



0 957925 220009

95-79-25-22
(17.1)



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

Вариант _____

Место проведения Москва
город

ПИСЬМЕННАЯ РАБОТА

Олимпиада школьников Ломоносов
наименование олимпиады

по генетике
профиль олимпиады

Кузнецовой Ангелины Сергеевны
фамилия, имя, отчество участника (в родительном падеже)

Дата

« 26 » февраля 2023 года

Подпись участника

95-79-25-22
(17.1)

Блок 1, вариант 2.

Предположим, что признак окраски у змей наследуется 2 генами (А и В) они взаимодействуют по принципу комбинентарного взаимодействия.

А-В - зел.

А-вв - бел.

ааВ - голуб.

аавв - бел.

По каждому гену наблюдается полное доминирование:
А > а, В > в

Скрещивание №1

Р: аавв × ааВВ
бел. гол.

F₁: ааВв
гол.

Скрещивание №2

Р: ААВВ × ААВВ
зел. бел.

F₁: ААВв
зел.

Скрещивание №3 Р: ааВв × ААВВ
гол. зел.

F₁: 3(АаВ-) : 1(АаВв)
бел. бел.

Скрещивание №4 Р: АаВв × АаВв

F₁: 3(А-ВВ) : 1(аавв)
бел. бел.

(2(АаВв) : 1(ААВВ))
бел. бел.

((3:1)(1))
А- аа ВВ

При скрещивании между собой белых змей из скрещивания №4 можно получить белых змей:

Р: А-вв × А-вв
бел. бел.

Рассм. расщепление по гену А:

	$\frac{2}{3} A\bar{v}$	$\frac{1}{3} a\bar{v}$
$\frac{2}{3} A\bar{v}$	$\frac{4}{9} AA$ бел.	$\frac{2}{9} Aa$ бел.
$\frac{1}{3} a\bar{v}$	$\frac{2}{9} Aa$ бел.	$\frac{1}{9} aa$ бел.

$P(\text{бел.}) = \frac{1}{9}$

т.к. из скрещивания №4 2(АаВв) : 1(ААВв), то

$P(A) = \frac{2}{3}$
 $P(a) = \frac{1}{3}$

$2(Aa) : 1(AA)$
 $4(A) : 2(a)$
 $2(A) : 1(a)$

где P(A) - вероят- ность получить гамету, содержащую А, P(a) - гамета (a)

(по гену В получается лишь гаметы вв).

Предположение о 2^х генах можно было выдвинуть, исходя из предположения о том, что по одному из генов не должно было быть расщепления в скрещиваниях, что и было использовано для решения.

2 вариант решения:

Также можно выдвинуть предположение о том, что признак наследуется одним геном, т.к. расщепление наблюдается в 3 и 4 скрещиваниях получается потомство по расщеплению по одному гену (3:1).

Предположим, что признак наследуется одним геном, при этом по этому гену наблюдается множественный аллелизм:

а₁а₁ - бел.

а₂а₂ - голуб.

а₃а₃ - зел.

а₄а₄ - бел.

Скрещивание №1

Р: а₁а₁ × а₂а₂
бел. гол.

F₁: а₁а₂
гол.

(а₂ доминирует над а₁)

Скрещивание №2

Р: а₃а₃ × а₄а₄
зел. бел.

F₁: а₃а₄
зел.

а₃ > а₄

Скрещивание №3

Р: а₁а₂ × а₃а₄
гол. зел.

F₁: а₁а₃ : а₁а₄ : а₂а₃ : а₂а₄
гол. бел. зел. бел.

а₃ > а₁, а₃ > а₂, а₄ > а₁, а₄ > а₂

① Скрещ. (№4) P: $a_1 a_4 \times a_1 a_4$

Блок 1, вариант 2 (продолжить)

F₁: $a_1 a_1$: $2a_1 a_4$: $a_4 a_4$
 деп. мейн. мейн.

При скрещивании пестика зиготы из 4 скрещ. можно получить потом:

P: $a_4 - \times a_4 -$

	$a_1 \frac{1}{3}$	$a_4 \frac{2}{3}$
$\frac{1}{3} a_1$	$\frac{1}{9} a_1 a_1$ деп.	$\frac{2}{9} a_1 a_4$ мейн.
$\frac{2}{3} a_4$	$\frac{2}{9} a_4 a_1$ мейн.	$\frac{4}{9} a_4 a_4$ мейн.

$2a_1 a_4$: $a_4 a_4$

$2a_1$: $4a_4$

$2a_4$: a_1

$p(\text{деп}) = \frac{1}{9}$



Блок 2, вариант 1. По генам А, В и D наблюдается полное доминирование. Самица чистого типа - AABBDD, т.к. все особи в F₁ имеют фенотип ABD; в ином случае появились бы фенотипы, рецессивные по одной из ~~пар~~ пар генов и по А, В или D.

P: ♀ AABBDD × ♂ aabbdd
 F₁: ♀ AaBbDd × ♂ AaBbDd
 F₂: ABD - 211
 ABd - 0
 AbD - 14
 Abd - 0
 aBD - 0
 aBd - 16
 abD - 0
 abd - 59

Σ 300

* порядок расщепления ищ не определен

П.к. у самцов происходит кроссинговер не происходит, при условии, что гены А, В и D образуют группу сцепления, т.е. находятся на одной хромосоме, у самца образуются гаметы

(ABD) и (abd)

т.е. при независимости расщепления по генетам

Гены А, В и D образуют группу сцепления, т.к. если в обратном случае как-то соотношались потомков в F₂ было бы близко к:

$(3:1)(3:1)(3:1) = 27:9:9:9:9:3:3:1$, однако оно не близко к такому соотношению, т.к. некоторые фенотипы и вовсе отсутствуют ⇒ ищ образуют группу сцепления.

Предположим, что вероятность образования гаметы ^{самца} определенного типа = вероятности их попадания в яйцеклетку самки, тогда у 150 потомков в F₂ ($\frac{300}{2} \cdot 150$) от отца (abd), а у группы 150 - (ABD) ⇒ 150 потомков имеют фенотип ABD за счёт того, что получили гамету (ABD) от отца ⇒ 211 - 150 = 61 потомок в F₂ получил гамету (abd) от отца и (ABD) от матери

Рассмотрим потомков в F₂, получивших гамету (abd) от отца:

- ABD - 61
 - ABd - 0
 - AbD - 14
 - Abd - 0
 - aBD - 0
 - aBd - 16
 - abD - 0
 - abd - 59
- Σ 150

получили от отца (abd), т.к. у отца не может быть кроссинговера ⇒ не может образовывать другие гаметы кроме (ABD) и (abd)

самца произошло

Найдем частоту кроссинговера:

ABD } 61 AB
 ABd }
 AbD } 14 Ab
 Abd }
 aBD } 16 aB
 aBd }
 abD } 59 ab
 abd }
 r(A-B) = $\frac{14+16}{150} = \frac{30}{150} = \frac{1}{5} = 0,2$
 кроссоверное, т.к. их меньше всего

ABD } BD 61
 aBD } BD
 ABd } Bd → 16
 aBd } Bd
 aBD } Bd → 14
 aBd } Bd
 Abd } bd 59
 abd }

r(B-D) = $\frac{30}{150} = 0,2$

Блок 2, вариант 1 (продолжение).

$ABD \} AD \quad 75$
 $AbD \}$

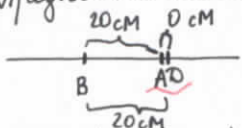
$aBD \} aD \quad 0$
 $aBd \}$

$ABd \} Ad \quad 0$
 $Abd \}$

$aBd \} ad \quad 75$
 $abd \}$

$r(A-D) = 0 \Rightarrow$ полное сечение швов A и D,
 т.к. нет потоков aD и $Ad \Rightarrow$ нет крестин
 (перекрестия) между A и D
 а также \rightarrow при наложении швов A и D
 они сдвигаются сдвигаются, т.к. в этом случае
 количество потоков с противоположными
 AD, aD, Ad и ad были бы примерно равны.

Предполагаемая карта:



$r(A-B) = r(B-D) = 20 \text{ cm}$

$r(A-D) = 0 \Rightarrow$ полное сечение (швы или не происхо-
 дит крестин/перекрестия, они выходящие рядом
 друг с другом)

Возможна 2 варианта карт
 Нет за определять, какой из 0 или 75 и B.

Блок 3, вариант 1.

1) Ген А в нативном виде в составе плазмиды не будет нормально транскрибироваться, с него будет идти транскрипция, и трансляция, но будет получаться ненормальный продукт, т.к. в гене есть интроны. В клетках эукариот интроны не вырезаются в результате сплайсинга, в клетках же бактерий сплайсинга нет \Rightarrow будет происходить трансляция с мРНК, содержащей интроны, \Rightarrow будет получаться ~~б~~ белок не рабочей с мРНК, содержащей интроны, \Rightarrow будет получаться белок, содержащий поперечательности интронов. Планка вероятна прерываемая терминация транскрипции в случае наличия определенных поперечательностей в поперечательности ДНК гена, т.к. механизмы терминации транскрипции прокариот и эукариот отличаются соответственно отличаются и поперечательности терминатора. Чтобы получить функционирующую в клетках бактерии копию гена, нужно произвести обратную транскрипцию (мРНК без интронов \rightarrow ДНК), после чего воспользоваться ПЦР для увеличения количества целевой гена.

Ген А в нативном виде вне плазмиды не будет ни транскрибироваться, ни транскрибироваться, т.к. он будет не в составе хромосомы или плазмиды в бактерии \Rightarrow ~~ДНК гена~~ будет восприниматься как чужая. \Rightarrow надо встроить ген А в плазмиду для получения функционирующей копии гена, предварительно произвести обратную транскрипцию мРНК без интронов в ДНК.

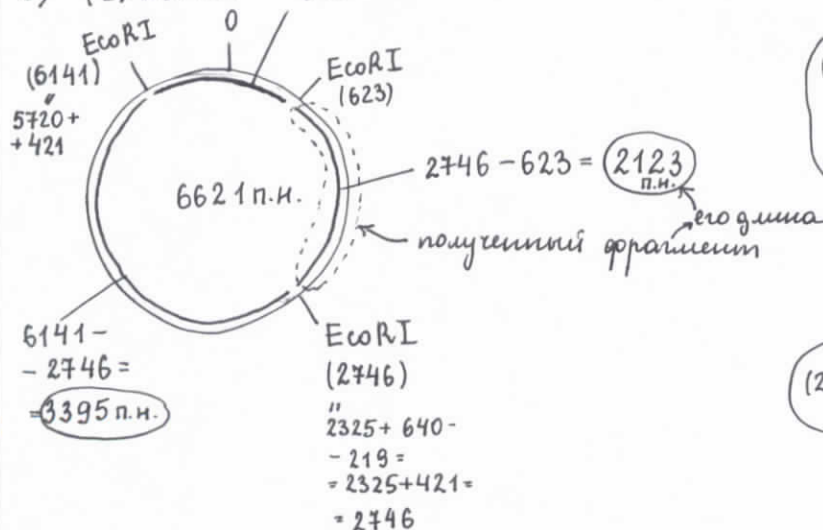
2) Чтобы она работала, ген должен быть без интронов \Rightarrow ^{без интронов} длина гена А = $1000 - (460 - 200) - (880 - 780) = 1000 - 260 - 100 = 1000 - 360 = 640$ п.н.

Длина участка между сайтами рестрикции BamHI и NotI в плазмиде В, который вырезается в результате рестрикции и встраивания поперечательности гена А = $1005 - 1388 = 219$ п.н.

Размер работоспособной рекомбинантной конструкции = $106200 + 640 - 219 = 6200 + 421 = 6621$ п.н.

Ответ

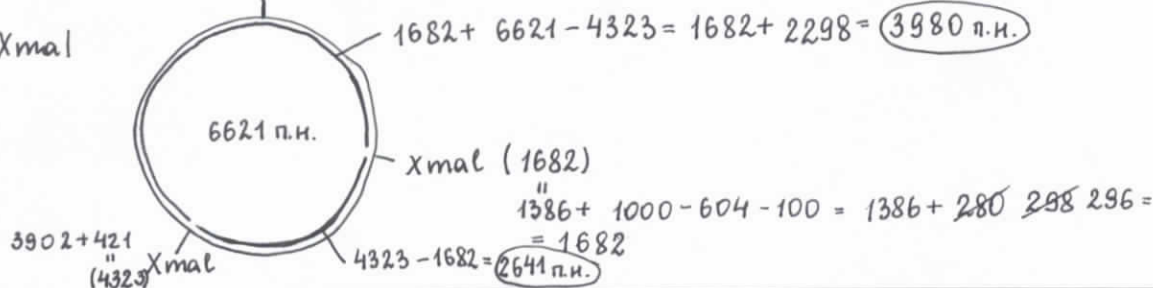
3) (1) EcoRI $6621 - 6141 + 623 = 520480 + 623 = 1103$ п.н.



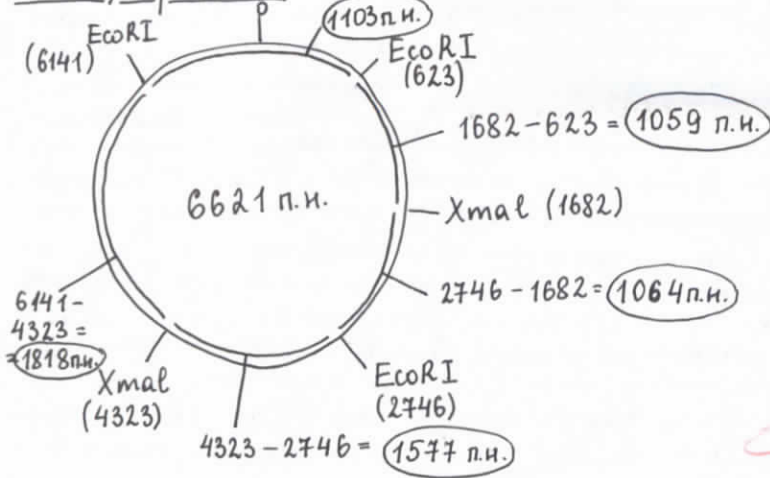
(1) Ответ: полученное фрагменты изобразены в виде линий вдоль плазмиды, 2123 п.н., 3395 п.н., 1103 п.н.

(2) Ответ: 2641 п.н., 3980 п.н.

(2) XmaI



Блок 3, вариант 1 (3) EcoRI и XmaI



(3) Ответ: 1103 п.н.,
1059 п.н., 1064 п.н., 1577 п.н.,
1818 п.н.

* Для удобства изображения сайтов рестриктаз, кроме тех, о которых спрашивалось в задании, не были нарисованы!

Работавшая рекомбинантная конструкция:

