

10-11 классы

1. Черных кроликов из чистой линии скрестили с белыми кроликами и получили в потомстве только черных кроликов. Затем кроликов из первого поколения возвратно скрестили с белыми кроликами из родительской линии. В потомстве получили черных, голубых, коричневых, светло-голубых и белых кроликов в соотношении 1:1:1:1:4. При скрещивании гибридов первого поколения между собой, было получено расщепление на черных, голубых, коричневых, светло-голубых и белых кроликов в соотношении 27:9:9:3:16. Как наследуются признаки? Какие генотипы были у родительских особей и потомства возвратного скрещивания?

Отсутствие расщепления в F1 позволяет предположить, что родители были чистыми линиями. Тогда возвратное скрещивание это скрещивание с рецессивной гомозиготой, как минимум по трём генам, причём один из них блокирует проявление остальных (эпистаз). Это рецессивный эпистаз, иначе в F2 было бы 27/64 белых особей. Если исключить белых особей из F2, окажется, что по остальным двум генам расщепление 9:3:3:1, что легко объясняется комплементарным взаимодействием этих генов. Таким образом, признак определяется тремя взаимодействующими генами. (5 баллов). Тип взаимодействия комплементарное/рецессивный эпистаз, также допустимо взаимодействие всех трёх генов называть комплементарным (2,5 балла). Гены наследуются независимо. (2,5 балла). Необходимо правильно нарисовать все схемы скрещиваний с указанием фенотипов: родители, F1 на белых родительских, F1 между собой. (15 баллов: по 2,5 балла за каждую схему и 2,5 балла за указание фенотипов)

2. Провели скрещивание самок дрозофил с желтым телом, белыми глазами и обрезанными крыльями и самцов с серым телом, красными глазами, нормальными крыльями. В первом поколении самки имели серое тело, красные глаза, нормальные крылья, а самцы желтое тело, белые глаза и обрезанные крылья.

Во втором поколении было получено следующее расщепление:

серое тело, красные глаза и нормальные крылья - 295/720

серое тело, красные глаза и обрезанные крылья - 59/720

серое тело, белые глаза и нормальные крылья - 1/720

серое тело, белые глаза и обрезанные крылья - 5/720

желтое тело, красные глаза и нормальные крылья - 5/720

желтое тело, красные глаза и обрезанные крылья - 1/720

желтое тело, белые глаза и нормальные крылья - 59/720

желтое тело, белые глаза и обрезанные крылья – 295/720

Объясните результат. Как наследуется каждый из признаков?

Наблюдается ли взаимодействие неаллельных генов? Если да, то как называется этот

тип взаимодействия? Сцеплены ли гены? Можно ли вычислить частоту кроссинговера?

Каждый из признаков демонстрирует крисс-кросс наследование, что указывает на сцепление с X-хромосомой (2,5 балла). Необходимо правильно нарисовать схему скрещивания (2,5 балла). Нет оснований предполагать взаимодействие генов (2,5 балла). Гены сцеплены, так как они все на одной X-хромосоме, при этом сцеплены достаточно тесно: ни одна из трёх возможных пар генов не демонстрирует расщепление 1:1:1:1, которое можно было ожидать при независимом наследовании (2,5 балла). Далее, необходимо провести расчет частоты кроссинговера по трём возможным парам генов – 1,67%, 16,7% и 17,7% (округлено). (10 баллов). Дальше всего друг от друга находятся гены, отвечающие за цвет тела и форму крыльев, можно построить карту хромосомы. Если предполагать, что кроссинговер на двух участках хромосомы происходит независимо, то частота двойного кроссинговера должна быть равна $0.168 \cdot 0.168 = 0.28\%$ (округлено). В задаче двойной кроссинговер происходит с той же самой частотой ($2/720 = 0.28\%$, округлено), значит в данном случае интерференции при кроссинговере не наблюдается. (5 баллов).

3. Закон Харди-Вайнберга предполагает, что гаметы с различными генотипами образуются в популяции с частотами, соответствующими частотам (долям) аллелей и сочетаются при оплодотворении случайным образом. К примеру, при наличии у гена двух аллелей А и а с частотами р и q, генотип АА будет встречаться с частотой p^2 , Аа - с частотой $2pq$ и аа с частотой q^2 . Аллели генов, находящихся на разных хромосомах, попадают в гаметы независимо.

Окраска плодов растения контролируется двумя генами. Генотипы А_В_ и А_bb дают белую окраску плодов, aaВ_ - жёлтую, aabb - зеленую. Растения с белыми плодами встречаются с частотой 36%, с желтыми - 60%, с зелёными - 4%. Найдите частоты аллелей для генов А и В.

Проще всего вывести уравнение Харди-Вайнберга для двух генов исходя из закона независимого наследования и уравнения для пары аллелей одного гена. Необходимо опираться на закон независимого наследования - в данном случае частота генотипа по двум генам равна произведению частот генотипов по каждому из генов. Например (частоты аллелей обозначены теми же буквами, что и аллели):

$$A^2B^2 + 2AaB^2 + a^2B^2 + 2A^2Bb + 4AaBb + 2a^2Bb + A^2b^2 + 2Aab^2 + a^2b^2 = 1$$

Допустимо не выводить эту формулу целиком, вычислить частоты аллелей сначала для гена А (белые : жёлтые+зелёные), и учесть полученное значение а при расчёте частот по гену В (2,5 балла).

$$\text{Зеленые} = a^2b^2 = 0,04 \quad (2,5 \text{ балла})$$

$$\text{желтые} = 2a^2Bb + a^2B^2 = 0,60 \quad (2,5 \text{ балла})$$

$$\text{белые} = A^2B^2 + 2AaB^2 + 2A^2Bb + 4AaBb + A^2b^2 + 2Aab^2 = 0,36 \quad (2,5 \text{ балла})$$

$$\text{Зеленые} + \text{желтые} = a^2b^2 + 2a^2Bb + a^2B^2 = 0,04 + 0,60 = 0,64$$

$$a^2(b^2 + 2Bb + B^2) = 0,64$$

$$a^2 = 0,64 \quad (7,5 \text{ баллов})$$

$$a = 0,8$$

$$A = 1 - a = 0,2$$

$$a^2b^2 = 0,04$$

$$0,64b^2 = 0,04 \quad (5 \text{ баллов})$$

$$b = 0,25$$

$$B = 1 - b = 0,75 \quad (2,5 \text{ балла})$$

В итоге: $a = 0,8$ $A = 0,2$ $b = 0,25$ $B = 0,75$

4. Согласно данным секвенирования ДНК длина гена А составляет 7560 нуклеотидов. Однако, согласно данным нозерн-блоттинга с РНК, длина транскриптов, ассоциированных с данным геном составляет 2550 нуклеотидов и 2031 нуклеотидов. Почему? Можно ли подобрать зонд (одноцепочечный фрагмент ДНК, содержащий метку) для нозерн-гибридизации таким образом, чтобы детектировался только один из транскриптов?

Структура гена указана ниже. Красным цветом обозначены экзоны, синим — интроны, цифрами — размеры экзонов в нуклеотидах.



Поскольку в задаче написано про экзоны и интроны - это эукариотический ген, иРНК подвергается сплайсингу после транскрипции (2,5 балла). Разная длина транскриптов может быть связана с альтернативным сплайсингом или с наличием альтернативных промоторов. В данном случае транскрипты отличаются наличием/отсутствием экзона в середине, значит это альтернативный сплайсинг (2,5 балла). Необходимо указать какие экзоны входят в каждый транскрипт (5 баллов). В случае длинного транскрипта очевидно, что зонд, подобранный на второй экзон может связываться только с этим транскриптом (5 баллов). Специфическая детекция короткого транскрипта возможна - для этого надо подобрать зонд, комплементарный точке соединения 1-го и 3-го экзонов (7,5 баллов). Для длинного транскрипта также можно использовать зонд, подобранный на стык экзонов: 1-го и 2-го или 2-го и 3-го (2,5 балла).