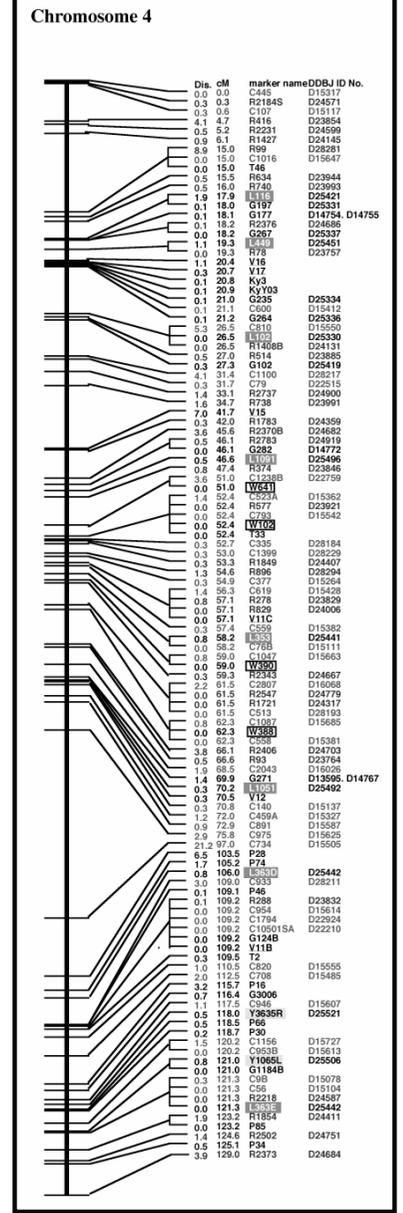
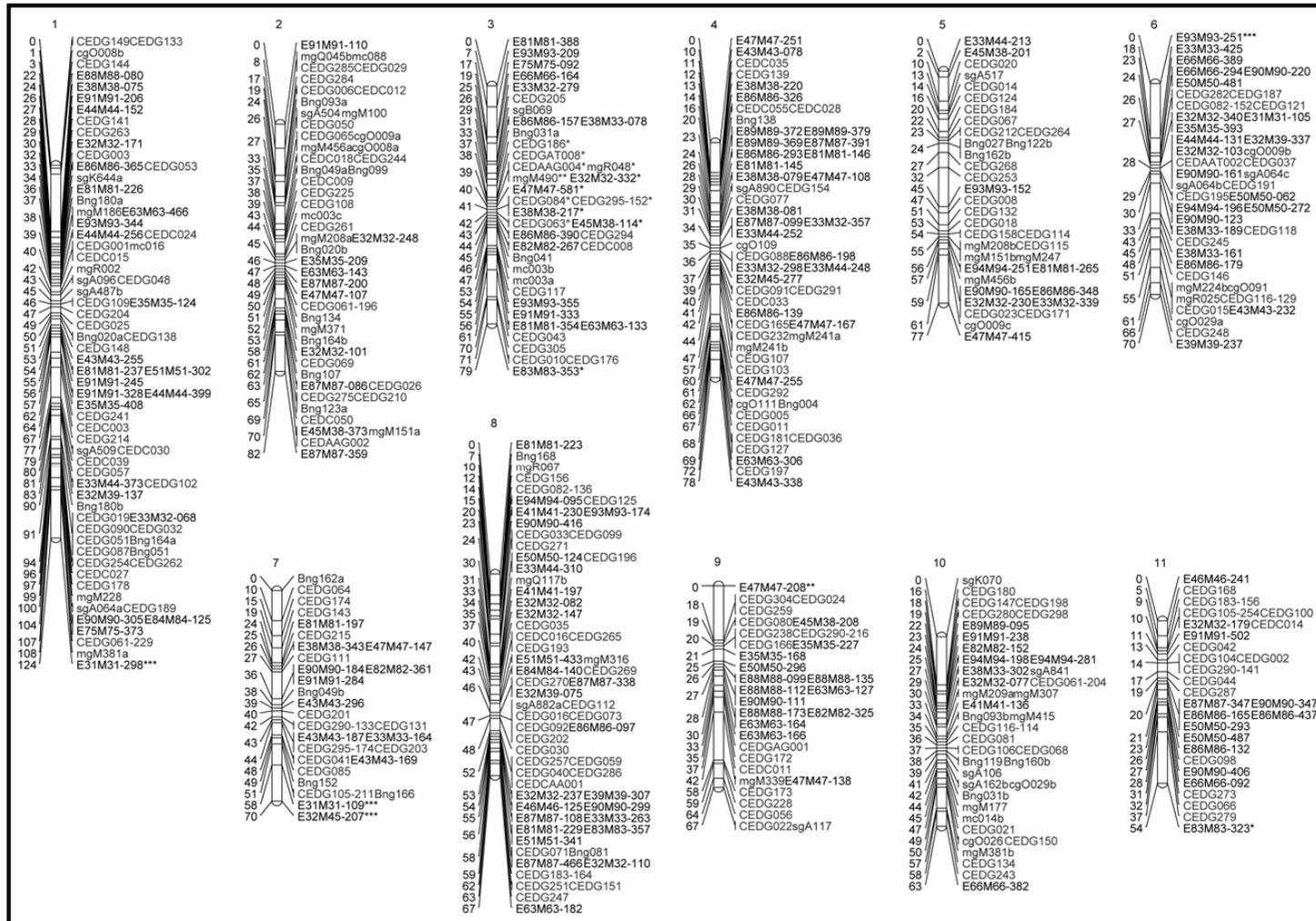


# Třibodové mapování



# Tříbodové mapování

## Podmínky pro tříbodové mapování:

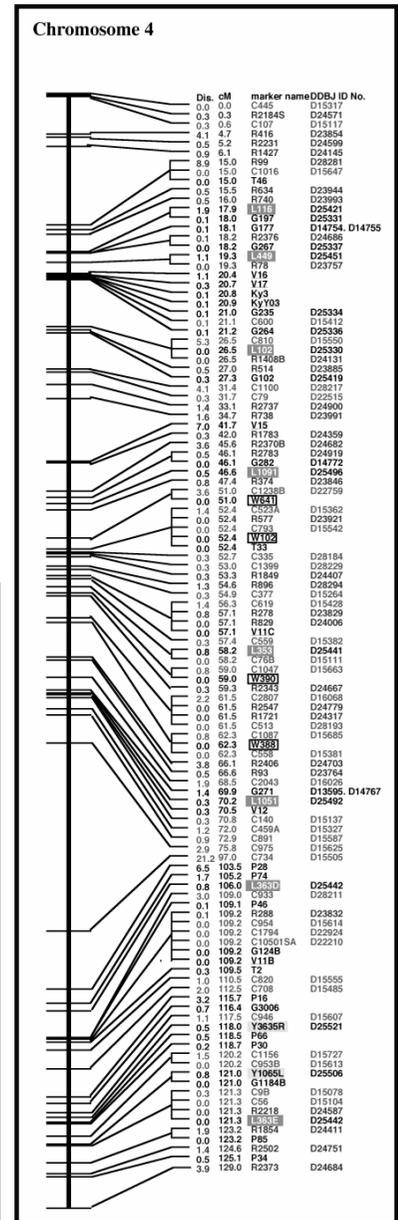
- 1) jeden z rodičů je heterozygot ve všech třech mapovaných genech
- 2) druhý rodič je recesivní homozygot ve všech třech mapovaných genech
- 3) k dispozici máme dostatečně velké potomstvo těchto rodičů tak, abychom zachytili i potomky s dvojnásobným crossing-overem

### Příklad 1

U kukuřice je alela *an* (*anther ear*), *br* (*brachytic*) a *f* (*fine stripe*) všechny na chromozomu 1. Z údajů v tabulce určete pořadí genů na chromozomu a mapové vzdálenosti mezi nimi. Namalujte genetickou mapu této části chromozomu.



Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
<b>celkem</b>	<b>879</b>



## Postup:

## Tříbodové mapování

### 1) Rozdělení jedinců do tříd podle četnosti crossing-overu

- DCO (double c.-o.), SCO (single c.-o.) a NCO (non c.-o. – rodičovská kombinace).

Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
<b>celkem</b>	<b>879</b>

#### DCO

+ br +	2	
an + f	2	tedy 4 jedinci z 879, tj. 0,46 %

#### NCO

+ br f	339	
an + +	355	78,95 %

#### SCO

+ + +	88	
an br f	55	16,27 %

#### SCO

+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

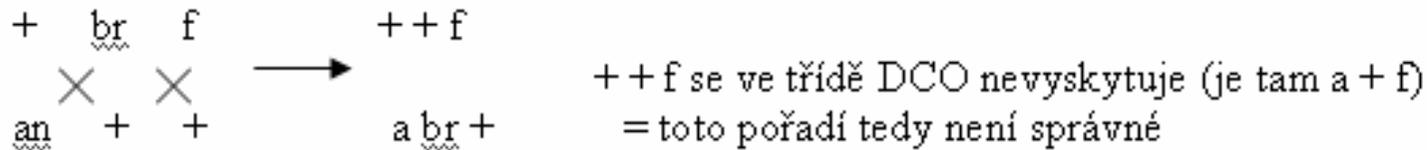
## Postup:

## Třibodové mapování

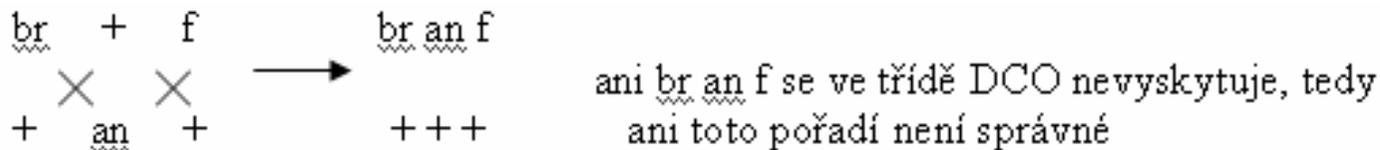
### 2) Stanovení pořadí genů na chromozomu

- u rodičovského uspořádání provedeme dvojitý crossing-over a porovnáváme, zda-li se takto vzniklé kombinace skutečně vyskytly v DCO potomstvu

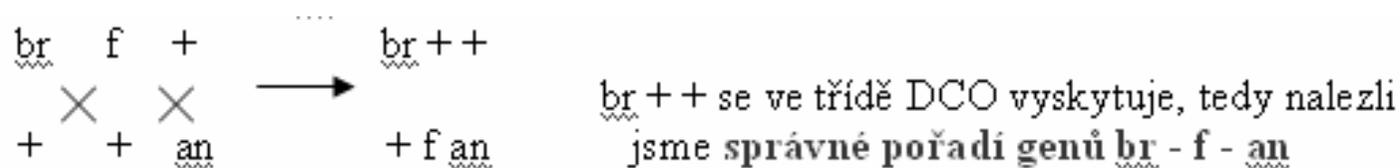
testujeme:



prohodíme pozice genů *an* a *br* a testujeme:



zaměníme tedy pozice genů *an* a *f* a testujeme:



<u>DCO</u>			
+	<u>br</u>	+	2
<u>an</u>	+	f	2
			<b>0,46 %</b>

<u>NCO</u>			
+	<u>br</u>	f	339
<u>an</u>	+	+	355
			<b>78,95 %</b>

<u>SCO</u>			
+	+	+	88
<u>an</u>	<u>br</u>	f	55
			<b>16,27 %</b>

<u>SCO</u>			
+	+	f	21
<u>an</u>	<u>br</u>	+	17
			<b>4,32 %</b>

## Postup:

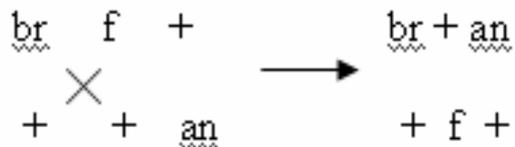
## Tříbodové mapování

### 3) Výpočet vzdálenosti genů mezi sebou.

- vzdálenost mezi dvěma geny určíme jako součet četností SCO mezi těmito dvěma geny a DCO.

#### br - f

- nejdříve si určíme správnou třídu SCO, testujeme tedy jednoduchý c.-o. na rodičovském uspořádání:



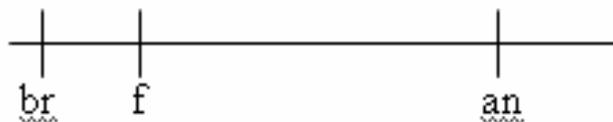
- vzdálenost určíme jako:

$$SCO (br + an) + DCO = 4,32 + 0,46 = \mathbf{4,78 \text{ cM}}$$

#### f - an

$$SCO (br f an) + DCO = 16,27 + 0,46 = \mathbf{16,73 \text{ cM}}$$

### 4) Obrázek genetické mapy:



<u>DCO</u>		
+ br +	2	
an + f	2	<b>0,46 %</b>

<u>NCO</u>		
+ br f	339	
an + +	355	<b>78,95 %</b>

<u>SCO</u>		
+ + +	88	
an br f	55	<b>16,27 %</b>

<u>SCO</u>		
+ + f	21	
an br +	17	<b>4,32 %</b>

#### Pořadí NCO

br f +  
+ + an

