## Genetica

### Giacomo Fantoni

Telegram: @GiacomoFantoni

Github: https://github.com/giacThePhantom/Genetica

## 31 gennaio 2021

### Mendel

• Incroci monoibridi 3:1.

• Incroci diibridi 9:6:1.

• Testcross 1:2:1.

•  $\chi^2$ , probabilità che la differenza tra valori osservati e attesi dovuta al caso:  $\chi^2 = \sum \frac{(obs - exp)^2}{exp}$ .

• Gradi di libertà: n-1, n numero di fenotipi attesi.

### Estensione Mendel

• Dominanza incompleta 1:2:1.

• Codominanza.

• Allelismo multiplo.

• Penetranza.

• Espressività.

• Alleli letali 2:3.

• Epistasi recessiva 9:3:4.

• Epistasi dominante I 12 : 3 : 1.

• Epistasi dominante II 13:3.

• Epistasi recssiva doppia 9:7.

 $\bullet$  Ridondanza genica 15:1.

 $\bullet\,$  Interazione genica dominante 9:6:1.

### Pedigree

• Caratteri autosomici recessivi:

– Stessa frequenza in entrambi i sessi.

- Un allele per genitore.

- Raro genitori eterozigoti non affetti.

- Salta generazioni.

 Entrambi i genitori affetti tutta progenie.

 Rato partner esterno figli non manifestano, eterozigoti.

• Caratteri autosomici dominanti:

- Stessa frequenza in entrambi i sessi.

- Trasmissione diretta, individuo ereditato allele da un genitore.

- Non saltano generazioni.

- Raro individui eterozigoti.

 $\bullet$  Caratteri recessivi legati al X:

– Più frequenti nei maschi.

- Femmine due.

 Maschi madri non affette ma portatrici e padri affetti.

- Salta generazioni.

 Donna eterozigote metà figli affetti e metà figlie portatrici.

- No trasmissione da padre a figlio.

 $-\,$  Figlie di uomo affetto portatrici.

- Figli di donna omozigote affetti.
- Caratteri dominanti legati al X:
  - Maggiore frequenza in femmine.
  - Genitore affetto, non saltano genera-
  - Maschi affetti a figlie non figli.
  - Donne affetti metà figli e metà figlie.
  - Maschi solo dalla madre.
- $\bullet$  Caratteri legati al Y:
  - Solo i maschi.
  - Da padre a figlio completamente.
  - No rapporto dominanza.
  - Figlie sane.

# Determinazione sesso

- $\bullet$  XX-XY.
- $\bullet X : A.$
- *XX-X*0.
- Genica.
- $\bullet$  ZZ-ZW.
- Ambiente.

#### Linkage

- Frequenza di ricombinazione e distanza di mappa:  $\frac{nprog_{ric}}{nprog_{tot}} \cdot 100.$
- Test  $\chi^2$  indipendenza:
  - Tabella valori osservati e totali righe e colonne, generale.

$$- \ EXP = \frac{TOT_{riga} \cdot TOT_{colonna}}{TOT_{generale}}.$$

- $-\chi^2$ .
- $-gl = (numero \ righe \ -1) \cdot (numero \ colonne \ -1).$
- Mappe genetiche tre punti:
  - Ordine dei geni, centrale.
  - Localizzazione dei crossing over.
  - Frequenza di ricombinazione.

- Coefficiente di coincidenza:  $\frac{OBS_{2Xcrossover}}{EXP_{2Xcrossover}}.$
- Interferenza =  $1-coefficiente\ di\ coincidenza$ .
- Probabilità associazione:  $P(\frac{x}{n}, RF) = \frac{n!}{x!y!} \cdot (\frac{RF}{2})^x \cdot (\frac{1-RF}{2})^y$ .
- Logarithm of odds =  $\log_{10} \frac{P(\frac{x}{n}, RF)}{P(\frac{x}{n}, 0.5)}$ .
- Analisi delle tetradi.
  - Ditipo parentale no ricombinanti.
  - Tetratipo 2 parentali due ricombinanti.
  - Ditipo non parentale tutti ricombinanti, a due a due uguali.
  - Distanza di mappa  $\frac{(T-2DNP)+2(4DNP)}{TOT} \cdot$ 0 5 : 100

## Polimorfismi

- Aplotipi: siti polimorfici con due varianti alleliche. Associazione di nucleotidi polimorfici presenti in una porzione di cromosoma che tendono ad essere ereditati insieme.
- Linkage disequilibrium: misura della coereditabilità di elementi genetici.

### Genetica di popolazione

• Frequenza genotipica.

 $- f(aa) = q^2.$ 

massimo tra i medi.

- Frequenza allelica.
- Equilibrio di Hardy-Weinberg:

$$-q^{2} + 2pq + p^{2} = 1.$$

$$-p = f(A) = \frac{2n_{aa} + n_{Aa}}{2N}.$$

$$-q = f(a) = \frac{2n_{aa} + n_{Aa}}{2N}.$$

$$-f(AA) = p^{2}.$$

$$-f(Aa) = 2pq.$$

• Fitness genotipi moltiplicati per  $W_{AA}$  numero medio di prole generata diviso numero

## Genetica quantitativa

- Probabilità genotipi omozigoti parentali  $(\frac{1}{4})^n, \, n \text{ geni coinvolti in } F_2.$
- Distribuzione di frequenza: normale, simmetrica, asimmetrica, bimodale.
- Media  $\bar{x} = \frac{\sum\limits_{i=1}^{n} x_i}{n}$ .
- Varianza:  $s^2 = \frac{\sum\limits_{i=1}^{n}(x_i \bar{x})^2}{n-1}$ .
- Deviazione standard  $s = \sqrt{s^2}$ .

- Correlazione  $cov_{xy} = \frac{\sum\limits_{i=1}^{n} (x_i \bar{x})(y_i \bar{y}}{n-1}.$
- Coefficiente di correlazione  $r = \frac{cov_{xy}}{s_x s_y}$ .
- Retta di regressione:

$$-b = \frac{cov_{xy}}{s_x^2}.$$

- $-a = \bar{y} b\bar{x}.$
- Varianza fenotipica:  $V_P = V_A + V_D + V_I + V_E + V_{GE}$ .
- Ereditabilità in senso lato  $H^2 = \frac{V_G}{V_P}$ .
- Ereditabilità in senso stretto  $h^2 = \frac{V_A}{V_P}.$