

Задача по биологии. Определи полипептид (5 баллов)

Вариант 1

Последовательность нуклеотидов из середины кодирующего участка мРНК содержит информацию о некоем полипептиде, включая стартовый и стоп кодон.

1. Используя таблицу кодонов, определите закодированный полипептид. (3 балла)
2. Определите заряд полипептида в нейтральной среде. (2 балла)

AUAUGAAGGAUCAAGACUAAAG

Таблица кодонов

1-е основание	2-е основание			
	U	C	A	G
U	UUU Фенилаланин UUC Фенилаланин UUA Лейцин UUG Лейцин	UCU Серин UCC Серин UCA Серин UCG Серин	UAU Тирозин UAC Тирозин UAA Стоп-кодон (Ochre) UAG Стоп-кодон (Amber)	UGU Цистеин UGC Цистеин UGA Стоп-кодон (Opal) UGG Триптофан
C	CUU Лейцин CUC Лейцин CUA Лейцин CUG Лейцин	CCU Пролин CCC Пролин CCA Пролин CCG Пролин	CAU Гистидин CAC Гистидин CAA Глутамин CAG Глутамин	CGU Аргинин CGC Аргинин CGA Аргинин CGG Аргинин
A	AUU Изолейцин AUC Изолейцин AUA Изолейцин AUG Метионин, Стартовый	ACU Треонин ACC Треонин ACA Треонин ACG Треонин	AAU Аспарагин AAC Аспарагин AAA Лизин AAG Лизин	AGU Серин AGC Серин AGA Аргинин AGG Аргинин
G	GUU Валин GUC Валин GUA Валин GUG Валин	GCU Аланин GCC Аланин GCA Аланин GCG Аланин	GAU Аспарагиновая кислота GAC Аспарагиновая кислота GAA Глутаминовая кислота GAG Глутаминовая кислота	GGU Глицин GGC Глицин GGA Глицин GGG Глицин

Всего – 5 баллов

Решение варианта 1

AU AUG AAG GAU CAA GAC UAA AG

Иницирующим кодоном является AUG, кодирующий аминокислоту метионин, найдем его (выделен желтым), после чего разделим последующие нуклеотиды на тройки и определим последовательность полипептидов:

Желтый – стартовый и стоп кодоны; красный – положительно заряженные аминокислоты; синий – отрицательно заряженные аминокислоты.

Метионин-лизин-аспарагиновая кислота-глутамин-аспарагиновая кислота.

Лизин имеет заряд +1, Аспарагиновая кислота -1, метионин и глутамин нейтральные. Общий заряд – -1.

Правильно определенная последовательность аминокислот +3 балла. Правильно рассчитанный заряд +2 балла. Максимум 5 баллов.

Вариант 2

Последовательность нуклеотидов из середины кодирующего участка мРНК содержит информацию о некоем полипептиде, включая стартовый и стоп кодон.

1. Используя таблицу кодонов, определите закодированный полипептид. (3 балла)
2. Определите заряд полипептида в нейтральной среде. (2 балла)

AAUGCCGAAAGAUCGUGAUA

Таблица кодонов

1-е основание	2-е основание			
	U	C	A	G
U	UUU Фенилаланин UUC Фенилаланин UUA Лейцин UUG Лейцин	UCU Серин UCC Серин UCA Серин UCG Серин	UAU Тирозин UAC Тирозин UAA Стоп-кодон (Ochre) UAG Стоп-кодон (Amber)	UGU Цистеин UGC Цистеин UGA Стоп-кодон (Opal) UGG Триптофан
C	CUU Лейцин CUC Лейцин CUA Лейцин CUG Лейцин	CCU Пролин CCC Пролин CCA Пролин CCG Пролин	CAU Гистидин CAC Гистидин CAA Глутамин CAG Глутамин	CGU Аргинин CGC Аргинин CGA Аргинин CGG Аргинин
A	AUU Изолейцин AUC Изолейцин AUA Изолейцин AUG Метионин, Стартовый	ACU Треонин ACC Треонин ACA Треонин ACG Треонин	AAU Аспарагин AAC Аспарагин AAA Лизин AAG Лизин	AGU Серин AGC Серин AGA Аргинин AGG Аргинин
G	GUU Валин GUC Валин GUA Валин GUG Валин	GCU Аланин GCC Аланин GCA Аланин GCG Аланин	GAU Аспарагиновая кислота GAC Аспарагиновая кислота GAA Глутаминовая кислота GAG Глутаминовая кислота	GGU Глицин GGC Глицин GGA Глицин GGG Глицин

Всего – 5 баллов

Решение варианта 2

A **AUG** CCG **AAA** **GAU** UCG **UGA** UA

Иницилирующим кодоном является AUG, кодирующий аминокислоту метионин, найдем его (выделен желтым), после чего разделим последующие нуклеотиды на тройки и определим последовательность полипептидов:

Желтый – стартовый и стоп кодоны; красный – положительно заряженные аминокислоты; синий – отрицательно заряженные аминокислоты.

Метионин-пролин-лизин-аспарагиновая кислота-серин.

Лизин имеет заряд +1, Аспарагиновая кислота -1, пролин, серин и метионин - нейтральные. Общий заряд – 0.

Правильно определенная последовательность аминокислот +3 балла. Правильно рассчитанный заряд +2 балла. Максимум 5 баллов.

Вариант 3

Последовательность нуклеотидов из середины кодирующего участка мРНК содержит информацию о некоем полипептиде, включая стартовый и стоп кодон.

1. Используя таблицу кодонов, определите закодированный полипептид. (3 балла)
2. Определите заряд полипептида в нейтральной среде. (2 балла)

UAUGACAGGGAAUAGGUGAAU

Таблица кодонов

1-е основание	2-е основание			
	U	C	A	G
U	UUU Фенилаланин UUC Фенилаланин UUA Лейцин UUG Лейцин	UCU Серин UCC Серин UCA Серин UCG Серин	UAU Тирозин UAC Тирозин UAA Стоп-кодон (Ochre) UAG Стоп-кодон (Amber)	UGU Цистеин UGC Цистеин UGA Стоп-кодон (Opal) UGG Триптофан
C	CUU Лейцин CUC Лейцин CUA Лейцин CUG Лейцин	CCU Пролин CCC Пролин CCA Пролин CCG Пролин	CAU Гистидин CAC Гистидин CAA Глутамин CAG Глутамин	CGU Аргинин CGC Аргинин CGA Аргинин CGG Аргинин
A	AUU Изолейцин AUC Изолейцин AUA Изолейцин AUG Метионин, Стартовый	ACU Треонин ACC Треонин ACA Треонин ACG Треонин	AAU Аспарагин AAC Аспарагин AAA Лизин AAG Лизин	AGU Серин AGC Серин AGA Аргинин AGG Аргинин
G	GUU Валин GUC Валин GUA Валин GUG Валин	GCU Аланин GCC Аланин GCA Аланин GCG Аланин	GAU Аспарагиновая кислота GAC Аспарагиновая кислота GAA Глутаминовая кислота GAG Глутаминовая кислота	GGU Глицин GGC Глицин GGA Глицин GGG Глицин

Всего – 5 баллов

Решение варианта 3

U AUG ACA GGG AAU AGG UGA AU

Иницирующим кодоном является AUG, кодирующий аминокислоту метионин, найдем его (выделен желтым), после чего разделим последующие нуклеотиды на тройки и определим последовательность полипептидов:

Желтый – стартовый и стоп кодоны; красный – положительно заряженные аминокислоты.

Метионин-треонин-глицин-аспарагин-аргинин.

Аргинин имеет заряд +1, аспарагин, треонин, глицин и метионин - нейтральные. Общий заряд – +1.

Правильно определенная последовательность аминокислот +3 балла. Правильно рассчитанный заряд +2 балла. Максимум 5 баллов.

Вариант 4

Последовательность нуклеотидов из середины кодирующего участка мРНК содержит информацию о некоем полипептиде, включая стартовый и стоп кодон.

1. Используя таблицу кодонов, определите закодированный полипептид. (3 балла)
2. Определите заряд полипептида в нейтральной среде. (2 балла)

AAAUGACUCAGCUACAUGAAG

Таблица кодонов

1-е основание	2-е основание			
	U	C	A	G
U	UUU Фенилаланин UUC Фенилаланин UUA Лейцин UUG Лейцин	UCU Серин UCC Серин UCA Серин UCG Серин	UAU Тирозин UAC Тирозин UAA Стоп-кодон (Ochre) UAG Стоп-кодон (Amber)	UGU Цистеин UGC Цистеин UGA Стоп-кодон (Opal) UGG Триптофан
C	CUU Лейцин CUC Лейцин CUA Лейцин CUG Лейцин	CCU Пролин CCC Пролин CCA Пролин CCG Пролин	CAU Гистидин CAC Гистидин CAA Глутамин CAG Глутамин	CGU Аргинин CGC Аргинин CGA Аргинин CGG Аргинин
A	AUU Изолейцин AUC Изолейцин AUA Изолейцин AUG Метионин, Стартовый	ACU Треонин ACC Треонин ACA Треонин ACG Треонин	AAU Аспарагин AAC Аспарагин AAA Лизин AAG Лизин	AGU Серин AGC Серин AGA Аргинин AGG Аргинин
G	GUU Валин GUC Валин GUA Валин GUG Валин	GCU Аланин GCC Аланин GCA Аланин GCG Аланин	GAU Аспарагиновая кислота GAC Аспарагиновая кислота GAA Глутаминовая кислота GAG Глутаминовая кислота	GGU Глицин GGC Глицин GGA Глицин GGG Глицин

Всего – 5 баллов

Решение варианта 4

AA **AUG** ACU CAG CUA **CAU** **UGA** AG

Иницирующим кодоном является AUG, кодирующий аминокислоту метионин, найдем его (выделен желтым), после чего разделим последующие нуклеотиды на тройки и определим последовательность полипептидов:

Желтый – стартовый и стоп кодоны; красный – положительно заряженные аминокислоты.

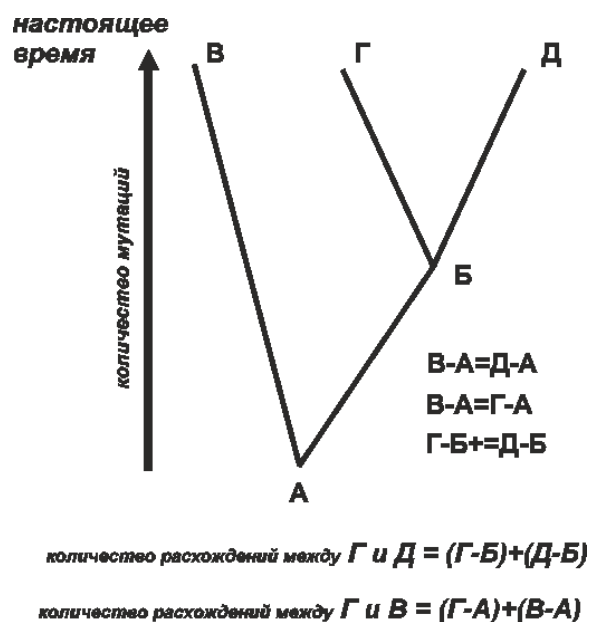
Метионин-треонин-глутамин-лейцин-гистидин.

Гистидин имеет заряд +1, треонин, глутамин, лейцин и метионин - нейтральные. Общий заряд – +1.

Правильно определенная последовательность аминокислот +3 балла. Правильно рассчитанный заряд +2 балла. Максимум 5 баллов.

Задача по биологии. Молекулярные часы (10 баллов)

Вариант 1



Молекулярные часы – метод датирования расхождений видов или других таксонов во времени, основанный на гипотезе, согласно которой скорость накопления нейтральных генетических мутаций (замены нуклеотидов в молекулах ДНК и РНК) постоянна, то есть время, прошедшее с момента расхождения пары родственных групп, пропорционально числу молекулярных замен.

Метод имеет ряд ограничений, особенно при его использовании на больших временах от расхождения между группами и оценкой неродственных таксонов, поскольку: 1) скорость мутагенеза зависит от большого числа дополнительных условий и может быть различен у разных групп; 2) часто необходимо использовать дополнительные палеонтологические, археологические и иные данные для уточнения датировок.

Тем не менее, в настоящий момент метод молекулярных часов не имеет альтернативы.

При этом предполагается, что скорости накопления нейтральных мутаций в популяции и в отдельной особи одинаковы. Накопления мутаций в процессе деления групп аддитивны, то есть если исходная группа А (см. рисунок) разделилась на две (Б и В), а одна из этих групп еще раз разделилась (на группы Г и Д), то в идеальных условиях к настоящему времени количества накопленных нейтральных мутаций (за время деления) в группах В и Д должны совпадать, так же как и в группах В и Г. При этом различие между группами

соответствует сумме накопленных мутаций от момента разделения исходной группы (различие между группами Д и В составляет сумму мутаций, накопленных Д и В с момента разделения группы А, причем общее количество накопленных мутаций в группе Д равно сумме мутаций, накопленных в группе Б с момента отделения от А, и количеству мутаций в группе Д, накопленных после отделения от Б). Скорость накопления мутаций (скорость мутагенеза), v , определяется как количество нейтральных расхождений, N , деленное на удвоенное (мутации независимо накапливались в двух группах) время, t , прошедшее после расхождения (часто определяется в прошедших поколениях):

$$v=N/2t$$

1. Оцените время расхождения двух человеческих групп, если различие в митохондриальном ДНК составило 1000 нуклеотидных пар. Скорость мутагенеза митохондриальной ДНК составляет $6 \cdot 10^{-8}$ мутаций на пару оснований в год, а доля митохондриальной ДНК составляет 5% человеческого генома (одна митохондриальная молекула ДНК содержит 16000 пар оснований). (5 баллов)
2. Сравните результат со временем расхождения, рассчитанного по ядерному геному, при таком же количестве расхождений, если скорость мутагенеза – 1 мутация на 100000000 пар нуклеотидов, а весь геном составляет 3 200 000 000 пар нуклеотидов. (5 баллов)

Длительность поколения принимаем за 20 лет. Считаем, что на накопление мутаций ничего не влияло, а мутации появлялись случайно. Ответы представьте в виде количества поколений, округлив результаты до целых.

Всего – 10 баллов

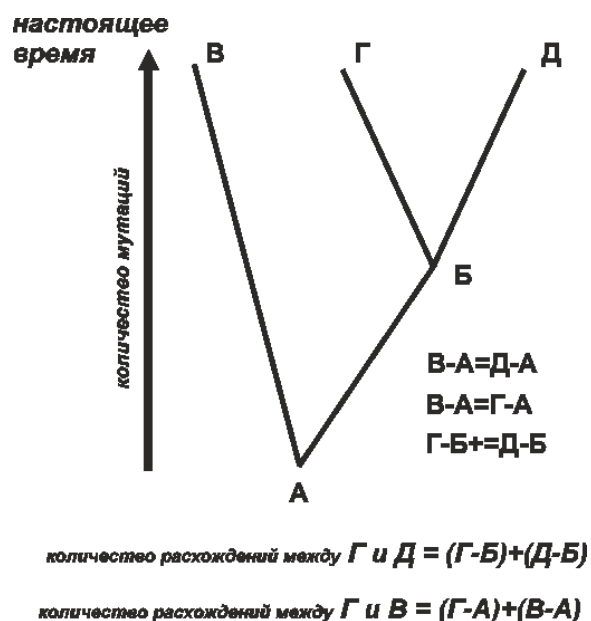
Решение варианта 1

3 и 16

Вариант расчета.

1. Пересчитаем скорость мутагенеза в человеческие поколения. Размер митохондриального генома составляет 5% от общего количества, т.е. $3\,200\,000\,000 \times 0,05 = 160\,000\,000$ пар оснований. Таким образом, скорость мутагенеза митохондрий за год составляет $(6 \cdot 10^{-8} \times 160\,000\,000)$ 9,6 мутаций за год или $(9,6 \times 20)$ 192 мутации за поколение.
2. Отличие составляет 1000 нуклеотидных пар, таким образом время в поколениях с момента разделения двух групп составляет $(1000/(2 \times 192))$ 2,6 или, после округления, 3 поколения.
3. 1 мутация на 10^8 пар нуклеотидов соответствует $(3,2 \times 10^9 / 10^8)$ 32 мутации за поколение.
4. Отличие составляет 1000 нуклеотидных пар, таким образом время в поколениях с момента разделения двух групп составляет $(1000/(2 \times 32))$ 15,6 или, после округления, 16 поколений.

Вариант 2



Молекулярные часы – метод датирования расхождений видов или других таксонов во времени, основанный на гипотезе, согласно которой скорость накопления нейтральных генетических мутаций (замены нуклеотидов в молекулах ДНК и РНК) постоянна, то есть время, прошедшее с момента расхождения пары родственных групп, пропорционально числу молекулярных замен.

Метод имеет ряд ограничений, особенно при его использовании на больших временах от расхождения между группами и оценкой неродственных таксонов, поскольку: 1) скорость мутагенеза зависит от большого числа дополнительных условий и может быть различен у разных групп; 2) часто необходимо использовать дополнительные палеонтологические, археологические и иные данные для уточнения датировок.

Тем не менее, в настоящий момент метод молекулярных часов не имеет альтернативы.

При этом предполагается, что скорости накопления нейтральных мутаций в популяции и в отдельной особи одинаковы. Накопления мутаций в процессе разделения групп аддитивны, то есть если исходная группа А (см. рисунок) разделилась на две (Б и В), а одна из этих групп еще раз разделилась (на группы Г и Д), то в идеальных условиях к настоящему времени количества накопленных нейтральных мутаций (за время разделения) в группах В и Д должны совпадать, так же как и в группах В и Г. При этом различие между группами соответствует сумме накопленных мутаций от момента разделения исходной группы (различие между группами Д и В составляет сумму мутаций, накопленных Д и В с момента разделения группы А, причем общее количество накопленных мутаций в группе Д равно сумме мутаций, накопленных в группе Б с момента отделения от А, и количеству мутаций в группе Д, накопленных после отделения от Б). Скорость накопления мутаций (скорость мутагенеза), v , определяется как количество нейтральных расхождений, N , деленное на удвоенное (мутации независимо накапливались в двух группах) время, t , прошедшее после расхождения (часто определяется в прошедших поколениях):

$$v = N / 2t$$

1. Оцените время расхождения двух человеческих групп, если различие в митохондриальном ДНК составило 1500 нуклеотидных пар. Скорость мутагенеза митохондриальной ДНК составляет $6 \cdot 10^{-8}$ мутаций на пару оснований в год, а доля митохондриальной ДНК составляет 5% человеческого генома (одна митохондриальная молекула ДНК содержит 16000 пар оснований). (5 баллов)
2. Сравните результат со временем расхождения, рассчитанного по ядерному геному, при таком же количестве расхождений, если скорость мутагенеза – 1 мутация на 100000000 пар нуклеотидов, а весь геном составляет 3 200 000 000 пар нуклеотидов. (5 баллов)

Длительность поколения принимаем за 20 лет. Считаем, что на накопление мутаций ничего не влияло, а мутации появлялись случайно. Ответы представьте в виде количества поколений, округлив результаты до целых.

Всего – 10 баллов

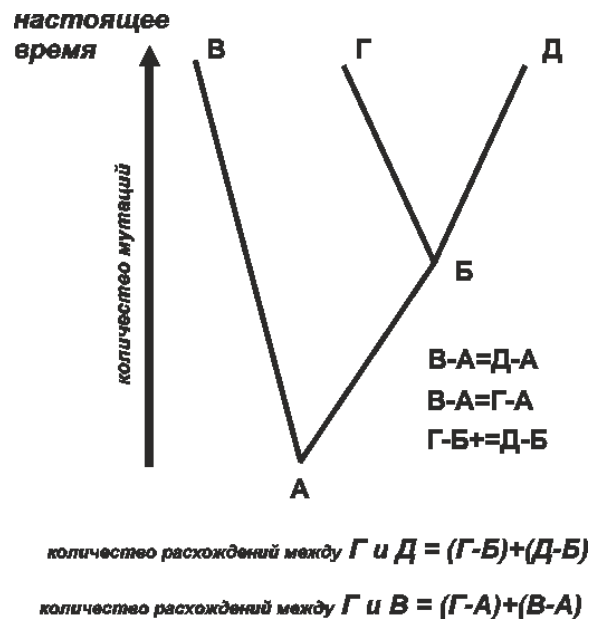
Решение варианта 2

4 и 23

Вариант расчета.

1. Пересчитаем скорость мутагенеза в человеческие поколения. Размер митохондриального генома составляет 5% от общего количества ($3\,200\,000\,000 \times 0,05$) 160 000 000 пар оснований. Таким образом скорость мутагенеза митохондрий за год составляет ($6 \cdot 10^{-8} \times 160\,000\,000$) 9,6 мутаций за год или ($9,6 \times 20$) 192 мутации за поколение.
2. Отличие составляет 1500 нуклеотидных пар, таким образом время в поколениях с момента разделения двух групп составляет ($1500 / (2 \times 192)$) 3,9 или, после округления, 4 поколения.
3. 1 мутация на 10^8 пар нуклеотидов соответствует ($3,2 \times 10^9 / 10^8$) 32 мутации за поколение.
4. Отличие составляет 1500 нуклеотидных пар, таким образом время с момента разделения двух групп составило что составляет ($1500 / (2 \times 32)$) 23,4 или, после округления, 23 поколения.

Вариант 3



Молекулярные часы – метод датирования расхождений видов или других таксонов во времени, основанный на гипотезе, согласно которой скорость накопления нейтральных генетических мутаций (замены нуклеотидов в молекулах ДНК и РНК) постоянна, то есть время, прошедшее с момента расхождения пары родственных групп, пропорционально числу молекулярных замен.

Метод имеет ряд ограничений, особенно при его использовании на больших временах от расхождения между группами и оценкой неродственных таксонов, поскольку: 1) скорость мутагенеза зависит от большого числа дополнительных условий и может быть различен у разных групп; 2) часто необходимо использовать дополнительные палеонтологические, археологические и иные данные для уточнения датировок.

Тем не менее, в настоящий момент метод молекулярных часов не имеет альтернативы.

При этом предполагается, что скорости накопления нейтральных мутаций в популяции и в отдельной особи одинаковы. Накопления мутаций в процессе разделения групп аддитивны, то есть если исходная группа А (см. рисунок) разделилась на две (Б и В), а одна из этих групп еще раз разделилась (на группы Г и Д), то в идеальных условиях к настоящему времени количества накопленных нейтральных мутаций (за время разделения) в группах В и Д должны совпадать, так же как и в группах В и Г. При этом различие между группами соответствует сумме накопленных мутаций от момента разделения исходной группы (различие между группами Д и В составляет сумму мутаций, накопленных Д и В с момента разделения группы А, причем общее количество накопленных мутаций в группе Д равно сумме мутаций, накопленных в группе Б с момента отделения от А, и количеству мутаций в группе Д, накопленных после отделения от Б). Скорость накопления мутаций (скорость мутагенеза), v , определяется как количество нейтральных расхождений, N , деленное на удвоенное (мутации независимо накапливались в двух группах) время, t , прошедшее после расхождения (часто определяется в прошедших поколениях):

$$v = N / 2t$$

1. Оцените время расхождения двух человеческих групп, если различие в митохондриальном ДНК составило 4000 нуклеотидных пар. Скорость мутагенеза митохондриальной ДНК составляет $6 \cdot 10^{-8}$ мутаций на пару оснований в год, а доля митохондриальной ДНК составляет 5% человеческого генома (одна митохондриальная молекула ДНК содержит 16000 пар оснований). (5 баллов)
2. Сравните результат со временем расхождения, рассчитанного по ядерному геному, при таком же количестве расхождений, если скорость мутагенеза – 1 мутация на 100000000 пар нуклеотидов, а весь геном составляет 3 200 000 000 пар нуклеотидов. (5 баллов)

Длительность поколения принимаем за 20 лет. Считаем, что на накопление мутаций ничего не влияло, а мутации появлялись случайно. Ответы представьте в виде количества поколений, округлив результаты до целых.

Всего – 10 баллов

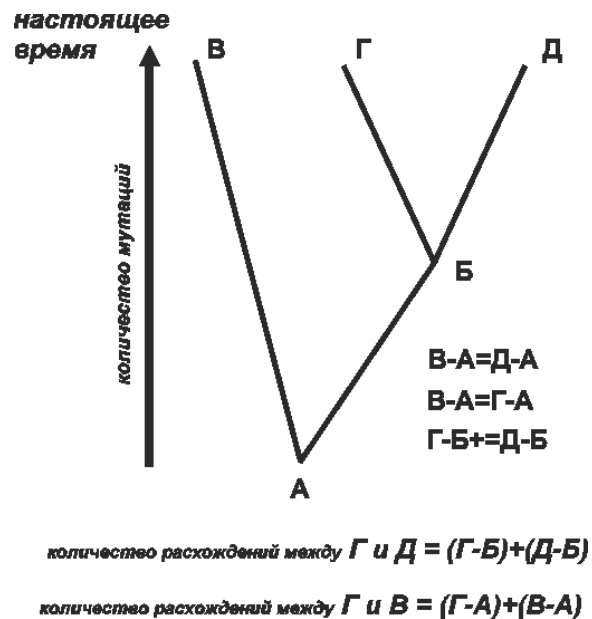
Решение варианта 3

10 и 63

Вариант расчета.

1. Пересчитаем скорость мутагенеза в человеческие поколения. Размер митохондриального генома составляет 5% от общего количества ($3\,200\,000\,000 \times 0,05$) 160 000 000 пар оснований. Таким образом скорость мутагенеза митохондрий за год составляет ($6 \cdot 10^{-8} \times 160\,000\,000$) 9,6 мутаций за год или ($9,6 \times 20$) 192 мутации за поколение.
2. Отличие составляет 4000 нуклеотидных пар, таким образом время с момента разделения двух групп составило что составляет ($4000 / (2 \times 192)$) 10,4 или, после округления, 10 поколений.
3. 1 мутация на 10^8 пар нуклеотидов соответствует ($3,2 \times 10^9 / 10^8$) 32 мутации на поколение.
4. Отличие составляет 4000 нуклеотидных пар, таким образом время с момента разделения двух групп составило что составляет ($4000 / (2 \times 32)$) 62,5 или, после округления, 64 поколения.

Вариант 4



Молекулярные часы – метод датирования расхождений видов или других таксонов во времени, основанный на гипотезе, согласно которой скорость накопления нейтральных генетических мутаций (замены нуклеотидов в молекулах ДНК и РНК) постоянна, то есть время, прошедшее с момента расхождения пары родственных групп, пропорционально числу молекулярных замен.

Метод имеет ряд ограничений, особенно при его использовании на больших временах от расхождения между группами и оценкой неродственных таксонов, поскольку: 1) скорость мутагенеза зависит от большого числа дополнительных условий и может быть различен у разных групп; 2) часто необходимо использовать дополнительные палеонтологические, археологические и иные данные для уточнения датировок.

Тем не менее, в настоящий момент метод молекулярных часов не имеет альтернативы.

При этом предполагается, что скорости накопления нейтральных мутаций в популяции и в отдельной особи одинаковы. Накопления мутаций в процессе разделения групп аддитивны, то есть если исходная группа А (см. рисунок) разделилась на две (Б и В), а одна из этих групп еще раз разделилась (на группы Г и Д), то в идеальных условиях к настоящему времени количества накопленных нейтральных мутаций (за время разделения) в группах В и Д должны совпадать, так же как и в группах В и Г. При этом различие между группами соответствует сумме накопленных мутаций от момента разделения исходной группы (различие между группами Д и В составляет сумму мутаций, накопленных Д и В с момента разделения группы А, причем общее количество накопленных мутаций в группе Д равно сумме мутаций, накопленных в группе Б с момента отделения от А, и количеству мутаций в группе Д, накопленных после отделения от Б). Скорость накопления мутаций (скорость мутагенеза), v , определяется как количество нейтральных расхождений, N , деленное на удвоенное (мутации независимо накапливались в двух группах) время, t , прошедшее после расхождения (часто определяется в прошедших поколениях):

$$v = N / 2t$$

1. Оцените время расхождения двух человеческих групп, если различие в митохондриальном ДНК составило 2000 нуклеотидных пар. Скорость мутагенеза митохондриальной ДНК составляет $6 \cdot 10^{-8}$ мутаций на пару оснований в год, а доля митохондриальной ДНК составляет 5% человеческого генома (одна митохондриальная молекула ДНК содержит 16000 пар оснований). (5 баллов)
2. Сравните результат со временем расхождения, рассчитанного по ядерному геному, при таком же количестве расхождений, если скорость мутагенеза – 1 мутация на 100000000 пар нуклеотидов, а весь геном составляет 3 200 000 000 пар нуклеотидов. (5 баллов)

Длительность поколения принимаем за 20 лет. Считаем, что на накопление мутаций ничего не влияло, а мутации появлялись случайно. Ответы представьте в виде количества поколений, округлив результаты до целых.

Всего – 10 баллов

Решение варианта 4

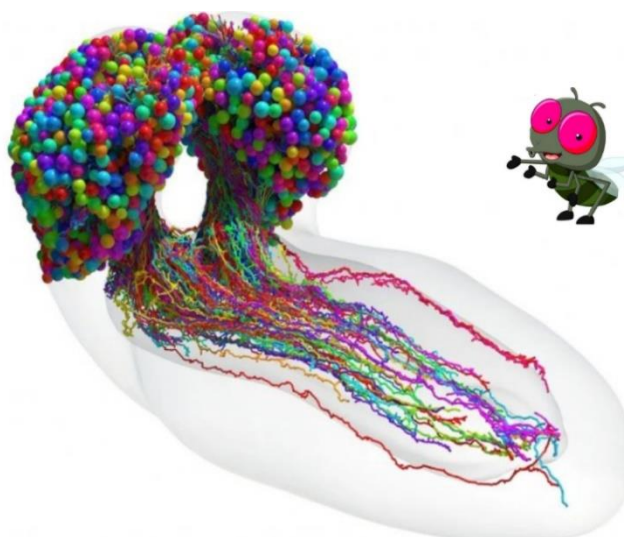
5 и 31

Вариант расчета.

1. Пересчитаем скорость мутагенеза в человеческие поколения. Размер митохондриального генома составляет 5% от общего количества ($3\,200\,000\,000 \times 0,05$) 160 000 000 пар оснований. Таким образом скорость мутагенеза митохондрий за год составляет ($6 \cdot 10^{-8} \times 160\,000\,000$) 9,6 мутаций за год или ($9,6 \times 20$) 192 мутации за поколение.
2. Отличие составляет 2000 нуклеотидных пар, таким образом время с момента разделения двух групп составило что составляет ($2000 / (2 \times 192)$) 5,2 или, после округления, 5 поколений.
3. 1 мутация на 10^8 пар нуклеотидов соответствует ($3,2 \times 10^9 / 10^8$) 32 мутации за поколение.
4. Отличие составляет 2000 нуклеотидных пар, таким образом время с момента разделения двух групп составило что составляет ($2000 / (2 \times 32)$) 31,25 или, после округления, 31 поколение.

Задача по биологии. Как увидеть коннектом? (10 баллов)**Вариант 1**

Для того, чтобы детально изучить работу мозга, важно установить, как нервные клетки связаны друг с другом, построить подробную карту нервных связей. Совокупность всех нервных связей в мозге называется коннектом. Одним из способов визуализации нервных клеток является флуоресцентная микроскопия.



Флуоресценция — процесс перехода молекулы при освещении в возбужденное состояние, а затем из возбужденного состояния в исходное с испусканием света. При этом длина волны возбуждающего света, как правило, меньше, чем испускаемого. Это явление характерно для многих биологических соединений. В частности, у медузы есть специальный флуоресцирующий белок, который при освещении синим светом испускает зеленый свет. Его и другие подобные белки широко используют в биологических экспериментах для того, чтобы получить изображения выбранных структур или отдельных клеток. Так, если в клетку генноинженерным способом встроить ген такого флуоресцирующего белка, то этот белок будет экспрессироваться и клетка будет видна в конфокальный флуоресцентный микроскоп при освещении светом в области поглощения.

Возьмем набор таких флуоресцентных белков (на самом деле их больше):

CFP максимум поглощения света при длине волны 433 нм, флуоресценция – при 475 нм
GFP максимум поглощения 475 нм, флуоресценция 509 нм
YFP максимум поглощения 513 нм, флуоресценция 527 нм
OFP максимум поглощения 543 нм, флуоресценция 567 нм
RFP максимум поглощения 587 нм, флуоресценция 610 нм

1. Как расшифровывается название белка GFP? (2 балла)

- а. Giant Fly Protein – белок гигантской мухи
- б. Golden Fish Protein – белок золотой рыбки
- в. Green Fluorescent Protein – зеленый флуоресцентный белок
- г. Growth Factor Peptide – пептид фактора роста

2. В какие цвета окрасятся клетки, экспрессирующие белок GFP, если мы посмотрим на них во флуоресцентный микроскоп? А каким светом нужно осветить эти клетки, чтобы мы их увидели? (2 балла)
- а. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в синей области спектра
 - б. Клетки окрасятся в синий цвет при освещении в зеленой области спектра
 - в. Клетки окрасятся в красный цвет при освещении в зеленой области спектра
 - г. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в красной области спектра
3. Однако, если мы встроим в геном всех клеток один и тот же флуоресцентный белок, все они окрасятся одинаковым цветом и мы не отличим одну клетку от другой. А если сделать так, чтобы разные клетки одного организма (например, нейроны мозга плодовой мушки) светились разными цветами?

Сделаем генетические конструкции, состоящие из промотора и нескольких генов флуоресцентных белков, например RFP, CFP и YFP. Между собой все гены белков разделены особыми короткими последовательностями семейства loxPn таким образом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - CFP - loxP3 - YFP

Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - CFP - loxP6 - YFP

Промотор — активирует транскрипцию ближайшего к нему гена.

Stop — сигнал остановки транскрипции.

Эти конструкции вводят в геном линии плодовых мушек и выделяют линию с генотипом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - CFP - loxP3 - YFP

Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - CFP - loxP6 - YFP

Существует также фермент Cre-рекомбиназа, который взаимодействует только с 2 идентичными loxP-сайтами, располагает их параллельно и сонаправлено (в одном направлении) и осуществляет вырезки или инверсии ДНК между ними. Чтобы произошла рекомбинация, две молекулы Cre, связавшиеся с одним сайтом loxP, должны встретиться с двумя другими молекулами Cre, связанными с другим таким же сайтом loxP (т. е. loxP1-loxP1 и т. д.). Сайты loxP при этом располагаются в одном направлении. Это приведет к разрезанию сайтов loxP посередине и обмену получившимися концами. (Последовательность loxP может быть расположена слева направо или наоборот, зеркально справа налево, но в нашей конструкции все loxP-сайты сонаправлены).

Конструкцию, позволяющую экспрессировать Cre-рекомбиназу, вводят полученной линии плодовых мушек.

Рассмотрим мозг взрослых мух под микроскопом.

- 3.1. Что произойдет, если Cre-рекомбиназа не работает (или мы взяли только линию мушек со встроенной конструкцией и без Cre-рекомбиназы)? Какими цветами будут светиться нейроны этих мушек? (2 балла)
- 3.2. Какой набор генов можно получить у взрослых мушек с активной Cre-рекомбиназой? (2 балла)

- 3.3. Можно ли получить нейроны, свягающиеся зеленым цветом? Если да, то какой у них будет генотип? Сколько разных цветов флуоресценции нейронов можно получить? (2 балла)

Всего – 10 баллов

Решение варианта 1

1. GFP – green fluorescent protein, зеленый флуоресцентный белок
2. а. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в синей области спектра
3.
 - 3.1. Флуоресцентные белки не будут экспрессироваться, т. к. транскрипция будет остановлена последовательностью Stop
 - 3.2. Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - CFP - loxP3 - YFP (если рекомбиназа не сработала, такое тоже может быть)
Промотор - loxP1 - RFP - loxP2 - CFP - loxP3 – YFP
Промотор - loxP1 - loxP2 - CFP - loxP3 – YFP
Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - YFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - CFP - loxP6 – YFP
Промотор - loxP4 - RFP - loxP5 - CFP - loxP6 – YFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - CFP - loxP6 – YFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 – YFP
 - 3.3. Показаны 2 хромосомы в нейроне после рекомбинации:

Промотор - loxP1 - loxP2 - CFP - loxP3 - YFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - YFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - YFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - CFP - loxP6 - YFP

Экспрессируются CFP и YFP, цвет зеленый

Всего возможно 6 разных цветов

Вариант 2

Для того, чтобы детально изучить работу мозга, важно установить, как нервные клетки связаны друг с другом, построить подробную карту нервных связей. Совокупность всех нервных связей в мозге называется коннектом. Одним из способов визуализации нервных клеток является флуоресцентная микроскопия.



Флуоресценция — процесс перехода молекулы при освещении в возбужденное состояние, а затем из возбужденного состояния в исходное с испусканием света. При этом длина волны возбуждающего света, как правило, меньше, чем испускаемого. Это явление характерно для многих биологических соединений. В частности, у медузы есть специальный флуоресцирующий белок, который при освещении синим светом испускает зеленый свет. Его и другие подобные белки широко используют в биологических экспериментах для того, чтобы получить изображения выбранных структур или отдельных клеток. Так, если в клетку генноинженерным способом встроить ген такого флуоресцирующего белка, то этот белок будет экспрессироваться и клетка будет видна в конфокальный флуоресцентный микроскоп при освещении светом в области поглощения.

Возьмем набор таких флуоресцентных белков (на самом деле их больше):

CFP максимум поглощения света при длине волны 433 нм, флуоресценция – при 475 нм

GFP максимум поглощения 475 нм, флуоресценция 509 нм

YFP максимум поглощения 513 нм, флуоресценция 527 нм

OFP максимум поглощения 543 нм, флуоресценция 567 нм

RFP максимум поглощения 587 нм, флуоресценция 610 нм

1. Как расшифровывается название белка RFP? (2 балла)

- а. Red Fly Protein – белок красной мухи
- б. Rapid Fusion Protein – белок быстрого слияния
- в. Red Fluorescent Protein – красный флуоресцентный белок
- г. Raspberry Flavored Pie – пирог со вкусом малины

2. В какие цвета окрасятся клетки, экспрессирующие белок RFP, если мы посмотрим на них во флуоресцентный микроскоп? А каким светом нужно осветить эти клетки, чтобы мы их увидели? (2 балла)

- а. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в синей области спектра
 - б. Клетки окрасятся в синий цвет при освещении в зеленой области спектра
 - в. Клетки окрасятся в красный цвет при освещении в желтой области спектра
 - г. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в красной области спектра
3. Однако, если мы встроим в геном всех клеток один и тот же флуоресцентный белок, все они окрасятся одинаковым цветом и мы не отличим одну клетку от другой. А если сделать так, чтобы разные клетки одного организма (например, нейроны мозга плодовой мушки) светились разными цветами?

Сделаем генетические конструкции, состоящие из промотора и нескольких генов флуоресцентных белков, например RFP, YFP и CFP. Между собой все гены белков разделены особыми короткими последовательностями семейства loxPn таким образом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - YFP - loxP3 - CFP

Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - YFP - loxP6 - CFP

Промотор — активирует транскрипцию ближайшего к нему гена.

Stop — сигнал остановки транскрипции.

Эти конструкции вводят в геном линии плодовых мушек и выделяют линию с генотипом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - YFP - loxP3 - CFP

Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - YFP - loxP6 - CFP

Существует также фермент Cre-рекомбиназа, который взаимодействует только с 2 идентичными loxP-сайтами, располагает их параллельно и сонаправлено (в одном направлении) и осуществляет вырезки или инверсии ДНК между ними. Чтобы произошла рекомбинация, две молекулы Cre, связавшиеся с одним сайтом loxP, должны встретиться с двумя другими молекулами Cre, связанными с другим таким же сайтом loxP (т. е. loxP1-loxP1 и т. д.). Сайты loxP при этом располагаются в одном направлении. Это приведет к разрезанию сайтов loxP посередине и обмену получившимися концами. (Последовательность loxP может быть расположена слева направо или наоборот, зеркально справа налево, но в нашей конструкции все loxP-сайты сонаправлены).

Конструкцию, позволяющую экспрессировать Cre-рекомбиназу, вводят полученной линии плодовых мушек.

Рассмотрим мозг взрослых мух под микроскопом.

- 3.1. **Что произойдет, если Cre-рекомбиназа не работает (или мы взяли только линию мушек со встроенной конструкцией и без Cre-рекомбиназы)? Какими цветами будут светиться нейроны этих мушек? (2 балла)**
- 3.2. **Какой набор генов можно получить у взрослых мушек с активной Cre-рекомбиназой? (2 балла)**
- 3.3. **Можно ли получить нейроны, светящиеся фиолетовым цветом? Если да, то какой у них будет генотип? Сколько разных цветов флуоресценции нейронов можно получить? (2 балла)**

Всего – 10 баллов

Решение варианта 2

1. Red Fluorescent Protein – красный флуоресцентный белок
2. в. Клетки окрасятся в красный цвет при освещении в желтой области спектра
3.
 - 3.1. Флуоресцентные белки не будут экспрессироваться, т. к. транскрипция будет остановлена последовательностью Stop
 - 3.2. Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - stop - loxP1 - RFP - loxP2 - YFP - loxP3 - CFP (если рекомбиназа не сработала, такое тоже может быть)
Промотор- loxP1 RFP- loxP2-YFP - loxP3 – CFP
Промотор - loxP1 - loxP2 - YFP - loxP3 – CFP
Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 - CFP .
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - stop - loxP4 - RFP - loxP5 - YFP - loxP6 – CFP
Промотор - loxP4 - RFP - loxP5 - YFP - loxP6 – CFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - YFP - loxP6 – CFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 - CFP
 - 3.3. Показаны 2 хромосомы в нейроне после рекомбинации:

Промотор - loxP1 - RFP - loxP2 - YFP - loxP3 - CFP
Промотор - loxP4 - loxP5 - loxP6 – CFP

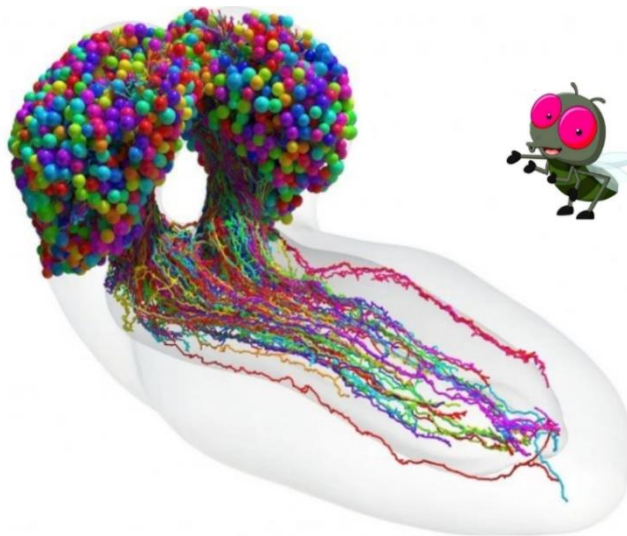
Промотор - loxP1 - loxP2 - loxP3 – CFP
Промотор - loxP4 - RFP - loxP5 - YFP - loxP6 – CFP

Экспрессируются RFP и CFP, цвет фиолетовый

Всего возможно 6 разных цветов.

Вариант 3

Для того, чтобы детально изучить работу мозга, важно установить, как нервные клетки связаны друг с другом, построить подробную карту нервных связей. Совокупность всех нервных связей в мозге называется коннектом. Одним из способов визуализации нервных клеток является флуоресцентная микроскопия.



Флуоресценция — процесс перехода молекулы при освещении в возбужденное состояние, а затем из возбужденного состояния в исходное с испусканием света. При этом длина волны возбуждающего света, как правило, меньше, чем испускаемого. Это явление характерно для многих биологических соединений. В частности, у медузы есть специальный флуоресцирующий белок, который при освещении синим светом испускает зеленый свет. Его и другие подобные белки широко используют в биологических экспериментах для того, чтобы получить изображения выбранных структур или отдельных клеток. Так, если в клетку генноинженерным способом встроить ген такого флуоресцирующего белка, то этот белок будет экспрессироваться и клетка будет видна в конфокальный флуоресцентный микроскоп при освещении светом в области поглощения.

Возьмем набор таких флуоресцентных белков (на самом деле их больше):

CFP максимум поглощения света при длине волны 433 нм, флуоресценция – при 475 нм

GFP максимум поглощения 475 нм, флуоресценция 509 нм

YFP максимум поглощения 513 нм, флуоресценция 527 нм

OFP максимум поглощения 543 нм, флуоресценция 567 нм

RFP максимум поглощения 587 нм, флуоресценция 610 нм

1. Как расшифровывается название белка OFP? (2 балла)

- а. Orange Firefly Protein – оранжевый белок светлячка
- б. Octopus Fluorescent Points – флуоресцентные пятна осьминога
- в. Orange Fluorescent Protein – оранжевый флуоресцентный белок
- г. Orange Flavored Pie — пирог со вкусом апельсина

2. В какие цвета окрасятся клетки, экспрессирующие белок OFP, если мы посмотрим на них во флуоресцентный микроскоп? А каким светом нужно осветить эти клетки, чтобы мы их увидели? (2 балла)

- а. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в синей области спектра
- б. Клетки окрасятся в синий цвет при освещении в зеленой области спектра
- в. Клетки окрасятся в оранжевый цвет при освещении в зеленой области спектра
- г. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в оранжевой области спектра

3. Однако, если мы встроим в геном всех клеток один и тот же флуоресцентный белок, все они окрасятся одинаковым цветом и мы не отличим одну клетку от другой. А если сделать так, чтобы разные клетки одного организма (например, нейроны мозга плодовой мушки) светились разными цветами?

Сделаем генетическую конструкцию, состоящую из промотора и генов флуоресцентных белков, например OFP и GFP. Между собой все гены белков разделены особыми короткими последовательностями семейства loxPn таким образом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор — активирует транскрипцию ближайшего к нему гена.

Stop — сигнал остановки транскрипции.

Эту конструкцию вводят в геном линии плодовых мушек и выделяют гомозиготную линию с генотипом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Существует также фермент Cre-рекомбиназа, который взаимодействует только с 2 идентичными loxP-сайтами, располагает их параллельно и сонаправлено (в одном направлении) и осуществляет вырезки или инверсии ДНК между ними. Чтобы произошла рекомбинация, две молекулы Cre, связавшиеся с одним сайтом loxP, должны встретиться с двумя другими молекулами Cre, связанными с другим таким же сайтом loxP (т. е. loxP1-loxP1 и т. д.). Сайты loxP при этом располагаются в одном направлении. Это приведет к разрезанию сайтов loxP посередине и обмену получившимися концами. (Последовательность loxP может быть расположена слева направо или наоборот, зеркально справа налево, но в нашей конструкции все loxP-сайты сонаправлены).

Конструкцию, позволяющую экспрессировать Cre-рекомбиназу, вводят в геном другой линии плодовых мушек. Эти линии скрещивают, и у потомков имеется и ген Cre-рекомбиназы, и встроенная конструкция.

Рассмотрим мозг потомков этого скрещивания под микроскопом.

- 3.1. **Что произойдет, если Cre-рекомбиназа не работает (или мы взяли только линию мушек со встроенной конструкцией и без Cre-рекомбиназы)? Какими цветами будут светиться нейроны этих мушек? (2 балла)**
- 3.2. **Какой набор генов можно получить у мушек с активной Cre-рекомбиназой? (2 балла)**
- 3.3. **А сколько разных цветов флуоресценции нейронов можно получить у взрослых мушек? (2 балла)**

Решение варианта 3

1. в. Orange Fluorescent Protein – оранжевый флуоресцентный белок
2. в. Клетки окрасятся в оранжевый цвет при освещении в зеленой области спектра.
3.
 - 3.1. Флуоресцентные белки не будут экспрессироваться, т. к. транскрипция будет остановлена последовательностью Stop
 - 3.2. На разных последовательностях loxPn рекомбиназа будет работать независимо. Таким образом получим хромосомы с конструкцией:

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP (если рекомбиназа не сработала, такое тоже может быть)

Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - GFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

- 3.3. Представленные выше генотипы соответствуют таким цветам (О – оранжевый, G – зеленый):

О Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

G Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

О Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

G Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - GFP

ОО Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 - GFP

GG Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 – GFP

OG Промотор - loxP1 - OFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 – GFP

GO Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - OFP - loxP4 – GFP

Можно считать, что цвет ОО будет ярче О, и GG – ярче G, тогда всего будет 5 независимых оттенков — О, ОО, G, GG, OG (скорее всего это будет выглядеть как желтый)

Вариант 4

Для того, чтобы детально изучить работу мозга, важно установить, как нервные клетки связаны друг с другом, построить подробную карту нервных связей. Совокупность всех нервных связей в мозге называется коннектом. Одним из способов визуализации нервных клеток является флуоресцентная микроскопия.



Флуоресценция — процесс перехода молекулы при освещении в возбужденное состояние, а затем из возбужденного состояния в исходное с испусканием света. При этом длина волны возбуждающего света, как правило, меньше, чем испускаемого. Это явление характерно для многих биологических соединений. В частности, у медузы есть специальный флуоресцирующий белок, который при освещении синим светом испускает зеленый свет. Его и другие подобные белки широко используют в биологических экспериментах для того, чтобы получить изображения выбранных структур или отдельных клеток. Так, если в клетку генноинженерным способом встроить ген такого флуоресцирующего белка, то этот белок будет экспрессироваться и клетка будет видна в конфокальный флуоресцентный микроскоп при освещении светом в области поглощения.

Возьмем набор таких флуоресцентных белков (на самом деле их больше):

CFP максимум поглощения света при длине волны 433 нм, флуоресценция – при 475 нм

GFP максимум поглощения 475 нм, флуоресценция 509 нм

YFP максимум поглощения 513 нм, флуоресценция 527 нм

OFP максимум поглощения 543 нм, флуоресценция 567 нм

RFP максимум поглощения 587 нм, флуоресценция 610 нм

1. Как расшифровывается название белка YFP? (2 балла)

- а. Yellow Frog Protein – белок желтой лягушки
- б. Yellow Fluorescent Protein – желтый флуоресцентный белок
- в. Yeast Fusion Peptide – пептид слияния дрожжей
- г. Yummy Fresh Pudding – вкусный свежий пудинг

2. В какие цвета окрасятся клетки, экспрессирующие белок YFP, если мы посмотрим на них во флуоресцентный микроскоп? А каким светом нужно осветить эти клетки, чтобы мы их увидели? (2 балла)

- а. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в синей области спектра
- б. Клетки окрасятся в синий цвет при освещении в зеленой области спектра
- в. Клетки окрасятся в желтый цвет при освещении в зеленой области спектра
- г. Клетки окрасятся в зеленый цвет при освещении в красной области спектра

3. Однако, если мы встроим в геном всех клеток один и тот же флуоресцентный белок, все они окрасятся одинаковым цветом и мы не отличим одну клетку от другой. А если сделать так, чтобы разные клетки одного организма (например, нейроны мозга плодовой мушки) светились разными цветами?

Сделаем генетическую конструкцию, состоящую из промотора и нескольких генов флуоресцентных белков, например YFP, GFP, CFP и RFP. Между собой все гены белков разделены особыми короткими последовательностями семейства loxPn таким образом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

Промотор – активирует транскрипцию ближайшего к нему гена.
Stop – сигнал остановки транскрипции.

Эту конструкцию вводят в геном линии плодовых мушек и выделяют гомозиготную линию с генотипом:

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

Существует также фермент Cre-рекомбиназа, которая взаимодействует только с 2 идентичными loxP-сайтами, располагает их параллельно и сонаправлено (в одном направлении) и осуществляет вырезки или инверсии ДНК между ними. Чтобы произошла рекомбинация, две молекулы Cre, связавшиеся с одним сайтом loxP, должны встретиться с двумя другими молекулами Cre, связанными с другим таким же сайтом loxP (т. е. loxP1-loxP1 и т. д.). Сайты loxP при этом располагаются в одном направлении. Это приведет к разрезанию сайтов loxP посередине и обмену получившимися концами. (Последовательность loxP может быть расположена слева направо или наоборот, зеркально справа налево, но в нашей конструкции все loxP-сайты сонаправлены).

Конструкцию, позволяющую экспрессировать Cre-рекомбиназу, вводят в геном другой линии плодовых мушек. Эти линии скрещивают, и у потомков имеется и ген Cre-рекомбиназы, и встроенная конструкция.

Рассмотрим мозг потомков этого скрещивания под микроскопом.

- 3.1. **Что произойдет, если Cre-рекомбиназа не работает (или мы взяли только линию мушек со встроенной конструкцией и без Cre-рекомбиназы)? Какими цветами будут светиться нейроны этих мушек? (2 балла)**
- 3.2. **Какой набор генов можно получить у мушек с активной Cre-рекомбиназой? (2 балла)**
- 3.3. **А сколько разных цветов флуоресценции нейронов можно получить у взрослых мушек? (2 балла)**

Всего – 10 баллов

Решение варианта 4

1. Yellow Fluorescent Protein – желтый флуоресцентный белок
2. в. Клетки окрасятся в желтый цвет при освещении в зеленой области спектра
3.
 - 3.1. Флуоресцентные белки не будут экспрессироваться, т. к. транскрипция будет остановлена последовательностью Stop
 - 3.2. Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP (если рекомбиназа не сработала, такое тоже может быть)

Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 – RFP

Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - RFP

3.3. Представленные выше генотипы соответствуют таким цветам (Y — желтый, G — зеленый, C — синий, R — красный):

Y Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

G Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - stop - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

C Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

R Промотор - loxP1 - loxP2 - stop - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - RFP

YC Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

YR Промотор - loxP1 - YFP - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - RFP

GC Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - CFP - loxP4 - RFP

GR Промотор - loxP1 - loxP2 - GFP - Промотор - loxP3 - loxP4 - RFP

Всего будет 8 независимых оттенков — Y, G, C, R, YC (зеленый, скорее всего, другого оттенка, чем G), YR (оранжевый), GC (сине-зеленый), GR (желтый, другого оттенка, чем Y).