

ESERCIZIO 6 | LIEVITO ENOLOGICO CON TETRADI ORDINATE

lam + sco \otimes + bw +

A	B	C	D	E
lam + sco	lam + +	lam + sco	lam + sco	lam bw sco
+ + +	lam + +	lam + sco	lam bw +	lam bw sco
lam bw sco	+ bw sco	+ bw +	+ + sco	+ + +
+ bw +	+ bw sco	+ bw +	+ bw +	+ + +
H: II I II	I III	I II I	I II II	I I I
30	220	146	68	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 diti parentali (PD) o diti non parentali (NPD) o tetralipi 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 - bw	220 146	6	30 68	366 >> 6 \Rightarrow lam - bw associati
bw - sco	146 68	220 6	30	214 \approx 226 \Rightarrow bw - sco NON associati
lam - sco	30 146 6	220	68	182 \approx 220 \Rightarrow lam - sco NON associati

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

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

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

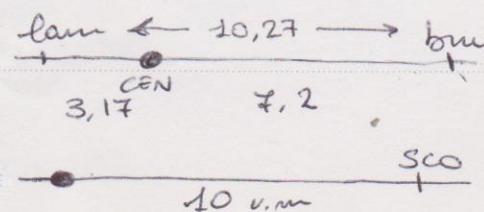
Per calcolare le distanze tra geni e centromeri invece devo prima stabilire quali pattern di segregazione presentano i geni nei vari archi ($H\bar{I} \rightarrow$ non è avvenuta ricombinazione tra il gene e il centromero, $H\bar{II} \rightarrow$ è avvenuta ricombinazione) e poi utilizzare la formula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

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

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

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

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

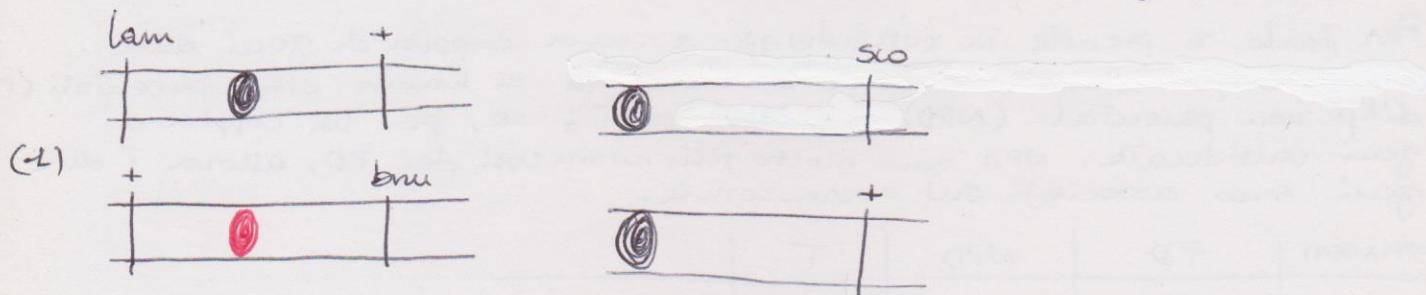


c) SCHEMATIZZARE LA METAFASE I CHE HA DATO ORIGINE ALL'ASCO E.

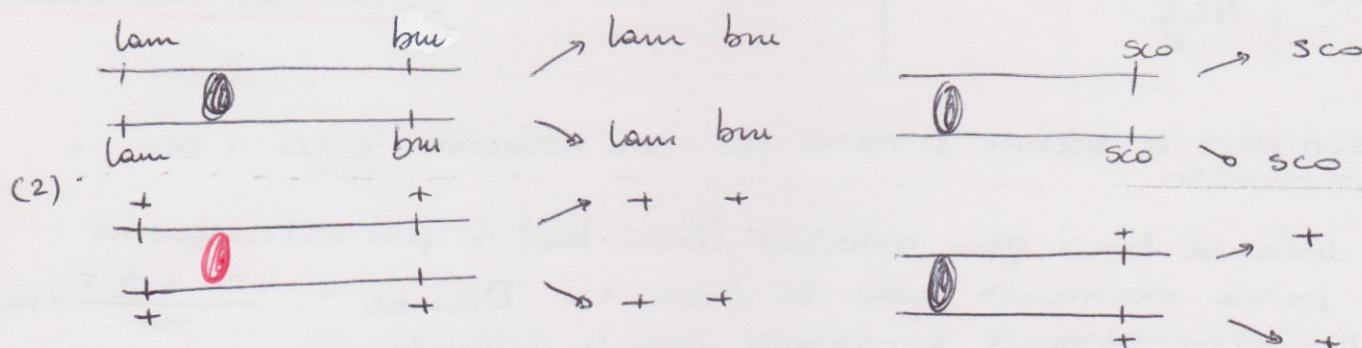
L'asco E contiene la tetrade ORDINATA

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

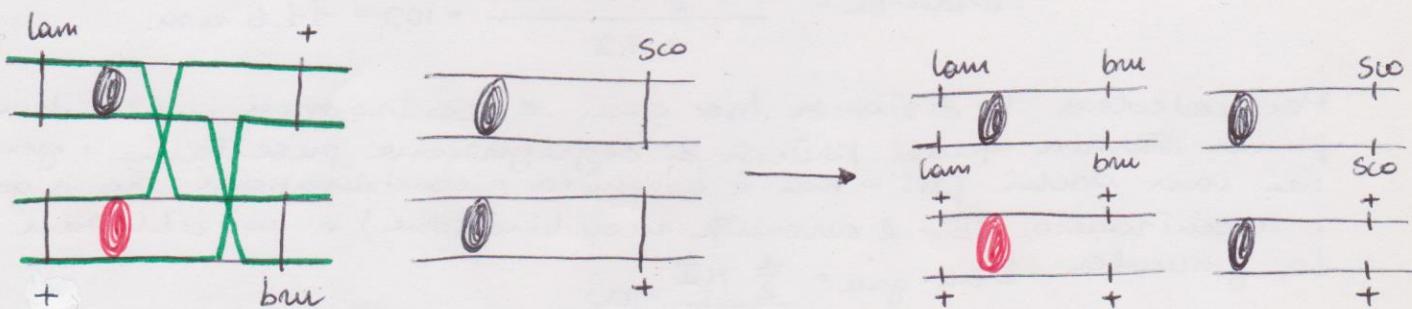
Aveendo disegnato la mappa, possiamo disegnare un'ipotetica disposizione dei cromosomi omologhi in metà fase (prima che sia avvenuto il crossing-over), distinguendoli i ~~due~~ centromeri con colori diversi, per poi poterli seguire con più comodità. Lavoriamo prima sul cromosoma su cui mappano lam e 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 le tetrade considerata:



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



ESERCIZIO 3 leu, his e arg: 2 associati e uno non, 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 +	+ + org	+ his arg	+ + +
H: I I I	I I I	II I I	II I I	II I I
64	58	31	35	37
				TOT. 225

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

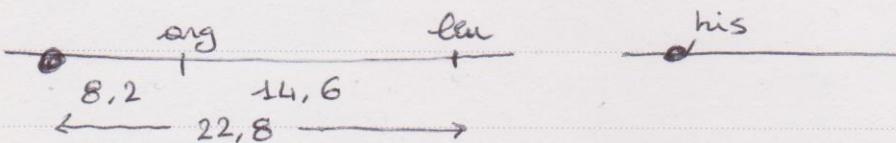
COPPIA GENI	PD	NPD	T	
leu-his	64	58	31 35 37	\Rightarrow <u>NON ASSOCIATI</u>
his-org	64 35	58 31	37	\Rightarrow <u>NON ASSOCIATI</u>
leu-org	64 58 37	0	31 35	\Rightarrow <u>ASSOCIATI</u>

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

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

$$D_{org-CEN} = \frac{\frac{1}{2} \text{ HII}_{org}}{\text{TOT}} \cdot 100 = \frac{\frac{1}{2}(37)}{225} \cdot 100 = 8,2 \text{ u.m.}$$

$$D_{his-CEN} = \frac{\frac{1}{2} \text{ HII}_{his}}{\text{TOT}} \cdot 100 = 0 \text{ u.m.} \rightarrow \text{STRETTAMENTE ASSOCIAZIO AL CENTROMERO}$$

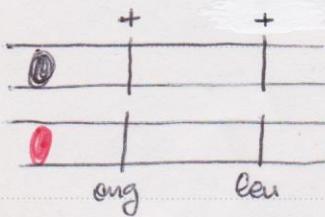


$D_{leu-CEN}$
 MAGGIORI
 delle distanze
 dei due geni
 del centromero
 \Rightarrow org è
 tra CEN e
 leu-

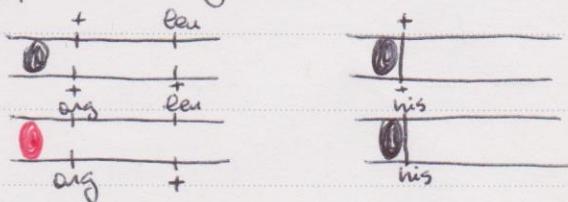
b) DISSEGNARE GLI SCAMBI CHE HANNO DATO ORIGINE ALL'ASCO D

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

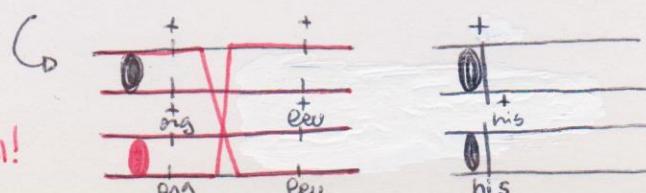
Disposizione arbitraria* iniziale:



Configurazione (post-crossingover) richieste:



Scambi avvenuti:



N.B. CERCARE
 DI DISPOSERE I CROMOSOMI
 CON ORIENTAMENTO
 PIÙ SIMILE POSSIBILE ALLA
 TETRADE RISULTANTE,
 PER EVITARE COMPLICAZIONI
 NEL DISEGNO DEGLI SCAMBI!