

Задание 1.

Решение 1.

А) Признак времени цветения наследуется моногенно, но по гену наблюдается множественный аллелизм (**0,5 балла**). Обозначим аллели как А1 (позднее цветение), А2 (поздне-среднее), А3 (ранне-среднее), А4 (раннее). Тогда особь 5 – гомозигота А4А4, так как при её самоопылении потомство единообразно (**0,5 балла**). Особь 4 – гетерозигота А3А4 (А3 доминирует над А4), так как в потомстве от самоопыления наблюдается расщепление 3 А3_ : 1 А4А4 (**0,5 балла**). Из растений 2 и 3 одна особь является гомозиготой А2А2, а другая – гетерозиготой А2А4 (А2 доминирует над А4), так как в потомстве первого поколения от их скрещивания получаются только поздне-среднецветущие растения А2А2 и А2А4, но в потомстве второго поколения при условии случайных скрещиваний потомства первого поколения выщепляется раннецветущий фенотип (А4А4), так как он образуется при скрещивании двух растений А2А4 (**1 балл**). Растение 1 является гетерозиготой А1А3 (А1 доминирует над А3), так как в потомстве от его самоопыления есть два фенотипа А1_ и А3А3 (**0,5 балла**).

Б) А3А4 * А1А3

Потомство первого поколения: А1А3, А1А4, А3А3, А3А4. Соотношение фенотипов:

1 А1_ (позднецветущий) : 1 А3_ (ранне-среднецветущий). (**2 балла**)

При образовании потомства второго поколения возможны скрещивания среди ранне-среднецветущих растений: А3А3*А3А3, А3А3*А3А4, А3А4*А3А4, при чём скрещивание А3А3*А3А4 в два раза более вероятно, чем остальные, так как оно реализуется в случае попадания пыльцы А3А3 на рыльце А3А4 либо в случае попадания пыльцы А3А4 на рыльце А3А3. Тогда среди ранне-среднецветущих вероятность скрещивания А3А3*А3А3 будет составлять 1/4, А3А3*А3А4 – 1/2, А3А4*А3А4 – 1/4.

Тогда получаем следующее потомство от скрещивания ранне-средних растений:

(вероятность скрещивания 1/4) А3А3*А3А3 = А3А3

(вероятность скрещивания 1/2) А3А3*А3А4 = А3_

(вероятность скрещивания 1/4) А3А4*А3А4 = 3/4 А3_ : 1/4 А4А4

Общее расщепление: А3_ = 1/4 + 1/2 + 3/4*1/4 = 15/16 (ранне-средние)

А4А4 = 1/4*1/4 = 1/16 (ранние) (**2 балла**)

Отдельно будут реализовываться скрещивания среди позднецветущих растений: А1А3*А1А3, А1А3*А1А4, А1А4*А1А4, при чём скрещивание А1А3*А1А4 в два раза более вероятно, чем остальные, так как оно реализуется в случае попадания пыльцы А1А3 на рыльце А1А4 либо в случае попадания пыльцы А1А4 на рыльце А1А3. Тогда среди позднецветущих вероятность скрещивания А1А3*А1А3 будет составлять 1/4, А1А3*А1А4 – 1/2, А1А4*А1А4 – 1/4.

Тогда получаем следующее потомство от скрещивания поздних растений:

(вероятность скрещивания 1/4) А1А3*А1А3 = 3/4 А1_ : 1/4 А3А3

(вероятность скрещивания 1/2) А1А3*А1А4 = 3/4 А1_ : 1/4 А3А4

(вероятность скрещивания 1/4) А1А4*А1А4 = 3/4 А1_ : 1/4 А4А4

Общее расщепление: А1_ = 3/4 (поздние)

А3_ = 1/4*1/4 + 1/4*1/2 = 3/16 (ранне-средние)

А4А4 = 1/4*1/4 = 1/16 (ранние)

Теперь объединим расщепления:

(поздние) А1_ = 3/4*1/2 = 3/8 = 6/16

(ранне-средние) А3_ = 15/16*1/2 + 3/16*1/2 = 9/16

(ранние) А4А4 = 1/16*1/2 + 1/16*1/2 = 1/16

(**2 балла**)

Решение 2.

А) Признак времени цветения контролируется двумя генами А и В (**0,5 балла**): А_В_ (позднее цветение), А_bb (поздне-среднее), ааВ_ (ранне-среднее), ааbb (раннее). Тогда особь 5 – гомозигота ааbb, так как при её самоопылении потомство единообразно (**0,5 балла**). Особь 4 – ааВb, так как в потомстве от самоопыления наблюдается расщепление 3 ааВ_ : 1 ааbb (**0,5 балла**). Из растений 2 и 3 одна особь является гомозиготой ААbb, а другая – гетерозиготой Аabb, так как в потомстве первого поколения от их скрещивания получаются только поздне-среднецветущие растения ААbb и Аabb, но в потомстве второго поколения при условии случайных скрещиваний потомства первого поколения выщепляется раннецветущий фенотип (ааbb), так как он образуется при скрещивании двух растений Аabb (**1 балл**). Растение 1 – АaВВ, так как в потомстве от его самоопыления есть два фенотипа А_ВВ и ааВВ (**0,5 балла**).

Б) ааВb * АaВВ

Потомство первого поколения: АaВВ, АaВb, ааВВ, ааВb. Соотношение фенотипов: 1 (позднецветущий) : 1 (ранне-среднецветущий). (**2 балла**)

При образовании потомства второго поколения возможны скрещивания среди ранне-среднецветущих растений: ааВВ*ааВВ, ааВВ*ааВb, ааВb*ааВb, при чём скрещивание ааВВ*ааВb в два раза более вероятно, чем остальные, так как оно реализуется в случае попадания пыльцы ааВВ на рыльце ааВb либо в случае попадания пыльцы ааВb на рыльце ааВВ. Тогда среди ранне-среднецветущих вероятность скрещивания ааВВ*ааВВ будет составлять 1/4, ааВВ*ааВb – 1/2, ааВb*ааВb – 1/4.

Тогда получаем следующее потомство от скрещивания ранне-средних растений:

(вероятность скрещивания 1/4) ааВВ*ааВВ = ааВВ

(вероятность скрещивания 1/2) ааВВ*ааВb = ааВ_

(вероятность скрещивания 1/4) ааВb*ааВb = 3/4 ааВ_ : 1/4 ааbb

Общее расщепление: ааВ_ = 1/4 + 1/2 + 3/4*1/4 = 15/16 (ранне-средние)

ааbb = 1/4*1/4 = 1/16 (ранние) (**2 балла**)

Отдельно будут реализовываться скрещивания среди позднецветущих растений: АaВВ*АaВВ, АaВВ*АaВb, АaВb*АaВb, при чём скрещивание АaВВ*АaВb в два раза более вероятно, чем остальные, так как оно реализуется в случае попадания пыльцы АaВВ на рыльце АaВb либо в случае попадания пыльцы АaВb на рыльце АaВВ. Тогда среди позднецветущих вероятность скрещивания АaВВ*АaВВ будет составлять 1/4, АaВВ*АaВb – 1/2, АaВb*АaВb – 1/4.

Тогда получаем следующее потомство от скрещивания поздних растений:

(вероятность скрещивания 1/4) АaВВ*АaВВ = 3/4 А_ВВ : 1/4 ааВВ

(вероятность скрещивания 1/2) АaВВ*АaВb = 3/4 А_В_ : 1/4 ааВ_

(вероятность скрещивания 1/4) АaВb*АaВb = 9/16 А_В_ : 3/16 А_bb : 3/16 ааВ_ : 1/16 ааbb

Общее расщепление: А_В_ = 3/4*1/4 + 3/4*1/2 + 9/16*1/4 = 45/64 (поздние)

А_bb = 3/16*1/4 = 3/64 (поздне-средние)

ааВ_ = 1/4*1/4 + 1/4*1/2 + 3/16*1/4 = 15/64 (ранне-средние)

ааbb = 1/16*1/4 = 1/64 (ранние)

Теперь объединим расщепления:

(поздние) А_В_ = 45/64*1/2 = 45/128

(поздне-средние) А_bb = 3/64*1/2 = 3/128

(ранне-средние) ааВ_ = 15/16*1/2 + 15/64*1/2 = 75/128

(ранние) ааbb = 1/16*1/2 + 1/64*1/2 = 5/128

(**2 балла**)

Задание 2.

А) Наибольшее число генотипов в потомстве будет получено если отредактировать предшественники гамет самца до генотипа $Z^{D+}Z^{D-}$ (**1 балл**), потому что при его скрещивании с нормальной самкой $Z^{D+}W$ в потомстве будет 4 генотипа: $Z^{D+}Z^{D+}$, $Z^{D+}Z^{D-}$, $Z^{D+}W$, $Z^{D-}W$ (**0,5 балла**). При редактировании предшественников гамет самки до генотипа $Z^{D-}W$ в потомстве от её скрещивания с нормальным самцом $Z^{D+}Z^{D+}$ было бы два генотипа: $Z^{D+}Z^{D-}$, $Z^{D+}W$ (**0,5 балла**).

Б) В синонимичной последовательности есть замена G на T, эта замена должна была произойти, скорее всего, в третьем положении кодона, так как такие замены чаще всего не приводят к смене аминокислотного остатка в белке (**1 балл**). Тогда с учётом этого пояснения можем однозначно определить рамку считывания для указанного кодирующего фрагмента. Нормальная последовательность фрагмента белка: Tyr-Ser-Ser-Pro-Leu-Lys-Gly-His (**1 балл**). Мутантная последовательность: Tyr-Ser-Ser-Pro-Leu-Stop (**1 балл**).

В) По **0,5 балла** за каждую строку таблицы.

Генотип	Пол
$eeZ^{D+}Z^{D+}$	Самец
$EeZ^{D+}Z^{D-}$	Самка
$eeZ^{D+}Z^{D-}$	Самец
$EeZ^{D+}W$	Самка
$eeZ^{D+}W$	Самец
$eeZ^{D-}W$	Самка

Г) $EeZ^{D+}Z^{D+} * EeZ^{D+}W$

$3/8 E_Z^{D+}Z^{D+}$ самцы

$3/8 E_Z^{D+}W$ самки

$1/8 eeZ^{D+}Z^{D+}$ самцы

$1/8 eeZ^{D+}W$ самцы

Итого самцы:самки = 5:3 (**2 балла**)

Задание 3.

А) По **0,5 балла** за каждый фенотип.

Генотип	Фенотип
$A1A1B_ddee$	быстрый
$A1A1B_D_E_$	быстрый
$A1A1bbD_ee$	быстрый
$A1A2B_ddee$	медленный
$A1A2B_D_E_$	медленный
$A1A2bbD_ee$	медленный

Б) 1) $A1A1BbDdEe * A1A1BbDdEe$

Вклад в расщепление здесь будут вносить только гены B,D и E, так как по A1 всё потомство будет гомозиготно. Чтобы сменить фенотип A1A1 с быстрого на медленный, необходимо наличие в доминанте и B, и D, при этом по гену e должен быть рецессивный генотип, чтобы белок D не деградировал. Доля особей с генотипом B_D_ee среди потомства будет $3/4 * 3/4 * 1/4 = 9/64$. Тогда расщепление по фенотипу быстрый:медленный = 55:9 (**3 балла**).

2) $A_1A_2BbDdEe * A_1A_1BbDdEe$

1/2 потомства будет иметь генотип A_1A_2 по гену А. Чтобы сменить фенотип гетерозиготы по А на медленный нам достаточно хотя бы доминантного генотипа по гену В (B_+) при условии любых генотипов по D и E, либо в случае рецессивного генотипа bb достаточно генотипа D_+ee . Вероятность образования генотипа $B_+ = 3/4$. Вероятность образования $bbD_+ee = 1/4 * 3/4 * 1/4 = 3/64$. Тогда суммарная вероятность смены генотипа гетерозиготы на медленный = $3/4 + 3/64 = 51/64$, то есть расщепление быстрый:медленный = 13:51 (**2 балла**).
1/2 потомства будет иметь генотип A_1A_1 по гену А, среди них расщепление быстрый:медленный будет 55:9.

Теперь объединим расщепления. Итоговое расщепление быстрый:медленный = $68:60 = 17:15$ (**2 балла**).

3) $A_1A_2BbDdEe * A_1A_2BbDdEe$. Расщепление по гену А будет: 1/4 A_1A_1 , 1/2 A_1A_2 , 1/4 A_2A_2 . Среди гомозигот A_1A_1 расщепление быстрый:медленный = 55/64:9/64. Среди гетерозигот A_1A_2 расщепление быстрый:медленный = 13/64:51/64. Все гомозиготы A_2A_2 обладают медленным фенотипом.

Тогда итоговое расщепление:

быстрые = $55/64 * 1/4 + 13/64 * 1/2 = 81/256$;

медленные = $175/256$ (**3 балла**).

Задание 4.

А) При слиянии гаплоидных протопластов получается диплоидный гибрид. Если фенотип гибрида нормальный, то мутации у слитых штаммов произошли в разных генах и были «компенсированы» в диплоиде здоровыми аллелями. Если фенотип с большим количеством гаметофоров, то мутации произошли в одном гене. По таблице находим, что мутации в одном и том же гене произошли у двух групп штаммов: OVE-201, OVE-78 и OVE-102 в одном гене, и OVE-100, OVE-300 и OVE-302 – в другом гене (**2 балла: по баллу за группу штаммов**).

Б) Фенотипы будут нормальными: OVE-100 и OVE-130 дают нормальный фенотип гибрида, OVE-302 относится к той же группе, что и OVE-100, следовательно, при слиянии OVE-130 и OVE-302 будет нормальный фенотип. Аналогичные рассуждения для пары OVE-134 и OVE-102 (**1 балл: по 0,5 балла за фенотип**).

В) OVE-300 и OVE-201 имеют мутацию в разных генах, то есть каждый из них несет один нормальный аллель одного гена и один мутантный аллель другого гена (Ab и aB). При слиянии гамет образуется дигетерозигота ($AaBb$), однако в жизненном цикле мха доминирует гаплоидное поколение, поэтому дальше при образовании спор в спорогоне следует мейоз. В результате мейоза получается 4 типа гаплоидных клеток: с двумя нормальными аллелями (AB), с одним нормальным и одним мутантным аллелем (Ab и aB) и с двумя мутантными аллелями (ab). Нормальный фенотип будет наблюдаться только у гибрида с двумя нормальными аллелями, итоговое расщепление мутанты: нормальные = 3:1 (**1 балл**).

Г) Гибрид OVE-100 и OVE-200 является дигетерозиготой $BbCc$, так как образован от слияния штаммов с мутациями в разных генах (В и С). Аналогичная ситуация с гибридом OVE-130 и OVE-300 – он тоже дигетерозигота, только $BbDd$, так как OVE-300 несет мутацию в том же гене, что и OVE-100 (В), а OVE-200 и OVE-130 мутантны по разным генам (С и D). Таким образом, при слиянии таких гибридов образуется тетраплоид с генотипом $BBbbCCcDDd$. При мейотическом делении тетраплоидной клетки в каждую дочернюю клетку попадет по две копии гена. В случае генов С и D расщепления по фенотипу наблюдаться не будет, так как в каждую клетку гарантированно попадет один

нормальный аллель. Для итогового расщепления имеет значение только ген В, расщепление по нему будет следующее: 1 ВВ : 4 Вb : 1 bb по генотипу, то есть 5 нормальных : 1 мутант по фенотипу (**4 балла за полное решение**).

Задание 5.

А) Построим карту рестрикции. Для начала представим фрагменты, полученные при обработке одной рестриктазой, как суммы фрагментов, полученных при обработке двумя рестриктазами.

Рестриктазы	Фрагменты	PstI+HindIII	PstI+BglII	HindIII+BglII
PstI	23,2	23,2	15,4+7,8	-
	71,8	32,3+39,5	1,6+8,9+26,3+35	-
HindIII	32,3	32,3	-	32,3
	62,7	23,2+39,5	-	2,7+7,8+8,9+17+26,3
BglII	7,8	-	7,8	7,8
	8,9	-	8,9	8,9
	17	-	1,5+15,4	17
	26,3	-	26,3	26,3
	35	-	35	32,3+2,7

Из таблицы видно, какие фрагменты расположены рядом. Построим карту, не забывая про условие, что фрагмент размером 26,3 не соседствует с фрагментом размером 2,7 (**4 балла за полную карту, частичные баллы при ошибках**).

	HindIII	BglII	BglII	BglII	PstI	BglII
32,3	2,7	8,9	26,3	1,6	15,4	7,8

Б) Сначала использовалась среда без пурина и антибиотика, но с аргинином – выжили только протрофные штаммы по пурину.

Затем среда без пурина, но с аргинином и антибиотиком – выжили только устойчивые к стрептомицину протрофы по пурину (20% от бактерий с прошлой среды).

Последняя среда – без аргинина, пурина и стрептомицина. Пересаженные сюда с первой среды бактерии не выживали (**2 балла**).

В) Расстояние между генами синтеза аргинина и пурина слишком велико, такой участок превышает размер генома фага, поэтому не может быть перенесен трансдукцией (**2 балла**).

Задание 6.

А) 10 фенотипов. В случае кумулятивной полимерии по двум генам мы можем наблюдать 5 разных размеров плода: самый большой (соответствует 4 доминантным аллелям), большой (соответствует 3 доминантным аллелям), средний (2 доминантных аллеля), мелкий (1 доминантный аллель), самый мелкий (0 доминантных аллелей). По признаку окраски наблюдается два фенотипа: окрашенный и неокрашенный. Если по одному признаку может быть 5 фенотипов, а по другому – 2, то всего возможно $5 \cdot 2 = 10$ фенотипов (**1 балл**).

Б) 8 типов гамет. Судя по условию, порядок расположения генов на хромосоме следующий: AbC. Если А сцеплено с В в транс-положении, а с С – в цис, то двойные кроссоверы – это гаметы ABC и abc. Их совместная частота = $0,06 \cdot 0,8 = 0,0048$. То есть каждого типа двойных кроссоверов по 0,24%. Всех кроссоверов по генам А и В должно быть 8%, из них 0,48% уже приходится на двойные кроссоверы. Значит, на оставшиеся кроссоверные гаметы АВс и аbС приходится $8 - 0,48 = 7,52\%$. Каждого из этих типов гамет по 3,76%.

Всех кроссоверов по генам В и с должно быть 6%, из них 0,48% уже приходится на двойные кроссоверы. Значит, на оставшиеся кроссоверные гаметы aBC и Abc приходится $6 - 0,48 = 5,52\%$. Каждого из этих типов гамет по 2,76%. После нахождения частот 6 типов

кроссоверных гамет можем найти частоты оставшихся двух типов некроссоверных гамет, вычитая из 100% частоты известных гамет. Все частоты гамет представлены в таблице (3 балла).

ABC	0,24%
ABc	3,76%
AbC	43,24%
Abc	2,76%
Abc	2,76%
aBc	43,24%
abC	3,76%
abc	0,24%

В) Представим скрещивание $AaBbCcEe \times aabbcc ee$. На расщепление по фенотипу будет влиять расщепление по гаметам у гетерозиготного растения. Расщепление по гаметам без учёта гена E указано в таблице пункта Б. На фенотип по размеру плода влияет число доминантных аллелей по генам A и E. Тогда, если в гамету от гетерозиготного растения попал аллель A, то с вероятностью 1/2 туда попал еще и аллель E, что приведёт к появлению средних по размеру плодов. С вероятностью 1/2 попал аллель e, что приведёт к появлению мелких плодов. Гаметы, содержащие аллель a, с вероятностью 1/2 содержат аллель E и приведут к образованию мелких плодов, а с вероятностью 1/2 содержат аллель e и приведут к образованию самых мелких плодов.

На расщепление по окраске влияют гены B и C. BC приведёт к окрашенному фенотипу после анализирующего скрещивания, а все остальные типы гамет от гетерозиготного растения приведут к неокрашенному фенотипу после анализирующего скрещивания. Тогда можно модифицировать таблицу из пункта Б, добавив туда фенотипы, к образованию которых приведёт анализирующее скрещивание.

ABC	0,24%	Окр., 1/2 средних и 1/2 мелких
ABc	3,76%	Неокр., 1/2 средних и 1/2 мелких
AbC	43,24%	Неокр., 1/2 средних и 1/2 мелких
Abc	2,76%	Неокр., 1/2 средних и 1/2 мелких
Abc	2,76%	Окр., 1/2 мелких и 1/2 самых мелких
aBc	43,24%	Неокр., 1/2 мелких и 1/2 самых мелких
abC	3,76%	Неокр., 1/2 мелких и 1/2 самых мелких
abc	0,24%	Неокр., 1/2 мелких и 1/2 самых мелких

Тогда итоговое расщепление по фенотипам после анализирующего скрещивания представлено в таблице (2 балла)

Окр., средние	0,12%
Окр., мелкие	1,5%
Окр., самые мелкие	1,38%
Неокр., средние	24,88%
Неокр., мелкие	48,5%
Неокр., самые мелкие	23,62%

Г) Самоопыление – это, по сути, скрещивание $AaBbCcEe \times AaBbCcEe$. Лучше рассмотреть отдельно расщепление по сцепленным генам (A, B и C) и отдельно расщепление по гену E (1/4 EE, 1/2 Ee, 1/4 ee).

Для расщепления по генам A, B и C будем использовать частоты гамет из пункта Б и изобразим решётку Пеннета. Частоты генотипов находятся как произведения частот гамет, на пересечении которых образуется определённая ячейка. Все ячейки, которые приводят к появлению окрашенного фенотипа, в таблице отмечены жёлтым.

	ABC (0,0024)	ABc (0,0376)	AbC (0,4324)	Abc (0,0276)	aBC (0,0276)	aBc (0,4324)	abC (0,0376)	abc (0,0024)
ABC (0,0024)								
ABc (0,0376)								
AbC (0,4324)								
Abc (0,0276)								
aBC (0,0276)								
aBc (0,4324)								
abC (0,0376)								
abc (0,0024)								

Если наложить расщепление, которое можно получить с помощью решётки Пеннета на расщепление по гену E, то получится следующее расщепление по фенотипу (**6 баллов**)

Окр., самые большие	0,87%
Окр., большие	11,91%
Окр., средние	22,69%
Окр., мелкие	13,14%
Окр., самые мелкие	1,49%
Неокр., самые большие	5,38%
Неокр., большие	13,09%
Неокр., средние	14,81%
Неокр., мелкие	11,87%
Неокр., самые мелкие	4,77%

Задание 7.

1) Найдем частоту аллелей в популяции изначально, извлекая корень из частоты доминантных гомозигот (выживших и не зараженных) (**3 балла**):

$$p_0 = \sqrt{\frac{9420 - 1215}{1000}} = 0,9058$$

$$q_0 = 0,0942$$

2) Найдем коэффициент отбора s, зная, что мера доминирования h равна 1/2 (**3 балла**):

$$\Delta N = N_0 - N_1 = N_0 q_0^2 s + N_0 2p_0 q_0 h s = N_0 q_0 s$$

$$s = \frac{\Delta N}{N_0 q_0} = \frac{580}{10000 * 0,0942} = 0,6157$$

ΔN – число погибших особей,

разность между начальным N_0 (10000) и конечным числом N_1 (9420) особей

3) Зная коэффициент отбора, находим приспособленности гомозигот W_{22} и гетерозигот W_{12}

$$W_{22} = 1 - s = 1 - 0,6157 = 0,3843$$

$$W_{12} = 1 - h s = 1 - 0,6157 * 0,5 = 0,69215$$

Теперь ищем новую частоту рецессивного аллеля через численность выживших особей (**3 балла**):

$$q_1 = \frac{2N_0q_0^2W_{22} + N_02p_0q_0W_{12}}{2N_1} = \frac{N_0q_0(q_0W_{22} + p_0W_{12})}{N_1}$$

$$q_1 = \frac{10000 * 0,0942 * (0,0942 * 0,3843 + 0,9058 * 0,69215)}{9420} = 0,0663$$

Задание 8. Пусть А – ген урожайности пузырника, где каждый аллель А прибавляет по 0,4 кг/м² урожайности, но уменьшает выживаемость на 20%, второй аллель а – не приносит никаких эффектов. R – ген устойчивости к фитопатогену, который встречается у батата, каждый аллель r прибавляет по 0,2 кг/м² урожайности, но уменьшает выживаемость на 15%, второй аллель R обеспечивает устойчивость, но не приносит дополнительного урожая. Базовая урожайность без «бонусов» от аллелей при 100% выживаемости составляет 0,3 кг/м².

1) Описанный в задаче метод селекции подразумевает скрещивание двух разных видов, в результате чего получается гибрид с одним гаплоидным набором хромосом батата и одним гаплоидным набором хромосом пузырника. В результате дальнейшей полиплоидизации получают два диплоидных набора, то есть гибрид будет нести в себе две копии гена устойчивости и две копии гена урожайности.

Для подсчета урожайности U каждого генотипа мы воспользуемся формулой

$$U = (B + U_A * N_A + U_r * N_r) * (1 - W_A * N_A - W_r * N_r)$$

B – базовая урожайность

U_A – урожайность от одного аллеля А

U_r – урожайность от одного аллеля r

W_A – упадок выживаемости от одного аллеля А

W_r – упадок выживаемости от одного аллеля r

N_A – число копий аллеля А

N_r – число копий аллеля r

	AA	Aa	aa
rr	0,45	0,55	0,49
Rr	0,585	0,585	0,425
RR	0,66	0,56	0,3

Оптимальный генотип AARR – урожайность будет равняться

$$U = (0,3 + 0,4 * 2 + 0,2 * 0) * (1 - 0,2 * 2 - 0,15 * 0) = 0,66 \text{ кг/м}^2$$

(4 балла за генотип и подсчитанную урожайность)

2) Выведенный гибридный сорт будет выгоднее, так как у пепельного батата максимальная урожайность достигается при генотипе rr **(2 балла)**

$$U = (0,3 + 0,4 * 0 + 0,2 * 2) * (1 - 0,2 * 0 - 0,15 * 2) = 0,49 \text{ кг/м}^2$$

3) Для выведения нужного сорта необходимо сначала получить две чистые линии: пузырник с генотипом AA, батат с генотипом RR. Порядок действий **(3 балла)**:

Произведем межвидовое скрещивание:

P: AA x RR

F1: AR

Получен стерильный гибрид. Для восстановления фертильности необходимо произвести полиплоидизацию:

AR -> полиплоидизация -> AARR

Получаем интересный нас фертильный сорт.

Задание 9.

А) Возможно три попарных выравнивания: 1 и 2 последовательности, 2 и 3, 1 и 3 **(1 балл)**.

Б) Подсчитаем для каждого выравнивания очки

ATTAGC

AAT_GC

$$s = +5 - 3 + 5 - 5 + 5 + 5 = 12$$

ATTCCC

ATTGC_

$$s = +5 - 3 + 5 - 3 + 5 - 5 = 4$$

ATTCCC

ATTAGC

$$s = +5 + 5 + 5 - 3 - 3 + 5 = 14$$

Наибольший счет равен 14 у третьего выравнивания (**3 балла при условии верного подсчета и указания верного выравнивания**).

В) Составим профиль выравнивания (**4 балла**)

	1	2	3	4	5	6
A	1	0	0	0,5	0	0
T	0	1	1	0	0	0
G	0	0	0	0	0,5	0
C	0	0	0	0,5	0,5	1
_	0	0	0	0	0	0

Г) Запишем итоговое выравнивание и подсчитаем очки (**3 балла**)

ATTCCC

ATTAGC

AAT_GC

$$s = (+5 \times 1) + (-3 \times 1) + (+5 \times 1) + (-5 \times 0,5 \times 2) + (+5 \times 0,5 - 3 \times 0,5) + (+5 \times 1) = 8$$

Задание 10.

А) Отсутствие фосфата на 5'-конце (**1,5 балла**).

Б) В LM-PCR методах рестрикции подвергается геномная ДНК, в результате чего получается очень много фрагментов ДНК разной массы, предсказать все эти фрагменты ДНК для конкретного штамма (с учётом всех возможных полиморфизмов) довольно трудоёмко и иногда не представляется возможным. В связи с этим обязательно нужен контрольный образец очищенной ДНК, который подвергается рестрикции и дальнейшим процедурам точно так же, как и опытный образец. Тогда, получив множество фрагментов ДНК определённого размера для контрольного образца, можно сравнивать эти фрагменты с опытным образцом. Только при чётком совпадении размеров всех фрагментов можно сделать вывод об опытном штамме (**1,5 балла**).

В) Добавление дополнительного нуклеотида к 3'-концу одного праймера сокращает число комплементарных последовательностей в 4 раза, так как все 4 типа нуклеотидов ДНК по условию равновероятны. Из-за того, что мы используем два праймера, к 3'-концу каждого из которых добавлено по дополнительному нуклеотиду, итоговое число амплифицируемых последовательностей сокращается в $4 \times 4 = 16$ раз (**2 балла**).

Г) Добавлять к 3'-концу праймеров большее число дополнительных нуклеотидов (**1,5 балла**).

Д) Длинные адаптеры пришиты к «липким» концам от часто режущей рестриктазы, так как фрагментов от часто режущей рестриктазы образуется очень много и, пришивая к ним длинные адаптеры, мы сильно сокращаем число амплифицируемых фрагментов ДНК, чего мы и добиваемся в LM PCR методах (**1,5 балла**).

Е) Пришивание одинаковых адаптеров вызывает «зацикливание» молекулы самой на себя за счёт комплементарных взаимодействий в адаптерах, что не даёт молекуле вступать в амплификацию. Если адаптеры короткие, то вероятность формирования комплементарных взаимодействий между ними меньше, чем для длинных адаптеров. Кроме того, длинные адаптеры пришиты к концам от часто режущей рестриктазы, а размер фрагментов ДНК от часто режущей рестриктазы довольно маленький, что повышает вероятность взаимодействия концов молекулы друг с другом. Короткие адаптеры пришиты к концам от редко режущей рестриктазы, то есть к большим по размеру фрагментам ДНК, что также способствует уменьшению вероятности контакта адаптеров друг с другом. Однако, несмотря на маленькую вероятность контакта, этот процесс возможен **(1,5 балла)**. Изменять вероятность контакта коротких адаптеров можно дополнительно, изменяя концентрацию праймеров в ПЦР-смеси **(1,5 балла в случае выполненных на максимальный балл предыдущих пунктов, в остальных случаях – 2 балла)**.