

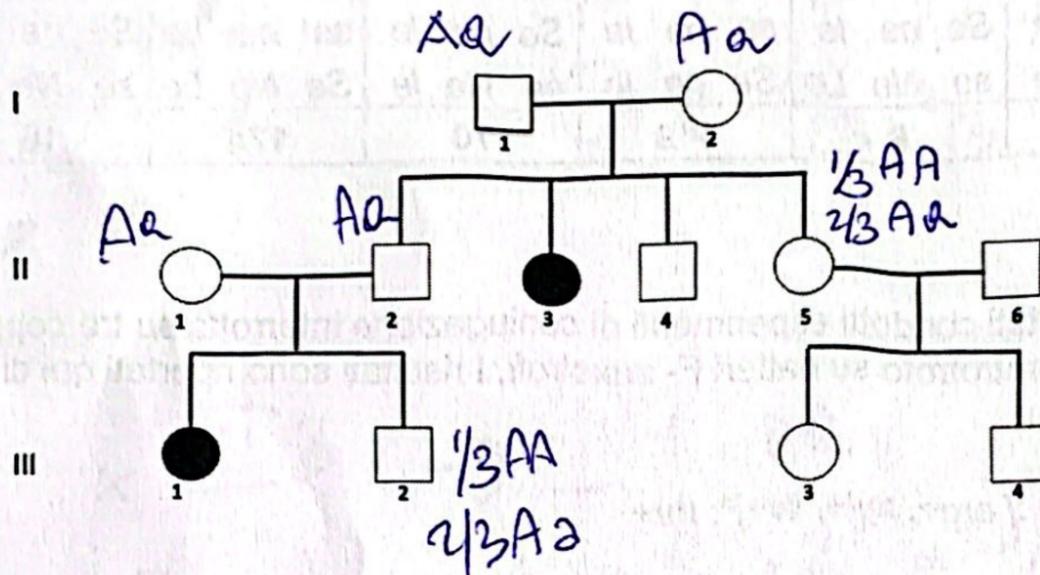
SVOLGIMENTO

COMPITO SCRITTO GENETICA
19/09/2024

NOME

MATRICOLA

ESERCIZIO 1: Nel seguente albero i simboli pieni indicano individui malati a causa di una mutazione *a* che si trasmette come carattere recessivo autosomico. Si calcoli:
 (a) la probabilità che il figlio dall'accoppiamento III2 X III3 sia portatore dell'allele malattia;
 (b) la probabilità che dall'accoppiamento III2 X III3 su 5 figli, 2 siano con fenotipo *a* e 3 con fenotipo *A*.



ESERCIZIO 2: Un genetista di *Drosophila* ha incrociato femmine omozigoti per tre mutazioni localizzate sul cromosoma X (*y*, yellow, corpo giallo; *B*, Bar, forma dell'occhio a barra; *v*, vermilion, colore dell'occhio vermiglio) con maschi selvatici (la mutazione *Bar* è dominante). Le femmine F1 che hanno corpo marrone ed occhi *Bar* di colore selvatico, sono state incrociate con maschi $B + v / Y$, portando ai seguenti risultati:

Fenotipo	numero individui maschi
Corpo giallo, occhio a barra, vermiglio	367
Occhio a barra, vermiglio	101
Corpo giallo, occhio vermiglio	32
Corpo giallo, occhio a barra	2
Selvatico	372
Corpo giallo	96
Occhio a barra	27
Occhio vermiglio	3

- Scrivere i genotipi accanto ai fenotipi corrispondenti.
- Determinare l'ordine di questi tre loci sul cromosoma X e calcolare le distanze tra essi disegnando la corrispondente mappa.
- Calcolare l'interferenza.

COMPITO SCRITTO GENETICA
19/09/2024

NOME

MATRICOLA

ESERCIZIO 3. Gameti α di *S. cerevisiae* (tetradi non ordinate) di genotipo *se Ne le* si fondono con gameti di tipo α con genotipo *Se ne Le*. Le meiosi degli zigoti risultanti generano i seguenti aschi. Determinare le distanze di mappa tra i geni associati. Si schematizzino infine gli scambi che hanno dato origine alla tetrade C

A	B	C	D	E	F	G	H
<i>se Ne le</i>							
<i>se Ne le</i>							
<i>Se ne Le</i>							
<i>Se ne Le</i>							
103	150	8	119	70	174	16	360

ESERCIZIO 4. Sono stati condotti esperimenti di coniugazione interrotta su tre ceppi di un batterio *E. coli* Hfr prototrofo su batteri F- auxotrofi. I risultati sono riportati qui di seguito:

Hfr1: $\langle lac^+ ; gal^+ ; his^+ ; [arg^+ , xyl^+ , ilv^+]^* ; thr^+$

Hfr2: $\langle his^+ ; [arg^+ , xyl^+ , ilv^+]^* ; thr^+ ; lac^+ ; gal^+ ;$

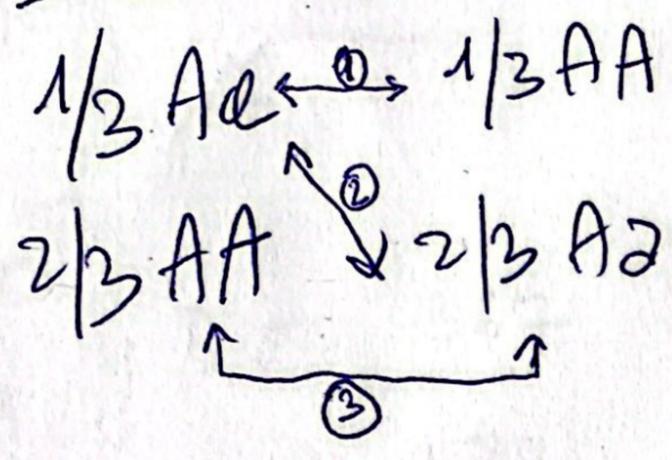
Hfr3: $\langle gal^+ , lac^+ , thr^+ ; [arg^+ , xyl^+ , ilv^+]^* , his^+$

*= $[arg^+ , xyl^+ , ilv^+]$ indica una regione cromosomica in cui l'ordine dei tre geni non è certo

Disegnare la mappa dei geni sul cromosoma circolare, la posizione dei fattori F integrati e la direzione di trasferimento genico per ciascuno di essi. Come potresti mappare i geni $[arg^+ , xyl^+ , ilv^+]$? Quale Hfr utilizzeresti?

①

⑤ $\overline{III}3 \times \overline{II}3 \rightarrow \overline{IV}1 Aa$



- ① $1/2 \cdot 1/3 \cdot 1/3 = 1/18$
 - ② $1/2 \cdot 1/3 \cdot 2/3 = 2/18$
 - ③ $1/2 \cdot 2/3 \cdot 2/3 = 4/18$
- $\frac{7}{18}$

⑥ $\overline{III}3 \times \overline{II}3 \rightarrow \overline{IV}1 aa$

$1/3 Aa \quad 2/3 Aa \quad 1/4 \cdot 1/3 \cdot 2/3 = 1/18$

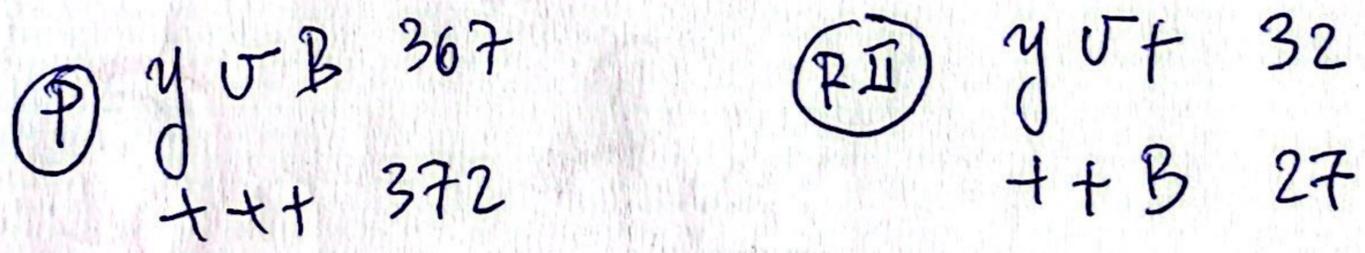
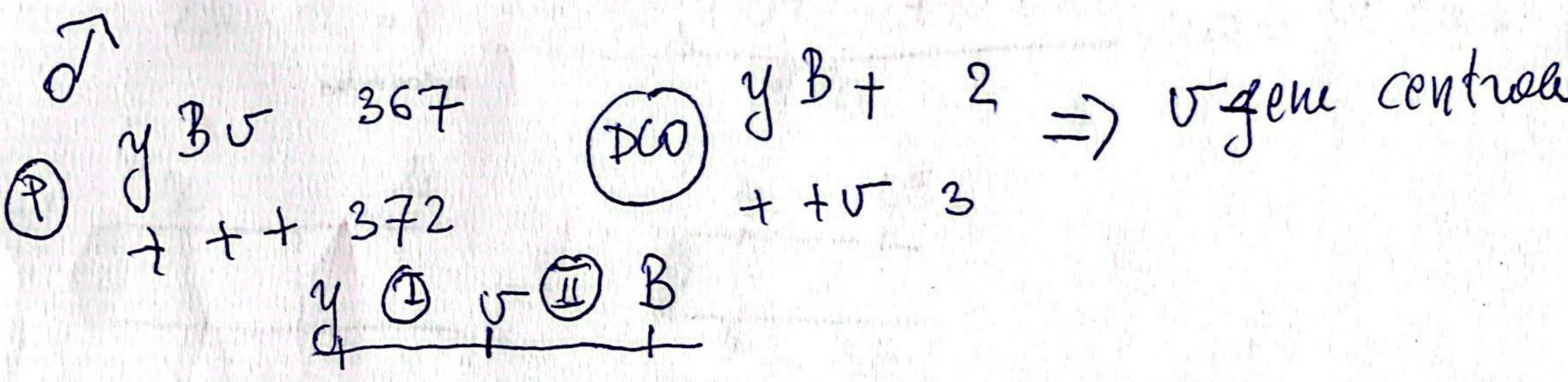
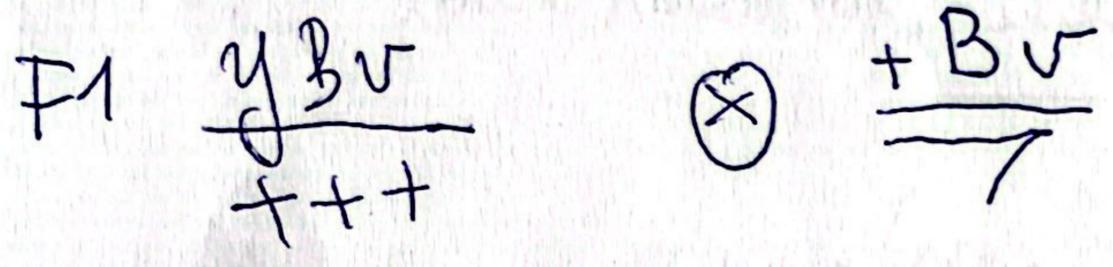
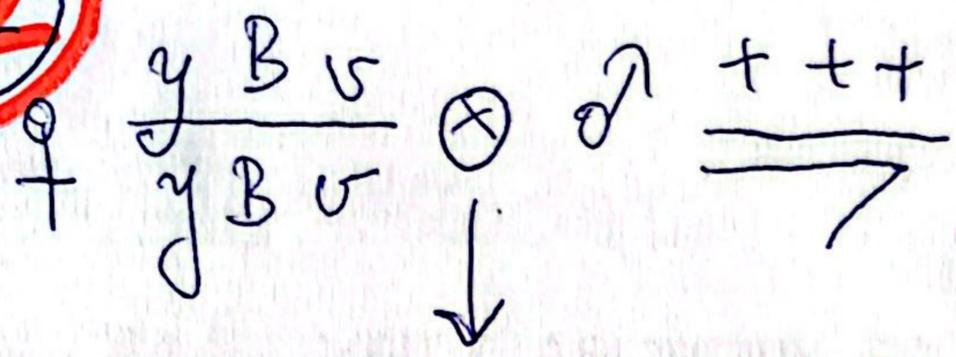
$\overline{IV}1 A- \Rightarrow (1 - 1/18) = 17/18$

2aa 3A-

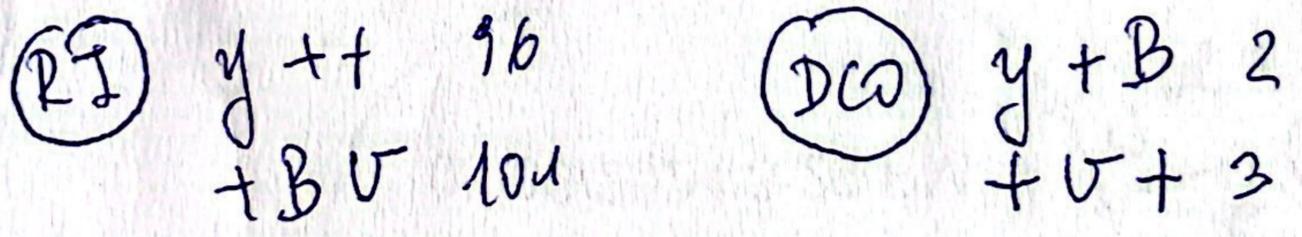
↓

$$\frac{5!}{2! 3!} \cdot \left(\frac{1}{18}\right)^2 \left(\frac{17}{18}\right)^3$$

2



TOT = 1000



$$y-v = \frac{96 + 104 + 2 + 3}{1000} \times 100 = 20.2 \mu m$$

$$v-B = \frac{32 + 27 + 2 + 3}{1000} \times 100 = 6.4 \mu m$$

$$c = \frac{(2+3)}{(0.12 + 0.064 \times 1000)} \approx \frac{5}{13} \approx 0.4 \quad I = 1 - 0.4 = 0.6$$

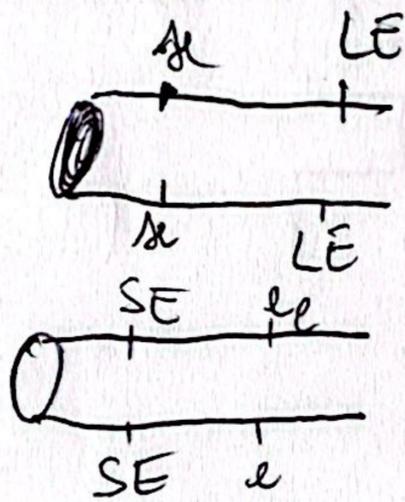
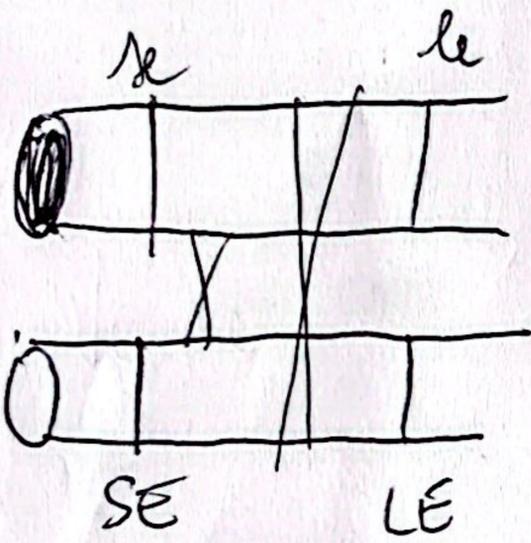
①

Se-le ASSOCIATI

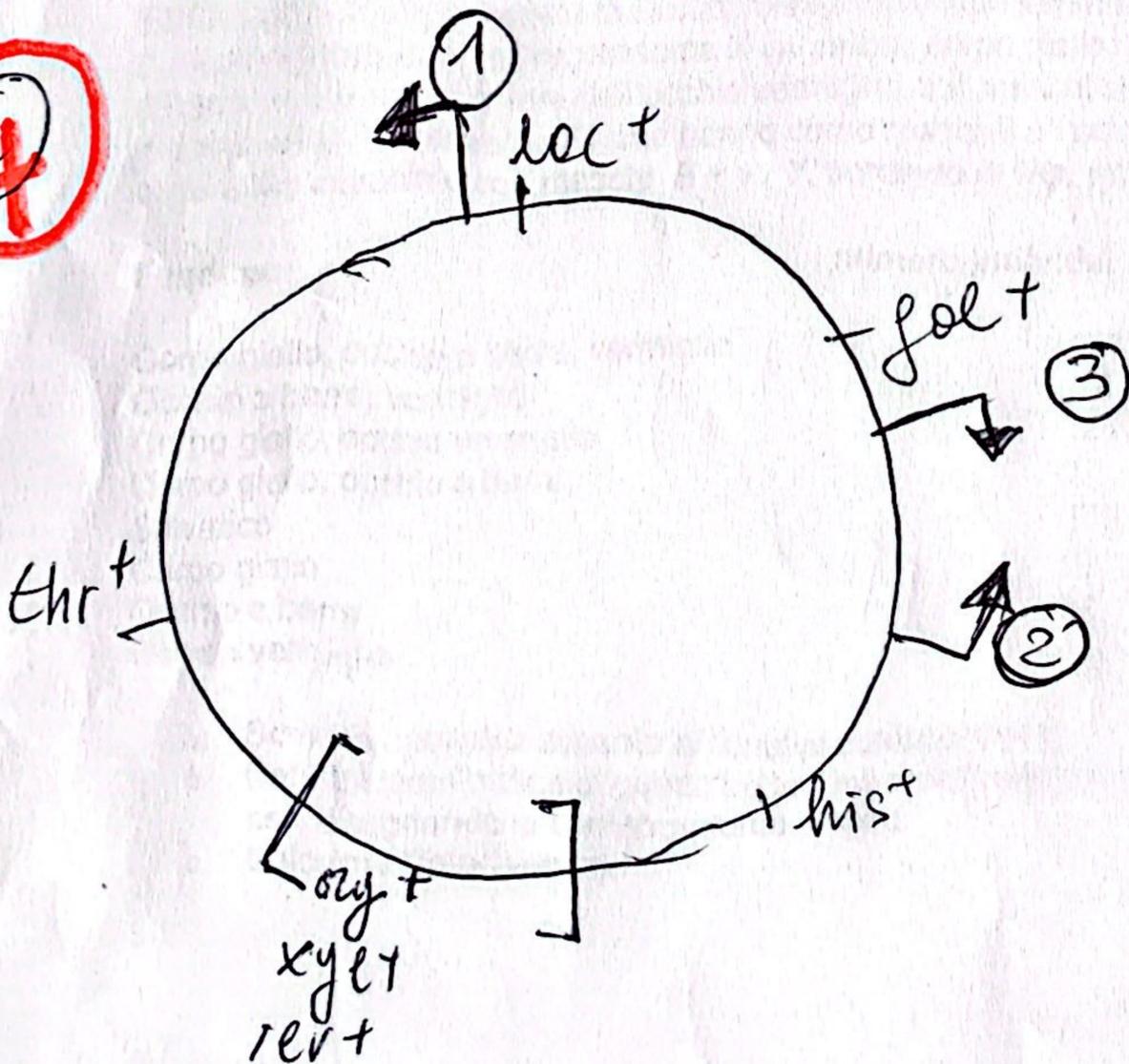
Tot = 994

PD	WPD	T
103	8	119
150		174
166		70
		360

$$\lambda_{e-le} = \frac{8 + \frac{1}{2}(119 + 174 + 70 + 360)}{994} \times 100 = 37.1 \mu m$$



②



Use Hfr 2 selezionando per thr+ e poi sottoposto per ricombinazione gli exconjuganti.