



06-69-77-71
(17.3)



дешифр

МОСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ имени М.В.ЛОМОНОСОВА

Вариант _____

Место проведения Москва
город

ПИСЬМЕННАЯ РАБОТА

Олимпиада школьников Ломоносов
наименование олимпиады

по Генетике
профиль олимпиады

Попова Михаила Дмитриевича
фамилия, имя, отчество участника (в родительном падеже)

12:52-12:57

Дата
«26» февраля 2023 года

Подпись участника

06-69-77-71

(17.3)

ЧистовикБлок 2 (вариант 1):

Однообразие потомков F_1 даёт понять, что самка — доминантная тригомизига, значит генотип первого поколения: $AaBbCc$.

Т.к. некоторые теоретически возможные фенотипы не были представлены ~~вообще~~ в F_2 вообще, значит гены сцеплены (причем сцеплены все, т.к. ~~этот~~ рецессивный фенотип a всегда идёт вместе с рецессивным фенотипом d , как и их доминантные фенотипы A/D).

Нет определённых фенотипов \Rightarrow образующиеся гаметы не всех возможных типов \Rightarrow кроссинговер только между двумя генами из трёх сцепленных. Это возможно при так называемой интерференции кроссинговера.

Если учесть, что кроссинговер идёт только у самки, то эта теория подтверждается.

Также надо уточнить расположение генов на хромосоме: т.к. из "переходных" фенотипов есть только AeD и aBd , то, вероятнее всего, ген B находится с краю относительно остальных (A и D).

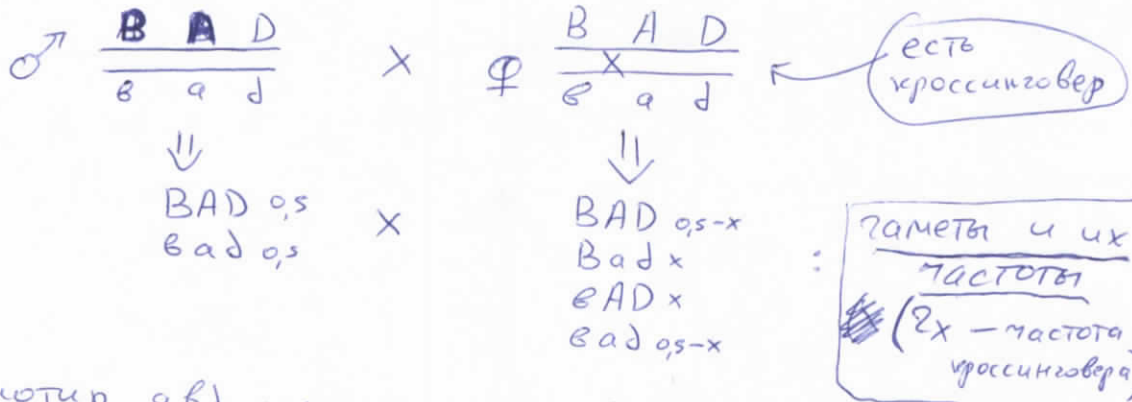
При этом ~~видно~~ видно расстояние между генами A и D очень мало: ~~между ними ни разу не прошёл кроссинговер~~ нет явных подтверждений тому, что между ними хоть раз прошёл кроссинговер (более вероятно, что он пойдёт между ~~и~~ B и близлежащим геном, а интерференция не даст пройти между A и D).

Возможны две теоретические карты хромосом:
 когда ~~ген~~ ген А посерединке, либо ген D посерединке.



будет использовать первый вариант, чтобы меньше писать.

тригетерозиготы первого поколения имеют чис-расположе-
 -ние генов (т.к. их родители — чистые линии).



Фенотип авд имеет определённый генотип — $a a b b d d$.

его частота равна: $\frac{59}{300} = 0,5(0,5-x)$



$118 = 150 - 300x$
~~118~~ $x = \frac{32}{300} \approx 0,11$ нет калькулятора.

Расстояние (P) равно (между B и близлежащим): $l = 200x \approx 22 \text{ cM}$.

Т.к. между А и D не было кроссинговера, видно ~~его~~ его вероятность ниже $\frac{1}{300}$, а значит рас-
 -стояние между А и D меньше $\frac{1}{3} \text{ cM}$.

карты:

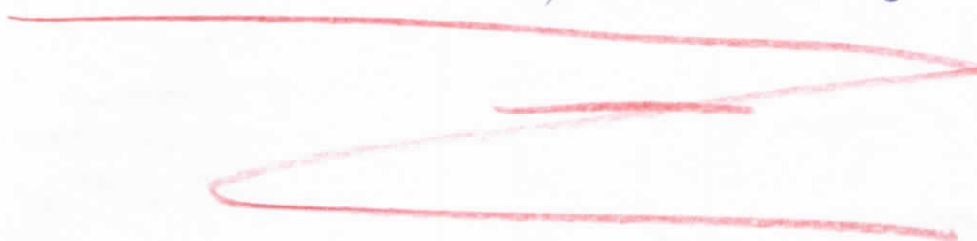


Схема скрещивания?
 не помню

06-69-77-71
(17.3)

Блок 3

+

чистовик



(вариант 1):

1) Ген будет транскрибироваться, и транслироваться, но либо не в полной мере (в интронах может быть стоп-кодон), либо не в чистом виде (полностью вместе с интронами), что может и нарушить рамку считывания, и просто привести транскрипт / белок в негодность. В общем, не вырезав интроны, ген не будет работать.

Можно либо обработать фрагмент рестриктазами, подобранными под места стыков интронов с экзонами, после чего сшить полученные экзоны лигазами (придется думать о том, как не нарушить рамки считывания),

либо можно выделить мРНК-транскрипт, полученный с этого гена в эукариотической клетке (т.к. есть сплайсинг), потом провести обратную транскрипцию, используя РНК-зависимую ДНК-полимеразу, и уже полученное ДНК (длина 640) встраивать в плазмиду.

~~1) 6200 + (1605 + 1385) + 1000 = 9981 п.н.~~
~~2) (1) EcoRI, всего 3 сайта
 три фрагмента. → 1103, 2483, 3395~~
~~(2) NotI, 2 сайта.~~

2) плазмиды работает \Rightarrow лиганды удалены.

$$l = 1000 - 260 - 100 = 640 \text{ п.н.}$$

$$r_{\text{плазмиды}} = 6200 - 219 + 640 = \boxed{6621 \text{ п.н.}} \quad \text{ответ: } 6621 \text{ п.н.}$$

3) (1) EcoRI, 3 сайта:
3 фрагм.

$$\begin{array}{l} 1103 \text{ п.н.} \\ 2123 \text{ п.н.} \\ 3395 \text{ п.н.} \end{array}$$

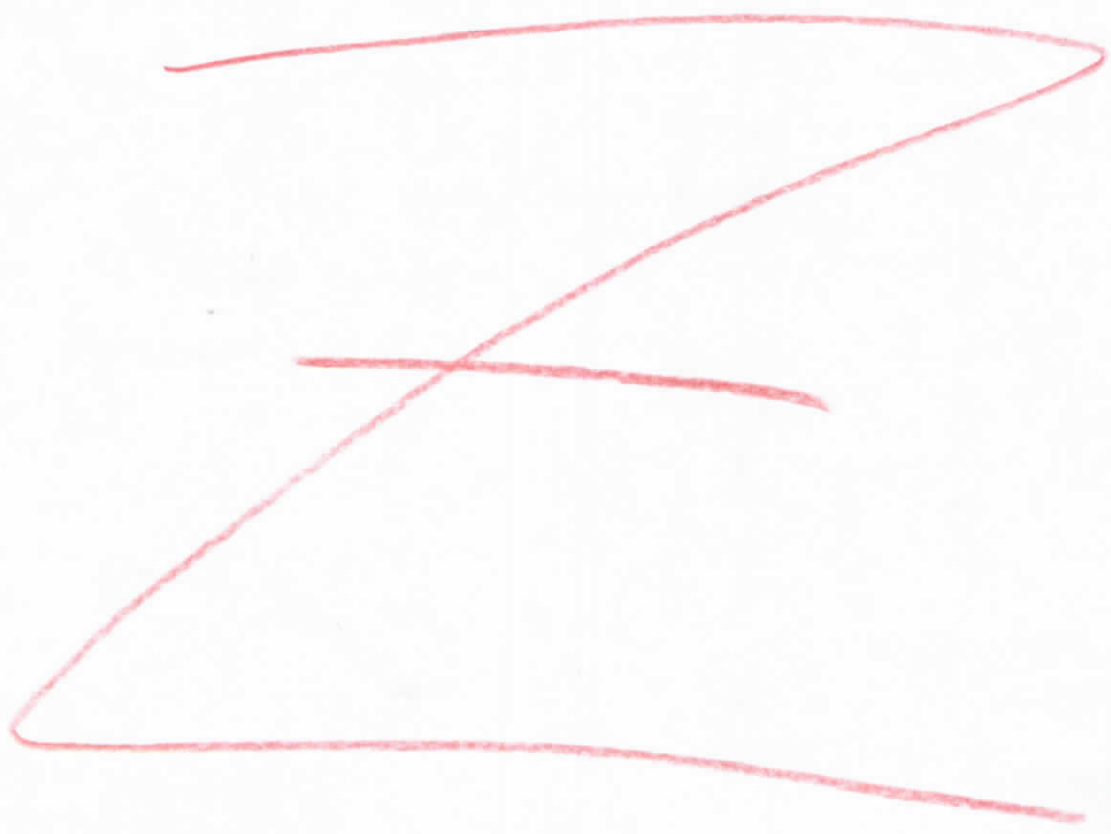
(2) XmaI, 2 сайта:
2 фрагм.

$$3902 - 1605 + 200 + 144 = \boxed{2641 \text{ п.н.}}$$

$$6621 - 2641 = \boxed{3980 \text{ п.н.}}$$

(3) EcoRI + XmaI :
5 фрагм.

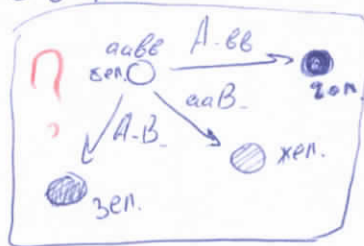
1103 п.н.
1059 п.н.
1064 п.н.
1577 п.н.
1818 п.н.



Блок 1 (вариант 2): +

Здесь подходит вариант комплементарного взаимодействия двух генов:

- A-B- — зелёный
- A-вв — голубой
- ааВ- — желтый
- аа вв — белый



Таким образом окраска определяется двумя ~~независимыми~~ независимыми генами. (на аутосомах)

скрещ. №1: $\frac{\text{зел. } аавв \times \text{зел. } АВВ}{\longrightarrow} \text{зел. } АаВв$

скрещ. №2: $\frac{\text{жел. } ааВВ \times \text{зел. } ААВВ}{\longrightarrow} \text{зел. } АаВВ$

скрещ. №3: $\frac{\text{зел. } АаВв \times \text{зел. } АаВВ}{\longrightarrow} \begin{matrix} 3 А-Вв \text{ зел.} \\ 1 ааВв \text{ жел.} \end{matrix}$

скрещ. №4: $\frac{\text{жел. } ааВв \times \text{жел. } ааВв}{\longrightarrow} \begin{matrix} 3 ааВ- \text{ жел.} \\ 1 аавв \text{ бел.} \end{matrix}$



Можно. ~~желтые~~ желтые имеют генотипы ааВв и ааВВ (2:1).

Вероятность скрестить ааВв и ааВв = $\left(\frac{2}{3}\right)^2 = \frac{4}{9}$.

Белых потомков будет четверть.

$\frac{ааВв \times ааВв}{\longrightarrow} \begin{matrix} 3 ааВ- \\ 1 аавв \frac{1}{4} \end{matrix}$

т.е. белые змеи получатся с вероятностью:

$\frac{4}{9} \cdot \frac{1}{4} = \left(\frac{1}{9}\right)$ Ответ: $\frac{1}{9}$.

