

ESERCIZIO 1

w^+ = fiori rossi w = fiori bianchi
 pel^+ = fiori normali pel = fiori enormi
 dw^+ = stelo lungo dw = stelo corto

(P) fiore bianco x dwarf, peloria
ww dw⁺dw⁺ pel⁺pel⁺ ↓ w⁺w⁺ dw dw pel pel

(F1) bianche, ~~alte~~ alte, fiori normali x dwarf, peloria
ww⁺ dw dw⁺ pel pel⁺ ↓ w⁺w⁺ dw dw pel pel
(parentali)
UN SOLO TIPO DI GAMETE

P	[rosso, dwarf, peloria	172	$w^+dw pel / w^+dw pel$
	[white, lungo, normale	162	$w dw^+pel^+ / w^+dw pel$
RI	[white, dwarf, peloria	56	$w dw pel / w^+dw pel$
	[rosso, lungo, normale	48	$w^+dw^+pel^+ / w^+dw pel$
RII	[white, dwarf, normale	51	$w dw pel^+ / w^+dw pel$
	[rosso, lungo, peloria	43	$w^+dw^+pel / w^+dw pel$
DCO	[rosso, dwarf, normale	6	$w^+dw pel^+ / w^+dw pel$
	[white, lungo, peloria	5	$w dw^+pel / w^+dw pel$
<u>TOT. 543</u>			

a) QUALI ALLELI SONO DOMINANTI?

Avendo ottenuto una F_1 100% con fiori bianchi, stelo lungo e fiori normali, sappiamo che questi sono caratteri dominanti per cui la F_1 è eterotigote.

w è dominante su w^+
 pel^+ è dominante su pel
 dw^+ è dominante su dw

GENOTIPO F_1

$\Rightarrow w^+w dw^+dw pel^+pel$
 (white, stelo lungo, fiori normali)

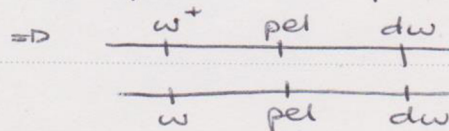
c) DISEGNARE UNA MAPPA

b) POSSO RISPONDERE ANCHE ALLA DOMANDA
 b) QUALI ERANO I GENOTIPI PARENTALI?
 $ww dw^+dw^+ pel^+pel^+ \times w^+w^+ dw dw pel pel$

Per stabilire le relazioni tra i 3 loci mi servo delle informazioni fornite della F_2 , individuando i fenotipi ricombinanti e quelli parentali, dato che il secondo genitore (dwarf, peloria) ha genotipo $w^+w^+ pel pel dw dw$ e può quindi produrre un solo tipo di gameti ($w^+ pel dw$) con tutti alleli recessivi e il fenotipo della F_2 sarà quindi determinato dai gameti prodotti dal primo genitore.

Le classi parentali saranno le più frequenti e quindi le prime due. Quelle in cui è avvenuto il doppio crossing-over le meno frequenti e quindi le ultime 2. Da queste capisco qual è il locus centrale perché risulterà scambiato rispetto alle parentali.

Il locus centrale è pel .



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).

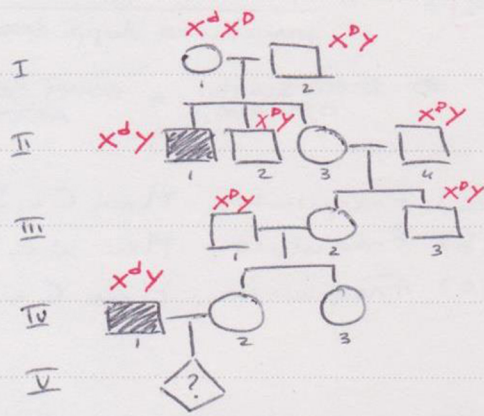
$$\frac{w \quad dw^+ \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel} \times \frac{w^+ \quad dw \quad pel}{w^+ \quad dw \quad pel}$$

$$\checkmark$$

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

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

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 $\overline{II}_3 = X^D X^d$, CIÒÈ $\frac{1}{2}$.
 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	$X^D Y$	$X^d Y$

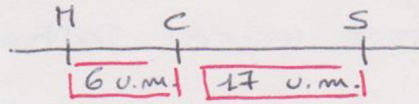
$\rightarrow \frac{1}{2}$ DELLA PROGENIE DI QUESTO INCROCIO PRESENTA LA MALATTIA $\Rightarrow \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{8} = \frac{1}{16}$ PROBABILITÀ CHE \overline{V}_1 SIA MALATO.

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



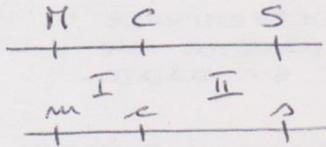
M = morfologia foglia
C = colore foglia
S = dimensioni foglia

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

(F₁) $Mm \ Cc \ Ss$ × $mmm \ c c \ s s$

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 F₁ I DOPPI SCAMBI DETERMINANO LA PRODUZIONE DEI GAMETI $M c S$ (E QUINDI DEI FENOTIPI F₂) $m C s$ (DCO)

CONOSCENDO f_{DCO} E LE DISTANZE DI MAPPA POSSO CALCOLARE LE FREQUENZE DEI DOPPI SCAMBI 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 F₁ e QUINDI FENOTIPI F₂

$M c s$
 $m C S$ (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 PROGENIE 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^+ = setole normali
 od = ali a 90° od^+ = ali normali
 g = occhio rosa g^+ = occhio normale

INCROCIO: (P) ♀ $ff^+ od od^+ gg^+$ × ♂ selvatici

(F₁) 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.

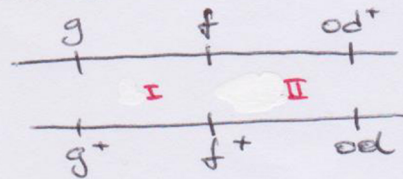
⇒ GENOTIPO MASCHI P: $f^+ od^+ g^+ / Y$ → PRODUCONO GAMETI

- $f^+ od^+ g^+$ → TUTTE LE FEMMINE F₁ HANNO FENOTIPO SELVATICO
- Y → I MASCHI F₁ 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 F₁, di cui posso anche stabilire il genotipo:

419	f	g	od^+	$/ Y$] (P) (più frequenti)
439	f^+	g^+	od	$/ Y$	
57	f^+	g	od	$/ Y$] (RI)
60	f	g^+	od^+	$/ Y$	
13	f^+	g	od^+	$/ Y$] (RII)
9	f	g^+	od	$/ Y$	
1	f	g	od	$/ Y$] (DCO) (meno frequenti)
2	f^+	g^+	od^+	$/ Y$	
<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:

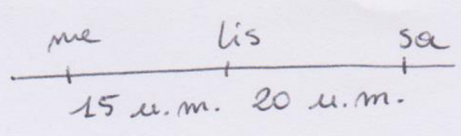
$$D_{g-f} = \frac{57 + 60 + 1 + 2}{1000} \cdot 100 = 12 \text{ u.m.}$$

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

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

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

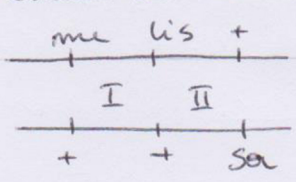
SECONDO INCROCIO

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

\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:



$i = 0.3$
 $\Rightarrow DCO = 1 - 0.3 = 0.7$

\textcircled{P}	$me \quad lis \quad +$	$\rightarrow 0.33$
	$+ \quad + \quad sa$	$\rightarrow 0.33$
\textcircled{RI}	$me \quad + \quad sa$	$\rightarrow 0.065$
	$+ \quad lis \quad +$	$\rightarrow 0.065$
\textcircled{RII}	$me \quad lis \quad sa$	$\rightarrow 0.09$
	$+ \quad + \quad +$	$\rightarrow 0.09$
\textcircled{DCO}	$me \quad + \quad +$	$\rightarrow 0.0105$
	$+ \quad lis \quad sa$	$\rightarrow 0.0105$

$f_{DCO_{oss}} = \underbrace{0.15}_{f_{R_{me-lis}}} \cdot \underbrace{0.20}_{f_{R_{lis-sa}}} \cdot \underbrace{0.7}_{CC} = 0.021 \Rightarrow \text{Frequenza singoli genotipi derivanti da DCO} = \frac{0.021}{2} = 0.0105$

$f_{RI} = f_{R_{me-lis}} - f_{DCO_{oss}} = 0.15 - 0.021 = 0.13 \Rightarrow \text{Frequenza singoli genotipi derivanti da RI} = \frac{0.13}{2} = 0.065$

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

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

$f_{RII} = f_{R_{lis-sa}} - f_{DCO_{oss}} = 0.20 - 0.021 = 0.18 \Rightarrow \text{Frequenza singoli genotipi derivanti da RII} = \frac{0.18}{2} = 0.09$

$f_P = 1 - (f_{RI} + f_{RII} + f_{DCO_{oss}}) = 1 - (0.13 + 0.18 + 0.021) = 0.67 \Rightarrow \frac{0.67}{2} = 0.33$

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⁺ = normale
 c = zampe corte c⁺ = zampe normali
 r = coda anicciata r⁺ = coda normale

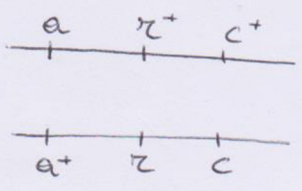
$$aa\ c^+c^+\ r^+r^+ \times a^+a^+\ cc\ rr$$

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

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 ⁺ c ⁺ r ⁺ / a c r
	969	a ⁺ c r
(RII)	138	a ⁺ c ⁺ r
	128	a c r ⁺
(RI)	88	a ⁺ c ⁺ r ⁺
	91	a c r
(DCO)	5	a c ⁺ r
	7	a ⁺ c r ⁺
	<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 F₂ CON ZAMPE CORTE.

I topi della F₂ 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:

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

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

FENOTIPO
ZAMPE CORTE

$$\frac{1}{4} + \frac{1}{2} = \frac{3}{4}$$