





PER CALCOLARE LE DISTANZE DI MAPPA USO LE FREQUENZE DI RICOMBINAZIONE:  
 STABILISCO QUALI SONO LE CLASSI ~~PROGENIE~~ IN CUI C'È STATA RICOMBINAZIONE SOLO  
 TRA I LOCI  $w$  e  $pel$  E TRA  $pel$  e  $dw$  E CALCOLO LE DISTANZE  
 COME SEGUE:

$$D_{w-pel} = \frac{\overbrace{56+48}^{RI} + \overbrace{5+6}^{DCO}}{543} \cdot 100 = 0,211 \cdot 100 = 21,1 \text{ u.m.}$$

↳ TOT. PROGENIE

$$D_{pel-dw} = \frac{\overbrace{43+51}^{RII} + \overbrace{5+6}^{DCO}}{543} \cdot 100 = 0,193 \cdot 100 = 19,3 \text{ u.m.}$$

d) STABILIRE SE C'È INTERFERENZA e CALCOLARE I VALORI di  $i$  e  $cc$ .

$$i = 1 - cc \quad \text{con} \quad cc = \frac{\text{NUMERO DOPPI SCATIBI OSSERVATI}}{\text{NUMERO DOPPI SCATIBI ATTESI}} =$$

$$= \frac{5+6}{0,211 \cdot 0,193 \cdot 543} = \frac{11}{22} = 0,5$$

$$\Rightarrow i = 1 - 0,5 = 0,5$$

e) CALCOLARE PORTIONE DI PROGENIE white, peloria DA UN INCROCIO  
 DI INDIVIDUI  $F_2$  peloria, white CON I PARENTALI dwarf, peloria  
 (CONSIDERANDO CHE NON AVVENGA RICOMBINAZIONE).

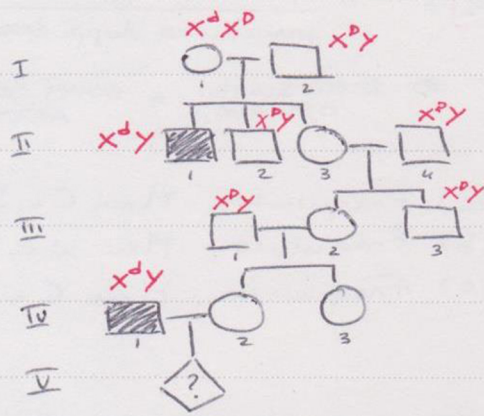
$$\frac{w \quad dw^+ \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel} \times \frac{w^+ \quad dw \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel}$$

$$\checkmark$$

$$\frac{1}{2} \frac{w \quad dw^+ \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel} \quad (\text{white, peloria}) \quad \leftarrow \frac{1}{2}$$

$$\frac{1}{2} \frac{w^+ \quad dw \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel} \quad (\text{dwarf, peloria})$$

**Esercizio 2**



CARATTERE SEGUITO: DALTONISMO (X-linked)

• DETERMINARE LA PROBABILITÀ MASSIMA CHE L'INDIVIDUO  $\overline{V}_1$  SIA MALATO.

ASSEGNO I GENOTIPI NOTI

SVOLGIMENTO

SIA CHE  $\overline{V}_1$  SIA MASCHIO O FEMMINA, PER PRESENTARE LA MALATTIA  $\overline{IV}_2$  DOVRÀ ESSERE ETEROZIGOTE PER POTERGLI TRASMETTERE L'ALLELE MALATO (SE  $\overline{V}_1$  È MASCHIO DOVRÀ RICEVERE IL SOLO  $X^d$  DALLA MADRE, SE È FEMMINA DOVRÀ RICEVERE IL SECONDO PERCHÈ IL PRIMO LO EREDITA DAL PADRE MALATO.) QUINDI DEVO CALCOLARE LA PROBABILITÀ CHE L'ALLELE  $X^d$  VENGA TRASMESSO AD OGNI GENERAZIONE.

$\overline{II}_3 \rightarrow$  È SANA, ESSENDO FIGLIA DI  $X^dX^D \times X^D Y$  PUÒ ESSERE  $\left\{ \begin{array}{l} X^D X^D \frac{1}{2} \\ X^D X^d \frac{1}{2} \end{array} \right.$

$\overline{III}_2 \rightarrow$  STESSO DISCORSO DI  $\overline{II}_3$  MA DEVO MOLTIPLICARE PER LA PROBABILITÀ ASSOCIATA A  $\overline{II}_3 = X^D X^d$ , CIOÈ  $\frac{1}{2}$ .  
 QUINDI:  $\overline{III}_2 (X^D X^d) \rightarrow \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$

$\overline{IV}_2 \rightarrow$  STESSO DISCORSO. QUINDI:  $\overline{IV}_2 (X^D X^d) \rightarrow \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{4} = \frac{1}{8}$

$\overline{V}_1 \rightarrow$  È MALATO SOLO SE  $\overline{IV}_2$  È  $X^D X^d$  E NON NE CONOSCIAMO IL SESSO:

$\overline{IV}_2$	$X^D$	$X^d$
$X^d$	$X^d X^D$	$X^d X^d$
$Y$	$X^D Y$	$X^d Y$

$\rightarrow \frac{1}{2}$  DELLA PROGENIE DI QUESTO INCROCIO PRESENTA LA MALATTIA

$\Rightarrow \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{8} = \frac{1}{16}$

PROBABILITÀ CHE  $\overline{V}_1$  SIA MALATO.

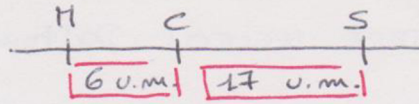
CALCOLARE ORA LA PROBABILITÀ CHE IL SECONDO FIGLIO DELL'INCROCIO  $\overline{IV}_1 \times \overline{IV}_2$  SIA MALATO, SAPENDO CHE  $\overline{V}_1$  PRESENTA LA MALATTIA.

Se  $\overline{V}_1$  presenta la malattia,  $\overline{IV}_2$  è per forza eterozigote, quindi prendiamo anche il suo genotipo come certo.

Dall'incrocio  $X^d Y \times X^D X^d$ , la probabilità di avere figli malati è  $\frac{1}{2}$ , come mostrato nel caso precedente.



**Esercizio 3**



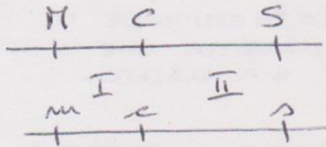
M = morfologia foglia  
C = colore foglia  
S = dimensioni foglia

(LINEA PURA VIRGINIA)  $MM \ CC \ SS$  × (LINEA PURA CAROLINA)  $mmm \ c c \ s s$

(F<sub>1</sub>)  $Mm \ Cc \ Ss$  ×  $mmm \ c c \ s s$

con  $i = 0 \Rightarrow 1 - cc = 1 \Rightarrow cc = 1 = \frac{\text{frequenza doppi scambi osservati}}{\text{frequenza doppi scambi attesi}}$

$\Rightarrow$  DOPPI SCAMBI OSSERVATI = DOPPI SCAMBI ATTESI



- a) Frequenza  $Mm \ Cc \ Ss$  ?
- b) Frequenza  $Mm \ c c \ Ss$  ?
- c) Frequenza  $Mm \ C c \ s s$  ?

SVOLGIMENTO

PER PRIMA COSA CALCOLO LA FREQUENZA DEI DOPPI SCAMBI, TENENDO CONTO CHE L'INTERFERENZA È ASSENTE E QUINDI UTILIZZANDO SEMPRE LE DISTANZE DI MAPPA NOTE.

$f_{DCO} = 0,06 \cdot 0,17 = 0,0102$

NEL GENITORE F<sub>1</sub> I DOPPI SCAMBI DETERMINANO LA PRODUZIONE DEI GAMETI  $M c S$  (E QUINDI DEI FENOTIPI F<sub>2</sub>)  $m C s$  (DCO)

CONOSCENDO  $f_{DCO}$  E LE DISTANZE DI MAPPA POSSO CALCOLARE LE FREQUENZE DEI SINGOLI CROSSING-OVER TRA I PRIMI DUE LOCI (RI) E TRA IL SECONDO E IL TERZO (RII).

$f_{RMC} = f_{RI} + f_{DCO} \rightarrow f_{RI} = f_{RMC} - f_{DCO}$

$f_{RI} = 0,06 - 0,0102 = 0,0498$

RI PRODUCE GAMETI F<sub>1</sub> e QUINDI FENOTIPI F<sub>2</sub>  
 $M c s$   
 $m C S$  (RI)

STESSO DISCORSO:

$f_{RCS} = f_{RII} + f_{DCO} \rightarrow f_{RII} = f_{RCS} - f_{DCO}$

$f_{RII} = 0,17 - 0,0102 = 0,1598$

$M C s$   
 $m c S$  (RII)

LA FREQUENZA DEI PARENTALI SARÀ LA RIMANENTE:

$f_{PARENTALI} = 1 - (f_{DCO} + f_{RI} + f_{RII}) = 1 - (0,0102 + 0,0498 + 0,1598) = 0,78$   
 $M C S$   
 $m c s$  (P)

- a) PORZIONE DI PROGIE CON FENOTIPO  $M C S = \frac{1}{2} f_{PARENTALI} = \frac{0,78}{2} = 0,39$
- b) " "  $M c S = \frac{1}{2} f_{DCO} = \frac{0,0102}{2} = 0,0051$
- c) " "  $M C s = \frac{1}{2} f_{RII} = \frac{0,1598}{2} = 0,08$



**ESERCIZIO 4**

f = setole corte    f<sup>+</sup> = setole normali  
 od = ali a 90°    od<sup>+</sup> = ali normali  
 g = occhio rosa    g<sup>+</sup> = occhio normale

INCROCIO: (P) ♀ ff<sup>+</sup> od od<sup>+</sup> gg<sup>+</sup> × ♂ selvatici

(F<sub>1</sub>) FEMMINE: selvatiche

- MASCHI:
- 57 occhi rosa, ali a 90°
  - 419 occhi rosa, setole corte
  - 60 setole corte
  - 1 ali a 90°, setole corte
  - 2 occhi rosa
  - 439 ali a 90°
  - 13 tipo selvatico
  - 9 ali a 90°, setole corte, occhio rosa

Avendo ottenuto dall'incrocio considerato tutte FEMMINE con FENOTIPO SELVATICO per tutti e tre i caratteri considerati (come i MASCHI della generazione P) e MASCHI che invece presentano una varietà di fenotipi (ricordando che le FEMMINE parentali sono eterozigoti per tutti e tre i loci), posso dedurre che si tratta di 3 caratteri determinati da geni che mappano sul cromosoma X.

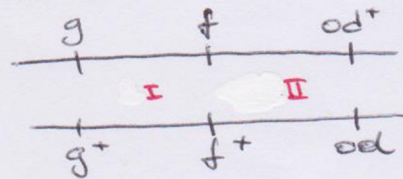
⇒ GENOTIPO MASCHI P: f<sup>+</sup> od<sup>+</sup> g<sup>+</sup> / Y → PRODUCONO GAMETI

- f<sup>+</sup> od<sup>+</sup> g<sup>+</sup> → TUTTE LE FEMMINE F<sub>1</sub> HANNO FENOTIPO SELVATICO
- Y → I MASCHI F<sub>1</sub> HANNO FENOTIPO DETERMINATO DAGLI ALLELI PRESENTI SUL CROMOSOMA X EREDITATO DALLA MADRE.

Per determinare i rapporti di associazione tra i loci devo quindi considerare solo i maschi della F<sub>1</sub>, di cui posso anche stabilire il genotipo:

419	f	g	od <sup>+</sup>	/ Y	] (P) (più frequenti)
439	f <sup>+</sup>	g <sup>+</sup>	od	/ Y	
57	f <sup>+</sup>	g	od	/ Y	] (RI)
60	f	g <sup>+</sup>	od <sup>+</sup>	/ Y	
13	f <sup>+</sup>	g	od <sup>+</sup>	/ Y	] (RII)
9	f	g <sup>+</sup>	od	/ Y	
1	f	g	od	/ Y	] (DCO) (meno frequenti)
2	f <sup>+</sup>	g <sup>+</sup>	od <sup>+</sup>	/ Y	
<hr style="width: 100px; margin-left: 0;"/>					1000

→ DAL CONFRONTO TRA PARENTALI E DCO CAPISCO QUALE LOCUS TRAPPA AL CENTRO e QUINDI LA DISPOSIZIONE DEGLI ALLELI SUI CROMOSOMI DELLE FEMMINE PARENTALI:



Calcolo le distanze di mappa tra le due coppie di geni:

$$D_{g-f} = \frac{57 + 60 + 1 + 2}{1000} \cdot 100 = 12 \text{ u.m.}$$

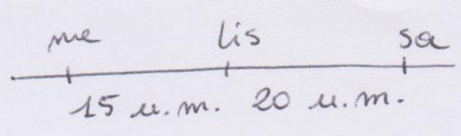
$$D_{f-od} = \frac{13 + 9 + 1 + 2}{1000} \cdot 100 = 2,5 \text{ u.m.}$$

Calcolo l'interferenza:  $i = 1 - CC$  con  $CC = \frac{\text{freq. DCO osservati}}{\text{freq. DCO attesi}}$

$$CC = \frac{1 + 2}{(0,12 \cdot 0,025) \cdot 1000} = \frac{3}{3} = 1 \Rightarrow i = 0 \text{ ASSENZA DI INTERFERENZA}$$



**ESERCIZIO 5**



PRIMO INCROCIO

$$\textcircled{P} \quad \text{♀} \frac{me \quad lis \quad +}{me \quad lis \quad +} \times \text{♂} \frac{+ \quad + \quad sa}{+ \quad + \quad sa}$$

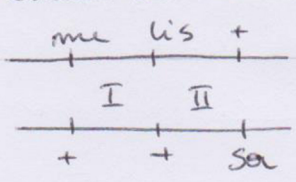
SECONDO INCROCIO

$$\textcircled{F_1} \quad \text{♀} \frac{me \quad lis \quad +}{+ \quad + \quad sa} \times \text{♂} \frac{me \quad lis \quad sa}{me \quad lis \quad sa}$$

$\downarrow$   
 $\textcircled{F_2}$

a) CALCOLARE LE FREQUENZE GENOTIPICHE ATTESE NELLA  $F_2$  con  $I = 0.3$

Dato che i maschi sono OMOZIGOTI RECESSIVI per tutti e tre i caratteri considerati, potranno produrre solo gameti **me lis sa** e quindi le classi genotipiche (e fenotipiche) della progenie saranno determinate ~~dagli eventi di ricombinazione~~ dal cromosoma ereditato dalla madre e quindi dagli eventi di ricombinazione avvenuti in questa. Determino quindi le possibili classi genotipiche e le rispettive frequenze che riflettono le probabilità che avvengano i diversi eventi di ricombinazione:



- $\textcircled{P}$   $\left. \begin{array}{l} me \quad lis \quad + \\ + \quad + \quad sa \end{array} \right\} \begin{array}{l} \rightarrow 0,33 \\ \rightarrow 0,33 \end{array}$  (Total 0,67)
- $\textcircled{RI}$   $\left. \begin{array}{l} me \quad + \quad sa \\ + \quad lis \quad + \end{array} \right\} \begin{array}{l} \rightarrow 0,065 \\ \rightarrow 0,065 \end{array}$  (Total 0,13)
- $\textcircled{RII}$   $\left. \begin{array}{l} me \quad lis \quad sa \\ + \quad + \quad + \end{array} \right\} \begin{array}{l} \rightarrow 0,09 \\ \rightarrow 0,09 \end{array}$  (Total 0,18)
- $\textcircled{DCO}$   $\left. \begin{array}{l} me \quad + \quad + \\ + \quad lis \quad sa \end{array} \right\} \begin{array}{l} \rightarrow 0,0105 \\ \rightarrow 0,0105 \end{array}$  (Total 0,021)

$i = 0.3$

$\Rightarrow DCO = 1 - 0.3 = 0.7$

$f_{DCO_{oss}} = \underbrace{0,15}_{f_{R_{me-lis}}} \cdot \underbrace{0,20}_{f_{R_{lis-sa}}} \cdot \underbrace{0,7}_{CC} = 0,021 \Rightarrow$  Frequenza <sup>singoli</sup> genotipi derivanti da DCO  $= \frac{0,021}{2} = 0,0105$

$f_{RI} = f_{R_{me-lis}} - f_{DCO_{oss}} = 0,15 - 0,021 = 0,13 \Rightarrow$  Frequenza <sup>singoli</sup> genotipi derivanti da RI  $= \frac{0,13}{2} = 0,065$

N.B. IN ALTERNATIVA POSSO ANCHE UTILIZZARE LA FORMULA:

$$f_{RI} = f_{R_{me-lis}} \cdot (1 - f_{R_{lis-sa}} \cdot CC)$$

$f_{RII} = f_{R_{lis-sa}} - f_{DCO_{oss}} = 0,20 - 0,021 = 0,18 \Rightarrow$  Frequenza <sup>singoli</sup> genotipi derivanti da RII  $= \frac{0,18}{2} = 0,09$

$f_P = 1 - (f_{RI} + f_{RII} + f_{DCO_{oss}}) = 1 - (0,13 + 0,18 + 0,021) = 0,67 \Rightarrow \frac{0,67}{2} = 0,33$

b) DETERMINARE I FENOTIPI (e LE RISPETTIVE FREQUENZE) OTTENUTE INCROCIANDO DUE INDIVIDUI CON FENOTIPO me DELLA  $F_2$  - (CONSIDERANDO CHE NON AVVENGA C.O.)

Gli individui della  $F_2$  che presentano fenotipo me sono quelli che hanno ereditato il cromosoma **me + +** dalla madre, perché dal padre ereditano sempre **me lis sa**.



Quindi:

$$\frac{me + +}{me\ lis\ sel} \times \frac{me + +}{me\ lis\ sel}$$

$$\begin{array}{l} \frac{1}{4} \frac{me + +}{me + +} \text{ FENOTIPO } me \\ \frac{1}{4} \frac{me\ lis\ sel}{me\ lis\ sel} \text{ FENOTIPO } me\ lis\ sel \\ \frac{1}{2} \frac{me + +}{me\ lis\ sel} \text{ FENOTIPO } me \end{array} \Rightarrow \begin{array}{l} \text{FENOTIPO } me = \frac{3}{4} \\ \text{FENOTIPO } me\ lis\ sel = \frac{1}{4} \end{array}$$

**Esercizio 6**

a = albino      a<sup>+</sup> = normale  
 c = zampe corte      c<sup>+</sup> = zampe normali  
 r = coda anicciata      r<sup>+</sup> = coda normale

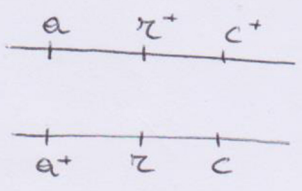
$$aa\ c^+c^+\ r^+r^+ \times a^+a^+\ cc\ rr$$

$$(F_1) a^+a\ c^+c\ r^+r \times aa\ cc\ rr$$

Avendo incrociato femmine eterozigoti con maschi omozigoti recessivi per tutti e 3 i caratteri considerati, posso subito determinare i genotipi associati alle classi fenotipiche fornite dal testo, in quanto saranno determinate dagli ~~omozigoti~~ alleli ereditati dalla madre (dal padre verranno sempre ereditati 3 alleli recessivi).

(P)	975	a <sup>+</sup> c <sup>+</sup> r <sup>+</sup> / a c r
	969	a <sup>+</sup> c r
(RII)	138	a <sup>+</sup> c <sup>+</sup> r
	128	a c r <sup>+</sup>
(RI)	88	a <sup>+</sup> c <sup>+</sup> r <sup>+</sup>
	91	a c r
(DCO)	5	a c <sup>+</sup> r
	7	a <sup>+</sup> c r <sup>+</sup>
	<hr/>	
	2401	

a) CALCOLARE L'ORDINE DEI GENI, LE DISTANZE DI MAPPA e L'EVENTUALE INTERFERENZA. Stabilite quali sono le classi parentali e quali derivate dal doppio crossing-over, posso determinare quale gene si trova al centro e quindi calcolare le distanze di mappa:



$$f_{DCO} = \frac{5+7}{2401} = 0,005$$

$$f_{RI} = f_{Ra-r} - f_{DCO}$$

$$\Rightarrow f_{Ra-r} = f_{RI} + f_{DCO} = \frac{88+91+5+7}{2401} = 0,08$$

$$f_{Rr-c} = f_{RII} + f_{DCO} = \frac{138+128+5+7}{2401} = 0,116$$

$$D_{a-r} = f_{Ra-r} \cdot 100 = 8 \text{ u.m.}$$

$$D_{r-c} = f_{Rr-c} \cdot 100 = 11,6 \text{ u.m.}$$

r al centro perché risulta scambiato dal confronto tra P e DCO.

$$i = 1 - cc \text{ con } cc = \frac{\text{freq. DCO osservati}}{\text{freq. DCO attesi}} = \frac{5+7}{(0,08 \cdot 0,116) \cdot 2401} = 0,54$$

$$\Rightarrow i = 1 - 0,54 = 0,46$$



CALCOLARE IL NUMERO DI TOPI CON ZAMPE CORTE ATTESO IN UNA PROGENIE DI 1000 INDIVIDUI DERIVANTE DALL'INCROCIO DI TOPI F<sub>2</sub> CON ZAMPE CORTE.

I topi della F<sub>2</sub> con zampe corte sono quelli con genotipo

$a^+ r^+ c / a r c$  (DCO). Quindi l'incrocio sarà:

$$\frac{a^+ r^+ c}{a r c} \times \frac{a^+ r^+ c}{a r c}$$

↓  
Può produrre gameti:

$$\frac{1}{2} a^+ r^+ c$$
$$\frac{1}{2} a r c$$

↓  
Può produrre gameti:

$$\frac{1}{2} a^+ r^+ c$$
$$\frac{1}{2} a r c$$

$$\Rightarrow \begin{array}{|l} \frac{1}{4} a^+ r^+ c \\ \frac{1}{2} a^+ r^+ c \\ \frac{1}{4} a r c \end{array}$$

FENOTIPO  
ZAMPE CORTE  
 $\frac{1}{4} + \frac{1}{2} = \frac{3}{4}$