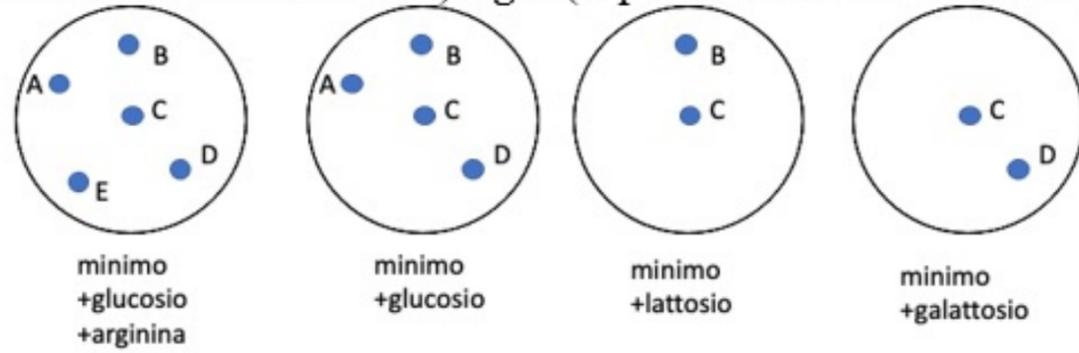


**ESERCITAZIONE
GENETICA - BATTERI
29/05/24**

angioli.1880457@studenti.uniroma1.it

4) Sulla base della crescita su terreni a diversa composizione dopo replica su piastra, determinare (laddove possibile) il genotipo delle 5 colonie per i geni *arg*, *lac* (capacità di metabolizzare il lattosio) e *gal* (capacità di metabolizzare il galattosio).



A = arg^+ lac^- gal^-

B = arg^+ lac^+ gal^-

C = arg^+ lac^+ gal^+

D = arg^+ lac^- gal^+

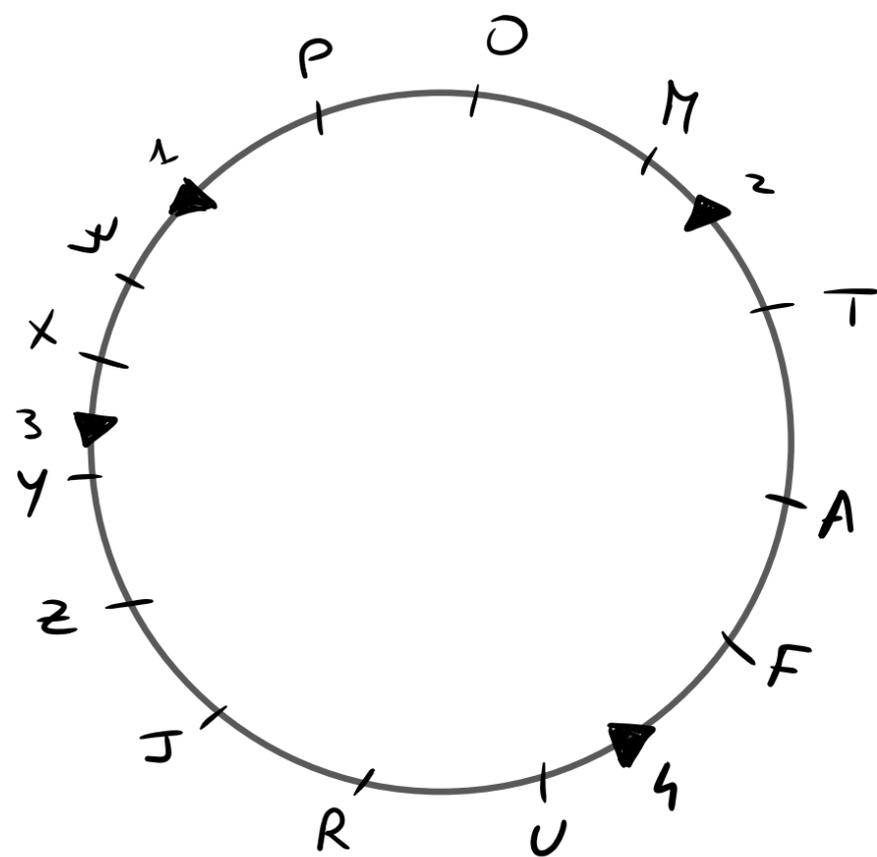
E = arg^-

↳ non possiamo definire l'intero genotipo

1) In *E. coli*, quattro ceppi *Hfr* donano i marcatori mostrati nell'ordine dato:

ceppo 1	P	O	M	T	A
ceppo 2	T	A	F	U	R
ceppo 3	X	W	P	O	M
ceppo 4	U	R	J	Z	Y

Tutti questi ceppi *Hfr* derivano dallo stesso ceppo *F+*. Qual e' l'ordine di questi marcatori sul cromosoma circolare dell'*F+* originale?



2) In E. coli, quattro ceppi Hfr donano i marcatori mostrati nell'ordine dato:

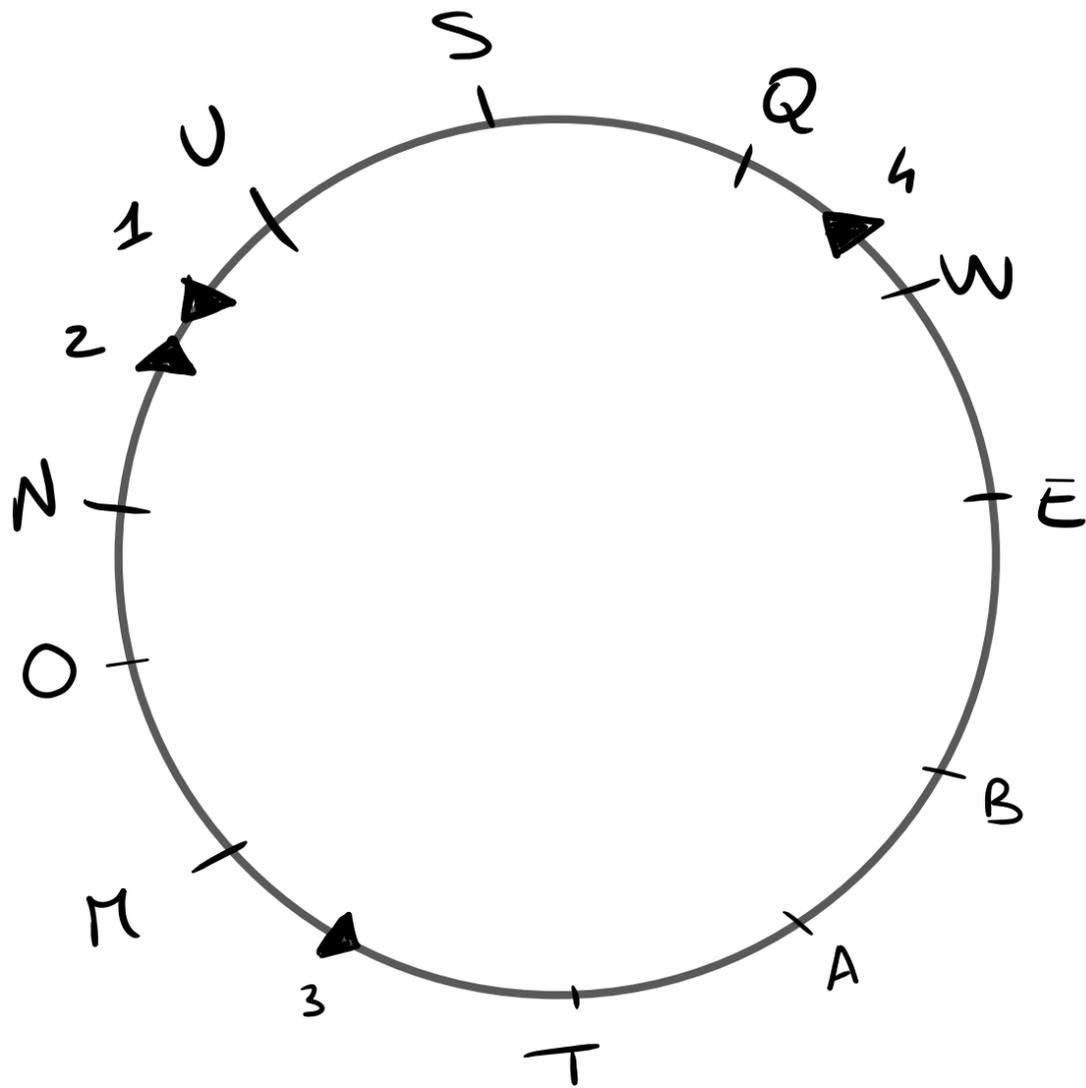
ceppo 1 U S Q W E

ceppo 2 N O M T A

ceppo 3 M O N U S

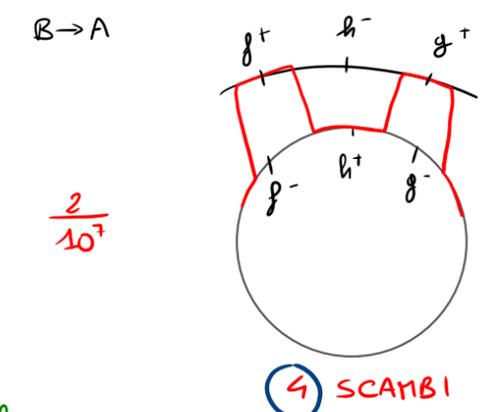
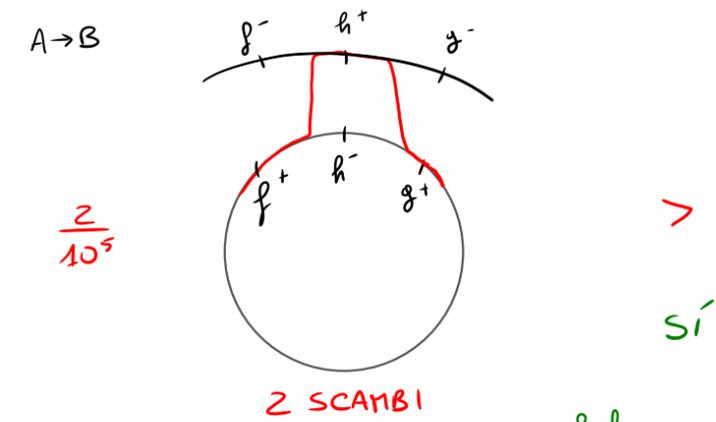
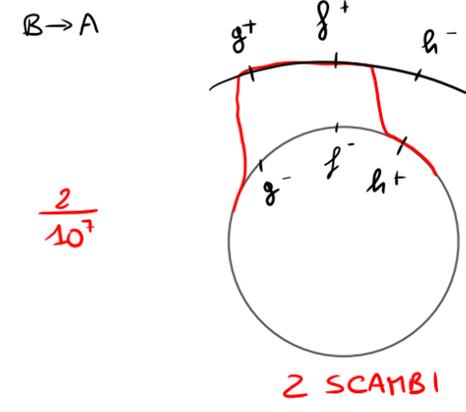
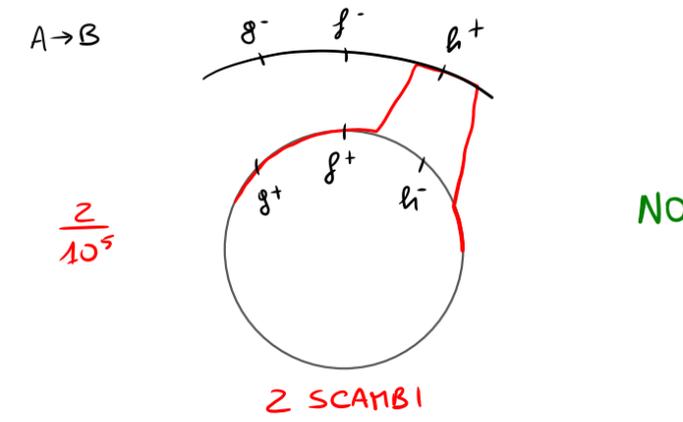
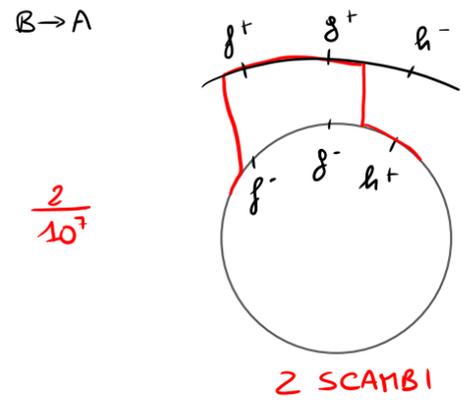
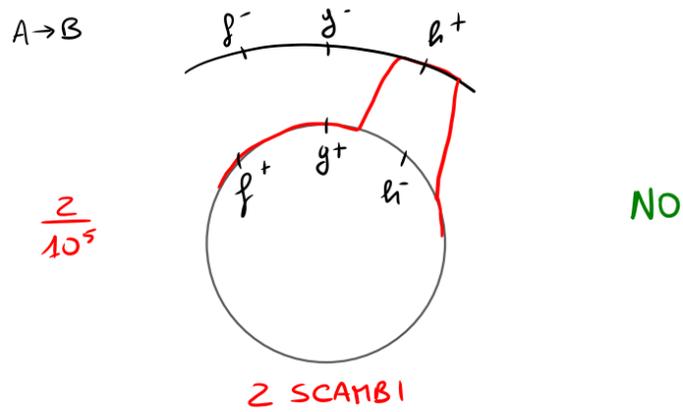
ceppo 4 W E B A T

Tutti questi ceppi Hfr derivano dallo stesso ceppo F+. Qual e' l'ordine di questi marcatori sul cromosoma circolare dell'F+ originale?



3) Il ceppo batterico A ha costituzione $f^- g^- h^+$ e il ceppo B è $f^+ g^+ h^-$. Vengono usati fagi trasducenti per effettuare trasduzione generalizzata dal ceppo A al B e viceversa. Si ottengono i seguenti risultati dopo piastratura dei batteri riceventi:
 trasduzione da A a B: $2/10^5$ cellule di tipo selvatico;
 trasduzione da B ad A: $2/10^7$ cellule di tipo selvatico.
 In base a questi risultati determinate l'ordine dei geni spiegando il vostro ragionamento.

ceppo A $f^- g^- h^+$ $\xrightarrow{2/10^5}$ $f^+ g^+ h^+$ $\frac{2}{10^5} > \frac{2}{10^7}$
 ceppo B $f^+ g^+ h^-$



4) Usando il batteriofago P22 avete allestito un incrocio a tre marcatori in *Salmonella typhimurium*. L'incrocio è tra un batterio ricevente *Arg⁻Leu⁻His⁻* e il batteriofago P22 che è cresciuto nel ceppo

Arg⁺Leu⁺His⁺. Avete selezionato 1000 trasduttanti *Arg⁺* e li avete testati su diversi terreni selettivi tramite replica di piastra. Avete ottenuto i seguenti risultati:

- Arg⁺Leu⁻His⁻ 585
- Arg⁺Leu⁻His⁺ 300
- Arg⁺Leu⁺His⁺ 114
- Arg⁺Leu⁺His⁻ 1

tot = 1000

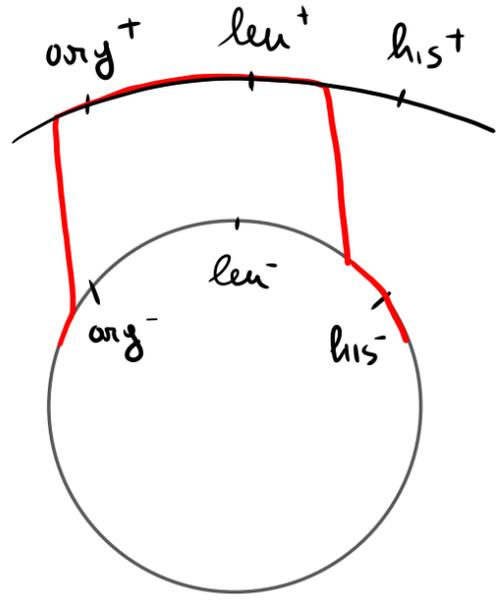
Determinare l'ordine dei marcatori e le frequenze di cotrasduzione tra Arg e Leu e tra Arg e His

$$f_{\text{cotrasduzione Arg-Leu}} = \frac{\text{Arg}^+ \text{Leu}^+}{\text{TOT}} = \frac{114 + 1}{1000} = 0,115 \rightarrow 11,5\%$$

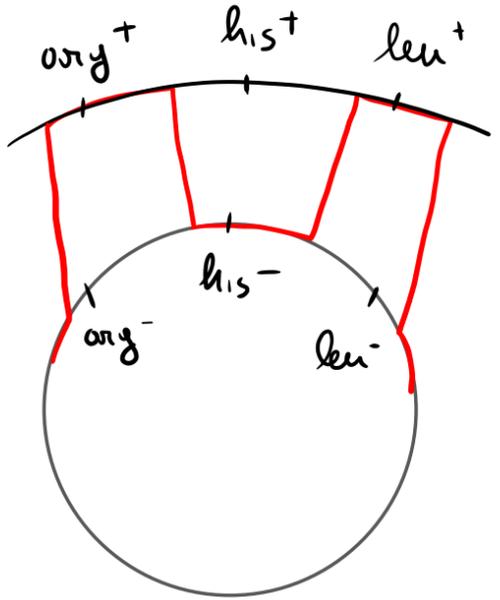
$$f_{\text{cotrasduzione Arg-His}} = \frac{\text{Arg}^+ \text{His}^+}{\text{TOT}} = \frac{300 + 114}{1000} = 0,414 \rightarrow 41,4\%$$

$$f_{\text{cotrasduzione His-Leu}} = \frac{\text{His}^+ \text{Leu}^+}{\text{TOT}} = \frac{114}{1000} = 0,114 \rightarrow 11,4\%$$

(P22) *arg⁺ leu⁺ his⁺* → *arg⁻ leu⁻ his⁻*



2 SCAMBI
↓
NO



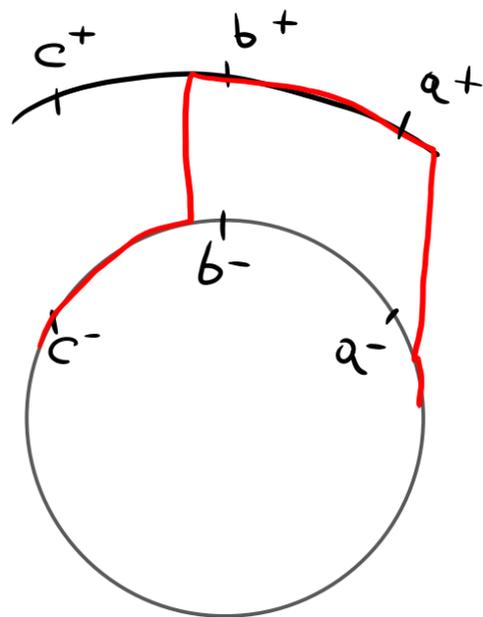
4 SCAMBI
↓
SÌ

arg⁻ his⁻ leu⁻ = *leu⁻ his⁻ arg⁻*

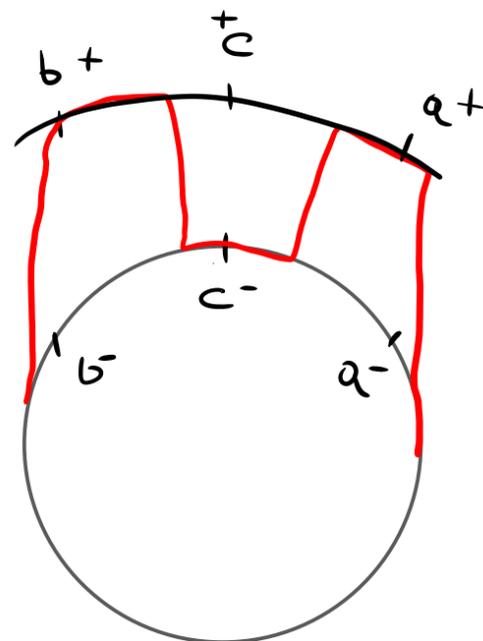
5) In un esperimento di coniugazione tra un ceppo Hfr donatore $a^+b^+c^+$ ed uno ricevente $F^- a^-b^-c^-$ si selezionano i ricombinanti a^+ (a è il marcatore che entra nel ricevente per ultimo) e si saggiano per la presenza di b^+ e c^+ . Si ottengono i seguenti risultati

$a^+b^+c^+$ 425; $a^+b^+c^-$ 0; $a^+b^-c^+$ 17; $a^+b^-c^-$ 65 $425+507$

Calcolare le distanze di mappa in unità di ricombinazione



2 SCAMBI → NO



4 SCAMBI → ordine bca

$$d_{b-c} = \frac{b^+c^- + b^-c^+}{TOT} \cdot 100 = \frac{0 + 17}{507} \cdot 100 = 3,35 \text{ um}$$

$$d_{a-c} = \frac{a^+c^- + a^-c^+}{TOT} \cdot 100 = \frac{0 + 65}{507} \cdot 100 = 12,8 \text{ um}$$

6) Un batterio con genotipo $lys^+ thi^+ phe^+$ è infettato da un batteriofago trasducente. Il lisato ottenuto viene utilizzato per infettare un batterio $leu^- thi^- phe^-$. I batteri di questa seconda infezione (riceventi) vengono selezionati su una prima piastra priva di lisina e su una seconda che non contiene tiamina. Le colonie cresciute vengono saggiate per la cotrasduzione degli altri geni. Determinare l'ordine dei geni

Marcatore selezionato

% di cellule con geni cotrasdotti

lys^+

80 phe^+

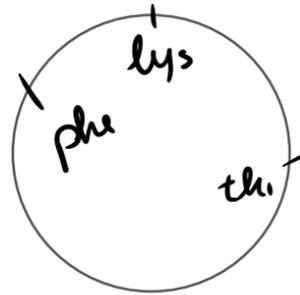
2 thi^+

thi^+

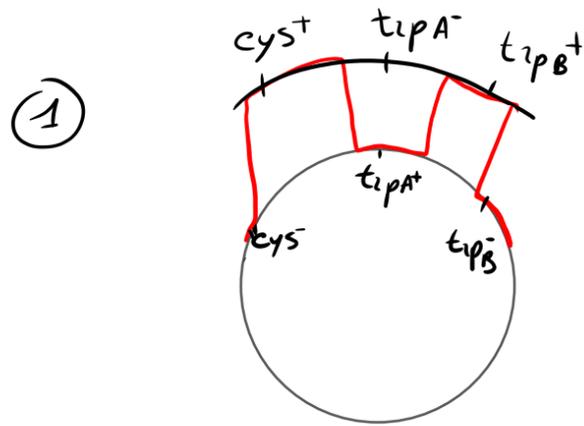
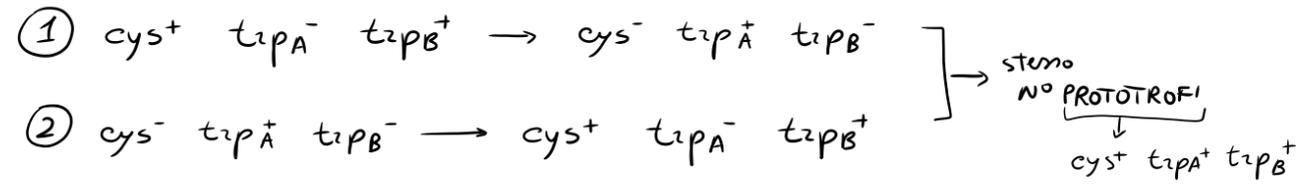
3 lys^+

0 phe^+

ORDINE: phe lys thi

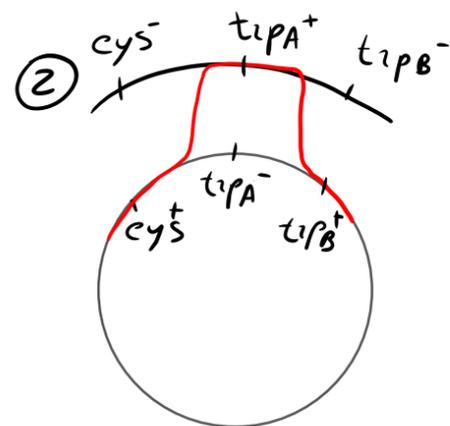


7) Sono noti due mutanti nel locus per il triptofano $trpA^-$ e $trpB^-$, che stanno alla destra di un locus per la cisteina (cys). Un ceppo batterico con genotipo $cys^+ trpA^-$ viene trasdotto dal fago da un ceppo che è $cys^- trpB^-$. Si realizza anche un incrocio reciproco laddove il ceppo $cys^- trpB^-$ viene trasdotto dal fago da un ceppo che è $cys^+ trpA^-$. In entrambi i casi il numero dei ricombinanti prototrofi è equivalente. Si determini l'ordine dei mutanti per il triptofano, in relazione al marcatore per la cisteina

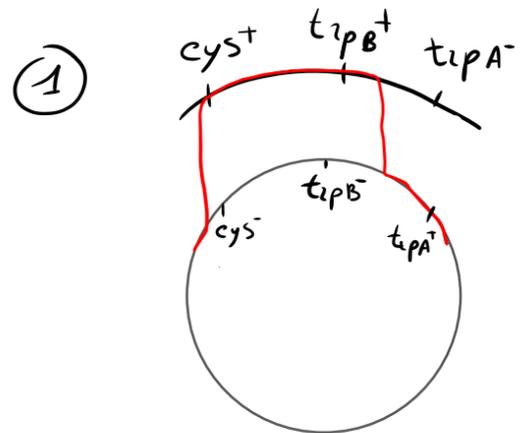


4 SCAMBI

NO
 n° scambi
 diverso

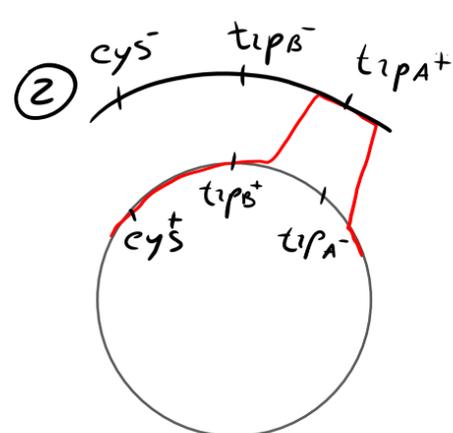


2 SCAMBI



2 SCAMBI

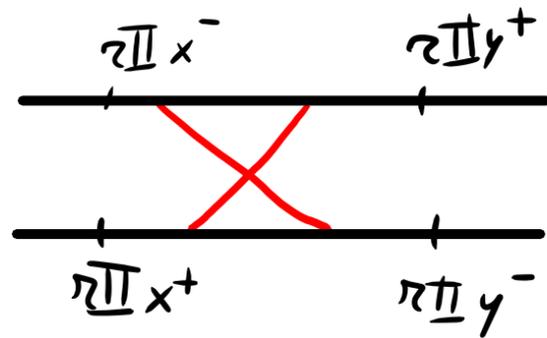
=



2 SCAMBI

Si
 ↓
 $cys trpB trpA$

8) Un genetista isola due nuove mutazioni della regione *rII* del batteriofago T4 chiamate *rIIx* e *rIIy*. Cellule di *E. coli B* vengono simultaneamente infettate con fagi che portano la mutazione *rIIx* e con fagi che portano la mutazione *rIIy*. Dopo la lisi delle cellule vengono raccolti campioni di lisato e uno viene fatto crescere in cellule di *E. coli K*, mentre il secondo in cellule di *E. coli B*; si ottengono rispettivamente 3 e 8322 placche. Qual è la frequenza di ricombinazione tra queste due mutazioni?



RICOMBINANTI (6)

- $rIIx^+ rIIy^+ \rightarrow 3 \text{ PLACCHE SU } K \rightarrow 3$
- $rIIx^- rIIy^- \rightarrow 3 \text{ (NO SU } K)$

$K \rightarrow 3 \text{ PLACCHE} \rightarrow rIIx^+ rIIy^+$

$B \rightarrow 8322 \text{ PLACCHE}$

$$f_r \text{ ricombinazione} = \frac{R}{\text{TOT}} = \frac{3 \cdot 2}{8322} = \frac{6}{8322} = 0,072$$