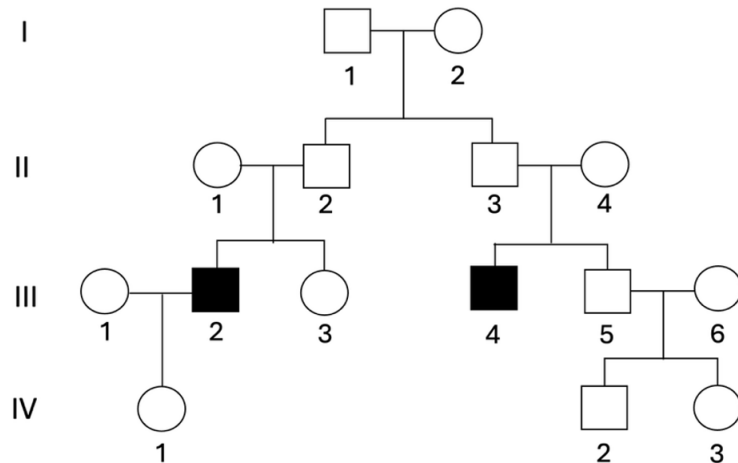


ESERCIZIO 1. Nei bufali africani, la forma delle corna è controllata da un gene A con due alleli. L'allele dominante A determina corna a forma di falce, mentre l'allele recessivo a determina corna ricurve. Nel pedigree rappresentato in figura scrivere tutti i genotipi deducibili e (1) calcolare la probabilità che incrociando la femmina III3 con il maschio IV2 nasca un individuo portatore dell'allele a ;(2) calcolare la probabilità che nascano 3 individui con corna a falce e 4 con corna ricurve se si accoppiano il maschio II2 e la femmina IV3



ESERCIZIO 1

II 2 Aa (1)
 III 3 AA (1/3)
 Aa (2/3)

III 5
 AA (1/3)
 Aa (2/3)

↓
 IV 2
 AA (2/3)
 Aa (1/3)

① III 3 × IV 2 → V Aa
 AA (1/3) × AA (2/3) → ① (1/3) × (1/3) × 1/2 = 1/18
 Aa (2/3) × Aa (1/3) → ② (2/3) × (2/3) × 1/2 = 4/18
 → ③ (2/3) × (1/3) × 1/2 = 2/18
7/18

② II 2 × IV 3 → V aa
 Aa (1) × AA (2/3) → (1) × (1/3) × 1/4 = 1/12
 → Aa (1/3)
 V A -
 1 - (1/12) = 11/12

$\frac{7!}{4!3!} \times \left(\frac{11}{12}\right)^3 \times \left(\frac{1}{12}\right)^4$

ESERCIZIO 2. I marcatori recessivi *alm*, *odo* e *var* sono localizzati sul cromosoma 4 del mais. Quando una pianta eterozigote per questi tre marcatori viene re-incrociata con una pianta omozigote recessiva, si ottiene una generazione F2 con le seguenti frequenze

a) Scrivere i genotipi degli individui che hanno dato origine alla pianta eterozigote (incrocio parentale); (b) Determinate l'ordine di questi tre geni e le loro distanze di mappa (c) Re-incrociando una pianta della generazione F2 di fenotipo *var* con una pianta omozigote recessiva per tutti e tre i loci (scrivere l'incrocio completo), calcolare quante piante si ottengono di fenotipo *odo var* su un totale di 10.000 piante, in caso di Interferenza=1

+++	6
var	23
odo	22
odo var	446
alm	452
alm var	28
alm odo	17
alm odo var	4

ESERCIZIO 2

(a) $\textcircled{P} \quad + \text{odo var} / + \text{odo var} \quad \textcircled{\times} \quad \text{alm } ++ / \text{alm } ++$

DCO $\begin{matrix} + + + \\ \text{alm odo var} \end{matrix} \quad \textcircled{\text{vs}} \quad \textcircled{P} \quad \begin{matrix} \text{alm } ++ \\ + \text{odo var} \end{matrix} \rightarrow \begin{matrix} \text{alm gene centrale} \\ \text{odo } + \quad \text{var} \\ + \quad \text{alm } + \end{matrix}$

P $\begin{bmatrix} \text{odo } + \text{ var} & 446 \\ + \text{ alm } + & 452 \end{bmatrix}$

RI $\begin{bmatrix} \text{odo alm } + & 17 \\ + + \text{ var} & 23 \end{bmatrix}$

RII $\begin{bmatrix} \text{odo } + + & 22 \\ + \text{ alm var} & 28 \end{bmatrix}$

DCO $\begin{bmatrix} \text{odo alm var} & 4 \\ + + + & 6 \end{bmatrix}$

$\textcircled{b} \quad D_{\text{odo-alm}} = \frac{23+17+6+4}{998} \times 100 = 5,01 \text{ cm}$

$D_{\text{alm-var}} = \frac{22+28+6+4}{998} \times 100 = 6,01 \text{ cm}$

$D_{\text{odo-var}} = 5,01 \text{ cm} + 6,01 \text{ cm} = 11,02 \text{ cm}$

$\textcircled{c} \quad \begin{matrix} + + \text{ var} \\ \text{odo alm var} \end{matrix} \times \begin{matrix} \text{odo alm var} \\ + + + \end{matrix} \quad \text{DCO} = 0$

	odo alm var	
P $\begin{bmatrix} + + \text{ var} \\ \text{odo alm var} \end{bmatrix}$	x	
RI $\begin{bmatrix} + \text{ alm var} \\ \text{odo } + \text{ var} \end{bmatrix}$	x	
RII $\begin{bmatrix} + + \text{ var} \\ \text{odo alm var} \end{bmatrix}$	x	

$f(\text{RI}) = 0,05$

$f(\text{odo var})_{\text{gemete}} = \frac{0,05}{2}$

$f_{\text{odo var}} = \frac{0,05}{2} \times 1 = 0,025$

$N_0 = 0,025 \times 10000 = 250$

ESERCIZIO 3

COMPITO 18-06-2026

	PD	NPD	T
+ per	150	10	40
mal +	150		50
	10		

PD = 310
NPD = 10

PD >> NPD

mal per = ASSOCIATI

ESERCIZIO 3. Da un incrocio tra spore di genotipo + oxe per e spore di genotipo mal + + si ottengono le seguenti tetradi ordinate

A	B	C	D	E	F
mal oxe per	+ + per	+ oxe per	+ oxe per	+ oxe per	+ oxe per
mal oxe per	+ + per	+ oxe per	+ + +	mal + per	mal oxe +
+ + +	mal oxe +	mal + +	mal oxe per	+ oxe +	+ + per
+ + +	mal oxe +	mal + +	mal + +	mal + +	mal + +
10	150	150	40	50	10

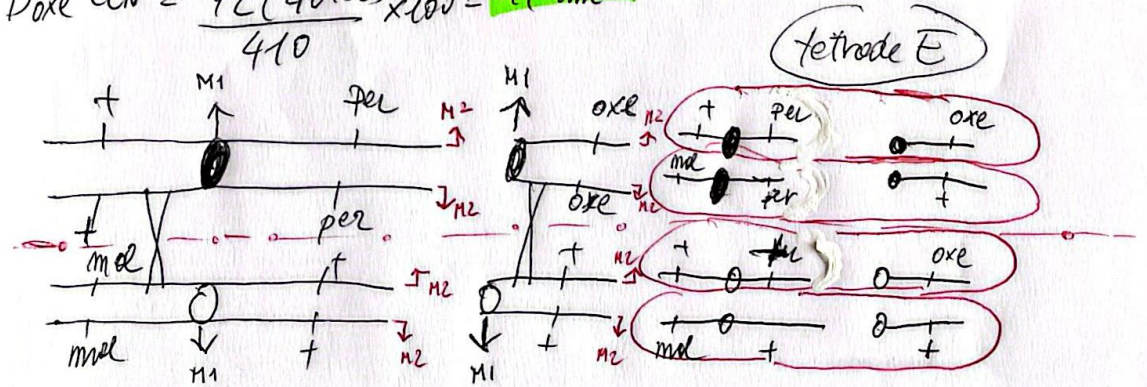
Si calcoli la distanza di mappa più accurata tra i due geni associati e gli scambi che hanno dato origine alla tetrade E indicando con opportune frecce la direzione di segregazione dei cromosomi durante la prima divisione meiotica

$$D_{mal\ per} = \frac{10 + \frac{1}{2}(40 + 50)}{410} \times 100 = 13,4\text{ um}$$

$$D_{mal\ cen} = \frac{1}{2} \frac{(50 + 10)}{410} \times 100 = 7,3\text{ um}$$

$$D_{per\ cen} = \frac{1}{2} \frac{(40 + 10)}{410} \times 100 = 6,1\text{ um}$$

$$D_{oxe\ cen} = \frac{1}{2} \frac{(40 + 50)}{410} \times 100 = 11\text{ um}$$



ESERCIZIO 4. Batteriofagi trasducenti T4 che hanno precedentemente infettato un ceppo di E. coli di genotipo *leu+* *his-* *trp-*, sono stati utilizzati per infettare un ceppo di genotipo *leu-* *his+* *trp+*. Selezionando poi i trasducenti per *leu+* si sono identificati i seguenti genotipi

<i>trp+</i> <i>his-</i>	40
<i>trp+</i> <i>his+</i>	150
<i>trp-</i> <i>his-</i>	2
<i>trp-</i> <i>his+</i>	80

determinare la mappa dei tre geni facendo riferimento alle frequenze di co-trasduzione

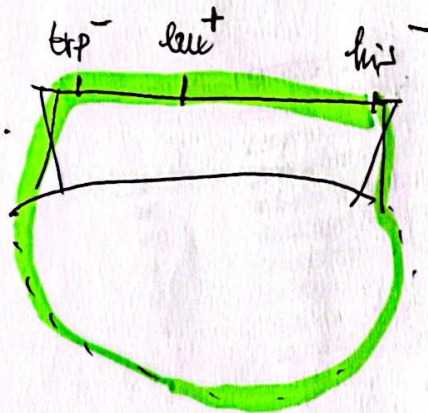
ESERCIZIO 4

COMPITO 18-06-2026

% co-trasduzione

$$leu^+ trp^- = \frac{2+80}{292} = 30,14\%$$

$$leu^+ his^- = \frac{40+2}{292} = 15,44\%$$



Scombinò fin vero
considerando che
leu+ può essere solo
centrale