

ESERCITAZIONE GENETICA

3/07/26

chiara.angioli@uniroma1.it

4 colonie batteriche vengono seminate su una piastra madre e replicate su 4 piastre a diversa composizione. Determinare, laddove possibile, il genotipo delle 4 colonie per i geni *leu* (capacità di sintetizzare leucina), *gal* (capacità di metabolizzare il galattosio) e *kan* (resistenza o sensibilità alla kanamicina) sulla base della crescita osservata dopo replica su piastra.



$1 = leu^- / Kan^R \rightarrow$ non possiamo definire l'intero genotipo della colonia 1
 perché nella piastra con galattosio manca la leucina.
 La sua assenza, di per sé, non permette la crescita della
 colonia 1.

$2 = leu^+ gal^- Kan^S$
 $3 = leu^+ gal^+ Kan^R$
 $4 = leu^+ gal^+ Kan^S$

In alcune erbe la capacità di crescere in terra contaminata con il rame, un metallo tossico, è determinata da un allele dominante. Se il 91 % dei semi di una popolazione che si accoppia casualmente è capace di germinare in un terreno contaminato, qual è la frequenza per l'allele per la resistenza?

$$f(RR + Rr) = 91\% = 0,91 = p^2 + 2pq$$

$$f(R) = ?$$

accoppiamento casuale

↳ assumo che la popolazione
sia in equilibrio

$$f(R) = p \quad f(r) = q$$

$$\underbrace{p^2}_{RR} + \underbrace{2pq}_{Rr} + \underbrace{q^2}_{rr} = 1$$

$$f(rr) = q^2 = 1 - (p^2 + 2pq) = 1 - 0,91 = 0,09$$

$$f(r) = q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0,09} = 0,3$$

$$p + q = 1$$

$$p = 1 - q = 1 - 0,3 = 0,7 = f(R)$$

Tre geni di una pianta sono così disposti: **m** dista da **n** 10 um e **n** dista da **o** 6 um. Su un altro cromosoma sono disposti i geni **s**, **t** e **u**, con **s** distante da **t** 4 um e **t** distante da **u** 6 um. Dato l'incrocio tra femmine **m++/+no** ; **+++/stu** con maschi omozigoti recessivi per tutti i geni:

- (a) calcolare la frequenza di individui con fenotipo **ou** con coefficiente di coincidenza pari ad 1;
(b) considerando invece l'autofecondazione di individui **m++/+no**, con che frequenza si possono avere individui con fenotipo **mno**?

$d_{m-n} = 10 \text{ um}$

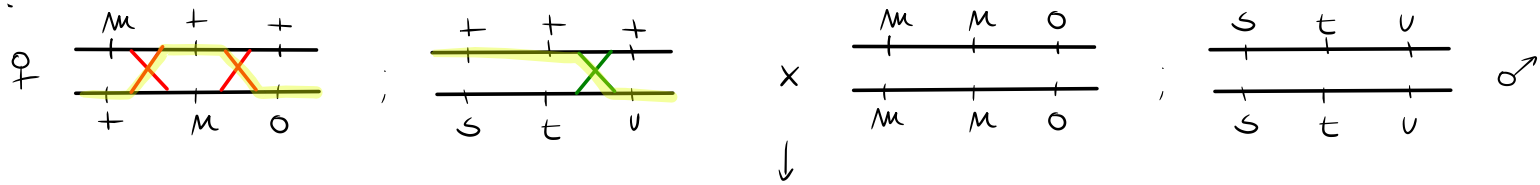
$d_{n-o} = 6 \text{ um}$

$d_{s-t} = 4 \text{ um}$

$d_{t-u} = 6 \text{ um}$

a) $cc = 1$
fenotipo **ou** ?

b) fenotipo **mno** ?



fenotipo **ou**
 $0,003 \leftarrow \textcircled{++o} / \textcircled{mmo} \xrightarrow{1} \textcircled{++u} / \textcircled{stuv} \xrightarrow{0,0288} \rightarrow \text{frequenza fenotipo ou} = 0,003 \cdot 1 \cdot 0,0288 \cdot 1 = 8,64 \cdot 10^{-5}$

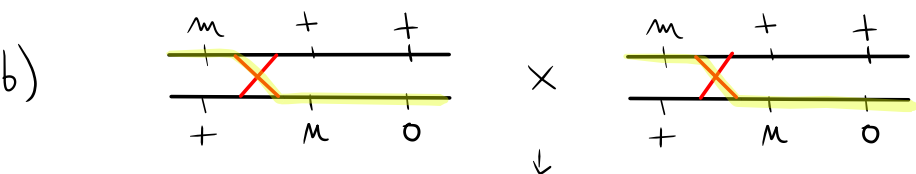
$0,006 \leftarrow \textcircled{DCO_{mmo}} \left[\begin{array}{l} ++o \rightarrow \frac{0,006}{2} = 0,003 \\ mno \end{array} \right.$

$FR_{II} - DCO_{stuv} = \left(R_{II} \right) \left[\begin{array}{l} ++u \rightarrow \frac{0,0576}{2} = 0,0288 \\ st+ \end{array} \right.$
 $= \frac{d_{tu}}{100} - DCO_{stuv} =$
 $= 0,06 - 0,0024 = 0,0576$

$cc = 1 = \frac{DCO}{DCA}$
 $\frac{DCO}{mmo} = \frac{DCA}{mmo}$

$cc = 1 \quad \frac{DCO}{stuv} = \frac{DCA}{stuv} = FR_I \cdot FR_{II} = \frac{d_{s-t}}{100} \cdot \frac{d_{t-u}}{100} = 0,04 \cdot 0,06 = 0,0024$

$\frac{DCA}{mmo} = FR_I \cdot FR_{II} = \frac{d_{m-n}}{100} \cdot \frac{d_{n-o}}{100} = 0,1 \cdot 0,06 = 0,006$



fenotipo **mno**
 $0,047 \leftarrow \textcircled{mmo} / \textcircled{mmo} \xrightarrow{0,047} \rightarrow \text{frequenza fenotipo mno} = (0,047)^2 = 2,21 \cdot 10^{-3}$

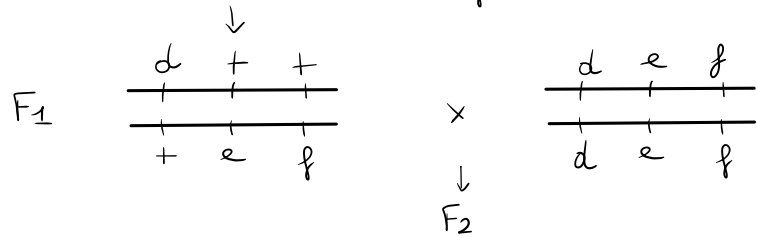
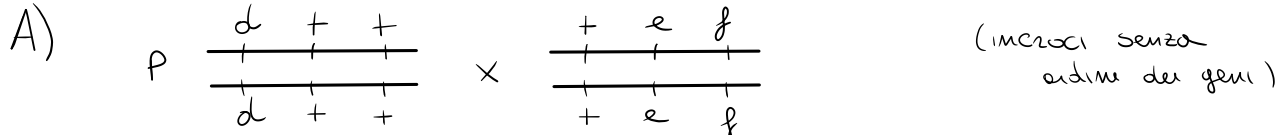
$FR_I - DCO_{mmo} = \left(R_I \right) \left[\begin{array}{l} mmo \rightarrow \frac{0,094}{2} = 0,047 \\ +++ \end{array} \right.$
 $= \frac{d_{m-n}}{100} - DCO_{mmo} =$
 $= 0,1 - 0,006 = 0,094$

Due linee pure di pomodoro vengono incrociate e si ottiene una F1 fenotipicamente di tipo selvatico, ma eterozigote per tre alleli che determinano i fenotipi recessivi **d** (pianta nana), **e** (foglia intera) ed **f** (fusto fasciato). La F1 viene poi incrociata con un tester omozigote recessivo per i tre geni e, su 1000 individui di progenie, si ottengono i seguenti fenotipi: 360 **d**; 368 **e f**; 88 selvatico; 84 **d e f**; 48 **d e**; 44 **f**; 4 **d f**; 4 **e**.

- (A) Quali erano i genotipi delle linee parentali?
(B) Disegnate una mappa di associazione per i tre geni includendo le distanze di mappa.
(C) Calcolate il valore dell'interferenza.

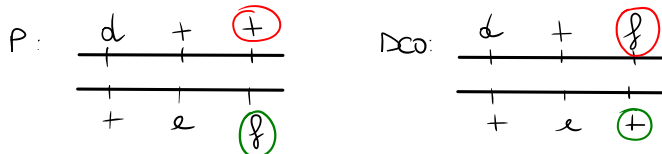
F₂:

d	360	} P
e f	368	
+++	88	} R _I
d e f	84	
d e	48	} R _{II}
f	44	
d f	4	} DCO
e	4	
TOT = 1000		



B) Ordine dei geni

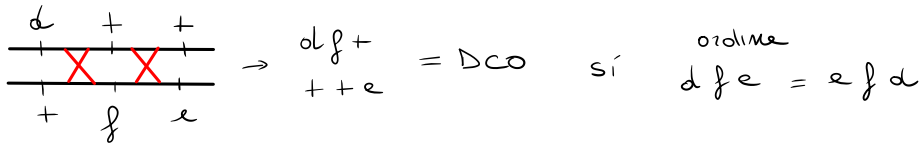
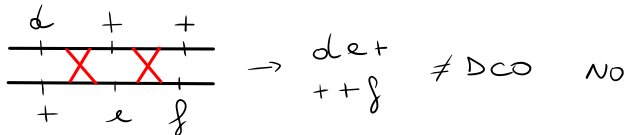
1° metodo
Confronto P
e DCO



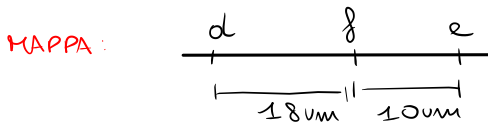
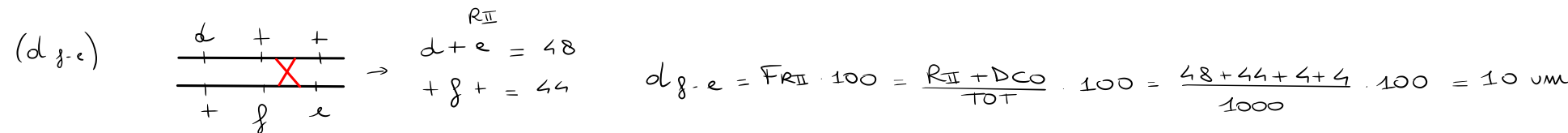
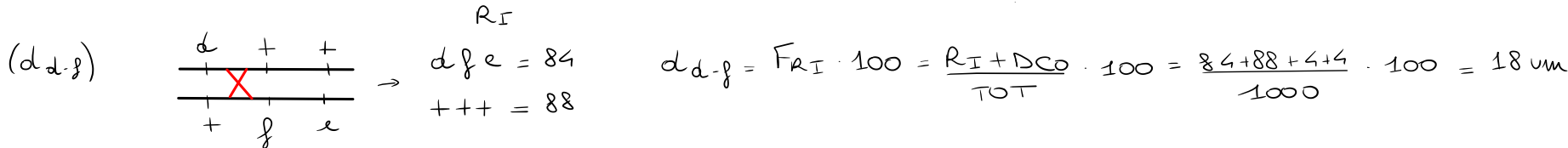
f al centro

ordine: d f e = e f d

2° metodo:
cerco l'ordine dei
geni che restituisca
i DCO della F₂



Distanze:



C)

$$DCA = F_{RI} \cdot F_{RII} = \frac{d d.f}{100} \cdot \frac{d f.e}{100} = 0,18 \cdot 0,1 = 0,018$$

$$DCO = \frac{M^o m d DCO}{TOT} = \frac{4 + 4}{1000} = 0,008$$

$$CC = \frac{DCO}{DCA} = \frac{0,008}{0,018} = 0,44 \quad I = 1 - CC = 1 - 0,44 = 0,56$$

Un ceppo di *Neurospora* di genotipo **g h** viene incrociato con un ceppo di *Neurospora* di genotipo + +. Si ottengono le seguenti tetradi ordinate. Disegnare una mappa che includa la posizione dei geni rispetto a quella del centromero e le distanze di mappa, e disegnare la meiosi che dà origine alla **tetrate 4**.

M _I 1 M _I	M _{II} 2 M _I	M _I 3 M _{II}	M _{II} 4 M _{II}	M _{II} 5 M _{II}	M _I 6 M _I	M _{II} 7 M _{II}	
g h	g h	g h	+ h	+ h	++	g h	
g h	+ h	g +	g +	g +	++	++	
++	++	+ h	++	+ h	g h	++	
++	g +	++	g h	g +	g h	g h	
134	22	14	8	4	12	6	= 200
PD	T	T	T	NPD	PD	PD	

g h x ++

PD = 134 + 12 + 6 = 152

NPD = 4

PD >> NPD

↓
g e h ASSOCIATI

Distanze gene-centromero

d_{g-c} = $\frac{M_{II}g}{TOT} \cdot \frac{1}{2} \cdot 100 = \frac{22+8+4+6}{200} \cdot \frac{1}{2} \cdot 100 = 10 \mu m$

d_{h-c} = $\frac{M_{II}h}{TOT} \cdot \frac{1}{2} \cdot 100 = \frac{14+8+4+6}{200} \cdot \frac{1}{2} \cdot 100 = 8 \mu m$

Posizione del centromero

1° metodo

paragono le M_{II} del gene più vicino al centromero con le M_{II} di entrambi i geni

M_{II}h = 14 + 8 + 4 + 6 = 32

M_{II}g M_{II}h = 8 + 4 + 6 = 18

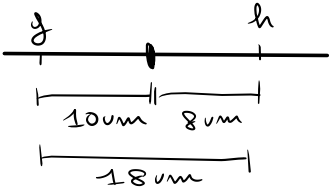
32 >> 18 → Centromero in mezzo, g e h sono su BRACCI DIVERSI

2° metodo

Calcolo la distanza tra i due geni

d_{g-h} = $\frac{NPD + (1/2)T}{TOT} \cdot 100 = \frac{4 + (22+14+8)/2}{200} \cdot 100 = 13 \mu m$

MAPPA



Perché i geni sono su BRACCI DIVERSI
NON calcolo la distanza gene-centromero

d_{g-h} = d_{g-c} + d_{h-c} = 18 μm

Origine tetrate ④ g h x ++

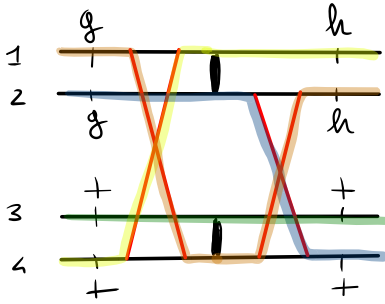
④

+ h

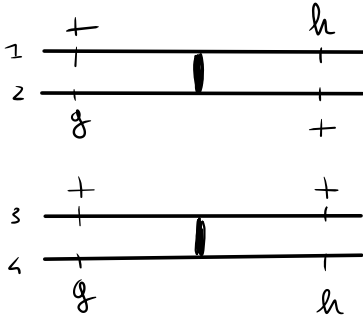
g +

+ +

g h



M_I



M_{II}

