



**PROCESSO SELETIVO 2013.1**

**AVALIAÇÃO DE CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS**

Nome: \_\_\_\_\_ Data: \_\_\_\_\_

1. **(1,4)** J.A. Moore investigou a herança dos padrões malhados nos sapos-leopardo (J.A.Moore. 1943. Journal of Heredity 34:3-7). O fenótipo pipiens tem as manchas normais que dão ao sapo-leopardo o seu nome. Em contraste, o fenótipo burnsi não tem as manchas em suas costas. Moore fez os seguintes cruzamentos, produzindo a prole indicada:

**Fenótipos parentais**

**Fenótipo da prole**

burnsi X burnsi

39 burnsi, 6 pipiens

burnsi X pipiens

23 burnsi, 33 pipiens

burnsi X pipiens

196 burnsi, 210 pipiens

- 1.1 Com base nesses resultados, qual o modo mais provável de herança do fenótipo burnsi? (0,2)
- 1.2 Cite os genótipos mais prováveis dos genitores em cada cruzamento. (0,3)
- 1.3 Use um teste do qui-quadrado para avaliar o ajuste dos números observados da prole ao número esperado com base em seus genótipos propostos. (0,9)

2. **(1,6)** A ausência completa de um ou mais dentes (agenesia dental) é uma característica comum em humanos; mais de fato 20% dos humanos não tem um ou mais dos terceiros molares. Entretanto, uma agenesia dental mais grave, definida pela falta de seis ou mais dentes é menos comum e frequentemente é uma condição herdada. L. Lammi et al. examinaram a agenesia

dental na família finlandesa mostrada no heredograma seguinte (L. Lammi 2004. American Journal of Human Genetics 74:1043-1050).

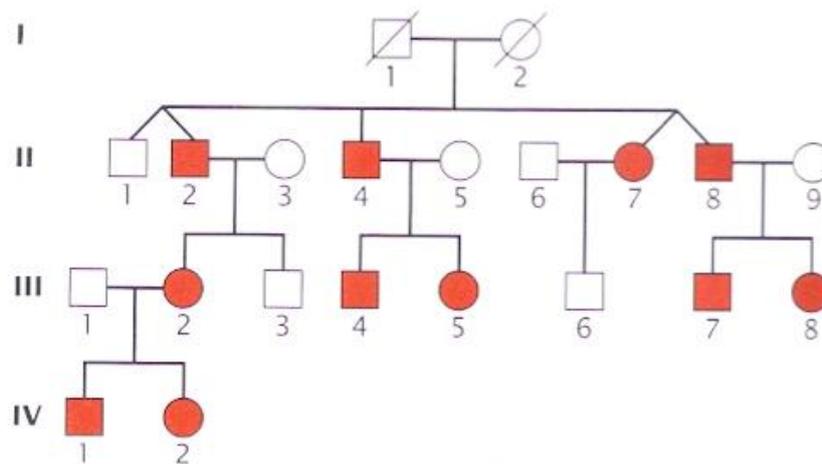
2.1 Qual o mais provável modo de herança para agenesia dentária nessa família?

Explique seu raciocínio (0,4)

2.2 Os dois grupos de gêmeos nessa família são monozigóticos ou dizigóticos? Qual a base de sua resposta? (0,4)

2.3 Se IV-2 casa-se com um homem que tem um conjunto completo de dentes, qual a probabilidade de que seu filho tenha agenesia dentária? (0,4)

2.4 Se III-2 e III-7 casam-se e tem um filho, qual a probabilidade de que seu filho tenha agenesia dentária? (0,4)



(Heredograma adaptado de L. Lammi. 2004. American Journal of Human Genetics 74:1043-1050.)

Valores críticos da distribuição do  $\chi^2$ .

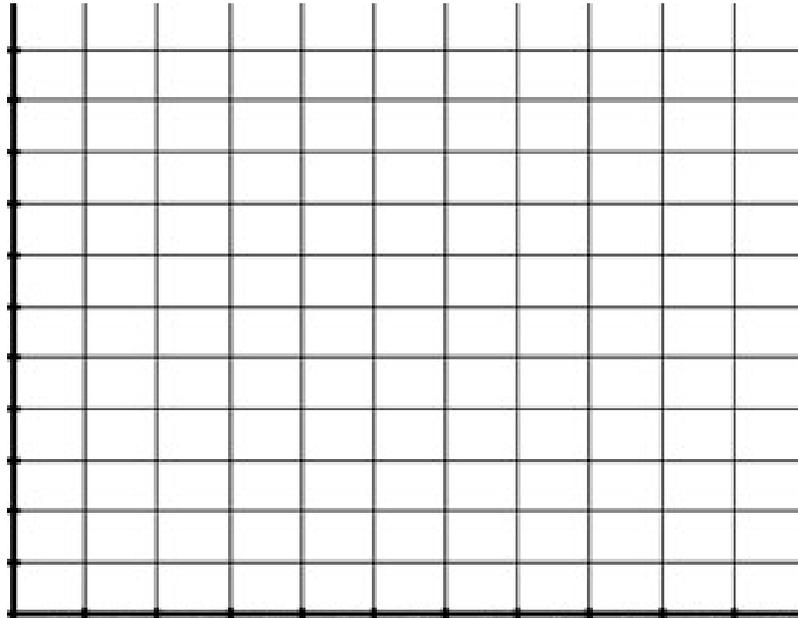
df	P								
	0,995	0,975	0,9	0,5	0,1	0,05	0,025	0,01	0,005
1	0,000	0,000	0,016	0,455	2,706	3,841	5,024	6,635	7,879
2	0,010	0,051	0,211	1,386	4,605	5,991	7,378	9,210	10,597
3	0,072	0,216	0,584	2,366	6,251	7,815	9,348	11,345	12,838
4	0,207	0,484	1,064	3,357	7,779	9,488	11,143	13,277	14,860

**3. (1,5)** A propriedade celular de alterar a associação entre o DNA e outros componentes da cromatina é essencial para permitir que as proteínas reguladoras tenham acesso ao DNA. Por isso, a modificação da cromatina, referida como remodelamento da cromatina, é um passo importante para a regulação gênica. Ela parece ser um pré-requisito para a transcrição de certos genes eucarióticos. A cromatina pode ser remodelada de dois modos gerais: mudanças nos nucleossomos e modificações no DNA (Klug et al., 2010). Descreva os componentes que influenciam no complexo de remodelamento da cromatina e como pode ser demonstrado onde está ocorrendo a transcrição do DNA.

**4. (1,5)** Trabalhando com cromossomos sintéticos de leveduras e somando seus conhecimentos ao de seu colega, Jack Szostak, a Profa. Elizabeth Blackburn inseriu telômeros de um protozoário de vida bastante extensa em cromossomos de levedura sem telômeros. Eis que a pesquisadora observou, dentre outras coisas, que esse telômero herdado do *Tetrahymena* aumentou significativamente a meia vida das leveduras! Elizabeth ganhou em 2009, o Prêmio Nobel de Medicina, junto a dois outros pesquisadores (Jack e sua orientada Carol) trabalhando com telomerasas. Qual o papel desta enzima? Por que ela é considerada uma transcriptase reversa?

**5. (2,0)** Em trabalho experimental cuidadosamente delineado, uma equipe de pesquisa analisou uma população de isópodes da espécie *Amadillidium vulgare* ao longo de 10 gerações. Os pesquisadores analisaram um loco dialélico ligado ao sexo e verificaram que os valores adaptativos permaneciam constantes ao longo das gerações, os quais foram calculados em  $w_{AA} = 1$ ;  $w_{Aa} = 1$ ;  $w_{aa} = 1$ ;  $w_{AW} = 1$ ;  $w_{aW} = 0$ . Verificaram-se ainda que o tamanho da população permaneceu em  $N = 1000$  ao longo das gerações e que, em  $G_0$ ,  $p_{f_0} = p_{m_0} = 0,5$ . Sabendo-se que *A. vulgare* apresenta o sistema sexual ZW, pede-se:

5.1 Esboce um gráfico, considerando os eixos das ordenadas =  $p$  (frequência alélica) e das abscissas =  $t$  (tempo). Indique unidades, quando necessário, e especifique as curvas relativas a machos e fêmeas. (0,5)



5.2 Analise e discuta as curvas obtidas no gráfico do item "a". (0,5)

5.3 Essa população encontrava-se em equilíbrio para genes ligados ao sexo em  $G_5$ ? Justifique sua resposta. (0,5)

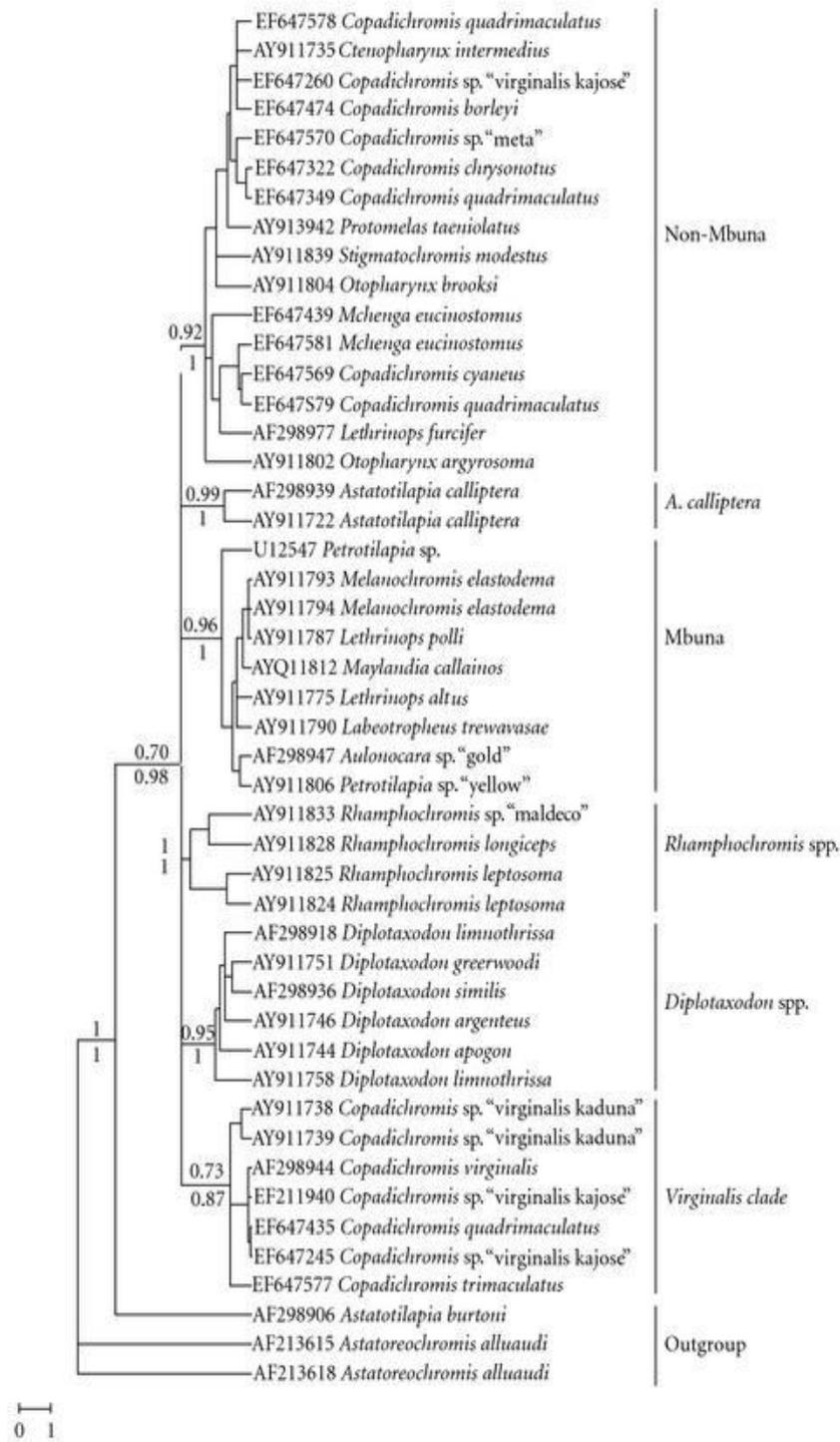
5.4 Como é possível verificar se esta população estava em equilíbrio de Wright em  $G_0$ ? (0,25). Demonstre sua resposta com as variáveis adequadas. (0,25)

**6. (2,0)** Em trabalho publicado recentemente, por Anseeuw et al., intitulado "Extensive Introgression among Ancestral mtDNA Lineages: Phylogenetic Relationships of the Utaka within the Lake Malawi Cichlid Flock" (International Journal of Evolutionary Biology, Volume 2012, Article ID 865603, 9 pages doi:10.1155/2012/865603), lê-se o resumo a seguir:

"Apresentamos uma análise filogenética de Utaka, um grupo taxonômico informal de espécies de ciclídeos do Lago Malawi. Analisamos dados tanto de DNA nuclear como de mtDNA de cinco espécies de Utaka representando dois (*Copadichromis* e *Mchenga*) dos três gêneros de Utaka. Dentre três das cinco espécies analisadas, encontramos

duas linhagens muito divergentes de mtDNA. Essas linhagens estão bastante difundidas e ocorrem em simpatria co-especificamente em diferentes áreas do lago. Em um contexto taxonômico mais amplo, incluindo representantes dos principais grupos da fauna de ciclídeos do Lago Malawi, encontramos que uma dessas linhagens agrupa-se com o clado de mtDNA de *non-Mbuna*, enquanto a outra forma um clado separado derivado da base da radiação de ciclídeos do Lago Malawi. Esta segunda linhagem foi encontrada unicamente em indivíduos de Utaka, principalmente em espécimes de *Copadichromis* sp. “*virginalis kajose*”. Por outro lado, os genes nucleares analisados não apresentaram traços de divergência intraespecífica. Sugerimos que a discrepância entre as assinaturas do mtDNA e do DNA nuclear é melhor explicada por um evento passado de hibridização, no qual o mtDNA de outra espécie tenha sofrido introgressão no patrimônio genético de *Copadichromis* sp. “*virginalis kajose*”.

Dentre os resultados descritos no artigo, o autores apresentam uma árvore filogenética, representada a seguir:



"Figura 3: Reconstrução filogenética por Máxima Verossimilhança envolvendo espécimes do estoque de ciclídeos do Lago Malawi e baseada na sequência completa da região controle do mtDNA (*D-Loop*). ... *Astatoreochromis alluaudi* e *Astatotilapia burtoni* representam os grupos externos. Escala da barra: substituições por sítio."

Analise os resultados obtidos por Anseeuw et al. (2012) cuidadosamente e responda ao que se pede:

6.1 Justifique, biologicamente, porque os autores levantaram a hipótese de introgressão no caso das espécies de ciclídeos de Utaka no Lago Malawi. (1,1)

6.2 Descreva o algoritmo empregado pelos autores para a reconstrução filogenética apresentada no artigo. (0,4)

6.3 Qual a função de *Astatoreochromis alluaudi* e *Astatotilapia burtoni* nas análises? (0,2)

6.4 A que os autores se referem com a observação “derivado da base da radiação de ciclídeos do Lago Malawi”? (0,15) Como esse tipo de processo evolutivo pode ser explicado? (0,15)