

***ESERCITAZIONE
GENETICA 22-04
ANALISI DELLE
TETRADI***

agostini.1917634@studenti.uniroma1.it

1) Sono stati incrociati due ceppi mutanti di Neurospora crassa. Un ceppo (pdx) non era in grado di crescere in assenza di piridossina e l'altro (pan) necessitava di acido pantotenico. Gli aschi ottenuti incrociando i due ceppi furono dissezionati e le ascospore analizzate. Osservando i risultati ottenuti (mostrati sotto), determinare le relazioni di associazione tra i geni pdx e pan, e tra ciascun gene e il centromero. (il simbolo + rappresenta l'allele selvatico di un gene; quindi ad esempio, pdx+ = pdx pan+ è il genotipo di una spora che non può crescere senza piridossina, ma che può farlo in assenza di acido pantotenico). Spiegare l'origine delle tetradi 3, 4 e 6.

pdx + x + pan

• Neurospora crassa = TETRADI ORDINATE

• Classifico gli aschi in M_I/M_{II} e in tipi PARENTALI (PD), NON PARENTALI (NPD) e TETRATI PI (T)

• Per capire se i geni sono ASSOCIATI, confronto i PD e i NPD

$$\left. \begin{array}{l} PD = 15 + 13 = 28 \\ NPD = 1 \end{array} \right\} PD \gg NPD \rightarrow \text{i geni sono ASSOCIATI}$$

• Calcolo la distanza tra ciascun gene e il centromero:

Classi di tetradi					
1	2	3	4	5	6
pdx +	pdx pan	pdx +	pdx +	pdx +	pdx +
pdx +	pdx pan	pdx pan	+	+ pan	+ pan
+ pan	+ +	+ +	pdx pan	pdx +	pdx pan
+ pan	+ +	+ pan	+ pan	+ pan	+ +
M _I M _I	M _I M _I	M _{II} (M _I)	(M _I) M _I	(M _{II}) (M _{II})	(M _I) (M _{II})
Numeri osservati					
15	1	17	1	13	2
PD	NPD	T	T	PD	T

$$d_{pdx\text{-centromero}} = \frac{M_{II} pdx}{TOT\ ASCHI} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{1+13+2}{49} \times 100 \times \frac{1}{2} = 16.3\ u.m.$$

$$d_{pan\text{-centromero}} = \frac{M_{II} pan}{TOT\ ASCHI} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{1+13+2}{49} \times 100 \times \frac{1}{2} = 32.6\ u.m.$$

• POSIZIONE GENI RISPETTO AL CENTROMERO

ci sono 2 metodi per stabilire la posizione dei 2 geni rispetto al centromero:

METODO 1 → Paragono il numero di aschi M_{II} del gene più vicino al centromero (pdx) con il numero di aschi M_{II} per entrambi i geni (M_{II} pdx × M_{II} pan):

- Se sono SIMILI, i 2 geni si trovano sullo stesso braccio, dalla stessa parte rispetto al centromero
- Se sono DIVERSI, i 2 geni si trovano da parti opposte rispetto al centromero che è al CENTRO tra i 2 geni

$$\left. \begin{array}{l} M_{II} pdx = 1 + 13 + 2 = 16 \\ M_{II} M_{II} = 13 + 2 = 15 \end{array} \right\} 15 \approx 16 \rightarrow \text{SONO DALLA STESSA PARTE RISPETTO AL CENTROMERO}$$

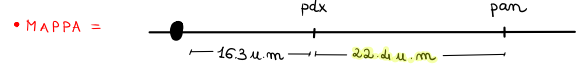
↳ Vuol dire che 15 volte su 16 un crossing over genera una disposizione M_{II} sia per pdx che per pan (Se il centromero fosse tra i 2 geni un crossing over non comporterebbe sempre M_{II} per entrambi i geni)

METODO 2 → Calcolo la distanza tra i due geni con la formula $d_{pdx\text{-pan}} = \frac{NPD + 1/2 T}{TOT\ ASCHI} \times 100$

- Se i geni sono da parti opposte rispetto al centromero, $d_{pdx\text{-pan}} \approx d_{pdx\text{-centromero}} + d_{pan\text{-centromero}}$
- Se sono dalla stessa parte rispetto al centromero, $d_{pdx\text{-pan}} \neq d_{pdx\text{-centromero}} + d_{pan\text{-centromero}}$

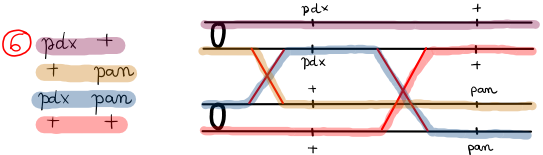
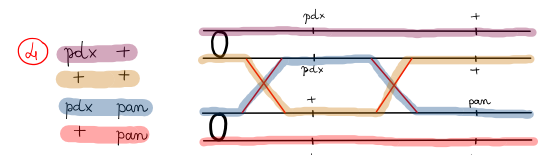
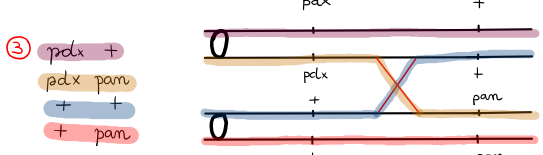
$$d_{pdx\text{-pan}} = \frac{NPD + 1/2 T}{TOT\ ASCHI} \times 100 = \frac{1 + 1/2(17+1+2)}{49} \times 100 = 22.4\ u.m.$$

$$d_{pdx\text{-centromero}} + d_{pan\text{-centromero}} = 16.3 + 32.6 = 48.9\ u.m. \neq 22.4\ u.m. \rightarrow \text{SONO DALLA STESSA PARTE RISPETTO AL CENTROMERO}$$



N.B. SE E SOLO SE i geni sono dalla stessa parte rispetto al centromero BISOGNA CORREGGERE LA MAPPA riportando la distanza tra i geni trovata con la formula $d_{pdx\text{-pan}} = \frac{NPD + 1/2 T}{TOT\ ASCHI} \times 100$ anziché la distanza tra il gene più lontano e il centromero! (Si è infatti una mappa più precisa sommando piccoli intervalli)

• ORIGINE TETRADI



Per capire l'origine delle tetradi scrivo i geni sui cromosomi nell'ordine corretto e vedo quali scambi mi permettono di ottenere la tetrad richiesta NELL'ORDINE fornito. La soluzione corretta è sempre quella che prevede il MINORE numero di scambi perché è la più probabile.

2) I seguenti aschi derivano da un incrocio di Neurospora ($lys^- +$) x ($+ val^-$). Il ceppo lys^- richiede lisina per crescere mentre il ceppo val^- richiede valina.

A	B	C	D	E	F
lys- + lys- + + val- + val-	lys- + lys- val- + + + val-	lys- val- + + lys- val- + +	lys- val- lys- + + + + val-	lys- val- + val- lys- + + +	+ val- + val- + val- lys- +
74	8	1	10	6	1
M_I M_I	M_I M_{II}	M_{II} M_{II}	M_I M_{II}	M_{II} M_I	M_{II} M_{II}
PD	T	NPD	T	T	PD

- Costruire una mappa che includa il centromero (c) e le distanze tra i geni;
- Determinare il numero minimo di crossing over necessari per ottenere la Tetrade F

• Distanza tra ciascun gene e il centromero

$$d_{lys-centromero} = \frac{M_{II} lys}{TOT ASCHI} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{1+6+1}{100} \times 100 \times \frac{1}{2} = 4 \text{ u. m.}$$

$$d_{val-centromero} = \frac{M_{II} val}{TOT ASCHI} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{8+1+10+1}{100} \times 100 \times \frac{1}{2} = 10 \text{ u. m.}$$

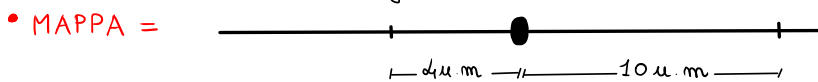
• POSIZIONE GENI RISPETTO AL CENTROMERO

METODO 1 $\rightarrow M_{II} lys = 1+6+1 = 8$
 $M_{II} lys M_{II} val = 1+1 = 2$

$\left. \begin{array}{l} 8 \\ 2 \end{array} \right\} 8 \neq 2 \rightarrow$ Sono da PARTI OPPOSTE rispetto al centromero, su bracci diversi

METODO 2 $\rightarrow d_{lys-val} = \frac{NPD + 1/2 T}{TOT ASCHI} \times 100 = \frac{1 + 1/2(8+10+6)}{100} \times 100 = 13.5 \text{ u. m.}$

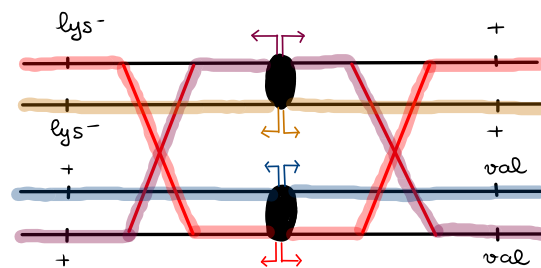
$d_{lys-centromero} + d_{val-centromero} = 4 + 10 = 14 \text{ u. m.} \approx 13.5 \text{ u. m.} \rightarrow$ Sono da PARTI OPPOSTE rispetto al centromero



Dal momento che i 2 geni sono da parti opposte rispetto al centromero NON bisogna CORREGGERE la mappa, che è già costruita unendo 2 intervalli. Si riportano sulla mappa le distanze tra ciascun gene e il centromero.

• ORIGINE TETRADE F

- + val
- lys +
- + val
- lys +



Attenzione!

Per stabilire quali crossing over portano alla tetrade in esame **SI DEVE SEMPRE PARTIRE DAL CENTROMERO!** Per cui, se nell'esercizio ho trovato che il centromero è tra i due geni, per valutare l'origine della tetrade lo DISEGNO tra i 2 geni e PARTO DAL CENTROMERO e poi mi muovo verso destra/sinistra sui due bracci, **NO** dall'estremità del cromosoma!

$$lys^- + \times + val^-$$

• I geni sono ASSOCIATI?

PD = 74 + 1 = 75
 NPD = 1

$\left. \begin{array}{l} PD \\ NPD \end{array} \right\} PD \gg NPD \rightarrow$ i geni sono ASSOCIATI

3) In *Neurospora* vengono incrociati i ceppi $+b \times a+$. Gli aschi provenienti da questo incrocio sono stati analizzati ed i risultati sono riportati qui di seguito. Sulla base di questi dati deducete la disposizione sulla mappa dei loci a e b . Includete il o i centromeri su ciascuna mappa disegnata

$+b \times a+$

+b	++	+b	+b	+b	++	++
+b	++	++	ab	a+	ab	ab
a+	ab	ab	++	+b	++	+b
a+	ab	a+	a+	a+	ab	a+
$M_I M_I$	$M_I M_I$	$M_I M_{II}$	$M_{II} M_I$	$M_{II} M_{II}$	$M_{II} M_{II}$	$M_{II} M_{II}$
PD	NPD	T	T	PD	NPD	T
130	128	103	39	5	7	9

• I geni sono associati?

$$PD = 130 + 5 = 135$$

$$NPD = 128 + 7 = 135$$

PD = NPD \Rightarrow I GENI NON SONO ASSOCIATI, si trovano su cromosomi DIVERSI

• Distanza tra ogni gene e il suo centromero:

$$d_{a\text{-centromero}} = \frac{M_{II} a}{\text{TOT ASCHI}} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{39 + 5 + 7 + 9}{421} \times 100 \times \frac{1}{2} = 7.12 \text{ u.m.}$$

$$d_{b\text{-centromero}} = \frac{M_{II} b}{\text{TOT ASCHI}} \times 100 \times \frac{1}{2} = \frac{103 + 5 + 7 + 9}{421} \times 100 \times \frac{1}{2} = 14.7 \text{ u.m.}$$

• MAPPE =



4) L'analisi di tetradi non ordinate di lievito, ottenute dall'incrocio $+++ \times abc$ ha prodotto i seguenti risultati:

Lievito \rightarrow TETRAIDI NON ORDINATE

CLASSI	SPORE			N. ASCHI	
1	abc	abc	+++	+++	36
2	abc	a+c	+b+	+++	14
3	a++	a++	+bc	+bc	32
4	ab+	a++	+bc	++c	16
5	ab+	ab+	++c	++c	2

Determinare quali di questi geni sono associati e la loro distanza di mappa.

• Per capire quali geni sono associati considero una coppia di geni per volta e confronto il numero di PD e NPD per quella coppia di geni

- se $PD \gg NPD$ i geni sono ASSOCIATI
- se $PD \approx NPD$ i geni NON sono ASSOCIATI

N.B. Essendo TETRAIDI NON ORDINATE posso classificarle solo in PD, NPD e T, NO in M_I/M_{II}

• Riserivo le tetradi in colonna:

1	2	3	4	5
abc	abc	a++	ab+	ab+
abc	a+c	a++	a++	ab+
+++	+b+	+bc	+bc	++c
+++	+++	+bc	++c	++c
36	14	32	16	2

Considero la coppia $a-b$: parentali = $ab \times ++ \rightarrow$ PD T NPD T PD

Considero la coppia $b-e$: parentali = $b.e \times ++ \rightarrow$ PD T PD T NPD

Considero la coppia $a-e$: parentali = $a.e \times ++ \rightarrow$ PD PD NPD NPD NPD

• Faccio uno schema per capire il numero di PD, NPD e T per ogni coppia di geni e determinare se sono associati

	PD	NPD	T
$a-b$	$36+2=38$	32	$14+16=30$
$b-e$	$36+32=68$	2	$14+16=30$
$a-e$	$36+14=50$	$32+16+2=50$	0

$PD \approx NPD \rightarrow a$ e b INDIPENDENTI, su cromosomi diversi

$PD \gg NPD \rightarrow b$ e e ASSOCIATI

$PD = NPD \rightarrow a$ e e INDIPENDENTI

► Se per una coppia di geni il numero dei TETRATIPICI $\bar{e} = 0$, allora si può concludere che i due geni sono STRETTAMENTE ASSOCIATI AL CENTROMERO
 $\rightarrow a$ e e strettamente associati ai rispettivi centromeri

• Calcolo la distanza tra i geni associati:

$$d_{b-e} = \frac{NPD + 1/2 T}{TOT ASCHI} \times 100 = \frac{2 + 1/2 (30)}{100} \times 100 = 17 \text{ u.m.}$$

