

Esercizio 1.

Gli aschi prodotti dalla meiosi di un lievito con tetradi ordinate derivanti dall'incrocio:

$$leu\ gly^+ his \times leu^+ gly\ his^+$$

sono rappresentati in tabella.

A	B	C	D	E	F	G
$leu^+ gly^+ his^+$	$leu\ gly\ his$	$leu^+ gly\ his^+$	$leu\ gly^+ his$	$leu\ gly^+ his$	$leu\ gly^+ his$	$leu\ gly^+ his^+$
$leu^+ gly^+ his$	$leu\ gly\ his$	$leu^+ gly\ his$	$leu^+ gly^+ his^+$	$leu^+ gly\ his$	$leu\ gly^+ his$	$leu\ gly\ his^+$
$leu\ gly\ his^+$	$leu^+ gly^+ his^+$	$leu\ gly^+ his^+$	$leu\ gly\ his^+$	$leu\ gly^+ his^+$	$leu^+ gly\ his^+$	$leu^+ gly^+ his$
$leu\ gly\ his$	$leu^+ gly^+ his^+$	$leu\ gly^+ his$	$leu^+ gly\ his$	$leu^+ gly\ his^+$	$leu^+ gly\ his^+$	$leu^+ gly\ his$
500	710	250	56	175	610	28

- Indicare le coppie di geni associati, le distanze di mappa tra i geni associati e le distanze dal centromero.
- Schematizzare gli scambi che danno origine alla tetraide D.

SVOLGIMENTO

- Indicare le coppie di geni associati, le distanze di mappa tra i geni associati e le distanze dal centromero.

Classifichiamo le tetradi PER COPPIE DI GENI in DP (DITIPO PARENTALE), NDP (DITIPO NON PARENTALE) T (TETRATIPO).

$$P \rightarrow leu\ gly^+ his \times leu^+ gly\ his^+$$

	DP	NDP	T
$leu - gly$	C, E, F $250 + 175 + 610 = 1035$	A, B $500 + 710 = 1210$	D, G $56 + 28 = 84$
$gly - his$	F 610	B 710	A, C, D, E, G $500 + 250 + 56 + 175 + 28 = 1009$
$leu - his$	B, F $710 + 610 = 1320$	G 28	A, C, D, E $500 + 250 + 56 + 175 = 981$

Basandoci sul confronto tra DP ed NDP determiniamo l'associazione tra i geni

leu - gly \rightarrow DP \approx NDP \rightarrow i due geni NON sono ASSOCIATI

gly - his \rightarrow DP \approx NDP \rightarrow i due geni NON sono ASSOCIATI

leu - his \rightarrow DP \gg NDP \rightarrow i due geni sono ASSOCIATI

Conoscendo la coppia di geni associata leu - his determiniamo la loro distanza

$$TOT = 500 + 710 + 250 + 56 + 175 + 610 + 28 = 2329$$

$$d_{leu-his} = \frac{NDP + \frac{1}{2}T}{TOT} = \frac{28 + \frac{1}{2}(981)}{2329} \times 100 = 22,26 \text{ u.m.}$$

La tetrate è ordinata quindi possiamo determinare le distanze tra i geni e il centromero. Per farlo individuiamo i geni che segregano in M1 o in M2.

\rightarrow leu gly⁺ his⁺ \times leu⁺ gly his⁺

A	B	C	D	E	F	G
leu ⁺ gly ⁺ his ⁺	leu gly his	leu ⁺ gly his ⁺	leu gly ⁺ his	leu gly ⁺ his	leu gly ⁺ his	leu gly ⁺ his ⁺
leu ⁺ gly ⁺ his	leu gly his	leu ⁺ gly his	leu ⁺ gly ⁺ his ⁺	leu ⁺ gly his	leu gly ⁺ his	leu gly his ⁺
leu gly his ⁺	leu ⁺ gly ⁺ his ⁺	leu gly ⁺ his ⁺	leu gly his ⁺	leu gly ⁺ his ⁺	leu ⁺ gly his ⁺	leu ⁺ gly ⁺ his
leu gly his	leu ⁺ gly ⁺ his ⁺	leu gly ⁺ his	leu ⁺ gly his	leu ⁺ gly his ⁺	leu ⁺ gly his ⁺	leu ⁺ gly his
M ₁ M ₁ <u>M₂</u>	M ₁ M ₁ M ₁	M ₁ M ₁ <u>M₂</u>	<u>M₂</u> M ₁ <u>M₂</u>	<u>M₂</u> <u>M₂</u> M ₁	M ₁ M ₁ M ₁	M ₁ <u>M₂</u> M ₁

$$d_{c-leu} = \frac{\frac{1}{2}(\text{somma tetrad dove leu segrega in M2})}{TOT} \times 100 = \frac{\frac{1}{2} \cdot (D+E)}{TOT} \times 100 = \frac{1}{2} \cdot \frac{(56+175)}{2329} \times 100 = 4,96 \text{ u.m.}$$

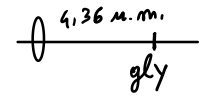
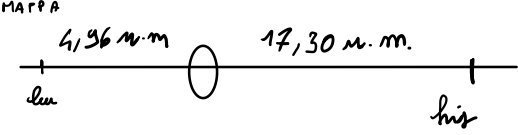
$$d_{c-gly} = \frac{\frac{1}{2} \cdot (E+C)}{TOT} \times 100 = \frac{\frac{1}{2} \cdot (175+28)}{2329} \times 100 = 4,36 \text{ u.m.}$$

$$d_{c-his} = \frac{\frac{1}{2} \cdot (A+C+D)}{TOT} \times 100 = \frac{\frac{1}{2} \cdot (500+250+56)}{2329} \times 100 = 17,30 \text{ u.m.}$$

leu ed his sono dalla stessa parte rispetto al centromero o da parti opposte?

$$d_{c-his} + d_{c-leu} = 17,30 \text{ u.m.} + 4,96 \text{ u.m.} = 22,26 = \overbrace{22,26}^{d_{leu-his}} \rightarrow \text{leu ed his SONO DA PARTI OPPOSTE RISPETTO AL CENTROMERO}$$

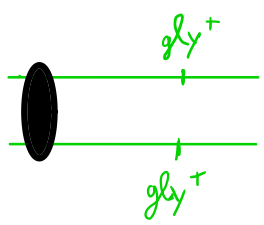
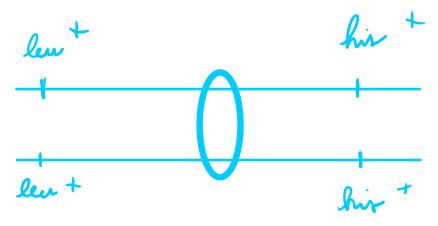
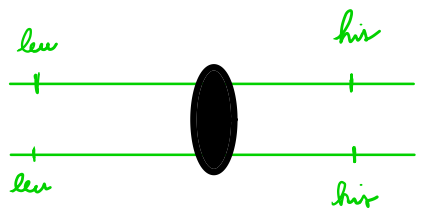
$$d_{c-his} - d_{c-leu} = 17,30 \text{ u.m.} - 4,96 \text{ u.m.} = 12,34 \neq \overbrace{22,26}^{d_{leu-his}}$$



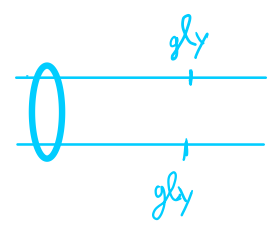
2. Schematizzare gli scambi che danno origine alla tetrade D.

La TETRADE D è un tetratipo quindi si originano da un evento di crossing-over.

SCRIVIAMO I PARENTALI:



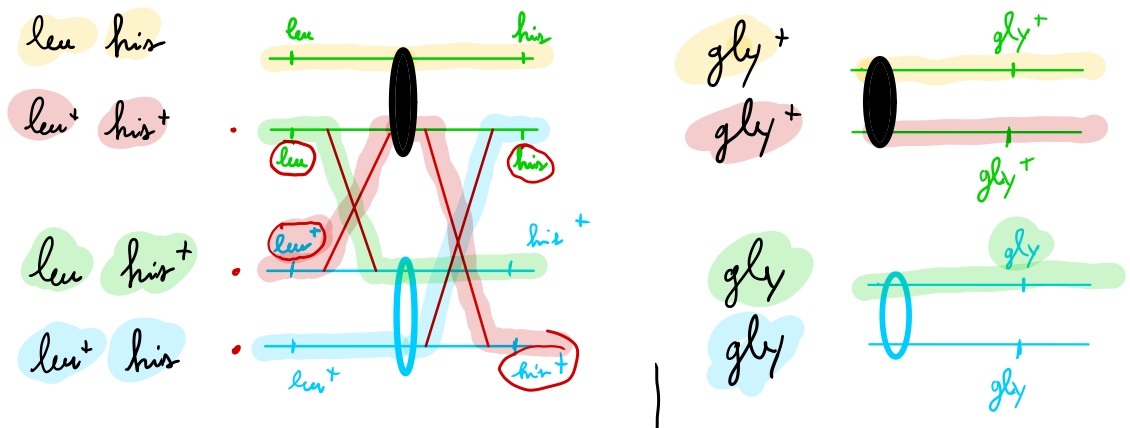
	D
①	leu gly ⁺ his
②	leu ⁺ gly ⁺ his ⁺
③	leu gly his ⁺
④	leu ⁺ gly his



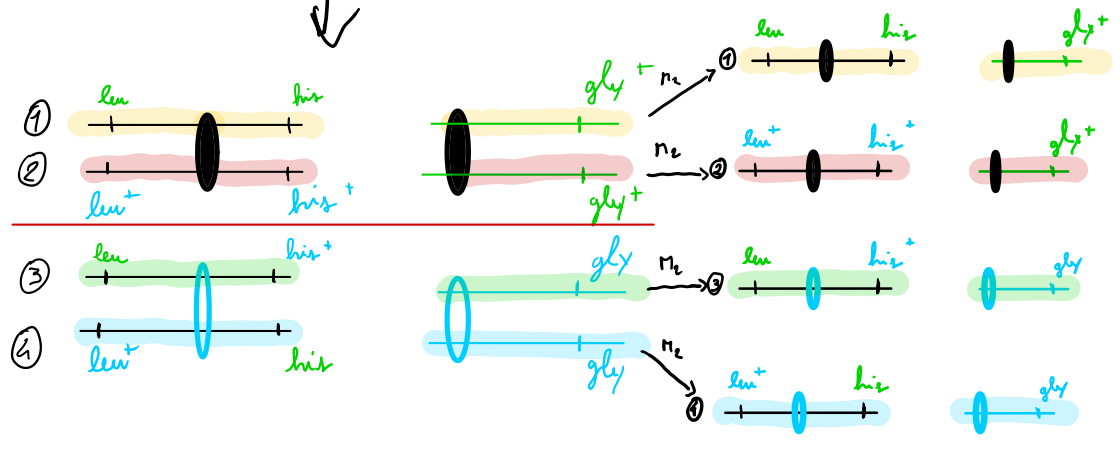
TETRADE D:



PARTIRE DAL CENTROMERO



M 1



Esercizio 3,

Dall'incrocio di due tipi di spore con mating-type **A** e **a** di *Neurospora crassa* (tetradi ordinate) di genotipo:
 $arg\ pro\ ADA \times ARG\ PRO\ ada$
 si originano le tetradi mostrate nella tabella seguente.

A			B			C			D			E			F			G			H		
<i>arg</i>	<i>pro</i>	ADA	<i>arg</i>	PRO	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ADA	ARG	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ada	ARG	PRO	ADA
ARG	<i>pro</i>	ada	<i>arg</i>	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ADA	ARG	<i>pro</i>	ada	ARG	<i>pro</i>	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ada	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ada
<i>arg</i>	PRO	ADA	ARG	<i>pro</i>	ADA	<i>arg</i>	PRO	ada	ARG	PRO	ada	<i>arg</i>	PRO	ADA	<i>arg</i>	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	ARG	<i>pro</i>	ada
ARG	PRO	ada	ARG	<i>pro</i>	ada	ARG	<i>pro</i>	ada	ARG	PRO	ada	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ADA	<i>arg</i>	<i>pro</i>	ada	ARG	PRO	ADA	<i>arg</i>	PRO	ada
175			28			56			500			50			200			430			53		

- Determinare quali geni sono associati e quali no.
- Disegnare la mappa genetica con le distanze di mappa di eventuali geni associati e dei geni rispetto ai centromeri.
- Schematizzare l'origine delle tetradi C e H.

1. Determinare quali geni sono associati e quali no.

arg pro ADA ⊗ *ARG PRO ada*

GENI	DP	NDP	T
ARG - PRO	D, G, $500 + 430 = 930$	B 28	A, C, E, F, H $175 + 56 + 50 + 200 + 53 = 534$
ARG - ADA	A, D, E $175 + 500 + 50 = 725$	F, G, $200 + 430 = 630$	B, C, H $28 + 56 + 53 = 137$
PRO - ADA	D 500	C 430	A, B, C, E, F, H, $175 + 28 + 56 + 50 + 200 + 53 = 562$

ARG - PRO → DP ≫ NDP sono associati
 ARG - ADA → DP ≈ NDP non sono associati
 PRO - ADA → DP ≈ NDP non sono associati

2. Disegnare la mappa genetica con le distanze di mappa di eventuali geni associati e dei geni rispetto ai centromeri.

$$d_{ARG-PRO} = \frac{NDP + \frac{1}{2}(T)}{TOT} \cdot 100 = \frac{28 + \frac{1}{2} \cdot 534}{1432} \cdot 100 = 19,77 \text{ u.m.}$$

	A			B			C			D			E			F			G			H		
arg	pro	ADA	arg	PRO	ADA	arg	pro	ADA	arg	pro	ADA	ARG	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	arg	pro	ada	ARG	PRO	ADA	
ARG	pro	ada	arg	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	arg	pro	ADA	ARG	pro	ada	ARG	pro	ADA	arg	pro	ada	arg	pro	ADA	
arg	PRO	ADA	ARG	pro	ADA	arg	PRO	ada	ARG	PRO	ada	arg	PRO	ADA	arg	PRO	ada	ARG	PRO	ADA	ARG	pro	ada	
ARG	PRO	ada	ARG	pro	ada	ARG	pro	ada	ARG	PRO	ada	arg	pro	ADA	arg	pro	ada	ARG	PRO	ADA	arg	PRO	ada	
M2	M1	M2	M1	M1	M2	M2	M2	M1	M1	M1	M1	M1	M2	M2	M1	M2	M1	M1	M1	M2	M1	M2	M2	M1

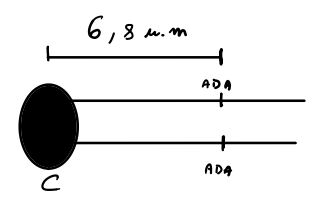
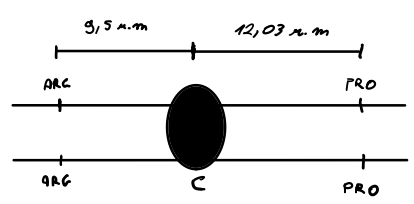
$$d_{c-arg} = \frac{\frac{1}{2}(M2 ARG)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(A+C+H)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(175+56+53)}{1432} \cdot 100 = 9,5 \mu.m.$$

$$d_{c-pro} = \frac{\frac{1}{2}(M2 PRO)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(C+E+F+H)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(56+50+200+53)}{1432} \cdot 100 = 12,03 \mu.m.$$

$$d_{c-ada} = \frac{\frac{1}{2}(M2 ADA)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(A+B)}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(175+28)}{1432} \cdot 100 = 6,8 \mu.m.$$

$d_{c-pro} + d_{c-arg} = 12,03 \mu.m + 9,5 \mu.m = 21,53 \mu.m \approx 19,77 \mu.m \rightarrow$ SONO DA PARTI OPPOSITE

$$d_{c-pro} - d_{c-arg} = 12,03 \mu.m - 9,5 \mu.m = 2,53 \mu.m \neq 19,77 \mu.m$$



3. Schematizzare l'origine delle tetradi C e H.

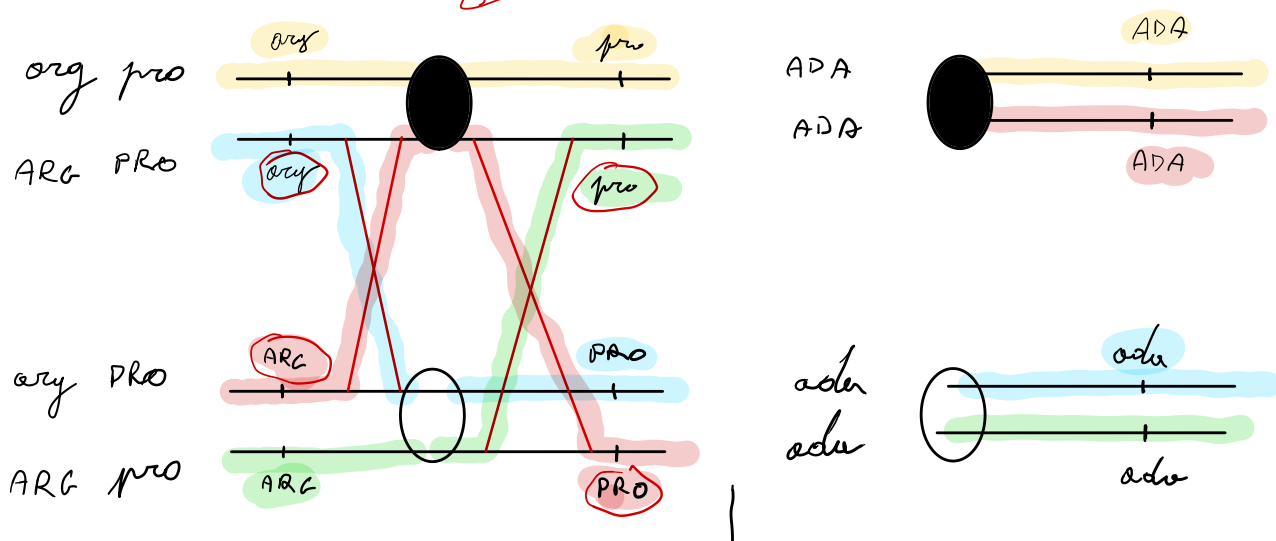
arg pro ADA ⊗ ARG PRO ada

C		
arg	pro	ADA
ARG	PRO	ADA
arg	PRO	ada
ARG	pro	ada

TETRADE C:

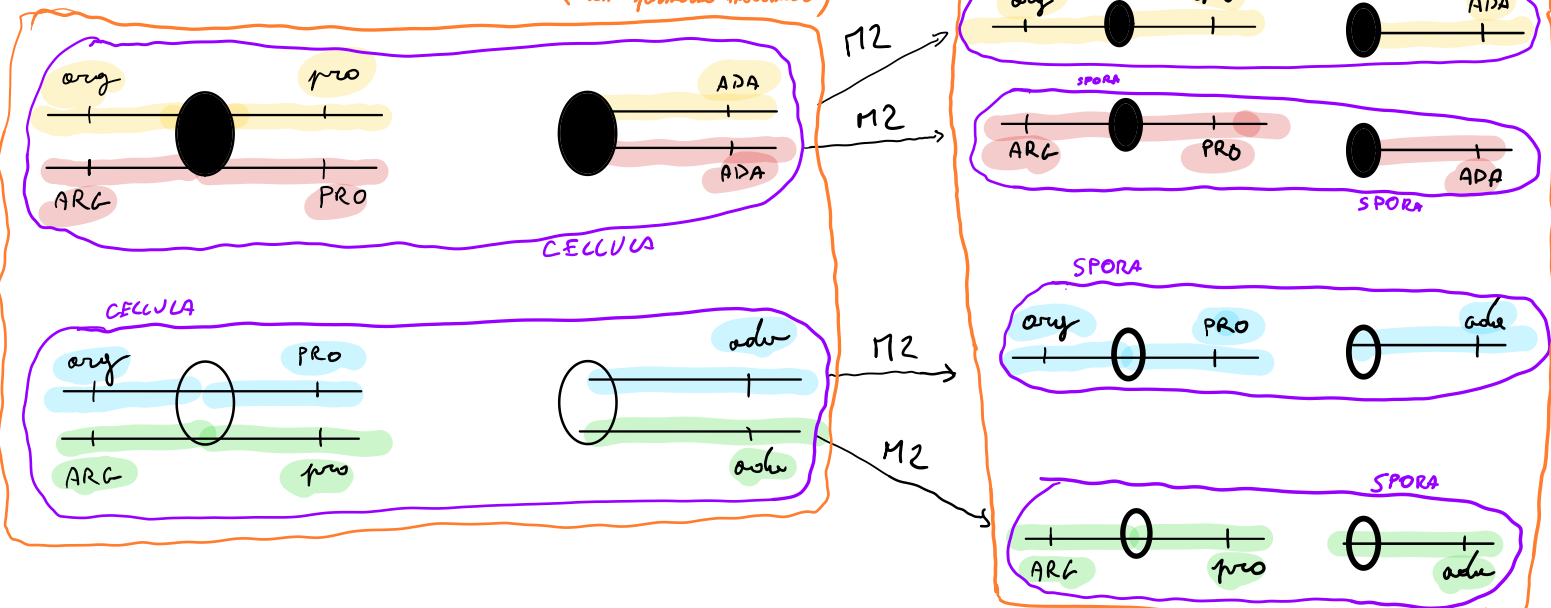
- arg pro ADA
- ARG PRO ADA
- arg PRO ada
- ARG pro ada

SI PARTE DAL CENTROMERO



M1

ASCO (tetrade ordinate non permette movimenti)



La tetrad H si può originare dagli stessi ricombinanti, ma diversa segregazione in M2:

ARG PRO

ADA

arg pro

ADA

ARG pro

ada

arg PRO

ada

H		
ARG	PRO	ADA
arg	pro	ADA
ARG	pro	ada
arg	PRO	ada

