

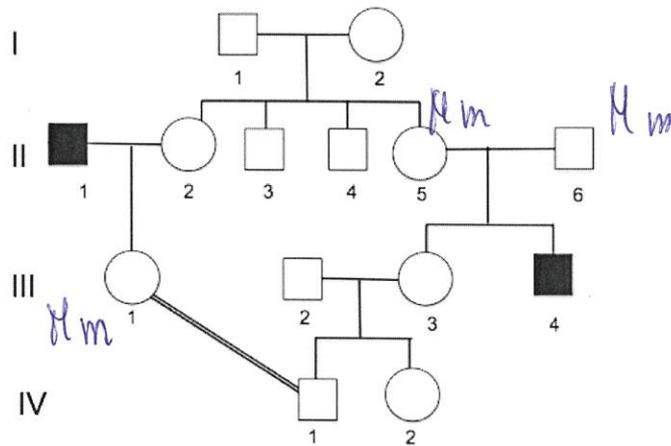
SVOLGIMENTO

NOME

MATRICOLA

ESERCIZIO1. Ratti femmine con orecchie dritte, code arricciate e mantello bianco sono stati incrociati con ratti maschi orecchie piegate, code lisce e mantello neor. 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 gly HIS</i>	<i>trp HIS gly</i>				
<i>trp his gly</i>	<i>trp gly HIS</i>	<i>TRP HIS GLY</i>				
<i>TRP HIS GLY</i>	<i>TRP GLY his</i>	<i>trp his GLY</i>				
<i>TRP HIS GLY</i>	<i>TRP GLY his</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	+	-	-	-

16.06.2022

SB

(A)

(1) D L N

$$\frac{D \& n}{D \& n} \times \frac{d L N}{d N L}$$

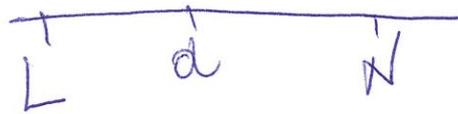
$$F_1 \frac{D \& n}{d L N}$$

$$\rightarrow \begin{matrix} d L n & 120 \\ D \& N & 110 \end{matrix} \quad (RI)$$

$$\begin{matrix} d L N & 112 \\ D L n & 132 \end{matrix} \quad (RII)$$

$$\oplus \begin{matrix} D \& n & 525 \\ d L N & 518 \end{matrix} \quad d \rightarrow \text{centrale}$$

$$\begin{matrix} d \& n \\ D L N \end{matrix} \quad (DCO)$$



$$Ad = \frac{120 + 110 + 0}{1517} \times 100 = 15,1 \text{ um}$$

$$cc = 0 \quad I = 1$$

$$DN = \frac{112 + 132 + 0}{1517} \times 100 = 16,08 \text{ um}$$

$$(b) \frac{e D N}{e d n} \times \frac{l d n}{l d n}$$

$$I = 1$$

$$\frac{l D n}{l d n}$$

$$f(e DN) = \frac{RII}{2} + \frac{f(DCO)}{2} =$$

$$f_{RII/2} = [0,16 - 0,15 \cdot 0,16] / 2 = 0,068$$

$$f_{DCO/2} = 0,15 \cdot 0,16 / 2 = 0,012$$

$$f(e DN) = 0,068 + 0,012 = 0,08 = \text{frequenza Individui}$$

