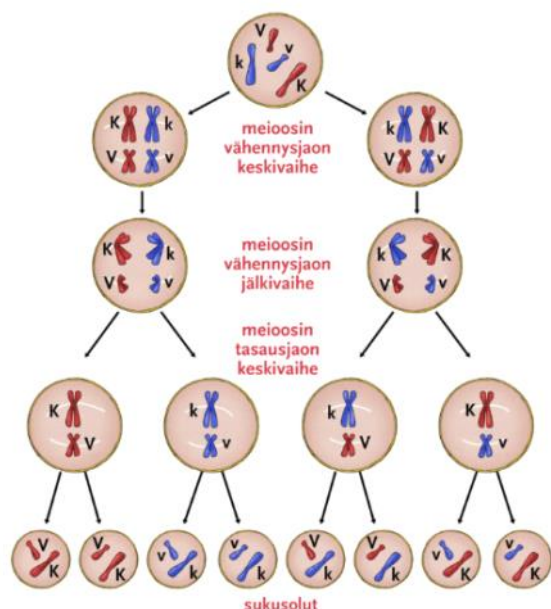


Geenien välillä ei kytkentää

sunnuntai 15. syyskuuta 2019 20.37

Geenit eri kromosomeissa periytyvät *toisistaan riippumattomasti* Mendelin sääntöjen mukaan (alla geenit v ja k)

Kuin kolikon heittoa: yhden heiton tulos on riippumaton toisen kolikon heitosta



Mendelin 1. laki eli yhdenmukaisuussääntö

Jos risteytetään kaksi tietyn geenin suhteen homotsygoottista yksilöä (AA ja aa), kaikki F1-polven yksilöt (Aa) ilmentävät dominoivaa ominaisuutta ja ovat keskenään samanlaisia.

Mendelin 2. laki eli erkanemissääntö

Jos risteytetään kaksi tietyn geenin suhteen heterotsygoottista F1-polven yksilöä, F2-polvessa ilmenee molempia ominaisuuksia tietyssä lukusuhteessa. Monohybridiristeytyksessä lukusuhte dominoivan ja resessiivisen ominaisuuden välillä on 3:1.

Erkanemissääntö perustuu siihen, että vastinkromosomit asettuvat meioosin vähennysjaossa keskitasoon ja saman geenin alleelit erkanevat eri sukusoluihin.

Mendelin 3. laki eli geenien vapaan yhdistymisen sääntö

Eri kromosomeissa olevista geenien alleeleista muodostuu meioosissa sukusoluihin sattumanvaraisesti kaikkia mahdollisia yhdistelmiä.

Geenien vapaan yhdistymisen sääntö perustuu siihen, että vastinkromosomit asettuvat meioosin vähennysjaossa keskitasoon sattumanvaraisesti ja toisistaan riippumatta ja myös erkanevat muista vastinkromosomipareista riippumatta.

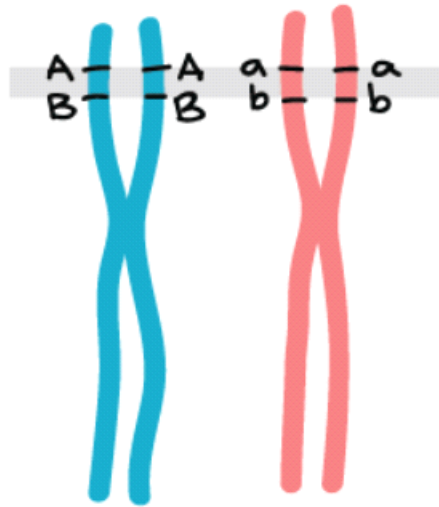
Kytkeytyneet geenit

sunnuntai 15. syyskuuta 2019 20.57

Geenit, jotka ovat samassa kromosomissa ovat osa samaa dna-molekyyliä ja fyysisesti kytkeytyneet toisiinsa.

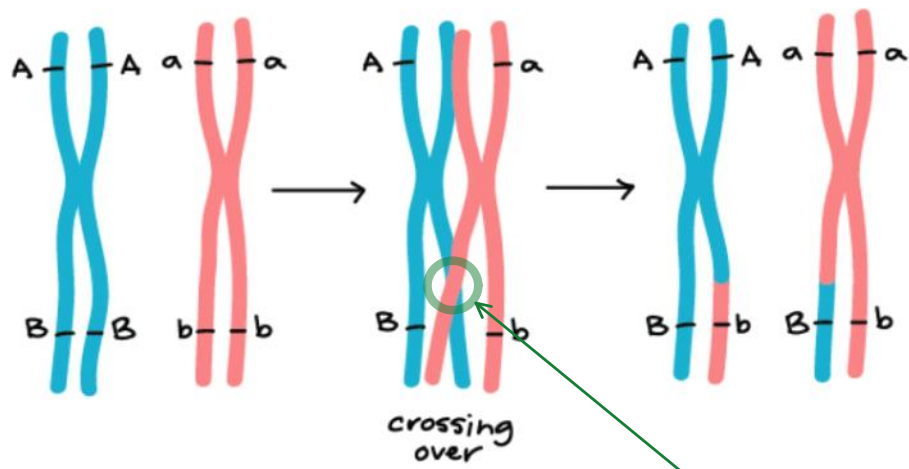
Tehtävä: risteytetään yksilöitä, joiden genotyypit ovat AABB ja aabb ja jälkeläisiä edelleen keskenään.

Missä lukusuhteissa syntyy erityyppisiä jälkeläisiä, jos geenit ovat *täysin kytkeytyneet toisiinsa*?



Tekijäinvaihdunta (crossing over)

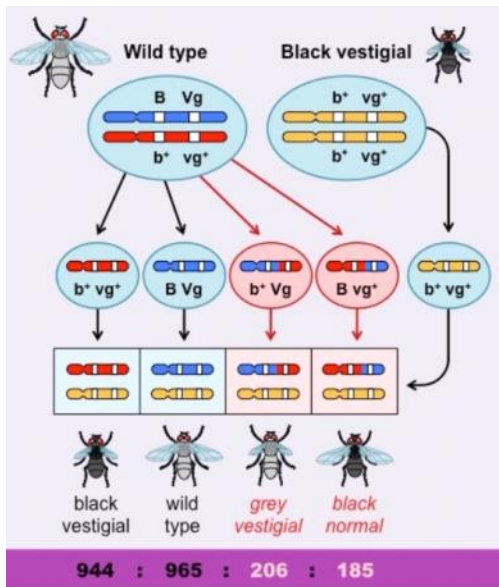
sunnuntai 15. syyskuuta 2019 21.35



Kiasma - vastinkromosomien yhtymäkohta tekijäinvaihdunnassa

Kytkeytyneet geenit

sunnuntai 15. syyskuuta 2019 21.08



Kun geenit ovat samassa kromosomissa vanhemmista poikkeavia rekombinanttityyppejä voi syntyä vain jos on tapahtunut *tekijäinvaihdunta* (= *crossing over*).

Jos geenit ovat samassa kromosomissa kaukana toisistaan ja tekijäinvaihdunta on yleistä* ja geenit ovat käytännössä riippumattomia toisistaan: kaikkia jälkeläistyypppejä syntyy yhtä paljon (25%, 25%, 25%, 25%) - sama kuin jos olisivat eri kromosomeissa

Huomaa: banaanikärpäskoiras on poikkeus, sillä ei tapahdu lainkaan tekijäinvaihduntaa

Kytkeyntien astetta voi arvioida laskemalla rekombinanttityyppien osuuden kaikista jälkeläisistä.

Tuloksena saadaan *rekombinaatiofrekvenssi* - kuinka monen *crossing over* -yksikön päässä geenit ovat toisistaan.

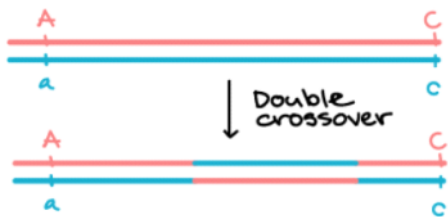
Tehtävä: Mikä on rekombinaatiofrekvenssin maksimiarvo prosentteina?

Tehtävä 2: riittävän etäällä toisistaan olevien geenien välille voi syntyä kaksi tai useampia kiasmoja. Mitä tämä vaikuttaa arvioon geenien fyysisestä etäisyydestä? Miten arvioita voisi tarkentaa?

<https://www.khanacademy.org/science/biology/classical-genetics/chromosomal-basis-of-genetics/a/linkage-mapping>

Useampi kytkeytynyt geenit

maanantai 16. syyskuuta 2019 10.13



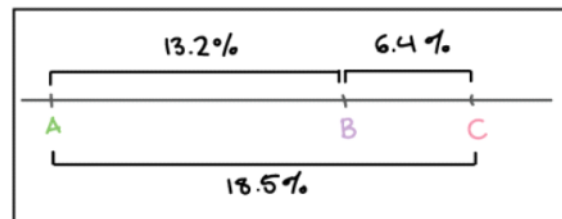
Osa tekijäinvaihduntatapahtumista voi jäädä piiloon: jos geenien välille syntyy kaksi kiasmaa (tai yleisemmin parillinen määrä kiasmoja) ne eivät vaihda paikka sukusoluissa.

Useampikertaisten crossing over -tapahtumien vuoksi geenien välisestä todellisesta etäisyydestä syntyy aliarvio, jos geenit ovat suhteellisen etäällä toisistaan. Arvio tarkentuu, jos geenien välissä on kolmas geeni, jonka suhteen tekijäinvaihdunnan yleisyyttä voi arvioida.

$$RF (A-B) = 13.2\%$$

$$RF (B-C) = 6.4\%$$

$$RF (A-C) = 18.5\%$$



$$13,2 \% + 6,4 \% = 19,6 \% - \text{suurempi kuin } 18,5 \%$$

Suurempi luku on tarkempi kuin pienempi, koska lyhyemmille kromosomipätkille mahtuu vähemmän piiloon jääviä kaksinkertaisia crossing over -tapahtumia

* Meioosi - askel taakse, kaksi eteen

sunnuntai 15. syyskuuta 2019 17.38

EVOLUTIONARY GENETICS

Drunken walk of the diploid

Laurence D. Hurst

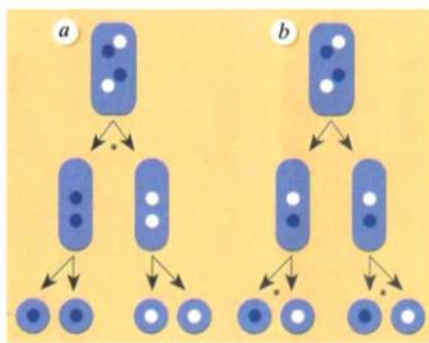
DIPLOIDS typically wend their way towards haploidy in a manner reminiscent of drunkards returning from an evening's revelry: one step backwards, two steps forwards. The first step in classical meiosis is to duplicate the chromosomes to produce a tetraploid cell. Two reduction divisions later four haploid progeny are produced. Some organisms such as red algae and microsporidians do not perform a classical meiosis, but these too avoid the most obvious route of splitting in two.

Why so? In two papers in the *Journal of Theoretical Biology*^{1,2}, David Haig proposes an attractive solution to this problem. The circuitry of meiosis is, he argues, necessary to prevent the invasion of a particular class of selfish gene.

Consider the two cells that are the product of the same meiotic division (that is, two meiotic sister cells). Consider also a gene that made its cell inject toxin into her meiotic sister cell. This sort of selfish gene has been termed a SisterKiller², and

the crux of Haig's argument for why meioses are not a simple, single step is that such a division is very vulnerable to SisterKillers.

In a diploid cell heterozygous for any given gene, the division of one-step meiosis will always be reductional; that is, if you can specify which one of the two alleles at a locus is in one of the haploid progeny, you can be sure that the other cell must contain the other allele. In the alternative (equational) form of division, the two progeny cells do not differ at the heterozygous locus under consideration. That one-step meiosis is reductional for all loci makes life



The advantage of increasing ploidy prior to random reduction divisions. Consider that the diploid indi-

Sukusolut ovat haploideja, niissä on yksinkertainen Kromosomiluku eli vain yksi kappale kutakin kromosomia.

Sukusolujen synnyssä, meioosissa, kaksinkertainen eli diploidi kromosomiluku ei puolitu suoraan, vaan ensin kaksinkertaistuu nelinkertaiseksi ja sen jälkeen puolittuu kahteen kertaan.

Kukaan ei ole ihan varma miksi.