

ОТВЕТЫ

10 класс

1. Решение

1.1 Сперва подсчитаем число попарных различий в attB-сайтах различных штаммов (1 б за верную таблицу, достаточно заполнить половину, т.к. она симметрична):

	attB	attB1	attB2	attB3
attB	0	2	6	5
attB1	2	0	4	5
attB2	6	4	0	4
attB3	5	5	4	0

Теперь нужно просто подсчитать среднее значение по всем ячейкам в таблице. Оно составляет 3.25 (1 б)

Альтернативное решение в полный балл: Сразу запишем среднее взвешенное $2*2/16 + 6*2/16 + 2*4*2/16 + 2*5*2/16 = 3.25$.

1.2 Линейная молекула В-ТТТGTАС-Р' (1 б)

Линейная молекула В-ТТТАТАС-Р'-с-d-Р-ТТТGTАС-В'-а-b-В'-САТАТТТ-Р (4 б)

Комментарий к оцениванию:

Если в ответе остались сайты В-В', Р-Р' рядом друг с другом то 0 баллов.

Обязательно проверять, что с В и Р-сайтами граничит область ТТТ..., а с В' и Р'-сайтами область СА... (перевернуто). Если это не так, но порядок генов верный, то за вторую молекулу максимум 2 балла.

Последовательности могут быть записаны в обратном порядке, т.е.

Р'-САТGТТТ-В

Р-ТТТАТАС-В'-b-a-В'-САТGТТТ-Р-d-c-Р'-САТАТТТ-В

1.3 Так как в норме в клетках бактерий присутствует множество копий плазмид, то трансформация приведет к одновременному проникновению нескольких копий разных плазмид в одну клетку. Вероятность проникновения этих плазмид в результате трансформации берется из таблицы выше (эксперимент 1).

Так как флуоресцентные белки окружены сайтами attL и attR, то рекомбинацию между ними будет проводить эксцизионаза (плазмида 4).

а) Только зеленым будут флуоресцировать бактерии, которые получили плазмиду 1, плазмиду 2, плазмиду 4, но НЕ получили плазмиду 3 (иначе интеграза будет

рекомбинировать часть плазмид обратно и установится равновесие, см. пункт в) (**0.5 б, если правильно определены нужные плазмиды, но неправильно подсчитана вероятность**). В таких бактериях окажется плазида с EGFP и устойчивостью к ампициллину.

Вероятность попадания всех трех плазмид и НЕ-попадания интегразы в одну клетку составляет: $0.36 * 0.79 * 0.91 * (1-0.67) = 0.0854$, т.е. 8.54% (**1.5 б - если не написаны нужные плазмиды, но ответ верный - все равно 1.5 б**).

б) Только синим будут флуоресцировать бактерии, которые получили плазмиду 2, но НЕ получили либо плазмиду 4, либо плазмиду 1 (т.е. у них либо нет эксцизназы и EGFP окажется в потерянной от отсутствия преимущества плазмиде, либо нет EGFP). Вероятность таких клеток составляет:

$0.79*(1-0.91) + 0.79*(1-0.36) = 0.5767$, т.е. 57,67% (**1.5 б за верный ответ, если какое либо слагаемое потеряно - 1 б**)

в) И синим, и зеленым будут флуоресцировать бактерии, в которых оказались все 4 плазмиды, т.к. при рекомбинации эксцизназой из attL/R сайтов образуются attB/P сайты, по которым сможет обратно рекомбинировать интеграза. Установится равновесие и часть плазмид окажется с EGFP, а часть с ECFP.

Вероятность попадания всех четырех плазмид в клетки:

$0.79*0.36*0.67*0.91 = 0.1734$, т.е. 17.34% (**2 б за верный ответ**).

Итого: а) 8.54%, б) 57.67%, в) 17.34%

2. Решение

2.1 Первое деление - редукционное. Образуется 4 гаплоидные клетки. (**0.5 б**) Затем происходит митоз каждой гаплоидной клетки и образуется 8 аскоспор (**0.5 б**). Это видно по тому, что все аски гетерозиготного мутанта содержат 4 споры с EGFP друг за другом, значит в процессе созревания первым делом разделяются гомологичные хромосомы => первым происходит мейоз (**1 балл**).

2.2 Генетическое расстояние в сМ - это процент рекомбинантных гамет. Нерекombинатные гаметы будут в асках, где 4 пигментированные споры расположены в одной группе и 4 белые аскоспоры в другой группе (обязательно все аскоспоры одного цвета должны идти друг за другом!). Таких асков 10 (**1 балл**). В 7 асках произошел кроссинговер (**1 балл**).

Значит в $7/17 * 100 = 41\%$ асков произошел кроссинговер между геном пигментации и центромерой. Так как при одном кроссинговере происходит образование двух рекомбинантных и двух НЕ-рекомбинантных гамет, то в $41/2 = 21\%$ аскоспор будет наблюдаться кроссинговер между геном и центромерой. Ответ - 20.5 сМ (**1 б, если генетическое расстояние 41 сМ - 0.5 б**)

2.3 Сперва определим расстояние между геном A/a и центромерой. Кроссоверные аски для этих двух областей хромосомы получились в количестве $15+2+2+5 = 24$ штуки из 100. Значит расстояние - $12/100 = 12$ сМ (**1 б**).

Расстояние между геном В/в и центромерой = $(29+2+2+5)/100 : 2 = 19$ сМ (1 б).

Расстояние между генами А и В считается исходя из асков, в которых появились гаметы АВ и аВ. Оно составляет $(15+29+2+5+5)/100 : 2 = 28$ сМ (1.5 б - 1 б если класс 5 учтен только 1 раз). Обратите внимание, что класс размером 5 мы учитываем 2 раза, потому что ВСЕ аскоспоры в нем являются кроссоверными => произошло 2 кроссинговера между обеими хроматидами.

Так как сумма расстояний между генами А и центромерой и В с центромерой равна 31 и это больше 28, то гены расположены на разных плечах хромосомы (1 б).

Значит карта этого локуса: ---А---(12 сМ)---центромера---(19 сМ)---В---
(0.5 б за рисунок/схему).

2.4 В этих асках изменилась частота аллеля окраски аскоспоры (В:в = 3:1, хотя ожидается 1:1) (0.5 б). Это называется генной конверсией (конверсией гена) (1 б). При кроссинговере происходит формирование гетеродуплекса, в котором молекула ДНК одной хроматиды формирует комплементарную пару с ДНК с гомологичной хромосомы. Генная конверсия же происходит, когда при формировании гетеродуплекса в процессе кроссинговера одна из хроматид удаляется и достраивается по матрице другого аллеля (т.е. происходит копирование аллеля черной окраски за счет удаления аллеля желтой окраски). Это нормальное для кроссинговера событие, которое происходит относительно редко, потому что должно затронуть определенный небольшой участок хроматиды. Альтернативной причиной генной конверсии может являться мисмэтч-репарация, действовавшая на гетеродуплекс.

(1.5 б за более менее логичное объяснение: в нем должен быть упомянут кроссинговер, и сказано про формирование гетеродуплекса или застраивания “желтого аллеля” по матрице “черного аллеля”)

3. Решение

3.1 Да, получились. (0.5 б) Это самцы под номерами 1, 2, 8 (1.5 б по 0.5 баллов за каждый номер)

3.2 В процессе созревания сперматозоидов клетки-предшественницы претерпевают большое количество митотических делений, которые не нарушаются из-за тройного набора хромосом. Большое количество незрелых гамет в семенниках вызывает их увеличенные размеры. (1 б за полное объяснение, 0.5 баллов если упоминается митоз)

У самок, однако, при созревании гамет количество митотических делений сильно ограничено и гораздо выше роль мейоза, который не может эффективно протекать с тройным набором хромосом. Нарушение мейоза вызывает недоразвитие фолликулов, которые формируют основную часть яичников. (2.5 б за полное объяснение, 1 б если сказано только про ограниченное количество делений)

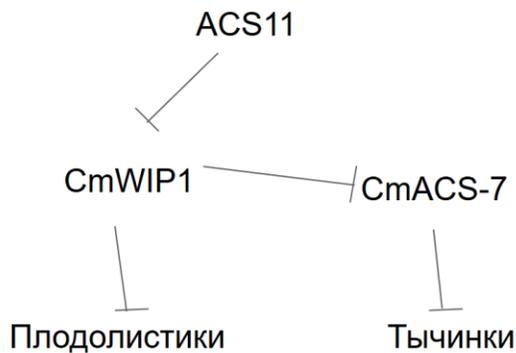
Комментарий: эффект на развитие гонад также оказывают половые гормоны, но однозначной корреляции между плоидностью и их уровнем у самцов не наблюдается.

3.3 Соотношение гибридов/не-гибридов в F1 будет определяться только гаметой, которую продуцирует самец (все самки PP). Значит в F1 будет 1/7 PP и 6/7 P+F особей (**1 б**).

Половина P+F гибридов будет самками, которые не участвуют в размножении, так как стерильны (**0.5 б**). Значит в размножение войдут 1х самцов PP, 1х самок PP и 6х самцов P+F (**1 б**). Все яйцеклетки будут генотипа P, а сперматозоиды будут образовываться в соотношении $1x+6x*1/7*1/5 = 41x/35 P$ и $6x*6/7*1/5 = 36x/35 F$ (**2 б**). Значит в поколении 2 будет 41х PP особь и 36х P+F особей, т.е. доля гибридов составит $36/77 = 0.47$ (**0.5 б**)

4. Решение

4.1. Схема взаимодействия (2 балла)



4.2.

A-W-M- женские цветки
aawmtt гермафродиты
A-wwM- женские цветки
A-W-mm гермафродиты
aaW-M- мужские цветки
aawwM- женские цветки
aaW-mm мужские цветки
A-wwmtt гермафродиты

по 0,5 балла за верную комбинацию генотип-пол

4.3.

Ответ: 1/12

Материнское растение дает 2 гаметы: aWМ и awт с вероятностью 1/2 каждая.

Генотип мужского растения неизвестен, он может быть aaW-MM или aaW-mm. (**1 балл**)

Предполагаемое потомство с обоеполыми цветками может иметь генотипы: $aaWwmm$, $A-W-mm$ или $A-wwmm$. Заметим, что все три генотипа mm , значит материнская гамета awM и мужской генотип $aaW-MM$ нам не подходят.

P (обоеполое потомство) = P (материнская гамета awm)* P (генотип отца $aaW-mm$)* P (отцовская гамета awm) или можно расписать генотип отца не через радикал

P (обоеполое потомство) = P (материнская гамета awm)*(P (генотип отца $aaWWmm$)* P (отцовская гамета awm) + * P (генотип отца $aaWwmm$)* P (отцовская гамета awm))

Поскольку скобка P (генотип отца $aaWWmm$)* P (отцовская гамета awm) равна 0, тк невозможно получить такую гамету при таком генотипе, то выражение получается:

P (обоеполое потомство) = P (материнская гамета awm)* P (генотип отца $aaWwmm$)* P (отцовская гамета awm) **(1 балл, генотип отца $aaWwmm$)**

Известно все, кроме P (генотип отца $aaWwmm$). Если бы мы изначально не знали, что растение с мужскими цветками, то $P(aaWwmm)=0,5^{2*}(2*0,5^2)*0,5^2$, но это доля среди вообще всех цветков в популяции, а нам известно, что растение с мужскими цветками, поэтому

$P(aaWwmm) = P(aaWwmm \text{ во всей популяции})/P(\text{растение с мужскими цветками})$, грубо говоря мы ищем долю, которую занимает данный генотип среди всех мужских цветков.

$P(aaWwmm) = P(aaWwmm \text{ во всей популяции})/P(\text{растение с мужскими цветками}) =$
 $= (0,5^{2*}(2*0,5^2)*0,5^2)/(P(aaWwmm)+P(aaWWmm)+P(aaW-MM)) =$
 $= (0,5^{2*}(2*0,5^2)*0,5^2)/(0,5^{2*}(2*0,5^2)*0,5^2)+(0,5^{2*}0,5^{2*}0,5^2)+(0,5^{2*}(1-0,5^2)*0,5^2)) = 1/3$ **(1 балл)**

Тогда:

P (обоеполое потомство) = P (материнская гамета awm)* P (генотип отца $aaWwmm$)* P (отцовская гамета awm) = $1/2*1/3*1/2=1/12$ **(1 балл)**

1 балл - ответ без решения

5. Решение (10 баллов):

По таблице (рис. Д):

- при $C_p = 8$ нМ доля связанной ДНК $f = 0,50$ (это дорожка 7) **2 балла**,
($C_p = 4$ нМ соответствует $f = 0,33$ (это дорожка 6)) – засчитываем любую правильную пару из таблицы.

Общая концентрация ДНК фиксирована (обозначим $[D_0] = [D] + [PD]$) **2 балла**:

$$f = \frac{[PD]}{[D_0]}; [D] = [D_0] - [PD] = [D_0] - f \cdot [D_0] = (1 - f) \cdot [D_0]$$

$$K_d = \frac{[P][D]}{[PD]} = \frac{[P] \cdot (1-f) \cdot [D_0]}{f \cdot [D_0]} = \frac{[P](1-f)}{f} \text{ **2 балла**}$$

По условию задачи (концентрация связанного белка PD пренебрежимо мала по сравнению с общей (суммарной) концентрацией этого белка C_p): $[P] = C_p$, тогда:

1 балл

$$K_d = C_p \cdot \frac{1-f}{f} \text{ **1 балл**}$$

Возьмем точку, где $f=0,5$, $C_p = 8$ нМ

$$K_d = 8 \cdot \frac{0,5}{0,5} = 8 \text{ нМ/л} \text{ **2 балла**}$$

(Допускается решение, при котором K_d находится приблизительно по соединим точкам, например:

$$K_d = 4 \cdot \frac{1-0,33}{0,33} = 8,12 \text{ нМ/л}$$

Принимаем ответ с решением от 7.5 до 8.5)

6. Решение (10 баллов):

Заметим, что из описания задачи достройка цепи подчиняется геометрическому распределению (G), где вероятность терминации на каждом этапе составляет 0.5 (**1 балл**)

Геометрическому распределению соответствует следующая формула:

$P(X = k) = (1 - p)^{k-1} \cdot p$, где k – это номер нуклеотида в цепи (**1 балл, если указана верная формула без названия распределения выставляем за этот пункт 2 балла**).

Вероятность того, что первые 99 нуклеотидов будут нормальными и 100й нуклеотид будет терминирующим в таком случае:

$P(X = 100) = 0,5^{99} \cdot 0,5 = 7,8 \cdot 10^{-31} = 0$ (получается при округлении до сотых) (**3 балла, за ошибку в расчете снимаем 1 балл**).

Так как во втором вопросе речь идет о средней длине последовательности необходимо вспомнить, что математическое ожидание геометрического распределения равно:

$$E(X) = \frac{l}{p} \text{ (2 балла).}$$

Чтобы средняя длина молекулы равнялась 1000, необходимо, чтобы $p = 0.001$ (2 балла).

Это возможно при соотношении dNTP к ddNTP = 1000:1, что означает вероятность терминации на каждом шаге 1/1000 (1 балл)

7. Решение (5 баллов)

Полинуклеотидфосфорилаза синтезирует РНК со случайной последовательностью из предложенных рибонуклеозиддифосфатов. В смеси УДФ:АДФ = 2:1, значит вероятности нуклеотидов в РНК:

[0.5 балла] $P(U)=2/3$, $P(A)=1/3$. Считаем, что в любом положении триплета нуклеотиды независимы.

Возможны только триплеты из А и U (8 вариантов). Рассчитаем их вероятности и что они кодируют (иРНК 5'→3'):

[0.8 балла по 0.1 балла за каждый вариант] AAA – Lys, AAU – Asn, AUA – Ile, AUU – Ile, UAA – стоп, UAU – Tyr, UUA – Leu, UUU – Phe.

[0.8 балла по 0.1 балла за каждую вероятность] Вероятность каждого кодона равна произведению вероятностей его оснований:

$$P(AAA)=(1/3)^3=1/27$$

$$P(AAU)=(1/3)^2 \cdot (2/3)=2/27$$

$$P(AUA)=(1/3) \cdot (2/3) \cdot (1/3)=2/27$$

$$P(AUU)=(1/3) \cdot (2/3)^2=4/27$$

$$P(UAA)=(2/3) \cdot (1/3)^2=2/27$$

$$P(UAU)=(2/3) \cdot (1/3) \cdot (2/3)=4/27$$

$$P(UUA)=(2/3)^2 \cdot (1/3)=4/27$$

$$P(UUU)=(2/3)^3=8/27.$$

[0.4 балла] Изолейцин кодируют AUA и AUU, поэтому:

$$[0.5 балла] P(Ile)=P(AUA)+P(AUU)=2/27+4/27=6/27.$$

Стоп-кодон только UAA:

$$[0.5 балл] P(\text{stop})=2/27.$$

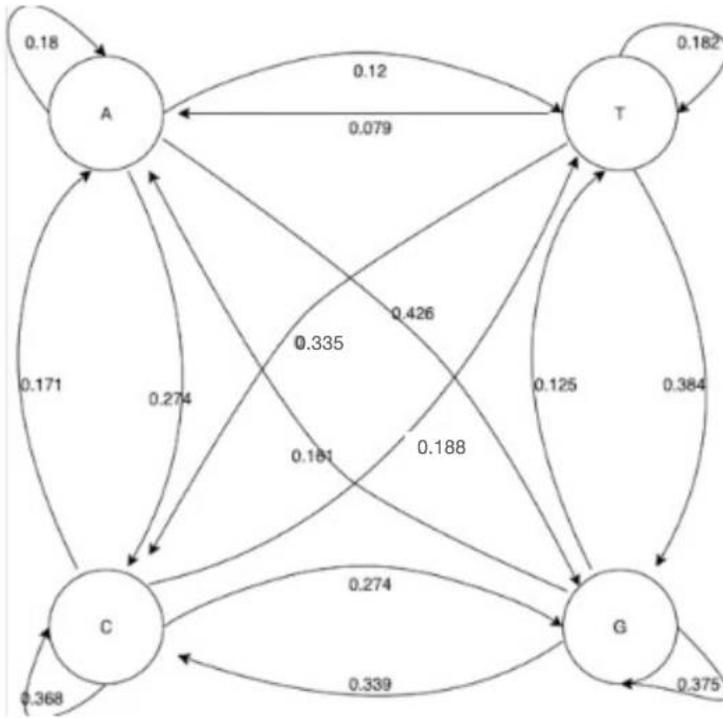
В полипептидах учитываем только аминокислоты, то есть условную вероятность среди смысловых кодонов:

$$[1.5 балла] P(Ile | \text{не стоп}) = P(Ile) / (1 - P(\text{stop})) = (6/27) / (25/27) = 6/25 = 0,24.$$

Ответ: 0,24

8. Решение

8.1. Цепь для CrG островков (2.5 балла):



Аналогичная цепь, в которой все вероятности перехода будут составлять 0.25 будет цепью для случайной последовательности (2.5 балла).

8.2.

$$Pr(S|random) = \prod a_{x_{i-1} \cdot x_i} = 0.25^9 = 3.81 \cdot 10^{-6} \quad (5 \text{ баллов})$$

8.3. Необходимо перемножить вероятности следующих переходов:

CC CG GT TT TA AT TG GC CT

$$Pr(S|CG) = \prod a_{x_{i-1} \cdot x_i} = 0.368 \cdot 0.274 \cdot 0.125 \cdot 0.182 \cdot 0.079 \cdot 0.12 \cdot 0.384 \cdot 0.339 \cdot 0.188 = 5.32 \cdot 10^{-7}$$

(5 баллов, -2 балла за арифметическую ошибку)

8.4.

$$s(x) = \log_2 \left(\frac{5.32 \cdot 10^{-7}}{3.82 \cdot 10^{-6}} \right) = -2.841521 \quad (5 \text{ баллов})$$

9. Решение (5 баллов):

Так как популяция удовлетворяет условиям равновесия Харди-Вайнберга, то доля желтых особей составит:

$$f(A_3A_3) = f(A_3)^2 = 0.01$$

Отсюда следует:

$$f(A_3) = \sqrt{f(A_3A_3)} = \sqrt{10/1000} = 0.1 \text{ (0.5 балла)}$$

Попугаи с синим оперением могут быть либо гомозиготами по аллелю A_2A_2 , либо гетерозиготами A_2A_3 . Тогда доля попугаев в синим оперением в равновесной популяции составит:

$$f(\text{синие попугаи}) = f(A_2)^2 + 2 \cdot f(A_2) \cdot f(A_3)$$

$$0.24 = f(A_2)^2 + 0.2 \cdot f(A_2) \text{ (0.5 балла)}$$

Решая квадратное уравнение получим:

$$f(A_2) = 0.4 \text{ (0.5 балла)}$$

Частота аллеля A_1 может быть найдена следующим образом:

$$f(A_1) = 1 - 0.4 - 0.1 = 0.5 \text{ (0.5 балла)}$$

Количество особей ДО отлова хищниками **(0.3 балла по 0.05 за каждый верный генотип):**

$$A_1A_1 = 250$$

$$A_1A_2 = 400$$

$$A_1A_3 = 100$$

$$A_2A_2 = 160$$

$$A_2A_3 = 80$$

$$A_3A_3 = 10$$

Количество особей СРАЗУ после отлова хищниками **(0.3 балла по 0.05 за каждый верный генотип):**

$$A_1A_1 = 250$$

$$A_1A_2 = 400$$

$$A_1A_3 = 100$$

$$A_2A_2 = 160 \cdot 0.85 = 136$$

$$A_2A_3 = 80 \cdot 0.85 = 68$$

$$A_3A_3 = 10 \cdot 0.2 = 2$$

Частоты аллелей СРАЗУ после отлова хищниками:

$$f(A_1) = \frac{250 \cdot 2 + 400 + 100}{1912} = 0.52 \text{ (ИЛИ 0.53) (0.2 балла)}$$

$$f(A_2) = \frac{400 + 2 \cdot 136 + 68}{1912} = 0.39 \text{ (0.2 балла)}$$

$$f(A_3) = \frac{100 + 68 + 4}{1912} = 0.09 \text{ (0.2 балла)}$$

Частоты аллелей не изменяются через 5 поколений после отлова хищниками (**0.3 балла**).

Частоты фенотипов (генотипов) через 5 поколений будут соответствовать равновесию Харди-Вайнберга (допускается погрешность в 10%):

$$f(\text{красный}) = 0,770 \text{ (0.5 балла)}$$

$$f(\text{синий}) = 0,222 \text{ (0.5 балла)}$$

$$f(\text{желтый}) = 0,008 \text{ (0.5 балла)}$$

10. Решение (5 баллов)

Размер VII хромосомы составляет 1 090 940 нуклеотидов. Значит молярная масса хромосомы составляет: $1090940 \cdot 660 = 7.2 \cdot 10^8$ г/моль (**1 балл**).

В 3х нанограммах ($3 \cdot 10^{-9}$) содержится:

$$\frac{3 \cdot 10^{-9}}{7.2 \cdot 10^8} = 4.2 \cdot 10^{-18}$$

молей геномной ДНК (**2 балла**)

В одном моле содержится $6 \cdot 10^{23}$ молекул.

Значит, в полосе содержится: $4.2 \cdot 10^{-18} \cdot 6 \cdot 10^{23} = 2499929$ молекул (**2 балла**).