

# Esercizio 1.

L'albero genealogico in figura rappresenta l'ereditarietà del carattere *narice nera* (simboli pieni) che segrega come un carattere recessivo **X-linked** in questa mandria di lama.

Determinare la probabilità:

- Che dall'incrocio III5 x IV1 nasca un lama (senza specificare il sesso) con *narice nera*.

Quesito alternativo:

- Se l'allele *narice nera* fosse autosomico recessivo, con che probabilità nascerebbe un lama omozigote con *narice normale* dall'incrocio II2 x II4?

AA

## QUESITO 1

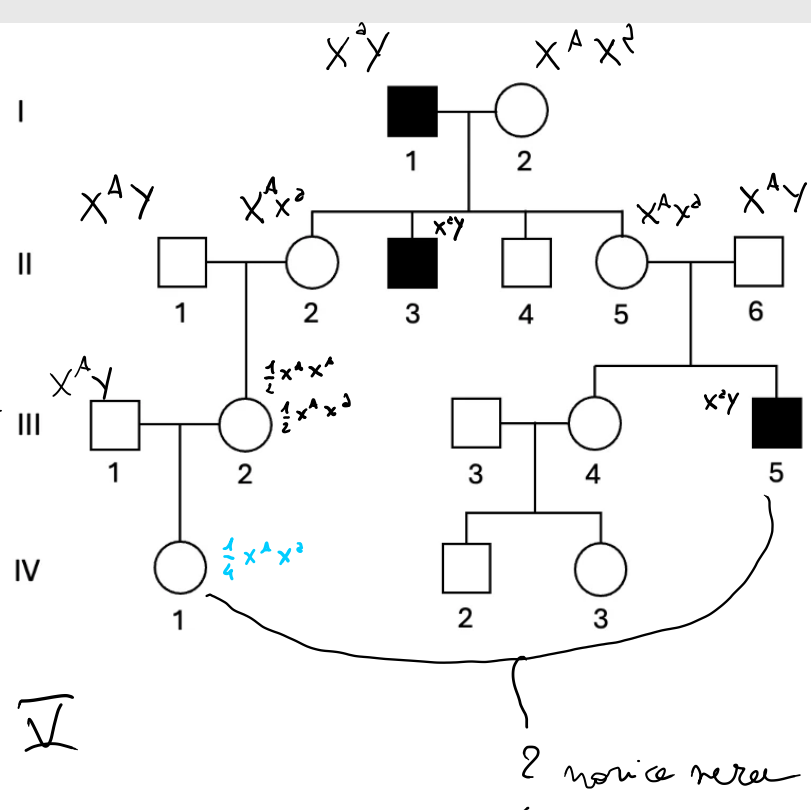
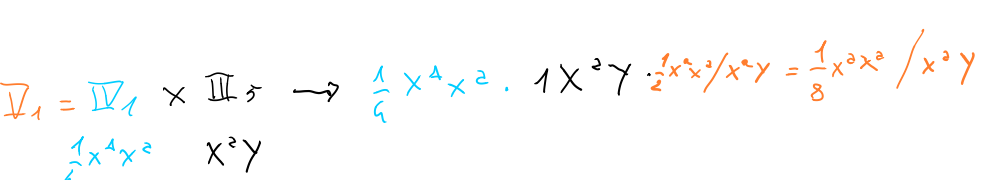
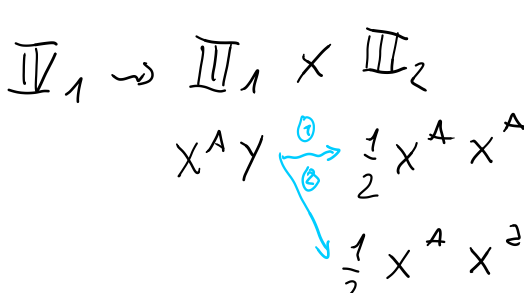
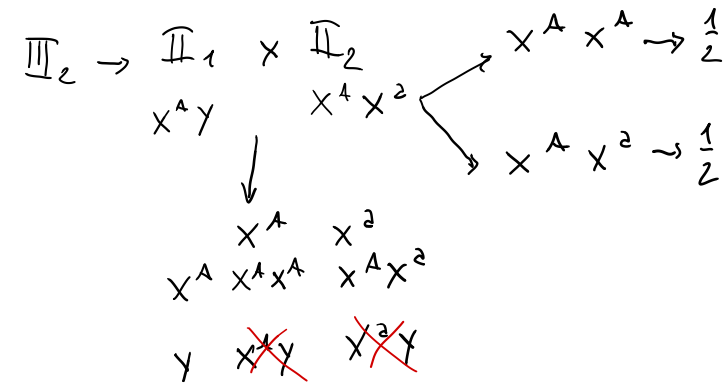
$X^A$  → narice normale

$X^a$  → narice nera

II<sub>2</sub> → è sicuramente  $X^A X^a$  perché è sana, ma ha un figlio malato a cui passa l'allele  $X^a$ , mentre il padre trasmette il  $Y$ .

Per lo stesso motivo anche II<sub>5</sub> è eterozigote.

II<sub>2</sub> → è sicuramente eterozigote perché riceve  $X$  dal padre, ma è sana.



V

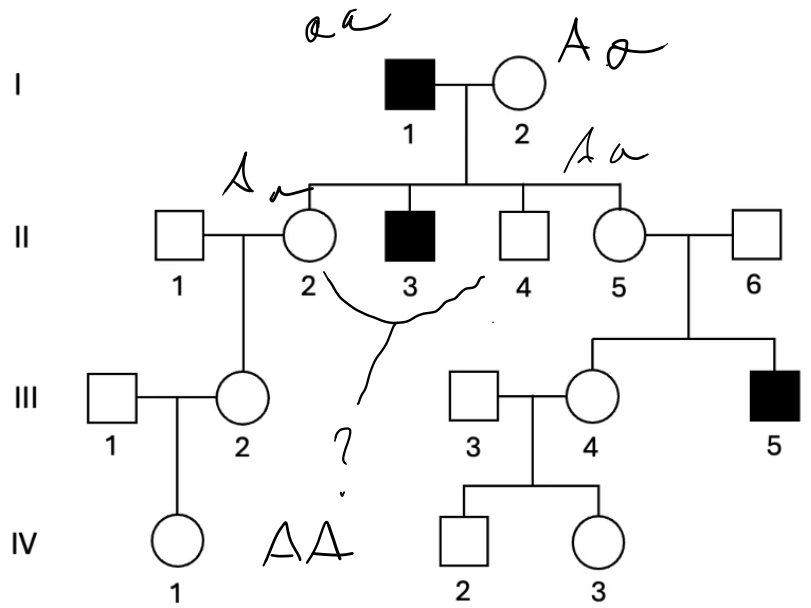
②  $1 X^A Y \cdot \frac{1}{2} X^A X^a \cdot \frac{1}{2} X^A X^a = \frac{1}{4} X^A X^a$

\* Trovo solo l'eterozigote perché il testo dell'esercizio chiede di trovare un omozigote recessivo.

# QUESITO 2.

$$P(\text{II}_2 \times \text{II}_4 \text{ AA}) = Aa \times Aa \rightarrow \frac{1}{4} AA$$

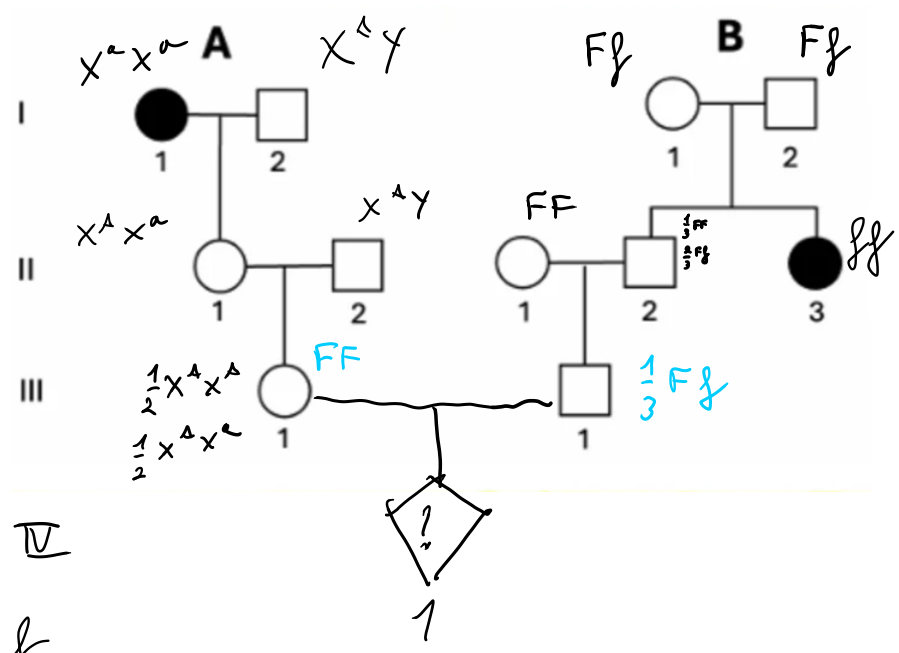
AA  $\rightarrow$  omozigote con  
norma normale



# Esercizio 2.

I simboli pieni nel pedigree A sono affetti da emofilia, una malattia legata al sesso. Quelli del pedigree B sono malati di fibrosi cistica, una malattia autosomica recessiva. Si calcoli la probabilità che dall'accoppiamento tra **IIIA1 e IIIB1** nasca un figlio emofilico e portatore di fibrosi cistica.

$X^A \rightarrow$  sano  
 $x^a \rightarrow$  emofilia  
 $F \rightarrow$  sano  
 $f \rightarrow$  fibrosi cistica



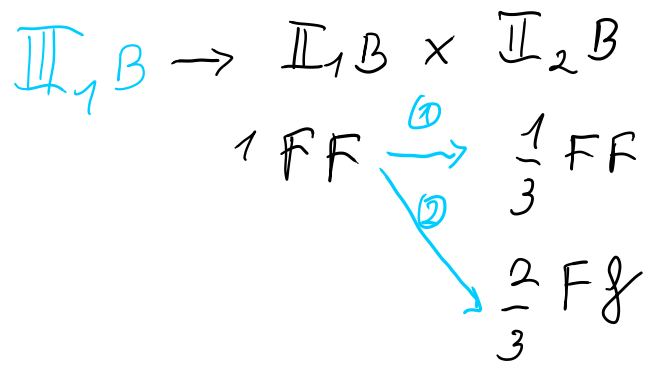
$$II_{1A} = II_{1A} \times II_{2A} \begin{cases} \frac{1}{2} X^A X^A \\ \frac{1}{2} X^A x^a \end{cases}$$

	$X^A$	$x^a$		$F$	$f$
$X^A$	$X^A X^A$	<del><math>X^A x^a</math></del>		$FF$	$Ff$
$x^a$	<del><math>X^A x^a</math></del>	<del><math>x^a x^a</math></del>		$Ff$	<del><math>ff</math></del>

Per avere un figlio emofilico

$IV_1$  deve essere per forza  $\sigma$ .  
 La  $\eta$  non è mai emofilica perché il padre  $III_{1B}$  è sano. Quindi cerchiamo che  $III_1$  sia:  $x^a Y$  e  $Ff$ .

$$II_{2B} \begin{cases} FF = \frac{1}{3} \\ Ff = \frac{2}{3} \end{cases}$$



①  $1 FF \cdot \frac{1}{3} FF = 0 Ff \rightarrow \emptyset Ff$

②  $1 FF \cdot \frac{2}{3} Ff \cdot \frac{1}{2} Ff \rightarrow \frac{1}{3} Ff$

Poiché non abbiamo informazioni sulla fibrosi cistica di  $III_{1A}$  supponiamo che sia  $FF$

$$P(\text{III}_1 X^a Y \text{ e } Fg) \Rightarrow \text{III}_1 A \times \text{III}_1 B =$$

$\frac{1}{2} X^A X^a$        $\frac{1}{2}$  trasferisce l'y  
 e      e  
 1FF       $\frac{1}{3} Fg$

$$= \frac{1}{2} X^A X^a \cdot \left(\frac{1}{2}\right) \cdot \left(\frac{1}{2}\right) \cdot 1FF \cdot \frac{1}{3} Fg \cdot \frac{1}{2} Fg = \frac{1}{48} X^a Y \text{ e } Fg$$

la probabilità  
che venga trasferito  
 $X^a$  da  $\text{III}_1 A$

la probabilità  
che  $\text{III}_1 B$  trasferisca  
il cromosoma Y

	F	g
F	FF	Fg
F	FF	Fg

### Esercizio 3.

Una pianta con foglie larghe, stelo alto e fiori rosa è stata incrociata con una pianta con foglie strette, stelo basso e fiori bianchi.

Nomi dei geni corrispondenti:  $\begin{matrix} \text{foglie} \\ \uparrow \\ (+/ff) \end{matrix}$ ;  $\begin{matrix} \text{fiori} \\ \nearrow \\ (+/w) \end{matrix}$ ;  $\begin{matrix} \text{stelo} \\ \rightarrow \\ (+/st) \end{matrix}$

La **F1** risultante, **tutta identica**, costituita da piante con fenotipo **foglie larghe, stelo alto e fiori bianchi**, è stata incrociata con piante con fenotipo recessivo per i tre caratteri, ottenendo piante suddivise nelle seguenti classi fenotipiche:

	<b>F2</b>
Foglie larghe, stelo basso, fiori bianchi	15
Foglie strette, stelo basso, fiori bianchi	447
Foglie strette, stelo alto, fiori rosa	12
Foglie larghe, stelo basso, fiori rosa	135
Foglie larghe, stelo alto, fiori rosa	450
Foglie strette, stelo alto, fiori bianchi	126
Foglie larghe, stelo alto, fiori bianchi	140
Foglie strette, stelo basso, fiori rosa	128

- Determinare i genotipi degli individui parentali, i genotipi degli individui della F1. Successivamente determinare: l'ordine dei geni e le distanze di mappa.
- Determinare anche il coefficiente di coincidenza e l'interferenza.

Analizzo la F1 per capire chi è DOMINANTE e chi è RECESSIVO.

Poiché la F1 è eterozigote i genitori sono omozigoti per i caratteri e manifestano il fenotipo dei caratteri dominanti.

$F_1 \rightarrow$  FOLIE LARGHE, STELO ALTO, FIORI BIANCHI  
 $\downarrow$  LARGO DOMINANTE SU STRETTO  
 $\downarrow$  ALTO DOMINANTE SU BASSO  
 $\downarrow$  BIANCO DOMINANTE SU ROSA

3 dominanti li cromosoma +, +, +

3 recessivi:  $fl$ ,  $st$ ,  $w$

Risolviamo ai genotipi PARENTALI P:

$P_1 \rightarrow$  FOLIE LARGHE, STELO ALTO, FIORI ROSA  
 $\quad \quad \quad +/+ \quad \quad \quad +/+ \quad \quad \quad w/w$

$P_2 \rightarrow$  FOLIE STRETTE, STELO BASSO, FIORI BIANCHI  
 $\quad \quad \quad fl/fl \quad \quad \quad st/st \quad \quad \quad +/+$

Riscriviamo l'incrocio

$P_1 \times P_2 \rightarrow \frac{+ \quad + \quad w}{+ \quad + \quad w} \times \frac{fl \quad st \quad +}{fl \quad st \quad +} \rightarrow \frac{+ \quad + \quad w}{fl \quad st \quad +}$   
 $\quad \quad \quad P_1 \quad \quad \quad P_2 \quad \quad \quad F_1$

Ora possiamo scrivere i genotipi della  $F_2$  ed individuare: PARENTALI (P), RICOMBINANTI 1 (R1) e 2 (R2) e DOPPI CROSSING-OVER (DCO)

	+/fl	+/st	+/w		F2
Foglie larghe, stelo basso, fiori bianchi	+	st	+	DCO	15
Foglie strette, stelo basso, fiori bianchi	fl	st	+	P <sub>2</sub>	447
Foglie strette, stelo alto, fiori rosa	fl	+	w	DCO	12
Foglie larghe, stelo basso, fiori rosa	+	st	w	R <sub>2</sub>	135
Foglie larghe, stelo alto, fiori rosa	+	+	w	P <sub>1</sub>	450
Foglie strette, stelo alto, fiori bianchi	fl	+	+	R <sub>1</sub>	126
Foglie larghe, stelo alto, fiori bianchi	+	+	+	R <sub>1</sub>	140
Foglie strette, stelo basso, fiori rosa	fl	st	w	R <sub>1</sub>	128

P<sub>1</sub> + + w

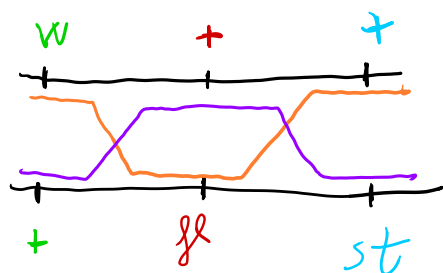
P<sub>2</sub> fl st +

3 DCO sono gli individui presenti in minor numero (più rari)

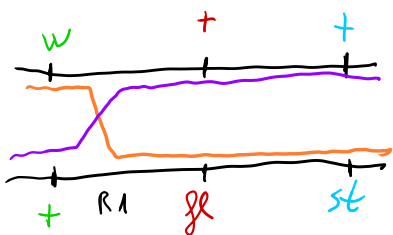
Sulla base del gene che cambia nei DCO rispetto ai Parentali si può capire il gene centrale.

In questo caso il gene centrale è fl

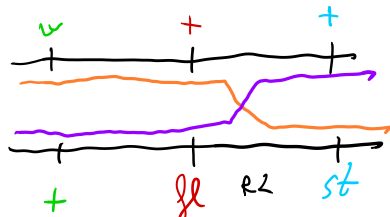
F1:



Eventi che generano i DCO



Eventi che generano gli R<sub>1</sub>



Eventi che generano gli R<sub>2</sub>

DISTANZE DI MAPPA: Per determinare colazioni e FREQUENZE DI RICOMBINAZIONE in R<sub>1</sub> e R<sub>2</sub>:

$$\text{Frequenza di ricombinazione} = \frac{\text{numero dei ricombinanti}}{\text{numero totale della progenie}}$$

$$\text{Distanza di mappa} = \text{Frequenza di ricombinazione} \times 100$$

$$\text{TOT INDIVIDUI} = 15 + 447 + 12 + 135 + 450 + 126 + 140 + 128 = 1453$$

$$f_{R1} = \frac{\text{n}^\circ \text{ricombinati in R1} + \text{DCO}(\text{entrambi})}{\text{TOT}} = \frac{110 + 128 + 15 + 12}{1453} = 0,203$$

$$f_{R2} = \frac{\text{n}^\circ \text{ricombinati in R2} + \text{DCO}}{\text{TOT}} = \frac{135 + 126 + 15 + 12}{1453} = 0,198$$

DISTANZE:

$$d_{R1} = d_{w-fl} = 0,203 \cdot 100 = 20,3 \text{ u.m.}$$

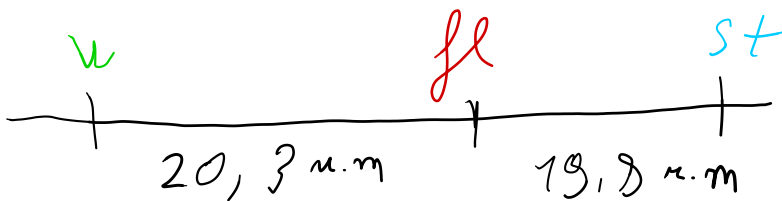
$$d_{R2} = d_{fl-st} = 0,198 \cdot 100 = 19,8 \text{ u.m.}$$

(u.m. = unità di mappa)

$$= 40,12$$

$$d_{w-st} = \frac{\overbrace{110+128}^{R1} + \overbrace{15+12}^{DCO} + \overbrace{135+126}^{R2} + \overbrace{15+12}^{DCO}}{1453} \cdot 100 = 40,12$$

MAPPA GENICA CON LE DISTANZE



# INTERFERENZA E COEFFICIENTE DI COINCIDENZA

$$f_{DCO} \text{ osservati} = \frac{n^{\circ} DCO}{n^{\circ} \text{individui totali}}$$

$$f_{DCO} \text{ attesi} = \frac{d(R1)}{100} \times \frac{d(R2)}{100} = fR1 \times fR2$$

$$\text{Interferenza}(i) = 1 - c.c.$$

$$c.c. (\text{coefficiente di coincidenza}) = \frac{f_{DCO} \text{ osservati}}{f_{DCO} \text{ attesi}} = \frac{\frac{n^{\circ} DCO}{n^{\circ} \text{individui totali}}}{\frac{d(R1)}{100} \times \frac{d(R2)}{100}}$$

$$f_{DCO} \text{ osservati} = \frac{n^{\circ} DCO}{n^{\circ} \text{individui tot}} = \frac{15 + 12}{1453} = 0,019$$

$$f_{DCO} \text{ attesi} = \frac{d(R1)}{100} \cdot \frac{d(R2)}{100} = \frac{20,3}{100} \cdot \frac{19,8}{100} = 0,04$$

$$c.c. = \frac{f_{DCO} \text{ osservati}}{f_{DCO} \text{ attesi}} = \frac{0,019}{0,04} = 0,475$$

$$i = 1 - 0,475 = 0,525$$

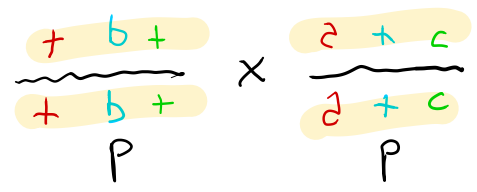
# Esercizio 4.

Nel saggio a tre punti i cui risultati sono illustrati sotto, determinare

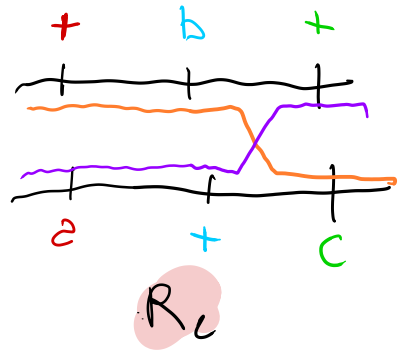
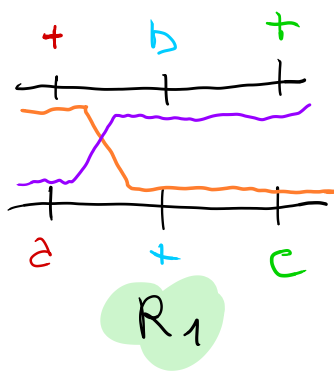
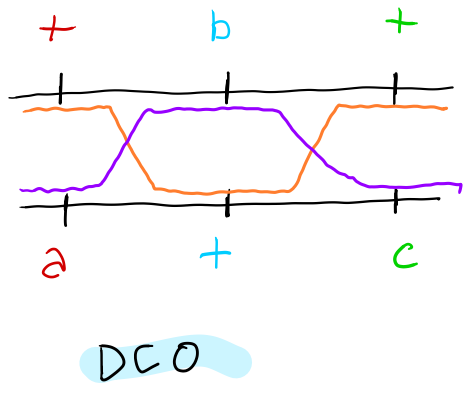
1. L'ordine dei geni,
2. Le distanze di mappa relative.
3. Determinare anche il coefficiente di coincidenza e l'interferenza.

+++	DCO	5	++c	265	R <sub>1</sub>
abc	DCO	3	ab+	273	R <sub>1</sub>
+bc	R <sub>2</sub>	223	+b+	P 2207	
a++	R <sub>2</sub>	217	a+c	P 2125	

Identifichiamo i genotipi parentali e i DCO (meno frequenti)



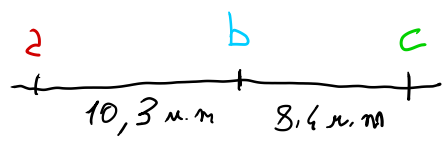
① Osservando sui DCO il gene centrale è: b, quindi il genotipo della F1 sarà:



TOT individui = 5 + 3 + 223 + 217 + 265 + 273 + 2207 + 2125 = 5318

② Si calcolano le FREQUENZE DI RICOMBINAZIONE:

$$f_{R_1} = \frac{265 + 273 + 5 + 3}{5318} = \frac{546}{5318} = 0,103$$



$$f_{R_2} = \frac{223 + 217 + 5 + 3}{5318} = \frac{448}{5318} = 0,084$$

$$d_{a-b} = f_{R_1} \cdot 100 = 0,103 \cdot 100 = 10,3 \text{ u.m.}$$

$$d_{b-c} = f_{R_2} \cdot 100 = 0,084 \cdot 100 = 8,4 \text{ u.m.}$$

$$d_{a-c} = \frac{265 + 273 + 5 + 3 + 223 + 217 + 5 + 3}{5318} \cdot 100 = \frac{994}{5318} \cdot 100 = 18,7 \text{ u.m.}$$

$$③ \quad f_{\text{DCO osservati}} = \frac{5+3}{5318} = 0,0015$$

$$f_{\text{DCO attesi}} = \frac{10,3}{100} \cdot \frac{8,4}{100} = 0,0086$$

$$c.c. = \frac{0,0015}{0,0086} = 0,174$$

$$\hat{\lambda} = 1 - 0,174 = 0,826$$