

COMPITO DI GENETICA (BIOTECNOLOGIE) – COMPITO B
23 GIUGNO 2021

NOME STUDENTE
ORALE GIUGNO SI NO

MATRICOLA

ESERCIZIO 1. In una razza di cani dell'isola di Yos Sudarso, tre geni che specificano il colore del mantello (alleli B pelo marrone e b pelo nero), altezza delle zampe (T zampe lunghe, t zampe corte) e forma del muso (R, r) distano nel seguente modo: B-T 7 um; T-B 15 um (t è al centro). Maschi di cani con pelo marrone, zampe lunghe e muso rugoso sono stati incrociati con femmine pelo nero, zampe corte e muso liscio. Femmine della F1 tutta identica con pelo marrone, zampe lunghe e muso liscio sono state incrociate con maschi triplo recessivi. Indicare: 1) i genotipi P e F1; 2) le classi fenotipiche e le frequenze attese F2 in assenza di interferenza; 3) la frequenza attesa di individui triplo recessivi nella F2 considerata un'interferenza di 0,7.

COMPITO B

ESERCIZIO 1

a)

$\begin{array}{c} B \\ | \\ T \\ | \\ 7 \\ | \\ 15 \\ | \\ R \end{array}$

$\text{P } \sigma \text{ } BTr/bTr \times btr/btr$

$\text{F1 } \text{f } BTr/btr$

$\text{F2 } \text{f } BTr/btr \times btr/btr$

$\begin{array}{c} B \\ | \\ T \\ | \\ t \\ | \\ R \\ | \\ r \end{array}$

$\begin{array}{c} BTr \\ | \\ btr \end{array} \text{P}$

$\begin{array}{c} BTr \\ | \\ bTr \end{array} \text{RI}$

$\begin{array}{c} BTr \\ | \\ bTr \end{array} \text{RII}$

$\begin{array}{c} Btr \\ | \\ bTr \end{array} \text{DCO}$

$I = 0 \quad cc = 1$

$f_{BCO} = 0,07 \times 0,15 \approx 0,0105$
 $f_{RI} = 0,07 - 0,0105 \approx 0,06$
 $f_{RII} = 0,15 - 0,0105 \approx 0,14$
 $f_P = 1 - [0,06 + 0,14 + 0,0105] = 0,7895$

$cc = 0,3 \quad btr/btr \rightarrow \frac{RII}{2} \quad f_{RII} = \frac{0,15 - (0,07 \times 0,15 \times 0,3)}{2} = 0,0734$

NB Se in a) il maschio è stato considerato btr/Y , considerato $cc = 0,3$

Se in a) il maschio è stato considerato btr/Y , considerato $cc = 0,3$

COMPITO DI GENETICA (BIOTECNOLOGIE) – COMPITO B
23 GIUGNO 2021

NOME STUDENTE
 ORALE GIUGNO SI NO

MATRICOLA

ESERCIZIO 2. Dall'incrocio di due tipi di spore con mating type A e a di *N. crassa* (tetradi ordinate) di genotipo *asp TRP ada* X *ASP trp ADA*, si originano le seguenti tetradi. Determinare quale coppia di geni è associata, le mappe genetiche con le distanze di mappa tra i geni associati e tra i geni e i centromeri. Infine schematizzare gli scambi che hanno dato origine alla tetrad D.

A	B	C	D	E	F	G
<i>asp TRP ada</i>	<i>asp trp ada</i>	<i>ASP TRP ada</i>	<i>asp TRP ada</i>	<i>asp TRP ada</i>	<i>ASP trp ADA</i>	<i>ASP TRP ADA</i>
<i>asp TRP ada</i>	<i>asp trp ada</i>	<i>ASP trp ada</i>	<i>ASP TRP ADA</i>	<i>asp trp ADA</i>	<i>asp trp ADA</i>	<i>asp TRP ADA</i>
<i>ASP trp ADA</i>	<i>ASP TRP ADA</i>	<i>asp TRP ADA</i>	<i>ASP trp ada</i>	<i>ASP TRP ada</i>	<i>ASP TRP ada</i>	<i>ASP trp ada</i>
<i>ASP trp ADA</i>	<i>ASP TRP ADA</i>	<i>asp trp ADA</i>	<i>asp trp ADA</i>	<i>ASP trp ADA</i>	<i>asp TRP ada</i>	<i>asp trp ada</i>
200	250	18	56	200	50	98

ESERCIZIO 2
COMPITO B

asp TRP ada X *ASP trp ADA* Tot = 872

P.D	N.P.D	T
200	18	56
250		200
		50
		98

ASSOCIATI

a $Dist. asp-ada = \frac{18 + 1/2(56 + 200 + 50 + 98)}{872} \times 100 \approx 25 \text{ cM}$

$CEN-ASP = \frac{1/2(56 + 50 + 98)}{872} \times 100 \approx 11,6 \text{ cM}$

$CEN-ADA = \frac{1/2(56 + 200)}{872} \times 100 \approx 14,67 \text{ cM}$

$CEN-TRP = \frac{1/2(18 + 200)}{872} \times 100 \approx 12,5 \text{ cM}$

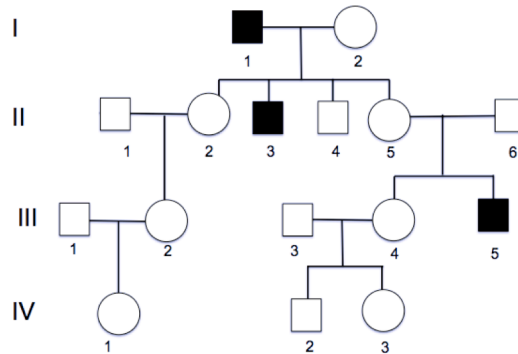
b

COMPITO DI GENETICA (BIOTECNOLOGIE) – COMPITO B
23 GIUGNO 2021

NOME STUDENTE
ORALE GIUGNO SI NO

MATRICOLA

ESERCIZIO 3. L'albero genealogico in figura rappresenta l'ereditarietà del carattere narice nera (simboli pieni) che segrega come un carattere recessivo X-linked in questo mandria di lama. Determinare la probabilità che dall'incrocio III 5 X IV 1 nasca un lama (senza specificare il sesso) con narice nera. Se l'allele narice nera fosse autosomico recessivo con che probabilità nascerebbe un lama omozigote con narice normale dall'incrocio II2 x II4?



ESERCIZIO 4. 7 mutanti nel gene *rII* del fago T1 sono stati testati per complementazione nel ceppo K λ . I risultati del test di complementazione sono indicati nella tabella a sinistra dove + indica lisi e – assenza di lisi. Quanti gruppi di complementazione si possono identificare? È possibile ipotizzare che tutte e sette mutazioni sono mutazioni puntiformi? Spiegare perché. Gli stessi mutanti sono stati testati per ricombinazione con 4 delezioni. I risultati sono indicati nella tabella a destra. Determinare la mappa genetica indicando la posizione delle mutazioni e l'estensione dei geni identificati dalla complementazione.

	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>
<i>a</i>	-	+	+	+	+	-	-
<i>b</i>		-	+	-	+	+	+
<i>c</i>			-	+	-	-	+
<i>d</i>				-	+	+	+
<i>e</i>					-	+	+
<i>f</i>						-	+
<i>g</i>							-

	1	2	3	4
<i>a</i>	-	-	+	+
<i>b</i>	+	+	-	-
<i>c</i>	+	+	+	-
<i>d</i>	+	+	-	+
<i>e</i>	+	-	+	-
<i>f</i>	-	-	+	-
<i>g</i>	-	+	+	+

NOME STUDENTE
ORALE GIUGNO SI

NO

MATRICOLA

COMPITO B

Esercizio 3

a)

$II_2 Nn(1)$

$III_2 Nn(1/2)$

$IV_1 Nm(1/4) \otimes III_5 n/4(1)$

$V(\text{marca nera}) = 1/4 \cdot 1/2 = 1/8$

b)

$II_2 Nn(1) \otimes II_4 Nm(1)$

obiettivi marce hanno $NN = 1/4$

Esercizio 4

f = piccola derivazione

