

ESERCIZIO 6 | LIEVITO ENOLOGICO CON TETRAIDI ORDINATE

lam + sco (x) + brw +

| | A | B | C | D | E | |
|----|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|----------------------------|----------|
| | lam + sco + + + | lam + + lam + + | lam + sco lam + sco | lam + sco lam brw + | lam brw sco lam brw sco | |
| | lam brw sco + brw + | + brw sco + brw sco | + brw + + brw + | + + sco + brw + | + + + + + + | |
| H: | II I II 30 | I I I 220 | I I I 146 | I II II 68 | I I I 6 | TOT. 472 |

a) DETERMINARE LO STATO DI ASSOCIAZIONE TRA I GENI.

Per farlo, si prende in considerazione una coppia di geni alla volta e per ciascun arco si stabilisce se si hanno di tipi parentali (PD), di tipi non parentali (NPD) o tetra tipi T; se, per la coppia di geni considerate, NPD sono molto meno numerosi dei PD, allora i due geni sono associati sul cromosoma.

| COPPIA GENI | PD | NPD | T | |
|-------------|----------------|----------|----------|--|
| lam-brw | 220 146 | 6 | 30 68 | 366 >> 6 ⇒ <u>lam-brw associati</u> |
| brw-sco | 146 68 | 220 6 | 30 | 214 ≈ 226 ⇒ <u>brw-sco NON associati</u> |
| lam-sco | 30 146 6 | 220 | 68 | 182 ≈ 220 ⇒ <u>lam-sco NON associati</u> |

b) DETERMINARE LE DISTANZE DI MAPPA TRA I GENI ASSOCIATI e TRA I GENI e I CENTROMERI

La distanza tra i geni associati (lam-brw) si può calcolare in un primo momento con la formula $D_{lam-brw} = \frac{NPD + \frac{1}{2} T}{TOT} \cdot 100$ e poi eventualmente correggere con le distanze calcolate tra geni e centromero, qualora questo si trovasse al centro, tra i due geni.

$$D_{lam-brw} = \frac{6 + \frac{1}{2} (30 + 68)}{472} \cdot 100 = 11,6 \text{ u.m.}$$

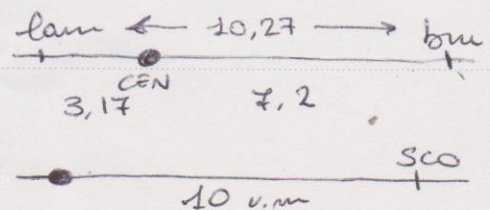
Per calcolare le distanze tra geni e centromeri invece devo prima stabilire quali pattern di segregazione presentano i geni nei vari arci (HI → non è avvenuta ricombinazione tra il gene e il centromero, HII → è avvenuta ricombinazione) e poi utilizzare la formula $D_{cen-gene} = \frac{\frac{1}{2} HII}{TOT} \cdot 100$

$$D_{CEN-lam} = \frac{\frac{1}{2} (30)}{472} \cdot 100 = 3,17 \text{ u.m.}$$

$$D_{CEN-brw} = \frac{\frac{1}{2} (68)}{472} \cdot 100 = 7,2 \text{ u.m.}$$

$$D_{CEN-sco} = \frac{\frac{1}{2} (30 + 68)}{472} \cdot 100 = 10 \text{ u.m.}$$

Dalle distanze ottenute deduco che il centromero si trova tra i due geni, quindi:



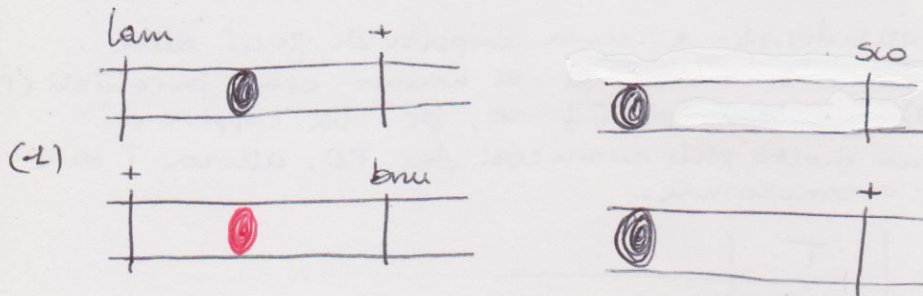
c) SCHEMATIZZARE LA METAFASE I CHE HA DATO ORIGINE ALL'ASCO E.

L'asco E contiene la tetrate ORDINATA

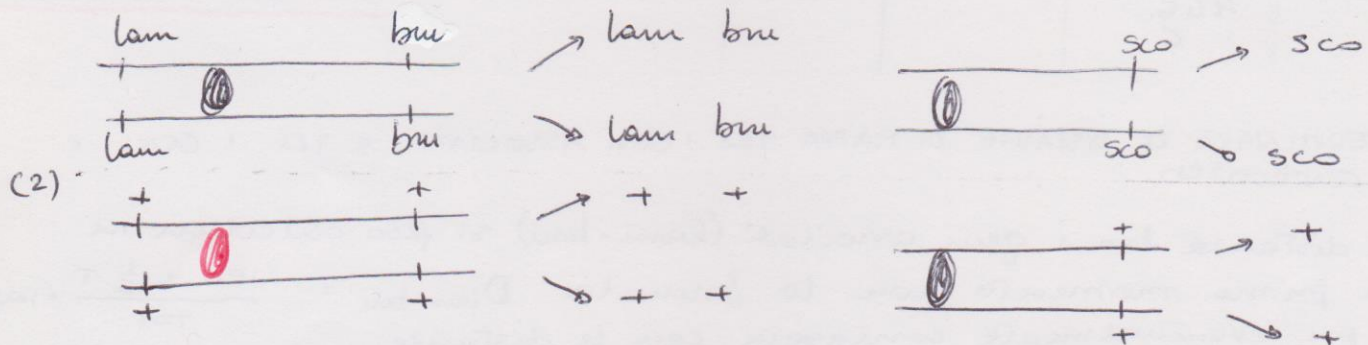
lam bru sco
lam bru sco
+ + +
+ + +

Avendo disegnato la mappa, possiamo disegnare un'ipotetica disposizione dei cromosomi omologhi in metafase (prima che sia avvenuto il crossing-over), distinguendo i ~~due~~ centromeri con colori diversi, per poi poterli seguire con più comodità.

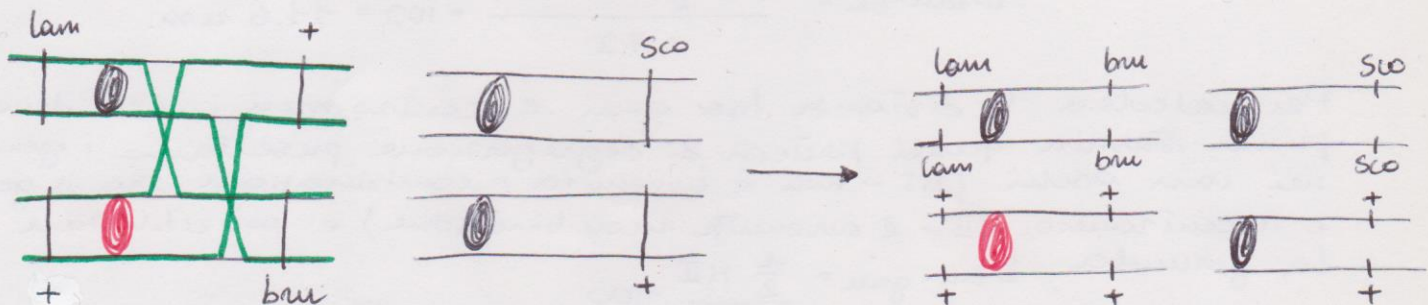
Lavoriamo prima sul cromosoma su cui mappano lam e bru per poi considerare quello su cui mappa solo il gene sco.



Dal confronto con l'asco, disegnare i cromosomi (dopo il/i crossing-over) così come devono presentarsi per produrre la tetrate considerata:



Dal confronto tra (1) e (2), disegnare gli eventi ricombinativi richiesti per ottenere i cromosomi in (2).



ESERCIZIO 3

leu, his e arg: 2 associati e uno no, molto vicino al centromero.

leu his arg (x) + + +

| | A | B | C | D | E |
|----|-------------|-----------|-----------|-------------|-------------|
| | leu his arg | leu + arg | leu his + | leu + + | leu his arg |
| | leu his arg | leu + arg | + his + | + + + | + his + |
| | + + + | + his + | leu + arg | leu his arg | leu + arg |
| | + + + | + his + | + + arg | + his arg | + + + |
| H: | I I I | I I I | II I I | II I I | II I II |
| | 64 | 58 | 31 | 35 | 37 |

TOT. 225

a) DETERMINARE STATO DI ASSOCIAZIONE e DISTANZE TRA GENI ASSOCIATI e TRA GENI e CENTROMERI.

| COPPIA GENI | PD | NPD | T | |
|-------------|----|-----|----|-------------------------|
| leu-his | 64 | 58 | 31 | => <u>NON ASSOCIATI</u> |
| | | | 35 | |
| | | | 37 | |
| his-arg | 64 | 58 | 37 | => <u>NON ASSOCIATI</u> |
| | 35 | 31 | | |
| leu-arg | 64 | 0 | 31 | => <u>ASSOCIATI</u> |
| | 58 | | 35 | |
| | 37 | | | |

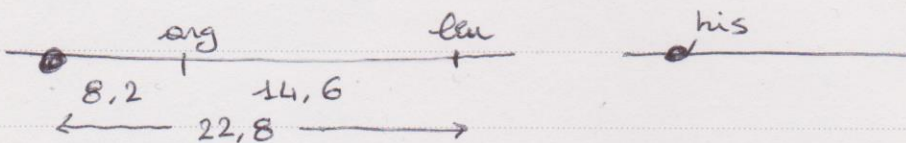
$$D_{leu-arg} = \frac{0 + \frac{1}{2}(31+35)}{225} \cdot 100 = 14,6 \text{ u.m.}$$

$$D_{leu-CEN} = \frac{\frac{1}{2} \pi_{II}^{leu}}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(31+35+37)}{225} \cdot 100 = 22,8 \text{ u.m.}$$

$$D_{arg-CEN} = \frac{\frac{1}{2} \pi_{II}^{arg}}{TOT} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(37)}{225} \cdot 100 = 8,2 \text{ u.m.}$$

$$D_{his-CEN} = \frac{\frac{1}{2} \pi_{II}^{his}}{TOT} \cdot 100 = 0 \text{ u.m.} \rightarrow \text{STRETTAMENTE ASSOCIATO AL CENTROMERO}$$

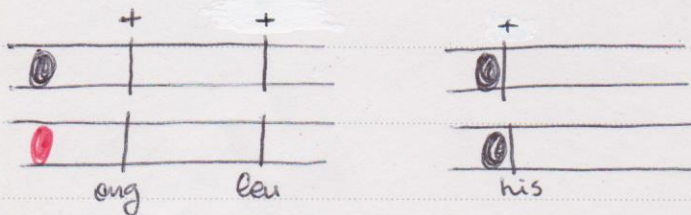
Deu-CEN
MAGGIORE
delle distanze
dei due geni
del centromero
=> arg è
tra CEN e
leu-



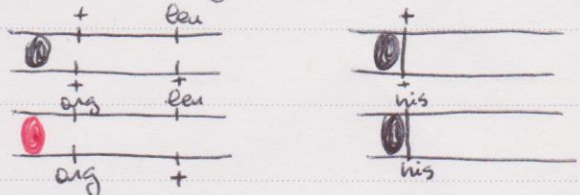
b) DISEGNARE GLI SCATIBI CHE HANNO DATO ORIGINE ALL'ASCO D

(leu + +
+ + +
leu his arg
+ his arg)

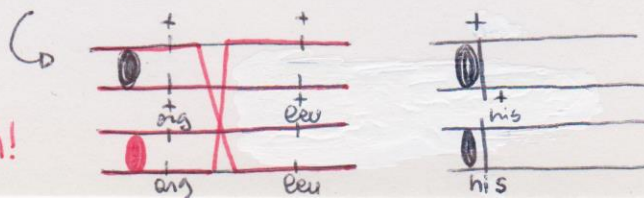
Disposizione arbitraria* iniziale:



Configurazione (post-crossingover) richiesta:



Scambi avvenuti:



N.B. CERCARE DI DISPORRE I CROCIOSOMI CON ORIENTAMENTO PIÙ SIMILE POSSIBILE ALLA TETRADE RISULTANTE, PER EVITARE COMPLICAZIONI NEL DISEGNO DEGLI SCATIBI!