



**МОСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
имени М.В. ЛОМОНОСОВА**

ОЛИМПИАДНАЯ РАБОТА

Наименование олимпиады школьников: **«Ломоносов»**

Профиль олимпиады: **Генетика**

ФИО участника олимпиады: **Румянцева Анна Александровна**

Класс: **10-11**

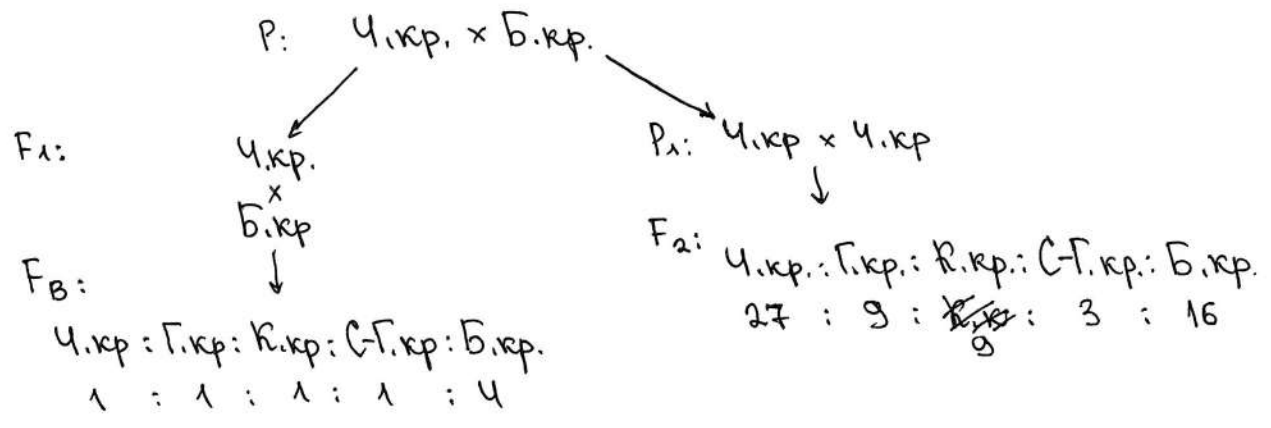
Технический балл: **77,5**

Дата проведения: **01 марта 2022 года**

Задание	Комментарии	Баллы
1	Участником неправильно указаны типы взаимодействия.	17,5
2	Участником не составлена генетическая карта, неправильно рассчитан кроссинговер.	10
3	Задание выполнено.	25
4	Задание выполнено.	25

Чистовик

①



Имеется 5 фенотипических классов. Это возможно в ситуации, когда признак регулируется 2-мя генами по типу полимерии, но при этом было бы другое соотношение этих классов. Предположим, что признак кодируется 3-мя генами. Например, A(a), B(b) и C(c).

Тогда, для возвратного скрещивания (т.к. получаются все фенотипические классы, следует полагать, что родитель (Б.кр.) - тройная рецессивная гомозигота, а в F₁ получился тригетерозигота)

	ABC	ABc	AbC	aBC	Abc	aBc	abC	abc	
abc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	AaBbCc	← F _B

Допустим, ген c по типу рецессивного эпистаза вызывает проявление генов A и B. А гены A и B взаимодействуют по типу кодоминирования. Такой логикой вполне объясняется расщепление 1:1:1:1:4. Тогда один из родителей aaBBcc - Б.кр., а второй AABBCC - Ч.кр. Проверим на F₁: (AaBbCc)

	ABC	ABc	AbC	aBC	Abc	aBc	abC	abc
ABC	<u>AABBCC</u>	<u>AABBcC</u>	<u>AABbCC</u>	<u>AaBBCC</u>	<u>AABbCc</u>	<u>AaBBcC</u>	<u>AaBbCC</u>	<u>AaBbCc</u>
ABc	<u>AABBcC</u>	<u>AABBcc</u>	<u>AABbCc</u>	<u>AaBBcC</u>	<u>AABbcc</u>	<u>AaBBcc</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>AaBbcc</u>
AbC	<u>AABbCC</u>	<u>AABbCc</u>	<u>AAbbCC</u>	<u>AaBbCC</u>	<u>AAbbCc</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>AabbCC</u>	<u>AabbCc</u>
aBC	<u>AaBBCC</u>	<u>AaBBcC</u>	<u>AaBbCC</u>	<u>aaBBCC</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>aaBBcC</u>	<u>aaBbCC</u>	<u>aaBbCc</u>
Abc	<u>AABbCc</u>	<u>AABbcc</u>	<u>AAbbCc</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>AAbbcc</u>	<u>AaBbcc</u>	<u>AabbCc</u>	<u>Aabbcc</u>
aBc	<u>AaBBcC</u>	<u>AaBBcc</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>aaBBcC</u>	<u>AaBbcc</u>	<u>aaBBcc</u>	<u>aaBbCc</u>	<u>aaBbcc</u>
abC	<u>AaBbCC</u>	<u>AaBbCc</u>	<u>AabbCC</u>	<u>aaBbCC</u>	<u>AabbCc</u>	<u>aaBbCc</u>	<u>aaabbCC</u>	<u>aaabbCc</u>
abc	<u>AaBbCc</u>	<u>AaBbcc</u>	<u>AabbCc</u>	<u>aaBbCc</u>	<u>Aabbcc</u>	<u>aaBbcc</u>	<u>aaabbCc</u>	<u>aaabbcc</u>

- 16 Б.кр. ---- cc □
- 27 Ч.кр. A-B-C- —
- 9 Г.кр. A-bbC- ○
- 9 К.кр. aaB-C- ☁
- 3 С-Г.кр. aaBbC- ✨

Предположение подтверждается

2) Если рассмотреть скрещивание P: ♀ т.т./б.ш/о.кр × ♂ с.т/к.ш/н.кр

заметьте, что признаки наследуются крест-накрест между полами, значит признаки сцеплены с полом (X-хромосомой). Следовательно, сашка из P - рецессивная по мутации, а сашка - доминантная мутация + Y.

F₁: ♀ с.т/к.ш/н.кр и ♂ т.т./б.ш/о.кр

Если посмотреть на второе поколение F₂, то видно, что каждый из признаков встречается с частотой 0,5, но при этом общие фенотипические классы соотносятся неравномерно. Значит признаки сцеплены между собой.

Для удобства будем записывать гены на X хромосоме не X^{ABC}, а просто ABC, а Y хромосому, не несущую их и не способную к кроссинговеру, как и все хромосомы сашка дрозофилы, обозначать будем отдельно - Y.

В F₁ получили тригетерозиготную сашку $\frac{ABC}{abc}$ и мутантного сашка $\frac{Y}{abc}$ (точнее $\frac{ABC}{abc}$)

Гаметы сашки: ABC, abc - некресоверные;
Abc, AbC, aBc, ABc, abC, aBC - кроссоверные.

Гаметы сашка: Y, abc - некресоверные.

♂	♀	ABC 0,41	abc 0,41	ABc 0,082	AbC 0,001	aBC 0,007	abC 0,082	aBc 0,001	Abc 0,001
Y 0,5		$\frac{ABC}{Y}$ 0,205	$\frac{abc}{Y}$ 0,205	$\frac{ABc}{Y}$ 0,041	$\frac{AbC}{Y}$ 0,0005	$\frac{aBC}{Y}$ 0,0035	$\frac{abC}{Y}$ 0,041	$\frac{aBc}{Y}$ 0,0005	$\frac{Abc}{Y}$ 0,0035
abc 0,5		$\frac{ABC}{abc}$ 0,205	$\frac{abc}{abc}$ 0,205	$\frac{ABc}{abc}$ 0,041	$\frac{AbC}{abc}$ 0,0005	$\frac{aBC}{abc}$ 0,0035	$\frac{abC}{abc}$ 0,041	$\frac{aBc}{abc}$ 0,0005	$\frac{Abc}{abc}$ 0,0035

Частота кроссинговера 18% (всех вариантов)
 Между B и C $0,082 \times 2 = 0,164$ или 16,4%
 Между A и B $0,008$ или 0,8%
 Между A и C $0,002 = 0,2\%$
 Общая частота кроссинговера = 18%

- ③ $A-bb$ и $A-bb \rightarrow$ белые 36%
 $aaB-$ \rightarrow темные 60%
 $aaBB$ \rightarrow зеленые 4%

Можно заметить, что общая частота рецессивных по A = 60% + 4% = 64% или 0,64,

тогда $q(a) = \sqrt{0,64} = 0,8$, значит $p(A) = 1 - 0,8 = 0,2$

чтобы получить $aaBB$, нужно умножить $q(a)^2 \cdot p(B)^2 = 0,04$, (независимые события вероятности перемножаются)
 отсюда $q(b)^2 = \frac{0,04}{0,64} = \frac{1}{16}$, а $q(b) = \sqrt{\frac{1}{16}} = \frac{1}{4}$ или 0,25

Значит $p(B) = 1 - 0,25 = 0,75$

Ответ: частота $A = 0,2$ или 20%, частота $B = 0,75 = 75\%$

- ④ Длина гена $A = 7560$ н.

После сплайсинга получаются РНК длиной 2550 н. и 2031 н. (альтернативный)

Флики интронов:

$\Delta_1 = 781$ н.

Как должен пройти сплайсинг?

$\Delta_2 = 519$ н.

Если удалить все интроны и оставить все экзоны, ($\Delta_1 \Delta_2 \Delta_3 \Delta_4$) получим длину $781 + 519 + 841 + 409 = 2550$ н. (что является одним из вариантов РНК, полученных при козери-блонтинге)

$\Delta_3 = 841$ н.

$\Delta_4 = 409$ н.

Если удалить только интронов еще и второй экзон (Δ_2), получим РНК

состава $\Delta_1 \Delta_3 \Delta_4$ и длиной $781 + 841 + 409 = 2031$ н.

(что является второй полученной РНК)

Тогда можно подобрать зонд ко второму экзону и детектировать только РНК состава $\Delta_1 \Delta_2 \Delta_3 \Delta_4$.

Можно попробовать подобрать зонд к месту сшивки Δ_1 и Δ_3 , и детектировать только РНК, состава $\Delta_1 \Delta_3 \Delta_4$, но в этом случае необходимо смотреть на последовательность нуклеотидов этого участка, не имеют ли они соответствий с Δ_2 .

Черновик

лист № 4

① Ч.кр × Б.кр → Ч.кр × Ч.кр

↓
Ч.кр × Б.кр

↓
Ч.кр : Г.кр : К.кр : СТ.кр : Б.кр
27 : 9 : 9 : 3 : 16

↓
Ч.кр : Г.кр : К.кр : СТ.кр : Б.кр
1 : 1 : 1 : 1 : 4

можно не 1 ген:

~~AAbb × aaBB~~

AABB × ~~aa~~abb
AaBb нм

AABBCC × aabbcc
AaBbCc

	ABC	ABc	AbC	abc	ABc	aBc	abC	abc
ABC	<u>AABBCC</u>	<u>AABBcC</u>	<u>AABbCC</u>	<u>AaBBCC</u>	<u>AABbCc</u>	<u>AaBBcC</u>	<u>AaBbCC</u>	<u>AaBbCc</u>
ABc	<u>AABbCc</u>	AABbcc	<u>AABbCc</u>	<u>AaBBcC</u>	AABbcc	AaBBcc	<u>AaBbCc</u>	AaBbcc
AbC	<u>AABbCC</u>	<u>AABbCc</u>	AAbbCC	<u>AaBbCC</u>	AAbbCc	<u>AaBbCc</u>	AabbCC	AabbCc
abc	<u>AaBBCC</u>	<u>AaBBcC</u>	<u>AaBbCC</u>	aaBBCC	<u>AabbCc</u>	aaBBcC	aabbCC	aabbCc
Abc	<u>AABbCc</u>	AABbcc	AAbbCc	<u>AaBbCc</u>	AAbbcc	AaBbcc	AabbCc	Aabbcc
aBc	<u>AaBBcC</u>	AaBBcc	<u>AaBbCc</u>	aaBBcC	AaBbcc	aaBBcc	aabbCc	aabbcc
abC	<u>AaBbCC</u>	<u>AaBbCc</u>	AabbCC	aaBbCC	AabbCc	aaBbCc	aabbCc	aabbCc
abc	<u>AaBbCc</u>	AaBbcc	AabbCc	aaBbCc	Aabbcc	aaBbcc	aabbCc	aabbcc

- Б.кр. ---- cc
- Ч.кр. A- B- C- —
- Г.кр. A- bb C-
- К.кр. aa B- C-
- СТ.кр. aabb C-

- ✓ рецессивный эпистаз по c
- ✓ кодоминирование A и B

] F₂

2) Угем мена 1:1

P: ♀ m.m/δ.u/o.kp × ♂ c.m/κ.u/u.kp

Угем мая 295+59+5+1:0

♀ c.m/κ.u/u.kp ↓ u ♂ m.m/δ.u/o.kp

красе-кросе наследование

сцеплено с X-хр.

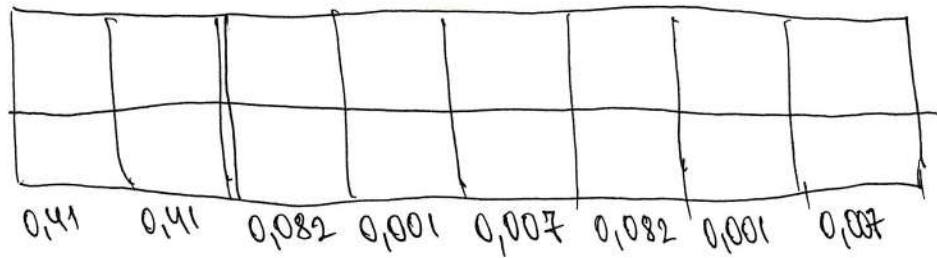
	$AaBbCc \times abcY$							
	ABC	ABc	AbC					
y	ABCy	ABcy	AbCy	aBCy	Abcy	aBcy	abCy	abcy
abc	AaBbCc	Aabbcc	AabbCc	aaBbCc	Aabbcc	aabbcc	aabbCc	aabbcc
	295	59	1	5	5	1	59	295
	0,400	0,082	0,001	0,007				
	0,41	0,082	0,001	0,007	0,007	0,001	0,082	0,41
			кросе		некросе			
			0,016		0,984			

3) $A-B-$ и $A-bb \rightarrow \delta.окр. 36\%$
 $aaB-$ \rightarrow м.окр. 60%
 $aabb \rightarrow \gamma.окр. 4\%$

Всего: 64% aa
 $p(a) = 0,8$ $p(A) = 0,2$
 $p(b) = 0,16$ $p(B) = 0,25$
 $p(bb) = 0,0625$ $p(BB) = 0,75$

4) группа A = 7560 н.
 и PKK = 2550 н. и 2031 н.

$\partial_1 = 781$ н. $\checkmark \partial_1 \partial_2 \partial_3 \partial_4 = 2550$ можно, если зонг к ∂_2 .
 $\partial_2 = 519$ н. $\partial_1 \partial_2 \partial_3 = 2141$
 $\partial_3 = 841$ н. $\partial_2 \partial_3 \partial_4 = 1769$
 $\partial_4 = 409$ н. $\checkmark \partial_1 \partial_3 \partial_4 = 2031$ можно, если зонг к $\partial_1 - \partial_3$ сцепленно



BC - 0,082 + 0,082
 AB - 0,001 + 0,007
 Двойной 0,001 + 0,001