

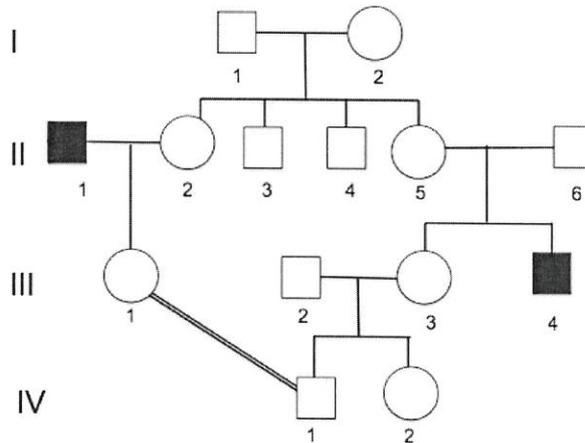
NOME

SVOLGIMENTO

MATRICOLA

ESERCIZIO1. Ratti femmine con orecchie dritte, code arricciate e mantello bianco sono stati incrociati con ratti maschi orecchie piegate, code lisce e mantello nero. La F1 tutta identica costituita da roditori con orecchie dritte, code lisce e mantello nero è stata incrociata con ratti triplo recessive dando origine alle seguenti classi fenotipiche della progenie F2: Orecchie piegate, code lisce, mantello bianco (120); Orecchie dritte code arricciate mantello bianco (525); Orecchie piegate, code arricciate, mantello nero (112); Orecchie dritte, code arricciate, mantello nero (110); Orecchie piegate code lisce mantello nero (518); Orecchie dritte, code lisce, mantello bianco (132). Si determini lo stato di associazione degli alleli nei genotipi dei genitori parentali, l'ordine dei geni e le distanze di mappa e l'eventuale interferenza. Che percentuale di individui con code arricciate, orecchie dritte e mantello bianco vi aspettereste di ottenere incrociando ratti della classe fenotipica F2 code arricciate, orecchie dritte e mantello nero (già in vostro possesso) con ratti triplo recessive considerando un'interferenza uguale a 1?

ESERCIZIO2. Nel seguente albero gli individui pieni sono omozigoti per un allele malattia (*m*) recessivo. Calcolate la probabilità massima che nasca un individuo eterozigote dall'incrocio consanguineo III1 x IV 1



ESERCIZIO 3. In Neurospora, l'incrocio tra *trp his gly* X *TRP HIS GLY* ha dato origine alle seguenti tetradi. Considerando che una coppia di geni sono associati, calcolare le distanze tra di loro e tra ciascun gene ed il centromero. Disegnare gli eventi di Crossing Over che hanno dato origine alla tetrade 3.

1	2	3	4	5	6	7
<i>trp his gly</i>						
<i>trp his gly</i>						
<i>TRP HIS GLY</i>						
<i>TRP HIS GLY</i>						
300	335	56	200	28	98	50

ESERCIZIO. Sette fagi T4 mutanti, ciascuno con una mutazione puntiforme diversa (a-g) nel gene RII, sono stati coinfectati con 4 fagi T4 mutanti che presentano 4 delezioni (1-4; una delezione diversa per ciascun fago) nello stesso gene per un test di ricombinazione. I risultati di questi incroci sono indicati nella tabella sotto. Sulla base di questi risultati, disegnare la mappa del locus indicando le delezioni e la posizione di ciascuna mutazione.

	1	2	3	4
a	+	-	+	+
b	-	+	+	+
c	-	-	+	+
d	+	+	-	+
e	+	-	+	-
f	+	+	-	-
g	+	-	-	-

COMPITO (A) 16.06.2022 SB

- (D) orecchie dritte (N) mantello nero (L) coda liscia
 (d) orecchie piegate (n) mantello bianco (l) coda arricciata

Parentali DEn/dEn x dLN/dLN

(F1) DEn/dLN

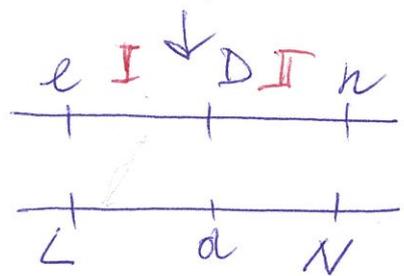
(F2) DEn] P 525
 dLN] 518

dEn] R 112 (RI)
 dLN] 132

dLn] R 120 (RII)
 DEN] 110

dEn] DC0 0
 DLN] 0

⇒ ~~addir~~ d/D = gene centrale



(a)

Dist. b-d = $\frac{120+110+0}{1517} \times 100 = 15.1 \text{ um}$

Dist d-r = $\frac{112+132+0}{1517} \times 100 = 16.08 \text{ um}$

dc=0 I=1

(b)

$\frac{lDN}{l.dn} \times \frac{l.dn}{l.dn}$ con I=1 DC0=0 genotipo $\frac{lDn}{l.dn}$??

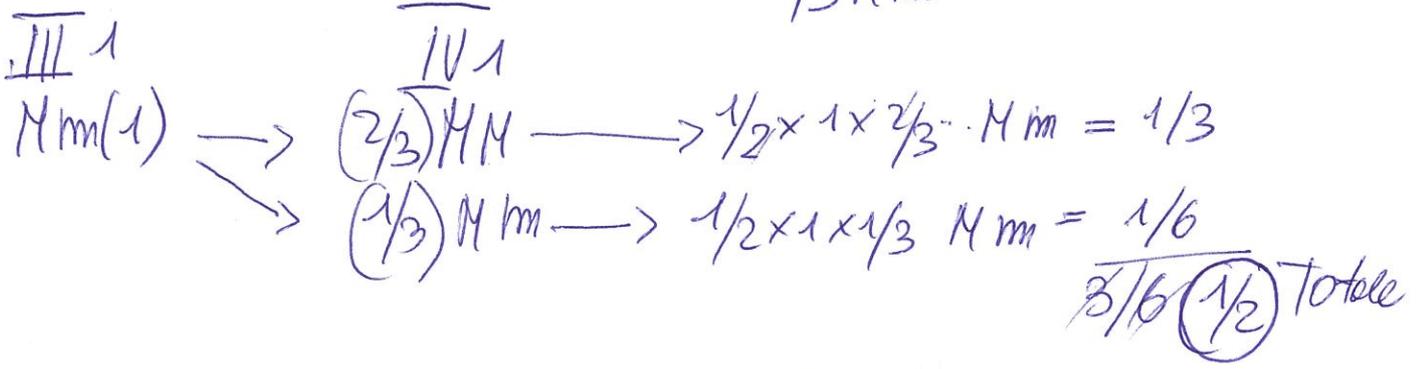
f gamete lDn = $f RII/2 + f DC0/2 = \frac{(0.15-0)+0}{2} = 0.075$

f genotipo $\frac{lDN}{l.dn} = \text{frequenza gamete } lDn = 0.075$

Controlline

② $\overline{III}_1 = Mm(1)$ $\overline{III}_3 = \frac{2}{3} Mm \times \overline{III}_2 MM(1),$
 $\frac{1}{3} MM$

$\overline{IV}_1 = \frac{2}{3} MM$
 $\frac{1}{3} Mm$



③

FD	NPD	T		
300 98	50 335	56 28	trp his	NON ASSOCIATI
300 335	28	56 200 98 50	trp gey	ASSOCIATI

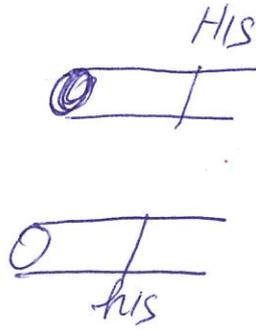
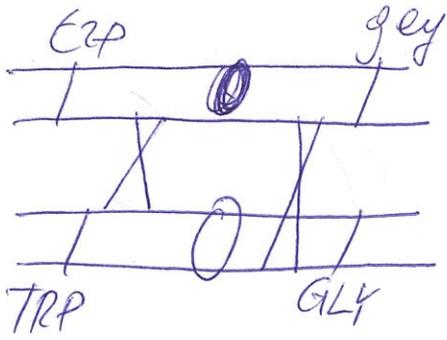
Dist trp-gey = $\frac{28 + \frac{1}{2}(56 + 200 + 98 + 50)}{1067} \times 100 = 21.5$

CEN-trp = $\frac{1}{2} \frac{(56 + 200)}{1067} \times 100 = 12.1$

CEN-gey = $\frac{1}{2} \frac{(56 + 98 + 50)}{1067} \times 100 = 9.5$

CEN-his = $\frac{1}{2} \frac{(200 + 28)}{1067} \times 100 = 10.6$

TETRADE # 3



trp gey HIS
 TRP GLY HIS
 trp GLY his
 TRP gey his

④

