

# EXERCÍCIOS 6

## Gabarito

**(1) a.** Provavelmente dominante, pois basta uma cópia do gene para o indivíduo ser afetado. Isso explicaria o fato da maior parte da progênie proveniente de um parente mutante ser afetada. Cada indivíduo afetado tem ao menos um parente com a mutação, a qual aparece em todas as gerações. Além disso, na condição dominante, filhos afetados possuem pelo menos um dos pais afetados.

**b.** Sim. Pois quase todos afetados são do grupo sanguíneo A, sendo que a doença não é transmitida para indivíduos com grupo sanguíneo O. Assim, o alelo mutante estaria ligado ao alelo  $I_A$ .

**c.** I-1 =  $iinn$ , I-2 =  $I_AiNn$ , II-2 =  $iinn$ , II-4 =  $I_AiNn$ , II-6 =  $I_AiNn$ , II-7 =  $iinn$ , II-9 =  $I_AiNn$ .

**d.** Ocorreu recombinação entre os loci de N e  $I_A$  no gameta materno para III-6: III-6 =  $iiNn$ , III-8 =  $iinn$ .

**e.** Porque o indivíduo III.11 recebeu o alelo dominante  $N I_A$  do pai sendo, portanto, afetado, enquanto que o indivíduo III.12 o alelo  $ni$  do pai e  $n I_A$  da mãe, sendo portanto, homocigoto recessivo  $nn$  e conseqüentemente, não afetado, mas com sangue tipo A. III-11 =  $I_AiNn$ , III-12 =  $I_Ainn$ .

Além disso, outro mecanismo que pode ter causado a ausência do fenótipo no indivíduo é uma possível recombinação nos cromossomos paternos durante a meiose, de forma que os genes que codificam para o sangue do tipo sanguíneo A e o gene que codifica a doença foram separados e não co-segregaram.

**(2)** O valor máximo de recombinação é de 50%, pois apenas uma das cromátides de cada cromossomo homólogo se recombina.

**(3) a.** Os dois possíveis mapas genéticos e suas frequências previstas são:

Possibilidade 1:

**T** 7u.m. **G** 4u.m. **R**

Frequência de recombinação entre TG: 7%

Frequência de recombinação entre TR: 11%

Frequência de recombinação entre GR: 4%

Possibilidade 2:

**T** 3u.m. **R** 4u.m. **G**

Frequência de recombinação entre TG: 7%

Frequência de recombinação entre TR: 3%

Frequência de recombinação entre GR: 4%

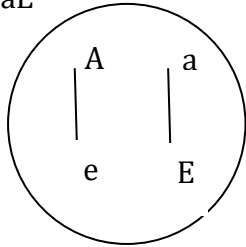
**b.** O cruzamento-teste com o  $tr/tr$  proporcionaria a frequência de recombinação entre os genes ligados T e R, o que indicaria a correta posição ocupada por R no mapa genético. Se a frequência de recombinantes TR for maior do que 10% (ou 10

c.m.) considerar o primeiro mapa cromossômico. Se essa frequência for aproximadamente 3%, o mapa cromossômico 2 é o mais provável.

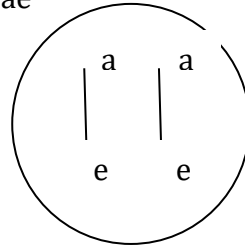
**(4) a.** P: Ae/aE x ae/ae

Genótipos parentais:

Ae/aE



ae/ae



Não recombinantes

recombinantes

gametas	aE	Ae	AE	ae
ae	aaEe	Aaee	AaEe	aaee
	360	360	140	140

Genótipos:

Aaee - 360

aaEe - 360

AaEe - 140

aaee - 140

} 280

**b.** Porque a análise dos recombinantes somente entre A e E não considera a possibilidade de permutação dupla. Após a permutação dupla, a combinação dos diferentes alelos de A e E seria igual a dos parentais e por isso seria desconsiderada.