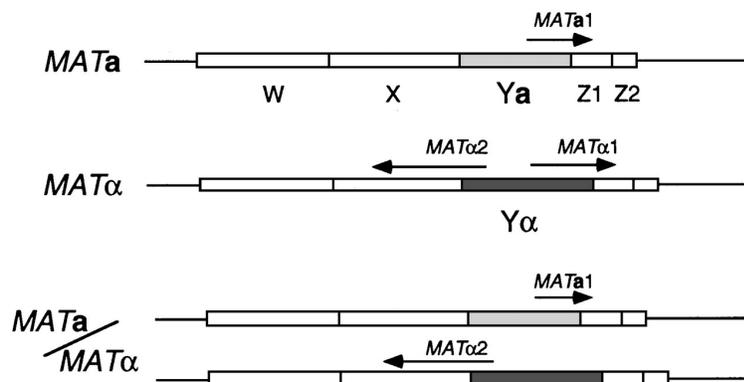
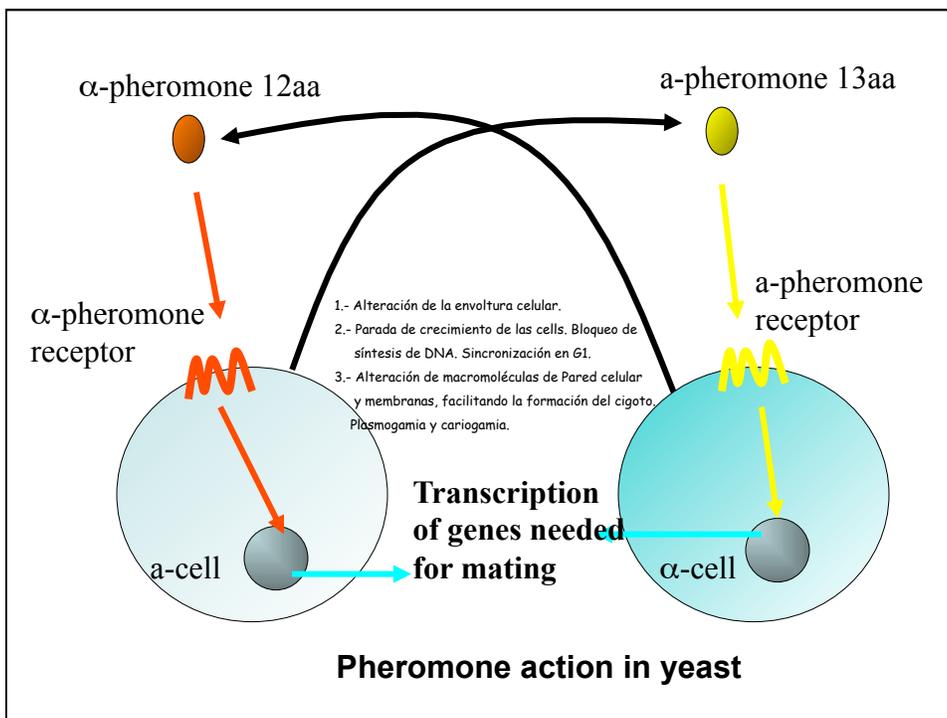
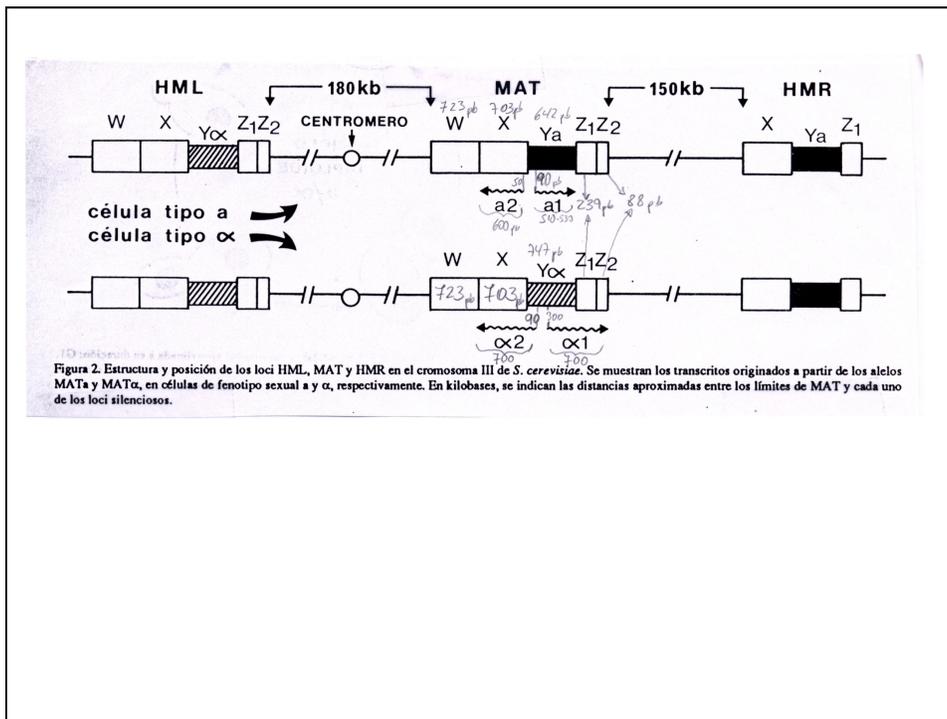


The MAT locus information

- The *MAT* locus can encode three regulatory peptides:
 - **a1** is encoded by the *MATa* allele
 - $\alpha1$ and $\alpha2$ are encoded by the *MAT α* allele
- Three regulatory activities: $\alpha1$, $\alpha2$, and **a1- $\alpha2$** .





Genes necesarios para la conjugación:

- 1.- **Genes de esterilidad α -específicos:** Mutaciones en estos genes causan pérdida de la capacidad de conjugarse en células α .

MF α 1 y MF α 2 : Genes estructurales del precursor de la feromona sexual o factor α
 STE2 : Gen que codifica el receptor específico del factor α .
 STE6, STE14, STE16 : Genes que codifican productos involucrados en el procesamiento postraducciona del factor α .

- 2.- **Genes de esterilidad α -específicos:** Sus alteraciones provocan deficiencia en conjugación solamente en células α .

MF α 1 y MF α 2: Genes estructurales para el precursor de la feromona α , Factor α .
 STE 3 : Gen que codifica el receptor específico del factor α .
 STE13 : Codifica una dipeptidilaminopeptidasa involucrada en el procesamiento del factor α .
 KEX2 : Codifica una endoproteasa implicada en el procesamiento del factor α maduro.***

- 3.- **Genes de esterilidad no específicos:** Sus alteraciones conducen a una pérdida de la capacidad de apareamiento, tanto en células α como α .

SCG1, STE4, STE18: Codifican por subunit α , β y γ de una proteína G de transmisión de señales tras la unión de la feromona a su receptor.
 STE7, STE11: codifican por proteína quinasas. Cadena de transmisión de señales.
 STE5: componente del sistema de adenilato ciclasa.
 STE12: codifica un activador transcripcional.

MAT sería un locus regulatorio que controla la expresión de una serie de genes no ligados que determinarían las diferencias fenotípicas entre los tipos celulares (α o α).

Categorías de genes implicados en el proceso de apareamiento:

- 1.- Genes α específicos : MF α 1, MF α 2, STE2, STE6, BAR1.
- 2.- Genes α específicos: MF α 1, MF α 2, STE3.
- 3.- Genes haploide específicos: STE4, STE5, STE 12, STE18, SCG1, KAR1, FUS1, RME1.

Análisis genético del locus MAT:

Mutaciones que mapean en MAT α : Define dos grupos de complementación que corresponden a dos transcritos: alfa1 ($\alpha 1$) y alfa2 ($\alpha 2$). (Dan individuos estériles).

Mutantes en mata1: carecen de las propiedades típicas de las células alfa: No producen factor alfa, no responden a la presencia de la feromona α y no se aglutinan con las células del tipo sexual opuesto.

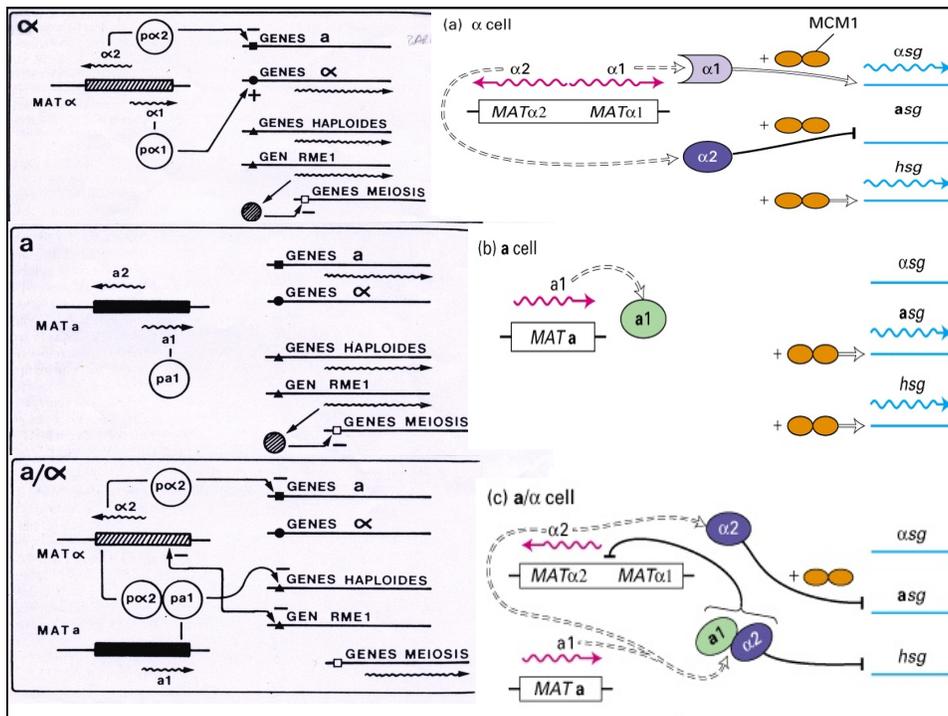
Mutantes en mata2: No secretan factor alfa, poseen ciertas características de las células α , como producción de factor α , respuesta a la feromona α y fenotipo barrera (capacidad para degradar al factor alfa). Así, los mutantes *mata2* pueden conjugarse con células alfa (0.1 a 1%). En condición heterocigótica, generan fenotipos diferentes: MAT α /mata1 pueden esporular normalmente. MAT α /mata2 deficientes en esporulación.

Mutantes en MAT α : Definen una sola función genética, aunque se detecta la presencia de dos transcritos de la región XYa ($\alpha 1$ y $\alpha 2$).

Mutantes mata1: No tienen efecto aparente sobre la capacidad de apareamiento de las células α . En condición heterocigótica *mata1*/MAT α , previenen la esporulación y son capaces de conjugarse como si fueran células alfa.

MAT $\alpha 1$ codificaría un regulador positivo ($\alpha 1$) de todas las funciones alfa-específicas.

MAT $\alpha 2$ codificaría un regulador negativo o represor ($\alpha 2$) con dos funciones ya sea en haploides o diploides. En células haploides o diploides, $\alpha 2$ reprime a los genes α -específicos. En diploides, $\alpha 2$ se combina con $\alpha 1$ y actúa bloqueando la expresión de MAT $\alpha 1$, de los genes haploides y reprimiendo al gen RME1 (meiosis).

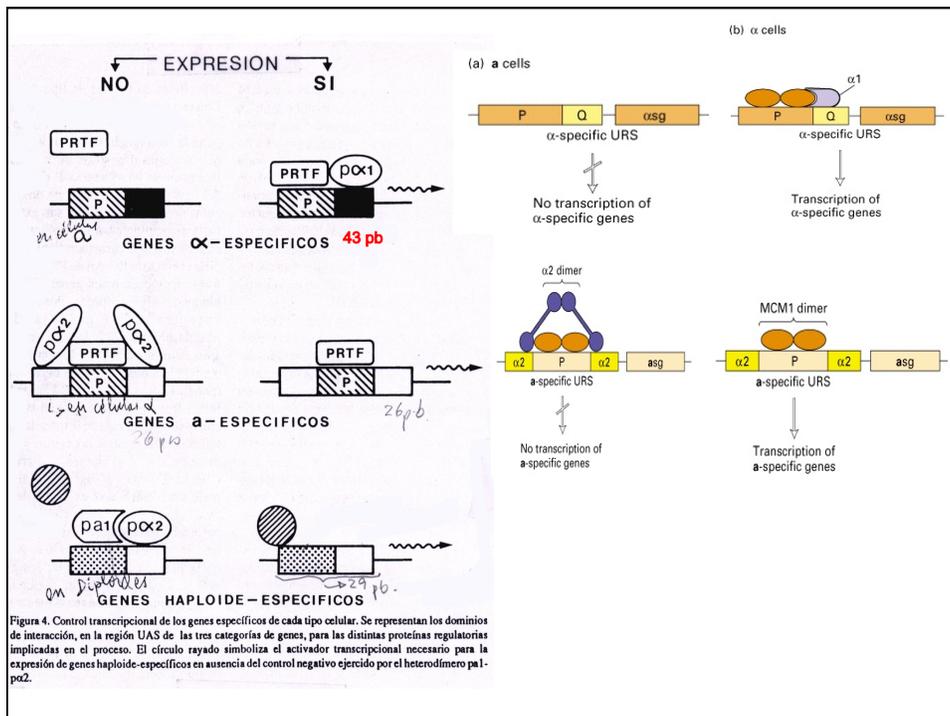


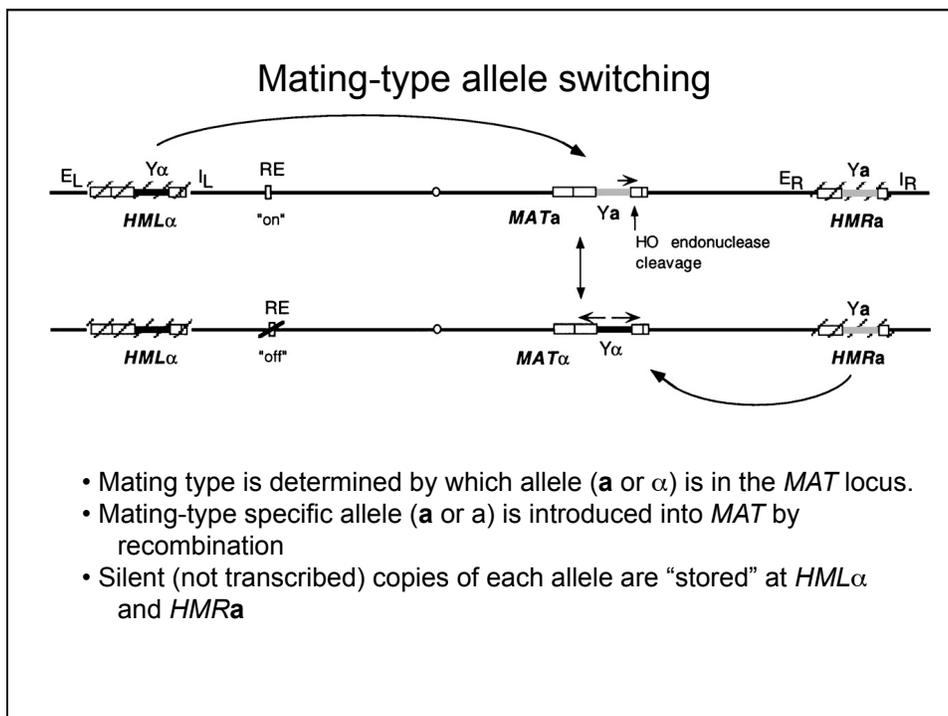
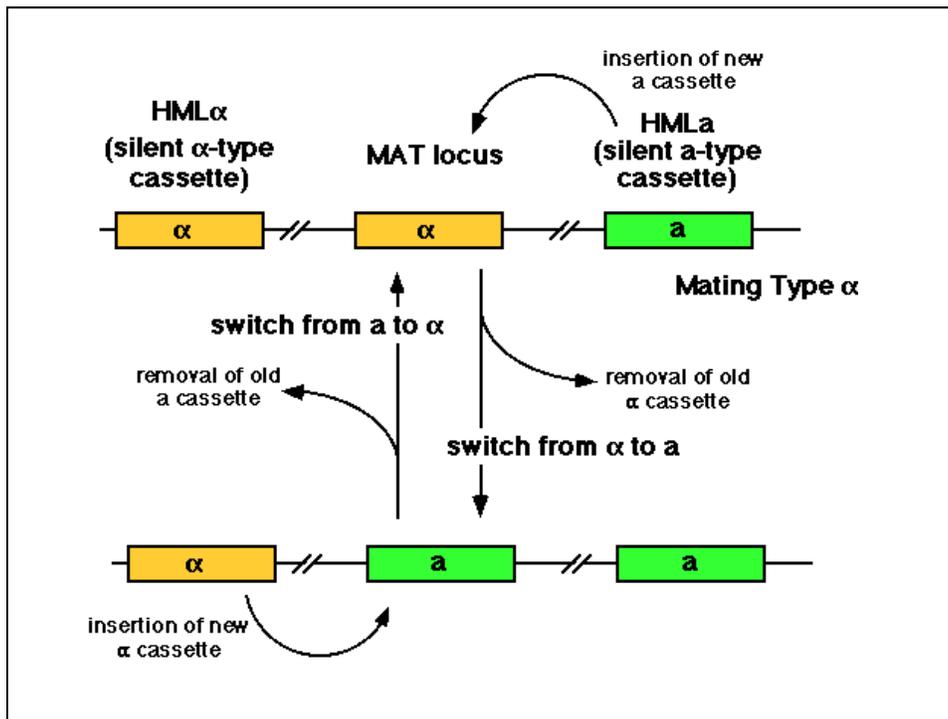
Según el modelo:

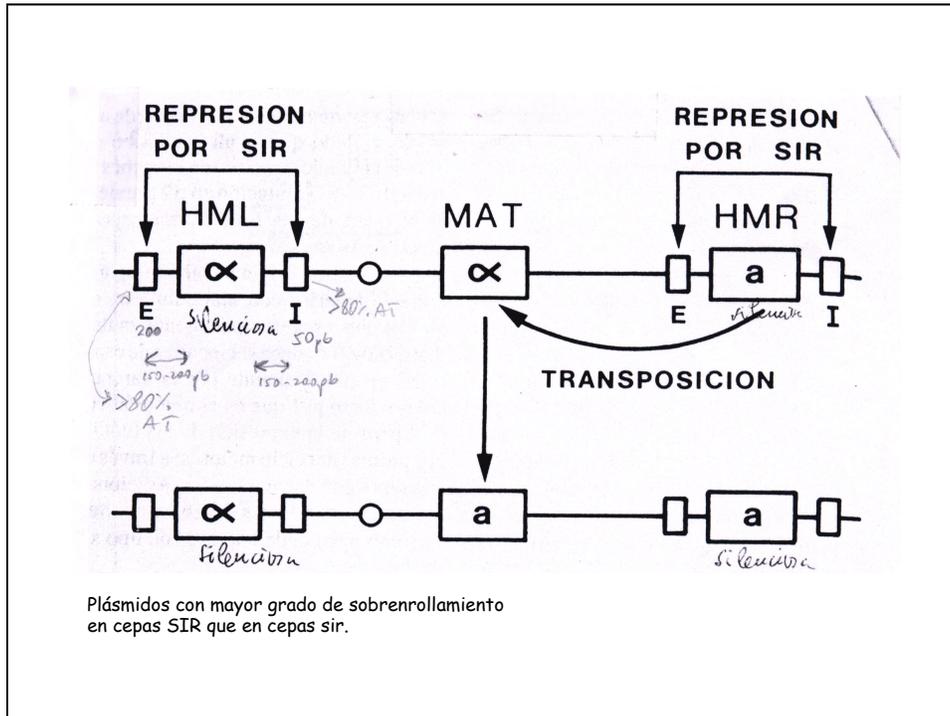
Qué ocurre con mutantes dobles $mat\alpha1\ mat\alpha2$:

- a).- En el haploide: (fenotipo?) =
- b).- En el diploide: Genotípicamente = $mat\alpha1;mat\alpha2/MAT\alpha$

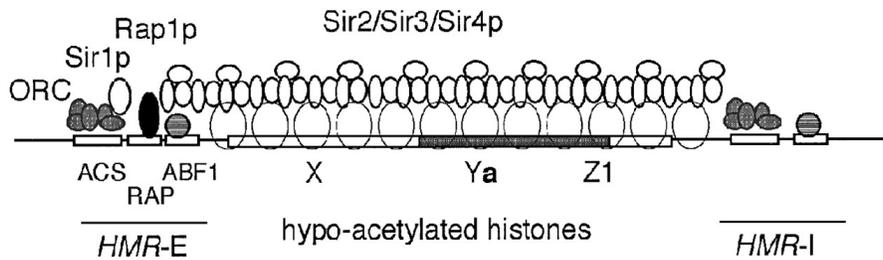
Qué ocurre con los mutantes $mat\alpha2$: (Estériles)







Heterochromatic structure of the silent locus HMR



- Silent Information Regulator (SIR) proteins
 - Active both at HML and HMR and telomeres
- Origin Recognition Complex (ORC)
 - Has several roles in initiating DNA replication and coordinating replication and transcription
 - Origins are active on plasmids but not on the chromosome
- Transcription Factors Rap1p and Abf1p

