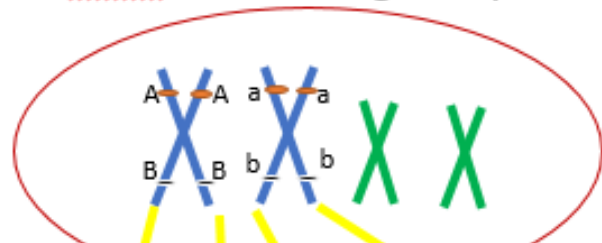
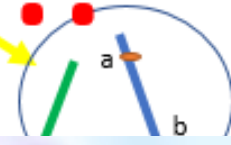
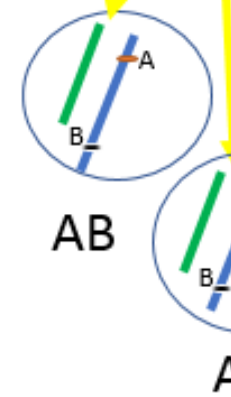


AaBb rodič tvoří gamety

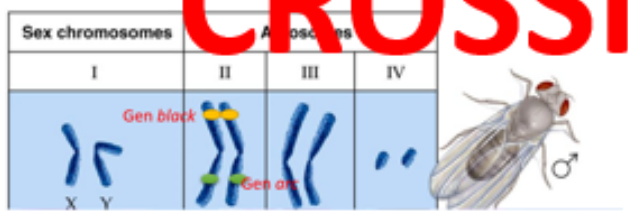


CROSSING OVER!!!



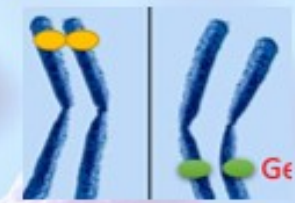
2. situace

- geny na stejném chromozomu
- **meióza** - rozchod chromozomů

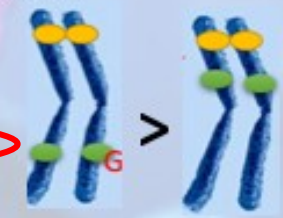


Vazba genů

- sledované geny mohou být na **různých** chromozomech – nejsou ve vazbě
 - při meióze se rozchází – nic jim nebrání, nic je nezpomaluje



- sledované geny mohou být na **stejném chromozomu** – jsou ve vazbě
 - při meióze zůstávají pospolu – rozdělí se jenom při crossing overu!!!!
 - ke crossing-overu ale nedochází vždy
 - → **rodič bude tvořit častěji gamety s tou sadou alel, kterou má on sám (nerekombinované)**
 - → rekombinované gamety (či potomci) jsou vzácnější – vznikají jen po crossing-overu
 - pravděpodobnost crossing overu roste se vzdáleností genů



= **čím jsou geny dál od sebe, tím je větší pravděpodobnost rekombinace**

mapy

- **genetické mapy** – ke stanovení relativní vzdálenosti mezi geny, **četnost crossing-overů**
základní jednotkou 1 cM (centimorgan) = 1 % rekombinací (cca 700 bp u člověka)
- **cytologické mapy** – pruhování, FISH – lokalizují geny s ohledem na cytogenetické referenční body
- **fyzické mapy** – lokalizují jednotlivé geny přímo na chromozomy, vzdálenosti v **bp**

Genetická vs fyzická mapa – odpovídá pořadí, neodpovídá vzdálenost
→ v některých místech c-o častější (rekombinační hot-spots), jinde potlačený

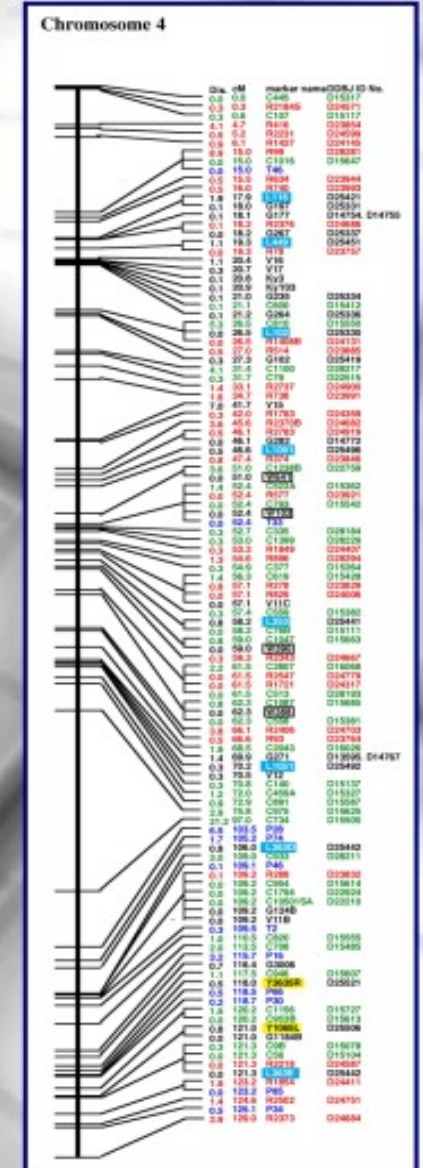
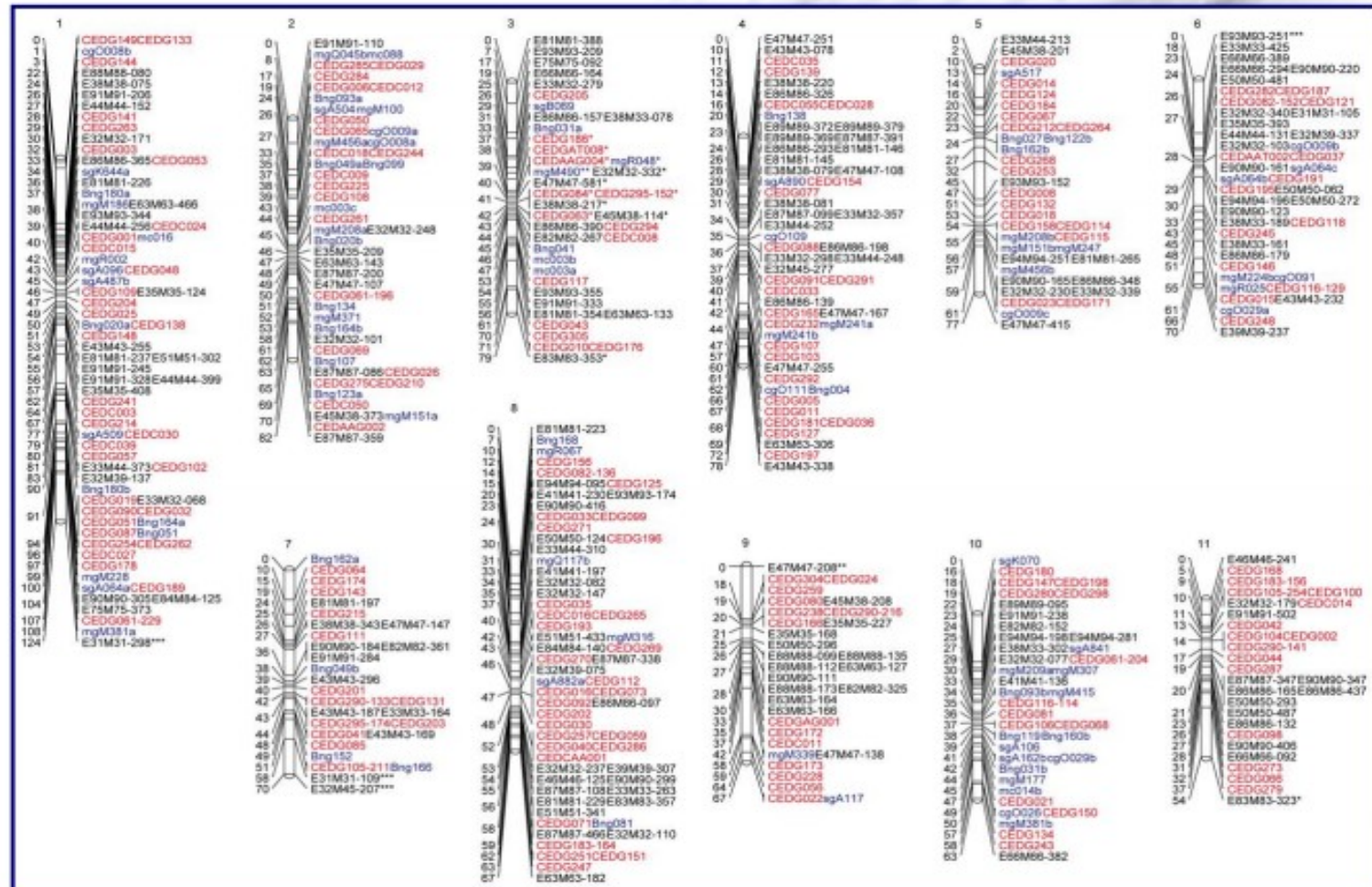
Čím geny blíže, tím větší přesnost mapování → rekombinace < 20 % určuje mapovou vzdálenost,
> 20 % podhodnocuje (vícenásobné c-o)

mapy

- v minulosti – mapování genů pomocí **molekulárních markerů** = polymorfní sekvence DNA ležící v intronech rozptýlené v genomu chovající se jako alely
 - **molekulární marker** - RFLP – restriční místo enzymu
 - VNTR – variable number of tandem repeats – mini/mikrosatelity, SNP
- nepřímá DNA diagnostika (např. Huntingtonova choroba)



Třibodové mapování



test

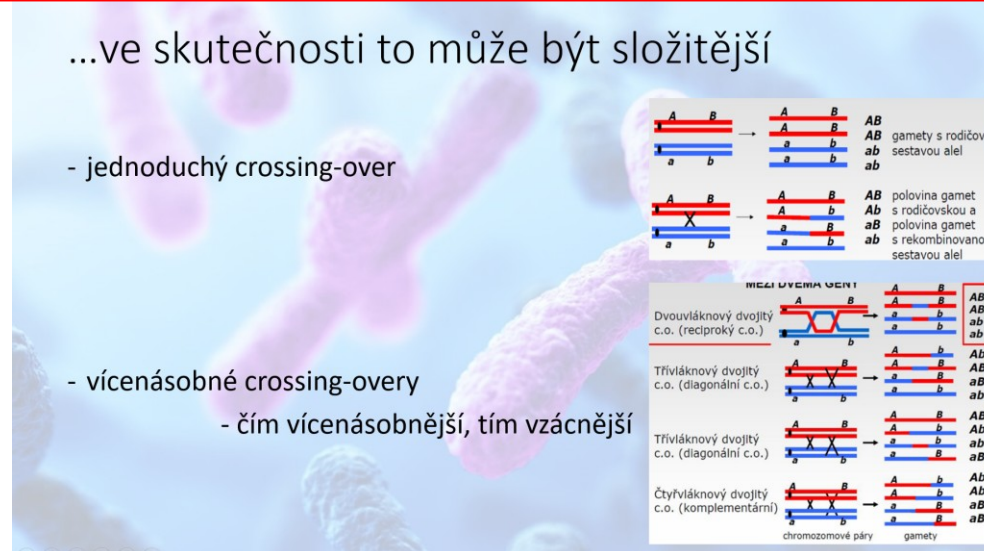
- určuje **pořadí** a **polohu tří** genů na chromozomu

- podmínky:

- sledujeme gamety **heterozygota**

- zviditelňujeme gamety v **potomstvu B1** (AaBbCc x aabbcc)

- **dostatečný počet** potomstva – abychom zachytili i dvojnásobné c-o (DCO)



- křížíme trihybrida (AaBbCc) s recesivním homozygotem (aabbcc)

test



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
celkem	879

1) Rozdělíme fenotypové třídy dle počtu c-o

- **NCO** – žádný c-o – rodičovská = nejčastější
- **SCO** – jednoduchý c-o = méně časté
- **DCO** – dvojnásobný c-o = velmi vzácný



test

2) Stanovíme pořadí genů na chromozomu

- vezmeme rodičovské (nejčastější) – bez c-o
- Provedeme dvojitý c-o a porovnáme s potomstvem

+ br f
an + +



+ + f
an br +

Prohodíme pozice genů

br + f
+ an +



br an f
+ + +

br f +
+ + an



br + +
+ f an

NENÍ !
Musíme zkusit jiné pořadí

NENÍ !
Musíme zkusit jiné pořadí

br + + v DCO je!

**SPRÁVNÉ
POŘADÍ
GENŮ JE
br – f - an**

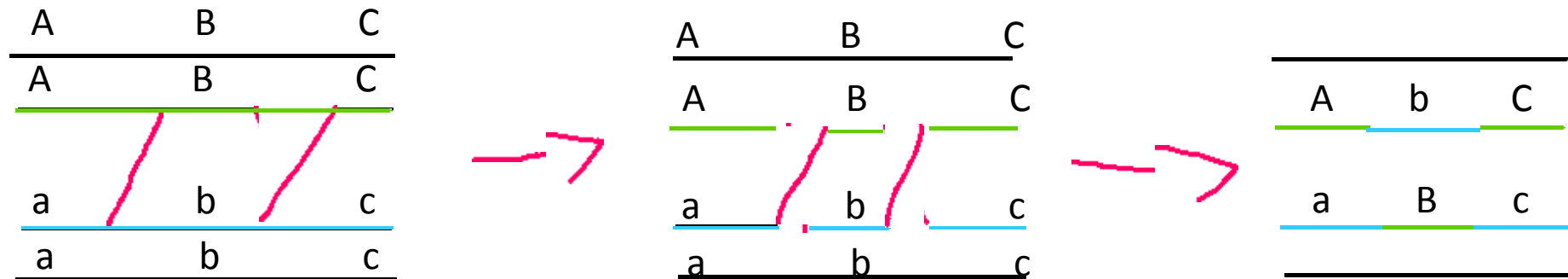
Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
celkem	879

test

2) Stanovíme pořadí genů na chromozomu

- vezmeme rodičovské (nejčastější) – bez c-o
- Provedeme dvojitý c-o a porovnáme s potomstvem

ZKRATKA – porovnáme rodičovské (NCO) s DCO



MĚNÍ SE PROSTŘEDNÍ!



test



2) Stanovíme pořadí genů na chromozomu

- vezmeme rodičovské (nejčastější) – bez c-o
- Provedeme dvojitý c-o a porovnáme s potomstvem

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

ZKRATKA – porovnáme rodičovské (NCO) s DCO

NCO: + br 
 an + 

DCO: + br 
 an + 

- mění se f – je uprostřed

test



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.

3) Vypočteme vzdálenost genů mezi sebou

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

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

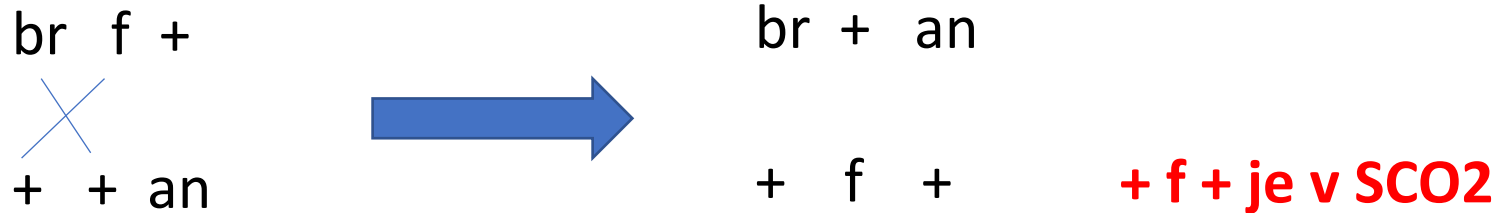
NCO: rodičovské:	+ br f	339	tedy 694 jedinců z 879	78,95 %
	an + +	355		
SCO1:	+ + +	88		
	an br f	55		16,27 %
SCO2:	+ + f	21		
	an br +	17		4,32 %
DCO:	+ br +	2		
	an + f	2		0,46 %

test

3) Vypočteme vzdálenost genů mezi sebou

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

br - f – nejdřív určíme správnou třídu SCO (1 či 2?) → testujeme jednoduchý c-o na rodičovském uspořádání



NCO: rodičovské:	+ br f	339	78,95 %
	an + +	355	
SCO1:	+ + +	88	16,27 %
	an br f	55	
SCO2:	+ + f	21	4,32 %
	an br +	17	
DCO:	+ br +	2	0,46 %
	an + f	2	

Vzdálenost určíme jako: $SCO2 + DCO = 4,32 + 0,46 = 4,78$ cM

f - an – třída SCO1

Vzdálenost určíme jako: $SCO1 + DCO = 16,27 + 0,46 = 16,73$ cM

4) Nakreslíme genetickou mapu



Koeficient koincidence

- crossing-overů nemusí být tolik, kolik očekáváme

→ v genomu jsou místa, kde jsou c-o potlačené a naopak, kde jsou častější (rekombinační hot-spots)

→ jeden c-o potlačuje vznik druhého c-o v jeho blízkosti

Koeficient koincidence (c) = kolik vzniklo c-o z toho, kolik jsme očekávali

$$\text{koincidence } c = \frac{DCO \text{ (pozorovaná)}}{DCO \text{ (očekávaná)}}$$

$$DCO \text{ (očekávaná)} = \text{četnost } SCO1 \times \text{četnost } SCO2$$

- z koeficientu koincidence lze potom vypočítat interferenci = jak moc c-o bylo inhibováno (o kolik málo vzniklo, než se očekávalo)

interference

$$I = 1 - c$$

test



Příklad 4 [\[nahoru\]](#)

Podle uvedených údajů o počtu rekombinovaných jedinců mezi geny *black*, *curved*, *purple*, *speck*, *star* a *vestigial* na druhém chromozomu *Drosophila melanogaster* sestrojte mapu tak, aby byla co nejpřesnější. Lokalizujte do této mapy také geny *arc* a *morula* z příkladu 2 (*arc* a *morula* jsou na opačné straně od *black* než je *star*).

Dvojice genů	Celkový počet jedinců	Počet rekombinovaných jedinců	
<i>black</i> – <i>curved</i>	62 679	14 237	0,227 → 22,7 % = 22,7 cM
<i>black</i> – <i>purple</i>	48 931	3 026	6,2 cM
<i>black</i> – <i>speck</i>	685	326	.
<i>black</i> – <i>star</i>	16 507	6 250	.
<i>black</i> – <i>vestigial</i>	20 153	3 578	.
<i>curved</i> – <i>purple</i>	51 136	10 205	20 cM
<i>curved</i> – <i>speck</i>	10 042	3 037	.
<i>curved</i> – <i>star</i>	19 870	9 123	.
<i>curved</i> – <i>vestigial</i>	1 720	141	.
<i>purple</i> – <i>speck</i>	11 985	5 474	.
<i>purple</i> – <i>star</i>	8 155	3 561	.
<i>purple</i> – <i>vestigial</i>	13 601	1 609	.
<i>speck</i> – <i>star</i>	7 135	3 448	.
<i>speck</i> – <i>vestigial</i>	2 054	738	.
<i>star</i> – <i>vestigial</i>	450	195	.

Pokyny k sestrojení mapy:

- 1) Na základě údajů si pro každou dvojici genů vypočítejte četnost rekombinace a tedy odhad vzdálenosti mezi nimi.
- 2) Vzájemným skládáním a kombinováním jednotlivých dvojic se snažte získat co nejpřesnější mapu, tedy aby odchylky při součtech vzdáleností byly co nejmenší. Současně nezapomeňte také na informaci, že geny *arc* a *morula* jsou na opačné straně od *black* než je *star*.

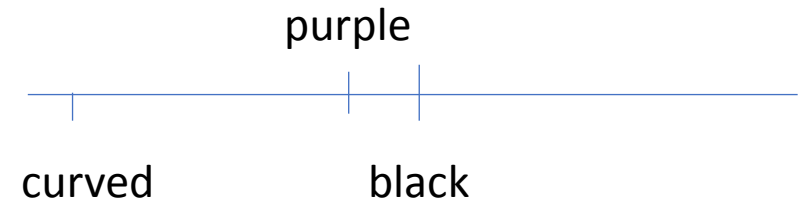
- víme, že:

- *black* – *curved* 22,7 cM
- *black* – *purple* 6,2 cM
- *curved* – *purple* 20 cM

→ číselně nebude vycházet přesně!!!

ALE

- *black*-*curved* jsou dál než *curved*-*purple*
- *black*-*purple* jsou si blízko



morula ▾ — ▾ — ▾ — ▾ — ▾ —