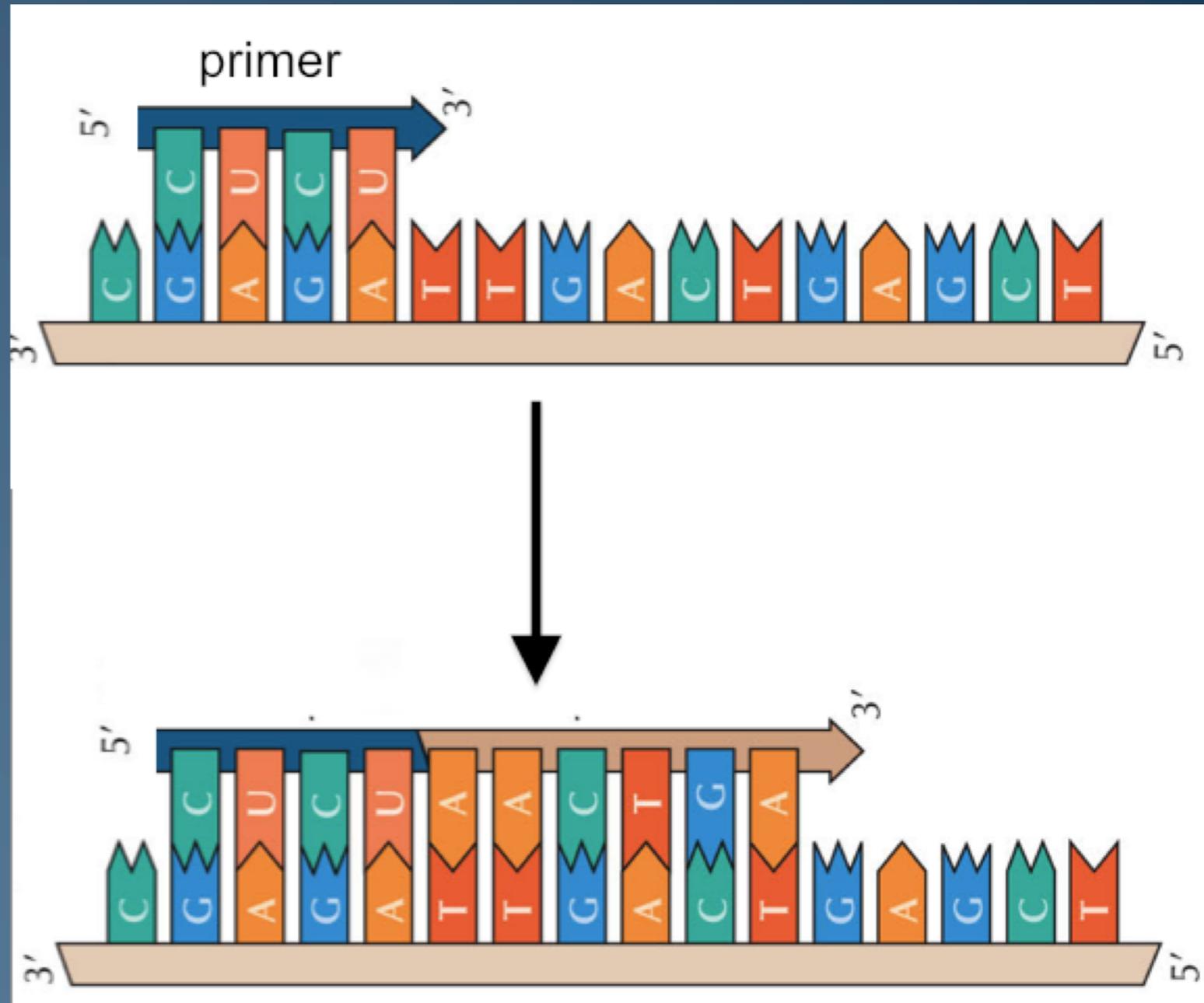
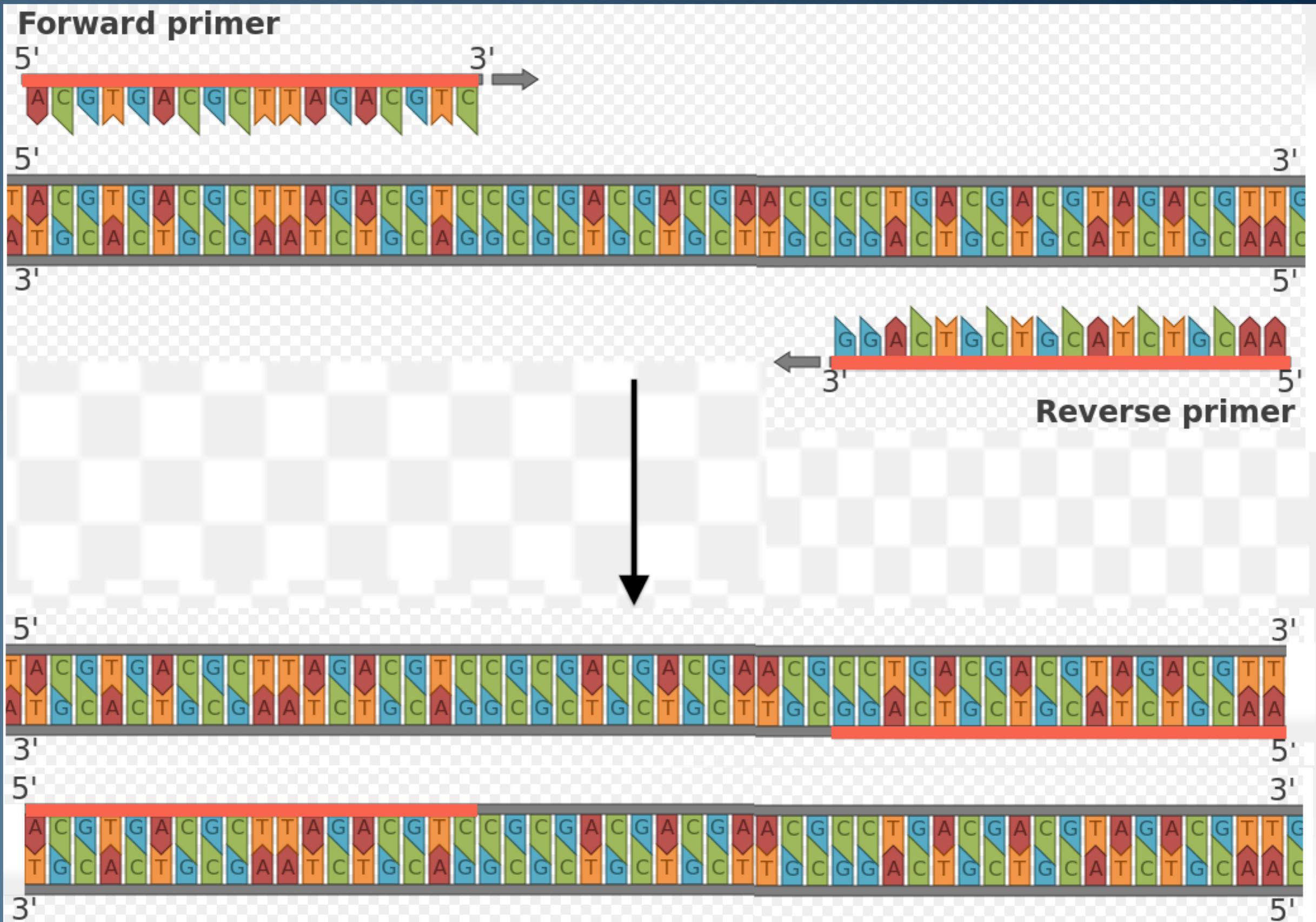


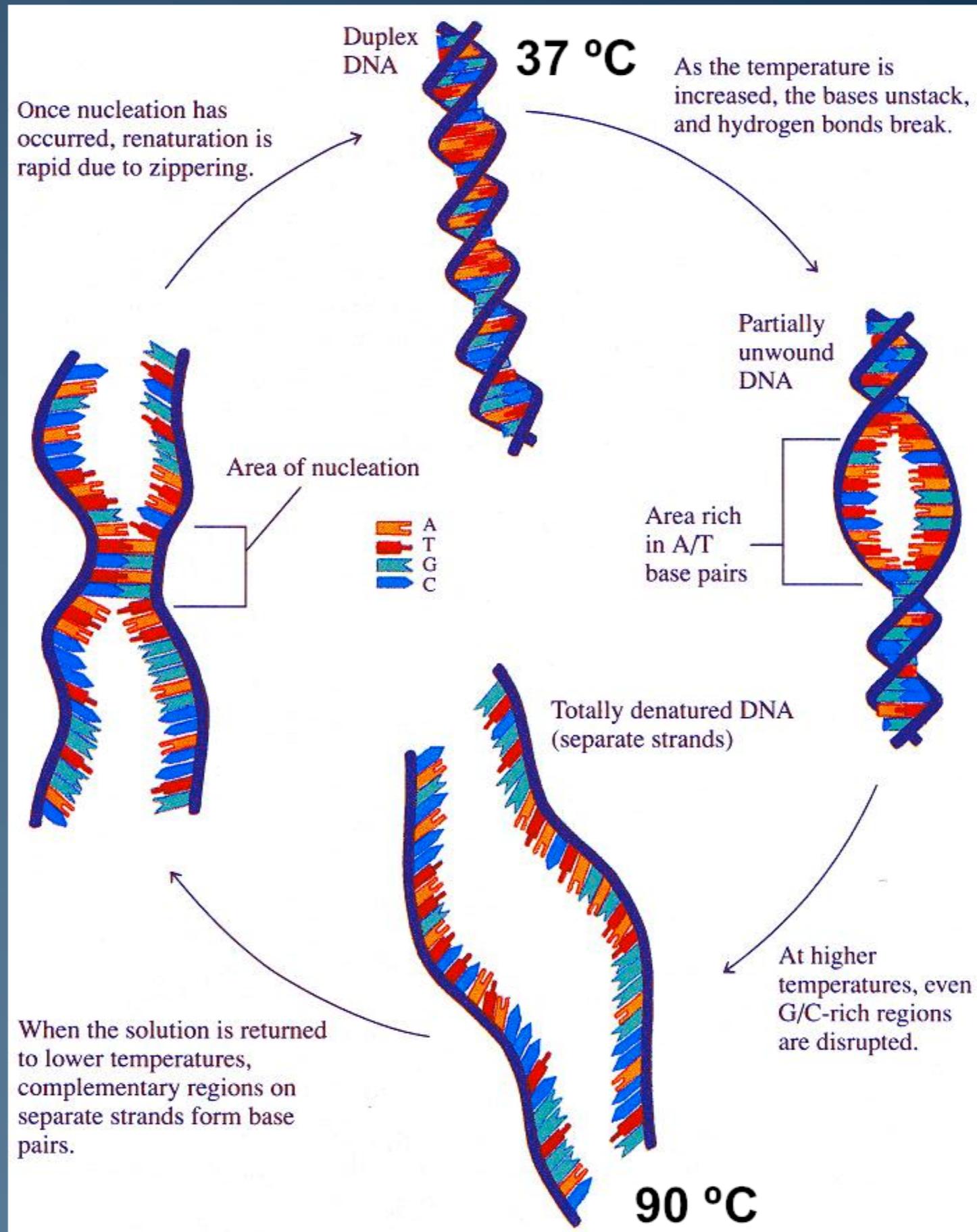
Replicación ADN con un solo primer:



Replicación ADN con dos primers contrapuestos:



Desnaturalización - Renaturalización



Termociclador

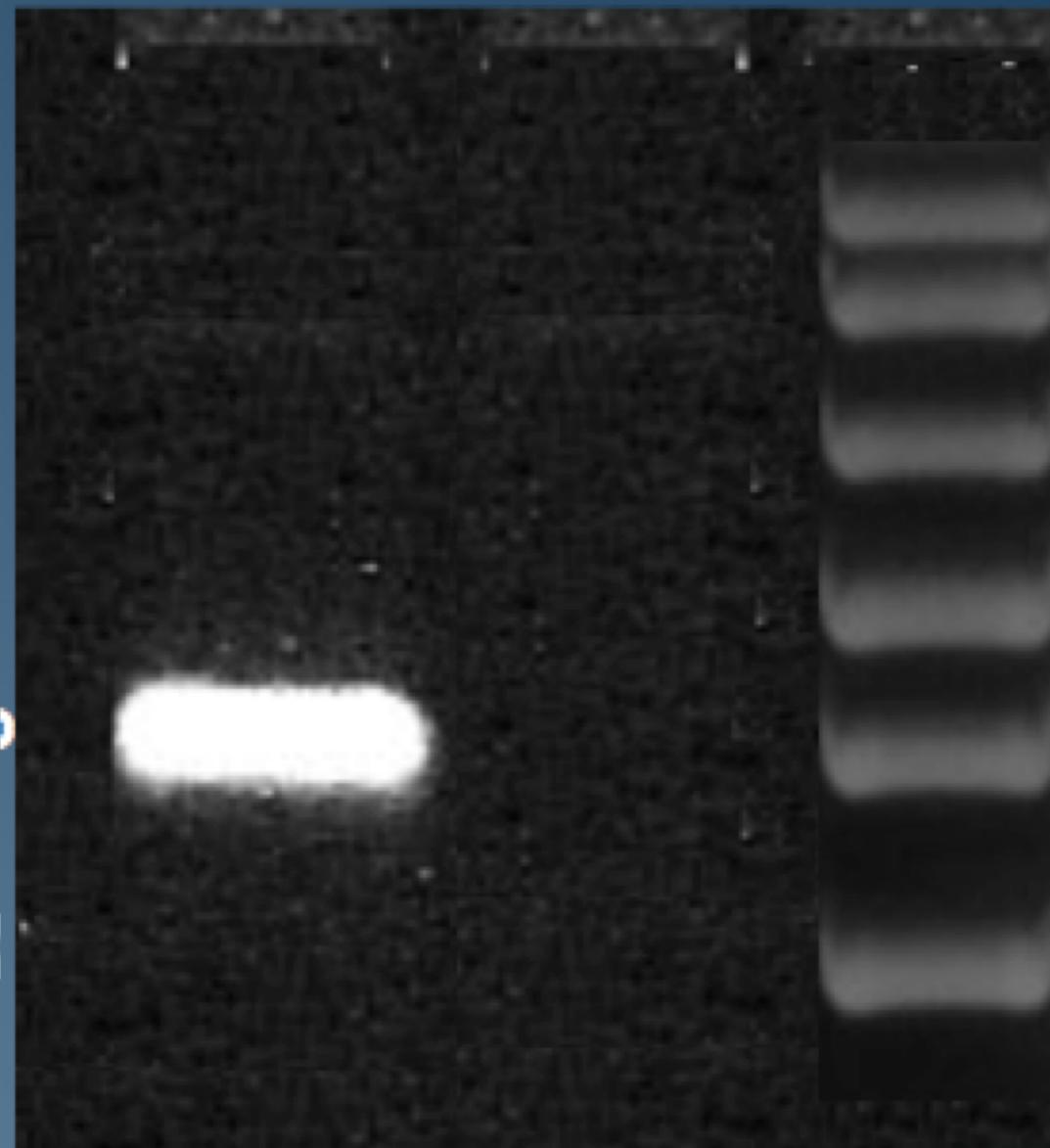


Electroforesis del producto de una PCR con primers específicos del gen omp1 de Chlamydia

muestra
positiva

muestra
negativa

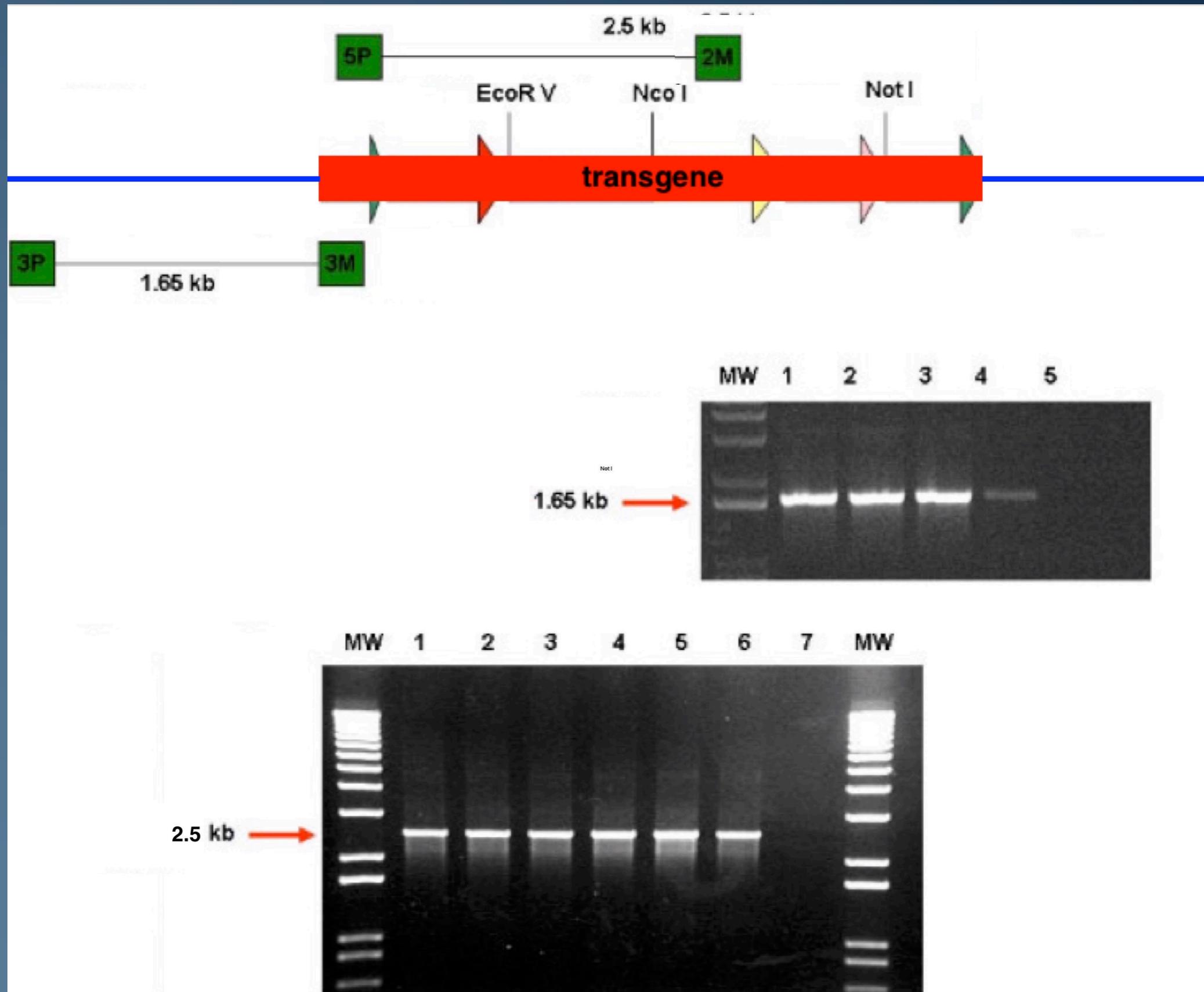
escalera



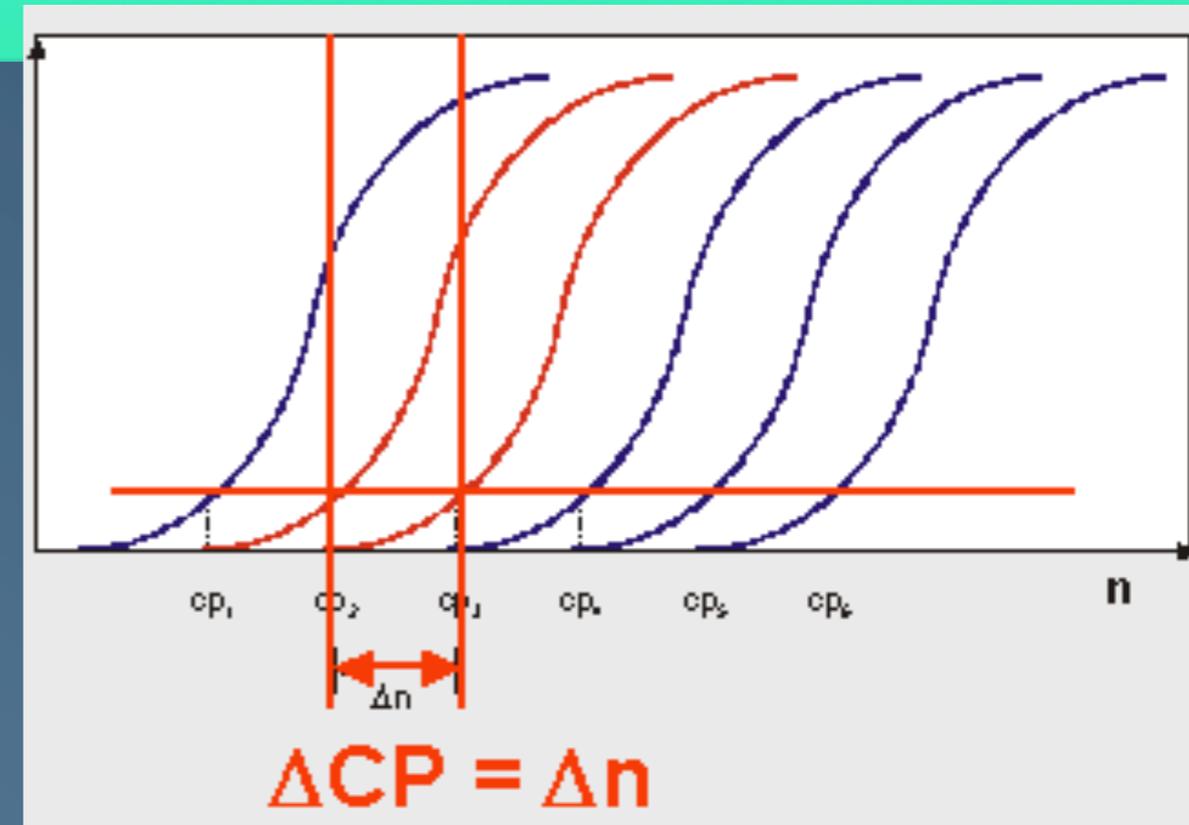
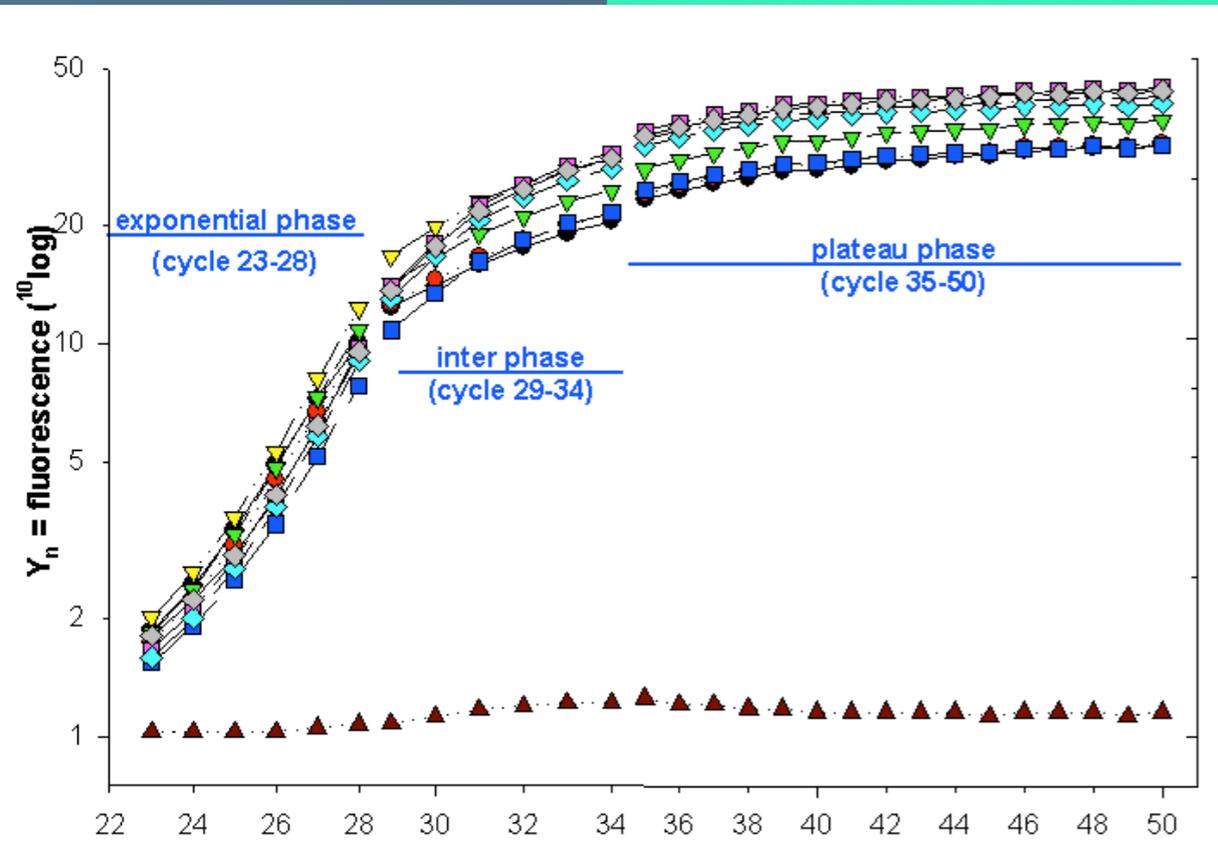
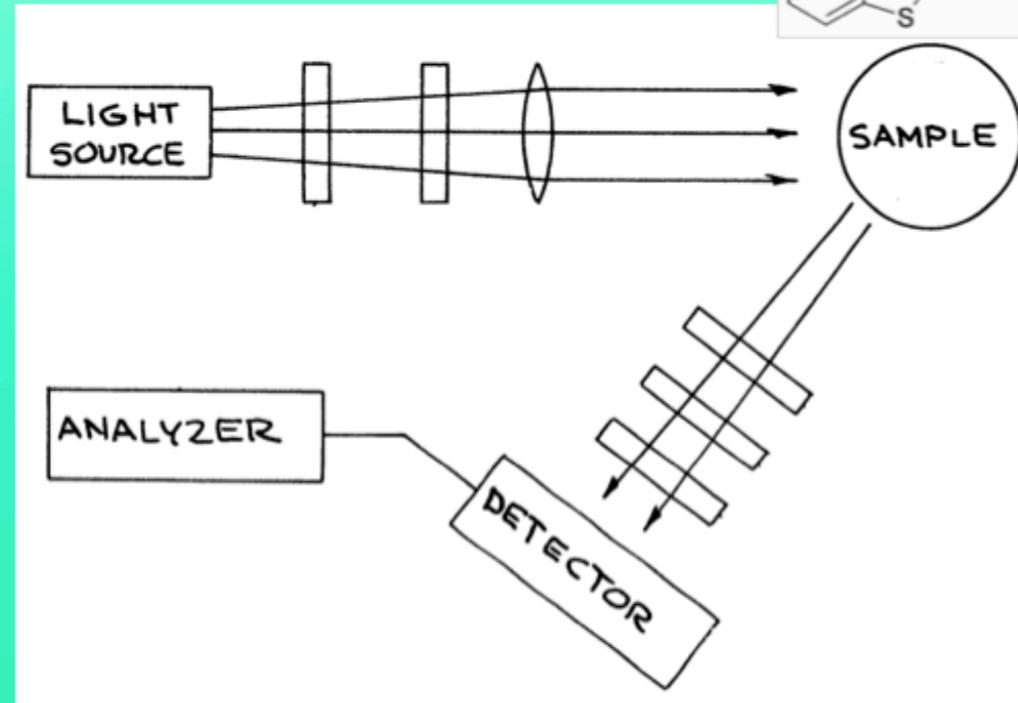
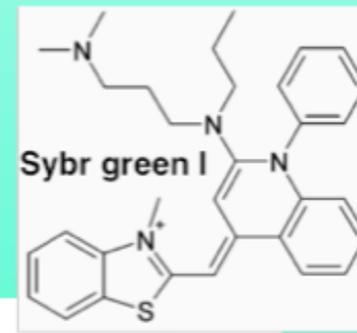
Amplicón de 200pb
(unos 40 ng o
unas 2×10^{11} copias)

TTCAATTTAGTTGGATTGTTTGGAGATAATGAAAATCAAA; TCGGCGCTCGCGCAGCTTTGTGGGAATGTG

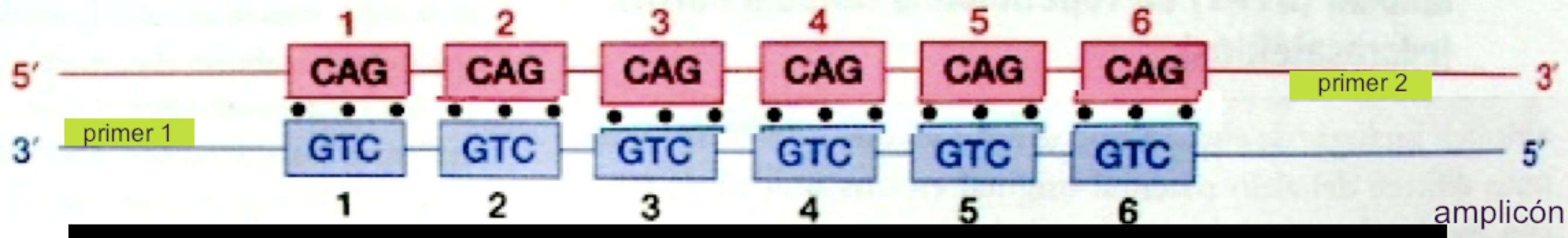
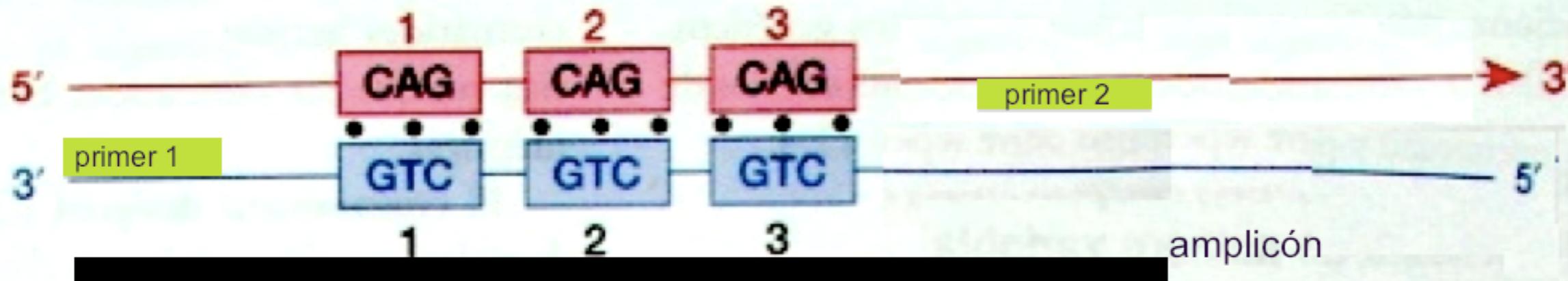
Electroforesis para comprobar la presencia de un transgen



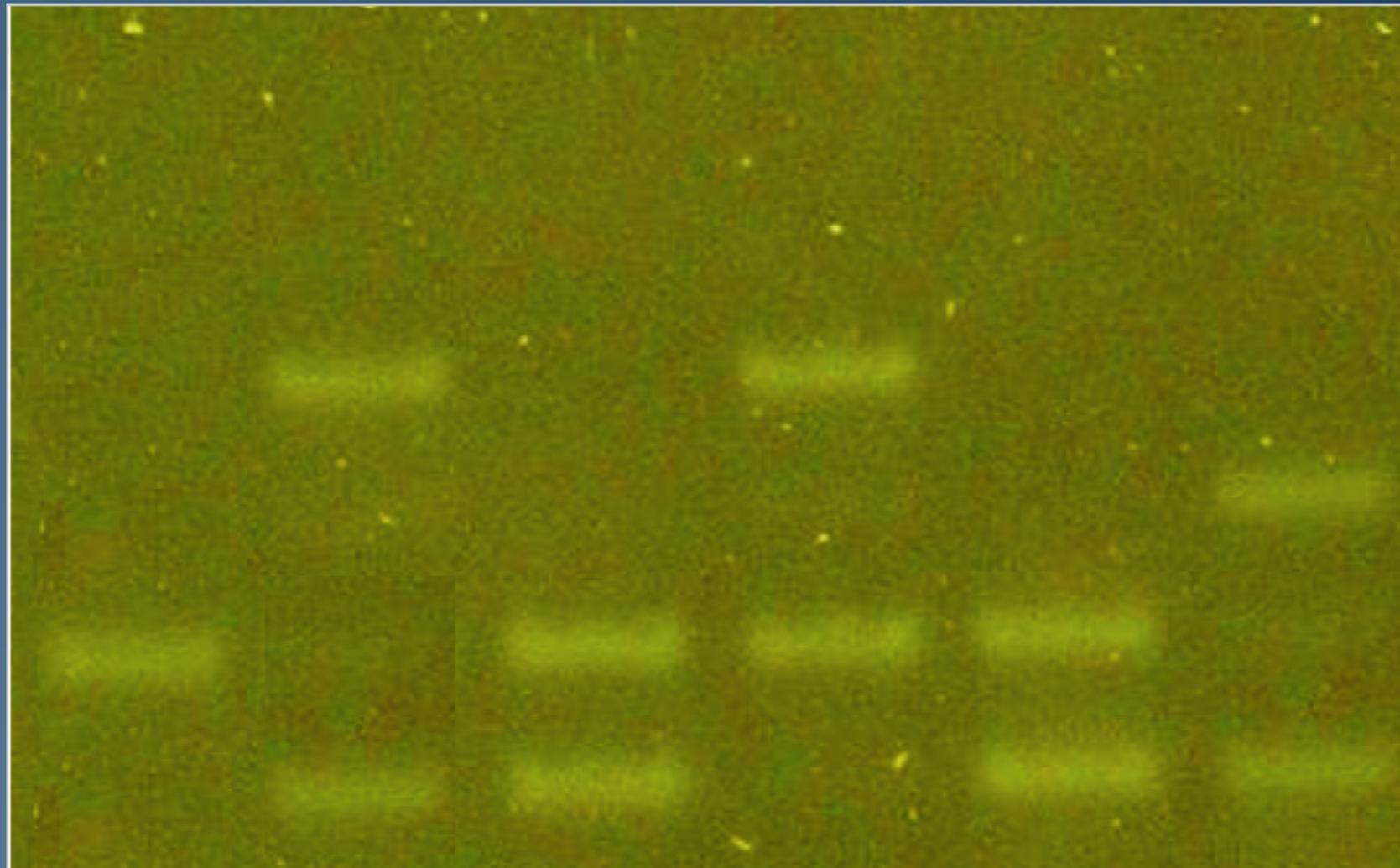
Real-Time PCR or qPCR:



Microsatélites o STRs



Homocigotos y heterocigotos para un microsatélite



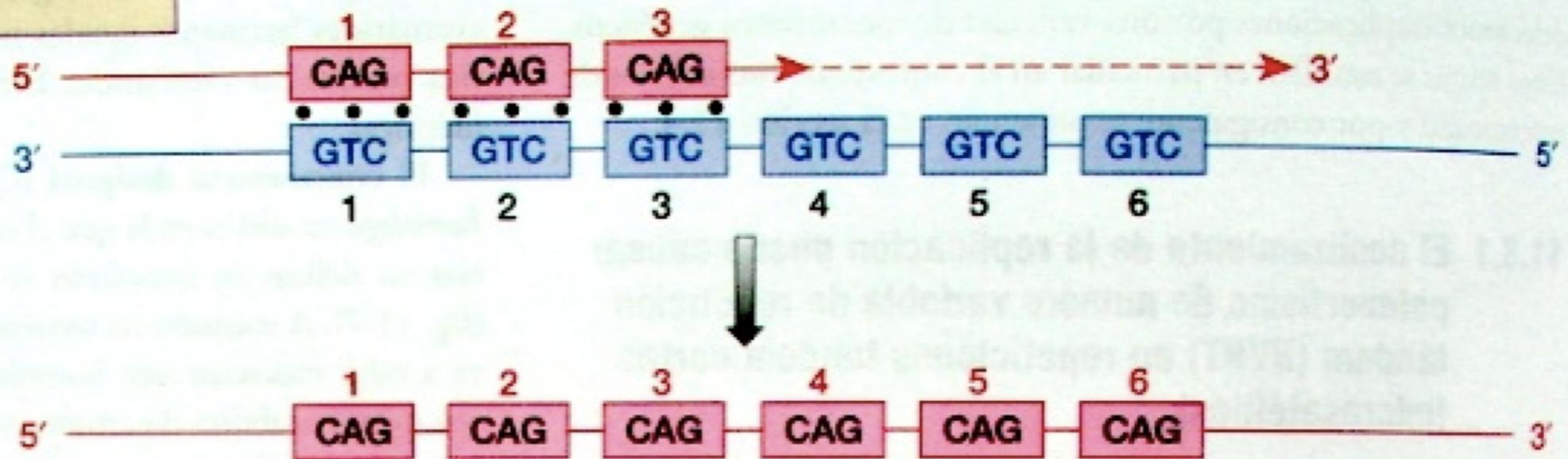
6x

5x

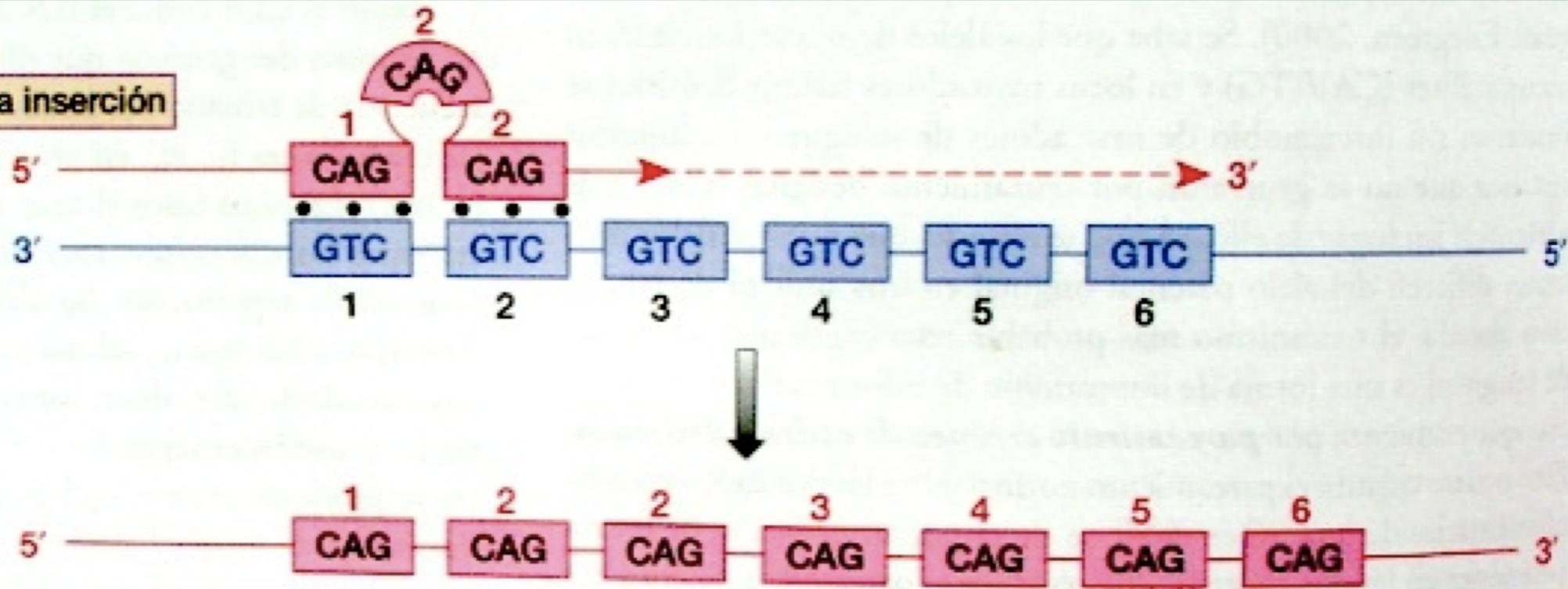
4x

3x

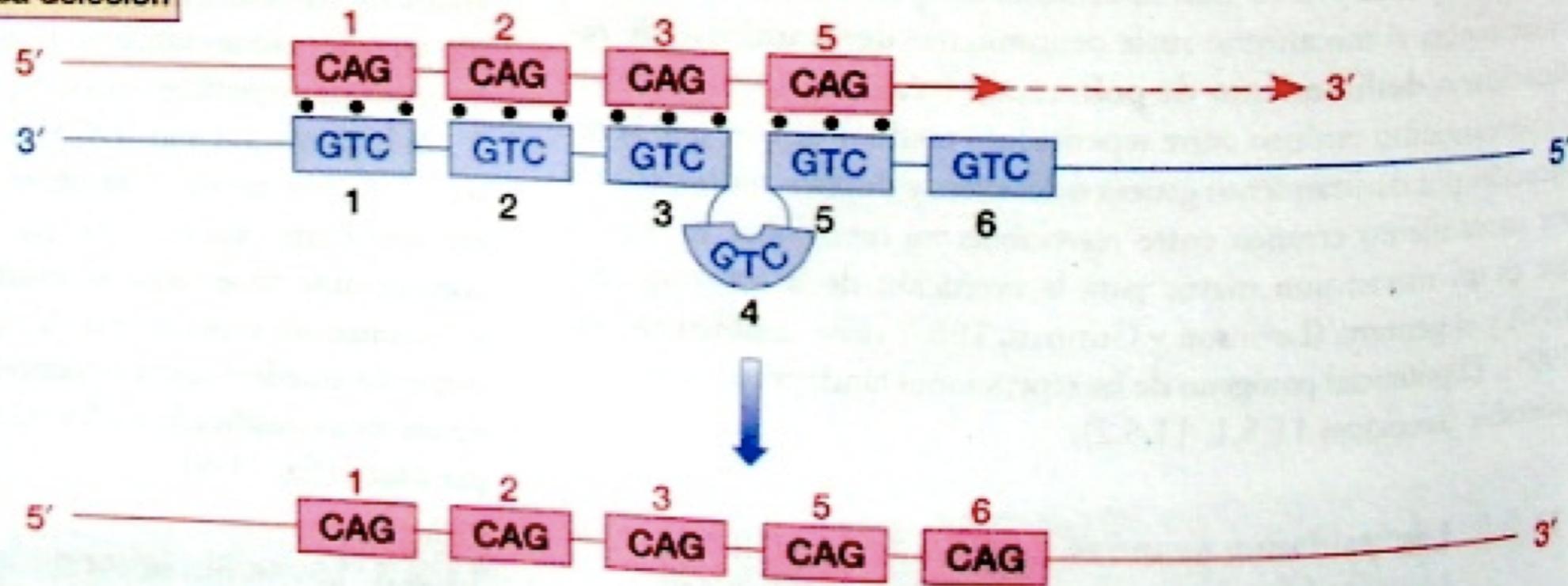
Replicación normal



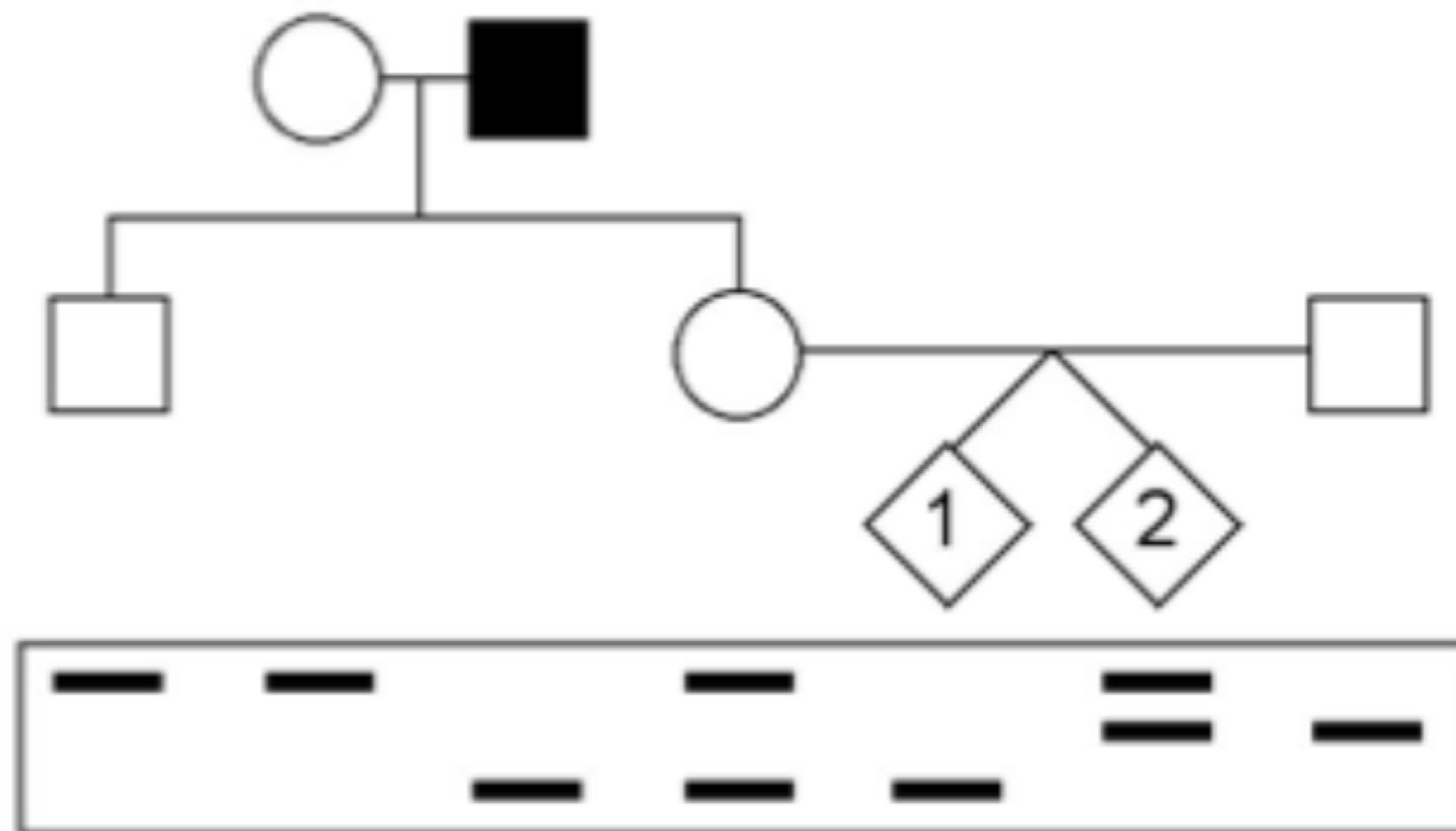
El deslizamiento retrógrado causa inserción

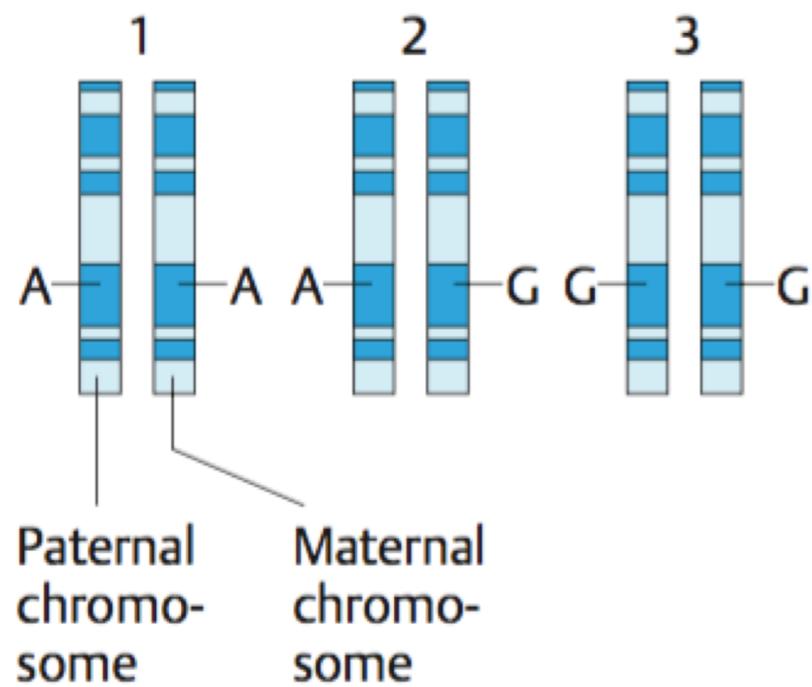


El deslizamiento anterógrado causa deleción

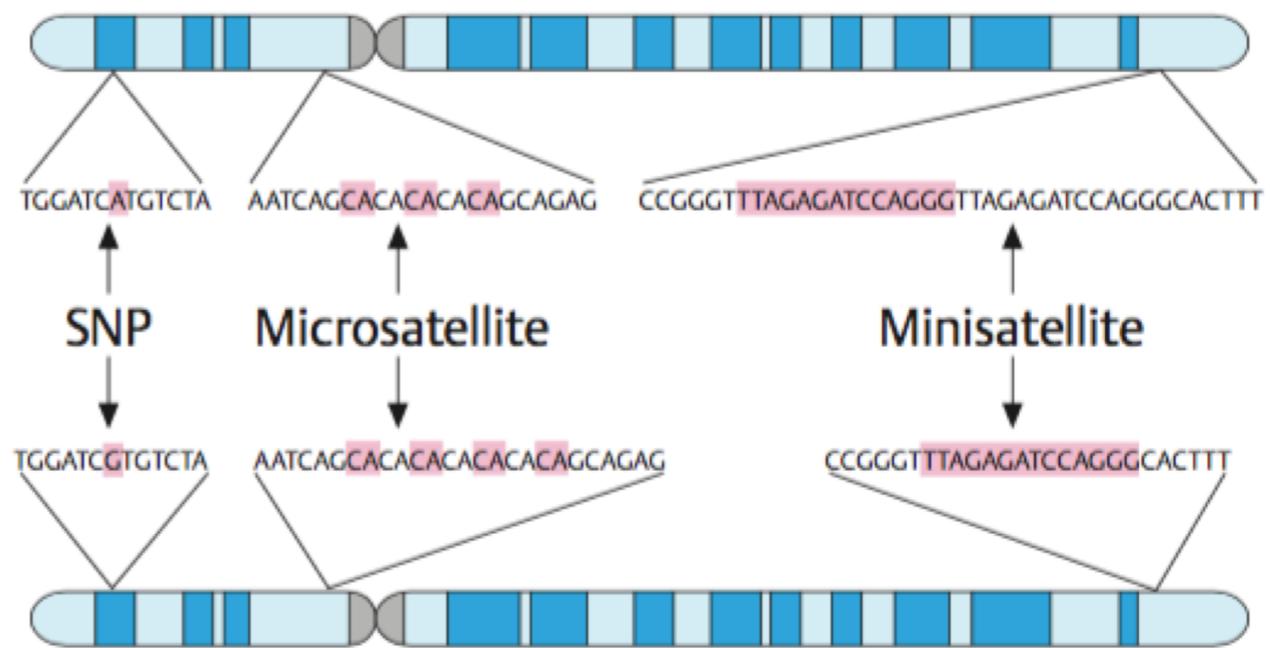


52.- En la siguiente genealogía, el hombre de negro presenta una anomalía causada por una mutación recesiva localizada en el cromosoma X. La mujer II-2 está embarazada de los gemelos 1 y 2. La familia y los dos fetos fueron analizados para un microsatélite ligado al gen cuya deficiencia causa la anomalía ($r=0,02$). El resultado del análisis del microsatélite se presenta encolumnado con los individuos correspondientes de la genealogía. Indique el sexo de los gemelos y calcule las probabilidades de que estén afectados o de que sean portadores de la anomalía

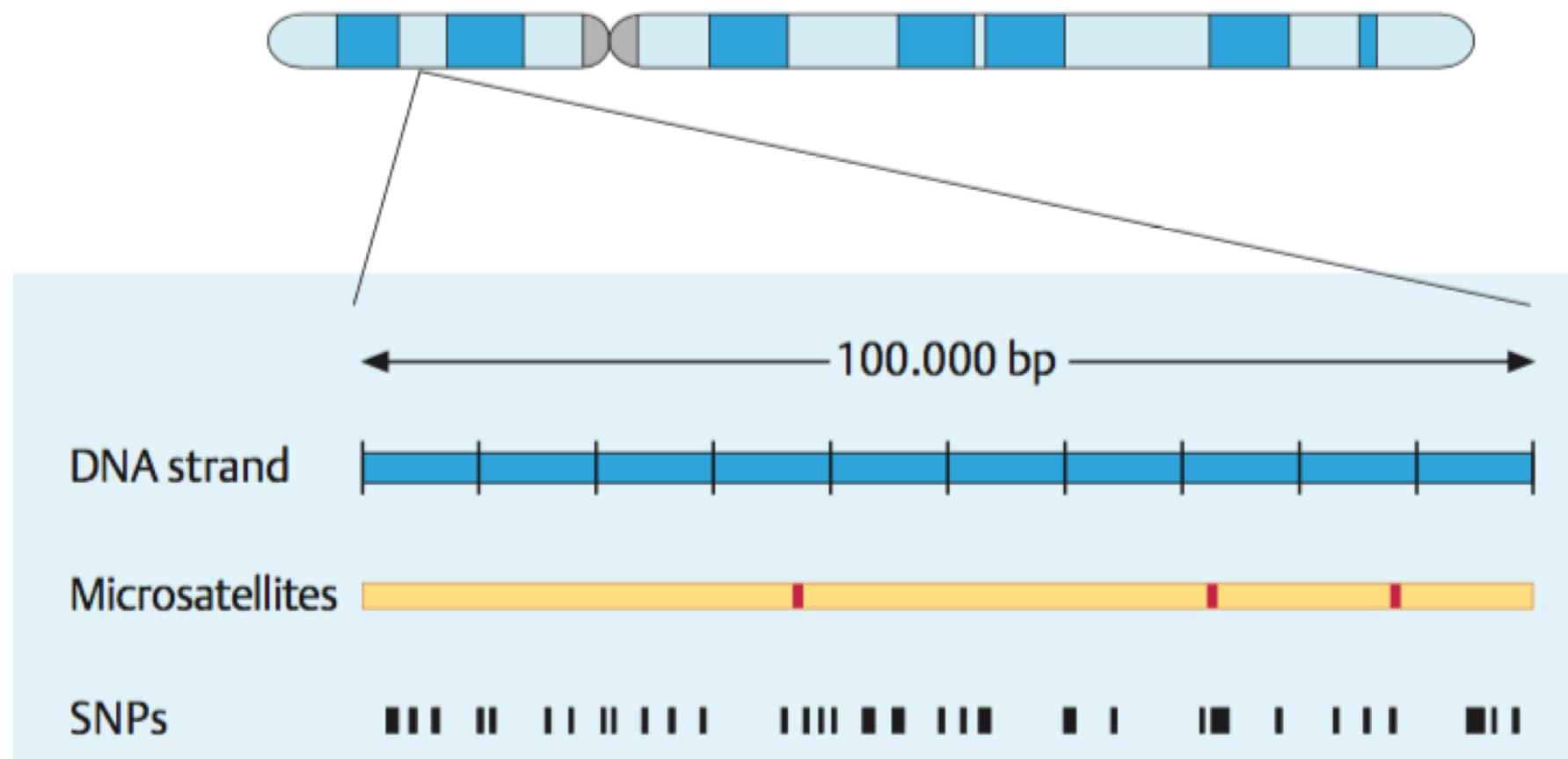




A. Single nucleotide polymorphism

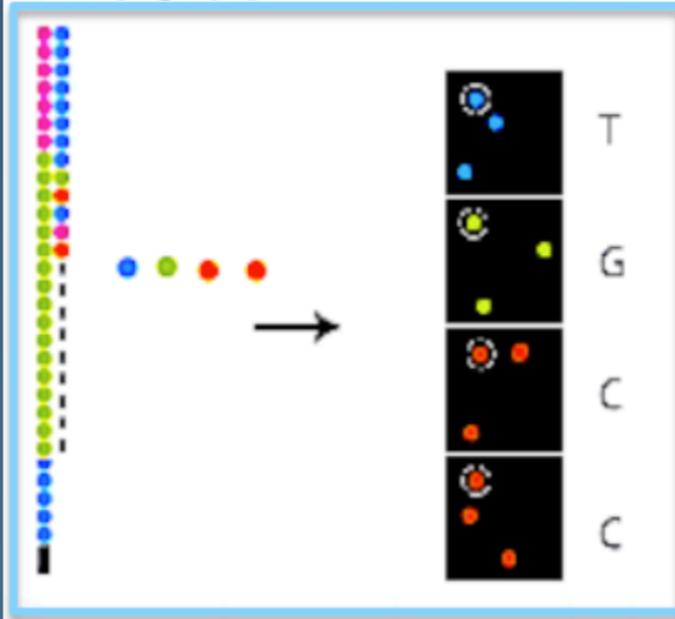


B. SNP, microsatellite, minisatellite

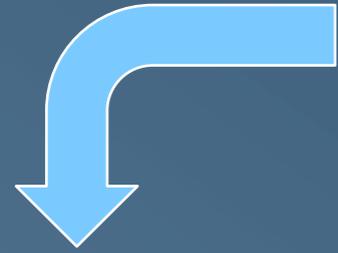
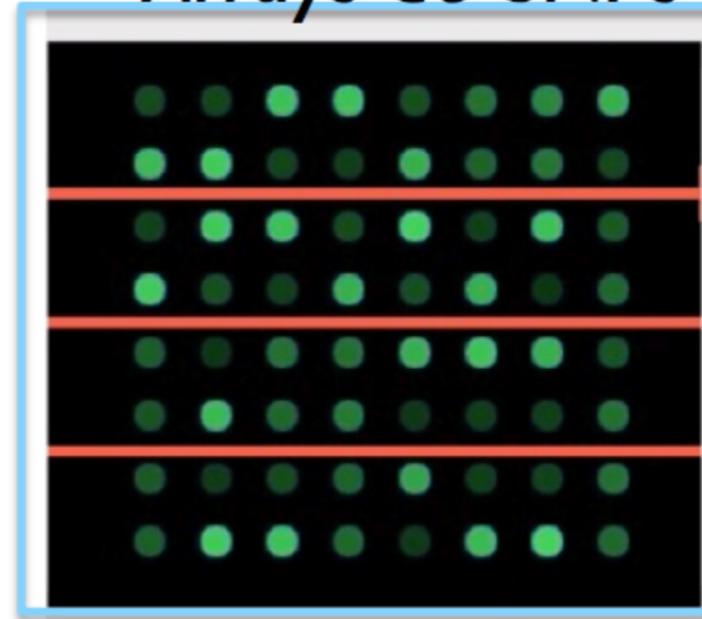


C. Genetic variability along a stretch of 100 000 bp

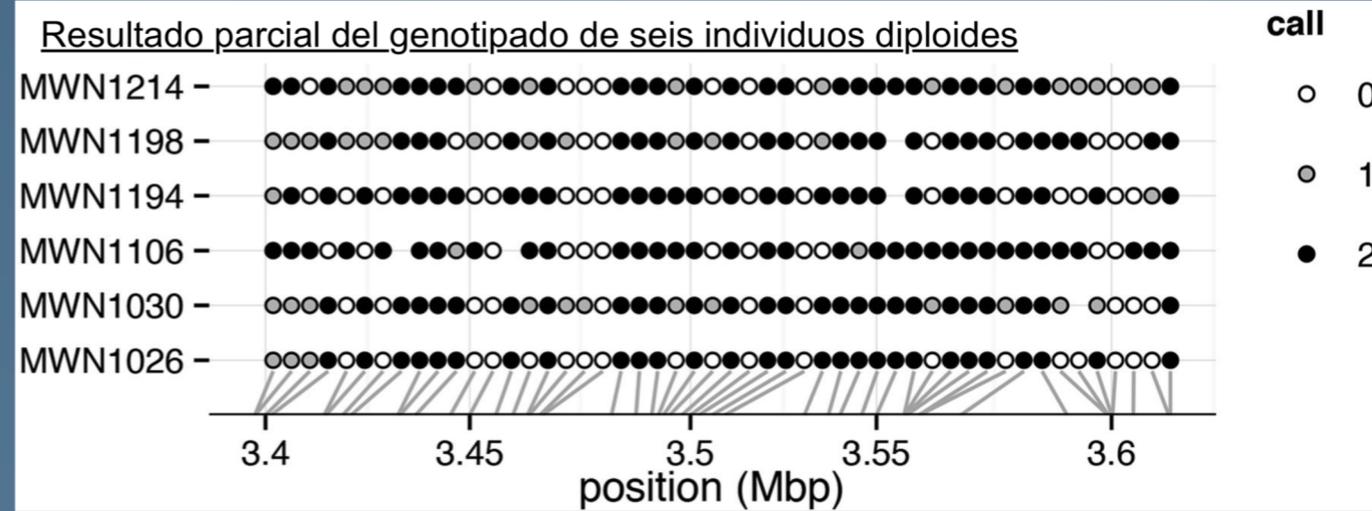
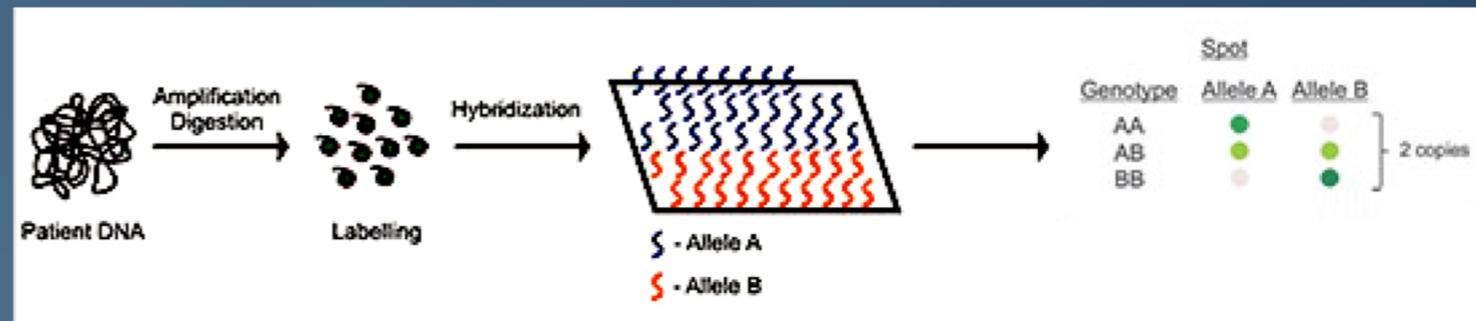
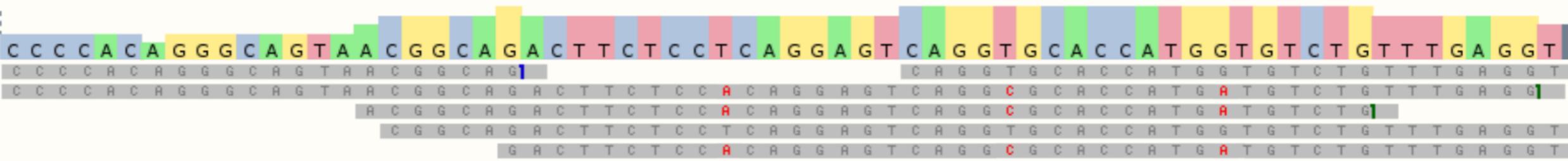
Secuenciación masiva



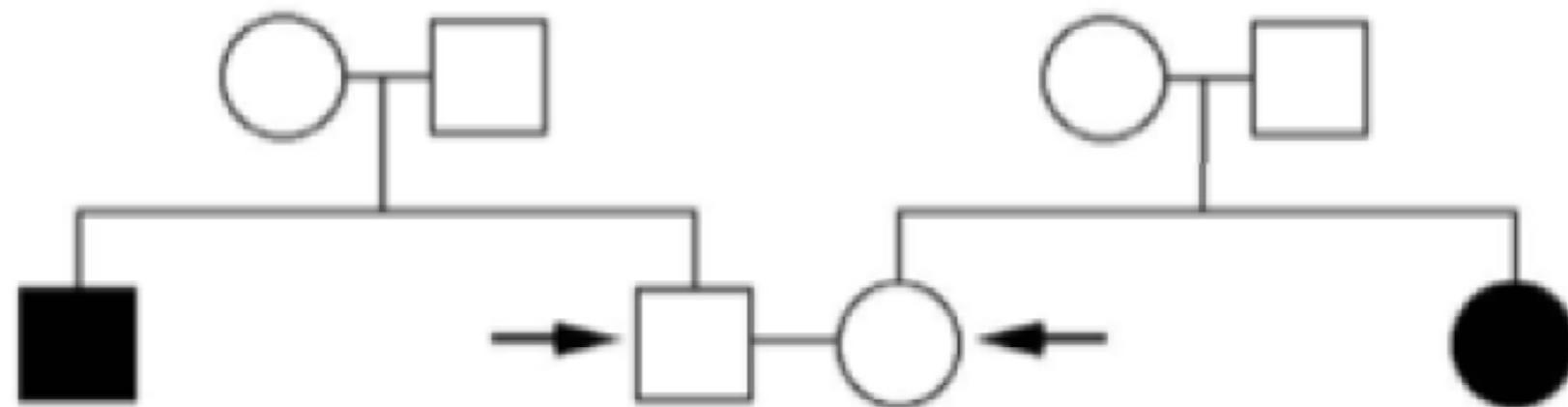
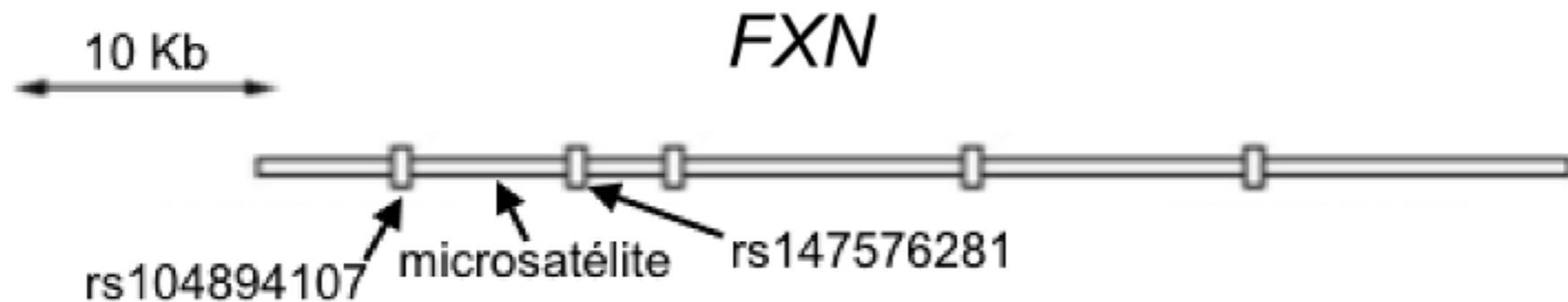
Genotipado por Arrays de SNPs



Fragmento de fichero resultante de secuenciación masiva de un individuo diploide



La ataxia de Friedreich es una enfermedad recesiva causada por diversas mutaciones en el gen FXN. La más frecuente es la expansión de un microsatélite del trinucleótido GAA que se repite un gran número de veces en los individuos afectados. Además hay otras mutaciones puntuales que también causan la enfermedad. Entre ellas está el SNP causal rs104894107 (G->T). Otras mutaciones puntuales no afectan a la función, por ejemplo el SNP rs147576281 (T/C). La genealogía muestra a una pareja que solicita consejo genético sobre la posibilidad de tener hijos afectados de ataxia. Los genotipos se indican encolumnados con los individuos.



rs104894107:	G/G	G/G	G/G	G/G	G/G	G/G	G/T	G/T
micro.reps:	720/800	750/20	680/20	790/30	25/15	15/20	25/35	10/25
rs147576281:	T/T	T/C	T/T	T/C	T/C	T/C	T/T	T/C

50.- Una de las variedades transgénicas de soja ($2n=40$) obtenidas por Monsanto contiene el transgén *cp4 epsps*, que confiere resistencia al herbicida glifosato. El transgén, del que se conoce la secuencia completa, es dominante y se localiza en una posición concreta del cromosoma 8 de la variedad original transgénica. Se ha comprado a Monsanto la licencia de este transgén, con el objeto de transferirlo a la variedad de soja "Chu-Ling", muy productiva y mejor adaptada a determinado ambiente. Para ello se planea realizar una serie de retrocruzamientos repetidos utilizando como parental recurrente la variedad Chu-Ling.

- a) Haga un esquema sobre el procedimiento a seguir para realizar la transferencia del transgén, indicando qué selección sería necesaria en cada generación y como llevarla a cabo.
- b) Calcule el número de retrocruzamientos necesarios para obtener una línea que tenga el transgén y aproximadamente el 97% del genoma de la variedad Chu-Ling.
- c) Se sabe que la variedad Chu-Ling tiene un alelo dominante de interés agronómico en un gen situado a 5 cM del transgén. Diseñe una estrategia para que la nueva línea mejorada contenga el alelo de interés de la variedad Chu-Ling, además del transgén, ambos en homocigosis.

Introducción de un gen dominante por retrocruzamiento en plantas

El objetivo que se persigue con este procedimiento es mejorar una variedad (línea receptora) mediante la adquisición de una característica que viene determinada por un gen dominante presente en otra variedad (línea donante). Por ejemplo, si se tiene una buena variedad cultivada que es susceptible a determinado patógeno y se dispone de una variedad silvestre que contiene un gen dominante que le confiere resistencia a ese patógeno, con este sistema se puede obtener una línea con las mismas características de la variedad cultivada y que, además, sea resistente a la enfermedad. Básicamente, el procedimiento consiste en realizar un cruzamiento inicial entre las dos variedades seguido de varios retrocruzamientos entre plantas seleccionadas de cada generación que muestren el fenotipo deseado y la variedad que se quiere mejorar como parental recurrente.

