

Soluzioni del Capitolo 23

23.1 a. 3; b. 5; c. 8; d. 7; e. 6; f. 1; g. 9; h. 2; i. 4.

23.2 a. Per calcolare le frequenze genotipiche si divide il numero di rospi di ciascun genotipo per il numero totale dei rospi. $GGGG = 120/200 = 0.6$; $GGGB = 60/200 = 0.3$; $GBGB = 20/120 = 0.1$.

b. In questa popolazione ci sono 300 alleli GG/400 alleli totali, quindi la frequenza (p) di GG è 0.75. Ci sono 100 alleli GB/400 alleli totali, pertanto la frequenza (q) di GB è 0.25.

c. Le frequenze attese possono essere calcolate utilizzando la frequenza allelica e la legge di Hardy-Weinberg $p^2 + 2pq + q^2 = 1$; $0.5625 GGGG + 0.375 GGGB + 0.0625 GBGB = 1$.

23.3 a. M , 0.6; N , 0.4; MM 0.36; MN 0.48; NN , 0.16.

b. Incroci non casuali, popolazione di piccole dimensioni, migrazione, mutazione, selezione.

23.4 a. In una popolazione ci sono 60 moscerini con ali normali D^+D^+ su 150 moscerini totali e 90 moscerini con genotipo eterozigote DD^+ .

$$60 \text{ moscerini } D^+D^+ = 120 \text{ alleli } D^+$$

$$90 \text{ moscerini } D^+D = 90 \text{ alleli } D^+ + 90 \text{ alleli } D$$

$$120 + 90 \text{ alleli } D^+ = 210/300, \text{ cioè una frequenza allelica di } 0.7$$

$$90 \text{ alleli } D/300 = \text{frequenza allelica di } 0.3$$

b. Nella generazione successiva sono attesi i seguenti numeri: $p^2 = (0.7)^2 = 0.49$ $2pq = 2 (0.7) (0.3) = 0.42$ $q^2 = (0.3)^2 = 0.09$ Gli individui omozigoti DD non sono vitali, quindi gli individui rimanenti con 0.49 e 0.42 formano un totale di 0.91.

$0.49/0.91=0.54=$ proporzione della progenie vitale con genotipo D^+D^+ $0.42/0.91 = 0.46 =$ proporzione della progenie vitale con genotipo D^+D Il numero di individui con questi due genotipi nella popolazione vitale dovrebbe essere $0.54 \times 160 = 86.4 D^+D^+$ e $0.46 \times 160 = 73.6 D^+D$.

23.5 Per ciascuna popolazione (Pop.), determinare le frequenze alleliche (p e q) utilizzando le frequenze genotipiche osservate, quindi utilizzare l'equazione di Hardy-Weinberg ($p^2 + 2pq + q^2 = 1$) per determinare se le frequenze genotipiche previste per la generazione successiva rimangono le stesse della popolazione originaria.

Pop. a: La frequenza di $A = 0.25 + (1/2) (0.5) = 0.5$; la frequenza di $a = 0.25 + (1/2) (0.5) = 0.5$. Le frequenze previste dei genotipi nella generazione successiva sono $AA [p^2 = (0.5)^2 = 0.25]$; $Aa [2pq = 2 (0.5) (0.5) = 0.5]$; $aa [q^2 = (0.5)^2 = 0.25]$. Poiché queste frequenze genotipiche previste dall'equilibrio di Hardy-Weinberg sono le stesse della popolazione originale, la popolazione a è in equilibrio.

Pop. b: la frequenza di $A = 0.1 + (1/2) (0.74) = 0.47$; la frequenza di $a = 0.16 + (1/2) (0.74) = 0.53$. Le frequenze previste dei genotipi nella generazione successiva sono $AA [p^2 = (0.47)^2 = 0.221]$; $Aa [2pq = 2 (0.47) (0.53) = 0.498]$; $aa [q^2 = (0.53)^2 = 0.281]$. Queste frequenze non sono le stesse del genotipo originale, quindi la popolazione b non è in equilibrio.

Pop. c: la frequenza di $A = 0.64 + (1/2) (0.27) = 0.775$; la frequenza di $a = (1/2) (0.27) + 0.09 = 0.225$. Le frequenze previste dei genotipi nella generazione successiva sono: $AA = (0.775)^2 = 0.6$; $Aa = 2 (0.775) (0.225) = 0.35$; $aa = (0.225)^2 = 0.05$. La popolazione c non è in equilibrio.

Pop. d: la frequenza di $A = 0.46 + (1/2) (0.50) = 0.71$; la frequenza di $a = (1/2) (0.50) + 0.04 = 0.29$. Le frequenze previste dei genotipi nella generazione successiva sono: $AA = (0.71)^2 = 0.50$; $Aa = 2 (0.71) (0.29) = 0.41$; $aa = (0.29)^2 = 0.08$. La popolazione d non è in equilibrio.

Pop. e: la frequenza di $A = 0.81 + (1/2) (0.18) = 0.9$; la frequenza di $a = (1/2) (0.18) + (0.01) = 0.1$. Le frequenze previste dei genotipi nella ge-

nerazione successiva sono: $AA = (0,9)^2 = 0,81$; $Aa = 2 (0,9) (0,1) = 0,18$; $aa = (0,1)^2 = 0,01$. La popolazione è in equilibrio, poiché le frequenze genotipiche della popolazione originale sono le stesse di quelle previste per la generazione successiva dall'equazione di Hardy-Weinberg.

- 23.6 a.** Si considerino i geni Q e R separatamente. In questo caso, si deve determinare la frequenza di ciascun allele, poi calcolare le frequenze genotipiche attese se la popolazione è all'equilibrio per questo gene. Il numero degli alleli Q^F è:

$$202 + 202 + 101 + 372 + 372 + 186 + 166 + 166 + 83 = 1850$$

Il numero degli alleli Q^G è:

$$101 + 101 + 101 + 186 + 186 + 186 + 83 + 83 + 83 = 1110$$

Il numero totale degli alleli è 2960.

La frequenza dell'allele Q^F è: $1850/2960 = 0,625$.

La frequenza dell'allele Q^G è $1110/2960 = 0,375$.

Da questi risultati si può calcolare la frequenza genotipica attesa.

$$p^2 = 0,39$$

$$2pq = 0,47$$

$$q^2 = 0,14$$

Le frequenze genotipiche nella popolazione sono le seguenti:

$$Q^F Q^F: 202 + 372 + 166 = 740/1480 = 0,5$$

$$Q^F Q^G: 101 + 186 + 83 = 370/1480 = 0,25$$

$$Q^G Q^G: 101 + 186 + 83 = 370/1480 = 0,25$$

Siccome le frequenze genotipiche attese e osservate non sono simili, la popolazione non è in equilibrio per il gene Q .

Il numero di alleli R^C è:

$$202 + 202 + 101 + 101 + 101 + 101 + 372 + 186 + 186 = 1552$$

Il numero degli alleli R^D è:

$$372 + 186 + 186 + 166 + 166 + 83 + 83 + 83 + 83 = 1408$$

La frequenza dell'allele R^C è $1552/2960 = 0,52$.

La frequenza dell'allele R^D è $1408/2960 = 0,48$.

Le frequenze genotipiche attese per queste frequenze alleliche sono:

$$p^2 = 0,27; 2pq = 0,5; q^2 = 0,23$$

Le frequenze genotipiche osservate sono le seguenti:

$$R^C R^C: 202 + 101 + 101 = 404/1480 = 0,27$$

$$R^C R^D: 372 + 186 + 186 = 744/1480 = 0,5$$

$$R^D R^D: 166 + 83 + 83 = 332/1480 = 0,22$$

Questi numeri sono molto vicini alle frequenze attese, per cui la popolazione è in equilibrio per il gene R .

b. Nella generazione successiva, dopo accoppiamenti casuali, la frazione di popolazione che sarà $Q^F Q^F$ può essere calcolata come la frequenza genotipica attesa nel punto a, cioè 0,39 per il genotipo $Q^F Q^F$.

c. Nella generazione successiva la frazione di popolazione che sarà $R^C R^C$ è 0,27.

d. La probabilità è il prodotto delle singole probabilità per ognuno dei geni. La femmina ha probabilità 1/2 di contribuire con l'allele Q^G e il maschio ha probabilità 1/1 di trasmettere l'allele Q^F . La probabilità che i genitori, eterozigoti per l'allele R^C e R^D possano generare omozigoti $R^D R^D$ è 1/4. La probabilità che il figlio sia maschio è 1/2.

La probabilità che il figlio sia un maschio di genotipo $Q^F Q^G R^D R^D$ è quindi: $(1/2) (1/2) (1/4) = 1/16$.

- 23.7** Se una popolazione è in equilibrio di Hardy-Weinberg, la frequenza dell'allele p , elevata al quadrato, dà la frequenza del genotipo p^2 . Pertanto, per ogni differente valore della frequenza allelica p , si ottiene un diverso valore di p^2 e un diverso insieme di frequenze genotipiche all'equilibrio (vedi Figura 23.3).

- 23.8** Il rapporto 3:1 si ha solo quando vengono incrociati due individui eterozigoti. Questo rapporto non è rilevante in una popolazione in cui gli incroci avvengono casualmente fra individui con genotipi diversi. I rapporti fenotipici nella popolazione dipendono dalle frequenze alleliche.

- 23.9 a.** Le frequenze dei genotipi nella popolazione dei marinai sono:

$$MM = 324/400 = 0,81; MN = 72/400 = 0,18;$$

$$NN = 4/400 = 0,01.$$

La frequenza dell'allele $N = 0,01 + (1/2) (0,18) = 0,1$.

(I due alleli qui sono in effetti alleli di un gene chiamato L , quindi il modo formale per rappre-

sentare questi alleli sarebbe L^M e L^N . Abbiamo scelto qui di usare M e N per semplicità.)

b. Per calcolare le frequenze alleliche e genotipiche nei bambini, è necessario trovare le frequenze alleliche di ciascuna popolazione originale e quindi combinarle nelle proporzioni corrette. Dalla parte (a), nella popolazione dei marinai la frequenza di N è 0,1, quindi la frequenza di M è 0,9. Nella popolazione polinesiana, le frequenze alleliche sono $N = 0,94$ e $M = 0,06$. Quando queste due popolazioni si mescolano casualmente, il 40% degli alleli M e di quelli N proverrà dalla popolazione dei marinai (400/1000) e il restante 60% sarà fornito dai polinesiani.

Pertanto la frequenza di N nella popolazione mista = $(0,4) (0,1) + (0,6) (0,94) = 0,04 + 0,564 = 0,604$.

La frequenza di M nella popolazione mista = $(0,4) (0,9) + (0,6) (0,06) = 0,36 + 0,036 = 0,396$.

Le frequenze genotipiche nella generazione successiva saranno:

$$(0,604)^2 NN + 2 (0,604) (0,396) MN + (0,396)^2 MM = 0,365 NN + 0,478 MN + 0,157 MM = 1$$

Se ci sono 1000 bambini, allora 478 bambini dovrebbero avere il genotipo MN .

c. Le frequenze genotipiche osservate nei bambini sono:

$$100/1000 NN + 850/1000 MN + 50/1000 MM = 0,1 NN + 0,85 MN + 0,05 MM$$

Le frequenze alleliche tra i bambini sono:

$$N = 0,1 + (1/2) (0,85) = 0,525 \\ \text{e } M = 0,05 + (1/2) (0,85) = 0,475$$

23.10 Nella popolazione il numero degli individui con il fenotipo Ugh (che possono essere sia AA o Aa poiché Ugh è dominante) è 90. Siccome la penetranza è del 50%, gli individui con questo genotipo sono il doppio rispetto a quelli che esprimono il fenotipo. Questo significa che 180 individui hanno un genotipo AA o Aa e 320 hanno un genotipo aa . Poiché l'allele è in equilibrio sappiamo che q^2 = frequenza aa ; q^2 quindi è $320/500$ o 0,64. Pertanto, $q = 0,8$ e $p = 1 - q = 0,2$.

Nella popolazione keniana, 75 individui mostrano il fenotipo Ugh , quindi possono essere omozigoti AA o eterozigoti Aa ; 150 individui devono avere un genotipo AA o Aa , e i rimanenti 50 individui hanno un genotipo aa , per cui: $q^2 = 50/200 = 0,25$ e quindi $q = 0,5$ e $p = 0,5$. Per determinare il numero di alleli A e a nella popola-

zione mista, si deve calcolare il numero degli individui per ciascun genotipo, e poi contare gli alleli.

Per la popolazione francese:

$$p = 0,2; q = 0,8$$

$$p^2 (AA) = 0,04; 0,04 \times 500 = 20 \text{ individui}$$

$$2pq (Aa) = 2 (0,2) (0,8) = 0,32; 0,32 \times 500 \text{ individui} = 160 \text{ individui}$$

$$q^2 (aa) = 0,64;$$

$$0,64 \times 500 \text{ individui} = 320 \text{ individui}$$

Per la popolazione keniana:

$$p = 0,5; q = 0,5$$

$$p^2 = 0,25 = 0,25 \times 200 = 50 \text{ individui}$$

$$2pq = 0,5 = 0,5 \times 200 = 100 \text{ individui}$$

$$q^2 = 0,25 = 0,25 \times 200 = 50 \text{ individui}$$

Calcolando il numero degli alleli nella popolazione mista:

$$p = 140 + 260 = 400/1400 = 0,286$$

$$q = 260 + 740 = 1000/1400 = 0,714$$

Il numero degli individui con il fenotipo Ugh sarà la metà degli individui con i genotipi AA (p^2) e Aa ($2pq$).

$$p^2 = (0,286)^2 = 0,082 \times 1000 = 82$$

$$2pq = 2 (0,286) (0,714) = 0,408 \\ = 0,408 \times 1000 = 408$$

$$(1/2) (408 + 82) = 245$$

Il numero totale degli individui Ugh è 245.

23.11 a. 0,29; **b.** 0,29; **c.** 0,30.

23.12 a. La popolazione è formata da 150 topi.

$$60 t^+/t^+ = 120 \text{ alleli } t^+ + 90 t^+/t \\ = 90 \text{ alleli } t^+ = \text{frequenza allele } t^+ = p \\ = 210 \text{ alleli } t^+/300 \text{ alleli totali} = 0,7,$$

$$\text{frequenza allele } t = q = 0,3.$$

b. Per prima cosa si determinano le frequenze dei tre genotipi nel caso in cui tutti i topi siano vitali, poi si sottrae il numero di topi non vitali e si ricalcolano le frequenze alleliche e genotipiche.

$$p^2 = 0,49 = 49 \text{ individui}$$

$$2pq = 0,42 = 42 \text{ individui}$$

$$q^2 = 0.09 = 9 \text{ individui}$$

49 + 42 vitali = 91 individui vitali totali; 49/91 sono t^+/t^+ = 0.54. 42/91 sono t^+/t = 0.46. Considerando 200 individui, 0.54 (200), cioè 108, sono wild-type e 92 sono tailless.

c. Si determina il numero degli alleli portati da ciascuna popolazione per calcolare la frequenza allelica della popolazione mista e poi le frequenze genotipiche derivate dall'incrocio. Poiché gli omozigoti muoiono, dobbiamo sottrarre questi individui e ricalcolare le frequenze dei genotipi.

| | Dom1 | Dom2 |
|-----------|--------------------------|--------------------------|
| t^+/t^+ | 16 x 2 = 32 alleli t^+ | 48 x 2 = 96 alleli t^+ |
| t^+/t | 48 alleli t^+ | 36 alleli t^+ |
| | 48 t alleli | 36 t alleli |

$$\text{alleli } t^+ = 32 + 96 + 48 + 36 = 212/296 = 0.716 = p$$

$$\text{alleli } t = 84/296 = 0.284 = q$$

Dopo l'incrocio, si generano le seguenti frequenze genotipiche:

$$p^2 = 0.512; 2pq = 0.407; q^2 = 0.08$$

Il topo t/t (q^2) muore, quindi la progenie vitale totale sarà 512 + 407 = 919 (assumendo 1000 zigoti):

$$512/919 = 0.557 = \text{frequenza del topo } t^+/t^+ \text{ nella generazione successiva}$$

e

$$407/919 = 0.443 = \text{frequenza del topo } t^+/t \text{ nella generazione successiva.}$$

23.13 In una popolazione all'equilibrio, la frequenza di un allele legato al cromosoma X, che genera un qualsiasi fenotipo, è uguale alla percentuale dei maschi (X^cY) che presentano quel fenotipo. Per cui, se la frequenza del daltonismo nei maschi è di 0.08 (8%), la frequenza dell'allele c = 0.08 = q . Pertanto, le femmine affette dal daltonismo (X^cX^c) = q^2 = 0.0064.

23.14 Indicando con CF il gene della fibrosi cistica, la frequenza CF^-/CF^- è 1/17000, cioè q^2 = 0,000059. Per cui, q = 0,000059 = 0.0077; quindi p = 0.9923. La frequenza dei portatori eterozigoti è $2pq$ = 0.015 o 15/1000. (Nota: nella popolazione caucasica la frequenza dei portatori è molto più alta, circa 1/20.)

23.15 Gli incroci di partenza sono i seguenti:

$$vg^+ vg^+ \times vg vg \rightarrow F_1 vg^+ vg \rightarrow F_2 1/4 vg^+ vg^+ : 1/2 vg^+ vg : 1/4 vg vg \text{ (3 wild type: 1 vestigiali).}$$

Se si selezionano (allontanano) le mosche vestigiali F_2 , i restanti genotipi F_2 sono $1/3 vg^+ vg^+$ e $2/3 vg^+ vg$. Pertanto le frequenze genotipiche nella F_2 sono $0,33 vg^+ vg^+$ e $0,67 vg^+ vg$; le frequenze alleliche nella F_2 per vg^+ = $0,33 + (1/2)(0,67)$ = 0,67 (p) e per vg = $(1/2)(0,67)$ = 0,33 (q).

a. Le frequenze genotipiche e fenotipiche attese nella progenie F_3 sono $[p^2 = (0,67)^2 = 0,449 vg^+ vg^+] + [2pq = (2)(0,67)(0,33) = 0,442 vg^+ vg] + [q^2 = (0,33)^2 = 0,109 vg vg] = 1$, cioè 0,891 wild type e 0,109 vestigiali.

b. Se si selezionano le mosche vestigiali F_3 , il rapporto genotipico F_3 alterato diventa $0,449 vg^+ vg^+ + 0,442 vg^+ vg = 0,891$. Per calcolare le frequenze alleliche, tenendo conto dell'eliminazione dei moscerini con ali vestigiali, l'equazione diventa $0,504 vg^+ vg^+ + 0,496 vg^+ vg = 1$. Le frequenze alleliche alla F_3 saranno: vg^+ = $0,504 + 1/2(0,496)$ = 0,752 e vg = $1/2(0,496)$ = 0,248. Le frequenze genotipiche nella generazione F_4 saranno: $0,566 vg^+ vg^+ + 0,373 vg^+ vg + 0,062 vg vg = 1$. Le frequenze genotipiche nella generazione F_4 saranno: $0,566 vg^+ vg^+ + 0,373 vg^+ vg + 0,062 vg vg = 1$. Pertanto, le frequenze alleliche F_4 sono vg^+ = $0,566 + 1/2(0,373)$ = 0,753 e vg = $0,062 + 1/2(0,373)$ = 0,247.

c. Se tutte le mosche F_4 possono accoppiarsi in modo casuale, allora non c'è selezione e la popolazione sarà in equilibrio di Hardy-Weinberg. Pertanto, il genotipo F_5 e le frequenze alleliche saranno le stesse della generazione F_4 nella parte (b): $0,566 vg^+ vg^+ + 0,373 vg^+ vg + 0,062 vg vg = 1$; vg^+ = 0,753 e vg = 0,249.

23.16 Più ci si allontana dall'equilibrio, maggiore è il Δq , quindi una popolazione con una frequenza allelica di 0,2 avrà un Δq maggiore.

23.17 Un allele completamente recessivo non si esprime in un eterozigote, per cui non c'è selezione contro l'eterozigote. A volte, inoltre, esiste il vantaggio dell'eterozigote che permette alle mutazioni verso l'allele recessivo di accumularsi.

23.18 La frequenza all'equilibrio dell'allele per la sensibilità alle fave (q^e) del gene $G6PD$ sarà maggiore nelle regioni tropicali dell'Africa in cui la malaria è endemica, rispetto ai paesi del Nord America in cui la malaria è assente. I principali fattori che influenzano la frequenza di equilibrio sono i valori di fitness relativa degli individui dei tre genotipi (omozigoti per l'allele normale, eterozigoti e omozigoti per l'allele di sensibilità alle fave). Se

esiste un vantaggio dell'eterozigote, la fitness degli eterozigoti è superiore a quella di entrambi gli omozigoti; se sono note le fitness relative degli omozigoti, allora la frequenza di equilibrio (q^e) può essere stimata dall'Equazione (23.7).

La base del fenomeno che conferisce (nelle regioni endemiche della malaria) un vantaggio di fitness a individui eterozigoti per alleli normali e di sensibilità alle fave del gene *G6PD* è simile al motivo per cui l'allele falciforme del gene *Hb β* è mantenuto ad alta frequenza nelle stesse aree del globo. Il parassita della malaria si riproduce nei globuli rossi, quindi se queste cellule sono anormali, il parassita non può crescere. Va detto che le fave non sono l'unico fattore scatenante di crisi emolitiche negli individui omozigoti per l'allele della sensibilità, poiché anche altri alimenti, sostanze chimiche e anche varie malattie inducono emolisi in queste persone.

23.19 Il genoma mitocondriale è ereditato per via matrilineare, quindi Dion ha ricevuto questo DNA da sua madre, che l'ha ricevuto a sua volta da sua madre (la nonna materna) ecc. I colori nella Figura 23.16 suggeriscono che Dion abbia ereditato il suo mtDNA da una bisnonna che viveva in Brasile. Essendo il cromosoma Y ereditato in modo patrilineare, Dion ha ottenuto il suo DNA del cromosoma Y da un bisnonno che viveva in Africa occidentale, approssimativamente in Nigeria. Gli autosomi di Dion sono costituiti da un miscuglio di regioni ereditate da 8 diversi bisnonni che vivevano in 4 diverse aree del globo.

23.20 Le popolazioni africane mostrano in media differenze di sequenze di DNA molto maggiori rispetto alle popolazioni di qualsiasi altra parte del mondo. I rami di discendenza degli africani attuali più divergenti si riuniscono in un punto di diramazione più antico rispetto al punto di diramazione della divergenza di due popolazioni qualsiasi in qualsiasi regione del mondo diversa dall'Africa.

Un modo per pensare a questi concetti è che gli esseri umani sono esistiti in Africa per molto tempo (tra circa 60 000 e 200 000 anni fa) prima che qualsiasi popolo migrasse fuori dall'Africa. Durante questo periodo, si accumularono molti polimorfismi in varie sottopopolazioni umane. Circa 60 000 anni fa, persone provenienti da una o poche sottopopolazioni di africani lasciarono l'Africa per popolare altre parti del mondo; questi migranti avevano solo un sottoinsieme di tutti i polimorfismi che esistevano in quel periodo (vedi Figura 23.19).

23.21 Il cromosoma Y o le sequenze di DNA mitocondriale di Neanderthal potrebbero essere incompatibili con la vitalità o la fertilità degli esseri umani moderni. In alternativa, la loro assenza negli esseri umani di oggi può essere dovuta alla deriva genetica. Si noti in Figura 23.21 che le linee evolutive che portano agli umani di oggi e ai Neanderthal si sono separate l'una dall'altra circa 600 000 anni fa; successivamente, molto più tardi, si è verificato un limitato numero di incroci tra queste popolazioni. Ciò significa che gli esseri umani, al momento di questo incrocio, avevano già il cromosoma Y e sequenze mitocondriali che erano distinte dai Neanderthal. Le sequenze di DNA introdotte dai Neanderthal nella popolazione umana potrebbero essere state selezionate o perse per deriva genetica.

23.22 a. Ci si deve attendere una variazione genetica molto maggiore nei campioni di popolazione di umani provenienti dall'Africa rispetto ai campioni di popolazioni oceaniche. Gli esseri umani moderni hanno una storia molto più lunga in Africa che in Oceania e solo un sottogruppo delle persone che vivevano in Africa emigrò in Oceania.

b. Il fatto che varianti derivate da Denisova si trovino tra gli esseri umani moderni quasi esclusivamente nel Sud-Est asiatico e in Oceania suggerisce che gli esseri umani si siano incontrati e si siano accoppiati con i Denisova nell'estremo oriente durante le migrazioni attraverso queste aree. Gli individui di Africa, Europa e Americhe avrebbero poco o nessun DNA denisoviano perché gli antenati delle persone in queste aree non hanno incontrato alcun Denisoviano durante le loro migrazioni. Presumibilmente, i Denisoviani non hanno mai abitato queste regioni o si sono estinti in queste regioni prima che l'*Homo sapiens* vi arrivasse.

23.23 a. Si noti che il gene per la calvizie in questione è autosomico, e *non* legato al sesso. Poiché l'allele della calvizie è dominante negli uomini, gli uomini calvi potrebbero essere *AA* o *Aa*. Gli uomini non calvi devono essere *aa*. La frequenza del genotipo *aa* (uomini non calvi) = $1 - 0,51 = 0,49$. Se la popolazione è in HWE, allora $q^2 = 0,49$ e $q = \sqrt{0,49} = 0,7$ (frequenza dell'allele *a* per capelli normali); $p = 1 - q = 0,3$ (frequenza dell'allele *A* per la calvizie).

b. Se la popolazione è in HWE, la frequenza per l'allele calvizie deve essere la stessa nei maschi e nelle femmine, quindi $p = 0,3$.

c. Poiché l'allele della calvizie è recessivo nelle donne, la percentuale di donne nella popolazione con calvizie sarà $p^2 = (0,3)^2 = 0,09 = 9\%$.

d. Gli uomini calvi sono il 51% (0,51) degli uomini totali. La frazione di donne non calve sarà $1 - 0,09 = 0,91$. La proporzione di tutti gli accoppiamenti casuali tra un uomo calvo e una donna non calva sarà $(0,51)(0,91) = 0,464 = 46,4\%$.

e. Gli uomini calvi sono sia omozigoti AA sia eterozigoti Aa . La frequenza degli omozigoti $AA = p^2 = (0,3)^2 = 0,09$. La frequenza degli eterozigoti Aa è $2pq = 2(0,3)(0,7) = 0,42$. La frazione del totale degli uomini calvi che sono eterozigoti $Aa = (0,42)/(0,09 + 0,42) = 0,824 = 82,4\%$.

f. Se una coppia non calva ha un figlio calvo, l'uomo deve essere aa e la donna deve essere Aa (perché l'allele A per la calvizie è recessivo nelle donne). Da questo tipo di accoppiamento, metà della progenie di entrambi i sessi è Aa e metà è aa . Per-

tanto, la probabilità che il prossimo figlio maschio di questa coppia sia calvo è 0,5.

g. La donna è calva e quindi deve essere AA . Sua figlia sarà $A-$, con l'allele sconosciuto che sarà A o a . Poiché non si sa nulla del padre, la possibilità che l'allele sconosciuto sia A (e quindi la possibilità che la figlia sia calva) è semplicemente la frequenza dell'allele A nella popolazione, cioè $p = 0,3$.

23.24 a. La sequenza del DNA ha evidenziato la presenza di due cromosomi X. La metà degli alleli SNP trovati nei geni nucleari della donna era costituito da Denisova e l'altra metà da Neanderthal. Il suo DNA mitocondriale era di Neanderthal.

b. La donna era eterozigote a ogni locus SNP in cui Neanderthal e Denisova differiscono. Questo risultato si può ottenere solo in presenza di un set completo di cromosomi di Neanderthal e un set completo di cromosomi denisoviani.