

Postup:

Třibodové 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
celkem	879

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

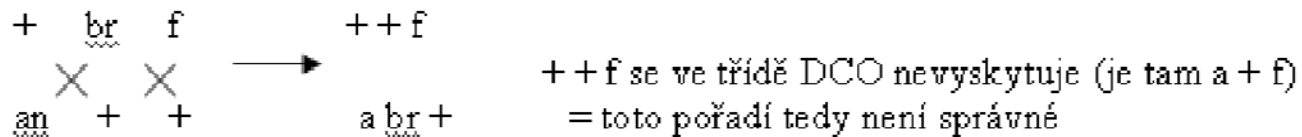
+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

Postup:

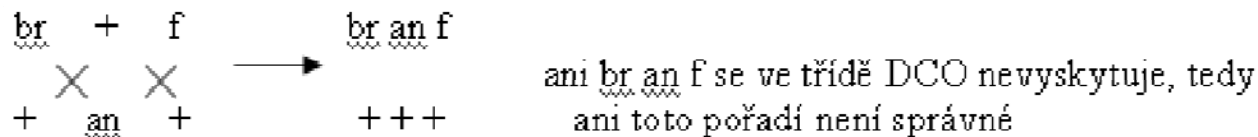
2) Stanovení pořadí genů na chromozomu

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

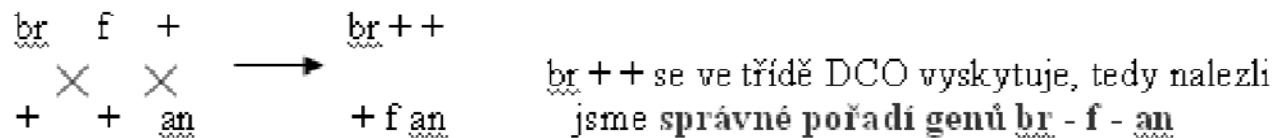
testujeme:



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



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



Třibodové mapování

<u>DCO</u>			
+ br +	2		
an + f	2	0,46 %	
<u>NCO</u>			
+ br f	339		
an + +	355	78,95 %	
<u>SCO</u>			
+ + +	88		
an br f	55	16,27 %	
<u>SCO</u>			
+ + f	21		
an br +	17	4,32 %	

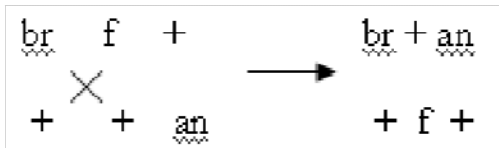
Postup:

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:



Třibodové mapování

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

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

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

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

Pořadí NCO

br f +
+ + an

