**Zkušební zápočtový test z předmětu VURH/ZGRF**

1. Níže je uvedena nukleotidové sekvence DNA. Vytvořte vlákno mRNA, které by vzniklo při procesu transkripce a dále uveďte 6 nukleotidový forward a reverse primer, který bychom použili pro amplifikaci příslušného vlákna DNA.

5‘ – A A T C C G G T A A A C C C T A G C C G T G T T A A C C G T A G C C T G – 3‘

mRNA 5‘ – A A U C C G GU A A A C C CU A G C C GU G UU A A C C GU A G C C U G – 3‘

F-primer 5‘ – A A T C C G – 3‘

R-primer 5‘ – C A G G C T – 3‘

1. Kapří buňka má 100 chromozómů (2n = 100) a obsah DNA na úrovni 3,3 pg. Uveďte jak by se počet chromozómů a obsahu DNA vyvíjel v jednotlivých fázích buněčného cyklu (uveďte očekávané hodnoty na konci každé fáze celého cyklu) za předpokladu, že by buňka procházela mitózou i meiózou. U meiózy uveďte hodnoty pro M fázi i po heterotypickém dělení.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Fáze buněčného cyklu | Počet chromozómů | Obsah DNA | Počet buněk |
| G1 | 100 | 3,3 pg | 1 |
| S | 100 | 6,6 pg | 1 |
| G2 | 100 | 6,6 pg | 1 |
| M (mitóza) | 100 | 3,3 pg | 2 |
| M (meióza) - heterotypické | 50 | 3,3 pg | 2 |
| M (meióza) - homeotypické | 50 | 1,65 pg | 4 |

1. Křížíme dva jedince kapra obecného s genotypem ošupení SsNn a SSnn. Stanovte genotypový a fenotypový štěpný poměr. Uveďte, kolik jedinců každého fenotypu bychom mohli očekávat v obsádce 1000 ks ryb (za předpokladu, neexistence pleiotropie a dalších jiných faktorů)

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | Sn | Sn | Sn | Sn |
| SN | SSNn | SSNn | SSNn | SSNn |
| Sn | SSnn | SSnn | SSnn | SSnn |
| sN | SsNn | SsNn | SsNn | SsNn |
| sn | Ssnn | Ssnn | Ssnn | Ssnn |

Genotypový štěpný poměr: SSNn : SSnn : SsNn : Ssnn = 4 : 4 : 4 : 4 = 1 : 1 : 1 : 1

Fenotypový štěpný poměr: řádkový : šupinatý : = 8 : 8 = 1 : 1

V obsádce 1000 ks ryb bychom očekávali: 500 ks kapra řádkového a 500 ks kapr šupinatého.

1. Při testování užitkovosti jsme pozorovali následující užitkové parametry v dosažené hmotnosti:
* populace mateřská (P1): m = 1500 g
* populace otcovská (P2): m = 1800 g
* populace dceřinná (F1) = 2000 g

Stanovte výši hypotetického a obyčejného heterózního efektu u F1 generace.

HEh = $\frac{F1-\left(\frac{P1+P2}{2}\right)}{(\frac{P1+P2}{2})}$ \*100 = $\frac{2000-(\frac{1500+1800}{2})}{\left(\frac{1500+1800}{2}\right)} $\*100 = $\frac{2000-1650 }{1650}$ \*100 = $\frac{350}{1650}$ \*100 = 21,2 %

HEO = $\frac{2000-1500}{1500}$ \* 100 = $\frac{500}{1500}$ \* 100 = 33,3 %

1. V populaci sumce velkého o počtu 500 ks jsme pozorovali dva jedince se žlutým zbarvením. Žluté zbarvení je kódováno recesivní alelou *„a“* (monohybridismus). Uveďte předpokládanou četnost (frekvenci) jednotlivých alel a genotypů za předpokladu, že populace je v Hardy-Weinbergově rovnováze.

Zlaté zbarvení – aa

Četnost genotypu aa (q2) = 2 / 500 = 0,004

Četnost alely a (q) = $\sqrt{0,004}$ = 0,063

Četnost alely A (p) = 1 – 0,063 = 0,937

Četnost genotypů = p2 + 2pq + q2 = (0,937)2 + (2\*0,937\*0,063) + (0,063)2 = 0,878 + 0,118 +0,004

1. Křížíme dvě populace s recesivní alelou *„a“* , která kóduje zlaté zbarvení. Četnost alely u jedné populace je q = 0,1 a druhé q = 0,5. Stanovte předpokládané frekvence a počty jednotlivých alel a genotypů a počet zlatých ryb v obsádce 1000 ks ryb (platí Hardy-Weinbergova rovnováha, neuplatňují se žádné jiné vlivy).

Populace 1: p = 1 – q = 1 – 0,1 = 0,9; q = 0,1

Populace 2: p = 1 – q = 1 – 0,5 = 0,5; q = 0,5

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | p (0,5) | q (0,5) |
| p (0,9) | p2 (0,45) | pq (0,45) |
| q (0,1) | pq (0,05) | q2 (0,05) |

Četnost genotypů = 0,45 + 0,50 + 0,05

Počet genotypů = 0,45 \* 1000 + 0,50 \* 1000 + 0,05 \* 1000 = 450 (AA) + 500 (Aa) + 50 (aa)

Počet zlatých ryb v obsádce 1000 ks ryb bude 50 jedinců.

Četnost alely a (q) = (500 (Aa) + 100 (aa)) / 2000 = 600 / 2000 = 0,3

Četnost alely A (p) = (900 (AA) + 500 (Aa)) / 2000 = 1400 / 2000 = 0,7

1. Stanovte čestnosti genotypů „AA“, „Aa“ a „aa“ v populaci při inbrídingu F = 0,4 při četnosti alely A = 0,8.

Četnost alely A (p) = 0,8

Četnost alely a (q) = 1-0,8 = 0,2

Četnost genotypu AA = p2(1-F) + pF = 0,82\*(1-0,4) + 0,8\*0,4 = 0,64\*0,6 + 0,32 = 0,704

Četnost genotypu Aa = 2pq(1-F) = 2\*0,8\*0,2(1-0,4) = 1,6\*0,12 = 0,192

Četnost genotypu aa = 1 – (0,704+0,192) = 1 – 0,896 = 0,104

1. V populaci ryb jsme pozorovali 50 ks zlatých jedinců (genotyp *aa*) a 150 ks normálních jedinců s genotypy (*AA* = 100 jedinců a *Aa* = 50 jedinců). Určete, zda se populace nachází v Hardy-Weinbergově rovnováze.

Čestnost alely A (p) = (200 (AA) + 50 (Aa)) / 400 = 250 / 400 = 0,625

Četnost alely a (q) = 1 – 0,625 = 0,375

Očekávané četnost genotypů = p2 + 2pq + q2 = (0,625)2 + (2\*0,625\*0,375) + (0375)2 = 0,391 + 0,469 +0,140

Očekávané počty genotypů = 0,391\*200 (AA) + 0,469\*200 (Aa) + 0,140\*200 (aa) = 78 (AA) + 94 (Aa) + 28 (aa)

Pozorované četnosti genotypů (viz zadání) = 100 (AA) + 50 (Aa) + 50 (aa)

Porovnání shody (χ2) = $\sum\_{}^{}\frac{(O-E)^{2}}{E}$ = $\frac{(100-78)^{2}}{78}$ + $\frac{(50-94)^{2}}{94}$ + $\frac{(50-28)^{2}}{28}$ = $\frac{484}{78}$ + $\frac{1936}{94}$ + $\frac{484}{28}$ = 6,2 + 20,6 + 17,3 = 44,1

Počet stupňů volnosti = 2; (tři hodnoty – AA, Aa, aa) -1 = 2

Kritická hodnota pro 2 stupně volnosti na hladině významnosti 0,05 (dle tabulek) = 5,991

Vypočtená hodnota je vyšší než kritická hodnota 44,1 > 5,991 = rozdíl je průkazný a zamítáme hypotézu o rovnosti počtu genotypů.

**Závěr: Populace se nenachází v Hardy-Weinbergově rovnováze.**

1. Křížili jsme spolu 50 samců a 25 samic. Stanovte efektivní velikost populace a určete předpokládanou míru koeficientu inbrídingu.

Ne = $\frac{4\*Nm\*Nf}{Nm+Nf}$ = $\frac{4\*50\*25}{50+25}$ = $\frac{5000}{75}$ = 66,7

ΔF = $\frac{1}{2Ne}$ = $\frac{1}{2\*66,7}$ = 0,0075

1. Odhadněte výši genetického zisku pokud z populace jedinců o průměrné hmotnosti X = 2000 ± 50 g (S.D.) vybereme 10 % největších jedinců při odhadnuté míře koeficientu dědivosti h2 = 0,4.

Dle tabulek 10 % vybraných jedinců odpovídá intenzitě selekce (i) = 1,755

ΔG = σP \* i \* h2 = 50 \* 1,755 \* 0,4 = 35,1 g

ΔG (%) = 35,1 / 2000 \* 100 = 1,755 %