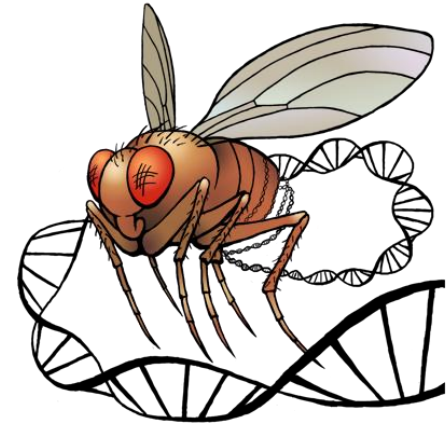


Genetika gyakorlat

Drosophila blokk

(Második rész)

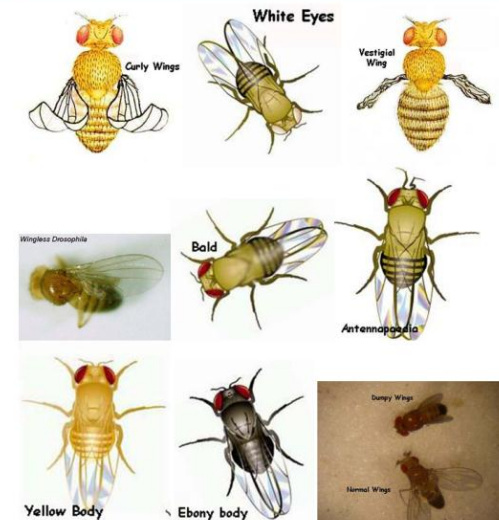


Manzéger Anna, Tagscherer Kinga, Kovács Tibor

2017. 11. 06.

email:
manzeger.anna@live.com,
tibor.kovacs@ttk.elte.hu
tagschererkinga@gmail.com

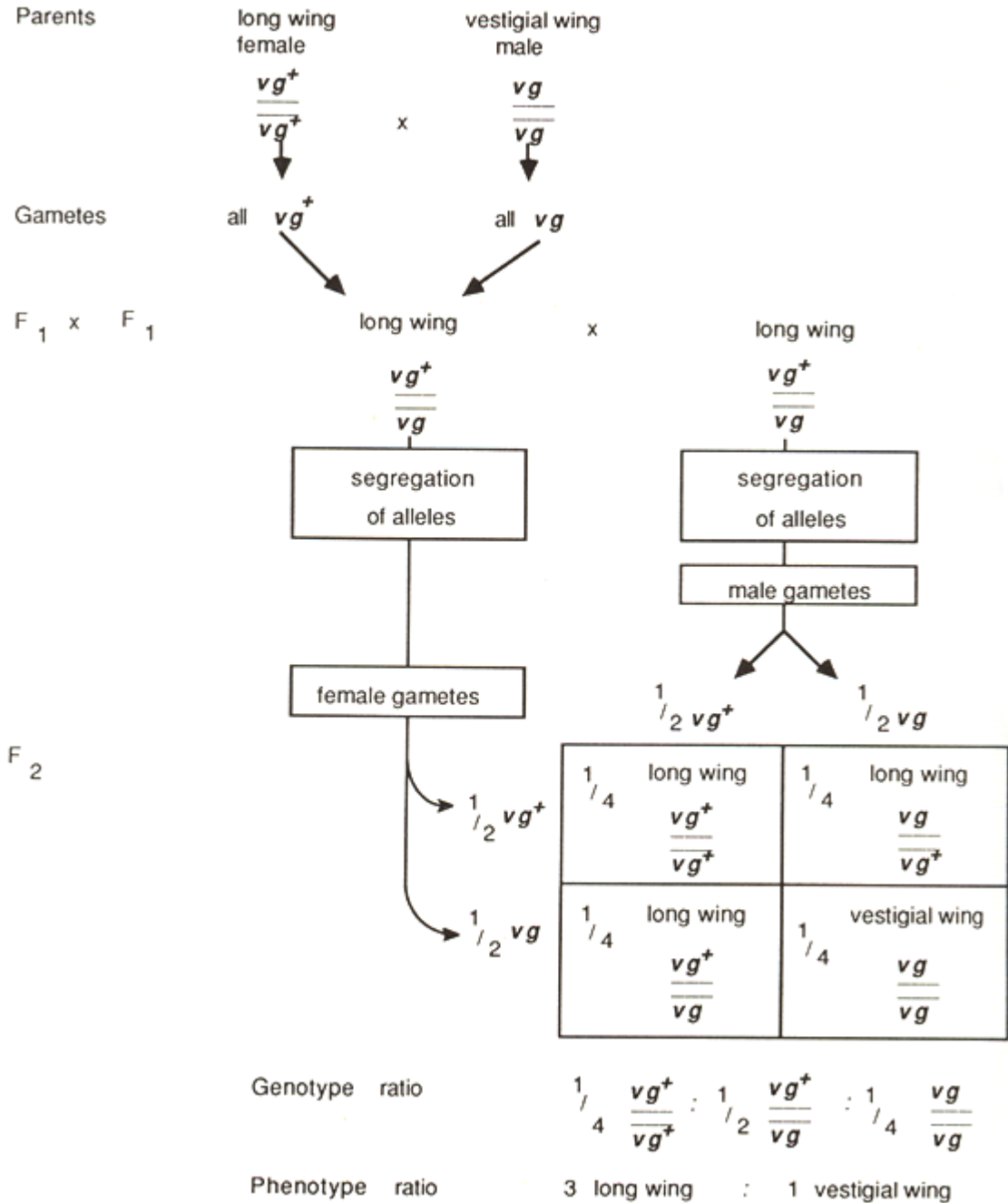
mellék: 8694-es vagy 8699-es mellék



F₂ analízis és térképezés

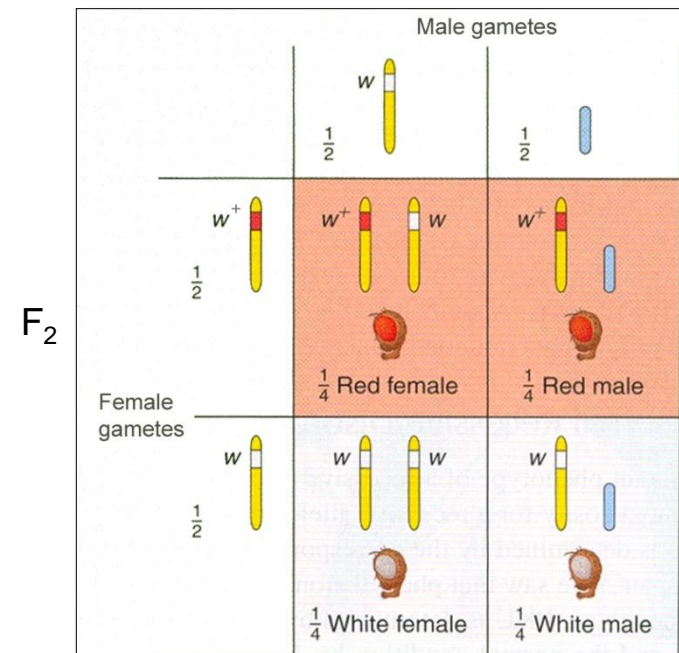
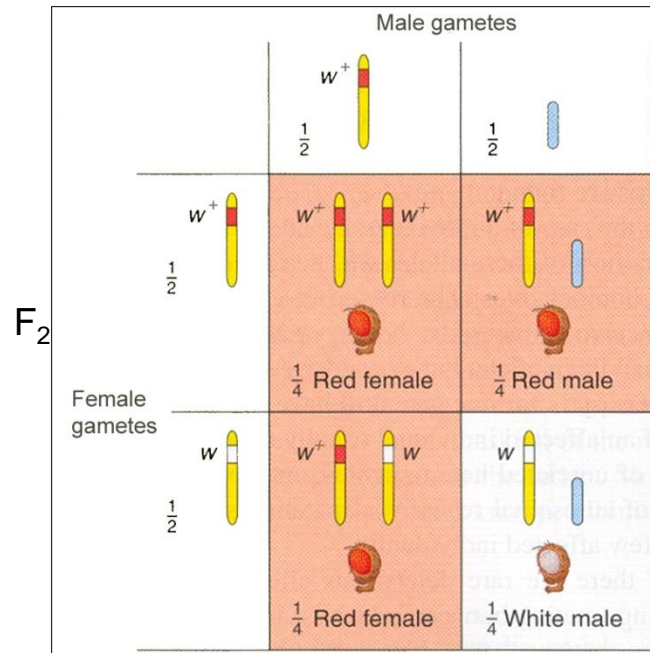
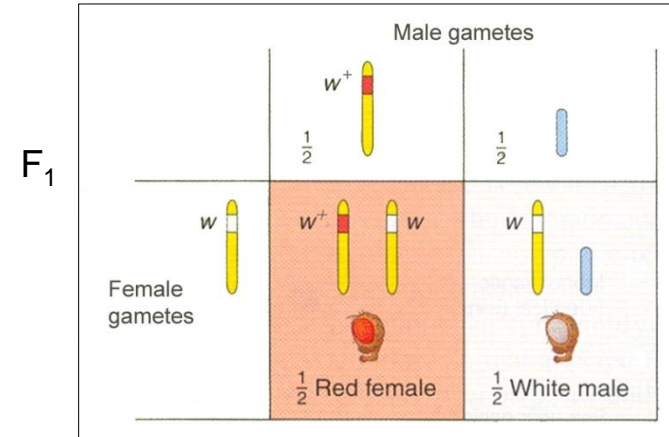
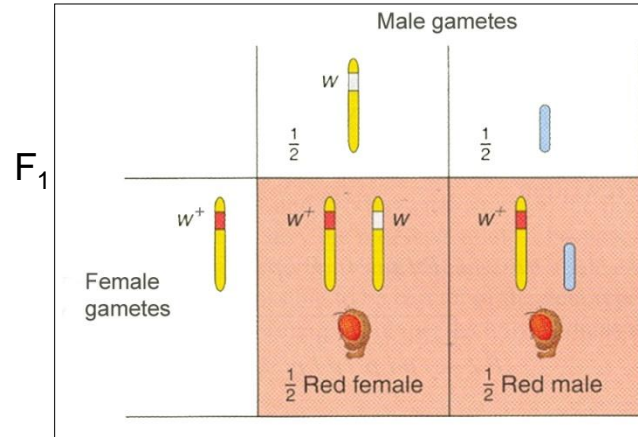
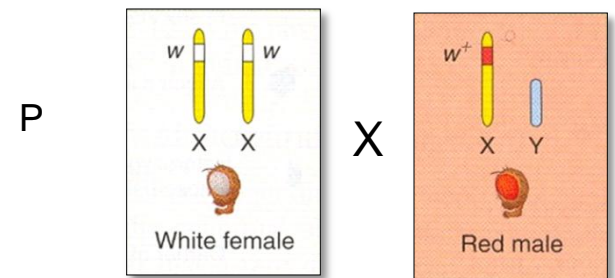
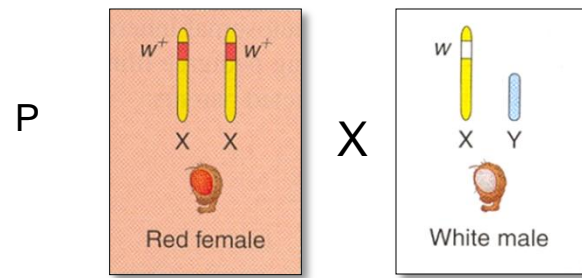
Monohybrid öröklésmenet

vestigial (vg) II.



Ivarhoz kötött öröklésmenet

white (*w*) l. (X)

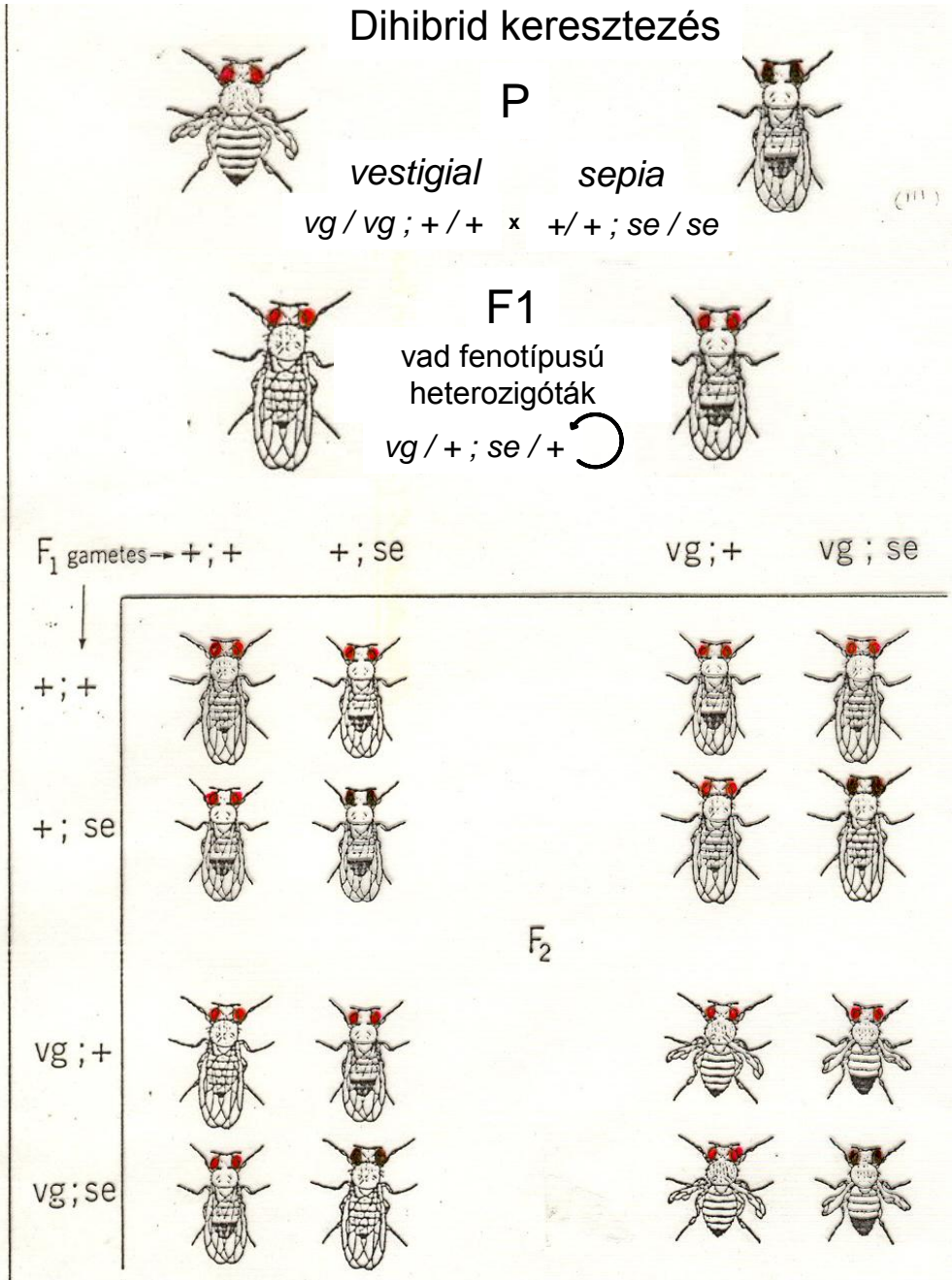


Dihybrid öröklésmenet

vestigial (vg) II.



sepia (se) III.



Ivari és autoszómás jellegek

F ₂ :	♀	♂
vad	168	85
barna szem	56	28
sárga test	0	86
sárga test, barna szem	0	29
	224	228

$$P \quad \begin{matrix} \text{♀} \\ \frac{y^+}{y^+} \frac{se}{se} \end{matrix} \times \begin{matrix} \text{♂} \\ \frac{y}{Y} \frac{se^+}{se^+} \end{matrix}$$

$$F_1 \quad \begin{matrix} \text{♀} \\ \frac{y^+}{y} \frac{se}{se^+} \end{matrix}; \begin{matrix} \text{♂} \\ \frac{y^+}{Y} \frac{se}{se^+} \end{matrix}$$

F₂

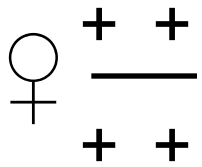
hím \ nőst.	y ⁺ se ⁺	y ⁺ se	Y se ⁺	Y se
y ⁺ se ⁺	+	+	+	+
y ⁺ se	+	se	+	se
y se ⁺	+	+	y	y
y se	+	se	y	y se

A várt fenotípusos arány: 

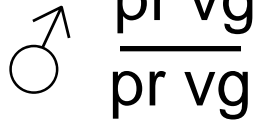
9 vad
3 se
3 y
1 y; se

Kapcsolt gének öröklődése

P

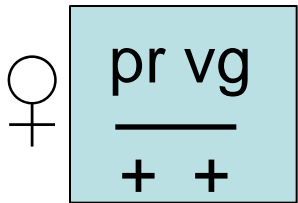


x

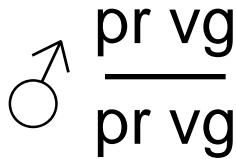


purple (*pr*) – bíbor szemszín
vestigial (*vg*) – csökevényes szárny

F1



x



Tesztelő
keresztelés

cisz heterozigóta, vad fenotípus

nőstény \ hím	<i>pr vg</i>		
<i>pr⁺vg⁺</i>	<i>pr⁺vg⁺ / pr vg</i>	vad	1339 darab
<i>pr⁺vg</i>	<i>pr⁺vg / pr vg</i>	vg	151 darab
<i>pr vg⁺</i>	<i>pr vg⁺ / pr vg</i>	pr	154 darab
<i>pr vg</i>	<i>pr vg / pr vg</i>	pr vg	1195 darab

parentális

rekombináns

Kapcsolt gének öröklődése

Drosophila III. kromoszómáján két gén van kb. 20 térképtávolságra egymástól

hairy (*h*) *scarlet* (*st*)


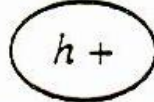
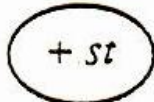


h + / + st ♀

transz heterozigóta, vad fenotípus

x

h st / h st ♂

homozigóta mutáns,
szőrös, élénkvörös szem

	♀	♂	
80% Szülői típus	40%		<i>h + / h st</i> = 40% szőrös
	40%		<i>+ st / h st</i> = 40% élénkvörös
20% Rekombináns típus	10%		<i>h st / h st</i> = 10% szőrös és élénkvörös
	10%		<i>+ + / h st</i> = 10% vad típus

Drosophila-ban a rekombináció sajátos (II)

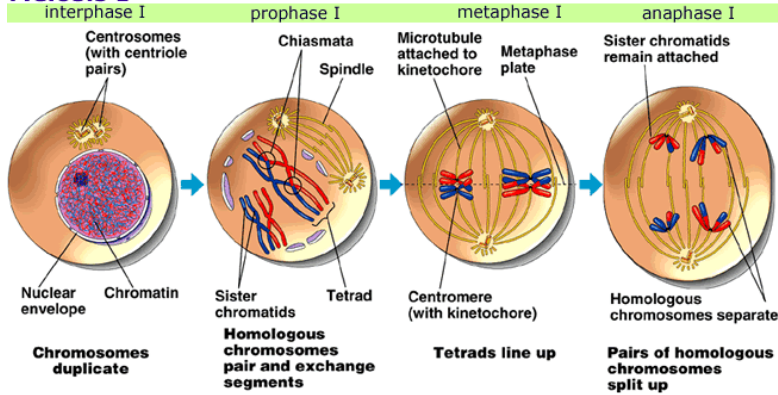
Míg a reciprok keresztezés esetén....:

	$h\ st / h\ st$ ♀ homozigóta mutáns, szőrös, élénkvörös szem	X	$h\ + / +\ st$ ♂ transz heterozigóta, vad fenotípus
	♂	♀	$h\ st$
Csak szülői típusok	$h\ +$		$h\ + / h\ st = 50\%$ szőrös
	$+ st$		$+ st / h\ st = 50\%$ élénkvörös

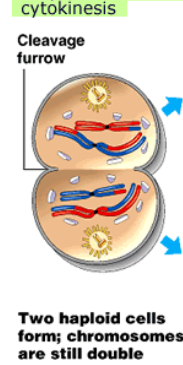
A hímekben nincs rekombináció!

Drosophila-ban a rekombináció sajátos (II)

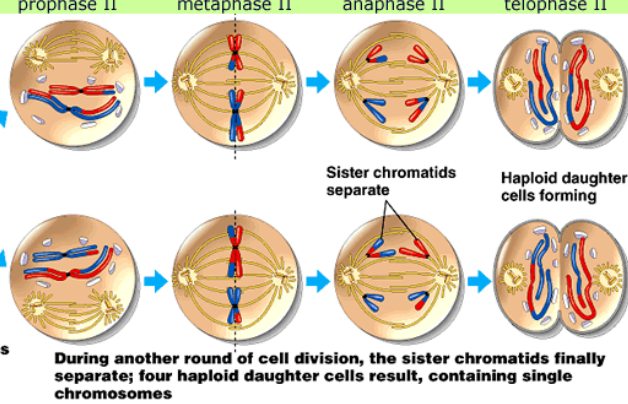
Meiosis I



Meiosis I

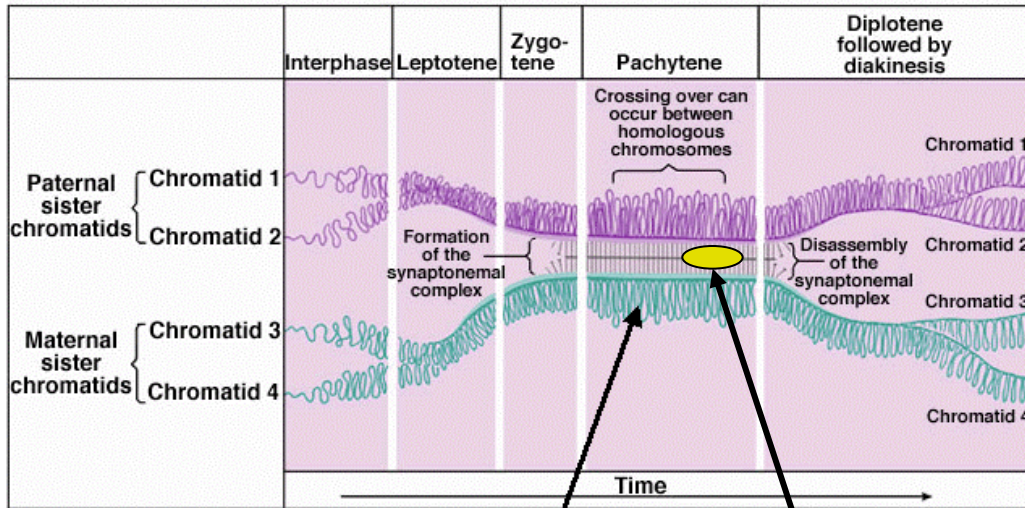


Meiosis II



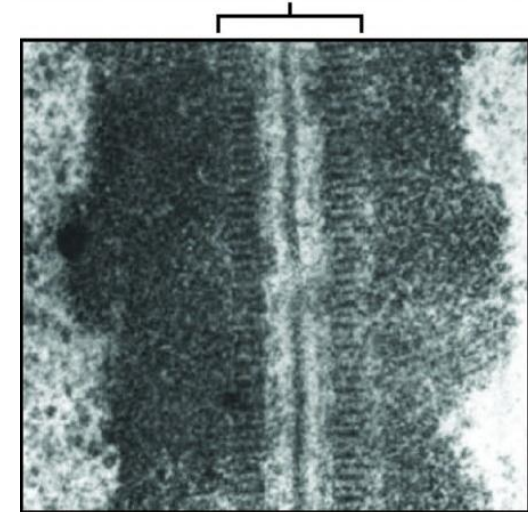
Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

Time Course of Prophase I



szinaptonémás komplex | rekombinációs nódusz

Synaptonemal complex



Chromatin loops (paternal)

Chromatin loops (maternal)

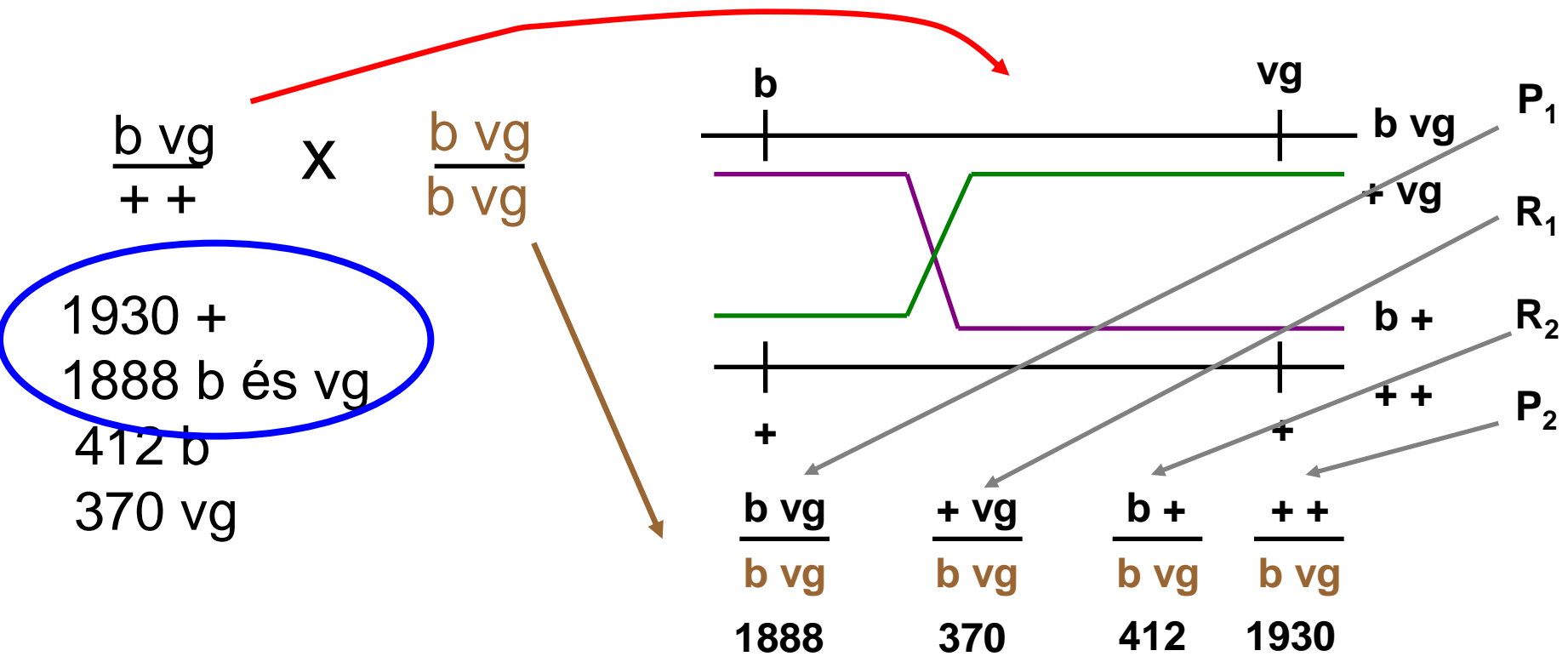
Drosophila hívekben **nincs** szinaptonémás komplex

Drosophila-ban két recesszív gén, a *b* (szürkés testszín) és a *vg* (csökevényes szárny) a 2. kromoszómán helyezkedik el. Dihibrid nőstényeket **tesztelő keresztezésbe** vitték és 1930 vad típusú, 1888 szürkés testű, csökevényes szárnyú, 412 sötét testű és 370 csökevényes szárnyú utódot kaptak. Számítsa ki a *b* és *vg* közti távolságot!

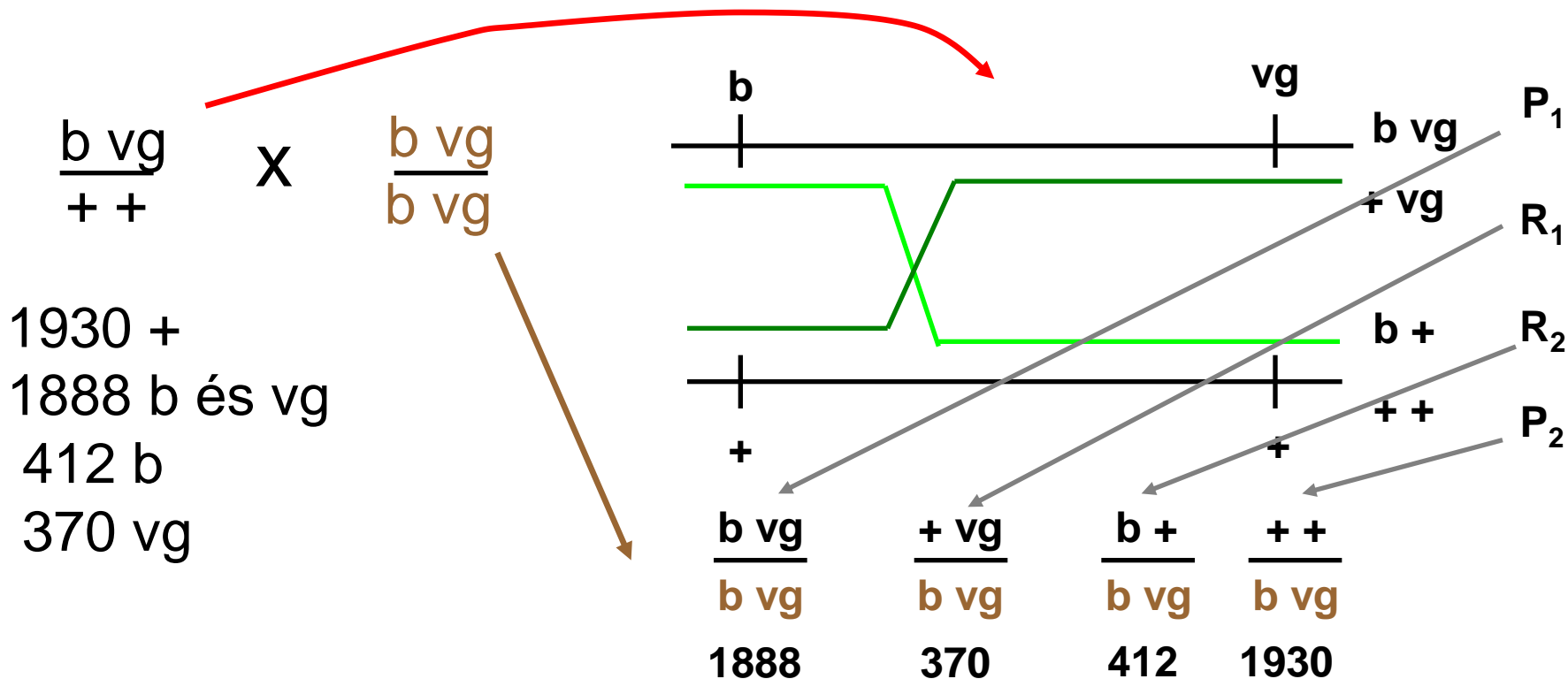
$$\frac{b \ vg}{+ \ +} \quad \text{vagy} \quad \frac{b \ +}{+ \ vg} \quad \times \quad \frac{b \ vg}{b \ vg}$$

1930 +
 1888 *b* és *vg*
 412 *b*
 370 *vg*

Drosophila-ban két recesszív gén, a **b** (szürkés testszín) és a **vg** (csökevényes szárny) a 2. kromoszómán helyezkedik el. Dihibrid nőstényeket **tesztelő keresztezésbe** vittek és 1930 vad típusú, 1888 szürkés testű, csökevényes szárnyú, 412 sötét testű és 370 csökevényes szárnyú utódot kaptak. Számítsa ki a **b** és **vg** közti távolságot!



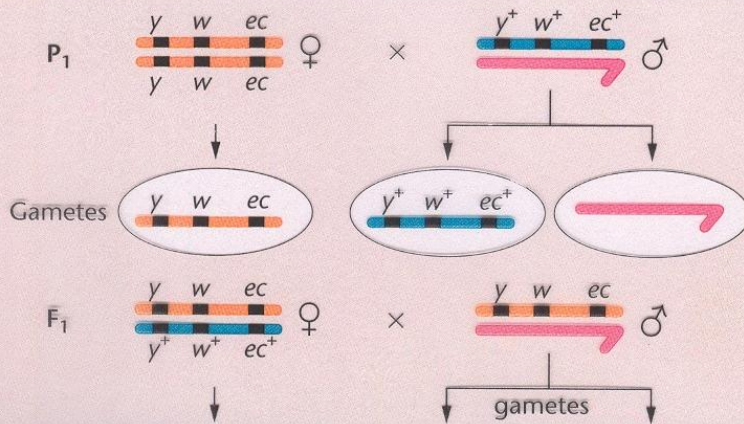
Számítsa ki a b és vg közti távolságot!



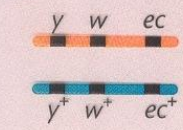
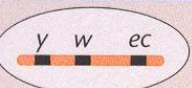
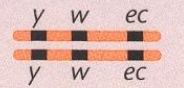
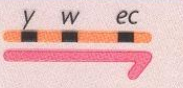
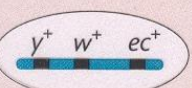
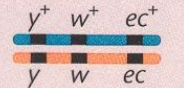
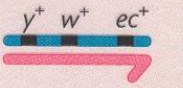
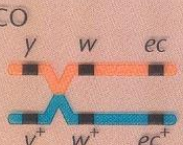

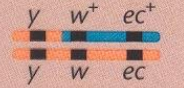
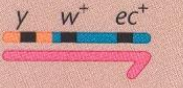


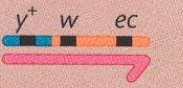
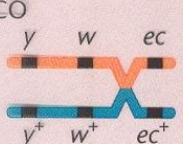

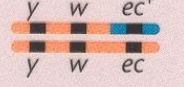

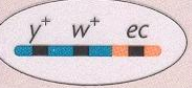
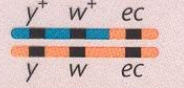
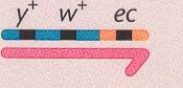
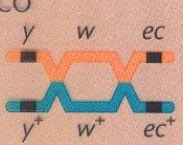
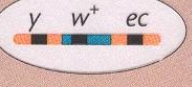
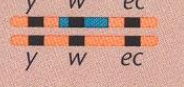


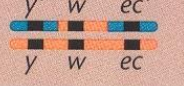



$$r_{b-vg} = \frac{R_1 + R_2}{P_1 + P_2 + R_1 + R_2} = \frac{370 + 412}{370 + 412 + 1888 + 1930} = 0,17$$

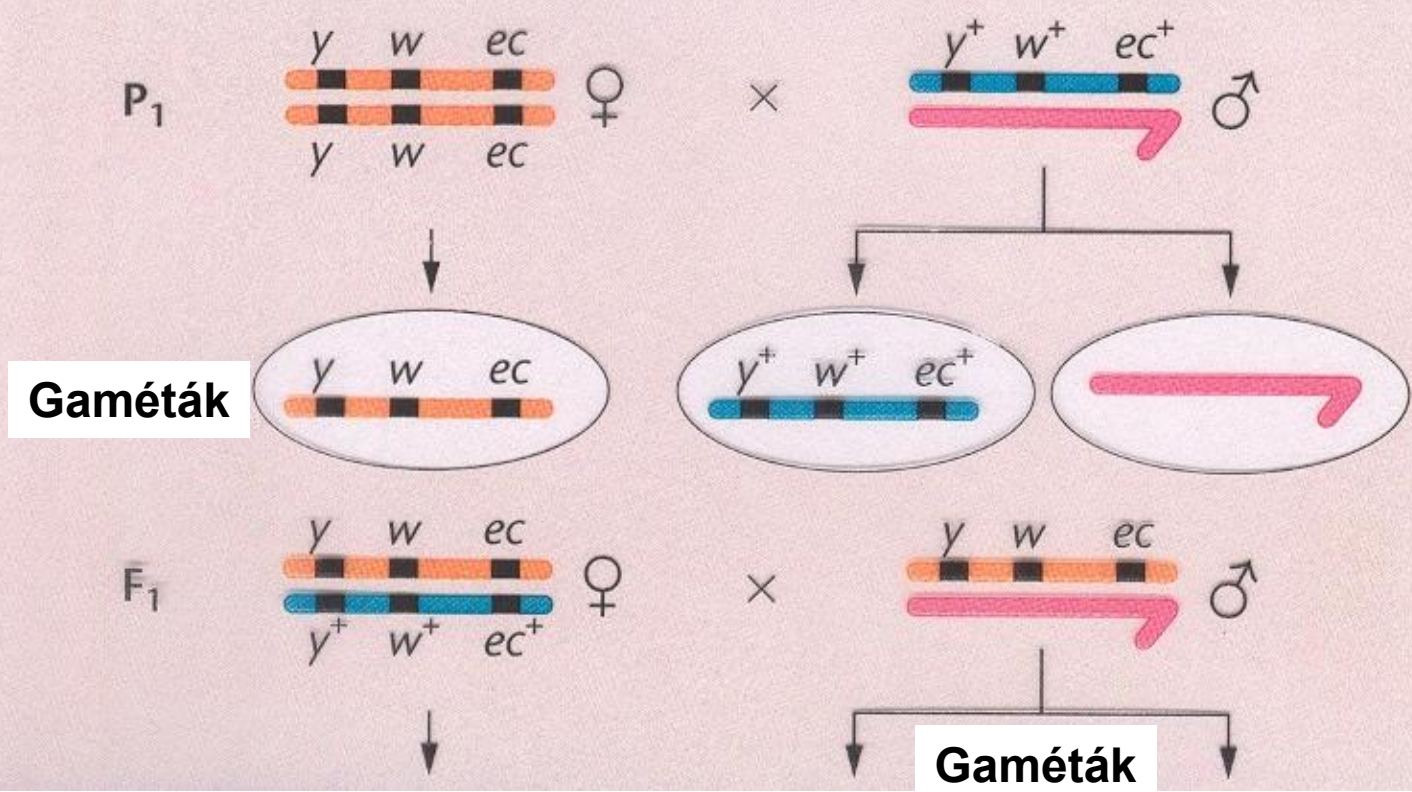
$$r_{b-vg} = 0,17 \Rightarrow d_{b-vg} = 0,17M = 17,0cM$$



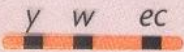
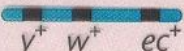
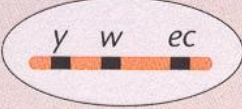
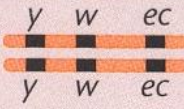
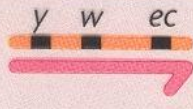
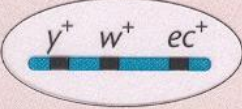

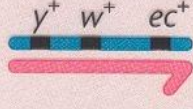



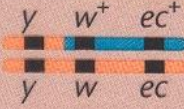
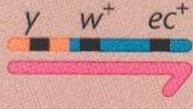

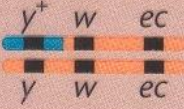
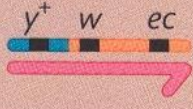
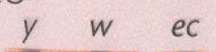




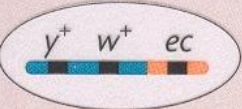
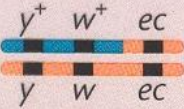
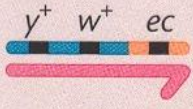


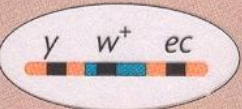
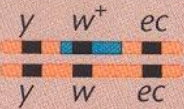
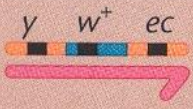

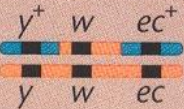
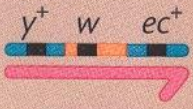
Hárompontos térképezés

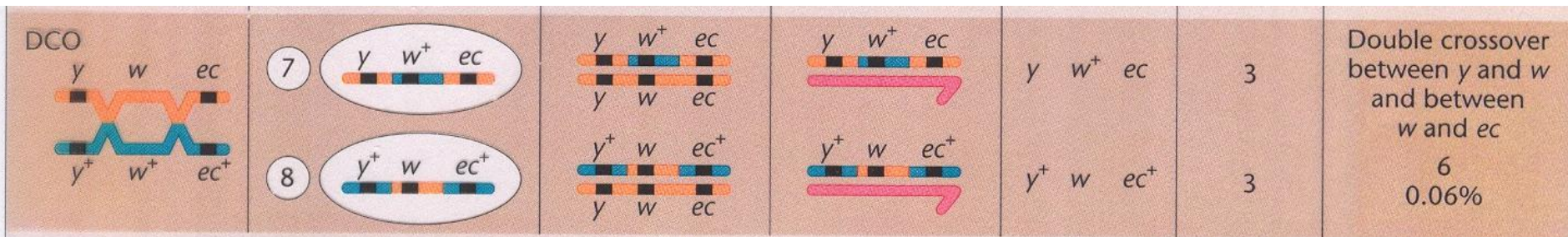


Origin of female gametes	gametes			F ₂ phenotype	Observed number	Category, total, and percentage
NCO 	① 			y w ec	4685	Noncrossover 9444 94.44%
	② 			y ⁺ w ⁺ ec ⁺	4759	
SCO 	③ 			y w ⁺ ec ⁺	80	Single crossover between y and w 150 1.50%
	④ 			y ⁺ w ec	70	
SCO 	⑤ 			y w ec ⁺	193	Single crossover between w and ec 400 4.00%
	⑥ 			y ⁺ w ⁺ ec	207	
DCO 	⑦ 			y w ⁺ ec	3	Double crossover between y and w and between w and ec 6 0.06%
	⑧ 			y ⁺ w ec ⁺	3	

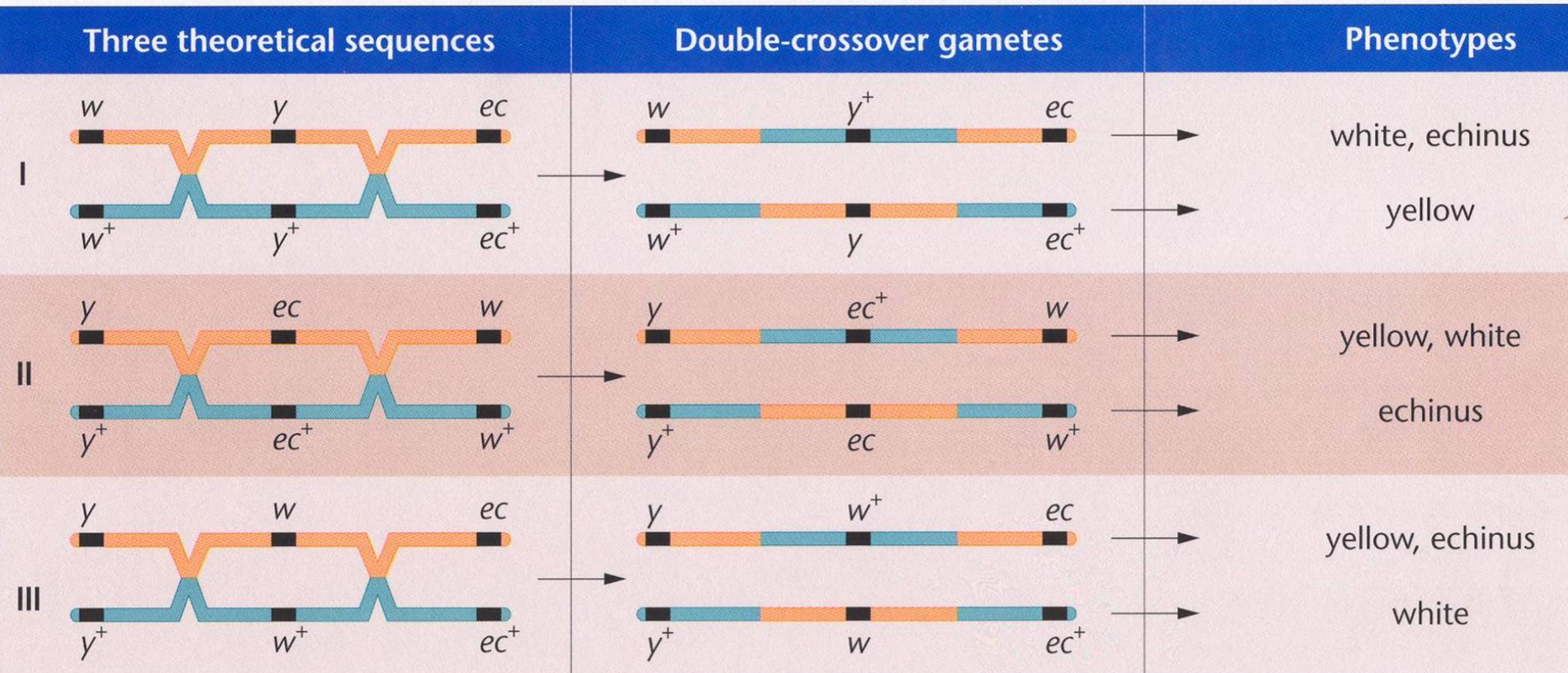
yellow - white - echinus



Origin of female gametes	gametes			F ₂ phenotype	Observed number	Category, total, and percentage
NCO  	1 			y w ec	4685	Noncrossover 9444 94.44%
	2 			y ⁺ w ⁺ ec ⁺	4759	
SCO  	3 			y w ^r ec ⁺	80	Single crossover between y and w 150 1.50%
	4 			y ⁺ w ec	70	
SCO  	5 			y w ec ⁺	193	Single crossover between w and ec 400 4.00%
	6 			y ⁺ w ⁺ ec	207	
DCO  	7 			y w ⁺ ec	3	Double crossover between y and w and between w and ec 6 0.06%
	8 			y ⁺ w ec ⁺	3	



Hárompontos térképezés: a ritka osztályból meghatározható a génsorrend



Drosophila-ban két recesszív gén, a **b** (szürkés testszín) és a **vg** (csökevényes szárny) a 2. kromoszómán helyezkedik el. Dihibrid nőstényeket tesztelő keresztezésbe vittek és 1930 vad típusú, 1888 szürkés testű, csökevényes szárnyú, 412 szürkés testű és 370 csökevényes szárnyú utódot kaptak.

a) Számítsa ki a **b** és **vg** közti távolságot



17,0cM

b) Egy másik recesszív gén a **cn** (élénkpiros szemszín) szintén a 2. kromoszómában lokalizált. Az F_1 trihibrid nőstényekkel tesztelő keresztezést végeztek és

664 vad típusú

652 szürke testű, csökevényes szárnyú, élénkpiros szemű

72 szürke testű, élénkpiros szemű

68 csökevényes szárnyú

70 szürke testű

61 csökevényes szárnyú, élénkpiros szemű

4 szürke testű, csökevényes szárnyú

8 élénkpiros szemű

egyedet kaptak.

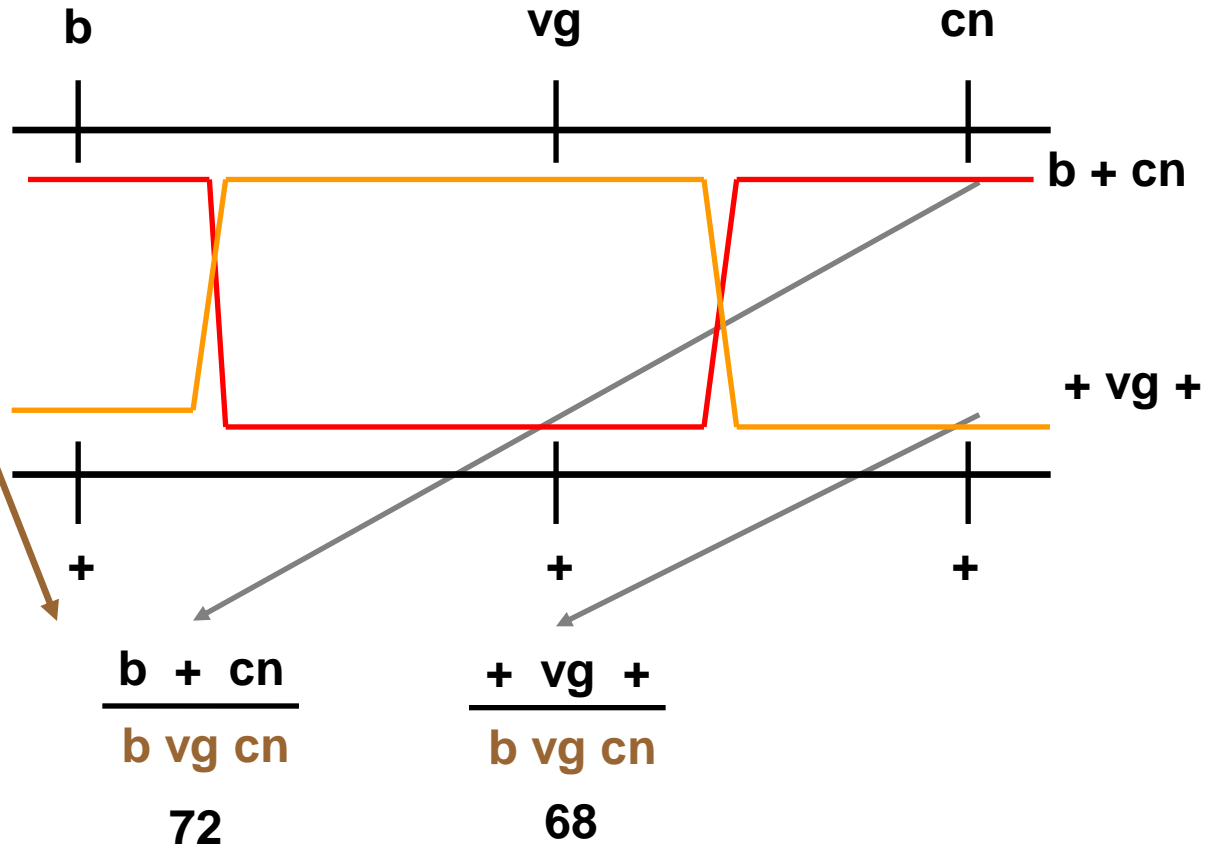
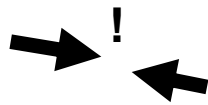
Állapítsa meg a gének közötti távolságokat, a génsorrendet és az interferencia értékét. Azonosak az a) és b) kérdésben a **b** és **vg** lokuszok közötti távolságok?

Feltételezett génsorrend I:

$$\frac{b \text{ vg } cn}{+ + +} \times \frac{b \text{ vg } cn}{b \text{ vg } cn}$$

- 664 +
- 652 b vg cn
- 72 b cn
- 68 vg
- 70 b
- 61 vg, cn
- 4 b vg
- 8 cn

ritka osztály

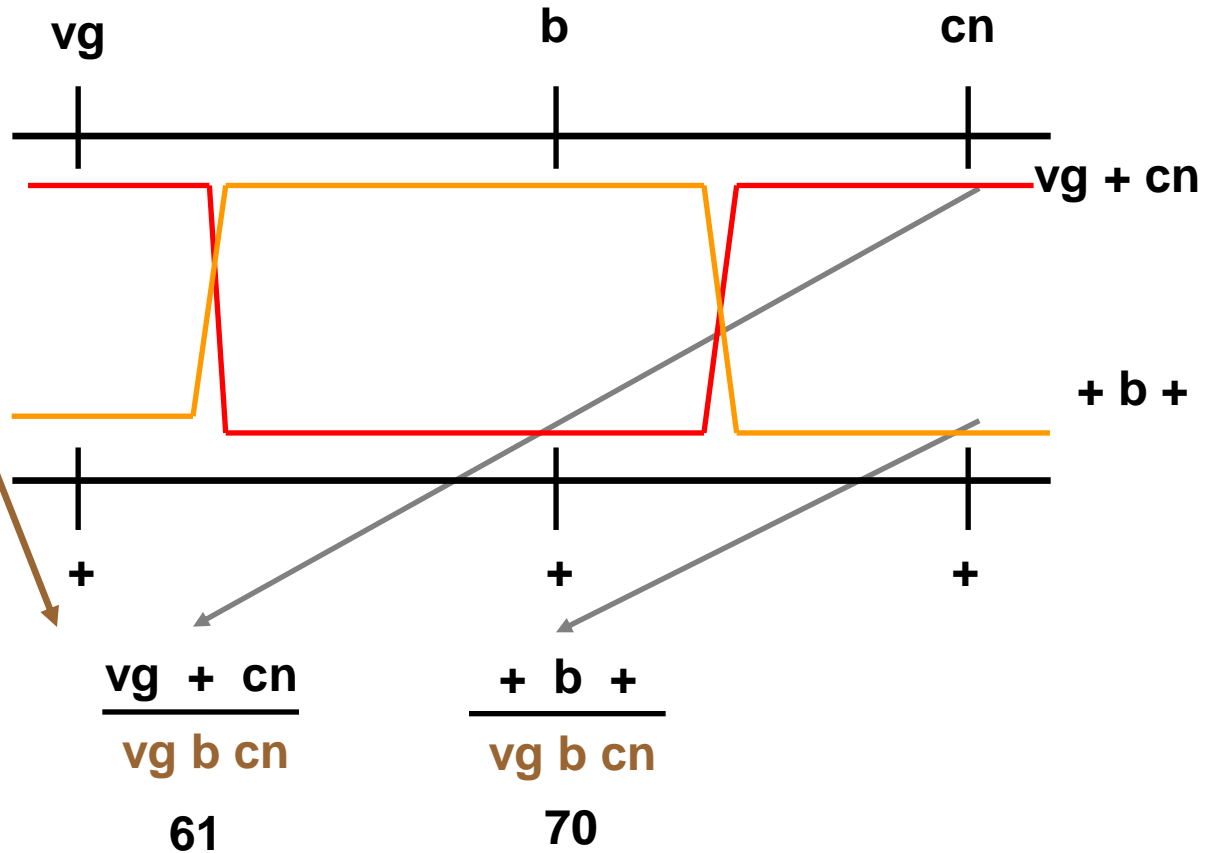
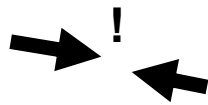


Feltételezett génsorrend II:

$$\begin{array}{c} b \text{ vg } cn \\ + \ + \ + \\ \hline \end{array} \times \begin{array}{c} b \text{ vg } cn \\ b \text{ vg } cn \\ \hline \end{array}$$

- 664 +
- 652 b vg cn
- 72 b cn
- 68 vg
- 70 b
- 61 vg, cn
- 4 b vg
- 8 cn

ritka osztály

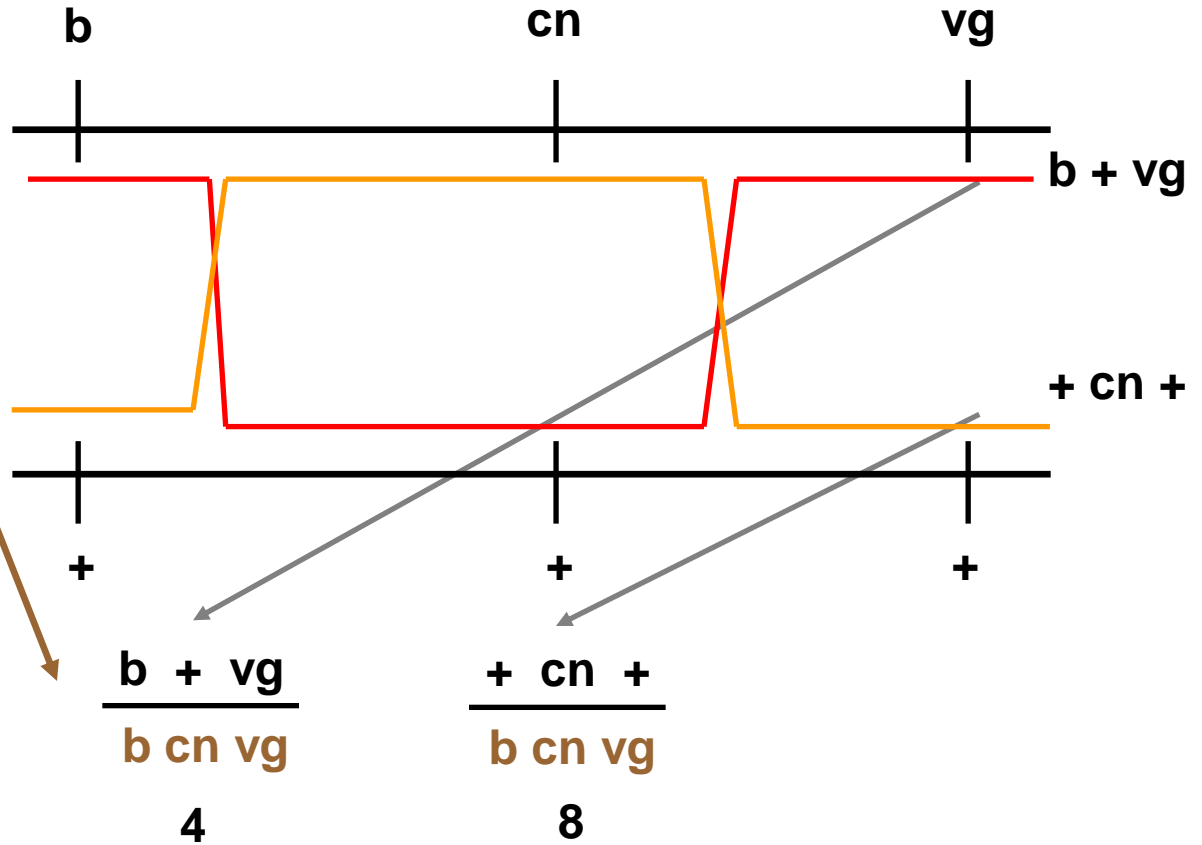


Feltételezett génsorrend III:

$$\frac{b \text{ vg } cn}{+ + +} \times \frac{b \text{ vg } cn}{b \text{ vg } cn}$$

- 664 +
- 652 b vg cn
- 72 b cn
- 68 vg
- 70 b
- 61 vg, cn
- 4 b vg
- 8 cn

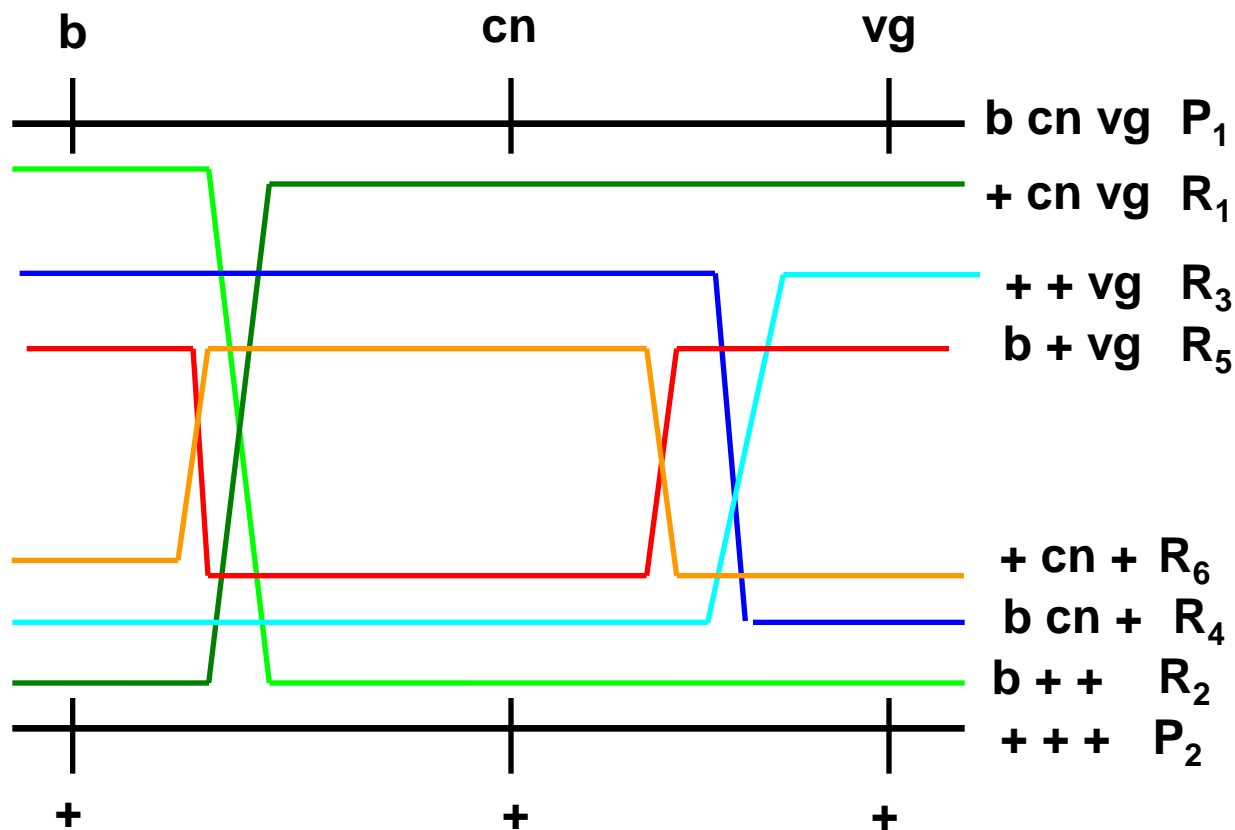
ritka osztály



Ez a génsorrend!

$$\begin{array}{c} b \quad cn \quad vg \\ + \quad + \quad + \end{array} \times \begin{array}{c} b \quad cn \quad vg \\ b \quad cn \quad vg \end{array}$$

664	+	+	+	P_1
652	b	cn	vg	P_2
72	b	cn	+	R_1
68	+	+	vg	R_2
70	b	+	+	R_3
61	+	cn	vg	R_4
4	b	+	vg	R_5
8	+	cn	+	R_6



$$r_{b-cn} = \frac{R_3 + R_4 + R_5 + R_6}{\Sigma} = \frac{70 + 61 + 4 + 8}{1599} = 0,0894 \Rightarrow d_{b-cn} = 8,94cM$$

$$r_{cn-vg} = \frac{R_1 + R_2 + R_5 + R_6}{\Sigma} = \frac{72 + 68 + 4 + 8}{1599} = 0,0950 \Rightarrow d_{cn-vg} = 9,5cM$$

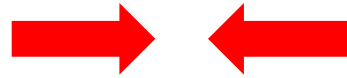
$$r_{b-vg} = r_{b-cn} + r_{cn-vg} = 0,1844 \Rightarrow d_{b-vg} = 18,44cM$$

17,0cM \neq 18,44cM

Crossing over interferencia

Interferencia, „Zavar”, „gátlás”, jele: I

Az ideális crossing over



A valóság

- pontszerű
- autonom (ha föllép valahol egy, fölléphet egy másik, és a kettő egymást nem befolyásolja)
- statisztikus (bárhonl azonos valószínűséggel léphet föl)

$I = 1 -$

$$\frac{\text{A kapott kétszeres cr. o.-k relatív gyakorisága}}{\text{A várt kétszeres cr. o.-k relatív gyakorisága}}$$

Koincidencia koefficiens (cc)

Ha $I = 1$: komplett interferencia

Ha $I < 1$: gátlás, (pozitív) interferencia, inkomplett interferencia

Ha $I < 0$: serkentés, negatív interferencia

$$r_{b-cn} = \frac{R_1 + R_2 + R_5 + R_6}{\Sigma} = \frac{61 + 70 + 4 + 8}{1599} = 0,0894 \Rightarrow d_{b-cn} = 8,94cM$$

$$r_{cn-vg} = \frac{R_3 + R_4 + R_5 + R_6}{\Sigma} = \frac{68 + 72 + 4 + 8}{1599} = 0,0950 \Rightarrow d_{cn-vg} = 9,5cM$$

$$r_{b-vg} = r_{b-cn} + r_{cn-vg} = 0,1844 \Rightarrow d_{b-vg} = 18,44cM$$

$$I = 1 - \frac{\text{A kapott kétszeres cr. o.-k relatív gyakorisága}}{\text{A várt kétszeres cr. o.-k relatív gyakorisága}} = 1 - \frac{\frac{(R5+R6)}{\Sigma}}{r_{b-cn} * r_{cn-vg}}$$

$$I = 1 - \frac{\frac{12}{1599}}{\frac{143}{1599} * \frac{152}{1599}}$$

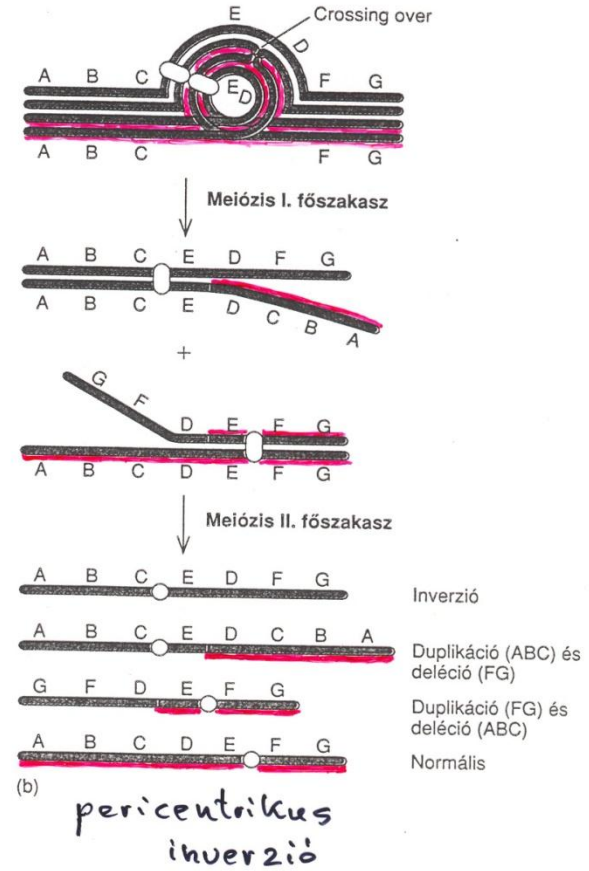
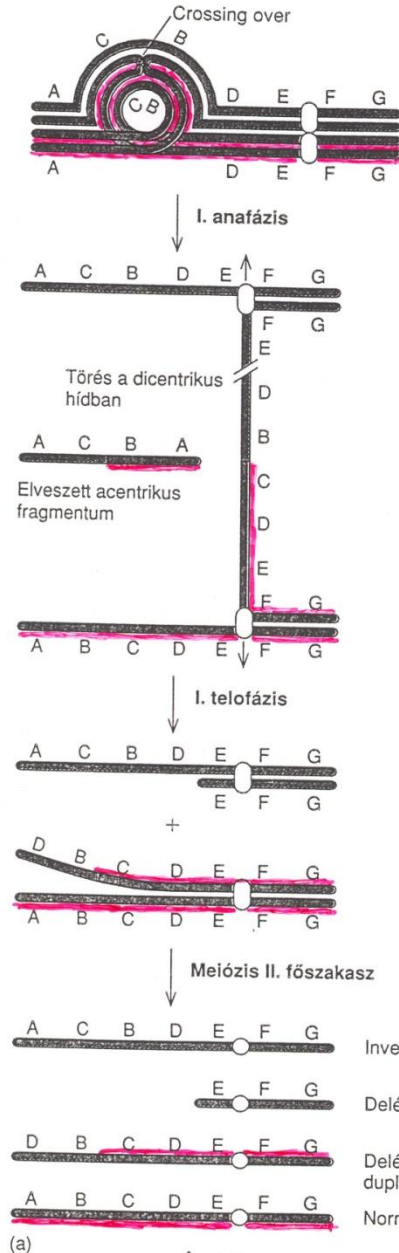
$$I = 1 - cc = 1 - 0,88 = \mathbf{0,12}$$

Balanszer kromoszómák

Letális mutációk fenntartására alkalmasak:

- komplementálják a letális mutációt
- kizárják a rekombinációt
- olyan marker mutációt is tartalmaznak, amely alapján a balanszált egyedek felismerhetők és szelektálhatók
- ált. homozigóta formában letális mutációt is hordoznak

Az inverziós balanszerek meiózisának rekombináns termékei, gamétái életképtelenek



II. kromoszómás balanszerek

II. kromoszóma, citológiai régiók, bal kar: 21-40; jobb kar: 41-60

CyO (Curly of Oster)

2Lt - 22D1 | 33F5 - 30F | 50D1 - 58A4 | 42A2 - 34A1 | 22D2 - 30E | 50C10 - 42A3 | 58B1 - 2Rt

Gla (In(2LR)Gla)

2Lt - 22D3 | 34A8 - 27D | 51E - 34A9 | 22E1 - 27D | 51E - 2Rt

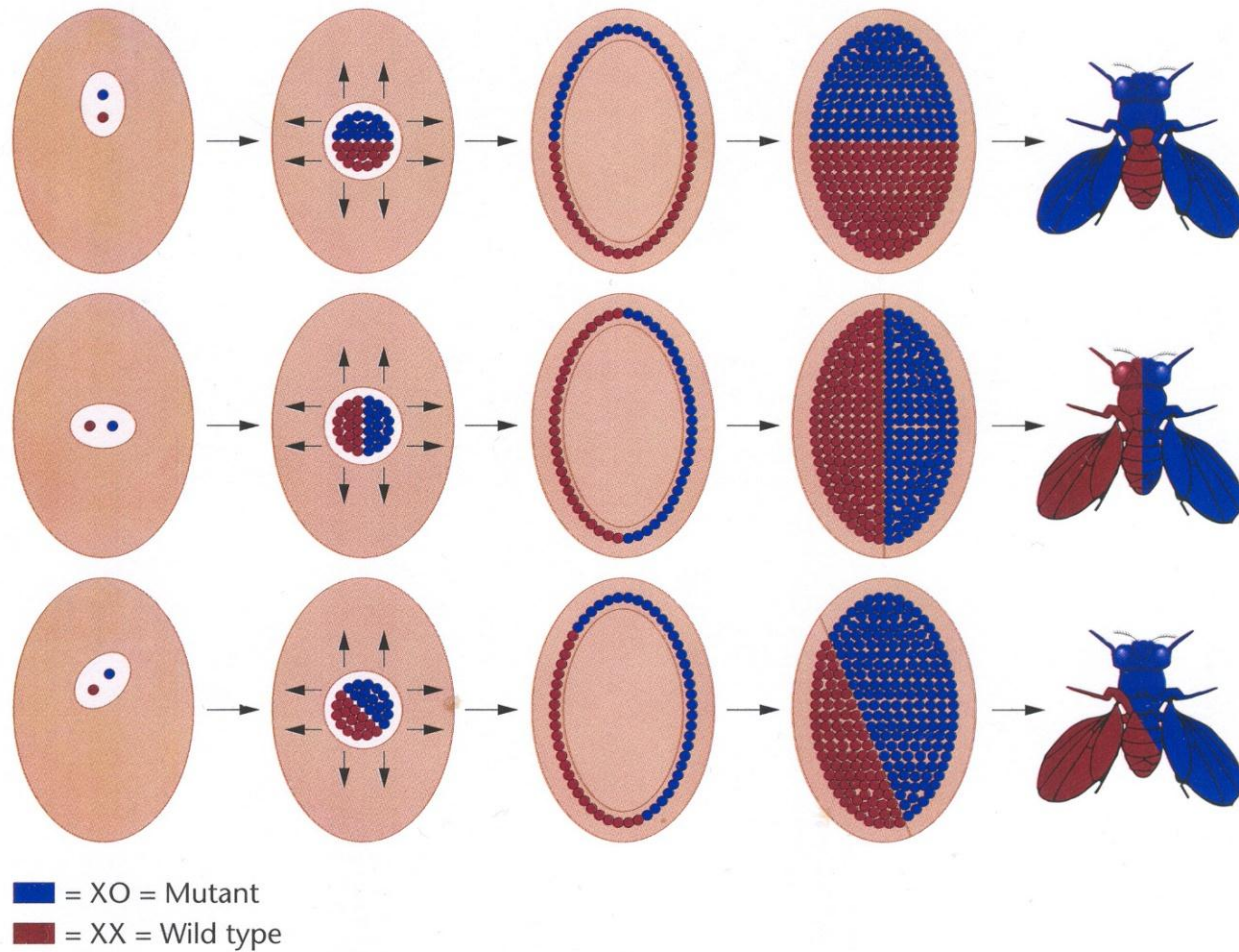
A *Drosophila* és az emlősök XY ivarmeghatározása különböző

	XX	XY	X0	XXY
ember	nő	férfi	nő Turner szindróma	férfi Klinefelter szindróma
muslica	nőstény	hím	hím Steril	nőstény

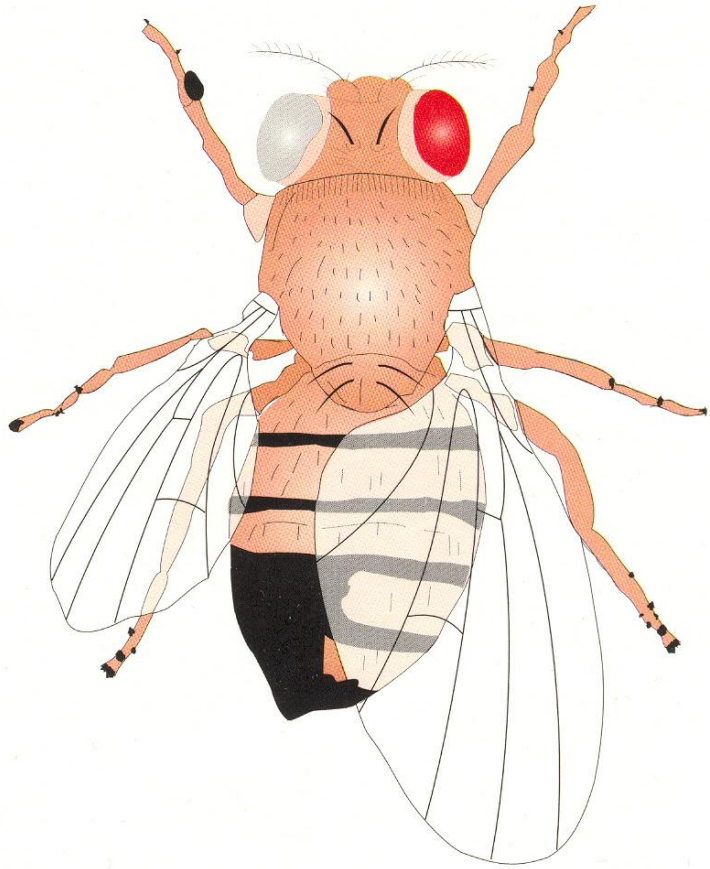
Emlősöknél Y kromoszóma szükséges a hím jellegek kialakulásához. Az Y kromoszómán lévő „mestergén” az SRY (sex reversal on Y) főkapcsoló géneként működik.

Drosophila-nál a nemi jellegek kialakításáért felelős mestergén nem az Y, hanem az X kromoszómán található. Itt az X kromoszóma/autoszóma számarány működik „főkapcsolóként”.

Genetikai mozaikok kialakulása



Gynanderek kialakulása



gynander



Alfred Henry
Sturtevant
1891 - 1970

- Első lineáris genetikai térkép
- Sorstérkép

$$\frac{\text{Number of mosaics in which structures are different}}{\text{Total number of mosaics recorded}} \times 100$$

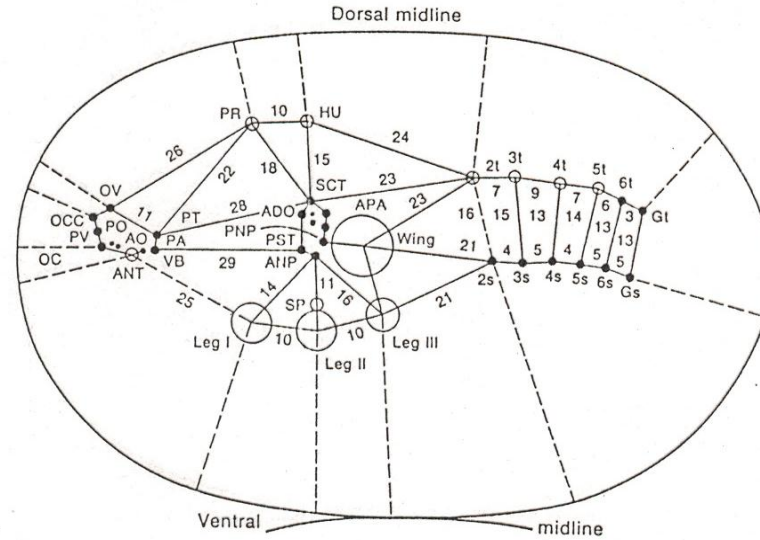
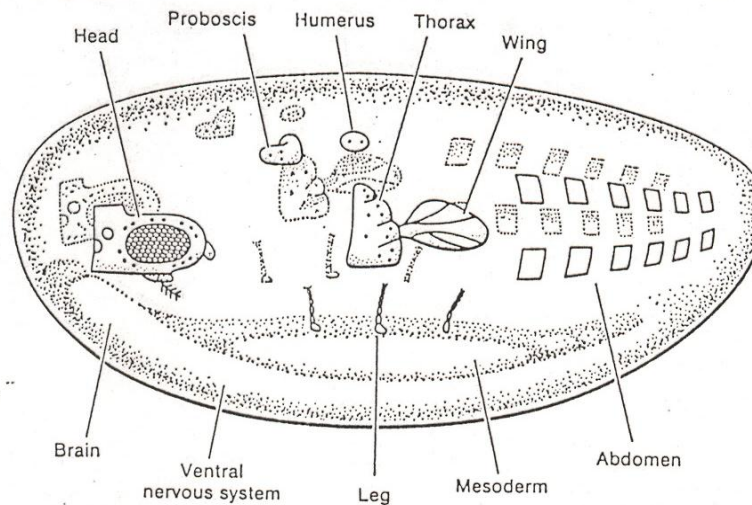
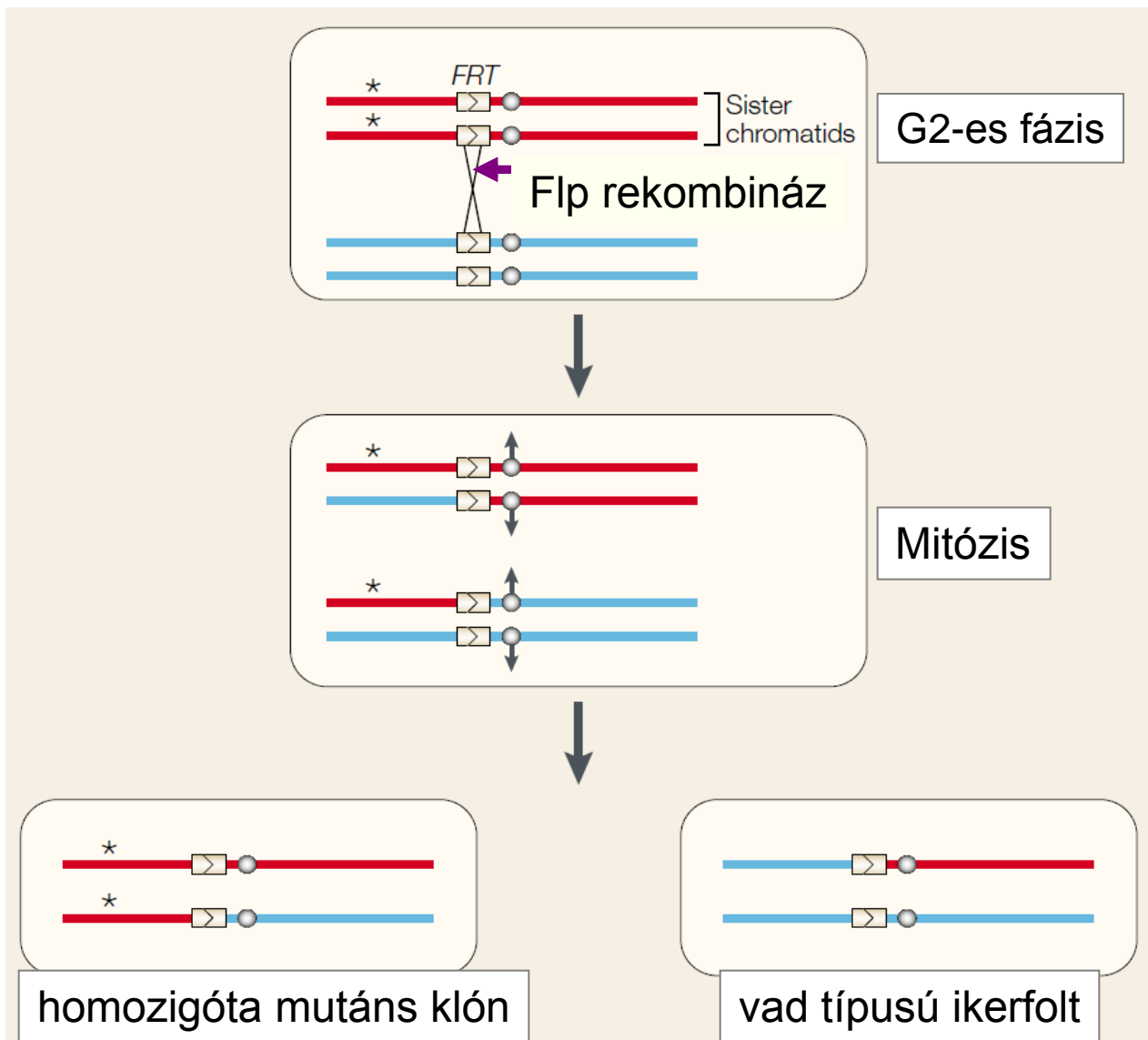


Figure 17-62. The embryonic fate map of adult structures. The map shows the foci for various structures and individual bristles. The distances between them are indicated in map units called sturts. (From S. Benzer, "Genetic Dissection of Behavior." Copyright ©

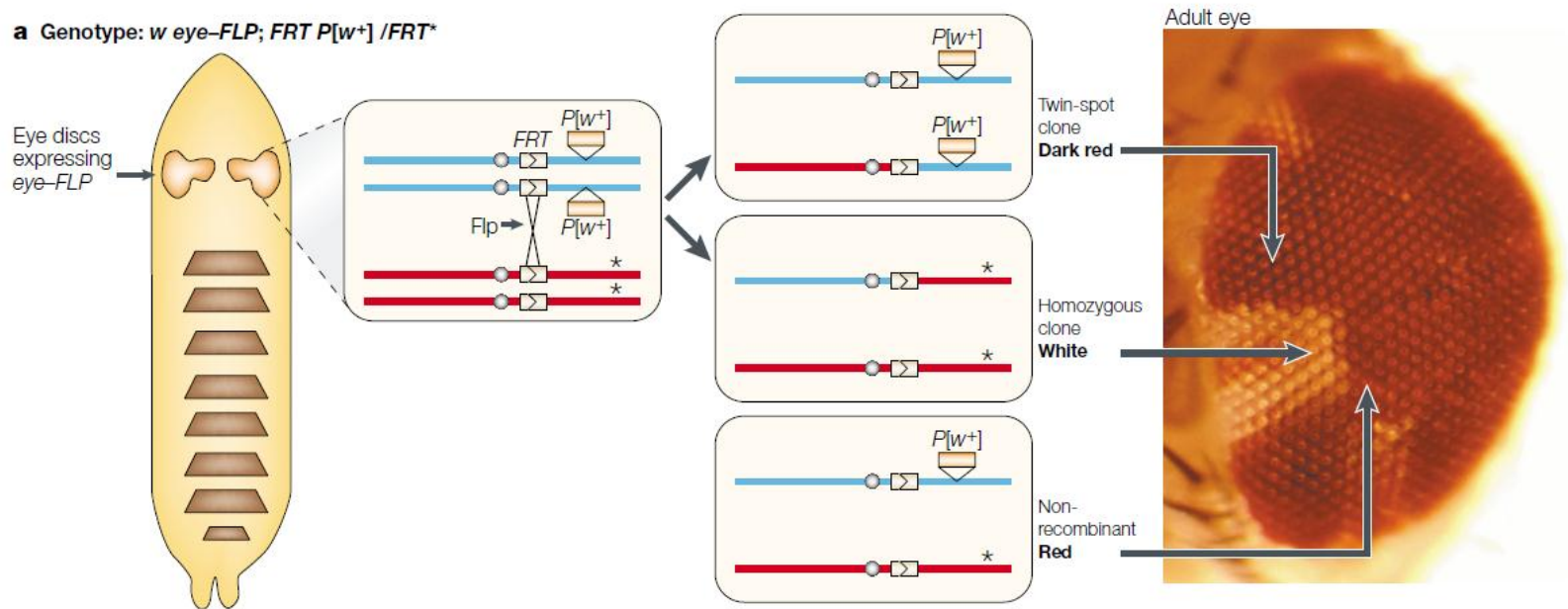


Mozaikok létrehozása szomatikus rekombinációval



* letális mutáció

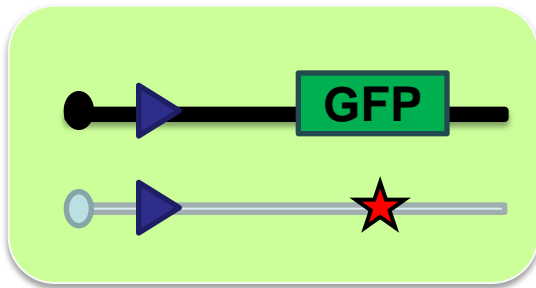
Mozaikelemzés a szemben



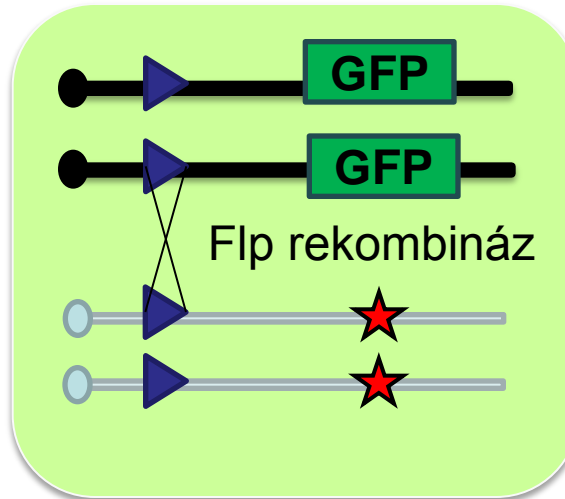
**Analysis of *Drosophila* photoreceptor axon guidance in eye-specific mosaics.
Newsome TP, Asling B, Dickson BJ.
Development. 2000 Feb;127(4):851-60.**

Mitotikus rekombináció, klonális vizsgálat FLP-FRT rendszer

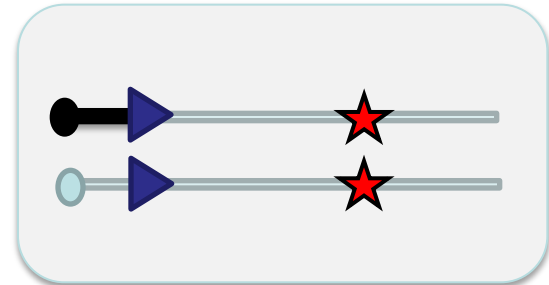
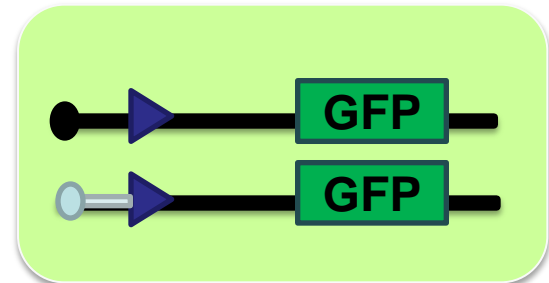
Szülői sejt



Mitotikus rekombináció
(DNS replikáció után)



Utódsejtek
(DNS replikáció után)



► FRT hely

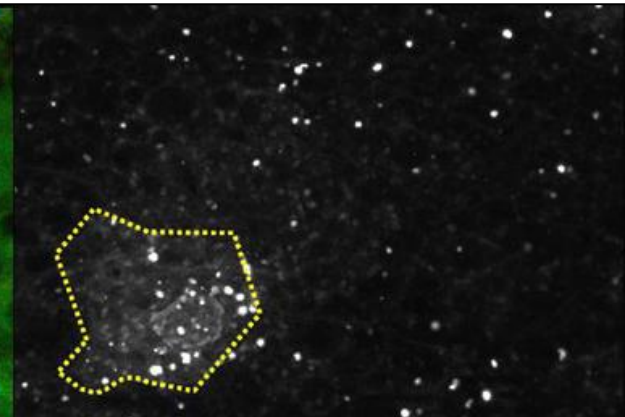
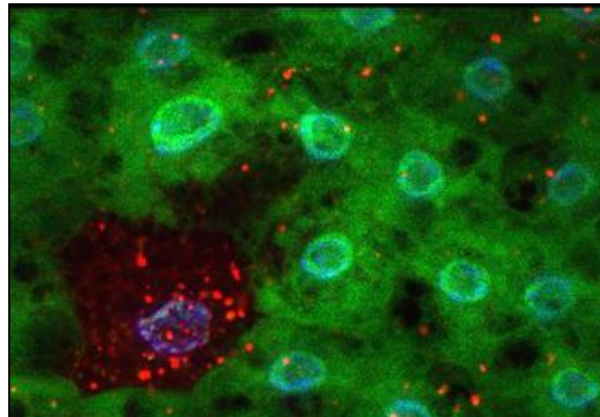
hsFlp; FRTG13, Ubi-GFP-nls / FRTG13, PBac{SAstopDsRed}LL02467

L3F zsírtest

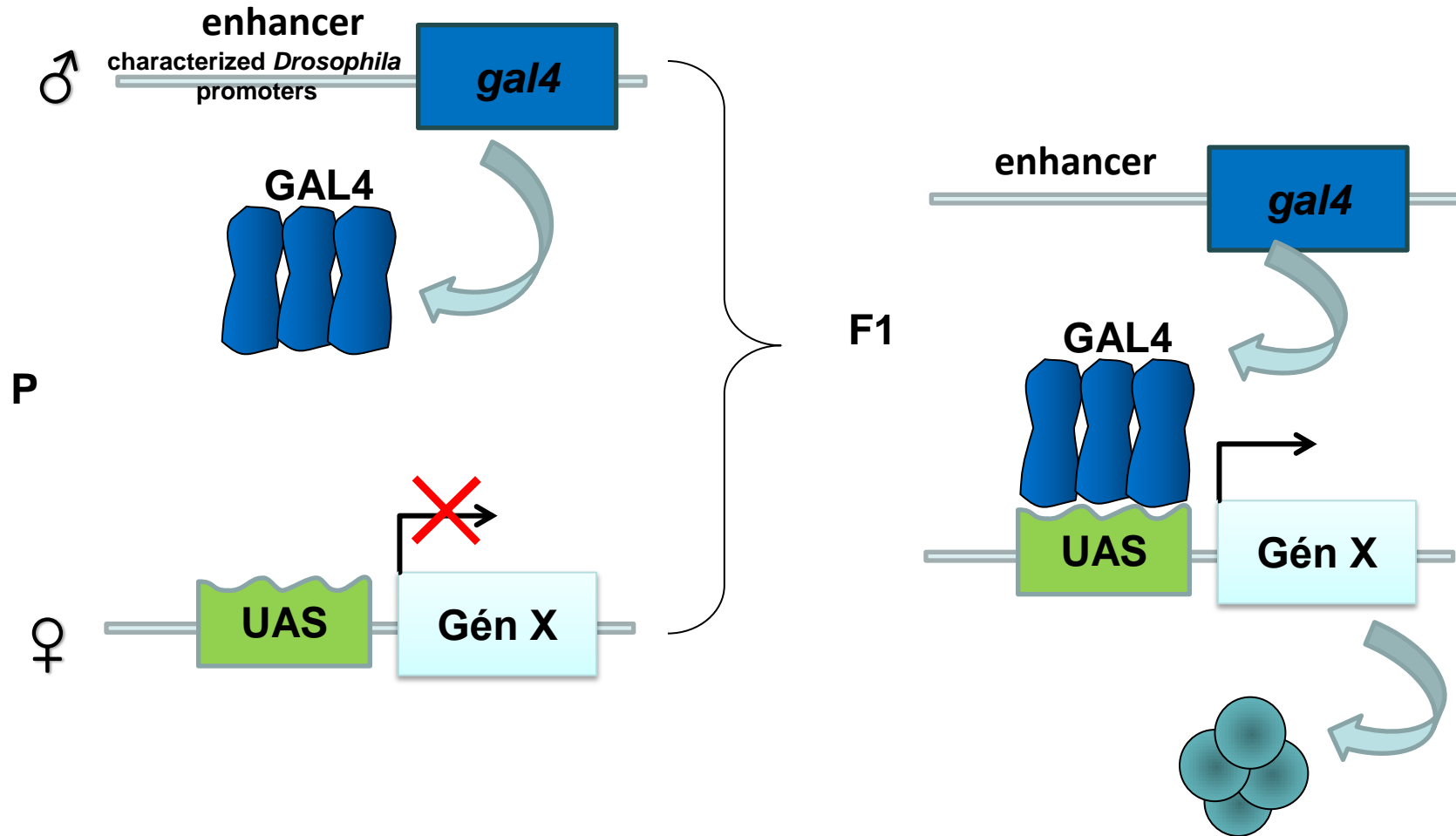
LysoTracker Red: savas sejtalkotók

GFP: kontroll sejtek

Hoechst: sejtmag

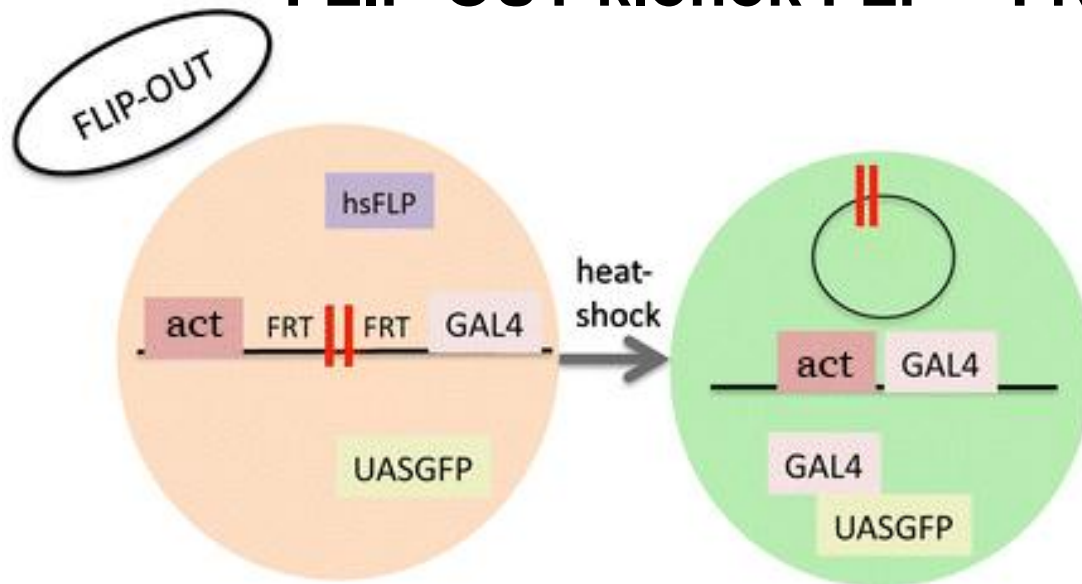


Génexpresszió szövet- szervspecifikus szabályozása UAS-Gal4 rendszer



UAS: Upstream Activation Sequence

FLIP-OUT klónok FLP – FRT rendszerrel



L3F (87-92h)
zsírtest

GFP
mCherry-Atg8a
Hoechst

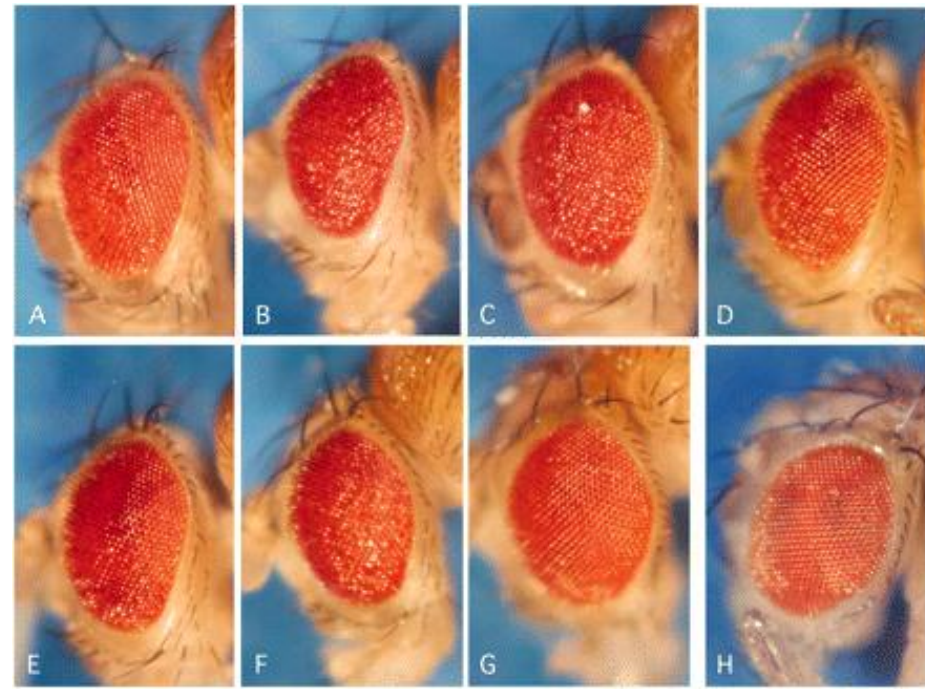
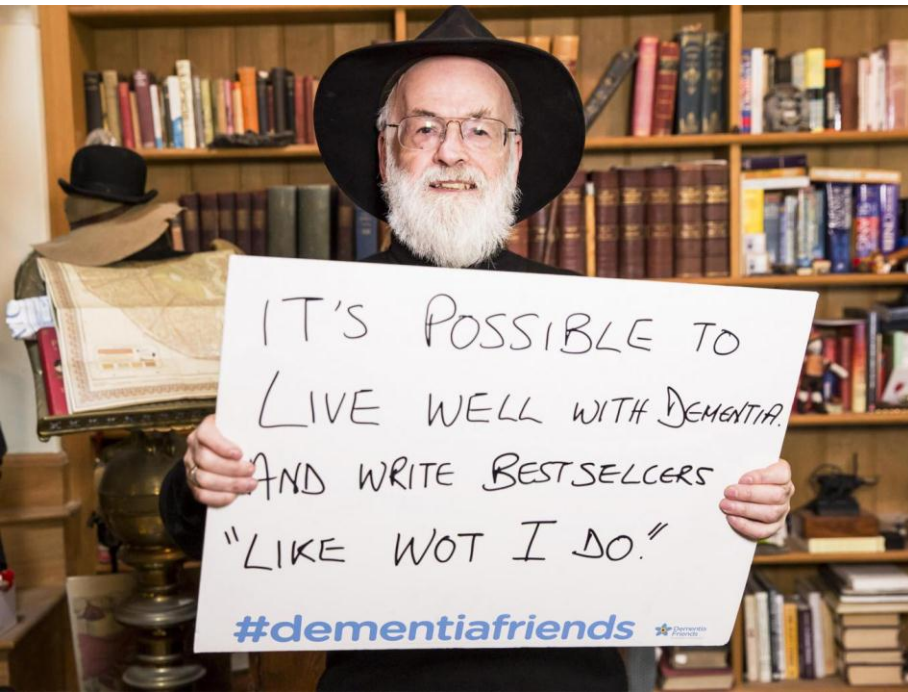
10µm

10µm

hsFlp; UAS-DCR-2; UAS-GFPnls, Act<CD2<Gal4, r4::mCh::Atg8 X UAS-EDTP-RNAi



NEURODEGENERATÍV BETEGSÉGMODELLEK *Drosophila melanogaster*-ben



Neurodegeneratív betegségsémmodellek *Drosophila melanogaster*-ben

Table 1 A listing of various fly models for human neurodegenerative disease

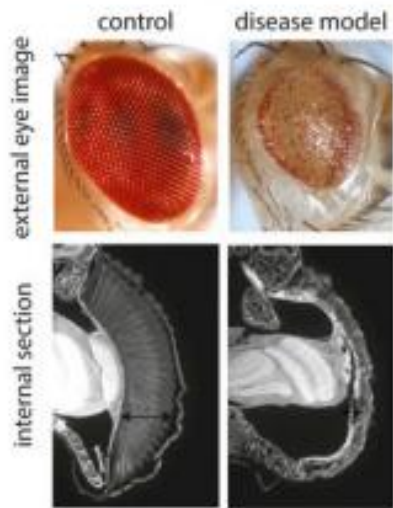
Gene or protein	Some initial references
Alzheimer's disease models	
APP	Fossgreen <i>et al.</i> (1998); Greeve <i>et al.</i> (2004); Merdes <i>et al.</i> (2004); Muhammad <i>et al.</i> (2008); Stokin <i>et al.</i> (2008); Chakraborty <i>et al.</i> (2011); Mhatre <i>et al.</i> (2014)
A-beta peptide	Finelli <i>et al.</i> (2004); Iijima <i>et al.</i> (2004); Cao <i>et al.</i> (2008)
PSEN 1 and 2	Ye and Fortini (1999); Seidner <i>et al.</i> (2006)
MAPT (Tau)	Wittmann <i>et al.</i> (2001); Jackson <i>et al.</i> (2002)
ALS disease models	
Ataxin-2	Satterfield <i>et al.</i> (2002); Kim <i>et al.</i> (2014)
EWSR1	Couthouis <i>et al.</i> (2012)
FUS	Chen <i>et al.</i> (2011b); Lanson <i>et al.</i> (2011); Miguel <i>et al.</i> (2012); Xia <i>et al.</i> (2012)
GGGGCC repeat	Xu <i>et al.</i> (2013); Mizielińska <i>et al.</i> (2014)
HNRNPA2B1	Kim <i>et al.</i> (2013a)
SOD1	Elia <i>et al.</i> (1999); Watson <i>et al.</i> (2008)
TAF15	Couthouis <i>et al.</i> (2011)
TARDBP (TDP-43)	Chen <i>et al.</i> (2009); Ambegaokar and Jackson (2010); Elden <i>et al.</i> (2010); Hanson <i>et al.</i> (2010); Ritson <i>et al.</i> (2010); Voigt <i>et al.</i> (2010); Ambegaokar and Jackson (2011); Estes <i>et al.</i> (2011); Miguel <i>et al.</i> (2012)
VABP	Chai <i>et al.</i> (2008); Ratnaparkhi <i>et al.</i> (2008); Chen <i>et al.</i> (2010)
VCP	Ritson <i>et al.</i> (2010)
Parkinson's disease models	
LRRK2	Liu <i>et al.</i> (2008); Chen <i>et al.</i> (2009); Venderova <i>et al.</i> (2009); Stempfle <i>et al.</i> (2010)
Parkin (loss of function)	Greene <i>et al.</i> (2003)
Pink1 (loss of function)	Clark <i>et al.</i> (2006); Park <i>et al.</i> (2006); Yang <i>et al.</i> (2006)
SNCA (α -synuclein)	Feany and Bender (2000)
Polyglutamine disease models	
Androgen receptor/SBMA	Takeyama <i>et al.</i> (2002)
Atrophin/DRPLA	Nisoli <i>et al.</i> (2010)
Huntington's disease	Jackson <i>et al.</i> (1998); Romero <i>et al.</i> (2008); Nishimura <i>et al.</i> (2010)
PolyQ domains	Kazemi-Esfarjani and Benzer (2000); Marsh <i>et al.</i> (2000)
SCA1	Fernandez-Funez <i>et al.</i> (2000)
SCA2/(ALS)	Satterfield <i>et al.</i> (2002); Kim <i>et al.</i> (2014); also above in ALS/Ataxin-2
SCA3/MJD	Warrick <i>et al.</i> (1998, 2005)
SCA7	Jackson <i>et al.</i> (2005); Latouche <i>et al.</i> (2007)
SCA8	Mutsuddi <i>et al.</i> (2004)
SCA17	Hsu <i>et al.</i> (2014)
Some additional disease models	
CTG toxicity (myotonic dystrophy type 1)	Houseley <i>et al.</i> (2005); de Haro <i>et al.</i> (2006)
CCTG toxicity (myotonic dystrophy type 2)	Yu <i>et al.</i> (2015)
FXTAS/CGG disease	Jin <i>et al.</i> (2003)
SMN (loss of function)	Chan <i>et al.</i> (2003); Rajendra <i>et al.</i> (2007)
PrP prion proteins	Gavin <i>et al.</i> (2006); Thackray <i>et al.</i> (2012)
Yeast Sup35 prion protein	Li <i>et al.</i> (2007)

Neurodegeneratív betegségmodell tervezés ecetmuslicában

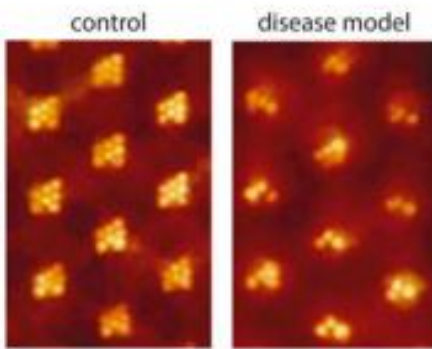


Neurodegeneratív betegségi modellek *Drosophila melanogaster*-ben

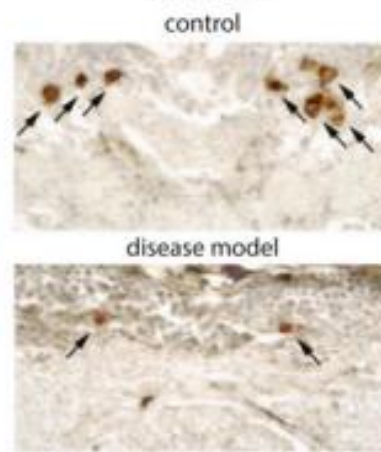
A Retinal degeneration



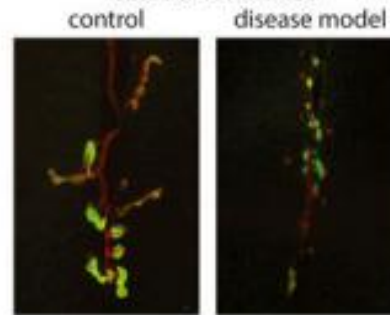
B Pseudopupil loss



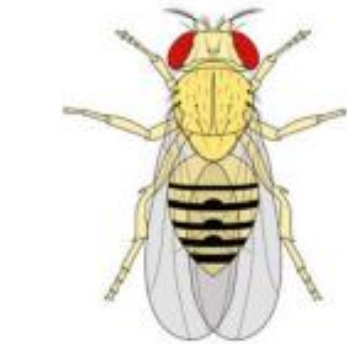
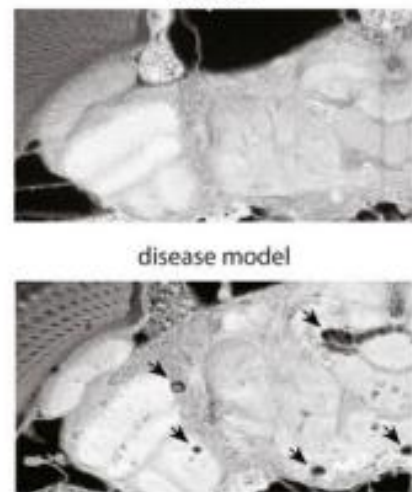
C Neuronal degeneration and loss



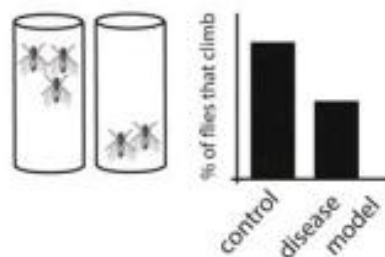
D Neuromuscular junction abnormalities



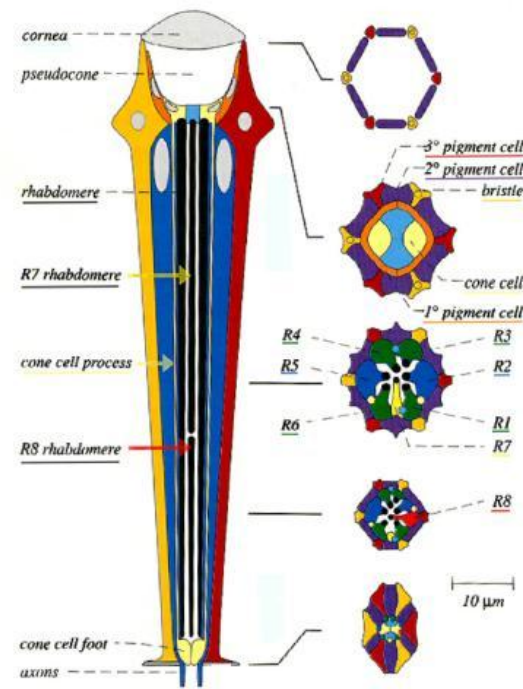
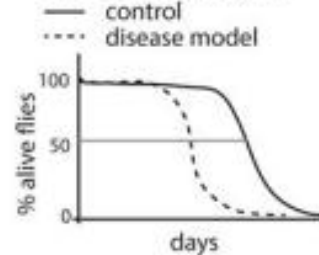
G Brain vacuolization



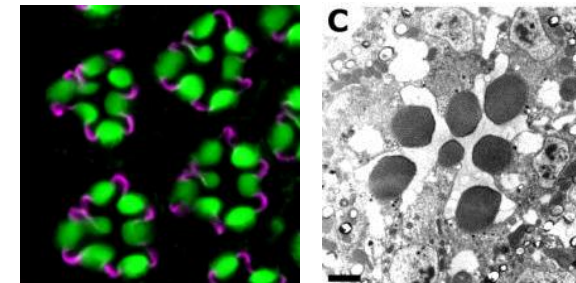
F Climbing assay



E Life span analysis



Cagan & Ready, 1989

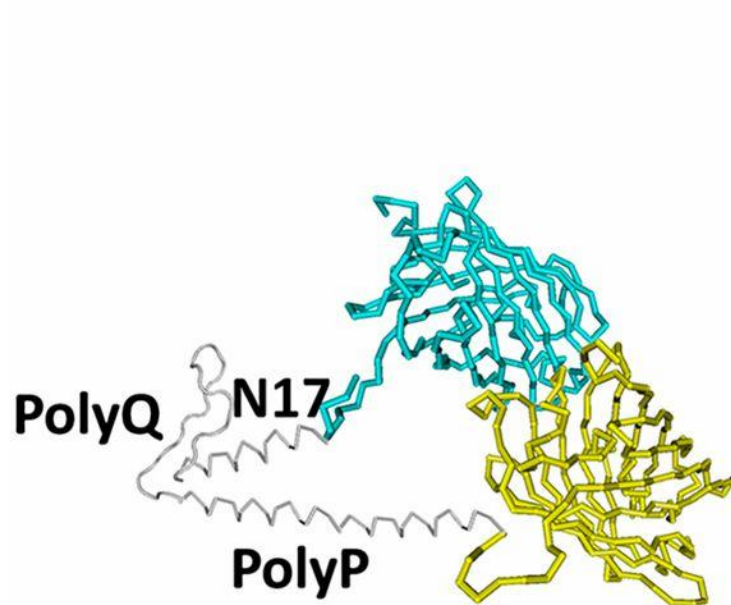


McGurk, L., Berson, a., & Bonini, N. M. (2015). *Drosophila* as an In Vivo Model for Human Neurodegenerative Disease. *Genetics*, 201(2), 377–402. doi:10.1534/genetics.115.179457

A poliglutamin betegségek

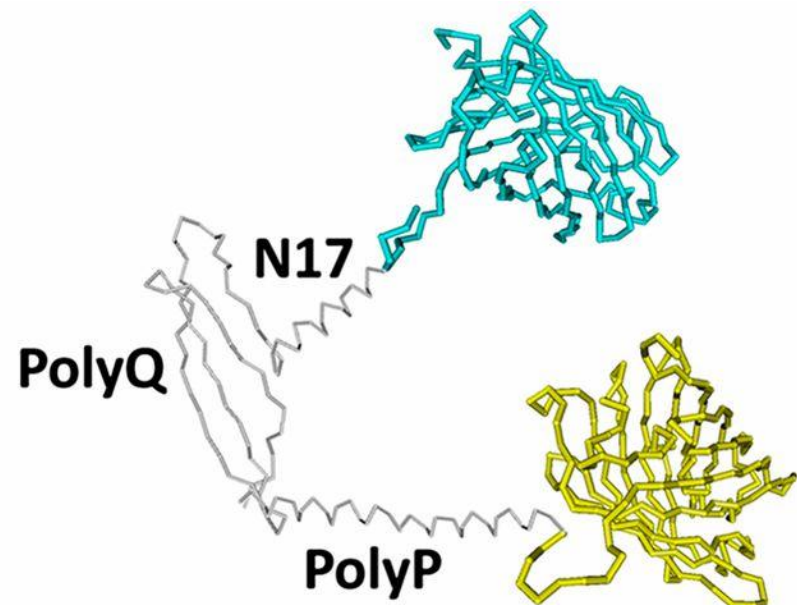
(másként *trinukleotid* vagy *CAG repeat*, vagy *polyQ* betegségek)

„Normális” Huntingtin fehérje **Mutáns Huntingtin fehérje**



4 - 36Q Repeats

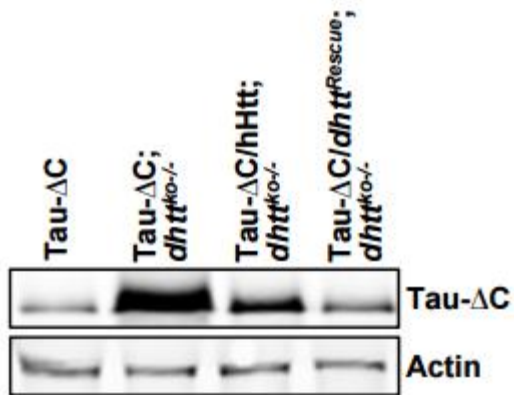
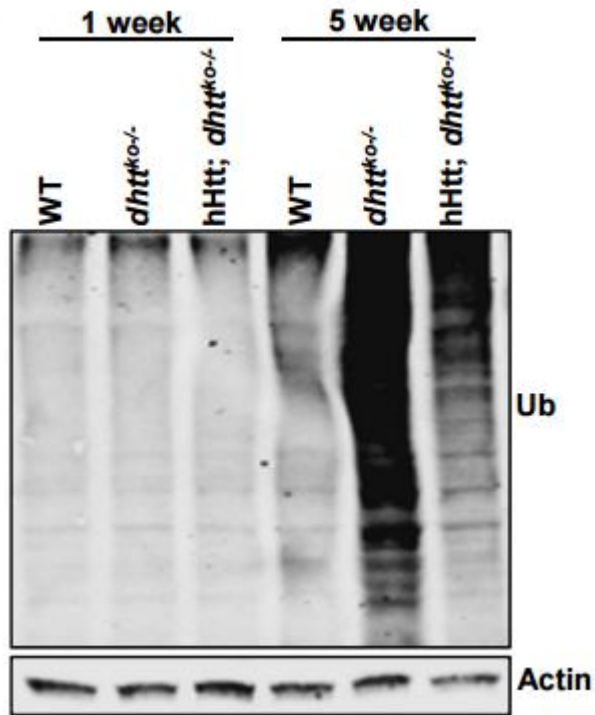
16Q



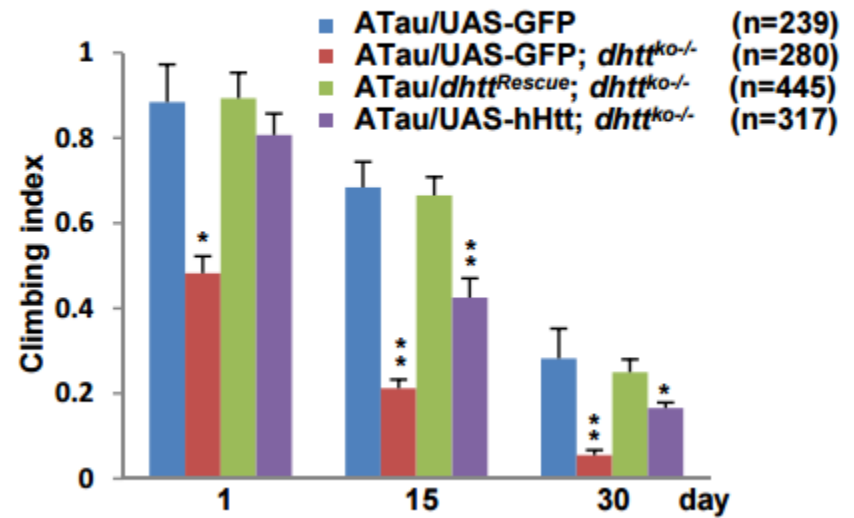
≥ 37Q Repeats

128Q

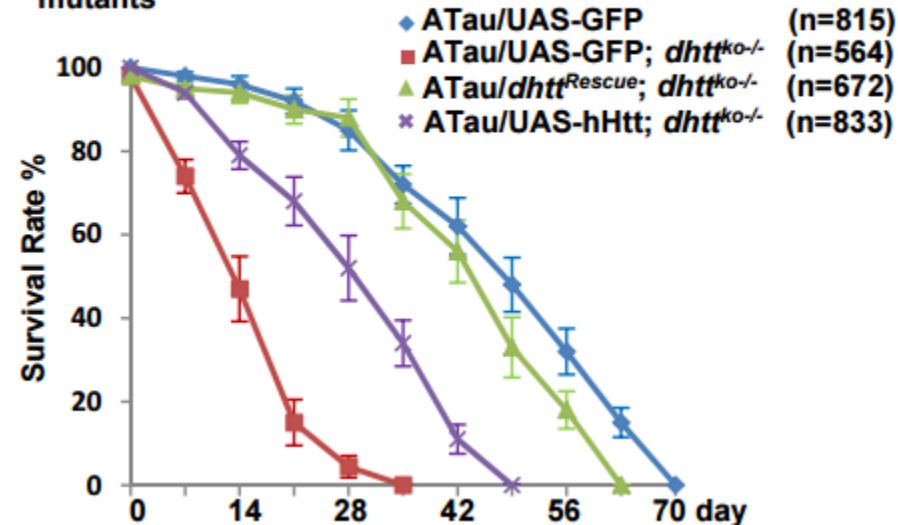
A Huntingtin fehérje funkcionális elemzése



e Human Htt rescues mobility defect in ATau; *dhhtt*^{ko/-} mutants



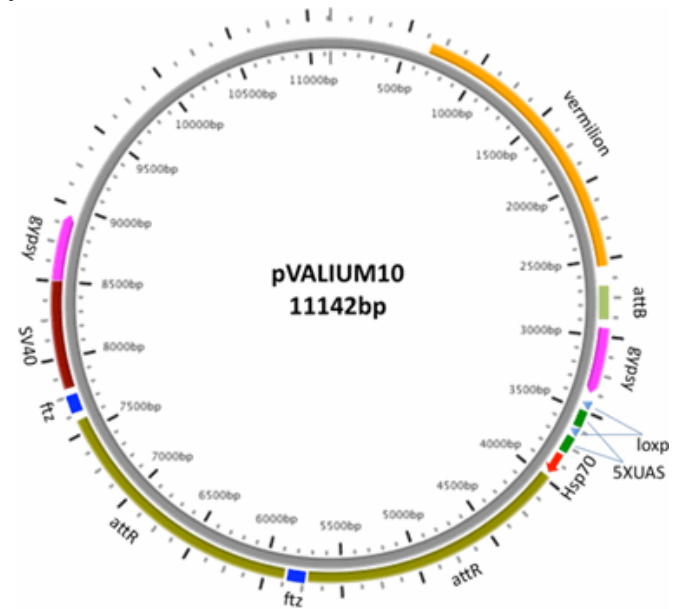
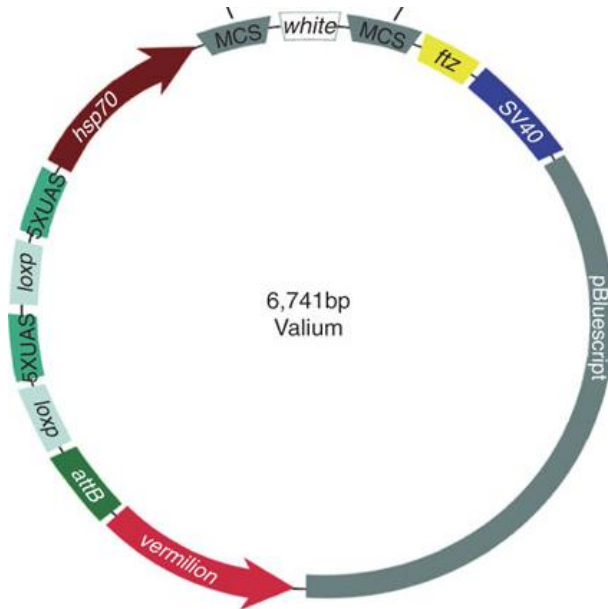
f Human Htt rescues viability defect in ATau; *dhhtt*^{ko/-} mutants



Kutatás és Marketing



Ni JQ, Liu LP, Binari R, Hardy R, Shim HS, Cavallaro A, Booker M, Pfeiffer B, Markstein M, Wang H, Villalta C, Lavery T, Perkins L, Perrimon N. (2009) *A Drosophila Resource of Transgenic RNAi Lines for Neurogenetics*. Genetics. 182(4):1089-100. Epub 2009 Jun 1



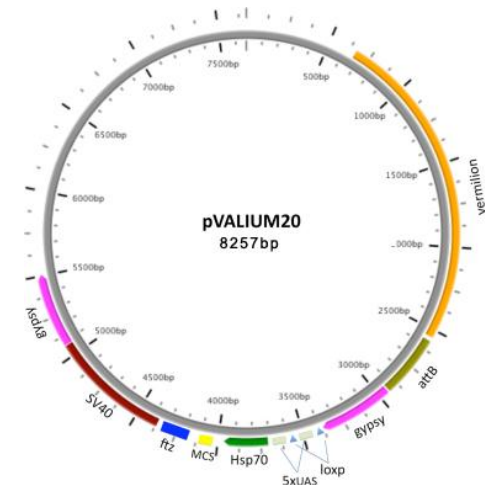
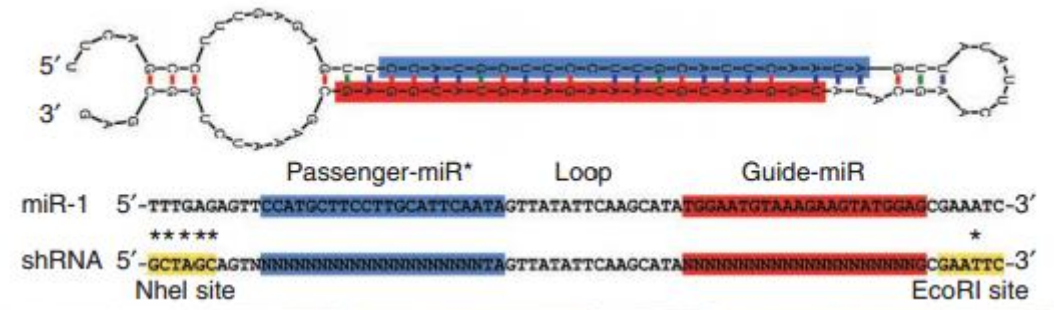
Kutatás és Marketing



Wild-Type

GMR-Gal4/VALIUM10-w

GMR-Gal4/VALIUM20-w



Ni JQ, Zhou R, Czech B, Liu LP, Holderbaum L, Yang-Zhou D, Shim HS, Handler D, Karpowicz P, Binari R, Booker M, Brennecke J, Perkins L, Hannon GJ, Perrimon N. (2010) *A genome-scale shRNA resource for transgenic RNAi in Drosophila*. Nature Methods. Published online 3 April 2011; doi:10.1038/nmeth.1592

***Drosophila* ZH: November 20.**

8:15 Fejér Lipót terem 0-805

(második *C. elegans* gyakorlati előadás helyett)



Genetikai gyakorlatok jegyzet:

<http://elte.prompt.hu/sites/default/files/tananyagok/genetikaigyakorlatok/index.html>



Parádi Elemér
Genetikai Példamegoldó



William D. Stansfield
Genetika

manzeger.anna@live.com

tibor.kovacs@ttk.elte.hu

tagschererkinga@gmail.com