



PROCESSO SELETIVO 2011.2

AValiação DE CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS

Nome: _____ Data: _____

1. (1,0) Tatu Aida investigou a base genética da variação da cor na Medaka (*Aplocheilus latipes*), um pequeno peixe que ocorre naturalmente no Japão (T.Aida 1921. Genetics 6:554-573). Aida descobriu que genes em dois *loci* (B,b e R,r) determinam a cor do peixe: peixe com alelos dominantes nos dois loci (B_R_) são marrons; peixes com o alelo dominante apenas no locus B (B_rr) são azuis; peixes com o alelo dominante apenas no locus R (bbR_) são vermelhos; e peixes com alelos recessivos nos dois *loci* (brrr) são brancos. Aida cruzou um peixe homocigoto marrom com um peixe homocigoto branco. Ele então entrecruzou a F1 com um genitor branco homocigoto e obteve 228 peixes marrons, 230 peixes azuis, 237 peixes vermelhos e 222 peixes brancos.

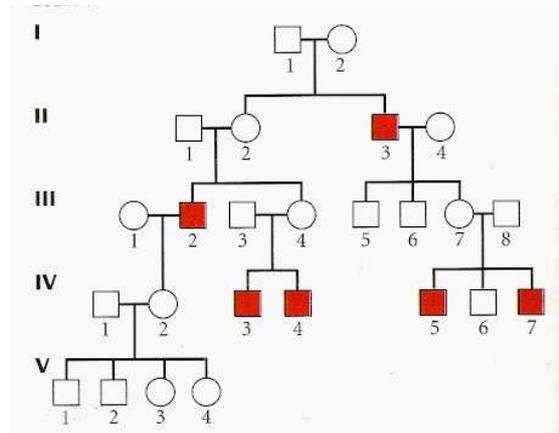
a. Cite o genótipo da prole retrocruzada. (0,1)

b. Que resultados (genotípico e fenotípico) você esperaria de um cruzamento entre um peixe vermelho homocigoto e um peixe branco? (0,3)

c. Que resultados (genotípico e fenotípico) você esperaria se fizesse o cruzamento de um peixe vermelho homocigoto com um peixe azul homocigoto e então fizesse o retrocruzamento da F1 com um peixe parental vermelho homocigoto? (0,3)

d- A variação da cor na Medaka (*Aplocheilus latipes*) segue a mesma proporção genotípica dos cruzamentos diíbridos, porém com o surgimento de novos fenótipos. Como isso ocorre? (0,3)

2- (1,0) O heredograma seguinte ilustra a síndrome de Nance-Horan, uma condição genética rara na qual as pessoas afetadas têm cataratas e dentes de forma anormal.



a. Com base nesse heredograma, o que você acha que é o modo mais provável de herança para a síndrome de Nance-Horan? Explique sua resposta. (0,4)

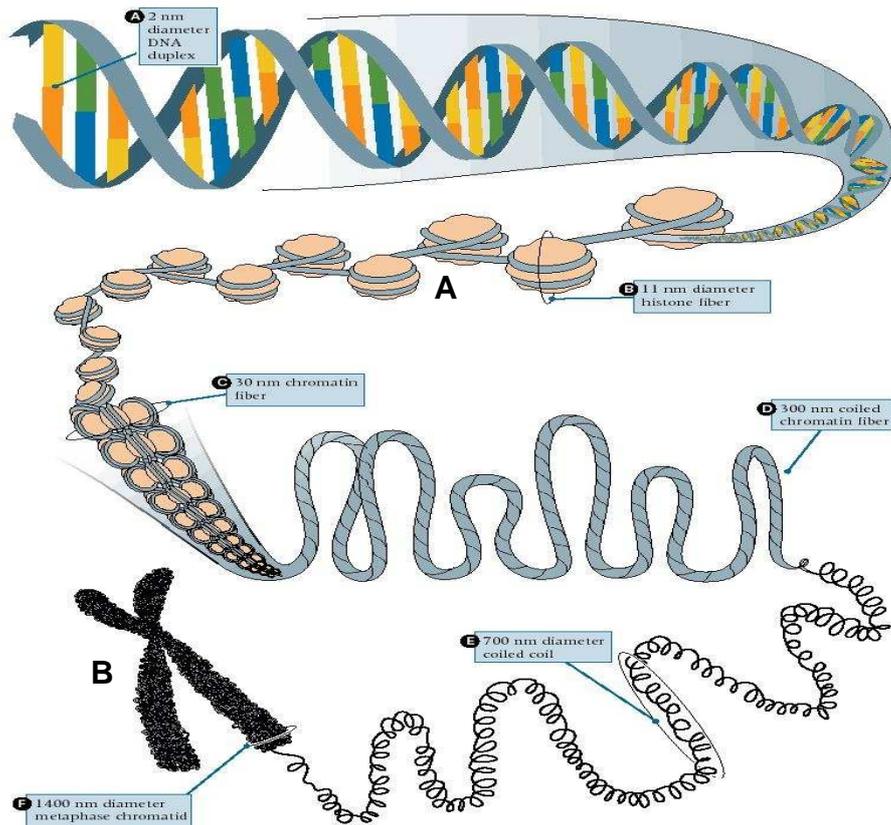
b. Se o casal III-7 e III-8 tiverem outro filho, qual a probabilidade de que a criança tenha a síndrome de Nance-Horan? (0,3)

c. Se III-2 e III-7 fossem se reproduzir qual a probabilidade de que um de seus filhos tenha síndrome de Nance-Horan? (0,3)

3. (2,0) O DNA de uma célula humana típica apresenta um comprimento total de 2 metros. O núcleo possui apenas 5 µm de diâmetro. Assim, mesmo que o DNA do núcleo em interfase esteja em atividade, ele ainda é impressionantemente compactado. Essa compactação é alcançada principalmente devido à associação de proteínas com o DNA cromossomal.

a. A partir do exposto, explique como ocorre a compactação do DNA até a fibra de 30nm. (1,0)

b. Em que fase do ciclo celular é possível encontrar as organizações observadas nas letras A e B? (1,0)



4. (1,0) São dadas a seguir, uma seqüência de um DNA eucariótico e a respectiva fita de RNAm correspondente a essa seqüência.

DNA:

5' ATA GAG CCC TCA ACC GGA ATG GCT TCT AAC TTT ACT CAG TTC
 3' TAT CTC GGG AGT TGG CCT TAC CGA AGA TTG AAA TGA GTC AAG

GTA GTC GTG CCA GTA TTT ACC GAC GAA TGG ATG AGC TCC GGC ATC
 CAT CAG CAC GGT CAT AAA TGG CTG CTT ACC TAC TCG AGG CCG TAG

TAC TAA TAG ACG CCG GCC ATT 3'
 ATG ATT ATC TGC GGC CGG TAA 5'

RNAm:

5' 7mG AUA GAG CCC UCA ACC GGA AUG GCU UCU AAC UUU ACU CAG
 UUC GUA GUC GUG GAA UGG AUG AGC UCC GGC AUC UAC UAA UAG
 ACG CCG GCC AUU AAAAAAAAAAAAAAAAAA 3'

Pergunta-se:

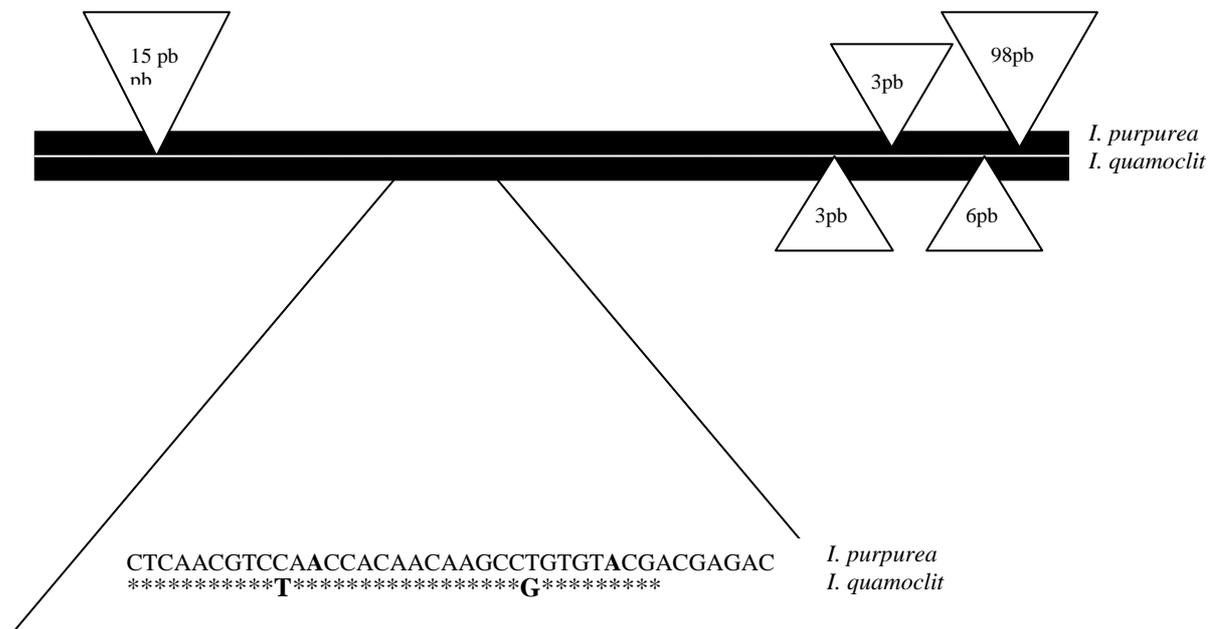
1. (0,4) Qual a enzima que sintetiza o RNAm e como se dá o início da transcrição?
2. (0,4) Por que a fita de RNAm não corresponde inteiramente à fita de DNA?
3. (0,2) Qual a sequência de aminoácidos do polipeptídeo traduzido do RNAm?

ANEXO 1

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

5. (1,0) Algumas proteínas humanas de importância médica, tais como a insulina e o hormônio de crescimento, hoje estão sendo produzidas em bactérias. Usando ferramentas de engenharia genética, é possível inserir esses genes que codificam essas duas proteínas em bactérias. Você quer introduzir um gene humano em *Escherichia coli* e fazer com que este gene produza grandes quantidades do produto gênico humano nas células bacterianas. A partir da definição atual do gene, que o considera como uma unidade de transcrição, e sabendo que a organização gênica de procariontes é diferente da organização gênica dos eucariotes, explique os dois problemas biológicos envolvidos nesse processo.

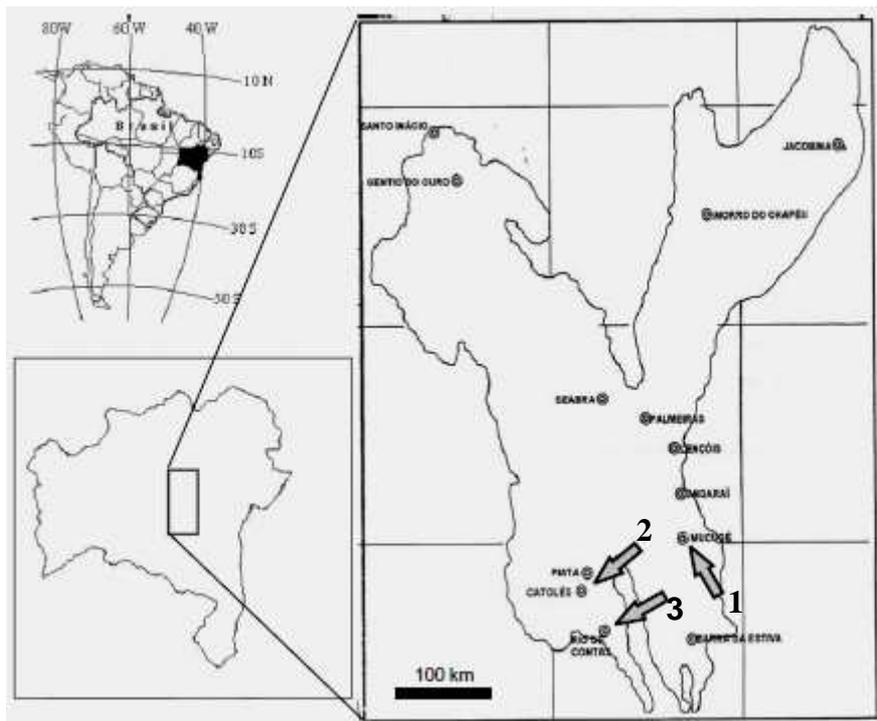
6. (2,0) Zufal e Rausher (2004) estudaram as mudanças genéticas associadas à adaptação floral em *Ipomoea* tendo analisado comparativamente genes relacionados à produção de pigmentos. Um dos genes analisados, denominado, Dfr aparece em 3 cópias (Dfr-A, Dfr-B e Dfr-C) e ao comparar o gene Dfr-B de duas espécies – *Ipomoea purpurea* e *I. quamoclit* (uma de flor azul-purpúreo e outra de flor vermelha) - foram encontradas quatro pequenas inserções (15, 3, 3 e 6pb) e uma grande inserção de 98 pb. Duas substituições de nucleotídeo que implicam em substituição de aminoácidos foram detectadas numa porção do gene que está envolvida na especificidade da enzima ao substrato. Analise com atenção o esquema abaixo e responda:



- Explique como cópias de um mesmo gene podem surgir no genoma de uma espécie. (0,4)
 - Se as cópias estiverem no mesmo cromossomo
 - Se as cópias estiverem em cromossomos diferentes
- Analise as conseqüências do uso, em uma mesma análise filogenética, de sequencias de Dfr-A e Dfr-B. (0,2)
- Classifique a 1ª substituição de base ilustrada no esquema (0,4)
 - com relação a alteração ocorrida no DNA
 - com relação a alteração ocorrida na proteína

- d) O que pode gerar o surgimento das inserções ilustradas para Dfr-B? (0,2)
- e) Explique por que as inserções ilustradas devem causar pouco ou nenhum efeito na expressão do gene. (0,4)
- f) Analise qual das mutações esquematizadas pode estar fortemente relacionada com a especiação no gênero *Ipomea*. (0,4)

7. (2,0) Um grupo de pesquisadores baianos estudou a variabilidade genética das populações de uma espécie endêmica e ameaçada da Chapada Diamantina através de marcadores isoenzimáticos (dados retirados de Pereira et al., 2007, publicados no B. J. of Linnean Society, 153: 401-416). Foram amostradas seis populações do município de Mucugê (M1 a M6), três de Rio de Contas (R1 a R3) e uma de Catolés (C1), conforme mapa abaixo:



OBS.: 1. Mucugê; 2. Catolés; 3. Rio de Contas.

A tabela a seguir apresenta o número médio de indivíduos analisados (N), o número médio de alelos detectados por loci analisado (A), o percentual de loci polimórficos (P_t) e a

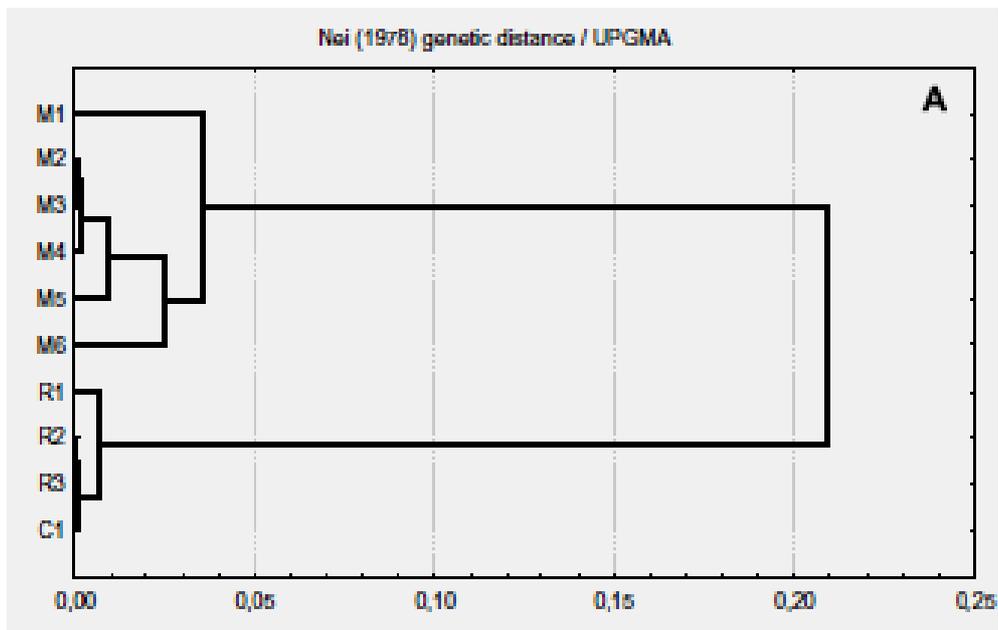
taxa de heterozigidade observada (H_o), e seus respectivos desvios padrões, para cada população.

| Population | N | A | P_L | H_e | H_o |
|------------|------------|-----------|-------|---------------|---------------|
| M1 | 23.9 (2.4) | 1.4 (0.2) | 35.7 | 0.144 (0.065) | 0.164 (0.062) |
| M2 | 24.8 (2.2) | 1.3 (0.1) | 28.6 | 0.095 (0.042) | 0.108 (0.049) |
| M3 | 49.5 (5.6) | 1.4 (0.2) | 28.6 | 0.069 (0.041) | 0.110 (0.051) |
| M4 | 26.8 (2.6) | 1.4 (0.2) | 28.6 | 0.081 (0.053) | 0.113 (0.055) |
| M5 | 49.4 (5.3) | 1.5 (0.2) | 28.6 | 0.108 (0.056) | 0.115 (0.051) |
| M6 | 25.6 (2.5) | 1.3 (0.1) | 21.4 | 0.077 (0.051) | 0.078 (0.045) |
| R1 | 18.6 (4.0) | 1.2 (0.1) | 14.3 | 0.014 (0.010) | 0.026 (0.015) |
| R2 | 11.8 (2.4) | 1.2 (0.1) | 21.4 | 0.011 (0.008) | 0.053 (0.032) |
| R3 | 11.2 (2.4) | 1.2 (0.2) | 14.3 | 0.027 (0.023) | 0.061 (0.042) |
| C1 | 26.9 (5.7) | 1.1 (0.1) | 14.3 | 0.016 (0.014) | 0.059 (0.040) |

A próxima tabela apresenta a frequência dos alelos em alguns dos 14 loci amostrados nas doze populações:

| Locus | M1 | M2 | M3 | M4 | M5 | M6 | R1 | R2 | R3 | C1 |
|--------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| PGI-1 | | | | | | | | | | |
| 100 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 19 | 46 |
| PGI-2 | | | | | | | | | | |
| 100 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | - | - | - | - |
| 107 | - | - | - | - | - | - | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 19 | 46 |
| IDH | | | | | | | | | | |
| 100 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | - | - | - | - |
| 105 | - | - | - | - | - | - | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 19 | 46 |
| SKDH | | | | | | | | | | |
| 94 | - | - | - | - | 0.016 | - | - | - | - | - |
| 100 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 0.984 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 1.000 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 19 | 27 |
| PGM | | | | | | | | | | |
| 82 | 0.036 | - | - | - | - | - | 0.032 | - | 0.026 | - |
| 100 | 0.768 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | 0.960 | 0.984 | 0.968 | 0.868 | 0.789 | 0.739 |
| 110 | 0.196 | - | - | - | 0.040 | 0.016 | - | 0.132 | 0.184 | 0.261 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 19 | 44 |
| 6PGD | | | | | | | | | | |
| 100 | 1.000 | 1.000 | 0.982 | 1.000 | 1.000 | 1.000 | - | - | - | - |
| 110 | - | - | 0.018 | - | - | - | - | - | - | - |
| (N) | 28 | 15 | 56 | 24 | 43 | 31 | 31 | 19 | 19 | 46 |
| ACP | | | | | | | | | | |
| 85 | - | - | 0.185 | 0.141 | 0.032 | - | - | - | - | - |
| 100 | 0.571 | 0.655 | 0.637 | 0.578 | 0.758 | 0.677 | 0.903 | 0.737 | 0.594 | 0.685 |
| 115 | 0.429 | 0.345 | 0.177 | 0.281 | 0.210 | 0.323 | 0.097 | 0.263 | 0.406 | 0.315 |
| (N) | 28 | 29 | 62 | 32 | 62 | 31 | 31 | 19 | 16 | 46 |

A partir dos dados obtidos foi calculada a distância genética de Nei, uma medida da divergência genética entre as populações analisadas, a qual foi utilizada para construção do fenograma abaixo:



Com base nas informações acima e nos seus conhecimentos de genética responda:

- Qual é(são) a(s) população(s) que apresenta(m) a maior e menor diversidade genética? Justifique sua resposta. (0,4)
- Com base nos índices apresentados acima é possível afirmar que alguma(s) população(s) estão mais sujeitas a eventos de extinção? Em caso afirmativo identifique quais são. Justifique sua resposta. (0,4)
- Com base no fenograma apresentado identifique quais são as populações mais similares do ponto de vista genético. Quais são os fatores que podem explicar estes resultados? (0,4)
- Você acha que os resultados apresentados podem ser utilizados para elaboração de inferências taxonômicas ou conservacionistas desta espécie? Discuta a respeito. (0,4)
- Calcule as frequências genotípicas esperadas em situação de equilíbrio de Hardy-Weinberg, para o loco ACP, da população C1. Para facilitar os cálculos, aproxime os valores das frequências alélicas para uma casa decimal. (0,4)