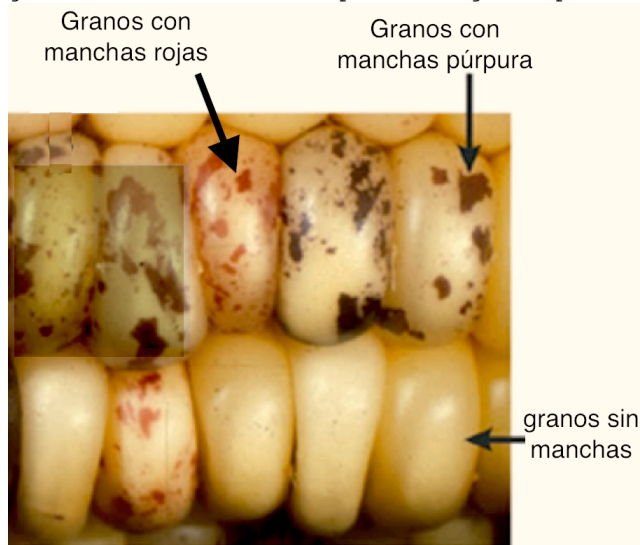
Cromosoma azul: cromosoma con inversiones que anulan la recombinación en hembras.

cn bw: cromosoma doble mutante para los alelos recesivos cinnabar y brown que determinan conjuntamente el ojo blanco cuando ambos están en homocigosis.

*: posible mutación de desarrollo.

Se aceptan otros esquemas.

4/4- Se dispone de tres líneas puras de maíz que producen granos de color amarillo (L1, L2 y L3). Cuando se cruzan entre sí las líneas L1 y L2, las mazorcas F1 resultantes presentan granos de color amarillo. Cuando se cruzan las plantas F1 con la línea L3, las mazorcas resultantes presentan el aspecto de la fotografía: mazorcas amarillas con algunos granos moteados. Dé una explicación genética indicando los posibles genotipos de las líneas. (2 puntos)



Las manchas corresponden a mutaciones somáticas que ocurren a muy alta frecuencia en algunos granos cuando se mezclan los genomas de las tres líneas. Esto se debe a un transposón que se moviliza en el último cruzamiento con la L3. Posiblemente, el transposón causa por inserción la mutación del gen C en una de las líneas (L1 o L2). Este transposón no se mueve de esta localización en la línea (L1 o L2) y llamaremos a ese mutante C*. Además, ya que el moteado solo se observa por cruzamiento con la línea L3, esta debe tener un elemento activador (Ac) de la escisión de ese transposón causando la recuperación de la función del gen de C* a C. Este elemento Ac no está presente en L1 ni en L2. Además, las otras líneas deben tener un gen C⁻ no funcional por otras razones. Una posibilidad es que las líneas sean:

- L1: C^{*}C^{*} Pr⁺Pr⁺ (amarillos)
 L2: C⁻C⁻ Pr⁻Pr⁻ (amarillos)
 F1: C^{*}C⁻ Pr⁺Pr⁻ (amarillos)
 L3: C⁻C⁻ Pr⁻Pr⁻ Ac (transposón completo seguramente en varias posiciones del genoma)

Descendencia de F1 x L3:

- C⁻C⁻ Pr⁻Pr⁻ Ac (amarillos)
 C⁻C⁻ Pr⁺Pr⁻ Ac (amarillos)
 C^{*}C⁻ Pr⁻Pr⁻ Ac (moteados en rojo)
 C^{*}C⁻ Pr⁺Pr⁻ Ac (moteados en púrpura)

Se aceptan otras explicaciones.